



**Universidad del Sureste
Escuela de Medicina**

**Materia:
Farmacología**

**Alumno:
Oscar Eduardo Flores Flores**

Grado: 3 semestre

Grupo: B

**Tema:
Resistencia a los antibióticos en la naturaleza: una
perspectiva ecoevolutiva**

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

R= Transferencia horizontal de genes

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

R= Han logrado ser capaces de lograr una alta resistencia a los antibióticos gracias a retroalimentaciones ecoevolutivas en las comunidades de bacterias, por ejemplo, con consumidores de protozoos y fagos, es decir el estar en constante interacción con diferentes comunidades bacterianas atribuido a la resistencia y por lo que comprendí me parece que es gracias también a que comparten información entre ellas.

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

1. El análisis del metagenoma basado en la secuenciación de ADN de alto rendimiento es esencial para comprender la dinámica evolutiva ecológica de la resistencia a los antibióticos en entornos comunitarios.
2. 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.
3. La PCR cuantitativa también es una herramienta útil para cuantificar genes de resistencia a antibióticos.
4. Array-qPCR es un método particularmente eficaz para evaluar la existencia y cantidad de genes de resistencia a antibióticos en diferentes entornos.

REFERENCIA

- *Antibiotic resistance in the wild: an eco-evolutionary perspective* | *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. (2017). *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*.