



Universidad del Sureste

Licenciatura en Medicina Humana

Materia:

Farmacología

Docente:

Natanael Ezri Prado

Alumno:

Minerva Reveles Avalos

Semestre y grupo:

3 "B"

Comitán de Domínguez, Chiapas a; 07 de enero de 2021.

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

HGT es el proceso en el que las células bacterianas pueden intercambiar material genético. Los genes de resistencia a los antibióticos a menudo se transportan en MGE (plásmidos, transposones o integrones) que actúan como vectores que transfieren información genética entre bacterias e incluso entre los límites de las especies. Tres mecanismos principales para HGT son la conjugación, la transformación y la transducción.

En **conjugación**, el ADN se transfiere en contacto celular.

La **transformación** no requiere contacto de célula a célula, pero las bacterias transformables naturalmente absorben pequeños fragmentos de ADN desnudo.

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.

¿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. Sin embargo, en este momento, nos falta en gran medida una perspectiva a nivel de población sobre qué procesos limitan e impulsan la resistencia a los antibióticos en comunidades ricas en especies cuando existen interacciones complejas entre 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.

En el caso de la diversidad de especies, algunos 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.

Las bacterias que interactúan con otras bacterias, las interacciones clave en las comunidades microbianas son aquellas entre las bacterias y sus

enemigos naturales, como los depredadores protozoarios y las interacciones entre las bacterias y sus parásitos virales (bacteriófagos).

¿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 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.

El método epicPCR es posible conectar un gen con su huésped en una resolución de una sola célula para el análisis gen-huésped, lo que lo convierte en una herramienta muy útil para estudiar la genética de la dinámica de la resistencia a los antibióticos.

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 (por ejemplo, en la interacción de especies además de la resistencia a los antibióticos) en un alto rendimiento conducta.