



**Nombre del alumno: Hugo Gerardo  
Morales Gordillo.**

**Nombre del Dr: Ezri Natanael Prado  
Hernández**

**Materia: Farmacología**

PASIÓN POR EDUCAR

**Grado: Tercero**

**Grupo: B**

Comitán de Domínguez Chiapas a 7 de enero del 2021.

## **De acuerdo al artículo "Antibiotic resistance in the wild: an eco-evolutionary perspective"**

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

Dentro del artículo se mencionaba de un caso de la propagación de genes de resistencia a antibióticos a través de un proceso que lleva por nombre HGT que es un proceso en donde las comunidades microbianas se usa como cadenas de intercambio de sus propios genes en donde la composición y diversidad de las diversas especies llegan a ser un factor importante que determina cómo propaga la resistencia en ellos.

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

Las bacterias que tienen relación con otras tienen una parte clave en las comunidades bacterianas, ya que estas se forman entre las mismas bacterias y sus enemigos naturales como los depredadores protozoarios y las interacciones entre las bacterias y sus parásitos virales (bacteriófagos).

Las comunidades complejas donde interactúan con muchas otras especies, están formadas por bacterias que tienen genes que resisten a los antibióticos

Aunque también se ha mencionado que algunas especies tienen la propagación de genes que tienen resistencia a los antibióticos, lo cual es algo grave ya que si esta especie se propaga no se podrá tener el control de las bacterias, esto se ha comprobado por algunos estudios que se han realizado

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

La PCR cuantitativa es un método especialmente eficaz para estimar la presencia y la cantidad de genes de resistencia a antibióticos en diferentes entornos.

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

Secuenciación del genoma unicelular para análisis la composición genética detallada de las células microbianas no cultivadas, por lo tanto son métodos importantes para estudiar la evolución de la resistencia a los antibióticos en una comunidad natural.