



Universidad del Sureste

Escuela de Medicina

Materia: Farmacología

Dr. Ezri Natanael Prado Hernández

Artículo

Alumna: Guadalupe Elizabeth González González

Lugar y fecha

Comitán de Domínguez Chiapas a 07/01/2020.

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

¿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.

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

En entornos naturales, las bacterias que albergan genes de resistencia a los antibióticos forman parte de comunidades complejas donde interactúan con otras especies.

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

¿Cuáles 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