



Universidad del Sureste

Escuela de Medicina

Materia:

Farmacología

Tema:

“ARTICULO”

Docente:

Dr. NATANAEL EZRI PRADO HERNANDEZ

Alumno:

Oswaldo Morales Julián

Lugar y fecha

Comitán de Domínguez Chiapas a 07/01/2021.

¿Cuál es el mecanismo de resistencia antibiótico que utilizan las bacterias?

Evolución de la resistencia a los antibióticos en las bacterias. HGT es el proceso en el que las células bacterianas pueden intercambiar material genético. Transducción implica la transferencia de ADN a través de bacteriófagos. Esencialmente, estos mecanismos permiten una evolución extremadamente rápida, ya que con HGT las bacterias pueden cambiar su estructura genética prácticamente instantáneamente con respecto a un rasgo que tiene un efecto dramático en la aptitud física en presencia de antibióticos.

¿Como ha interactuado la evolución ecológica dinámica para provocar la resistencia antibiótica?

El uso masivo de antibióticos ha creado gradientes de antibióticos en los que también se pueden observar concentraciones inferiores a las inhibitorias en los hábitats naturales. Aunque bajo estas concentraciones la población bacteriana no se extingue, pueden tener efectos importantes sobre las bacterias. Se han sugerido estas sub-MIC, por ejemplo, para seleccionar por resistencia, aumentar las tasas de mutación bacteriana, aumentar la variabilidad fenotípica y genotípica y afectar la formación de biopelículas, por nombrar solo algunas. Además, lo que es más importante, los sub-MIC promueven el mantenimiento de genes de resistencia transmitidos horizontalmente. (i) la mayor parte del compuesto antibiótico utilizado se excreta del cuerpo; (ii) no se ingiere todo el pienso que contiene el antibiótico; y (iii) existe una considerable repercusión de la industria de producción de antibióticos. Se ha demostrado experimentalmente que las sub-MIC que se encuentran en la escala de un pequeño porcentaje de la MIC pueden favorecer los genotipos resistentes

la propagación de genes de resistencia a antibióticos a través de HGT, las comunidades microbianas pueden verse como redes de intercambio de genes donde la composición y diversidad de especies pueden ser un factor importante que determina cómo se propagan los genes de resistencia

¿Cuales son los principales métodos de análisis molecular para determinar la resistencia antibiótica?

El análisis metagenómico basado en la secuenciación de ADN de alto rendimiento es esencial para comprender la dinámica ecoevolutiva de la resistencia a los antibióticos en un contexto comunitario. Tecnologías de secuenciación de lectura larga como PacBio RS y Oxford Nanopore MinION son importantes ya que facilitan el ensamblaje de contigs largos facilitando así la identificación de áreas genómicas bajo selección. La PCR cuantitativa también es una herramienta útil para cuantificar genes de resistencia a antibióticos. Array-qPCR es un método especialmente eficaz para estimar la presencia y la cantidad de genes de resistencia a antibióticos en diferentes entornos. La secuenciación de genomas de células individuales permite un análisis genético detallado de la célula microbiana sin cultivo y, por lo tanto, es un método vital para estudiar la evolución de la resistencia a los antibióticos en comunidades naturales. En general, las técnicas unicelulares pueden resultar extremadamente útiles si se desarrollan en la dirección en la que se pueden monitorear varios rasgos simultáneamente, proporcionando potencialmente información sobre la composición de la comunidad y la evolución de los rasgos