

UNIVERSIDAD DEL SURESTE ESCUELA DE MEDICINA

MATERIA:

FARMACOLOGÍA

CATEDRÁTICO:

DR. EZRI NATANAEL PRADO HERNÁNDEZ

PRESENTA:

AXEL DE JESÚS GARCÍA PÉREZ

TRABAJO:

“ECO-EVOLUTIONARY PERSPECTIVE”

GRADO Y GRUPO:

3° B

LUGAR Y FECHA:

COMITÁN DE DOMÍNGUEZ, CHIAPAS. 07 DE ENERO DE 2021

"Antibiotic resistance in the wild: an eco-evolutionary perspective"

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

Las bacterias pueden tener la capacidad de cambiar su material para hacer una más resistente. Hay, incluso, bacterias que transfieren información a otras, incluso a otras especies relacionadas a ellas, en dónde se ayudan por medio de plásmidos, transposones o por integrones.

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

Depende completamente del hábitat de la bacteria, según sea su entorno las bacterias deberán de adaptarse al medio que les rodea. La resistencia a antibióticos a través de HGT los grupos o comunidades microbianas se puede dar también gracias a un intercambio de genes a otras comunidades provocando una resistencia encadena.

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

La PCR cuantitativa se usa como herramienta para la cuantificación de genes de resistencia a antibióticos.

Array-qPCR, se usa para poder estimar la presencia y la cantidad de genes resistentes a antibióticos.

La secuenciación de genomas de las células individuales nos permite un análisis genético de la célula microbiana, sin cultivo. Lo que lo convierte en un método útil para poder estudiar el tipo de evolución que se da sobre la resistencia antibiótica.

EpicPCR, este método permite conectar genes con un huésped en una resolución de una célula en específico, con esto se puede analizar el "gen-huésped" para saber la dinámica de la resistencia hacia los antibióticos.