



UNIVERSIDAD DEL SURESTE

ESCUELA DE MEDICINA

MATERIA:

FARMACOLOGÍA

PROYECTO:

REVISION DE ARTÍCULO

Alumno:

RUSSELL MANUEL ALEJANDRO VILLARREAL (3B)

Docente:

NATANAEL EZRI PRADO HERNANDEZ

LUGAR Y FECHA

Comitán de Domínguez, Chiapas a 07/01/2021

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

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

R: 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 e 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 **conjugación, transformación y transducción**.

1.- Conjugación: el ADN se transfiere en contacto celular.

2.- Transformación: no requiere contacto de célula a célula, pero fragmentos cortos de El ADN desnudo es absorbido por bacterias naturalmente transformables.

3.- Transducción: implica la transferencia de ADN a través de bacteriófagos.

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

R: 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, por el momento, en gran medida nos falta 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.

Por ejemplo, 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 en las que 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.

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

R: entre los métodos, encontramos los siguientes:

1.- **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.

2.- 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.

3.- 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.

4.- 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.

5.- Método epicPCR: recientemente descrito, ahora 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.

6.- En general, Las técnicas unicelulares pueden resultar extremadamente útiles si se desarrollan en la dirección donde varios rasgos pueden ser simultáneamente monitoreado, potencialmente proporcionando información sobre la composición de la comunidad y la evolución de los rasgos.