



Universidad del Sureste Licenciatura en Medicina Humana

Materia: Farmacología

Tema: revisión de artículo

Docente:

Dr. Natanael Ezri Prado Hernández

Alumna:

Vanessa Estefanía Vázquez Calvo

Semestre y grupo:

3 B

Comitán de Domínguez, Chiapas a; 07 de enero 2020.

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

La HGT es el mecanismo principal por el cual las bacterias adquieren resistencia a los antibióticos. Otro mecanismo clave son las mutaciones cromosómicas.

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

Pues debido a que la evolución ecológica dinámica es muy lenta, ya que el cambio evolutivo no es significativo en la escala de tiempo. En el caso de 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 Estudios recientes sugieren que ciertas especies son especies centrales fundamentales, que promueven la propagación de genes de resistencia a los antibióticos, lo que indica que la composición de las especies puede ser crítica

¿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 [62] son importantes ya que facilitan el ensamblaje de contigs largos facilitando así la identificación de áreas genómicas bajo selección.
- ✓ PCR cuantitativa
- √ 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
- ✓ El método epicPCR

BIBLIOGRAFÍA:

https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rstb.2016.0039