

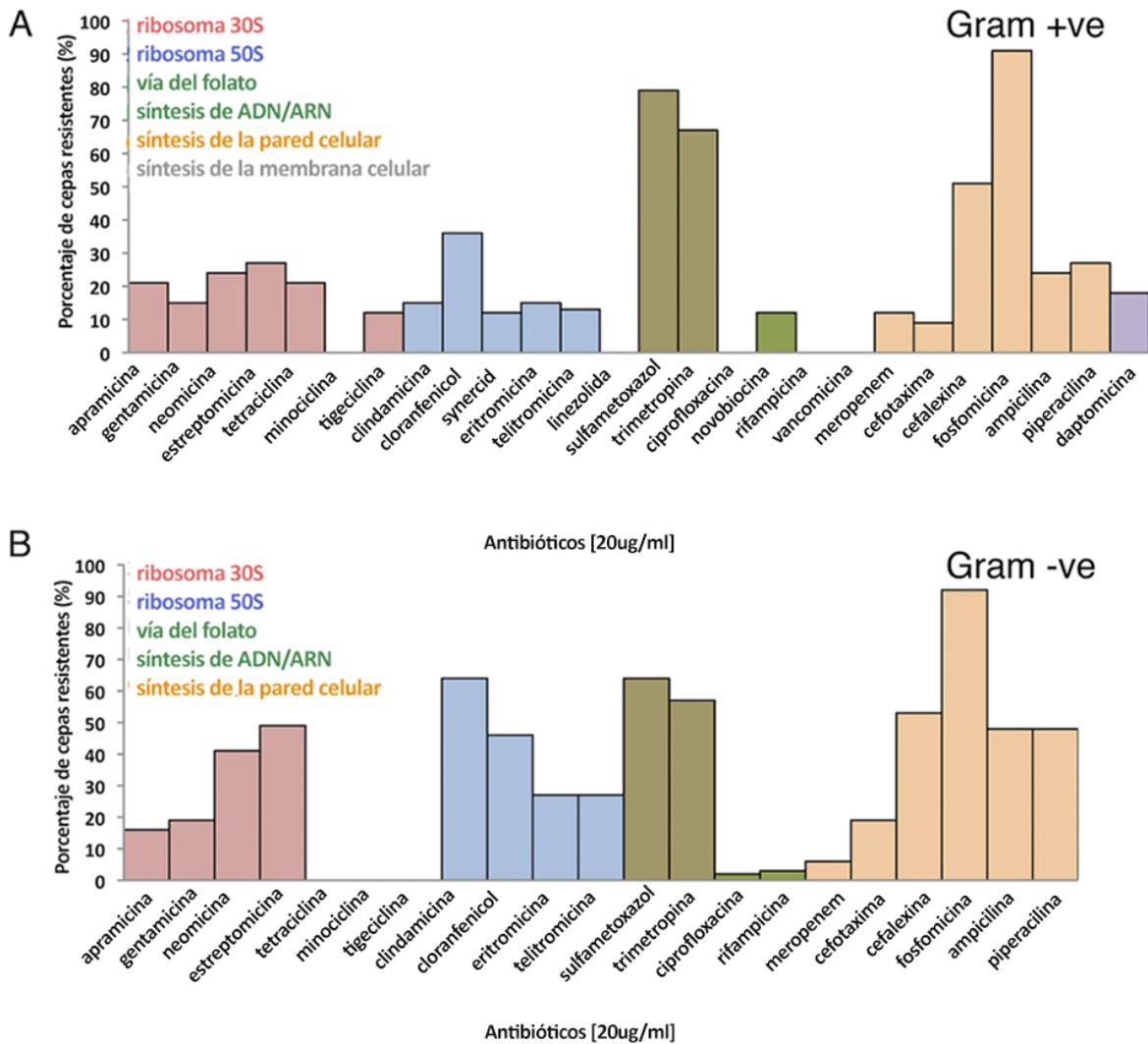


Orígenes de la resistencia a los antibióticos

¿CÓMO UTILIZAR ESTE RECURSO?

Muestra a los estudiantes la siguiente figura junto a la leyenda y la información general. En la hoja de trabajo para el estudiante hay espacio debajo de la leyenda de la figura para que los estudiantes apunten sus observaciones, notas y preguntas. También hay espacio junto a la sección "Información general" para apuntar ideas, notas y preguntas adicionales. Las secciones "Interpretación del gráfico" y "Preguntas de discusión" brindan información adicional y sugieren preguntas que puedes utilizar para estimular el pensamiento de los alumnos o guiar una discusión en clase sobre las características del gráfico y lo que representa.

Para encontrar información adicional relacionada a la pedagogía e implementación de este material, incluida la audiencia sugerida, el tiempo estimado de la clase y las conexiones curriculares, favor de visitar la página web de [este recurso](#).



Leyenda: Niveles de resistencia a diversos antibióticos en diferentes cepas de bacterias halladas en la cueva Lechuguilla en Nuevo México. Los antibióticos están agrupados por color para mostrar el modo de acción/objetivo que emplean para eliminar bacterias. (A) Resistencia en cepas de bacterias Gram-positivas (Gram +ve); (B) Resistencia en cepas de bacterias Gram-negativas (Gram -ve).

INFORMACIÓN GENERAL

Desde el descubrimiento del primer antibiótico, la penicilina, en 1928, los antibióticos han revolucionado la lucha contra las infecciones bacterianas. Los antibióticos son sustancias químicas que actúan específicamente contra las bacterias y las matan. Desafortunadamente, a menudo estos son recetados innecesariamente y los pacientes los usan de manera inadecuada. Las investigaciones han demostrado que estas tendencias han contribuido a la evolución reciente de bacterias que son resistentes a los antibióticos. Actualmente, se desconoce si los genes bacterianos que confieren resistencia a los antibióticos (denominados colectivamente como el "resistoma") han evolucionado recientemente desde la introducción de los antibióticos o si han evolucionado de forma independiente.

Para responder a esta pregunta, los científicos recolectaron bacterias de lugares que nunca habían estado expuestos a humanos o a antibióticos modernos. Se estimó que su sitio de estudio, una cueva remota ubicada dentro del Parque Nacional de las Cavernas de Carlsbad en Nuevo México, llamada cueva Lechuguilla, estuvo aislado del contacto humano y de la contaminación superficial (como el agua de lluvia) durante al menos 4 millones de años, con acceso extremadamente restringido desde su descubrimiento en la década de 1980. Los científicos recolectaron más de 500 cepas bacterianas distintas de tres lugares de la cueva. De estas, se seleccionaron aleatoriamente 93 cepas cultivables que fueron examinadas para buscar si eran resistentes a los antibióticos modernos.

Alrededor del 60% de las bacterias eran Gram-negativas, caracterizadas por tener una membrana externa protectora y ser resistentes a muchos antibióticos. Las bacterias restantes se clasificaron como Gram-positivas, las cuales carecen de esta membrana externa. Se examinó la supervivencia de las bacterias frente a 26 antibióticos diferentes, cada uno clasificado en una de seis categorías con base en la proteína o la vía sobre la que actúan en las células bacterianas. Las categorías fueron, ribosoma 30S, ribosoma 50S, vía del folato, síntesis de ADN/ARN, síntesis de pared celular o síntesis de la membrana celular. Se analizó cada cepa de bacterias colocándola en un medio de cultivo (alimento) que contenía una alta concentración de un antibiótico. Si la cepa bacteriana logró alcanzar una densidad celular (medida del crecimiento bacteriano) de al menos la mitad de la alcanzada por el crecimiento de la misma cepa sin antibiótico, se consideró resistente al antibiótico.

INTERPRETACIÓN DEL GRÁFICO

Esta figura tiene dos gráficos de barras, que muestran el porcentaje (sobre el eje Y) de cepas Gram-positivas (A) o Gram-negativas (B) que son resistentes a un antibiótico de uso clínico en particular. (Los nombres de los antibióticos se indican sobre el eje X). Alrededor del 63% de las bacterias analizadas fueron Gram-negativas, lo que significa que tienen una pared celular más resistente a ciertas clases de antibióticos en comparación con las paredes celulares de las bacterias Gram-positivas. Por este motivo, la resistencia de las bacterias Gram-negativas solamente se evaluó en antibióticos con actividad demostrada frente a cepas Gram-negativas (21 en total). En contraste, las cepas Gram-positivas fueron evaluadas contra 26 antibióticos. El objetivo o el modo de acción de los 26 agentes antimicrobianos diferentes han sido categorizados y se muestran en colores diferentes.

Solo un antibiótico, la minociclina, eliminó efectivamente el 100% de todas las cepas bacterianas analizadas. En cambio, aproximadamente el 90% de las cepas analizadas fueron resistentes a la fosfomicina. Esto sugiere que a nuestro arsenal de antibióticos le quedan muy pocas líneas de defensa contra los genes de resistencia a los antibióticos que existen en el medio ambiente.

La figura muestra que estas bacterias, las cuales nunca han estado expuestas a antibióticos modernos provenientes de fuentes clínicas o agrícolas en el último siglo, no obstante demuestran resistencia a muchos antibióticos modernos. Estas bacterias no solo son resistentes a diversos antibióticos, sino que también las cepas bacterianas resistentes representan una gran diversidad. Estas observaciones sugieren que los genes de resistencia a los antibióticos probablemente se originaron hace millones de años y se han diversificado considerablemente desde entonces. También indican que el uso excesivo e inadecuado de antibióticos por parte de los humanos no es el único responsable del surgimiento de la resistencia a los antibióticos.

Orígenes de la resistencia a los antibióticos

Para entender por qué la resistencia a los antibióticos evolucionó hace tanto tiempo, consideremos la vida desde la perspectiva de una bacteria. Para tener las mejores posibilidades de supervivencia, una bacteria debe competir con sus vecinos y una forma de hacerlo es producir antibióticos. Las bacterias que producen antibióticos deben ser naturalmente resistentes, pero las cepas susceptibles también pueden desarrollar resistencia con el paso del tiempo.

Consejo didáctico: Pide a los estudiantes que expliquen las diferentes partes de la figura:

- Tipo de gráfico: Gráfico de barras
- Eje X: Tipos de antibióticos
- Eje Y: Porcentaje (%) de cepas bacterianas con resistencia a un antibiótico determinado

PREGUNTAS DE DISCUSIÓN

- ¿Qué similitudes y diferencias notas entre los dos gráficos?
- ¿Qué antibióticos fueron los más eficaces para eliminar las bacterias de la cueva? ¿Cuáles fueron los menos eficaces? ¿Qué pruebas respaldan tus afirmaciones?
- ¿Respaldan estos datos la hipótesis de que algunos genes de resistencia evolucionaron en bacterias que no estuvieron expuestas a antibióticos modernos? ¿Por qué sí o por qué no?
- ¿Afectó alguno de los antibióticos de forma muy diferente a las cepas Gram-positivas y Gram-negativas? ¿Cuál es una posible explicación?
- ¿Qué característica (objetivo o modo de acción del antibiótico) de las bacterias parece ser la más resistente a los antibióticos? ¿Cuál podría ser el motivo?
- Teniendo en cuenta las características celulares sobre las que actúan los antibióticos, ¿por qué crees que los antibióticos solamente hacen daño a las células bacterianas y no a las células humanas?
- ¿De qué otros entornos podrían los científicos recoger muestras bacterianas para seguir probando su hipótesis de que la resistencia a los antibióticos es un rasgo que evolucionó sin verse alterado por el uso de antibióticos modernos?
- ¿Qué precauciones podrían tener que tomar los científicos que trabajan con estas bacterias en el laboratorio?
- ¿Cuántos de los 26 antibióticos eliminaron con éxito el 100% de las cepas bacterianas (tanto Gram-positivas como Gram-negativas)? Según eso, ¿qué piensas sobre nuestra capacidad de combatir infecciones con nuestro actual arsenal de antibióticos?
- ¿Los resultados de este estudio nos dan alguna idea de cómo podemos combatir la resistencia a los antibióticos en el futuro? En caso afirmativo, ¿qué nos sugieren?

FUENTE

Figura 2 de:

Bhullar K., Waglechner N., Pawlowski A., Koteva K., Banks E.D., *et al.* (2012) Antibiotic Resistance Is Prevalent in an Isolated Cave Microbiome. PLoS ONE 7(4): e34953. doi:10.1371/journal.pone.0034953

CRÉDITOS

Natalie Dutrow, PhD, Judge Memorial Catholic High School, Salt Lake City, UT

Editado por: Gerard Wright, PhD, McMaster University; Aileen O’Hearn, PhD, Bridget Conneely y Jessica Johnson, HHMI

Traducido al español por la compañía de traducción Ubiq USA y editado por Luis R. Colón-Cruz, PhD, MPH, NIH; Kevin Alicea-Torres, PhD, Freelance Science Editor; Jamillah Echeverria, Vialux Media y Zulmarie Pérez Horta, PhD, HHMI.