



Universidad del Sureste

Escuela de Medicina

“REVISIÓN DE ARTICULO”

FARMACOLOGÍA I

DR:

EZRI NATANAEL PRADO HERNANDEZ

PRESENTA:

Andrea Montserrat Sánchez López

MEDICINA HUMANA

3° SEMESTRE

ENERO de 2021

Comitán de Domínguez, Chiapas

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 transferencia horizontal de genes es un mecanismo clave para la evolución de la resistencia a los antibióticos HGT es el proceso en el que las células bacterianas pueden intercambiar material genético

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. La 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 sobre la aptitud en presencia de antibióticos.

Otro mecanismo clave son las mutaciones cromosómicas. La principal diferencia entre estos mecanismos es la rapidez con la que se produce la adaptación de la resistencia en las bacterias.

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

En parte, esto se debe al hecho de que tradicionalmente la evolución se ha considerado un proceso lento que opera en una escala de tiempo muy diferente del tiempo ecológico. Desde tal perspectiva, la dinámica ecológica se desarrollaría como si la evolución no estuviera ocurriendo, ya que el cambio evolutivo no sería significativo en la escala de tiempo ecológica. Asimismo, las fluctuaciones a corto plazo en las variables ecológicas promediarían las escalas de tiempo evolutivas, y solo el promedio a largo plazo afectaría la evolución. Sin embargo, es cada vez más claro que el cambio evolutivo puede ser extremadamente rápido, en el caso de la transferencia horizontal de genes (HGT) prácticamente instantáneo, y hay ejemplos convincentes de esto en una diversidad de rasgos que van desde historias de vida hasta comportamiento y fisiología. Además, un número cada vez mayor de estudios sugiere que la dinámica ecoevolutiva y la retroalimentación tienen el potencial de desempeñar un papel destacado en la dinámica de las poblaciones y en las interacciones de las especies.

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

El desarrollo de técnicas moleculares ha sido crucial para aumentar nuestra comprensión de la evolución de los antibióticos resistencia en comunidades microbianas. Es importante destacar que no están sujetos al sesgo de cultivo causado por el hecho de que solo una pequeña minoría de especies bacterianas puede cultivarse con la metodología actual.

- 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.
- Las tecnologías de secuenciación de lectura larga como PacBio RS y Oxford Nanopore MinION son importantes ya que facilitan el ensamblaje de contigs largos, lo que facilita 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 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.
- Con el método epicPCR, ahora es posible conectar un gen con su huésped en una resolución unicelular para el análisis gen-huésped, lo que lo convierte en una herramienta muy útil para estudiar la genética de la dinámica de resistencia a antibióticos.

En general, las técnicas unicelulares pueden volverse extremadamente útiles si se desarrollan en la dirección en la que se pueden monitorear simultáneamente varios rasgos, proporcionando potencialmente información sobre la composición de la comunidad y la evolución de los rasgos.