

TELAS DO PAINEL DE ENTRADA DO MOODLE

Label do painel de entrada do Moodle:

BRASIL Acesso à informação

BRASIL Português - Brasil (pt_br) Tuanne Mirelly da Silva Rabelo

Cursos Integrados em Vigilância em Saúde

Seja bem-vindo(a) ao curso
Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais

< PAINEL < MEUS CURSOS < VIGILÂNCIA GENÔMICA APLICADA ÀS DOENÇAS INFECCIOSAS E VIRais [PROTOTIPO]

Apresentação do curso (Painel do Moodle):

Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais [PROTOTIPO]

O curso de qualificação profissional em Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais foi desenvolvido pela Fiocruz e pelo Sistema Universidade Aberta do Sistema Único de Saúde (UNASUS) e é promovido pelo Instituto Todos pela Saúde (ITpS) em parceria com a Associação Brasileira de Saúde Coletiva (Abrasco), na modalidade de Educação a Distância (EaD).

Card do Guia do aluno:

 Atividade finalizada

 Guia do aluno

Conheça nesse Guia as instruções para conclusão dos seus estudos, tais como: navegar no ambiente do curso; ferramentas de apoio aos estudos; fórum de debates com colegas; regras de avaliação para obtenção dos certificados em cada microcurso e obtenção do certificado final de aperfeiçoamento.

[Acessar](#)

Card Enquete de abertura:

✓ Atividade finalizada



Enquete de abertura

Convidamos você para responder nossa Enquete de Abertura. São só três minutinhos que nos ajudarão a aperfeiçoar sua experiência educacional! Essa enquete não influencia na sua avaliação ou certificação. Obrigado por participar!

[Acessar](#)

Card Iniciar o curso:



Iniciar o curso

Conheça os recursos educacionais criados para facilitar sua aprendizagem, tais como: sistema de navegação intuitivo e redundante; glossário de termos técnicos; leituras recomendadas e complementares; vídeos educativos; animações; avaliações formativas e somativas.

[Acessar](#)

Card Avaliação final:

Atividade finalizada



Avaliação final

Esta avaliação final será habilitada depois que completar todas as avaliações formativas do Material de Estudos. Você terá quatro (04) tentativas para responder as questões corretamente. É necessário acertar ao menos 60% das questões para obter aprovação e o certificado de conclusão deste curso.

[Acessar](#)

Card Pesquisa de satisfação:

✓ Atividade finalizada



Pesquisa de satisfação

Sua opinião é fundamental para aprimorar nosso curso. Por isso, convidamos você a avaliar este curso, respondendo nossa enquete final. Essa enquete não influencia na sua avaliação de aprendizagem ou certificação. Obrigado por participar.

[Acessar](#)

Menu lateral do Guia do aluno:

[**< VOLTAR**](#)

Guia do aluno

Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infeciosas e Virais

[Proposta do Guia do Aluno](#)

[Apresentação do Curso em Vigilância Genômica aplicada às Doenças Infeciosas e Virais](#)

[Objetivo Geral do Curso em Vigilância Genômica aplicada às Doenças Infeciosas e Virais](#)

[Objetivos Gerais e de Aprendizagem das Unidades](#)

[Sistema de Avaliação da Aprendizagem](#)

[Emissão de Certificados](#)

[Sistema de Oferta do Curso](#)

[AVA Moodle](#)

[Material de Estudos](#)

[Suporte Técnico](#)

[Ficha de Técnica](#)

[Ficha de Créditos da Equipe de Produção e Revisão](#)

Ao clicar na Proposta do Guia do Aluno:

Proposta do Guia do Aluno



Orientar você a respeito do **Curso em Vigilância Genômica aplicada às Doenças Infecciosas e Virais**, apresentando sua estrutura programática, seus princípios educacionais, seus objetivos e regras de avaliação e certificação. Você conhecerá ainda os objetivos de aprendizagem, os recursos disponíveis, e todas as informações necessárias para ser bem-sucedido em seus estudos.



Ao clicar **Apresentação do Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais:**

Seja bem-vindo (a)!



O curso qualificação profissional **Vigilância Genômica aplicada às Doenças Infeciosas e Virais** foi desenvolvido pela Fiocruz e pelo Sistema Universidade Aberta do Sistema Único de Saúde (UNASUS) e é promovido pelo Instituto Todos pela Saúde (ITpS) em parceria com a Associação Brasileira de Saúde Coletiva (Abrasco), na modalidade de Educação a Distância (EaD). Este curso tem 45 horas de carga horária e visa qualificar o profissional da saúde para reconhecer a importância da Vigilância Genômica Viral, identificando os métodos mais adequados e interpretando os resultados obtidos para responder de forma eficaz a eventos de emergência em saúde pública.

Ao clicar no Objetivo Geral do Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infeciosas e Virais:

Objetivo Geral do Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infeciosas e Virais



Qualificar o profissional da saúde para reconhecer a importância da Vigilância Genômica Viral, identificando os métodos mais adequados e interpretando os resultados obtidos para responder de forma eficaz a eventos de emergência em saúde pública.

Ao clicar nos Objetivos Gerais e de Aprendizagem das Unidades:

Objetivos Gerais e de Aprendizagem das Unidades

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Objetivo Geral:

Reconhecer os conceitos fundamentais de virologia, biologia molecular e análise dos dados de vigilância laboratorial e genômica para responder demandas de saúde pública.

Módulo 1- Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Objetivos de Aprendizagem:

Identificar elementos da Vigilância Genômica para aplicação da Vigilância Epidemiológica nos diferentes agravos de etiologia viral.

- Identificar os conceitos básicos de epidemiologia.
- Reconhecer todas as etapas necessárias para a condução da Vigilância Genômica.
- Identificar o conceito de saúde única e a importância do monitoramento genômico para caracterização e resposta às epidemias.

Módulo 2- Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Objetivos de Aprendizagem:

Identificar elementos da Vigilância Genômica para aplicação da Vigilância Epidemiológica nos diferentes agravos de etiologia viral.

- Identificar conceitos básicos de Virologia e de Vigilância Genômica aplicáveis à Saúde Pública.
- Reconhecer como as ferramentas de Vigilância Genômica podem contribuir para o entendimento da dispersão dos arbovírus e dos vírus respiratórios.
- Reconhecer as informações geradas pela Vigilância Genômica, para o melhor enfrentamento de doenças virais e atuação da vigilância em Saúde, com base nas viroses causadas por Influenza, SARS-CoV-2.
- Identificar os processos necessários para garantir a realização da Vigilância Genômica.
- Reconhecer as contribuições da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo.

Unidade 2 – Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica

Objetivo Geral:

Identificar as metodologias para a vigilância genômica, suas aplicações e limitações.

Módulo 1 - Aplicações e limitações das metodologias para a Vigilância Genômica (VG).

Objetivos de Aprendizagem:

Reconhecer as aplicações e limitações das metodologias para a vigilância genômica.

- Coletar e processar amostras clínicas.
- Identificar abordagens de diagnóstico laboratorial, sua aplicabilidade e suas limitações.
- Utilizar estratégias de vigilância genômica e interpretar resultados.

Módulo 2 - Fluxo Laboratorial e Requisitos de Controle de Qualidade

Objetivos de Aprendizagem:

Reconhecer as etapas laboratoriais, os requisitos de controle de qualidade e os fluxos de trabalho mais adequados para atendimento das demandas de saúde pública.

- Utilizar os controles de qualidade para validar os experimentos e análises realizadas.
- Incorporar nos fluxos de trabalho controles de qualidade para coleta de amostras e de dados epidemiológicos.

Módulo 3 - Aplicação de conhecimentos metodológicos na resolução de problemas laboratoriais

Objetivos de Aprendizagem:

Aplicar conhecimentos metodológicos na resolução de problemas laboratoriais

- Aplicar conhecimentos metodológicos na resolução de situações relacionadas ao diagnóstico molecular.
- Aplicar conhecimentos metodológicos na resolução de situações relacionadas a vigilância genômica.

Ao clicar no Sistema de Avaliação de Aprendizagem:

Sistema de Avaliação da Aprendizagem

1. Avaliação Formativa

As atividades que compõem a Avaliação Formativa ou autoavaliação do curso estão distribuídas no decorrer dos conteúdos com o papel de apoiar você a reconhecer o que foi aprendido e o que precisa ser reforçado ao longo dos seus estudos.

2. Avaliação Somativa (Final)

As questões que compõem a avaliação somativa, apresentadas ao final dos seus estudos, são elaboradas com base nos princípios da Teoria de Resposta ao Item – TRI, em que cada questão possui um enunciado e cinco alternativas de respostas (1 resposta correta e 4 distratores). Destaca-se, que para cada resposta selecionada por você, será emitido um feedback com uma explicação a respeito do item, tanto nas respostas corretas como nas incorretas, para favorecer, assim, o seu processo de aprendizagem.

3. Critério mínimo para obter o certificado de qualificação profissional

- **Avaliação Formativa**

Você deverá obter 100% de aproveitamento, respondendo todos os itens dessas avaliações formativas. O sistema permite que você refaça as avaliações formativas quantas vezes forem necessárias, ou seja, não haverá limites de tentativas na resolução das questões. Cada questão selecionada apresentará o feedback com as referências para consolidar sua aprendizagem. Ressalta- se, que a liberação da Avaliação Somativa (no Moodle) está condicionada a esse critério de 100% de realização dos itens dessa Avaliação Formativa.

- **Avaliação Somativa para Certificação**

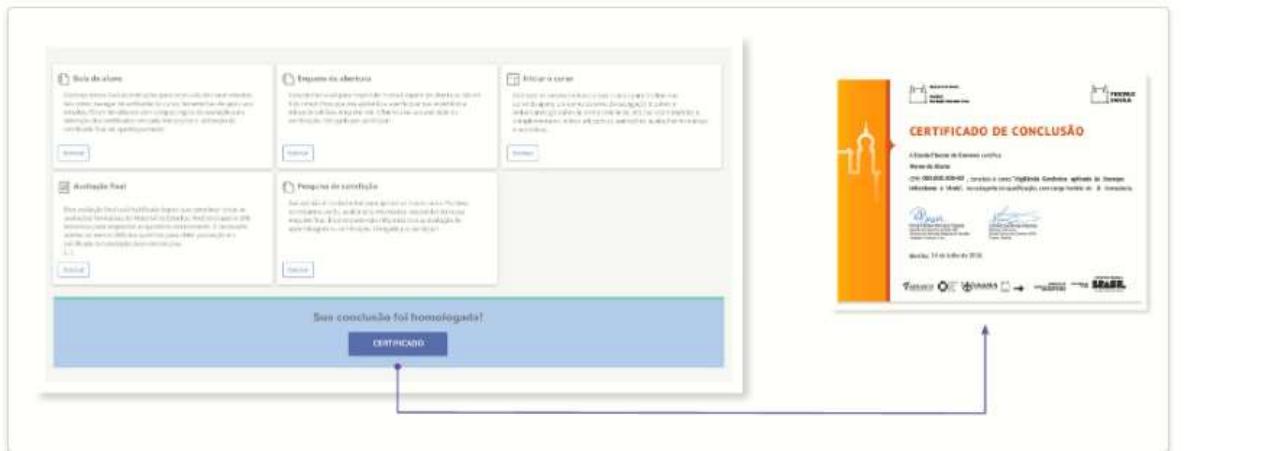
Você deverá obter, no mínimo, 60% de aproveitamento na avaliação somativa para ser considerado aprovado no curso. Caso você obtenha aproveitamento inferior a 60%, ou seja, inferior à nota mínima na primeira tentativa, terá direito a mais três tentativas nesta avaliação somativa.

Ao clicar na Emissão de Certificados:

Emissão de Certificados

O certificado do curso de qualificação profissional estará disponível para o aluno no painel do Moodle após o aluno cumprir os seguintes requisitos:

- Alcançar a carga horária de 45h na aprovação do curso.



Ao clicar no Sistema de Oferta do Curso:

Sistema de Oferta do Curso

O Curso em Vigilância Genômica aplicada às Doenças Infecciosas e Virais possui diversos recursos técnicos e pedagógicos, especialmente, organizados para facilitar o acesso e a navegação dos alunos durante seu processo de aprendizagem. Conheça-os a seguir:

1. **MOODLE:** é o ambiente virtual de aprendizagem (AVA) utilizado para a gestão e a oferta de cursos a distância on-line do sistema UNA-SUS.
2. **MATERIAIS DE ESTUDO (PPU):** é um padrão de empacotamento de Recursos Educacionais Multimídia, para recursos que necessitem de persistência de dados de interação, otimizados para utilização e distribuição, visando a reutilização e preservação digital.

Ao clicar no Ava Moodle:

Ava Moodle

Ao confirmar sua matrícula, você será direcionado(a) para o Painel do Moodle, onde terá acesso: ao material de estudos do curso Vigilância Genômica aplicada às Doenças Infecciosas e Virais (06); ao Guia do Aluno (07) com informações a respeito da avaliação do curso, e outras informações importantes; à Enquete de abertura (08); à Pesquisa de Satisfação (09) em que você poderá opinar acerca da qualidade dos recursos educacionais, as facilidades ou dificuldades com a interface do curso, entre outras questões; à Avaliação final (10) que irá avaliar a sua aprendizagem no curso emitindo ou não seu certificado, mas que só ficará disponível para acesso, após você realizar todas as avaliações formativas que estão dentro do curso.

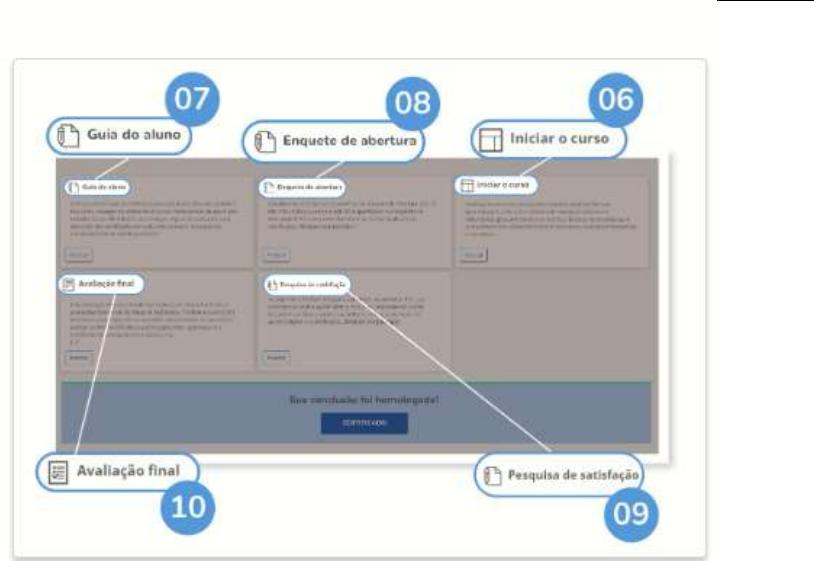
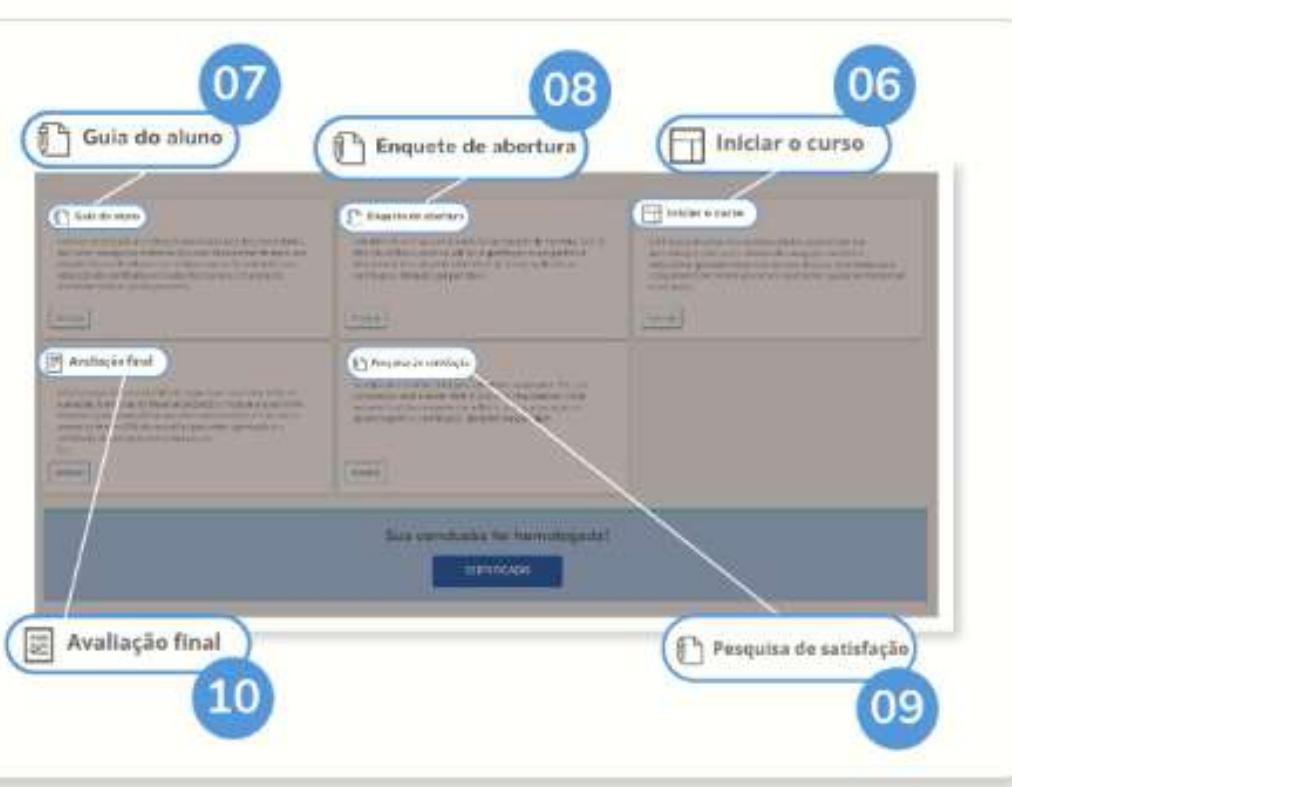


Imagen do Ava Moodle:



Ao clicar no Material de Estudos:

Material de Estudos

Ao clicar no card "Iniciar o curso" no Painel, você terá acesso ao ambiente de estudos para iniciar seu processo de aprendizagem. O curso possui como padrão os seguintes recursos: Menu vertical à esquerda "Menu de Tópicos" (11), com o "Meu Progresso", as "Unidades" que você estudará, e a "Síntese dos Principais Aprendizados"; Menu horizontal no alto "Menu de Apoio" (12), com Objetivos das unidades, Guia de Navegação, Glossário Geral, Leitura Recomendada e "Mais" (13), com acesso às leituras complementares e créditos de produção. No botão "Avançar" (14) você navega no conteúdo.

The screenshot shows a learning platform interface with the following navigation steps:

- 11**: MENU DE TÓPICOS
- 12**: Objetivos | Guia de navegação | Glossário geral | Leitura recomendada
- 13**: Mais
- 14**: Biossegurança na coleta e no processamento de amostras clínicas

The interface includes a sidebar with "MENU DE TÓPICOS" and "Meu progresso". The main content area displays a module titled "Coleta e processamento de amostras clínicas" with a sub-section "Biossegurança na coleta e no processamento de amostras clínicas". The text in this section discusses the importance of adequate sample collection and processing for diagnostic protocols.

Imagen do Material de Estudos:

The screenshot illustrates a user interface for a learning module. A vertical sidebar on the left contains a 'MENU DE TÓPICOS' with sections like 'Meu progresso', 'Unidade 2 - Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica (VG)', and 'Módulo 1 - Aplicações e limitações das metodologias para a Vigilância Genômica (VG)'. The main content area shows a header with 'Objetivos', 'Guia de navegação', 'Glossário geral', 'Leitura recomendada', and a 'Mais' button. Below this is a sub-header for 'Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais' with similar navigation links and a 'Mais' button. The central content is titled 'Coleta e processamento de amostras clínicas' and includes a section on 'Biossegurança na coleta e no processamento de amostras clínicas'. A page navigation bar at the bottom indicates 'Página 2 / 11'. A large blue circle labeled '14' with a right-pointing arrow is overlaid on the bottom right of the main content area.

11 MENU DE TÓPICOS

12 Objetivos Guia de navegação Glossário geral Leitura recomendada Mais

Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais
Objetivos Guia de navegação Glossário geral Leitura recomendada Mais

Unidade 2
Coleta e processamento de amostras clínicas

Biossegurança na coleta e no processamento de amostras clínicas

Ao clicar no Suporte Técnico:

13 Mais

14 >

Suporte Técnico

Caso você tenha problemas técnicos, dificuldade de navegação ou dúvidas a respeito do acesso ao curso, entre em contato com o Suporte UNA-SUS, pelo link: <https://sistemas.unasus.gov.br/suporte> O curso utiliza tecnologias modernas que tornam possível o seu acesso em computadores e em dispositivos móveis (como tablets e smartphones):

- Para acessar o curso usando um computador é necessário:
 - Conexão com a internet;
 - Navegadores: Google Chrome; Mozilla Firefox; Apple Safari 6; Opera; Microsoft Internet Explorer 10 ou superior.
- Para a visualização do curso em dispositivos móveis, é necessário:
 - Conexão com a internet;
 - Sistemas operacionais: iOS 7 ou superiores; Android 5 (Lollipop) ou superiores; Microsoft Windows Phone; Firefox OS.

Ao clicar na Ficha Técnica:

Ficha de Técnica

©2023. Ministério da Saúde. Sistema Universidade Aberta do SUS. Fundação Oswaldo Cruz.

Alguns direitos reservados. É permitida a reprodução, a disseminação e a utilização desta obra, em parte ou em sua totalidade, nos termos da licença para usuário final do Acervo de Recursos Educacionais em Saúde (ARES). Deve ser citada a fonte e é vedada a sua utilização comercial.

Secretaria-executiva da Universidade Aberta do SUS — UNA-SUS

Maria Fabiana Damásio Passos

Secretária Executiva

Fundação Oswaldo Cruz — Fiocruz

Mário Moreira

Presidente em exercício

Secretaria-executiva da Universidade Aberta do SUS — UNA-SUS

Campus Universitário Darcy Ribeiro

Av. L3 Norte, s/nº Gleba A

Ed. Administrativo da Fiocruz, Brasília, 2º andar

Asa Norte, Brasília-DF – 70.904-130

Telefone: (61) 3329-4598

Ao clicar na Ficha de Créditos da Equipe de Produção e Revisão:

Ficha de Créditos da Equipe de Produção e Revisão

Coordenador de Monitoramento e Avaliação da Secretaria Executiva da UNA-SUS

Alysson Feliciano Lemos

Coordenador Geral do Projeto

Fabio Miyajima

Produção Geral do Curso

Lina Sandra Barreto Brasil

Conteudistas - Unidade 1

Eduardo de Mello Volotão

Felipe Gomes Naveca

Marilda Agudo Mendonça Teixeira de Siqueira

Paola Cristina Resende Silva

Conteudistas - Unidade 2

Fabio Miyajima

Fernando do Couto Motta

Tulio Campos

Alice Paula Di Sabatino Guimarães

Revisão Técnica-Científica

Dra. Maria de Lourdes Aguiar de Oliveira

Revisão de Conteúdos - Unidade 1

Fernando do Couto Motta

Maria de Lourdes Aguiar Oliveira

Revisão de Conteúdos - Unidade 2

Revisão de Conteúdos - Unidade 2

Alice Paula Di Sabatino Guimarães

Designers Instrucionais

Janiele Cardoso Godinho

Josiane do Carmo Silva

Lina Sandra Barreto Brasil

Assistência de Produção

Alexandra Josefa Dunice Vieira

Assessoria de Planejamento

Sybele Avelino Pereira

Sistema de Avaliação

Janiele Cardoso Godinho

Josiane do Carmo Silva

Designers Gráficos

Edvandro Lincoln de Almeida

Sanny Caroline Saraiva de Sousa

Webdesigners

Cláudia Schirmbeck Peixoto

Ao clicar no card Enquete de abertura, abre-se a seguinte tela:

[< VOLTAR](#)

Enquete de abertura

Convidamos você para responder nossa Enquete de Abertura. São só três minutinhos que nos ajudarão a aperfeiçoar sua experiência educacional! Essa enquete não influencia na sua avaliação ou certificação. Obrigado por participar!

[Responda às perguntas...](#)

[◀ Guia do aluno](#)

[Seguir para...](#)



[Iniciar o curso ▶](#)

Ao clicar em Seguir para...

[< VOLTAR](#)

Enquete de abertura

Convidamos você para responder nossa Enquete de Abertura. São só três minutinhos que nos ajudarão a aperfeiçoar sua experiência educacional! Essa enquete não influencia na sua avaliação ou certificação. Obrigado por participar!

[Responda às perguntas...](#)

[◀ Guia do aluno](#)

[Seguir para...](#)



[Iniciar o curso ▶](#)

Seguir para...

- Guia do aluno
- Iniciar o curso
- Avaliação final
- Pesquisa de satisfação
- ABRASCO**
- UNA/SUS
- FONASE
- (60%)
- UFSC



Ao clicar no botão Responda às perguntas:

Questão 1 – Enquete de abertura

Enquete de abertura

[Imprimir em Branco](#)

1 *

Avalie cada uma das seguintes assertivas:

	Discordo totalmente	Discordo parcialmente	Não concordo e nem discordo	Concordo parcialmente	Concordo totalmente
Acredito que o curso estará de acordo com as minhas expectativas de aprendizagem.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Acredito que conseguirei realizar o curso até o final.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Acredito que utilizarei as aprendizagens deste curso em minha prática profissional.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Pelo que observei, o curso aparenta ter o conteúdo necessário para potencializar a minha aprendizagem no tema.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
A minha carga horária profissional poderá ser empecilho para a conclusão do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Acredito que minha conexão com a internet possa dificultar a conclusão do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Meus aparelhos eletrônicos podem dificultar a execução e conclusão do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Minha experiência prévia com o EAD pode ser um facilitador para conclusão desta oferta de curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 2 – Enquete de abertura

2 *

Marque a resposta que melhor descreva a sua motivação para realizar a matrícula no curso. Caso a assertiva não te represente, escolha a opção "Não se aplica":

	Nada importante	Pouco importante	Moderadamente importante	Muito importante	Totalmente importante	N/A
Melhorar meu desempenho profissional.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Ampliar ou aprofundar o meu conhecimento no tema.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Obter uma Progressão Funcional em meu trabalho.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Adquirir um certificado ou declaração.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Resolver um problema com um caso ou situação que estou vivenciando.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Atender a uma recomendação do meu empregador.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 3 – Enquete de abertura

3

Avalie o quanto você sabe, hoje, sobre o assunto deste curso:

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Sei pouco	<input type="radio"/>	Sei muito								

Questão 4 – Enquete de abertura

4

Como você ficou sabendo da oferta deste curso?

- Pela indicação de outra pessoa (ex.: um colega, amigo, etc.);
- Pelo portal da UNA-SUS;
- Por um site de busca (Google, Yahoo, etc.);
- Pela Plataforma Arouca;
- Por uma rede social (Twitter, Facebook, LinkedIn, etc.)
- Pelo portal ou blog vinculado ao Ministério da Saúde;
- Por um material impresso (cartaz, folder, jornal, etc.);
- Outro (especifique):

Questão 5 – Enquete de abertura

5 • Qual opção melhor descreve a maneira como você pretende participar deste curso?

- Apenas explorar o conteúdo deste curso:
- Acessar uma parte específica do conteúdo deste curso:
- Acessar todo o conteúdo e, talvez, me certificar:
- Acessar todo o conteúdo para me certificar:
- Outro (especifique):

[◀ Guia do aluno](#)

Seguir para...

[Iniciar o curso ►](#)

Novo acesso na enquete de abertura

Enquete de abertura

Convidamos você para responder nossa Enquete de Abertura. São só três minutinhos que nos ajudarão a aperfeiçoar sua experiência educacional! Essa enquete não influencia na sua avaliação ou certificação. Obrigado por participar!

Você já preencheu previamente esta enquete.

Sua resposta

Ao clicar no card Avaliação final, a visão geral é esta:

[◀ VOLTAR](#)

Avaliação final

Esta avaliação final será habilitada depois que completar todas as avaliações formativas do Material de Estudos. Você terá quatro (04) tentativas para responder as questões corretamente. É necessário acertar ao menos 60% das questões obter aprovação e o certificado de conclusão deste curso.

Método de avaliação: Nota mais alta

[Tentar responder o questionário agora](#)

[Iniciar o curso](#)

Seguir para...

[Pesquisa de satisfação ►](#)

Questão 1

< VOLTA

Questão 1
Ainda não
respondida
Valo 0,67
pontos.
Marcar
questão

A Vigilância Epidemiológica tem por objetivo promover o desenvolvimento de investigações que culminam na identificação de surtos e suas causas epidemiológicas, possibilitando que ela estabeleça possíveis mudanças, tanto dos componentes virais sob investigação quanto dos padrões clínicos identificados, tendo como fim o controle e/ou a prevenção de doenças. Dessa forma, cabe a vigilância epidemiológica

Escolha uma opção:

- A. Identificar, inicialmente, as prováveis causas do desenvolvimento de um surto e os planos de ação a serem implementados, não sendo necessário monitoramento periódico, pois o padrão epidemiológico foi apresentado e definido anteriormente.
- B. restringir os dados acerca da vigilância dos agravos ocorridos anteriormente, uma vez que o conjunto de ações definido inicialmente não foi relevante para a situação atual, por se tratar de um dado recorrente.
- C. coletar, investigar, interpretar e divulgar às autoridades de saúde quais as causas que levaram a ocorrência de surtos, considerando a divulgação de ações e medidas de contenção para o não surgimento de novos casos.
- D. notificar apenas casos que possam comprometer a saúde à nível nacional.

[Limpar minha escolha](#)

Navegação do questionário

1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15						

[Finalizar tentativa ...](#)

[Próxima página](#)

[◀ Iniciar o curso](#)

[Seguir para...](#)

[Pesquisa de satisfação ▶](#)

1. Feedback para item correto da questão 1

Questão 1
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00

1º Marcar questão

A Vigilância Epidemiológica tem por objetivo promover o desenvolvimento de investigações que culminam na identificação de surtos e suas causas epidemiológicas, possibilitando que ela estabeleça possíveis mudanças, tanto dos componentes vírais sob investigação quanto dos padrões clínicos identificados, tendo como fim o controle e/ou a prevenção de doenças. Dessa forma, cabe a vigilância epidemiológica

Escolha uma opção:

- A. restringir os dados acerca da vigilância dos agravos ocorridos anteriormente, uma vez que o conjunto de ações definido inicialmente não foi relevante para a situação atual, por se tratar de um dado recorrente.
- B. identificar, inicialmente, as prováveis causas do desenvolvimento de um surto e os planos de ação a serem implementados, não sendo necessário monitoramento periódico, pois o padrão epidemiológico foi apresentado e definido anteriormente.
- C. coletar, investigar, interpretar e divulgar às autoridades de saúde quais as causas que levaram a ocorrência de surtos, considerando a divulgação de ações e medidas de contenção para o não surgimento de novos casos. Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. No caso das doenças vírais, a Vigilância Epidemiológica deve reconhecer a ocorrência daquelas doenças de notificação compulsória e investigar surtos que ocorram em territórios específicos. Além disso, deve agir rapidamente para identificar a mudança de padrões epidemiológicos com base no monitoramento sindrómico.
- D. notificar apenas casos que possam comprometer a saúde à nível nacional.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). **Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018.** Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS); Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 1

Questão 1
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

1º Marcar questão

A Vigilância Epidemiológica tem por objetivo promover o desenvolvimento de investigações que culminam na identificação de surtos e suas causas epidemiológicas, possibilitando que ela estabeleça possíveis mudanças, tanto dos componentes vírais sob investigação quanto dos padrões clínicos identificados, tendo como fim o controle e/ou a prevenção de doenças. Dessa forma, cabe a vigilância epidemiológica

Escolha uma opção:

- A. coletar, investigar, interpretar e divulgar às autoridades de saúde quais as causas que levaram a ocorrência de surtos, considerando a divulgação de ações e medidas de contenção para o não surgimento de novos casos.
- B. restringir os dados acerca da vigilância dos agravos ocorridos anteriormente, uma vez que o conjunto de ações definido inicialmente não foi relevante para a situação atual, por se tratar de um dado recorrente. Esta não é a melhor alternativa de resposta. A Vigilância Epidemiológica atua de forma contínua, apropriando-se das investigações que caracterizam as manifestações das doenças e agravos referentes a cada momento analisado. Os padrões podem sofrer alterações, sendo necessário acompanhamento dos casos de forma completa e descentralizada.
- C. notificar apenas casos que possam comprometer a saúde à nível nacional.
- D. identificar, inicialmente, as prováveis causas do desenvolvimento de um surto e os planos de ação a serem implementados, não sendo necessário monitoramento periódico, pois o padrão epidemiológico foi apresentado e definido anteriormente.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). **Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018.** Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS); Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 1

Questão 1
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

A Vigilância Epidemiológica tem por objetivo promover o desenvolvimento de investigações que culminam na identificação de surtos e suas causas epidemiológicas, possibilitando que ela estabeleça possíveis mudanças, tanto dos componentes virais sob investigação quanto dos padrões clínicos identificados, tendo como fim o controle e/ou a prevenção de doenças. Dessa forma, cabe a vigilância epidemiológica

Escolha uma opção:

- A. restringir os dados acerca da vigilância dos agravos ocorridos anteriormente, uma vez que o conjunto de ações definido inicialmente não foi relevante para a situação atual, por se tratar de um dado recorrente.
- B. coletar, investigar, interpretar e divulgar às autoridades de saúde quais as causas que levaram a ocorrência de surtos, considerando a divulgação de ações e medidas de contenção para o não surgimento de novos casos.
- C. notificar apenas casos que possam comprometer a saúde à nível nacional. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. Investigar, identificar e notificar, incluindo as autoridades locais, faz parte da Vigilância Epidemiológica. Diferentes regiões podem apresentar uma determinada doença, em períodos diferentes e com características distintas. Apropriar-se das informações, investigações e manifestações, independente da época ou proporções geradas, é importante, inclusive, para conhecimento e desenvolvimento de ações que possam conter futuras manifestações.
- D. identificar, inicialmente, as prováveis causas do desenvolvimento de um surto e os planos de ação a serem implementados, não sendo necessário monitoramento periódico, pois o padrão epidemiológico foi apresentado e definido anteriormente.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). **Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018**. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS); Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 1

Questão 1
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

A Vigilância Epidemiológica tem por objetivo promover o desenvolvimento de investigações que culminam na identificação de surtos e suas causas epidemiológicas, possibilitando que ela estabeleça possíveis mudanças, tanto dos componentes virais sob investigação quanto dos padrões clínicos identificados, tendo como fim o controle e/ou a prevenção de doenças. Dessa forma, cabe a vigilância epidemiológica

Escolha uma opção:

- A. identificar, inicialmente, as prováveis causas do desenvolvimento de um surto e os planos de ação a serem implementados, não sendo necessário monitoramento periódico, pois o padrão epidemiológico foi apresentado e definido anteriormente. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. A Vigilância Epidemiológica atua de forma contínua, apropriando-se das investigações que caracterizam as manifestações das doenças e agravos referentes a cada momento analisado. Os padrões podem sofrer alterações, sendo necessário acompanhamento dos casos de forma completa e descentralizada.
- B. notificar apenas casos que possam comprometer a saúde à nível nacional.
- C. restringir os dados acerca da vigilância dos agravos ocorridos anteriormente, uma vez que o conjunto de ações definido inicialmente não foi relevante para a situação atual, por se tratar de um dado recorrente.
- D. coletar, investigar, interpretar e divulgar às autoridades de saúde quais as causas que levaram a ocorrência de surtos, considerando a divulgação de ações e medidas de contenção para o não surgimento de novos casos.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). **Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018**. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS); Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Questão 2

Questão 2
Ainda não respondida
Vale 0,67 ponto(s).
Marcar questão

A Vigilância Genômica é imprescindível para o monitoramento da emergência de mutações e outras alterações genéticas em patógenos de interesse, além de permitir a geração de conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação de agentes etiológicos para embasar a utilização de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias. Para tanto, a condução de uma Vigilância Genômica eficiente requer a coleta de dados mínimos, além de ser recomendada a coleta de alguns dados adicionais. São exemplos de informações básicas e recomendadas para a condução de uma Vigilância Genômica eficiente.

Escolha uma opção:

- A. Básicas: espécime biológico; local de coleta e data da coleta da amostra.
Recomendadas: Histórico de viagens; local suspeito de infecção; sintomas e desfecho clínico; idade, sexo e ocupação do paciente.
- B. Básicas: nome completo do paciente; endereço de residência e idade do paciente.
Recomendadas: endereço de trabalho, tipo sanguíneo e CRM do médico responsável pelo atendimento.
- C. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: Histórico de exames bioquímicos e de imagem, local de trabalho e data de nascimento.
- D. Básicas: CPF ou RG do paciente; nome completo do paciente e data de nascimento.
Recomendadas: tipo sanguíneo, histórico do uso de medicações, exames de imagem e prontuário de internação (se houver).
- E. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: histórico do uso de medicações, nível de escolaridade e renda familiar.

[Limpar minha escolha](#)

Página anterior

Próxima página

Navegação do questionário

1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15						

[Finalizar tentativa ...](#)

1. Feedback para item correto da questão 2

Questão 2
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

A Vigilância Genômica é imprescindível para o monitoramento da emergência de mutações e outras alterações genéticas em patógenos de interesse, além de permitir a geração de conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação de agentes etiológicos para embasar a utilização de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias. Para tanto, a condução de uma Vigilância Genômica eficiente requer a coleta de dados mínimos, além de ser recomendada a coleta de alguns dados adicionais. São exemplos de informações básicas e recomendadas para a condução de uma Vigilância Genômica eficiente.

Escolha uma opção:

- A. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: Histórico de exames bioquímicos e de imagem, local de trabalho e data de nascimento.
- B. Básicas: nome completo do paciente; endereço de residência e idade do paciente.
Recomendadas: endereço de trabalho, tipo sanguíneo e CRM do médico responsável pelo atendimento.
- C. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: histórico do uso de medicações, nível de escolaridade e renda familiar.
- D. Básicas: CPF ou RG do paciente; nome completo do paciente e data de nascimento.
Recomendadas: tipo sanguíneo, histórico do uso de medicações, exames de imagem e prontuário de internação (se houver).
- E. Básicas: espécime biológico; local de coleta e data da coleta da amostra.
Recomendadas: Histórico de viagens; local suspeito de infecção; sintomas e desfecho clínico; idade, sexo e ocupação do paciente. Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O local e a data de coleta são imprescindíveis para o depósito de sequências em repositórios internacionais, além de serem importantes para mapear a introdução e estimar a circulação do patógeno em determinados períodos e locais

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guilas-e-planos/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2>. Acesso em: 22 fev.2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 2

Questão 2
Incorreto
Atingiu 0,00 de
1,00
 Marcar
questão

A Vigilância Genômica é imprescindível para o monitoramento da emergência de mutações e outras alterações genéticas em patógenos de interesse, além de permitir a geração de conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação de agentes etiológicos para embasar a utilização de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias. Para tanto, a condução de uma Vigilância Genômica eficiente requer a coleta de dados mínimos, além de ser recomendada a coleta de alguns dados adicionais. São exemplos de informações básicas e recomendadas para a condução de uma Vigilância Genômica eficiente.

Escolha uma opção:

- A. Básicas: CPF ou RG do paciente; nome completo do paciente e data de nascimento.
Recomendadas: tipo sanguíneo, histórico do uso de medicações, exames de imagem e prontuário de Internação (se houver). 
Esta não é a melhor alternativa de resposta. O local e a data de coleta são imprescindíveis para o depósito de sequências em repositórios internacionais, além de serem importantes para mapear a introdução e estimar a circulação do patógeno em determinados períodos e locais.
- B. Básicas: nome completo do paciente; endereço de residência e idade do paciente.
Recomendadas: endereço de trabalho, tipo sanguíneo e CRM do médico responsável pelo atendimento.
- C. Básicas: espécime biológico; local de coleta e data da coleta da amostra.
Recomendadas: Histórico de viagens; local suspeito de infecção; sintomas e desfecho clínico; idade, sexo e ocupação do paciente.
- D. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: Histórico de exames bioquímicos e de Imagem, local de trabalho e data de nascimento.
- E. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: histórico do uso de medicações, nível de escolaridade e renda familiar.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guias-e-planos/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2>. Acesso em: 22 fev.2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 2

Questão 2
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
▼ Marcar questão

A Vigilância Genômica é imprescindível para o monitoramento da emergência de mutações e outras alterações genéticas em patógenos de interesse, além de permitir a geração de conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação de agentes etiológicos para embasar a utilização de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias. Para tanto, a condução de uma Vigilância Genômica eficiente requer a coleta de dados mínimos, além de ser recomendada a coleta de alguns dados adicionais. São exemplos de informações básicas e recomendadas para a condução de uma Vigilância Genômica eficiente.

Escolha uma opção:

- A. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: histórico do uso de medicações, nível de escolaridade e renda familiar. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. O local e a data de coleta são imprescindíveis para o depósito de sequências em repositórios internacionais, além de serem importantes para mapear a introdução e estimar a circulação do patógeno em determinados períodos e locais.
- B. Básicas: CPF ou RG do paciente; nome completo do paciente e data de nascimento.
Recomendadas: tipo sanguíneo, histórico do uso de medicações, exames de imagem e prontuário de internação (se houver).
- C. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: Histórico de exames bioquímicos e de imagem, local de trabalho e data de nascimento.
- D. Básicas: espécime biológico; local de coleta e data da coleta da amostra.
Recomendadas: Histórico de viagens; local suspeito de infecção; sintomas e desfecho clínico; idade, sexo e ocupação do paciente.
- E. Básicas: nome completo do paciente; endereço de residência e idade do paciente.
Recomendadas: endereço de trabalho, tipo sanguíneo e CRM do médico responsável pelo atendimento.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guilas-e-planos/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2>. Acesso em: 22 fev.2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 2

Questão 2
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
▼ Marcar questão

A Vigilância Genômica é imprescindível para o monitoramento da emergência de mutações e outras alterações genéticas em patógenos de interesse, além de permitir a geração de conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação de agentes etiológicos para embasar a utilização de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias. Para tanto, a condução de uma Vigilância Genômica eficiente requer a coleta de dados mínimos, além de ser recomendada a coleta de alguns dados adicionais. São exemplos de informações básicas e recomendadas para a condução de uma Vigilância Genômica eficiente.

Escolha uma opção:

- A. Básicas: CPF ou RG do paciente; nome completo do paciente e data de nascimento.
Recomendadas: tipo sanguíneo, histórico do uso de medicações, exames de imagem e prontuário de internação (se houver).
- B. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: histórico do uso de medicações, nível de escolaridade e renda familiar.
- C. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: Histórico de exames bioquímicos e de imagem, local de trabalho e data de nascimento.
- D. Básicas: espécime biológico; local de coleta e data da coleta da amostra.
Recomendadas: Histórico de viagens; local suspeito de infecção; sintomas e desfecho clínico; idade, sexo e ocupação do paciente.
- E. Básicas: nome completo do paciente; endereço de residência e idade do paciente.
Recomendadas: endereço de trabalho, tipo sanguíneo e CRM do médico responsável pelo atendimento. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. O local e a data de coleta são imprescindíveis para o depósito de sequências em repositórios internacionais, além de serem importantes para mapear a introdução e estimar a circulação do patógeno em determinados períodos e locais.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guilas-e-planos/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2>. Acesso em: 22 fev.2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 2

Questão 2
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
F Marcar questão

A Vigilância Genômica é imprescindível para o monitoramento da emergência de mutações e outras alterações genéticas em patógenos de interesse, além de permitir a geração de conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação de agentes etiológicos para embasar a utilização de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias. Para tanto, a condução de uma Vigilância Genômica eficiente requer a coleta de dados mínimos, além de ser recomendada a coleta de alguns dados adicionais. São exemplos de informações básicas e recomendadas para a condução de uma Vigilância Genômica eficiente.

Escolha uma opção:

- A. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: Histórico de exames bioquímicos e de imagem, local de trabalho e data de nascimento. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. O local e a data de coleta são imprescindíveis para o depósito de sequências em repositórios internacionais, além de serem importantes para mapear a introdução e estimar a circulação do patógeno em determinados períodos e locais.
- B. Básicas: nome completo do paciente; endereço de residência e idade do paciente.
Recomendadas: endereço de trabalho, tipo sanguíneo e CRM do médico responsável pelo atendimento.
- C. Básicas: CPF ou RG do paciente; nome completo do paciente e data de nascimento.
Recomendadas: tipo sanguíneo, histórico do uso de medicações, exames de imagem e prontuário de internação (se houver).
- D. Básicas: espécime biológico; local de coleta e data da coleta da amostra.
Recomendadas: Histórico de viagens; local suspeito de infecção; sintomas e desfecho clínico; idade, sexo e ocupação do paciente.
- E. Básicas: CPF do paciente; CEP de residência e sexo do paciente.
Recomendadas: histórico do uso de medicações, nível de escolaridade e renda familiar.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guias-e-planos/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2>. Acesso em: 22 fev.2023.

Questão 3

Questão 3
Ainda não
respondida
Vale 0,67
ponto(s).
Marcar
questão

Em dezembro de 2019, foi identificado em Wuhan, na China, em pessoas que frequentavam um mercado, a presença de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19, que rapidamente se espalhou pelo mundo de forma pandêmica. A história natural da doença se adapta de forma emblemática na abordagem One Health (Saúde Única), que são estratégias de controle de doenças, que buscam de forma mais ampla discutir os aspectos indissociáveis da saúde humana, animal e ambiental (Limongi, 2020).

Apesar de não ser um conceito novo, assinale a alternativa que melhor represente o motivo da definição de Saúde Única estar mais presente nos últimos anos.

Escolha uma opção:

- A. O intercâmbio de pessoas, seja pelo aumento das viagens, especialmente as de avião, contribui para o espalhamento de vírus, mas não se relaciona às questões de saúde única.
- B. O desmatamento e consequente redução da fauna silvestre diminuem o risco de contato com animais e a possibilidade de doenças transmitidas entre homens e animais. Além disso, as zoonoses tendem a ficar restritas a determinadas espécies.
- C. A Terra experimentou mudanças no clima e no uso da terra, como desmatamento e práticas agrícolas intensivas. As interrupções nas condições ambientais e nos habitats podem oferecer novas oportunidades para que doenças passem para os animais e seres humanos.
- D. As intervenções de profissionais de saúde humana e animal suprem a cooperação para atuar em Saúde Única.
- E. As populações humanas estão em declínio no crescimento populacional, limitando o contato a animais domésticos, e ampliando a probabilidade de transmissão animal doméstico para ser humano de maneira sustentada.

[Limpar minha escolha](#)

Navegação do questionário

1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15						

[Finalizar tentativa ...](#)

[Página anterior](#)

[Próxima página](#)

1. Feedback para item correto da questão 3

Em dezembro de 2019, foi identificado em Wuhan, na China, em pessoas que frequentavam um mercado, a presença de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19, que rapidamente se espalhou pelo mundo de forma pandêmica. A história natural da doença se adapta de forma emblemática na abordagem One Health (Saúde Única), que são estratégias de controle de doenças, que buscam de forma mais ampla discutir os aspectos indissociáveis da saúde humana, animal e ambiental (Limongi, 2020).

Apesar de não ser um conceito novo, assinale a alternativa que melhor represente o motivo da definição de Saúde Única estar mais presente nos últimos anos.

Escolha uma opção:

- A. O intercâmbio de pessoas, seja pelo aumento das viagens, especialmente as de avião, contribui para o espalhamento de vírus, mas não se relaciona às questões de saúde única.
- B. As populações humanas estão em declínio no crescimento populacional, limitando o contato a animais domésticos, e ampliando a probabilidade de transmissão animal doméstico para ser humano de maneira sustentada.
- C. A Terra experimentou mudanças no clima e no uso da terra, como desmatamento e práticas agrícolas intensivas. As interrupções nas condições ambientais e nos habitats podem oferecer novas oportunidades para que doenças passem para os animais e seres humanos.  Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O desmatamento e a utilização de novas áreas onde haviam florestas nativas podem favorecer a disseminação de doenças zoonóticas existentes ou conhecidas (endêmicas) e novas ou emergentes, que são doenças que podem se espalhar entre animais e pessoas.
- D. As intervenções de profissionais de saúde humana e animal suprem a cooperação para atuar em Saúde Única.
- E. O desmatamento e consequente redução da fauna silvestre diminuem o risco de contato com animais e a possibilidade de doenças transmitidas entre homens e animais. Além disso, as zoonoses tendem a ficar restritas a determinadas espécies.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): LIMONGI, Jean Ezequiel; OLIVEIRA, Stefan Vilges de. COVID-19 e a abordagem One Health (Saúde Única): uma revisão sistemática. *Revista visa em debate*, Rio de Janeiro/RJ, v. 8, n. 3, 2020. DOI: <https://doi.org/10.22239/2317-269X.01610>. Disponível em: <https://www.redalyc.org/journal/5705/570566811016/html/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

One Health Basics. *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC), [S. l.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 3

Questão 3

Incorreto

Atingiu 0,00 de
1,00

 Marcar
questão

Em dezembro de 2019, foi identificado em Wuhan, na China, em pessoas que frequentavam um mercado, a presença de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19, que rapidamente se espalhou pelo mundo de forma pandêmica. A história natural da doença se adapta de forma emblemática na abordagem One Health (Saúde Única), que são estratégias de controle de doenças, que buscam de forma mais ampla discutir os aspectos indissociáveis da saúde humana, animal e ambiental (Limongi, 2020).

Apesar de não ser um conceito novo, assinale a alternativa que melhor represente o motivo da definição de Saúde Única estar mais presente nos últimos anos.

Escolha uma opção:

- A. As intervenções de profissionais de saúde humana e animal suprem a cooperação para atuar em Saúde Única.  Esta não é a melhor alternativa de resposta. As intervenções de saúde pública bem-sucedidas requerem a cooperação de parceiros de saúde humana, animal e ambiental. Os profissionais de saúde humana (médicos, enfermeiros, profissionais de saúde pública, epidemiologistas), saúde animal (veterinários, profissionais, trabalhadores agrícolas), meio ambiente (ecologistas, especialistas em vida selvagem) e outras áreas de especialização precisam se comunicar, colaborar e coordenar atividades.
- B. A Terra experimentou mudanças no clima e no uso da terra, como desmatamento e práticas agrícolas intensivas. As interrupções nas condições ambientais e nos habitats podem oferecer novas oportunidades para que doenças passem para os animais e seres humanos.
- C. O intercâmbio de pessoas, seja pelo aumento das viagens, especialmente as de avião, contribui para o espalhamento de vírus, mas não se relaciona às questões de saúde única.
- D. As populações humanas estão em declínio no crescimento populacional, limitando o contato a animais domésticos, e ampliando a probabilidade de transmissão animal doméstico para ser humano de maneira sustentada.
- E. O desmatamento e consequente redução da fauna silvestre diminuem o risco de contato com animais e a possibilidade de doenças transmitidas entre homens e animais. Além disso, as zoonoses tendem a ficar restritas a determinadas espécies.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): LIMONGI, Jean Ezequiel; OLIVEIRA, Stefan Vilges de. COVID-19 e a abordagem One Health (Saúde Única): uma revisão sistemática. *Revista visa em debate*, Rio de Janeiro/RJ, v. 8, n. 3, 2020. DOI: <https://doi.org/10.22239/2317-269X.01610>. Disponível em: <https://www.redalyc.org/journal/5705/570566811016/html/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

One Health Basics. *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC), [S. l.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 3

Questão 3
Incorreto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Em dezembro de 2019, foi identificado em Wuhan, na China, em pessoas que frequentavam um mercado, a presença de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19, que rapidamente se espalhou pelo mundo de forma pandêmica. A história natural da doença se adapta de forma emblemática na abordagem One Health (Saúde Única), que são estratégias de controle de doenças, que buscam de forma mais ampla discutir os aspectos indissociáveis da saúde humana, animal e ambiental (Limongi, 2020).

Apesar de não ser um conceito novo, assinale a alternativa que melhor represente o motivo da definição de Saúde Única estar mais presente nos últimos anos.

Escolha uma opção:

- A. A Terra experimentou mudanças no clima e no uso da terra, como desmatamento e práticas agrícolas intensivas. As interrupções nas condições ambientais e nos habitats podem oferecer novas oportunidades para que doenças passem para os animais e seres humanos.
- B. As populações humanas estão em declínio no crescimento populacional, limitando o contato a animais domésticos, e ampliando a probabilidade de transmissão animal doméstico para ser humano de maneira sustentada. **✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta.** As populações humanas estão crescendo e se expandindo para novas áreas geográficas. Como resultado, mais pessoas vivem em contato próximo com animais selvagens e domésticos.
- C. As intervenções de profissionais de saúde humana e animal suprem a cooperação para atuar em Saúde Única.
- D. O intercâmbio de pessoas, seja pelo aumento das viagens, especialmente as de avião, contribui para o espalhamento de vírus, mas não se relaciona às questões de saúde única.
- E. O desmatamento e consequente redução da fauna silvestre diminuem o risco de contato com animais e a possibilidade de doenças transmitidas entre homens e animais. Além disso, as zoonoses tendem a ficar restritas a determinadas espécies.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): LIMONGI, Jean Ezequiel; OLIVEIRA, Stefan Vilges de. COVID-19 e a abordagem One Health (Saúde Única): uma revisão sistemática. *Revista visa em debate*, Rio de Janeiro/RJ, v. 8, n. 3, 2020. DOI <https://doi.org/10.22239/2317-269X.01610>. Disponível em: <https://www.redalyc.org/journal/5705/570566811016/html/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

One Health Basics. *Centers for Disease Control and Prevention (CDC)*, [S. I], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 3

Questão 3
Incorreto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Em dezembro de 2019, foi identificado em Wuhan, na China, em pessoas que frequentavam um mercado, a presença de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19, que rapidamente se espalhou pelo mundo de forma pandêmica. A história natural da doença se adapta de forma emblemática na abordagem One Health (Saúde Única), que são estratégias de controle de doenças, que buscam de forma mais ampla discutir os aspectos indissociáveis da saúde humana, animal e ambiental (Limongi, 2020).

Apesar de não ser um conceito novo, assinale a alternativa que melhor represente o motivo da definição de Saúde Única estar mais presente nos últimos anos.

Escolha uma opção:

- A. O desmatamento e consequente redução da fauna silvestre diminuem o risco de contato com animais e a possibilidade de doenças transmitidas entre homens e animais. Além disso, as zoonoses tendem a ficar restritas a determinadas espécies.
- B. A Terra experimentou mudanças no clima e no uso da terra, como desmatamento e práticas agrícolas intensivas. As interrupções nas condições ambientais e nos habitats podem oferecer novas oportunidades para que doenças passem para os animais e seres humanos.
- C. As populações humanas estão em declínio no crescimento populacional, limitando o contato a animais domésticos, e ampliando a probabilidade de transmissão animal doméstico para ser humano de maneira sustentada.
- D. O intercâmbio de pessoas, seja pelo aumento das viagens, especialmente as de avião, contribui para o espalhamento de vírus, mas não se relaciona às questões de saúde única. **✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta.** A globalização, ou seja, o movimento não só de pessoas, mas de animais e produtos de origem animal aumentou com as viagens e o comércio internacional. Como resultado, as doenças podem se espalhar rapidamente além das fronteiras e ao redor do globo.
- E. As intervenções de profissionais de saúde humana e animal suprem a cooperação para atuar em Saúde Única.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): LIMONGI, Jean Ezequiel; OLIVEIRA, Stefan Vilges de. COVID-19 e a abordagem One Health (Saúde Única): uma revisão sistemática. *Revista visa em debate*, Rio de Janeiro/RJ, v. 8, n. 3, 2020. DOI <https://doi.org/10.22239/2317-269X.01610>. Disponível em: <https://www.redalyc.org/journal/5705/570566811016/html/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

One Health Basics. *Centers for Disease Control and Prevention (CDC)*, [S. I], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 3

Questão 3
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Em dezembro de 2019, foi identificado em Wuhan, na China, em pessoas que frequentavam um mercado, a presença de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19, que rapidamente se espalhou pelo mundo de forma pandêmica. A história natural da doença se adapta de forma emblemática na abordagem One Health (Saúde Única), que são estratégias de controle de doenças, que buscam de forma mais ampla discutir os aspectos indissociáveis da saúde humana, animal e ambiental (Limongi, 2020).

Apesar de não ser um conceito novo, assinale a alternativa que melhor represente o motivo da definição de Saúde Única estar mais presente nos últimos anos.

Escolha uma opção:

- A. A Terra experimentou mudanças no clima e no uso da terra, como desmatamento e práticas agrícolas intensivas. As interrupções nas condições ambientais e nos habitats podem oferecer novas oportunidades para que doenças passem para os animais e seres humanos.
- B. As intervenções de profissionais de saúde humana e animal suprem a cooperação para atuar em Saúde Única.
- C. O desmatamento e consequente redução da fauna silvestre diminuem o risco de contato com animais e a possibilidade de doenças transmitidas entre homens e animais. Além disso, as zoonoses tendem a ficar restritas a determinadas espécies. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. Os animais também compartilham nossa suscetibilidade a algumas doenças e riscos ambientais. Por causa disso, às vezes podem servir como sinal de alerta precoce de uma possível doença humana. Por exemplo, os pássaros geralmente morrem de vírus do Nilo Ocidental, antes que as pessoas na mesma área adoçam com a infecção pelo vírus do Nilo Ocidental. Os macacos que morrem de febre amarela são alertas da circulação do vírus na região.
- D. As populações humanas estão em declínio no crescimento populacional, limitando o contato a animais domésticos, e ampliando a probabilidade de transmissão animal doméstico para ser humano de maneira sustentada.
- E. O intercâmbio de pessoas, seja pelo aumento das viagens, especialmente as de avião, contribui para o espalhamento de vírus, mas não se relaciona às questões de saúde única.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): LIMONGI, Jean Ezequiel; OLIVEIRA, Stefan Vilges de. COVID-19 e a abordagem One Health (Saúde Única): uma revisão sistemática. *Revista visa em debate*, Rio de Janeiro (RJ), v. 8, n. 3, 2020. DOI <https://doi.org/10.22239/2317-269X.01610>. Disponível em: <https://www.redalyc.org/journal/5705/570566811016.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

One Health Basics. Centers for Disease Control and Prevention (CDC), [S. I.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Questão 4

< VOLTAR

Questão 4
Ainda não respondida
Vale 0,67 pontos.
Marcar questão

Os vírus são organismos acelulares capazes de infectar bactérias, plantas e animais. Estes organismos podem causar patologias de grande impacto na saúde pública, como Influenza, Sarampo, Poliomielite, Dengue, Febre amarela, Meningites e AIDS, sendo responsáveis, inclusive, pela ocorrência de grandes pandemias como a da COVID-19, Gripe Espanhola, Colera e Varióla. A respeito dos vírus e das doenças virais, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A automedicação preventiva é a melhor forma para mitigar os impactos das infecções virais, pois previnem os sintomas antes da infecção e manifestação clínica.
- B. Os vetores mecânicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores biológicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infeciosos aderidos em partes do corpo.
- C. Apenas os vírus de RNA, por possuírem um material genético fita simples, necessitam de células hospedeiras para se replicarem, enquanto os vírus de DNA podem se replicar sem a utilização da maquinaria da célula infectada.
- D. Os vírus são classificados, por toda a comunidade científica, como organismos vivos com genoma de RNA.
- E. Como estratégias que podem ser conduzidas pelo estado para prevenir a disseminação e os impactos das doenças virais, destacam-se: estímulo de quarentena aos infectados, estratégias de eliminação do vetor e imunização ativa da população.

Página anterior

Próxima página

Navegação do questionário

1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15						

Finalizar tentativa ...

1. Feedback para item correto da questão 4

Questão 4
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus são organismos acelulares capazes de infectar bactérias, plantas e animais. Estes organismos podem causar patologias de grande impacto na saúde pública, como Influenza, Sarampo, Poliomielite, Dengue, Febre amarela, Meningites e AIDS, sendo responsáveis, inclusive, pela ocorrência de grandes pandemias como a da COVID-19, Gripe Espanhola, Cólera e Variola. A respeito dos vírus e das doenças vírais, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Apenas os vírus de RNA, por possuírem um material genético fita simples, necessitam de células hospedeiras para se replicarem, enquanto os vírus de DNA podem se replicar sem a utilização da maquinaria da célula infectada.
- B. A automedicação preventiva é a melhor forma para mitigar os impactos das infecções virais, pois previnem os sintomas antes da infecção e manifestação clínica.
- C. Os vetores mecânicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores biológicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infecciosos aderidos em partes do corpo.
- D. Como estratégias que podem ser conduzidas pelo estado para prevenir a disseminação e os impactos das doenças vírais, destacam-se: estímulo de quarentena aos infectados, estratégias de eliminação do vetor e imunização ativa da população. Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O estímulo da quarentena em pacientes infectados com doenças transmissíveis como a COVID-19 pode prevenir efetivamente a disseminação do vírus e o aumento do número de casos; estratégias de eliminação do vetor (por eliminação de sítios de reprodução, destruição dos mosquitos e larvas) são importantes no combate a doenças como dengue e febre amarela. A imunização ativa da população por vacinação consiste em uma importante estratégia de saúde pública, conseguindo reduzir drasticamente o número de casos e a mortalidade de determinada patologia.
- E. Os vírus são classificados, por toda a comunidade científica, como organismos vivos com genoma de RNA.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): STEPHENS, Paulo Roberto Soares et al. Virologia. In: MOLINARO, Etelcia Moraes; CAPUTO, Luzia Fátima Gonçalves; AMENDOEIRA, Maria Regina Reis (Org.). Conceitos e métodos para a formação de profissionais em laboratórios de saúde. Capítulo 4. In: Virologia, p. 1-13, v.4. Rio de Janeiro: EPSJV, 2009. p.125-220. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/13725>. Acesso em: 1 fev. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 4

Questão 4
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus são organismos acelulares capazes de infectar bactérias, plantas e animais. Estes organismos podem causar patologias de grande impacto na saúde pública, como Influenza, Sarampo, Poliomielite, Dengue, Febre amarela, Meningites e AIDS, sendo responsáveis, inclusive, pela ocorrência de grandes pandemias como a da COVID-19, Gripe Espanhola, Cólera e Variola. A respeito dos vírus e das doenças vírais, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A automedicação preventiva é a melhor forma para mitigar os impactos das infecções virais, pois previnem os sintomas antes da infecção e manifestação clínica. Esta não é a melhor alternativa de resposta. A prevenção é a forma ideal para mitigar os impactos das infecções virais, com a imunização ativa (vacinação) sendo uma estratégia de saúde pública imprescindível, segura e, muitas vezes, mais barata.
- B. Os vetores mecânicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores biológicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infecciosos aderidos em partes do corpo.
- C. Os vírus são classificados, por toda a comunidade científica, como organismos vivos com genoma de RNA.
- D. Como estratégias que podem ser conduzidas pelo estado para prevenir a disseminação e os impactos das doenças vírais, destacam-se: estímulo de quarentena aos infectados, estratégias de eliminação do vetor e imunização ativa da população.
- E. Apenas os vírus de RNA, por possuírem um material genético fita simples, necessitam de células hospedeiras para se replicarem, enquanto os vírus de DNA podem se replicar sem a utilização da maquinaria da célula infectada.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): STEPHENS, Paulo Roberto Soares et al. Virologia. In: MOLINARO, Etelcia Moraes; CAPUTO, Luzia Fátima Gonçalves; AMENDOEIRA, Maria Regina Reis (Org.). Conceitos e métodos para a formação de profissionais em laboratórios de saúde. Capítulo 4. In: Virologia, p. 1-13, v.4. Rio de Janeiro: EPSJV, 2009. p.125-220. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/13725>. Acesso em: 1 fev. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 4

Questão 4
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Os vírus são organismos acelulares capazes de infectar bactérias, plantas e animais. Estes organismos podem causar patologias de grande impacto na saúde pública, como Influenza, Sarampo, Poliomielite, Dengue, Febre amarela, Meningites e AIDS, sendo responsáveis, inclusive, pela ocorrência de grandes pandemias como a da COVID-19, Gripe Espanhola, Colera e Variola. A respeito dos vírus e das doenças virais, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A automedicação preventiva é a melhor forma para mitigar os impactos das infecções virais, pois previnem os sintomas antes da infecção e manifestação clínica.
- B. Os vírus são classificados, por toda a comunidade científica, como organismos vivos com genoma de RNA. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. Não existe consenso entre a comunidade científica se os vírus são organismos vivos ou não. Além disso, estes organismos podem possuir genoma de DNA ou de RNA, não apenas de RNA.
- C. Como estratégias que podem ser conduzidas pelo estado para prevenir a disseminação e os impactos das doenças virais, destacam-se: estímulo de quarentena aos infectados, estratégias de eliminação do vetor e imunização ativa da população.
- D. Apenas os vírus de RNA, por possuírem um material genético fita simples, necessitam de células hospedeiras para se replicarem, enquanto os vírus de DNA podem se replicar sem a utilização da maquinaria da célula infectada.
- E. Os vetores mecânicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores biológicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infecciosos aderidos em partes do corpo.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): STEPHENS, Paulo Roberto Soares et al. Virologia. In: MOLINARO, Etelcia Moraes; CAPUTO, Luzia Fátima Gonçalves; AMENDOEIRA, Maria Regina Reis (Org.). Conceitos e métodos para a formação de profissionais em laboratórios de saúde. Capítulo 4. In: Virologia, p. 1-13, v.4. Rio de Janeiro: EPSJV, 2009. p.125-220. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/13725>. Acesso em: 1 fev. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 4

Questão 4
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Os vírus são organismos acelulares capazes de infectar bactérias, plantas e animais. Estes organismos podem causar patologias de grande impacto na saúde pública, como Influenza, Sarampo, Poliomielite, Dengue, Febre amarela, Meningites e AIDS, sendo responsáveis, inclusive, pela ocorrência de grandes pandemias como a da COVID-19, Gripe Espanhola, Colera e Variola. A respeito dos vírus e das doenças virais, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A automedicação preventiva é a melhor forma para mitigar os impactos das infecções virais, pois previnem os sintomas antes da infecção e manifestação clínica.
- B. Os vírus são classificados, por toda a comunidade científica, como organismos vivos com genoma de RNA.
- C. Como estratégias que podem ser conduzidas pelo estado para prevenir a disseminação e os impactos das doenças virais, destacam-se: estímulo de quarentena aos infectados, estratégias de eliminação do vetor e imunização ativa da população.
- D. Apenas os vírus de RNA, por possuírem um material genético fita simples, necessitam de células hospedeiras para se replicarem, enquanto os vírus de DNA podem se replicar sem a utilização da maquinaria da célula infectada. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. Todos os tipos de vírus (DNA ou RNA) dependem do parasitismo em células hospedeiras para replicação.
- E. Os vetores mecânicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores biológicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infecciosos aderidos em partes do corpo.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): STEPHENS, Paulo Roberto Soares et al. Virologia. In: MOLINARO, Etelcia Moraes; CAPUTO, Luzia Fátima Gonçalves; AMENDOEIRA, Maria Regina Reis (Org.). Conceitos e métodos para a formação de profissionais em laboratórios de saúde. Capítulo 4. In: Virologia, p. 1-13, v.4. Rio de Janeiro: EPSJV, 2009. p.125-220. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/13725>. Acesso em: 1 fev. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 4

Questão 4
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00

▼ Marcar
questão

Os vírus são organismos acelulares capazes de infectar bactérias, plantas e animais. Estes organismos podem causar patologias de grande impacto na saúde pública, como Influenza, Sarampo, Poliomielite, Dengue, Febre amarela, Meningites e AIDS, sendo responsáveis, inclusive, pela ocorrência de grandes pandemias como a da COVID-19, Gripe Espanhola, Colera e Variola. A respeito dos vírus e das doenças virais, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A automedicação preventiva é a melhor forma para mitigar os impactos das infecções virais, pois previnem os sintomas antes da infecção e manifestação clínica.
- B. Os vírus são classificados, por toda a comunidade científica, como organismos vivos com genoma de RNA.
- C. Apenas os vírus de RNA, por possuirem um material genético fita simples, necessitam de células hospedeiras para se replicarem, enquanto os vírus de DNA podem se replicar sem a utilização da maquinaria da célula infectada.
- D. Como estratégias que podem ser conduzidas pelo estado para prevenir a disseminação e os impactos das doenças virais, destacam-se: estímulo de quarentena aos infectados, estratégias de eliminação do vetor e imunização ativa da população.
- E. Os vetores mecânicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores biológicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infecciosos aderidos em partes do corpo. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. Os vetores biológicos (ex: *Aedes aegypti*) são aqueles que, além de veicular o agente etiológico, também cumprem parte do ciclo evolutivo do patógeno, possuindo a capacidade de multiplicar o agente patológico. Já os vetores mecânicos, (ex: *Musca domestica Linnaeus*) apenas transportam os agentes infecciosos em partes do seu corpo.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): STEPHENS, Paulo Roberto Soares et al. Virologia. In: MOLINARO, Etelcia Moraes; CAPUTO, Luzia Fátima Gonçalves; AMENDOEIRA, Maria Regina Reis (Org.). Conceitos e métodos para a formação de profissionais em laboratórios de saúde. Capítulo 4. In: Virologia, p. 1-13, v.4. Rio de Janeiro: EPSJV, 2009. p.125-220. Disponível em:
<https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/13725>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Questão 5

Questão 5
Ainda não
respondida
Vale 1,00
ponto(s).
▼ Marcar
questão

Os vírus transmitidos por artrópodes são chamados arbovírus. Entre os mais conhecidos estão os vírus da dengue, Zika, febre amarela e chikungunya. São vírus sazonais, e mesmo que alguns sejam melhores caracterizados, como o vírus da dengue, alguns surtos ou epidemias precisam ter um melhor entendimento.

Considerando que a Vigilância Genômica oferece essa compreensão, podemos afirmar que a Vigilância Genômica:

Escolha uma opção:

- A. é importante para fornecer aos pacientes resultados das patologias virais que os acometem.
- B. deve acontecer depois do desfecho das disseminações por arbovírus, para entendimento do que aconteceu e trabalho para possíveis prevenções.
- C. global do vírus Chikungunya demonstrou que os mesmos genótipos de epidemias encontrados no Brasil foram predominantes em todos os países do globo.
- D. pode atuar para compreender a dinâmica de disseminação espaço-temporal dos arbovírus, por meio dos estudos filogenéticos que possibilitam reconstruir as entradas de determinado vírus.
- E. deve atuar no monitoramento apenas dos arbovírus que possuem uma rotina diagnóstica bem estabelecida.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 5

Questão 5
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus transmitidos por artrópodes são chamados arbovírus. Entre os mais conhecidos estão os vírus da dengue, Zika, febre amarela e chikungunya. São vírus sazonais, e mesmo que alguns sejam melhores caracterizados, como o vírus da dengue, alguns surtos ou epidemias precisam ter um melhor entendimento.

Considerando que a Vigilância Genómica oferece essa compreensão, podemos afirmar que a Vigilância Genómica:

Escolha uma opção:

- A. é importante para fornecer aos pacientes resultados das patologias vírais que os acometem.
- B. deve acontecer depois do desfecho das disseminações por arbovírus, para entendimento do que aconteceu e trabalho para possíveis prevenções.
- C. global do vírus Chikungunya demonstrou que os mesmos genótipos de epidemias encontrados no Brasil foram predominantes em todos os países do globo.
- D. pode atuar para compreender a dinâmica de disseminação espaço-temporal dos arbovírus, por meio dos estudos filogenéticos que possibilitam reconstruir as entradas de determinado vírus.
- E. deve atuar no monitoramento apenas dos arbovírus que possuem uma rotina diagnóstica bem estabelecida.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

ARBOVIROSES. Direção: Rafael Figueiredo. Produção: Christovão Paiva. Roteiro: Marcela Morato. Rio de Janeiro/RJ: Canal Saúde Fiocruz, 2017. (26min38). Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/24607>. Acesso em: 2 mar. 2023.

NAVECA, Felipe Gomes et al. Genomic, epidemiological and digital surveillance of Chikungunya virus in the Brazilian Amazon. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, [S.l.], ano 3, v. 7, n. 13, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007065>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0007065>. Acesso em: 1 fev. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 5

Questão 5
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus transmitidos por artrópodes são chamados arbovírus. Entre os mais conhecidos estão os vírus da dengue, Zika, febre amarela e chikungunya. São vírus sazonais, e mesmo que alguns sejam melhores caracterizados, como o vírus da dengue, alguns surtos ou epidemias precisam ter um melhor entendimento.

Considerando que a Vigilância Genómica oferece essa compreensão, podemos afirmar que a Vigilância Genómica:

Escolha uma opção:

- A. é importante para fornecer aos pacientes resultados das patologias vírais que os acometem.
- B. global do vírus Chikungunya demonstrou que os mesmos genótipos de epidemias encontrados no Brasil foram predominantes em todos os países do globo.
- C. pode atuar para compreender a dinâmica de disseminação espaço-temporal dos arbovírus, por meio dos estudos filogenéticos que possibilitam reconstruir as entradas de determinado vírus.
- D. deve acontecer depois do desfecho das disseminações por arbovírus, para entendimento do que aconteceu e trabalho para possíveis prevenções.
- E. deve atuar no monitoramento apenas dos arbovírus que possuem uma rotina diagnóstica bem estabelecida.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

ARBOVIROSES. Direção: Rafael Figueiredo. Produção: Christovão Paiva. Roteiro: Marcela Morato. Rio de Janeiro/RJ: Canal Saúde Fiocruz, 2017. (26min38). Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/24607>. Acesso em: 2 mar. 2023.

NAVECA, Felipe Gomes et al. Genomic, epidemiological and digital surveillance of Chikungunya virus in the Brazilian Amazon. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, [S.l.], ano 3, v. 7, n. 13, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007065>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0007065>. Acesso em: 1 fev. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 5

Questão 5
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus transmitidos por artrópodes são chamados arbovírus. Entre os mais conhecidos estão os vírus da dengue, Zika, febre amarela e chikungunya. São vírus sazonais, e mesmo que alguns sejam melhores caracterizados, como o vírus da dengue, alguns surtos ou epidemias precisam ter um melhor entendimento.

Considerando que a Vigilância Genômica oferece essa compreensão, podemos afirmar que a Vigilância Genômica:

Escolha uma opção:

- A. deve acontecer depois do desfecho das disseminações por arbovírus, para entendimento do que aconteceu e trabalho para possíveis prevenções. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. É importante que a vigilância genômica seja o mais ativo possível, uma vez que detecções precoces e podem acarretar tomadas de decisões, como, por exemplo, vacinar populações sob risco.
- B. pode atuar para compreender a dinâmica de disseminação espaço-temporal dos arbovírus, por meio dos estudos filogenéticos que possibilitam reconstruir as entradas de determinado vírus.
- C. é importante para fornecer aos pacientes resultados das patologias vírais que os acometem.
- D. deve atuar no monitoramento apenas dos arbovírus que possuem uma rotina diagnóstica bem estabelecida.
- E. global do vírus Chikungunya demonstrou que os mesmos genótipos de epidemias encontrados no Brasil foram predominantes em todos os países do globo.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

ARBOVIROSES. Direção: Rafael Figueiredo. Produção: Christovão Paiva. Roteiro: Marcela Morato. Rio de Janeiro/RJ: Canal Saúde Fiocruz, 2017. (26min38). Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/123456789/24607>. Acesso em: 2 mar. 2023.

NAVECA, Felipe Gomes et al. Genomic, epidemiological and digital surveillance of Chikungunya virus in the Brazilian Amazon. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, [S.I.], ano 3, v. 7, n. 13, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007065>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0007065>. Acesso em: 1 fev. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 5

Questão 5
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus transmitidos por artrópodes são chamados arbovírus. Entre os mais conhecidos estão os vírus da dengue, Zika, febre amarela e chikungunya. São vírus sazonais, e mesmo que alguns sejam melhores caracterizados, como o vírus da dengue, alguns surtos ou epidemias precisam ter um melhor entendimento.

Considerando que a Vigilância Genômica oferece essa compreensão, podemos afirmar que a Vigilância Genômica:

Escolha uma opção:

- A. é importante para fornecer aos pacientes resultados das patologias vírais que os acometem.
- B. global do vírus Chikungunya demonstrou que os mesmos genótipos de epidemias encontrados no Brasil foram predominantes em todos os países do globo. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. A vigilância genômica mostrou que os vírus circulantes no Brasil, como na epidemia de Boa Vista/RR, tiveram os genótipos substituídos, em relação aos primeiros casos.
- C. deve atuar no monitoramento apenas dos arbovírus que possuem uma rotina diagnóstica bem estabelecida.
- D. deve acontecer depois do desfecho das disseminações por arbovírus, para entendimento do que aconteceu e trabalho para possíveis prevenções.
- E. pode atuar para compreender a dinâmica de disseminação espaço-temporal dos arbovírus, por meio dos estudos filogenéticos que possibilitam reconstruir as entradas de determinado vírus.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

ARBOVIROSES. Direção: Rafael Figueiredo. Produção: Christovão Paiva. Roteiro: Marcela Morato. Rio de Janeiro/RJ: Canal Saúde Fiocruz, 2017. (26min38). Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/123456789/24607>. Acesso em: 2 mar. 2023.

NAVECA, Felipe Gomes et al. Genomic, epidemiological and digital surveillance of Chikungunya virus in the Brazilian Amazon. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, [S.I.], ano 3, v. 7, n. 13, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007065>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0007065>. Acesso em: 1 fev. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 5

Questão 5
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Os vírus transmitidos por artrópodes são chamados arbovírus. Entre os mais conhecidos estão os vírus da dengue, Zika, febre amarela e chikungunya. São vírus sazonais, e mesmo que alguns sejam melhores caracterizados, como o vírus da dengue, alguns surtos ou epidemias precisam ter um melhor entendimento.

Considerando que a Vigilância Genômica oferece essa compreensão, podemos afirmar que a Vigilância Genômica:

Escolha uma opção:

- A. é importante para fornecer aos pacientes resultados das patologias virais que os acometem.
- B. deve acontecer depois do desfecho das disseminações por arbovírus, para entendimento do que aconteceu e trabalho para possíveis prevenções.
- C. global do vírus Chikungunya demonstrou que os mesmos genótipos de epidemias encontrados no Brasil foram predominantes em todos os países do globo.
- D. pode atuar para compreender a dinâmica de disseminação espaço-temporal dos arbovírus, por meio dos estudos filogenéticos que possibilitam reconstruir as entradas de determinado vírus.
- E. deve atuar no monitoramento apenas dos arbovírus que possuem uma rotina diagnóstica bem estabelecida. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. É recomendado que a vigilância genômica atue em arbovírus menos conhecidos, como o vírus Mayaro, para compreender os processos evolutivos virais.

→ Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

ARBOVIROSES. Direção: Rafael Figueiredo. Produção: Christovão Palva. Roteiro: Marcela Morato. Rio de Janeiro/RJ: Canal Saúde Fiocruz, 2017. (26min38). Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/24607>. Acesso em: 2 mar. 2023.

NAVECA, Felipe Gomes et al. Genomic, epidemiological and digital surveillance of Chikungunya virus in the Brazilian Amazon. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, [S.l.], ano 3, v. 7, n. 13, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007065>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0007065>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Questão 6

Questão 6
Ainda não respondida
Vale 1,00 ponto(s).
Marcar questão

Com o advento da linhagem P.1 do coronavírus, posteriormente chamada de GAMA, houve um aumento expressivo no número de casos positivos para COVID-19 em vários estados do Brasil, marcados como uma 2ª onda de SARS-CoV-2. Essa variante, foi responsável diretamente por uma mudança no cenário epidemiológico. Com isso, é evidente a necessidade de avaliações de risco, analisadas a partir de dados genómicos, de transmissibilidade, de proteção das vacinas, perfil de gravidade, entre outros. De acordo com o cenário nacional ocasionado pela linhagem GAMA, qual a classificação mais adequada, que foi posteriormente definida pela Organização Mundial de Saúde (OMS)?

Escolha uma opção:

- A. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante causou um aumento local de transmissão, na região Amazônica.
- B. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante apresenta uma constelação única de mutações que merece atenção e monitoramento.
- C. Variante de impacto Gama, pois ela apresenta falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito.
- D. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois foi uma variante monitorada uma vez que foi detectada no Japão em viajantes provenientes do Brasil.
- E. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois essa linhagem apresenta as alterações genéticas que são importantes do ponto de vista clínico-epidemiológico, com aumento da transmissibilidade e maior risco de reinfeção por Coronavírus.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 6

Questão 6
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Com o advento da linhagem P.1 do coronavírus, posteriormente chamada de GAMA, houve um aumento expressivo no número de casos positivos para COVID-19 em vários estados do Brasil, marcados como uma 2ª onda de SARS-CoV-2. Essa variante, foi responsável diretamente por uma mudança no cenário epidemiológico. Com isso, é evidente a necessidade de avaliações de risco, analisadas a partir de dados genômicos, de transmissibilidade, de proteção das vacinas, perfil de gravidade, entre outros. De acordo com o cenário nacional ocasionado pela linhagem GAMA, qual a classificação mais adequada, que foi posteriormente definida pela Organização Mundial de Saúde (OMS)?

Escolha uma opção:

- A. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante causou um aumento local de transmissão, na região Amazônica.
- B. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante apresenta uma constelação única de mutações que merece atenção e monitoramento.
- C. Variante de impacto Gama, pois ela apresenta falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito.
- D. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois foi uma variante monitorada uma vez que foi detectada no Japão em viajantes provenientes do Brasil.
- E. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois essa linhagem apresenta as alterações genéticas que são importantes do ponto de vista clínico-epidemiológico, com aumento da transmissibilidade e maior risco de reinfeção por Coronavírus.  Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. A linhagem Gama foi classificada pela Organização Mundial de Saúde como uma Variante de Preocupação, VOC, (*Variant of Concern*), pois apresentou aumento da transmissibilidade e virulência, e conseguiu causar um aumento vertiginoso nos casos de COVID-19.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

GRAF, Tiago et al. Phylogenetic-based inference reveals distinct transmission dynamics of SARS-CoV-2 lineages Gamma and P2 in Brazil. *IScience*, [S.I.], v. 25, n. 4, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104156>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35368908/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

MICHELON, Cleonice Maria. Principais variantes do SARS-CoV-2 notificadas no Brasil Main SARS-CoV-2 variants notified in Brazil. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, [S.I.], 2021. DOI: [10.21877/2448-3877.202100961](https://doi.org/10.21877/2448-3877.202100961). Disponível em: <https://www.rbac.org.br/artigos/principais-variantes-do-sars-cov-2-notificadas-no-brasil/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 6

Questão 6
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Com o advento da linhagem P.1 do coronavírus, posteriormente chamada de GAMA, houve um aumento expressivo no número de casos positivos para COVID-19 em vários estados do Brasil, marcados como uma 2ª onda de SARS-CoV-2. Essa variante, foi responsável diretamente por uma mudança no cenário epidemiológico. Com isso, é evidente a necessidade de avaliações de risco, analisadas a partir de dados genômicos, de transmissibilidade, de proteção das vacinas, perfil de gravidade, entre outros. De acordo com o cenário nacional ocasionado pela linhagem GAMA, qual a classificação mais adequada, que foi posteriormente definida pela Organização Mundial de Saúde (OMS)?

Escolha uma opção:

- A. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante causou um aumento local de transmissão, na região Amazônica.  Esta não é a melhor alternativa de resposta. A linhagem Gama foi classificada pela Organização Mundial de Saúde como uma Variante de Preocupação, VOC, (*Variant of Concern*), não porque foi detectada em outro país e originária do Brasil, mas sim porque apresentou aumento da transmissibilidade e virulência, e conseguiu causar um aumento vertiginoso nos casos de COVID-19. A VOC Gama se tornou a linhagem dominante em todas as regiões brasileiras no início de 2021.
- B. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante apresenta uma constelação única de mutações que merece atenção e monitoramento.
- C. Variante de impacto Gama, pois ela apresenta falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito.
- D. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois foi uma variante monitorada uma vez que foi detectada no Japão em viajantes provenientes do Brasil.
- E. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois essa linhagem apresenta as alterações genéticas que são importantes do ponto de vista clínico-epidemiológico, com aumento da transmissibilidade e maior risco de reinfeção por Coronavírus.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

GRAF, Tiago et al. Phylogenetic-based inference reveals distinct transmission dynamics of SARS-CoV-2 lineages Gamma and P2 in Brazil. *IScience*, [S.I.], v. 25, n. 4, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104156>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35368908/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

MICHELON, Cleonice Maria. Principais variantes do SARS-CoV-2 notificadas no Brasil Main SARS-CoV-2 variants notified in Brazil. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, [S.I.], 2021. DOI: [10.21877/2448-3877.202100961](https://doi.org/10.21877/2448-3877.202100961). Disponível em: <https://www.rbac.org.br/artigos/principais-variantes-do-sars-cov-2-notificadas-no-brasil/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 6

Questão 6
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Com o advento da linhagem P1 do coronavírus, posteriormente chamada de GAMA, houve um aumento expressivo no número de casos positivos para COVID-19 em vários estados do Brasil, marcados como uma 2ª onda de SARS-CoV-2. Essa variante, foi responsável diretamente por uma mudança no cenário epidemiológico. Com isso, é evidente a necessidade de avaliações de risco, analisadas a partir de dados genômicos, de transmissibilidade, de proteção das vacinas, perfil de gravidade, entre outros. De acordo com o cenário nacional ocasionado pela linhagem GAMA, qual a classificação mais adequada, que foi posteriormente definida pela Organização Mundial de Saúde (OMS)?

Escolha uma opção:

- A. Variante de Impacto Gama, pois ela apresenta falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. A linhagem Gama foi classificada pela Organização Mundial de Saúde como uma Variante de Preocupação, VOC, (*Variant of Concern*), pois apresentou aumento da transmissibilidade e virulência, e conseguiu causar um aumento vertiginoso nos casos de COVID-19. Entretanto, não existem evidências de a VOC Gama apresentar falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito.
- B. Variante de Interesse (VOI) Gama, pois essa variante apresenta uma constelação única de mutações que merece atenção e monitoramento.
- C. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois essa linhagem apresenta as alterações genéticas que são importantes do ponto de vista clínico-epidemiológico, com aumento da transmissibilidade e maior risco de reinfeção por Coronavírus.
- D. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois foi uma variante monitorada uma vez que foi detectada no Japão em viajantes provenientes do Brasil.
- E. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante causou um aumento local de transmissão, na região Amazônica.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

GRÄF, Tiago et al. Phylogenetic-based inference reveals distinct transmission dynamics of SARS-CoV-2 lineages Gamma and P.2 in Brazil. *IScience*, [S.I.], v. 25, n. 4, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isc.2022.104156>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35368908/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

MICHELON, Cleonice Maria. Principais variantes do SARS-CoV-2 notificadas no Brasil Main SARS-CoV-2 variants notified in Brazil. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, [S.I.], 2021. DOI: [10.21877/2448-3877.202100961](https://doi.org/10.21877/2448-3877.202100961). Disponível em: <https://www.rbac.org.br/artigos/principais-variantes-do-sars-cov-2-notificadas-no-brasil/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 6

Questão 6
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Com o advento da linhagem P1 do coronavírus, posteriormente chamada de GAMA, houve um aumento expressivo no número de casos positivos para COVID-19 em vários estados do Brasil, marcados como uma 2ª onda de SARS-CoV-2. Essa variante, foi responsável diretamente por uma mudança no cenário epidemiológico. Com isso, é evidente a necessidade de avaliações de risco, analisadas a partir de dados genômicos, de transmissibilidade, de proteção das vacinas, perfil de gravidade, entre outros. De acordo com o cenário nacional ocasionado pela linhagem GAMA, qual a classificação mais adequada, que foi posteriormente definida pela Organização Mundial de Saúde (OMS)?

Escolha uma opção:

- A. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois essa linhagem apresenta as alterações genéticas que são importantes do ponto de vista clínico-epidemiológico, com aumento da transmissibilidade e maior risco de reinfeção por Coronavírus.
- B. Variante de Impacto Gama, pois ela apresenta falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito.
- C. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante causou um aumento local de transmissão, na região Amazônica.
- D. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois foi uma variante monitorada uma vez que foi detectada no Japão em viajantes provenientes do Brasil.
- E. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante apresenta uma constelação única de mutações que merece atenção e monitoramento. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. A linhagem Gama foi classificada pela Organização Mundial de Saúde como uma Variante de Preocupação, VOC, (*Variant of Concern*), pois apresentou aumento da transmissibilidade e virulência, compartilha a mutação N501Y, relacionada a maior transmissão, com as variantes Alfa e Beta, e conseguiu causar um aumento vertiginoso nos casos de COVID-19. Além disso, a VOC Gama exibe mais duas mutações no RBD da proteína S, a mutação E484K e a mutação K417T.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

GRÄF, Tiago et al. Phylogenetic-based inference reveals distinct transmission dynamics of SARS-CoV-2 lineages Gamma and P.2 in Brazil. *IScience*, [S.I.], v. 25, n. 4, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isc.2022.104156>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35368908/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

MICHELON, Cleonice Maria. Principais variantes do SARS-CoV-2 notificadas no Brasil Main SARS-CoV-2 variants notified in Brazil. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, [S.I.], 2021. DOI: [10.21877/2448-3877.202100961](https://doi.org/10.21877/2448-3877.202100961). Disponível em: <https://www.rbac.org.br/artigos/principais-variantes-do-sars-cov-2-notificadas-no-brasil/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 6

Questão 6

Incorreto

Atingiu 0,00 de
1,00

Marcar
questão

Com o advento da linhagem P.1 do coronavírus, posteriormente chamada de GAMA, houve um aumento expressivo no número de casos positivos para COVID-19 em vários estados do Brasil, marcados como uma 2ª onda de SARS-CoV-2. Essa variante, foi responsável diretamente por uma mudança no cenário epidemiológico. Com isso, é evidente a necessidade de avaliações de risco, analisadas a partir de dados genómicos, de transmissibilidade, de proteção das vacinas, perfil de gravidade, entre outros. De acordo com o cenário nacional ocasionado pela linhagem GAMA, qual a classificação mais adequada, que foi posteriormente definida pela Organização Mundial de Saúde (OMS)?

Escolha uma opção:

- A. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante apresenta uma constelação única de mutações que merece atenção e monitoramento.
- B. Variante de impacto Gama, pois ela apresenta falha diagnóstica, eficácia reduzida das vacinas disponíveis, maior potencial de gravidade e óbito.
- C. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois essa linhagem apresenta as alterações genéticas que são importantes do ponto de vista clínico-epidemiológico, com aumento da transmissibilidade e maior risco de reinfeção por Coronavírus.
- D. Variante de interesse (VOI) Gama, pois essa variante causou um aumento local de transmissão, na região Amazônica.
- E. Variante de Preocupação (VOC) Gama, pois foi uma variante monitorada uma vez que foi detectada no Japão em viajantes provenientes do Brasil. ✗ Esta não é a melhor alternativa de resposta. A linhagem Gama foi classificada pela Organização Mundial de Saúde como uma Variante de Preocupação, VOC, (*Variant of Concern*), não porque foi detectada em outro país e originária do Brasil, mas sim porque apresentou aumento da transmissibilidade e virulência, e foi capaz de causar um aumento vertiginoso nos casos de COVID-19.

Sua resposta está incorreta:

Referência(s) Bibliográfica(s):

GRÄF, Tiago et al. Phylogenetic-based inference reveals distinct transmission dynamics of SARS-CoV-2 lineages Gamma and P.2 in Brazil. *Science*, [S.I.], v. 25, n. 4, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.add4156>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35368908/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

MICHELON, Cleonice Maria. Principais variantes do SARS-CoV-2 notificadas no Brasil Main SARS-CoV-2 variants notified in Brazil. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, [S.I.], 2021. DOI: [10.21877/2448-3877.202100961](https://doi.org/10.21877/2448-3877.202100961). Disponível em: <https://www.rbac.org.br/artigos/principais-variantes-do-sars-cov-2-notificadas-no-brasil/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Questão 7

Questão 7

Ainda não
respondida

Vale 1,00
ponto(s).

Marcar
questão

Em um Serviço de Vigilância Genômica, um fluxo correto de amostras deve ser aplicado com o intuito de selecionar corretamente aquelas que devem seguir para cada etapa estabelecida. Levando isso em consideração, marque alternativa que abrange corretamente um fluxo para Vigilância Genômica de vírus respiratórios em um laboratório de referência estadual, cuja principal tecnologia implementada é o sequenciamento genômico.

Escolha uma opção:

- A. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Ambas as fases devem incluir etapas de controle de qualidade para cada amostra selecionada.
- B. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Etapas de controle de qualidade não são necessárias.
- C. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento e análise de dados. Todas as amostras serão sequenciadas, sem a necessidade de uma triagem prévia.
- D. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem e sequenciamento. Etapas de controle de qualidade e análise de dados não são necessárias.
- E. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento, análise de dados e triagem. Todas as amostras serão sequenciadas, sendo triadas apenas no final do processo.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 7

Questão 7
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Em um Serviço de Vigilância Genômica, um fluxo correto de amostras deve ser aplicado com o intuito de selecionar corretamente aquelas que devem seguir para cada etapa estabelecida. Levando isso em consideração, marque alternativa que abrange corretamente um fluxo para Vigilância Genômica de vírus respiratórios em um laboratório de referência estadual, cuja principal tecnologia implementada é o sequenciamento genômico.

Escolha uma opção:

- A. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Ambas as fases devem incluir etapas de controle de qualidade para cada amostra selecionada. Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O fluxo deve ser dividido em três etapas principais, incluindo uma triagem prévia de amostras, sequenciamento e análise de dados. Em todo o processo deve ocorrer etapas de controle de qualidade, para garantir o correto fluxo de amostras e resultados.
- B. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Etapas de controle de qualidade não são necessárias.
- C. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento e análise de dados. Todas as amostras serão sequenciadas, sem a necessidade de uma triagem prévia.
- D. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem e sequenciamento. Etapas de controle de qualidade e análise de dados não são necessárias.
- E. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento, análise de dados e triagem. Todas as amostras serão sequenciadas, sendo triadas apenas no final do processo.

→ Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. **Guia de Vigilância em Saúde**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 1.126 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 02 mar. 2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. **Nota Técnica nº 20/2022-CGLAB/ DAEVS/SVS/MS**. Orientações e atualizações referentes ao Fluxo de Diagnóstico Laboratorial do Sarampo e Rubéola atribuídos aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svs/resposta-a-emergencias/sala-de-situacao-de-saude/sala-de-situacao-de-sarampo/publicacoes-tecnicas/nota-tecnica-no-20-2022-cglab-daevs-svs-ms>. Acesso em: 2 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 7

Questão 7
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Em um Serviço de Vigilância Genômica, um fluxo correto de amostras deve ser aplicado com o intuito de selecionar corretamente aquelas que devem seguir para cada etapa estabelecida. Levando isso em consideração, marque alternativa que abrange corretamente um fluxo para Vigilância Genômica de vírus respiratórios em um laboratório de referência estadual, cuja principal tecnologia implementada é o sequenciamento genômico.

Escolha uma opção:

- A. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento e análise de dados. Todas as amostras serão sequenciadas, sem a necessidade de uma triagem prévia. × Esta não é a melhor alternativa de resposta. O fluxo necessita de uma etapa de triagem inicial, juntamente com controle de qualidade, para garantir o correto fluxo de amostras e resultados.
- B. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento, análise de dados e triagem. Todas as amostras serão sequenciadas, sendo triadas apenas no final do processo.
- C. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Ambas as fases devem incluir etapas de controle de qualidade para cada amostra selecionada.
- D. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Etapas de controle de qualidade não são necessárias.
- E. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem e sequenciamento. Etapas de controle de qualidade e análise de dados não são necessárias.

→ Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. **Guia de Vigilância em Saúde**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 1.126 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 02 mar. 2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. **Nota Técnica nº 20/2022-CGLAB/ DAEVS/SVS/MS**. Orientações e atualizações referentes ao Fluxo de Diagnóstico Laboratorial do Sarampo e Rubéola atribuídos aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svs/resposta-a-emergencias/sala-de-situacao-de-saude/sala-de-situacao-de-sarampo/publicacoes-tecnicas/nota-tecnica-no-20-2022-cglab-daevs-svs-ms>. Acesso em: 2 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 7

Questão 7
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
 Marcar
questão

Em um Serviço de Vigilância Genômica, um fluxo correto de amostras deve ser aplicado com o intuito de selecionar corretamente aquelas que devem seguir para cada etapa estabelecida. Levando isso em consideração, marque alternativa que abrange corretamente um fluxo para Vigilância Genômica de vírus respiratórios em um laboratório de referência estadual, cuja principal tecnologia implementada é o sequenciamento genômico.

Escolha uma opção:

- A. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem e sequenciamento. Etapas de controle de qualidade e análise de dados não são necessárias. **X** Esta não é a melhor alternativa de resposta. O fluxo necessita de uma etapa de análise de dados, juntamente com controle de qualidade, para garantir o correto fluxo de amostras e resultados.
- B. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento e análise de dados. Todas as amostras serão sequenciadas, sem a necessidade de uma triagem prévia.
- C. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Ambas as fases devem incluir etapas de controle de qualidade para cada amostra selecionada.
- D. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Etapas de controle de qualidade não são necessárias.
- E. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento, análise de dados e triagem. Todas as amostras serão sequenciadas, sendo triadas apenas no final do processo.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Guia de Vigilância em Saúde. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 1.126 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_Sed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 02 mar. 2023

BRASIL. Ministério da Saúde Secretaria de Vigilância em Saúde Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. **Nota Técnica nº 20/2022-CGLAB/ DAEVS/SVS/MS.** Orientações e atualizações referentes ao Fluxo de Diagnóstico Laboratorial do Sarampo e Rubéola atribuídos aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde Secretaria de Vigilância em Saúde Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svs/resposta-a-emergencias/sala-de-situacao-de-saude/sala-de-situacao-de-sarampo/publicacoes-tecnicas/nota-tecnica-no-20-2022-cglab-daevs-svs-ms>. Acesso em: 2 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 7

Questão 7
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
1º Marcar questão

Em um Serviço de Vigilância Genômica, um fluxo correto de amostras deve ser aplicado com o intuito de selecionar corretamente aquelas que devem seguir para cada etapa estabelecida. Levando isso em consideração, marque alternativa que abrange corretamente um fluxo para Vigilância Genômica de vírus respiratórios em um laboratório de referência estadual, cuja principal tecnologia implementada é o sequenciamento genômico.

Escolha uma opção:

- A. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Ambas as fases devem incluir etapas de controle de qualidade para cada amostra selecionada.
- B. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Etapas de controle de qualidade não são necessárias. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. O fluxo deve ser dividido em três etapas principais, incluindo uma triagem prévia de amostras, sequenciamento e análise de dados. Em todo o processo deve ocorrer etapas de controle de qualidade, para garantir o correto fluxo de amostras e resultados.
- C. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem e sequenciamento. Etapas de controle de qualidade e análise de dados não são necessárias.
- D. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento, análise de dados e triagem. Todas as amostras serão sequenciadas, sendo triadas apenas no final do processo.
- E. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento e análise de dados. Todas as amostras serão sequenciadas, sem a necessidade de uma triagem prévia.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. **Guia de Vigilância em Saúde**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 1.126 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 02 mar. 2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. **Nota Técnica nº 20/2022-CGLAB/ DAEVS/SVS/MS**. Orientações e atualizações referentes ao Fluxo de Diagnóstico Laboratorial do Sarampo e Rubéola atribuídos aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svs/resposta-a-emergencias/sala-de-situacao-de-saude/sala-de-situacao-de-sarampo/publicacoes-tecnicas/nota-tecnica-no-20-2022-cglab-daevs-svs-ms>. Acesso em: 2 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 7

Questão 7
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
1º Marcar questão

Em um Serviço de Vigilância Genômica, um fluxo correto de amostras deve ser aplicado com o intuito de selecionar corretamente aquelas que devem seguir para cada etapa estabelecida. Levando isso em consideração, marque alternativa que abrange corretamente um fluxo para Vigilância Genômica de vírus respiratórios em um laboratório de referência estadual, cuja principal tecnologia implementada é o sequenciamento genômico.

Escolha uma opção:

- A. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento, análise de dados e triagem. Todas as amostras serão sequenciadas, sendo triadas apenas no final do processo. X Esta não é a melhor alternativa de resposta. O fluxo necessita de uma etapa de triagem inicial, para garantir a correta seleção de amostras a serem enviadas para as próximas etapas.
- B. O fluxo será dividido respectivamente em: sequenciamento e análise de dados. Todas as amostras serão sequenciadas, sem a necessidade de uma triagem prévia.
- C. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Etapas de controle de qualidade não são necessárias.
- D. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem, sequenciamento e análise de dados. Ambas as fases devem incluir etapas de controle de qualidade para cada amostra selecionada.
- E. O fluxo será dividido respectivamente em: triagem e sequenciamento. Etapas de controle de qualidade e análise de dados não são necessárias.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. **Guia de Vigilância em Saúde**. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 1.126 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 02 mar. 2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svs/resposta-a-emergencias/sala-de-situacao-de-saude/sala-de-situacao-de-sarampo/publicacoes-tecnicas/nota-tecnica-no-20-2022-cglab-daevs-svs-ms>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Questão 8

Questão 8

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

Marcar questão

Apesar de ser considerado antigenicamente estável, o vírus do Sarampo apresenta uma variabilidade genética, principalmente nos genes N e H. Tendo em vista a importância da epidemiologia molecular como ferramenta para a Vigilância Genômica, podemos afirmar que dentro do contexto da vigilância o processo de caracterização do vírus do Sarampo:

Escolha uma opção:

- A. não precisa ser monitorado, uma vez que o vírus do sarampo se encontra erradicado.
- B. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas spike (S) e/ou do envelope viral (E), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
- C. ocorre a partir da Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões conservadas do vírus.
- D. ocorre a partir de Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões variáveis do vírus.
- E. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 8

Questão 8

Correto

Atingiu 1,00 de

1,00

Marcar questão

Apesar de ser considerado antigenicamente estável, o vírus do Sarampo apresenta uma variabilidade genética, principalmente nos genes N e H. Tendo em vista a importância da epidemiologia molecular como ferramenta para a Vigilância Genômica, podemos afirmar que dentro do contexto da vigilância o processo de caracterização do vírus do Sarampo:

Escolha uma opção:

- A. não precisa ser monitorado, uma vez que o vírus do sarampo se encontra erradicado.
- B. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas spike (S) e/ou do envelope viral (E), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
- C. ocorre a partir da Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões conservadas do vírus.
- D. ocorre a partir de Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões variáveis do vírus.
- E. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.  Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O sequenciamento das regiões N e H do genoma viral é o procedimento mais importante para monitoramento e vigilância genômica do vírus do sarampo.

 Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BERCHE, Patrick. History of measles. *National Library of Medicine*, [S.J.], v. 51, n. 3, 2022. DOI <https://doi.org/10.1016/j.lpm.2022.104149>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36414136/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Genetic Analysis of Measles Viruses. *Centers For Disease Control and Prevention (CDC)*, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/measles/lab-tools/genetic-analysis.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 8

Questão 8
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00

Marcar
questão

Apesar de ser considerado antigenicamente estável, o vírus do Sarampo apresenta uma variabilidade genética, principalmente nos genes N e H. Tendo em vista a importância da epidemiologia molecular como ferramenta para a Vigilância Genômica, podemos afirmar que dentro do contexto da vigilância o processo de caracterização do vírus do Sarampo:

Escolha uma opção:

- A. ocorre a partir de Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões variáveis do vírus. × Esta não é a melhor alternativa de resposta. Apesar das regiões variáveis serem as de melhor caracterização em termos de vigilância, o sequenciamento genômico é o padrão ouro para determinação das sequências gênicas do vírus e para observação dos padrões de mutação.
- B. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas spike (S) e/ou do envelope viral (E), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
- C. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
- D. ocorre a partir da Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões conservadas do vírus.
- E. não precisa ser monitorado, uma vez que o vírus do sarampo se encontra erradicado.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BERCHE, Patrick. History of measles. National Library of Medicine, [S.l.], v. 51, n. 3, 2022. DOI <https://doi.org/10.1016/j.ipm.2022.104149>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36414136/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Genetic Analysis of Measles Viruses. Centers For Disease Control and Prevention (CDC), [S.l.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/measles/lab-tools/genetic-analysis.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 8

Questão 8
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00

Marcar
questão

Apesar de ser considerado antigenicamente estável, o vírus do Sarampo apresenta uma variabilidade genética, principalmente nos genes N e H. Tendo em vista a importância da epidemiologia molecular como ferramenta para a Vigilância Genômica, podemos afirmar que dentro do contexto da vigilância o processo de caracterização do vírus do Sarampo:

Escolha uma opção:

- A. não precisa ser monitorado, uma vez que o vírus do sarampo se encontra erradicado.
- B. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
- C. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas spike (S) e/ou do envelope viral (E), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
- D. ocorre a partir de Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões variáveis do vírus.
- E. ocorre a partir da Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões conservadas do vírus. × Esta não é a melhor alternativa de resposta. As regiões conservadas não são as melhores regiões para critérios de vigilância e de acompanhamento da evolução mutacional do vírus. Além disso, para vigilância, o sequenciamento genômico é o padrão ouro para determinação das sequências gênicas do vírus e para observação dos padrões de mutação.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BERCHE, Patrick. History of measles. National Library of Medicine, [S.l.], v. 51, n. 3, 2022. DOI <https://doi.org/10.1016/j.ipm.2022.104149>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36414136/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Genetic Analysis of Measles Viruses. Centers For Disease Control and Prevention (CDC), [S.l.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/measles/lab-tools/genetic-analysis.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 8

Questão 8
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
 Marcar
questão

Apesar de ser considerado antigenicamente estável, o vírus do Sarampo apresenta uma variabilidade genética, principalmente nos genes N e H. Tendo em vista a importância da epidemiologia molecular como ferramenta para a Vigilância Genômica, podemos afirmar que dentro do contexto da vigilância o processo de caracterização do vírus do Sarampo:

- Escolha uma opção:
- A. ocorre a partir da Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões conservadas do vírus.
 - B. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas spike (S) e/ou do envelope viral (E), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
 - C. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
 - D. ocorre a partir de Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões variáveis do vírus.
 - E. não precisa ser monitorado, uma vez que o vírus do sarampo se encontra erradicado. O item está incorreto. O vírus do sarampo não está erradicado, existindo diversos países do mundo, como o Brasil, que ainda tem de lidar com epidemias e surtos de sarampo.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BERCHE, Patrick. History of measles. *National Library of Medicine*, [S.l.], v. 51, n. 3, 2022. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jpm.2022.104149>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36414136/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Genetic Analysis of Measles Viruses. *Centers For Disease Control and Prevention* (CDC), [S.l.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/measles/lab-tools/genetic-analysis.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 8

Questão 8
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
 Marcar
questão

Apesar de ser considerado antigenicamente estável, o vírus do Sarampo apresenta uma variabilidade genética, principalmente nos genes N e H. Tendo em vista a importância da epidemiologia molecular como ferramenta para a Vigilância Genômica, podemos afirmar que dentro do contexto da vigilância o processo de caracterização do vírus do Sarampo:

- Escolha uma opção:
- A. ocorre a partir da Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões conservadas do vírus.
 - B. ocorre a partir de Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) das regiões variáveis do vírus.
 - C. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral.
 - D. não precisa ser monitorado, uma vez que o vírus do sarampo se encontra erradicado.
 - E. ocorre a partir do sequenciamento da região dos genes que codificam para proteínas spike (S) e/ou do envelope viral (E), as quais apresentam maiores variabilidades genéticas no genoma viral. Esta não é a melhor alternativa de resposta. A caracterização das regiões de sequenciamento não corresponde às regiões corretas, as quais são da nucleoproteína (N) e/ou da hemaglutinina (H).



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BERCHE, Patrick. History of measles. *National Library of Medicine*, [S.l.], v. 51, n. 3, 2022. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jpm.2022.104149>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36414136/>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Genetic Analysis of Measles Viruses. *Centers For Disease Control and Prevention* (CDC), [S.l.], 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/measles/lab-tools/genetic-analysis.html>. Acesso em: 2 mar. 2023.

Questão 9

Questão 9
Ainda não respondida
Vale 1,00 ponto(s).
Marcar questão

Com o elevado número de casos suspeitos de COVID-19 e baixa disponibilidade de insumos para a testagem em massa, em tempo hábil para detecção e isolamento dos indivíduos com infecção ativa, testes rápidos de captura de antígeno (TR) tornaram-se uma importante alternativa para o diagnóstico da COVID-19 na fase aguda da doença. O Senhor Carlos, preocupado com a possibilidade de transmissão, optou por realizar um teste rápido de antígeno no primeiro dia que apresentou sintomas gripais, obtendo um resultado não-detectável para COVID-19. Cinco dias depois, ele e dois familiares, ao repetirem o exame, apresentaram resultado detectável para COVID-19.

Ao avaliar as possíveis causas do resultado não-reagente no teste rápido inicial, realizado por seu Carlos, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. como o teste rápido de captura de antígeno (TR) foi realizado no primeiro dia de sintoma, é possível que o paciente estivesse com uma carga viral baixa, característica do início da infecção, de forma que a presença do SARS-CoV-2 não pode ser detectada pelo teste utilizado.
- B. a falha na coleta é o único motivo que pode ocasionar resultados falso-negativo em testes rápidos, dado a alta sensibilidade do método em todas as fases da infecção aguda.
- C. um teste rápido de captura de antígeno (TR) negativo garante que, no primeiro exame realizado, o indivíduo não estava com COVID-19, mas que em seguida, houve transmissão e contágio, positivando, dessa forma, cinco dias após o primeiro teste.
- D. um teste rápido de captura de antígeno (TR) com resultado não-reagente no primeiro dia de sintoma descarta completamente a presença de SARS-CoV-2, dispensando a necessidade de isolamento e re-testagem.
- E. a baixa especificidade do teste rápido de captura de antígeno pode ser o motivo do resultado não-reagente do paciente.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 9

Questão 9
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Com o elevado número de casos suspeitos de COVID-19 e baixa disponibilidade de insumos para a testagem em massa, em tempo hábil para detecção e isolamento dos indivíduos com infecção ativa, testes rápidos de captura de antígeno (TR) tornaram-se uma importante alternativa para o diagnóstico da COVID-19 na fase aguda da doença. O Senhor Carlos, preocupado com a possibilidade de transmissão, optou por realizar um teste rápido de antígeno no primeiro dia que apresentou sintomas gripais, obtendo um resultado não-detectável para COVID-19. Cinco dias depois, ele e dois familiares, ao repetirem o exame, apresentaram resultado detectável para COVID-19.

Ao avaliar as possíveis causas do resultado não-reagente no teste rápido inicial, realizado por seu Carlos, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. como o teste rápido de captura de antígeno (TR) foi realizado no primeiro dia de sintoma, é possível que o paciente estivesse com uma carga viral baixa, característica do início da infecção, de forma que a presença do SARS-CoV-2 não pode ser detectada pelo teste utilizado.  Parabéns! Alternativa correta. Os testes rápidos têm-se mostrado muito eficientes em identificar pacientes positivos que possuem carga viral alta ou moderada. Já em pacientes que possuem carga viral baixa (geralmente muito no início ou já no final da infecção), a sensibilidade do teste de antígeno cai consideravelmente. 
- B. a falha na coleta é o único motivo que pode ocasionar resultados falso-negativo em testes rápidos, dado a alta sensibilidade do método em todas as fases da infecção aguda.
- C. um teste rápido de captura de antígeno (TR) negativo garante que, no primeiro exame realizado, o indivíduo não estava com COVID-19, mas que em seguida, houve transmissão e contágio, positivando, dessa forma, cinco dias após o primeiro teste.
- D. um teste rápido de captura de antígeno (TR) com resultado não-reagente no primeiro dia de sintoma descarta completamente a presença de SARS-CoV-2, dispensando a necessidade de isolamento e re-testagem.
- E. a baixa especificidade do teste rápido de captura de antígeno pode ser o motivo do resultado não-reagente do paciente.

 Sua resposta está correta.

Fonte: GRANT, Benjamim D. et al. A SARS-CoV-2 coronavirus nucleocapsid protein antigen-detecting lateral flow assay. *PLoS ONE*, [S.l.], v. 11, n. 16, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258819>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0258819>. Acesso em: 23 dez. 2022.

2. Feedback para item incorreto da questão 9

Questão 9
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Com o elevado número de casos suspeitos de COVID-19 e baixa disponibilidade de insumos para a testagem em massa, em tempo hábil para detecção e isolamento dos indivíduos com infecção ativa, testes rápidos de captura de antígeno (TR) tornaram-se uma importante alternativa para o diagnóstico da COVID-19 na fase aguda da doença. O Senhor Carlos, preocupado com a possibilidade de transmissão, optou por realizar um teste rápido de antígeno no primeiro dia que apresentou sintomas gripais, obtendo um resultado não-detectável para COVID-19. Cinco dias depois, ele e dois familiares, ao repetirem o exame, apresentaram resultado detectável para COVID-19.

Ao avaliar as possíveis causas do resultado não-reagente no teste rápido inicial, realizado por seu Carlos, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. a falha na coleta é o único motivo que pode ocasionar resultados falso-negativo em testes rápidos, dado a alta sensibilidade do método em todas as fases da infecção aguda. ×
Alternativa incorreta. Além de problemas associados à coleta da amostra, outros fatores podem influenciar em resultados falso-negativo, como a baixa sensibilidade do método no início e no final de infecções.
- B. como o teste rápido de captura de antígeno (TR) foi realizado no primeiro dia de sintoma, é possível que o paciente estivesse com uma carga viral baixa, característica do início da infecção, de forma que a presença do SARS-CoV-2 não pôde ser detectada pelo teste utilizado.
- C. um teste rápido de captura de antígeno (TR) negativo garante que, no primeiro exame realizado, o indivíduo não estava com COVID-19, mas que em seguida, houve transmissão e contágio, positivando, dessa forma, cinco dias após o primeiro teste.
- D. um teste rápido de captura de antígeno (TR) com resultado não-reagente no primeiro dia de sintoma descarta completamente a presença de SARS-CoV-2, dispensando a necessidade de isolamento e re-testagem.
- E. a baixa especificidade do teste rápido de captura de antígeno pode ser o motivo do resultado não-reagente do paciente.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GRANT, Benjamim D. et al. A SARS-CoV-2 coronavirus nucleocapsid protein antigen-detecting lateral flow assay. *PLoS ONE*, [S.l.], v. 11, n. 16, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258819>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0258819>. Acesso em: 23 dez. 2022.

3. Feedback para item incorreto da questão 9

Questão 9
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Com o elevado número de casos suspeitos de COVID-19 e baixa disponibilidade de insumos para a testagem em massa, em tempo hábil para detecção e isolamento dos indivíduos com infecção ativa, testes rápidos de captura de antígeno (TR) tornaram-se uma importante alternativa para o diagnóstico da COVID-19 na fase aguda da doença. O Senhor Carlos, preocupado com a possibilidade de transmissão, optou por realizar um teste rápido de antígeno no primeiro dia que apresentou sintomas gripais, obtendo um resultado não-detectável para COVID-19. Cinco dias depois, ele e dois familiares, ao repetirem o exame, apresentaram resultado detectável para COVID-19.

Ao avaliar as possíveis causas do resultado não-reagente no teste rápido inicial, realizado por seu Carlos, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. um teste rápido de captura de antígeno (TR) negativo garante que, no primeiro exame realizado, o indivíduo não estava com COVID-19, mas que em seguida, houve transmissão e contágio, positivando, dessa forma, cinco dias após o primeiro teste.
- B. a falha na coleta é o único motivo que pode ocasionar resultados falso-negativo em testes rápidos, dado a alta sensibilidade do método em todas as fases da infecção aguda.
- C. um teste rápido de captura de antígeno (TR) com resultado não-reagente no primeiro dia de sintoma descarta completamente a presença de SARS-CoV-2, dispensando a necessidade de isolamento e re-testagem. × *Alternativa incorreta. Várias são as possibilidades de um resultado ser falso-negativo, como divergência no desenvolvimento de protocolos de coleta, tempo mínimo para a interpretação dos resultados, insuficiência de volume de amostra oferecido no ensaio, período entre sintomas e testes realizados, dentre outros.*
- D. como o teste rápido de captura de antígeno (TR) foi realizado no primeiro dia de sintoma, é possível que o paciente estivesse com uma carga viral baixa, característica do início da infecção, de forma que a presença do SARS-CoV-2 não pôde ser detectada pelo teste utilizado.
- E. a baixa especificidade do teste rápido de captura de antígeno pode ser o motivo do resultado não-reagente do paciente.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GRANT, Benjamim D. et al. A SARS-CoV-2 coronavirus nucleocapsid protein antigen-detecting lateral flow assay. *PLoS ONE*, [S.l.], v. 11, n. 16, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258819>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0258819>. Acesso em: 23 dez. 2022.

4. Feedback para item incorreto da questão 9

Questão 9
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Com o elevado número de casos suspeitos de COVID-19 e baixa disponibilidade de insumos para a testagem em massa, em tempo hábil para detecção e isolamento dos indivíduos com infecção ativa, testes rápidos de captura de antígeno (TR) tornaram-se uma importante alternativa para o diagnóstico da COVID-19 na fase aguda da doença. O Senhor Carlos, preocupado com a possibilidade de transmissão, optou por realizar um teste rápido de antígeno no primeiro dia que apresentou sintomas gripais, obtendo um resultado não-detectável para COVID-19. Cinco dias depois, ele e dois familiares, ao repetirem o exame, apresentaram resultado detectável para COVID-19.

Ao avaliar as possíveis causas do resultado não-reagente no teste rápido inicial, realizado por seu Carlos, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. um teste rápido de captura de antígeno (TR) negativo garante que, no primeiro exame realizado, o indivíduo não estava com COVID-19, mas que em seguida, houve transmissão e contágio, positivando, dessa forma, cinco dias após o primeiro teste. ✗ Alternativa incorreta. No primeiro teste, apesar do resultado não ser reagente, não se pode garantir que a carga viral era alta suficiente para a leitura adequada da amostra pelo TR. Dessa forma, mesmo apresentando um resultado negativo no primeiro teste, o indivíduo poderia estar positivo para COVID-19.
- B. um teste rápido de captura de antígeno (TR) com resultado não-reagente no primeiro dia de sintoma descarta completamente a presença de SARS-CoV-2, dispensando a necessidade de isolamento e re-testagem.
- C. a baixa especificidade do teste rápido de captura de antígeno pode ser o motivo do resultado não-reagente do paciente.
- D. a falha na coleta é o único motivo que pode ocasionar resultados falso-negativos em testes rápidos, dado a alta sensibilidade do método em todas as fases da infecção aguda.
- E. como o teste rápido de captura de antígeno (TR) foi realizado no primeiro dia de sintoma, é possível que o paciente estivesse com uma carga viral baixa, característica do início da infecção, de forma que a presença do SARS-CoV-2 não pôde ser detectada pelo teste utilizado.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GRANT, Benjamim D. et al. A SARS-CoV-2 coronavirus nucleocapsid protein antigen-detecting lateral flow assay. *PLoS ONE*, [S.J.], v. 11, n. 16, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258819>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0258819>. Acesso em: 23 dez. 2022.

5. Feedback para item incorreto da questão 9

Questão 9
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Com o elevado número de casos suspeitos de COVID-19 e baixa disponibilidade de insumos para a testagem em massa, em tempo hábil para detecção e isolamento dos indivíduos com infecção ativa, testes rápidos de captura de antígeno (TR) tornaram-se uma importante alternativa para o diagnóstico da COVID-19 na fase aguda da doença. O Senhor Carlos, preocupado com a possibilidade de transmissão, optou por realizar um teste rápido de antígeno no primeiro dia que apresentou sintomas gripais, obtendo um resultado não-detectável para COVID-19. Cinco dias depois, ele e dois familiares, ao repetirem o exame, apresentaram resultado detectável para COVID-19.

Ao avaliar as possíveis causas do resultado não-reagente no teste rápido inicial, realizado por seu Carlos, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. um teste rápido de captura de antígeno (TR) com resultado não-reagente no primeiro dia de sintoma descarta completamente a presença de SARS-CoV-2, dispensando a necessidade de isolamento e re-testagem.
- B. como o teste rápido de captura de antígeno (TR) foi realizado no primeiro dia de sintoma, é possível que o paciente estivesse com uma carga viral baixa, característica do início da infecção, de forma que a presença do SARS-CoV-2 não pôde ser detectada pelo teste utilizado.
- C. um teste rápido de captura de antígeno (TR) negativo garante que, no primeiro exame realizado, o indivíduo não estava com COVID-19, mas que em seguida, houve transmissão e contágio, positivando, dessa forma, cinco dias após o primeiro teste.
- D. a baixa especificidade do teste rápido de captura de antígeno pode ser o motivo do resultado não-reagente do paciente. ✗ Alternativa incorreta. A especificidade dos testes rápidos é alta, normalmente acima de 95% e é mais improvável que seja a causa do teste não-reagente.
- E. a falha na coleta é o único motivo que pode ocasionar resultados falso-negativos em testes rápidos, dado a alta sensibilidade do método em todas as fases da infecção aguda.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GRANT, Benjamim D. et al. A SARS-CoV-2 coronavirus nucleocapsid protein antigen-detecting lateral flow assay. *PLoS ONE*, [S.J.], v. 11, n. 16, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258819>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0258819>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Questão 10

Questão 10

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

Marcar questão

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) consiste em uma série de tecnologias de sequenciamento que surgiram a fim de se diferenciarem do Sequenciamento de Sanger, mais convencionalmente utilizado até então. O NGS apresenta diversas inovações trazidas em comparação ao sequenciamento convencional de Sanger. Uma das plataformas de maior destaque e que mais tem-se estabelecido, principalmente depois do início da pandemia de SARS-CoV-2, é a plataforma Illumina.

Em relação às principais etapas de preparação da amostra por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), pode-se afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. nesta etapa, os nucleotídeos ordenados da região-alvo são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos, fazendo-se necessário aumentar a quantidade de cópias, a fim de que haja milhares de cópias da mesma região para que o sinal consiga ser detectado. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- B. o NGS permite sequenciar várias amostras simultaneamente porque incorpora **indexes** ou **barcodes** aos fragmentos de cada amostra no início do processo. As amostras fragmentadas são identificadas ao final do processo, por cada **barcode** específico. A esta etapa, dá-se o nome de desmultiplexação.
- C. com a incorporação do **barcode** nos fragmentos correspondentes a cada amostra, elas são submetidas a um processo de amplificação por PCR em ponte ou PCR de emulsão, gerando milhares de cópias detectadas por sinal de fluorescência. A esta etapa, dá-se o nome de preparo da biblioteca.
- D. a amostra clínica de um determinado paciente tem seu material nuclear extraído, a partir do uso de kits de extração por **beads** magnéticas. O material é submetido à amplificação por PCR em tempo real para determinação dos valores de CTs, conforme o estabelecido pelos limiares do controle de qualidade. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- E. o DNA alvo é lisado em pequenos fragmentos aleatórios de mesmo tamanho, por meio da ação de enzimas ou de processos mecânicos. Nesta etapa também são utilizadas ligases, que acoplam oligonucleotídeos, chamados de adaptadores, aos fragmentos gerados. A esta etapa, dá-se o nome de amplificação da biblioteca.

[Limpar minha escolha](#)**1. Feedback para item correto da questão 10****Questão 10**

Correto

Atingiu 100 de 1,00

Marcar questão

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) consiste em uma série de tecnologias de sequenciamento que surgiram a fim de se diferenciarem do Sequenciamento de Sanger, mais convencionalmente utilizado até então. O NGS apresenta diversas inovações trazidas em comparação ao sequenciamento convencional de Sanger. Uma das plataformas de maior destaque e que mais tem-se estabelecido, principalmente depois do inicio da pandemia de SARS-CoV-2, é a plataforma Illumina.

Em relação às principais etapas de preparação da amostra por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), pode-se afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. nesta etapa, os nucleotídeos ordenados da região-alvo são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos, fazendo-se necessário aumentar a quantidade de cópias, a fim de que haja milhares de cópias da mesma região para que o sinal consiga ser detectado. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- B. o NGS permite sequenciar várias amostras simultaneamente porque incorpora **indexes** ou **barcodes** aos fragmentos de cada amostra no início do processo. As amostras fragmentadas são identificadas ao final do processo, por cada **barcode** específico. A esta etapa, dá-se o nome de desmultiplexação.  Parabéns! Alternativa correta. Esta etapa corresponde ao processo de desmultiplexação, que identifica cada amostra por meio do seu indexador adicionado no início do processo. Por esse motivo, o NGS permite sequenciar centenas de amostras simultaneamente, diferentemente do sequenciamento Sanger.
- C. com a incorporação do **barcode** nos fragmentos correspondentes a cada amostra, elas são submetidas a um processo de amplificação por PCR em ponte ou PCR de emulsão, gerando milhares de cópias detectadas por sinal de fluorescência. A esta etapa, dá-se o nome de preparo da biblioteca.
- D. a amostra clínica de um determinado paciente tem seu material nuclear extraído, a partir do uso de kits de extração por **beads** magnéticas. O material é submetido à amplificação por PCR em tempo real para determinação dos valores de CTs, conforme o estabelecido pelos limiares do controle de qualidade. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- E. o DNA alvo é lisado em pequenos fragmentos aleatórios de mesmo tamanho, por meio da ação de enzimas ou de processos mecânicos. Nesta etapa também são utilizadas ligases, que acoplam oligonucleotídeos, chamados de adaptadores, aos fragmentos gerados. A esta etapa, dá-se o nome de amplificação da biblioteca.

Sua resposta está correta.

Fonte: GARRIDO-CADERNAS, Jose Antonio et al. DNA Sequencing Sensors: An Overview. *Sensors*, [S.J.], v. 17, n. 3, 2017. DOI <https://doi.org/10.3390/s17030588>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8220/17/3/588>. Acesso em: 23 dez. 2022.

2. Feedback para item incorreto da questão 10

Questão 10
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) consiste em uma série de tecnologias de sequenciamento que surgiram a fim de se diferenciarem do Sequenciamento de Sanger, mais convencionalmente utilizado até então. O NGS apresenta diversas inovações trazidas em comparação ao sequenciamento convencional de Sanger. Uma das plataformas de maior destaque e que mais tem-se estabelecido, principalmente depois do início da pandemia de SARS-CoV-2, é a plataforma Illumina.

Em relação às principais etapas de preparação da amostra por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), pode-se afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. nesta etapa, os nucleotídeos ordenados da região-alvo são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos, fazendo-se necessário aumentar a quantidade de cópias, a fim de que haja milhares de cópias da mesma região para que o sinal consiga ser detectado. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger. **X Alternativa incorreta.**
O processo corresponde à etapa de sequenciamento por síntese, em que os nucleotídeos ordenados são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos.
- B. a amostra clínica de um determinado paciente tem seu material nucleico extraído, a partir do uso de kits de extração por *beads* magnéticas. O material é submetido à amplificação por PCR em tempo real para determinação dos valores de CTs, conforme o estabelecido pelos limiares do controle de qualidade. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- C. o DNA alvo é lisado em pequenos fragmentos aleatórios de mesmo tamanho, por meio da ação de enzimas ou de processos mecânicos. Nesta etapa também são utilizadas ligases, que acoplam oligonucleotídeos, chamados de adaptadores, aos fragmentos gerados. A esta etapa, dá-se o nome de amplificação da biblioteca.
- D. com a incorporação do *barcode* nos fragmentos correspondentes a cada amostra, elas são submetidas a um processo de amplificação por PCR em ponte ou PCR de emulsão, gerando milhares de cópias detectadas por sinal de fluorescência. A esta etapa, dá-se o nome de preparo da biblioteca.
- E. o NGS permite sequenciar várias amostras simultaneamente porque incorpora *indexes* ou *barcodes* aos fragmentos de cada amostra no início do processo. As amostras fragmentadas são identificadas ao final do processo, por cada *barcode* específico. A esta etapa, dá-se o nome de desmultiplexação.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GARRIDO-CADERNAS, Jose Antonio et al. DNA Sequencing Sensors: An Overview. *Sensors*, [S.l.], v. 17, n. 3, 2017. DOI <https://doi.org/10.3390/s17030588>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8220/17/3/588>. Acesso em: 23 dez. 2022.

3. Feedback para item incorreto da questão 10

Questão 10
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) consiste em uma série de tecnologias de sequenciamento que surgiram a fim de se diferenciarem do Sequenciamento de Sanger, mais convencionalmente utilizado até então. O NGS apresenta diversas inovações trazidas em comparação ao sequenciamento convencional de Sanger. Uma das plataformas de maior destaque e que mais tem-se estabelecido, principalmente depois do início da pandemia de SARS-CoV-2, é a plataforma Illumina.

Em relação às principais etapas de preparação da amostra por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), pode-se afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. a amostra clínica de um determinado paciente tem seu material nucleico extraído, a partir do uso de kits de extração por *beads* magnéticas. O material é submetido à amplificação por PCR em tempo real para determinação dos valores de CTs, conforme o estabelecido pelos limiares do controle de qualidade. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger. **X Alternativa incorreta.**
O processo corresponde à etapa de triagem de amostras, fase em que o material genético é extraído, amplificado e selecionado ou não para seguir para o sequenciamento.
- B. com a incorporação do *barcode* nos fragmentos correspondentes a cada amostra, elas são submetidas a um processo de amplificação por PCR em ponte ou PCR de emulsão, gerando milhares de cópias detectadas por sinal de fluorescência. A esta etapa, dá-se o nome de preparo da biblioteca.
- C. o NGS permite sequenciar várias amostras simultaneamente porque incorpora *indexes* ou *barcodes* aos fragmentos de cada amostra no início do processo. As amostras fragmentadas são identificadas ao final do processo, por cada *barcode* específico. A esta etapa, dá-se o nome de desmultiplexação.
- D. nesta etapa, os nucleotídeos ordenados da região-alvo são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos, fazendo-se necessário aumentar a quantidade de cópias, a fim de que haja milhares de cópias da mesma região para que o sinal consiga ser detectado. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- E. o DNA alvo é lisado em pequenos fragmentos aleatórios de mesmo tamanho, por meio da ação de enzimas ou de processos mecânicos. Nesta etapa também são utilizadas ligases, que acoplam oligonucleotídeos, chamados de adaptadores, aos fragmentos gerados. A esta etapa, dá-se o nome de amplificação da biblioteca.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GARRIDO-CADERNAS, Jose Antonio et al. DNA Sequencing Sensors: An Overview. *Sensors*, [S.l.], v. 17, n. 3, 2017. DOI <https://doi.org/10.3390/s17030588>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8220/17/3/588>. Acesso em: 23 dez. 2022.

4. Feedback para item incorreto da questão 10

Questão 10
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) consiste em uma série de tecnologias de sequenciamento que surgiram a fim de se diferenciarem do Sequenciamento de Sanger, mais convencionalmente utilizado até então. O NGS apresenta diversas inovações trazidas em comparação ao sequenciamento convencional de Sanger. Uma das plataformas de maior destaque e que mais tem-se estabelecido, principalmente depois do início da pandemia de SARS-CoV-2, é a plataforma Illumina.

Em relação às principais etapas de preparação da amostra por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), pode-se afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. o DNA alvo é lisado em pequenos fragmentos aleatórios de mesmo tamanho, por meio da ação de enzimas ou de processos mecânicos. Nesta etapa também são utilizadas ligases, que acoplam oligonucleotídeos, chamados de adaptadores, aos fragmentos gerados. A esta etapa, dá-se o nome de amplificação da biblioteca.  Alternativa incorreta. Este processo corresponde à etapa de preparo da biblioteca, a partir da qual as amostras amplificadas por PCR serão submetidas à fragmentação e acoplamento dos adaptadores.
- B. nesta etapa, os nucleotídeos ordenados da região-alvo são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos, fazendo-se necessário aumentar a quantidade de cópias, a fim de que haja milhares de cópias da mesma região para que o sinal consiga ser detectado. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- C. com a incorporação do **barcode** nos fragmentos correspondentes a cada amostra, elas são submetidas a um processo de amplificação por PCR em ponte ou PCR de emulsão, gerando milhares de cópias detectadas por sinal de fluorescência. A esta etapa, dá-se o nome de preparo da biblioteca.
- D. o NGS permite sequenciar várias amostras simultaneamente porque incorpora **indexes** ou **barcodes** aos fragmentos de cada amostra no início do processo. As amostras fragmentadas são identificadas ao final do processo, por cada **barcode** específico. A esta etapa, dá-se o nome de desmultiplexação.
- E. a amostra clínica de um determinado paciente tem seu material nucleico extraído, a partir do uso de kits de extração por **beads** magnéticas. O material é submetido à amplificação por PCR em tempo real para determinação dos valores de CTs, conforme o estabelecido pelos limites do controle de qualidade. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: GARRIDO-CADERNAS, Jose Antonio et al. DNA Sequencing Sensors: An Overview. *Sensors*, [S.J.], v. 17, n. 3, 2017. DOI <https://doi.org/10.3390/s17030588>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8220/17/3/588>. Acesso em: 23 dez. 2022.

5. Feedback para item incorreto da questão 10

Questão 10
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) consiste em uma série de tecnologias de sequenciamento que surgiram a fim de se diferenciarem do Sequenciamento de Sanger, mais convencionalmente utilizado até então. O NGS apresenta diversas inovações trazidas em comparação ao sequenciamento convencional de Sanger. Uma das plataformas de maior destaque e que mais tem-se estabelecido, principalmente depois do início da pandemia de SARS-CoV-2, é a plataforma Illumina.

Em relação às principais etapas de preparação da amostra por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), pode-se afirmar que:

Escolha uma opção:

- A. o DNA alvo é lisado em pequenos fragmentos aleatórios de mesmo tamanho, por meio da ação de enzimas ou de processos mecânicos. Nesta etapa também são utilizadas ligases, que acoplam oligonucleotídeos, chamados de adaptadores, aos fragmentos gerados. A esta etapa, dá-se o nome de amplificação da biblioteca.
- B. o NGS permite sequenciar várias amostras simultaneamente porque incorpora **indexes** ou **barcodes** aos fragmentos de cada amostra no início do processo. As amostras fragmentadas são identificadas ao final do processo, por cada **barcode** específico. A esta etapa, dá-se o nome de desmultiplexação.
- C. nesta etapa, os nucleotídeos ordenados da região-alvo são sequenciados durante a síntese das fitas complementares dos fragmentos, fazendo-se necessário aumentar a quantidade de cópias, a fim de que haja milhares de cópias da mesma região para que o sinal consiga ser detectado. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.
- D. com a incorporação do **barcode** nos fragmentos correspondentes a cada amostra, elas são submetidas a um processo de amplificação por PCR em ponte ou PCR de emulsão, gerando milhares de cópias detectadas por sinal de fluorescência. A esta etapa, dá-se o nome de preparo da biblioteca.  Alternativa incorreta. Este processo corresponde à etapa de amplificação da biblioteca, a partir da qual as bibliotecas, após preparadas, passam por um processo de amplificação para serem, posteriormente, sequenciadas.
- E. a amostra clínica de um determinado paciente tem seu material nucleico extraído, a partir do uso de kits de extração por **beads** magnéticas. O material é submetido à amplificação por PCR em tempo real para determinação dos valores de CTs, conforme o estabelecido pelos limites do controle de qualidade. A esta etapa, dá-se o nome de Sequenciamento de Sanger.

Sua resposta está incorreta.

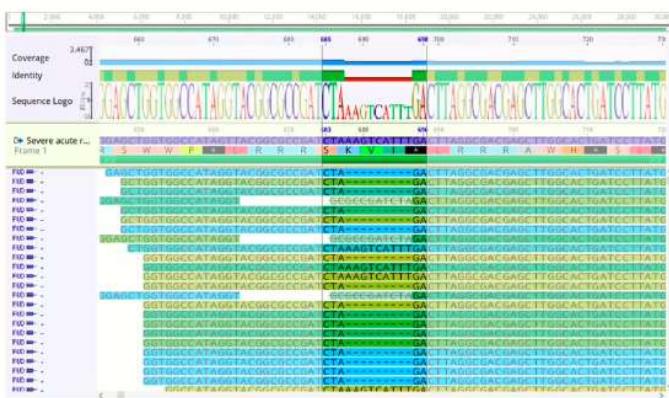
Fonte: GARRIDO-CADERNAS, Jose Antonio et al. DNA Sequencing Sensors: An Overview. *Sensors*, [S.J.], v. 17, n. 3, 2017. DOI <https://doi.org/10.3390/s17030588>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8220/17/3/588>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Questão 11

Questão 11Ainda não
respondidaVale 1,00
ponto(s).1º Marcar
questão

Um analista de bioinformática se deparou com um problema em uma região do genoma sequenciado, ao realizar o alinhamento por referência das *reads* como especificado pela imagem a seguir:

Frequência do Alelo Menor (MAF)



Fonte: MIYALIMA, Fábio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Túlio. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Aplicações e limitações das metodologias para a Vigilância Genômica (VG). Unidade 2. In: **Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica (VG)**. Brasília/DF: UNA-SUS; Fiocruz, 2023.

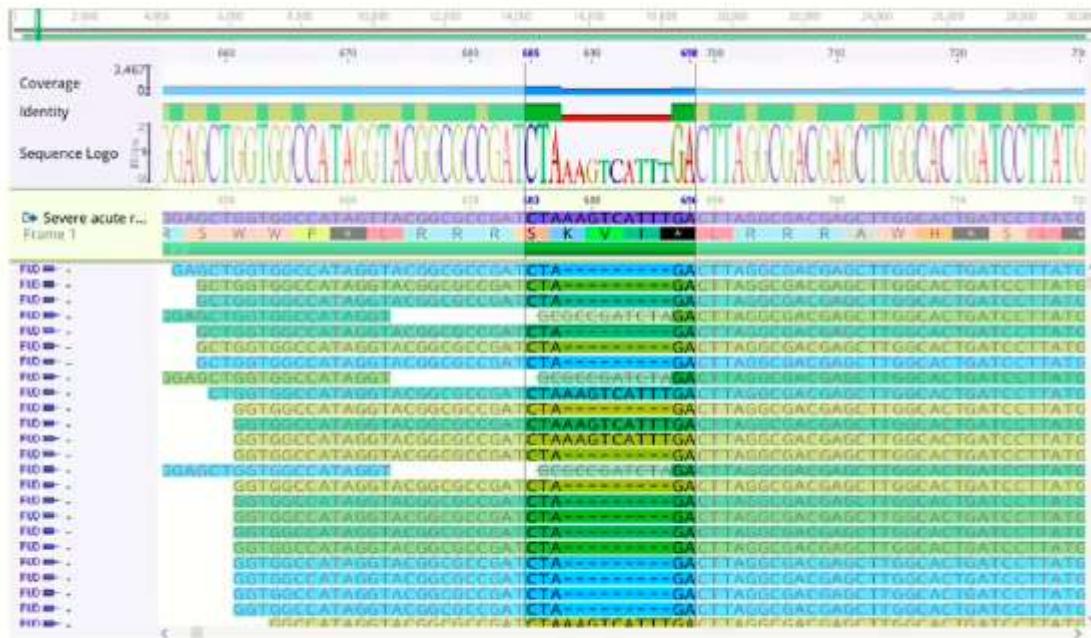
Com base nesse contexto e nos conhecimentos assimilados ao decorrer do curso, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. o arquivo apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, não podendo ser gerado um consenso correto para todo o genoma.
- B. o arquivo apresenta inúmeros vieses, principalmente em regiões após a posição 1600, sendo impossível realizar o alinhamento e montagem.
- C. o genoma apresenta baixa cobertura horizontal na região de 1697 a 1709, expressa pela quantidade de *reads* contemplando essa região.
- D. as *reads* apresentam baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709, não possuindo elevada confiança. Esse problema pode ocorrer devido à degradação da amostra, erro de pipetagem ou falha no pool e primers utilizado.
- E. pelo padrão de mutações presentes na região mostrada na imagem, pode-se considerar que se trata de uma amostra da variante Delta do SARS-CoV-2. Porém, não existe uma deleção na região de 1697 a 1709, podendo ser considerada uma amostra recombinante.

[Limpar minha escolha](#)**Imagen da questão 11**

Frequência do Alelo Menor (MAF)



Fonte: MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Túlio. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Aplicações e limitações das metodologias para a Vigilância Genômica (VG); Unidade 2. In: **Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica (VG)**. Brasília/DF: UNA-SUS, Fiocruz, 2023.

1. Feedback para item correto da questão 11

Escolha uma opção:

- A. o arquivo apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, não podendo ser gerado um consenso correto para todo o genoma.
- B. o arquivo apresenta inúmeros vieses, principalmente em regiões após a posição 1600, sendo impossível realizar o alinhamento e montagem.
- C. o genoma apresenta baixa cobertura horizontal na região de 1697 a 1709, expressa pela quantidade de *reads* contemplando essa região.
- D. as *reads* apresentam baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709, não possuindo elevada confiança. Esse problema pode ocorrer devido à degradação da amostra, erro de pipetagem ou falha no pool e primers utilizado.

Parabéns! Alternativa correta! A baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709 pode ser um problema, principalmente se a região estiver relacionada com mutações definidoras de linhagem. Assim, não se pode ter confiança no resultado para a região especificada.

- E. pelo padrão de mutações presentes na região mostrada na imagem, pode-se considerar que se trata de uma amostra da variante Delta do SARS-CoV-2. Porém, não existe uma deleção na região de 1697 a 1709, podendo ser considerada uma amostra recombinante.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s): MARIANO, Diego. Cobertura horizontal versus cobertura vertical: tipos de cobertura em sequenciamento genômico. **BIOINFO - Portal da Revista Brasileira de Bioinformática**, [S.l.], 2021. Disponível em: <https://bioinfo.com.br/tipos-de-cobertura-em-sequenciamento-genomico/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

DEZORDI, Filipe. Cobertura de Sequenciamento Horizontal x Vertical: Diferenças. **Varsomics**, [S.l.], 2022. Disponível em: <https://blog.varsomecs.com/cobertura-de-sequenciamento/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 11

Escolha uma opção:

- A. pelo padrão de mutações presentes na região mostrada na imagem, pode-se considerar que se trata de uma amostra da variante Delta do SARS-CoV-2. Porém, não existe uma deleção na região de 1697 a 1709, podendo ser considerada uma amostra recombinante.

Alternativa incorreta. Pelo padrão observado não é possível determinar a variante do vírus sequenciado, tão pouco essa informação estaria relacionada com um problema observado na figura.

Alternativa incorreta. Pelo padrão observado não é possível determinar a variante do vírus sequenciado, tão pouco essa informação estaria relacionada com um problema observado na figura.



- B. as *reads* apresentam baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709, não possuindo elevada confiança. Esse problema pode ocorrer devido à degradação da amostra, erro de pipetagem ou falha no pool e primers utilizados.

- C. o genoma apresenta baixa cobertura horizontal na região de 1697 a 1709, expressa pela quantidade de *reads* contemplando essa região.

- D. o arquivo apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, não podendo ser gerado um consenso correto para todo o genoma.

- E. o arquivo apresenta inúmeros vieses, principalmente em regiões após a posição 1600, sendo impossível realizar o alinhamento e montagem.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): MARIANO, Diego. Cobertura horizontal versus cobertura vertical: tipos de cobertura em sequenciamento genômico. **BIOINFO - Portal da Revista Brasileira de Bioinformática**, [S.J.], 2021. Disponível em: <https://bioinfo.com.br/tipos-de-cobertura-em-sequenciamento-genomico/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

DEZORDI, Filipe. Cobertura de Sequenciamento Horizontal x Vertical: Diferenças. **Varsomics**, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/cobertura-de-sequenciamento/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 11

Escolha uma opção:

- A. o arquivo apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, não podendo ser gerado um consenso correto para todo o genoma.
- * Alternativa incorreta.** O arquivo não apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, mas sim uma região (1697 a 1709) com baixa profundidade (cobertura vertical).
- B. as *reads* apresentam baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709, não possuindo elevada confiança. Esse problema pode ocorrer devido à degradação da amostra, erro de pipetagem ou falha no pool e primers utilizado.
- C. o genoma apresenta baixa cobertura horizontal na região de 1697 a 1709, expressa pela quantidade de *reads* contemplando essa região.
- D. pelo padrão de mutações presentes na região mostrada na imagem, pode-se considerar que se trata de uma amostra da variante Delta do SARS-CoV-2. Porém, não existe uma deleção na região de 1697 a 1709, podendo ser considerada uma amostra recombinante.
- E. o arquivo apresenta inúmeros vieses, principalmente em regiões após a posição 1600, sendo impossível realizar o alinhamento e montagem.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): MARIANO, Diego. Cobertura horizontal versus cobertura vertical: tipos de cobertura em sequenciamento genômico. **BIOINFO - Portal da Revista Brasileira de Bioinformática**, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://bioinfo.com.br/tipos-de-cobertura-em-sequenciamento-genomico/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

DEZORDI, Filipe. Cobertura de Sequenciamento Horizontal x Vertical: Diferenças. **Varsomics**, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/cobertura-de-sequenciamento/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 11

Escolha uma opção:

- A. o arquivo apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, não podendo ser gerado um consenso correto para todo o genoma.
- B. o arquivo apresenta inúmeros vieses, principalmente em regiões após a posição 1600, sendo impossível realizar o alinhamento e montagem.
- C. pelo padrão de mutações presentes na região mostrada na imagem, pode-se considerar que se trata de uma amostra da variante Delta do SARS-CoV-2. Porém, não existe uma deleção na região de 1697 a 1709, podendo ser considerada uma amostra recombinante.
- D. as *reads* apresentam baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709, não possuindo elevada confiança. Esse problema pode ocorrer devido à degradação da amostra, erro de pipetagem ou falha no pool e primers utilizado.
- E. o genoma apresenta baixa cobertura horizontal na região de 1697 a 1709, expressa pela quantidade de *reads* contemplando essa região.


✗ Alternativa incorreta. A cobertura horizontal diz respeito a quantidade do genoma que foi coberto em porcentagem, não sendo expresso pela quantidade de *reads* contemplando essa região. Dessa forma, o problema estaria mais relacionado com a baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): MARIANO, Diego. Cobertura horizontal versus cobertura vertical: tipos de cobertura em sequenciamento genômico. **BIOINFO - Portal da Revista Brasileira de Bioinformática**, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://bioinfo.com.br/tipos-de-cobertura-em-sequenciamento-genomico/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

DEZORDI, Filipe. Cobertura de Sequenciamento Horizontal x Vertical: Diferenças. **Varsomics**, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/cobertura-de-sequenciamento/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 11

Escolha uma opção:

- A. o arquivo apresenta muitas *reads* com bases ambíguas, não podendo ser gerado um consenso correto para todo o genoma.
- B. as *reads* apresentam baixa profundidade (cobertura vertical) na região de 1697 a 1709, não possuindo elevada confiança. Esse problema pode ocorrer devido à degradação da amostra, erro de pipetagem ou falha no pool e primers utilizado.
- C. o genoma apresenta baixa cobertura horizontal na região de 1697 a 1709, expressa pela quantidade de *reads* contemplando essa região.
- D. pelo padrão de mutações presentes na região mostrada na imagem, pode-se considerar que se trata de uma amostra da variante Delta do SARS-CoV-2. Porém, não existe uma deleção na região de 1697 a 1709, podendo ser considerada uma amostra recombinante.
- E. o arquivo apresenta inúmeros vieses, principalmente em regiões após a posição 1600, sendo impossível realizar o alinhamento e montagem.

 Alternativa incorreta. O arquivo não possui muitos vieses, sendo possível realizar o alinhamento e montagem. O problema se dá na região (1697 a 1709) com baixa profundidade (cobertura vertical).

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): MARIANO, Diego. Cobertura horizontal versus cobertura vertical: tipos de cobertura em sequenciamento genômico. **BIOINFO - Portal da Revista Brasileira de Bioinformática**, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://bioinfo.com.br/tipos-de-cobertura-em-sequenciamento-genomico/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

DEZORDI, Filipe. Cobertura de Sequenciamento Horizontal x Vertical: Diferenças. **Varsomics**, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/cobertura-de-sequenciamento/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 12

Questão 12

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

 Marcar questão

A respeito da conservação do material genético proveniente das amostras clínicas, é fundamental que toda a equipe envolvida no processamento de amostras tenha conhecimento das alterações que ocorrem após a coleta, a extração e as formas de preservação do material até o uso. A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, mostrou que é preciso uma logística adequada para que as amostras possam ser preservadas adequadamente e que produzam resultados confiáveis. Considerando uma vigilância genômica para a COVID-19, realizada a partir do material genético do vírus SARS-CoV-2, responda à alternativa correta a respeito da conservação desta amostra:

Escolha uma opção:

- A. O material genético isolado do vírus deve ser mantido em ultrafreezer a -80°C, pois temos o RNA isolado, que pode degradar a temperaturas mais altas por ser um vírus RNA de fita simples.
- B. Por ser um vírus DNA, o material genético isolado pode ser armazenado a 4°C por várias semanas.
- C. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado apenas é viável se mantido em nitrogênio líquido, a temperaturas ultrabaixas, próximas a -150°C.
- D. O material genético do vírus deve ser mantido imediatamente em ultrafreezer a -80°C, pois se tem o DNA dupla fita isolado, que é muito instável.
- E. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado deve ficar armazenado a 4°C para não haver degradação por congelamento e descongelamento.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 12

Questão 12
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

A respeito da conservação do material genético proveniente das amostras clínicas, é fundamental que toda a equipe envolvida no processamento de amostras tenha conhecimento das alterações que ocorrem após a coleta, a extração e as formas de preservação do material até o uso. A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, mostrou que é preciso uma logística adequada para que as amostras possam ser preservadas adequadamente e que produzam resultados confiáveis. Considerando uma vigilância genômica para a COVID-19, realizada a partir do material genético do vírus SARS-CoV-2, responda à alternativa correta a respeito da conservação desta amostra:

Escolha uma opção:

- A. O material genético isolado do vírus deve ser mantido em ultrafreezer a -80°C, pois temos o RNA isolado, que pode degradar a temperaturas mais altas por ser um vírus RNA de fita simples.  Parabéns! Alternativa Correta. Independentemente da duração estimada do armazenamento, recomenda-se que este seja realizado a -70°C ou inferior, visto que a atividade de degradação do RNA das RNases continua a -20°C.
- B. Por ser um vírus DNA, o material genético isolado pode ser armazenado a 4°C por várias semanas.
- C. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado apenas é viável se mantido em nitrogênio líquido, a temperaturas ultrabaixas, próximas a -150°C.
- D. O material genético do vírus deve ser mantido imediatamente em ultrafreezer a -80°C, pois se tem o DNA dupla fita isolado, que é muito instável.
- E. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado deve ficar armazenado a 4°C para não haver degradação por congelamento e descongelamento.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): MELO, Murilo Rezende et al. Coleta, transporte e armazenamento de amostras para diagnóstico molecular. Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial, [S.I.], v. 46, n. 5, p. 375-381, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/bpm/aj/cz1Koy9N3JtDz6v9XtWYCL/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

2. Feedback para item incorreto da questão 12

Questão 12
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A respeito da conservação do material genético proveniente das amostras clínicas, é fundamental que toda a equipe envolvida no processamento de amostras tenha conhecimento das alterações que ocorrem após a coleta, a extração e as formas de preservação do material até o uso. A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, mostrou que é preciso uma logística adequada para que as amostras possam ser preservadas adequadamente e que produzam resultados confiáveis. Considerando uma vigilância genômica para a COVID-19, realizada a partir do material genético do vírus SARS-CoV-2, responda à alternativa correta a respeito da conservação desta amostra:

Escolha uma opção:

- A. O material genético isolado do vírus deve ser mantido em ultrafreezer a -80°C, pois temos o RNA isolado, que pode degradar a temperaturas mais altas por ser um vírus RNA de fita simples.
- B. Por ser um vírus DNA, o material genético isolado pode ser armazenado a 4°C por várias semanas.  Alternativa incorreta. O SARS-CoV-2 é um vírus RNA de fita simples, portanto o material genético isolado deve ser conservado em temperaturas de -80°C.
Fonte:
- C. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado apenas é viável se mantido em nitrogênio líquido, a temperaturas ultrabaixas, próximas a -150°C.
- D. O material genético do vírus deve ser mantido imediatamente em ultrafreezer a -80°C, pois se tem o DNA dupla fita isolado, que é muito instável.
- E. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado deve ficar armazenado a 4°C para não haver degradação por congelamento e descongelamento.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): MELO, Murilo Rezende et al. Coleta, transporte e armazenamento de amostras para diagnóstico molecular. Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial, [S.I.], v. 46, n. 5, p. 375-381, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/bpm/aj/cz1Koy9N3JtDz6v9XtWYCL/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

3. Feedback para item incorreto da questão 12

Questão 12
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A respeito da conservação do material genético proveniente das amostras clínicas, é fundamental que toda a equipe envolvida no processamento de amostras tenha conhecimento das alterações que ocorrem após a coleta, a extração e as formas de preservação do material até o uso. A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, mostrou que é preciso uma logística adequada para que as amostras possam ser preservadas adequadamente e que produzam resultados confiáveis. Considerando uma vigilância genômica para a COVID-19, realizada a partir do material genético do vírus SARS-CoV-2, responda à alternativa correta a respeito da conservação desta amostra:

Escolha uma opção:

- A. Por ser um vírus DNA, o material genético isolado pode ser armazenado a 4°C por várias semanas.
- B. O material genético do vírus deve ser mantido imediatamente em ultrafreezer a -80°C, pois se tem o DNA dupla fita isolado, que é muito instável.
- C. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado apenas é viável se mantido em nitrogênio líquido, a temperaturas ultrabaixas, próximas a -150°C. ✗ Alternativa incorreta. O SARS-CoV-2 é um vírus RNA de fita simples, portanto o material genético isolado deve ser conversado em temperaturas de -80°C.
- D. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado deve ficar armazenado a 4°C para não haver degradação por congelamento e descongelamento.
- E. O material genético isolado do vírus deve ser mantido em ultrafreezer a -80°C, pois temos o RNA isolado, que pode degradar a temperaturas mais altas por ser um vírus RNA de fita simples.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): MELO, Murilo Rezende et al. Coleta, transporte e armazenamento de amostras para diagnóstico molecular. Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial, [S.I.], v.46, n. 5, p. 375-381, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/jbpm/a/cZK0y9N3JtDz6v9XtWYCL/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

4. Feedback para item incorreto da questão 12

Questão 12
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A respeito da conservação do material genético proveniente das amostras clínicas, é fundamental que toda a equipe envolvida no processamento de amostras tenha conhecimento das alterações que ocorrem após a coleta, a extração e as formas de preservação do material até o uso. A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, mostrou que é preciso uma logística adequada para que as amostras possam ser preservadas adequadamente e que produzam resultados confiáveis. Considerando uma vigilância genômica para a COVID-19, realizada a partir do material genético do vírus SARS-CoV-2, responda à alternativa correta a respeito da conservação desta amostra:

Escolha uma opção:

- A. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado deve ficar armazenado a 4°C para não haver degradação por congelamento e descongelamento.
- B. O material genético isolado do vírus deve ser mantido em ultrafreezer a -80°C, pois temos o RNA isolado, que pode degradar a temperaturas mais altas por ser um vírus RNA de fita simples.
- C. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado apenas é viável se mantido em nitrogênio líquido, a temperaturas ultrabaixas, próximas a -150°C.
- D. Por ser um vírus DNA, o material genético isolado pode ser armazenado a 4°C por várias semanas.
- E. O material genético do vírus deve ser mantido imediatamente em ultrafreezer a -80°C, pois se tem o DNA dupla fita isolado, que é muito instável. ✗ Alternativa incorreta. Apesar do material genético do vírus SARS-CoV-2 ter sua conservação adequada em temperaturas de -80°C, o produto isolado do vírus é RNA.

Fonte:

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): MELO, Murilo Rezende et al. Coleta, transporte e armazenamento de amostras para diagnóstico molecular. Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial, [S.I.], v.46, n. 5, p. 375-381, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/jbpm/a/cZK0y9N3JtDz6v9XtWYCL/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

5. Feedback para item incorreto da questão 12

Questão 12

Incorrecto

Atingiu 0,00 de
1,00Marcar
questão

A respeito da conservação do material genético proveniente das amostras clínicas, é fundamental que toda a equipe envolvida no processamento de amostras tenha conhecimento das alterações que ocorrem após a coleta, a extração e as formas de preservação do material até o uso. A pandemia de COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, mostrou que é preciso uma logística adequada para que as amostras possam ser preservadas adequadamente e que produzam resultados confiáveis. Considerando uma vigilância genômica para a COVID-19, realizada a partir do material genético do vírus SARS-CoV-2, responda à alternativa correta a respeito da conservação desta amostra:

Escolha uma opção:

- A. O material genético do vírus deve ser mantido imediatamente em ultrafreezer a -80°C, pois se tem o DNA dupla fita isolado, que é muito instável.
- B. Por ser um vírus DNA, o material genético isolado pode ser armazenado a 4°C por várias semanas.
- C. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado deve ficar armazenado a 4°C para não haver degradação por congelamento e descongelamento. ✗ Alternativa incorreta. O SARS-CoV-2 é um vírus RNA de fita simples, portanto o material genético isolado deve ser conservado em temperaturas de -80°C.
- D. O material genético isolado do vírus deve ser mantido em ultrafreezer a -80°C, pois temos o RNA isolado, que pode degradar a temperaturas mais altas por ser um vírus RNA de fita simples.
- E. Por ser um vírus RNA, o material genético isolado apenas é viável se mantido em nitrogênio líquido, a temperaturas ultra baixas, próximas a -150°C.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): MELO, Murilo Rezende et al. Coleta, transporte e armazenamento de amostras para diagnóstico molecular. Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial, [S.l.], v.46, n. 5, p. 375-381, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/jbpm/aj/cZkoy9N3JtDz6vj9XtvYCL/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Questão 13**Questão 13**Ainda não
respostaVale 1,00
ponto(s).Marcar
questão

A maioria dos laboratórios clínicos que processam amostras biológicas são classificados como nível de biossegurança 2, NB2. Os níveis são definidos pelo grau de proteção proporcionado ao pessoal do laboratório, ao meio ambiente e à comunidade. Do mesmo modo, os organismos também recebem classificação conforme seu potencial patogênico. Em alguns casos, podem ser requeridos níveis diferentes de biossegurança para o mesmo micro-organismo.

A respeito deste assunto, escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O diagnóstico de amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral somente pode ser realizado no nível máximo de biossegurança, NB-4.
- B. Caso o laboratório disponha de EPCs - equipamentos de proteção coletiva - como as cabines de segurança biológica, não é necessário a utilização dos EPIs - equipamentos de proteção individual.
- C. O sequenciamento do vírus Sars-CoV-2 deve ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 3, uma vez que são geradas inúmeras cópias de fragmentos de DNA do vírus para a montagem do genoma.
- D. Após a inativação térmica das amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2, não é necessário que a continuidade do trabalho aconteça em nível de biossegurança 2.
- E. O diagnóstico de amostras suspeitas (não-propagativo) para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral (trabalho propagativo) somente pode ser realizado em nível de biossegurança 3.

[Limpar minha escolha](#)**1. Feedback para item correto da questão 13**

Questão 13

Correto

Atingiu 1,00 de
1,00 Marcar
questão

A maioria dos laboratórios clínicos que processam amostras biológicas são classificados como nível de biossegurança 2, NB2. Os níveis são definidos pelo grau de proteção proporcionado ao pessoal do laboratório, ao meio ambiente e à comunidade. Do mesmo modo, os organismos também recebem classificação conforme seu potencial patogênico. Em alguns casos, podem ser requeridos níveis diferentes de biossegurança para o mesmo micro-organismo.

A respeito deste assunto, escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O diagnóstico de amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral somente pode ser realizado no nível máximo de biossegurança, NB-4.
- B. Caso o laboratório disponha de EPCs - equipamentos de proteção coletiva - como as cabines de segurança biológica, não é necessário a utilização dos EPIs - equipamentos de proteção individual.
- C. O sequenciamento do vírus Sars-CoV-2 deve ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 3, uma vez que são geradas inúmeras cópias de fragmentos de DNA do vírus para a montagem do genoma.
- D. Após a inativação térmica das amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2, não é necessário que a continuidade do trabalho aconteça em nível de biossegurança 2.
- E. O diagnóstico de amostras suspeitas (não-propagativo) para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral (trabalho propagativo) somente pode ser realizado em nível de biossegurança 3. Parabéns! Alternativa Correta. Embora a classificação de risco seja indicativa para a observância do Nível de Biossegurança e das práticas indicadas para a manipulação do agente infeccioso em questão, a concentração do tal organismo na amostra deve ser considerada, assim como o risco de manipulação de amostras clínicas, cultivos em diversas escalas e sistemas biológicos, ou de animais infectados.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s):

Orientações de biossegurança laboratorial relativa à doença do coronavírus (COVID-19): Orientação provisória 28 de janeiro de 2021. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS); Organização Mundial de Saúde, [S.I.], 2021. Disponível em: https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/54127/OPASWBRAPHECOVID19210023_por.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 13

Questão 13
Incorreto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

A maioria dos laboratórios clínicos que processam amostras biológicas são classificados como nível de biossegurança 2, NB2. Os níveis são definidos pelo grau de proteção proporcionado ao pessoal do laboratório, ao meio ambiente e à comunidade. Do mesmo modo, os organismos também recebem classificação conforme seu potencial patogênico. Em alguns casos, podem ser requeridos níveis diferentes de biossegurança para o mesmo micro-organismo.

A respeito deste assunto, escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Caso o laboratório disponha de EPCs - equipamentos de proteção coletiva - como as cabines de segurança biológica, não é necessário a utilização dos EPIs - equipamentos de proteção individual. **X Alternativa incorreta. EPIs apropriados sempre devem ser utilizados, mesmo com a disponibilidade de EPCs.**
- B. O sequenciamento do vírus Sars-CoV-2 deve ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 3, uma vez que são geradas inúmeras cópias de fragmentos de DNA do vírus para a montagem do genoma.
- C. O diagnóstico de amostras suspeitas (não-propagativo) para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral (trabalho propagativo) somente pode ser realizado em nível de biossegurança 3.
- D. O diagnóstico de amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral somente pode ser realizado no nível máximo de biossegurança, NB-4.
- E. Após a inativação térmica das amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2, não é necessário que a continuidade do trabalho aconteça em nível de biossegurança 2.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

Orientações de biossegurança laboratorial relativa à doença do coronavírus (COVID-19): Orientação provisória 28 de janeiro de 2021. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS): Organização Mundial de Saúde, [S.I.], 2021. Disponível em: https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/54127/OPASWBRAPHECOVID19210023_por.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 13

Questão 13
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A maioria dos laboratórios clínicos que processam amostras biológicas são classificados como nível de biossegurança 2, NB2. Os níveis são definidos pelo grau de proteção proporcionado ao pessoal do laboratório, ao meio ambiente e à comunidade. Do mesmo modo, os organismos também recebem classificação conforme seu potencial patogênico. Em alguns casos, podem ser requeridos níveis diferentes de biossegurança para o mesmo micro-organismo.

A respeito deste assunto, escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O sequenciamento do vírus Sars-CoV-2 deve ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 3, uma vez que são geradas inúmeras cópias de fragmentos de DNA do vírus para a montagem do genoma.
- B. O diagnóstico de amostras suspeitas (não-propagativo) para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral (trabalho propagativo) somente pode ser realizado em nível de biossegurança 3.
- C. O diagnóstico de amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral somente pode ser realizado no nível máximo de biossegurança, NB-4.
- D. Caso o laboratório disponha de EPCs - equipamentos de proteção coletiva - como as cabines de segurança biológica, não é necessário a utilização dos EPIs - equipamentos de proteção individual.
- E. Após a inativação térmica das amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2, não é necessário que a continuidade do trabalho aconteça em nível de biossegurança 2. ✗ Alternativa incorreta. O trabalho laboratorial de diagnóstico não propagativo (por exemplo, sequenciamento, teste de amplificação de ácidos nucleicos) deve ser realizado em um local com medidas de controle adicionais equivalentes ao Nível de Biossegurança 2 (NB-2).

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

Orientações de biossegurança laboratorial relativa à doença do coronavírus (COVID-19): Orientação provisória 28 de janeiro de 2021. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS): Organização Mundial de Saúde, [S.I.], 2021. Disponível em: https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/54127/OPASWBRAPECOVID19210023_por.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 13

Questão 13
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A maioria dos laboratórios clínicos que processam amostras biológicas são classificados como nível de biossegurança 2, NB2. Os níveis são definidos pelo grau de proteção proporcionado ao pessoal do laboratório, ao meio ambiente e à comunidade. Do mesmo modo, os organismos também recebem classificação conforme seu potencial patogênico. Em alguns casos, podem ser requeridos níveis diferentes de biossegurança para o mesmo micro-organismo.

A respeito deste assunto, escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O diagnóstico de amostras suspeitas (não-propagativo) para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral (trabalho propagativo) somente pode ser realizado em nível de biossegurança 3.
- B. Caso o laboratório disponha de EPCs - equipamentos de proteção coletiva - como as cabines de segurança biológica, não é necessário a utilização dos EPIs - equipamentos de proteção individual.
- C. Após a inativação térmica das amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2, não é necessário que a continuidade do trabalho aconteça em nível de biossegurança 2.
- D. O sequenciamento do vírus Sars-CoV-2 deve ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 3, uma vez que são geradas inúmeras cópias de fragmentos de DNA do vírus para a montagem do genoma.
- E. O diagnóstico de amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral somente pode ser realizado no nível máximo de biossegurança, NB-4. ✗ Alternativa incorreta. O trabalho propagativo com culturas virais de Sars-CoV-2 deve ser realizado em um laboratório de contenção NB-3 e não requer o mais alto nível.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

Orientações de biossegurança laboratorial relativa à doença do coronavírus (COVID-19): Orientação provisória 28 de janeiro de 2021. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS): Organização Mundial de Saúde, [S.I.], 2021. Disponível em: https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/54127/OPASWBRAPECOVID19210023_por.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 13

Questão 13

Incorreto

Atingiu 0,00 de
1,00

Marcar
questão

A maioria dos laboratórios clínicos que processam amostras biológicas são classificados como nível de biossegurança 2, NB2. Os níveis são definidos pelo grau de proteção proporcionado ao pessoal do laboratório, ao meio ambiente e à comunidade. Do mesmo modo, os organismos também recebem classificação conforme seu potencial patogênico. Em alguns casos, podem ser requeridos níveis diferentes de biossegurança para o mesmo micro-organismo.

A respeito deste assunto, escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O diagnóstico de amostras suspeitas (não-propagativo) para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral (trabalho propagativo) somente pode ser realizado em nível de biossegurança 3.
- B. Caso o laboratório disponha de EPCs - equipamentos de proteção coletiva - como as cabines de segurança biológica, não é necessário a utilização dos EPIs - equipamentos de proteção individual.
- C. Após a inativação térmica das amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2, não é necessário que a continuidade do trabalho aconteça em nível de biossegurança 2.
- D. O sequenciamento do vírus Sars-CoV-2 deve ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 3, uma vez que são geradas inúmeras cópias de fragmentos de DNA do vírus para a montagem do genoma. x Alternativa incorreta. O trabalho laboratorial de diagnóstico não propagativo (por exemplo, sequenciamento, teste de amplificação de ácidos nucleicos) deve ser realizado em um local com medidas de controle adicionais equivalentes ao Nível de Biossegurança 2 (NB-2).
- E. O diagnóstico de amostras suspeitas para o vírus Sars-CoV-2 pode ser realizado em laboratório de nível de biossegurança 2, mas o cultivo viral somente pode ser realizado no nível máximo de biossegurança, NB-4.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s)/Bibliográfica(s):

Orientações de biossegurança laboratorial relativa à doença do coronavírus (COVID-19): Orientação provisória 28 de janeiro de 2021. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS): Organização Mundial de Saúde, [S.I], 2021. Disponível em: https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/54127/OPASWBRAPECOVID19210023_por.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 14

Questão 14

Ainda não
respondida

Vale 1,00
ponto(s).

Marcar
questão

A extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas consiste na etapa inicial para muitas etapas em biologia molecular, como PCR e Sequenciamento. A respeito dos métodos de extração existentes escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) desnaturação de proteínas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final.
- B. Na extração em fase sólida, macromoléculas e outras impurezas permanecem adsorvidas à coluna de sílica, enquanto o material genético é eluído após a primeira lavagem.
- C. A extração por beads magnéticos é baseada na ligação dos ácidos nucleicos às esferas magnéticas, que, quando fixadas em um campo magnético, viabilizam a realização de lavagens para retirada de macromoléculas e outras impurezas, para posterior eluição do material genético aderido.
- D. A maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração em fase sólida, utilizando colunas de sílica.
- E. A extração por fenol/clorofórmio é um dos métodos de extração mais recentes e resulta na separação do DNA e RNA em fase aquosa.

Limpar minha escolha

1. Feedback para item correto da questão 14

Questão 14
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

A extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas consiste na etapa inicial para muitas etapas em biologia molecular, como PCR e Sequenciamento. A respeito dos métodos de extração existentes escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) desnaturação de proteínas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final.
- B. Na extração em fase sólida, macromoléculas e outras impurezas permanecem adsorvidas à coluna de sílica, enquanto o material genético é eluído após a primeira lavagem.
- C. A extração por beads magnéticos é baseada na ligação dos ácidos nucleicos às esferas magnéticas, que, quando fixadas em um campo magnético, viabilizam a realização de lavagens para retirada de macromoléculas e outras impurezas, para posterior eluição do material genético aderido. Parabéns! Alternativa correta. Os métodos mais recentes para extração de ácidos nucleicos utilizam esferas nanomagnéticas (beads magnéticas) de óxido de silício. As esferas ligam-se eficientemente às moléculas de ácido nucleico liberadas no tampão de lise, sob a ação de sais caotrópicos (clorídato de guanidina, isotiocianato de guanidina, etc.). Com auxílio de um campo magnético, as esferas nanomagnéticas são fixadas no tubo com as moléculas de RNA ou DNA, permitindo que se realizem as lavagens e retirada dos sais e macromoléculas livres produzidas durante a lise. Após as lavagens o ácido nucleico é eluído das esferas e removido purificado.
- D. A maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração em fase sólida, utilizando colunas de sílica.
- E. A extração por fenol/clorofórmio é um dos métodos de extração mais recentes e resulta na separação do DNA e RNA em fase aquosa.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ALI, Nasir et al. Current Nucleic Acid Extraction Methods and Their Implications to Point-of-Care Diagnostics. *Biomed Research International*, [S.l.], v. 2017, p. 14. Hindawi Limited. DOI <http://dx.doi.org/10.1155/2017/9306564>. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/b09b/e3a07b18a99c79463f94df825118acf23685.pdf?ga=2.96232668.1502413411.1672348516-2012366735.1672348516>.

2. Feedback para item incorreto da questão 14

Questão 14
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas consiste na etapa inicial para muitas etapas em biologia molecular, como PCR e Sequenciamento. A respeito dos métodos de extração existentes escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) desnaturação de proteínas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final. Alternativa incorreta. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) lise de membranas lipídicas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final. Ou seja, o primeiro passo consiste em realizar a lise (quebra) da célula para expor o material genético e outras eventuais macromoléculas.
- B. A extração por beads magnéticos é baseada na ligação dos ácidos nucleicos às esferas magnéticas, que, quando fixadas em um campo magnético, viabilizam a realização de lavagens para retirada de macromoléculas e outras impurezas, para posterior eluição do material genético aderido.
- C. Na extração em fase sólida, macromoléculas e outras impurezas permanecem adsorvidas à coluna de sílica, enquanto o material genético é eluído após a primeira lavagem.
- D. A maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração em fase sólida, utilizando colunas de sílica.
- E. A extração por fenol/clorofórmio é um dos métodos de extração mais recentes e resulta na separação do DNA e RNA em fase aquosa.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ALI, Nasir et al. Current Nucleic Acid Extraction Methods and Their Implications to Point-of-Care Diagnostics. *Biomed Research International*, [S.l.], v. 2017, p. 14. Hindawi Limited. DOI <http://dx.doi.org/10.1155/2017/9306564>. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/b09b/e3a07b18a99c79463f94df825118acf23685.pdf?ga=2.96232668.1502413411.1672348516-2012366735.1672348516>.

3. Feedback para item incorreto da questão 14

Questão 14
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

A extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas consiste na etapa inicial para muitas etapas em biologia molecular, como PCR e Sequenciamento. A respeito dos métodos de extração existentes escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração em fase sólida, utilizando colunas de sílica.
- B. Na extração em fase sólida, macromoléculas e outras impurezas permanecem adsorvidas à coluna de sílica, enquanto o material genético é eluído após a primeira lavagem.
- C. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) desnaturação de proteínas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final.
- D. A extração por *beads* magnéticos é baseada na ligação dos ácidos nucleicos às esferas magnéticas, que, quando fixadas em um campo magnético, viabilizam a realização de lavagens para retirada de macromoléculas e outras impurezas, para posterior eluição do material genético aderido.
- E. A extração por fenol/clorofórmio é um dos métodos de extração mais recentes e resulta na separação do DNA e RNA em fase aquosa. X Alternativa incorreta. O método de extração por fenol/clorofórmio foi descrito, inicialmente, em 1956, sendo o principal método de extração utilizado até o surgimento de métodos mais recentes, como extração por colunas de sílica e por *beads* magnéticas. O emprego desta metodologia resulta na separação do DNA e lipídios na fase orgânica, RNA na fase aquosa e proteínas na interface entre as duas fases.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ALI, Nasir et al. Current Nucleic Acid Extraction Methods and Their Implications to Point-of-Care Diagnostics. *Biomed Research International*. [S.l.], v. 2017, p. 14. Hindawi Limited. DOI <http://dx.doi.org/10.1155/2017/9306564>. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/b09b/e3a07b18a99c79463f94df825118acf23685.pdf?ga=2.96232668.1502413411.1672348516-2012366735.1672348516>.

4. Feedback para item incorreto da questão 14

Questão 14
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

A extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas consiste na etapa inicial para muitas etapas em biologia molecular, como PCR e Sequenciamento. A respeito dos métodos de extração existentes escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) desnaturação de proteínas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final.
- B. Na extração em fase sólida, macromoléculas e outras impurezas permanecem adsorvidas à coluna de sílica, enquanto o material genético é eluído após a primeira lavagem. X Alternativa incorreta. A extração em fase sólida consiste na passagem do material lisado em uma coluna de sílica, resultando da adsorção do DNA e RNA, enquanto as macromoléculas e outras impurezas são eluídas em sucessivas etapas de lavagens. Por fim, usa-se um tampão para eluir o material genético aderido à sílica.
- C. A maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração em fase sólida, utilizando colunas de sílica.
- D. A extração por fenol/clorofórmio é um dos métodos de extração mais recentes e resulta na separação do DNA e RNA em fase aquosa.
- E. A extração por *beads* magnéticos é baseada na ligação dos ácidos nucleicos às esferas magnéticas, que, quando fixadas em um campo magnético, viabilizam a realização de lavagens para retirada de macromoléculas e outras impurezas, para posterior eluição do material genético aderido.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ALI, Nasir et al. Current Nucleic Acid Extraction Methods and Their Implications to Point-of-Care Diagnostics. *Biomed Research International*. [S.l.], v. 2017, p. 14. Hindawi Limited. DOI <http://dx.doi.org/10.1155/2017/9306564>. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/b09b/e3a07b18a99c79463f94df825118acf23685.pdf?ga=2.96232668.1502413411.1672348516-2012366735.1672348516>.

5. Feedback para item incorreto da questão 14

Questão 14
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

A extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas consiste na etapa inicial para muitas etapas em biologia molecular, como PCR e Sequenciamento. A respeito dos métodos de extração existentes escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A extração por fenol/clorofórmio é um dos métodos de extração mais recentes e resulta na separação do DNA e RNA em fase aquosa.
- B. A maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração em fase sólida, utilizando colunas de sílica.
✗ Alternativa incorreta. Apesar de existirem métodos automatizados baseados na extração em colunas de sílica, estes equipamentos são mais complexos devido à necessidade de centrifugação ou utilização de sistema a vácuo para promover a passagem do material lisado e dos reagentes pela coluna de sílica. Dessa forma, a maioria dos equipamentos disponíveis no mercado para extração automatizada de ácidos nucleicos é baseada na metodologia de extração por beads magnéticas.
- C. Na extração em fase sólida, macromoléculas e outras impurezas permanecem adsorvidas à coluna de sílica, enquanto o material genético é eluído após a primeira lavagem.
- D. Resumidamente, pode-se descrever o processo de extração de ácidos nucleicos de amostras biológicas nas etapas de: 1) desnaturação de proteínas; 2) separação do ácido nucleico de outras macromoléculas; 3) lavagem e 4) precipitação ou eluição final.
- E. A extração por beads magnéticos é baseada na ligação dos ácidos nucleicos às esferas magnéticas, que, quando fixadas em um campo magnético, viabilizam a realização de lavagens para retirada de macromoléculas e outras impurezas, para posterior eluição do material genético aderido.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): ALI, Nasir et al. Current Nucleic Acid Extraction Methods and Their Implications to Point-of-Care Diagnostics. *Biomed Research International*, [S.l.], v. 2017, p. 14. Hindawi Limited. DOI <http://dx.doi.org/10.1155/2017/9306544>. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/b09b/e3a07b18a99c79463f94df825118acf23685.pdf?ga=2.96232668.1502413411.1672348516-2012366735.1672348516>

Questão 15

Questão 15
Ainda não respondida
Vale 1,00 ponto(s).
Marcar questão

Com o advento da pandemia de COVID-19, houve uma aplicação sem precedentes de ferramentas de biologia molecular que visavam monitorar o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2. Com isso houve também uma maior popularização da utilização de ensaios de inferência molecular para a genotipagem de variantes. A respeito do tema, escolha a alternativa correta:

Escolha uma opção:

- A. Apesar de ser uma metodologia simples e objetiva, os ensaios de inferência apresentam elevado tempo de retorno, não sendo indicados para o monitoramento populacional em tempo real.
- B. Ensaços de inferência consistem em ensaios moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.
- C. Ensaços de inferência molecular são o padrão-ouro para a classificação de linhagens.
- D. A utilização de ensaios de inferência molecular permite a definição da linhagem filogenética de um vírus ao identificar a sequência completa de nucleotídeos presentes no genoma do patógeno, sendo uma ótima alternativa para substituir o sequenciamento de nova geração.
- E. Por ser uma metodologia de alto custo, a utilização dos ensaios de inferência para vigilância genómica é restrita a laboratórios com recursos financeiros elevados e mão de obra altamente especializada.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 15

Questão 15
Correto
Atingiu 100 de 1,00
Marcar questão

Com o advento da pandemia de COVID-19, houve uma aplicação sem precedentes de ferramentas de biologia molecular que visavam monitorar o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2. Com isso houve também uma maior popularização da utilização de ensaios de inferência molecular para a genotipagem de variantes. A respeito do tema, escolha a alternativa correta:

Escolha uma opção:

- A. Apesar de ser uma metodologia simples e objetiva, os ensaios de inferência apresentam elevado tempo de retorno, não sendo indicados para o monitoramento populacional em tempo real.
- B. Ensaio de inferência consistem em ensaios moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.  Parabéns! Alternativa correta. Ensaio de inferência consistem em ensaios moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.
- C. Ensaio de inferência molecular são o padrão-ouro para a classificação de linhagens.
- D. A utilização de ensaios de inferência molecular permite a definição da linhagem filogenética de um vírus ao identificar a sequência completa de nucleotídeos presentes no genoma do patógeno, sendo uma ótima alternativa para substituir o sequenciamento de nova geração.
- E. Por ser uma metodologia de alto custo, a utilização dos ensaios de inferência para vigilância genômica é restrita a laboratórios com recursos financeiros elevados e mão de obra altamente especializada.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. World Health Organization (WHO), Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 15

Questão 15
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Com o advento da pandemia de COVID-19, houve uma aplicação sem precedentes de ferramentas de biologia molecular que visavam monitorar o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2. Com isso houve também uma maior popularização da utilização de ensaios de inferência molecular para a genotipagem de variantes. A respeito do tema, escolha a alternativa correta:

Escolha uma opção:

- A. Ensaio de inferência molecular são o padrão-ouro para a classificação de linhagens.  Alternativa incorreta. O sequenciamento completo do genoma viral é considerado o padrão-ouro para a classificação filogenética de variantes.
- B. Apesar de ser uma metodologia simples e objetiva, os ensaios de inferência apresentam elevado tempo de retorno, não sendo indicados para o monitoramento populacional em tempo real.
- C. Ensaio de inferência consistem em ensaios moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.
- D. Por ser uma metodologia de alto custo, a utilização dos ensaios de inferência para vigilância genômica é restrita a laboratórios com recursos financeiros elevados e mão de obra altamente especializada.
- E. A utilização de ensaios de inferência molecular permite a definição da linhagem filogenética de um vírus ao identificar a sequência completa de nucleotídeos presentes no genoma do patógeno, sendo uma ótima alternativa para substituir o sequenciamento de nova geração.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. World Health Organization (WHO), Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 15

Questão 15
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Com o advento da pandemia de COVID-19, houve uma aplicação sem precedentes de ferramentas de biologia molecular que visavam monitorar o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2. Com isso houve também uma maior popularização da utilização de ensaios de inferência molecular para a genotipagem de variantes. A respeito do tema, escolha a alternativa correta:

Escolha uma opção:

- A. Ensaços de inferência molecular são o padrão-ouro para a classificação de linhagens.
- B. Apesar de ser uma metodologia simples e objetiva, os ensaios de inferência apresentam elevado tempo de retorno, não sendo indicados para o monitoramento populacional em tempo real.
- C. A utilização de ensaios de inferência molecular permite a definição da linhagem filogenética de um vírus ao identificar a sequência completa de nucleotídeos presentes no genoma do patógeno, sendo uma ótima alternativa para substituir o sequenciamento de nova geração. ✗ Alternativa incorreta. Estes ensaios não permitem a identificação da sequência genética completa do vírus, apenas identificam a presença ou ausência de determinadas mutações. Devido a isso, não podem ser utilizadas para substituição do NGS e sim, como uma alternativa complementar.
- D. Por ser uma metodologia de alto custo, a utilização dos ensaios de inferência para vigilância genómica é restrita a laboratórios com recursos financeiros elevados e mão de obra altamente especializada.
- E. Ensaços de inferência consistem em ensaios moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. World Health Organization (WHO), Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 15

Questão 15
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Com o advento da pandemia de COVID-19, houve uma aplicação sem precedentes de ferramentas de biologia molecular que visavam monitorar o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2. Com isso houve também uma maior popularização da utilização de ensaios de inferência molecular para a genotipagem de variantes. A respeito do tema, escolha a alternativa correta:

Escolha uma opção:

- A. Ensaços de inferência consistem em ensaios moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.
- B. Ensaços de inferência molecular são o padrão-ouro para a classificação de linhagens.
- C. Apesar de ser uma metodologia simples e objetiva, os ensaios de inferência apresentam elevado tempo de retorno, não sendo indicados para o monitoramento populacional em tempo real.
- D. Por ser uma metodologia de alto custo, a utilização dos ensaios de inferência para vigilância genómica é restrita a laboratórios com recursos financeiros elevados e mão de obra altamente especializada. ✗ Alternativa incorreta. Estes ensaios apresentam custo bastante inferior ao sequenciamento de nova geração e, por serem técnicas simples e objetivas, não requerem uma mão-de-obra altamente especializada como para o NGS, e viabilizam a implementação em laboratórios mesmo sem grandes recursos financeiros, permitindo a descentralização da vigilância genómica.
- E. A utilização de ensaios de inferência molecular permite a definição da linhagem filogenética de um vírus ao identificar a sequência completa de nucleotídeos presentes no genoma do patógeno, sendo uma ótima alternativa para substituir o sequenciamento de nova geração.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. World Health Organization (WHO), Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 15

Questão 15Incorreto
Atingiu 0,00 de
1,00 Marcar
questão

Com o advento da pandemia de COVID-19, houve uma aplicação sem precedentes de ferramentas de biologia molecular que visavam monitorar o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2. Com isso houve também uma maior popularização da utilização de ensaios de inferência molecular para a genotipagem de variantes. A respeito do tema, escolha a alternativa correta:

Escolha uma opção:

- A. Ensaços de inferência consistem em ensaços moleculares baseados em qPCR para detecção de mutações definidoras de linhagens, e podem ser utilizados como ferramenta complementar ao sequenciamento.
- B. Apesar de ser uma metodologia simples e objetiva, os ensaços de inferência apresentam elevado tempo de retorno, não sendo indicados para o monitoramento populacional em tempo real. Alternativa incorreta. Ensaços de inferência consistem em uma metodologia simples, objetiva e com baixo tempo de retorno, bastante inferior ao NGS. Desta forma, é uma abordagem indicada para o monitoramento populacional em tempo real.
- C. Ensaços de inferência molecular são o padrão-ouro para a classificação de linhagens.
- D. Por ser uma metodologia de alto custo, a utilização dos ensaços de inferência para vigilância genômica é restrita a laboratórios com recursos financeiros elevados e mão de obra altamente especializada.
- E. A utilização de ensaços de inferência molecular permite a definição da linhagem filogenética de um vírus ao identificar a sequência completa de nucleotídeos presentes no genoma do patógeno, sendo uma ótima alternativa para substituir o sequenciamento de nova geração.



Sua resposta está incorreta

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS-CoV-2 Variants. World Health Organization (WHO), Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 16Ainda não
responderidaVale 1,00
ponto(s). Marcar
questão

O método de sequenciamento de Sanger foi desenvolvido por Fred Sanger e seus colaboradores em 1977 e foi uma técnica pioneira responsável por uma revolução genômica na área. A respeito do princípio do sequenciamento por Sanger escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O método de Sanger é baseado na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo, por meio de uma amplificação em ponte, utilizando nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementaridade, permitindo a identificação da sequência de interesse.
- B. O método de Sanger é baseado na utilização de nucleotídeos modificados com fluoróforos – dideoxinucleotídeos marcados (dNTP) – que interrompem a síntese de fragmentos de DNA, resultando na produção de cópias com diferentes tamanhos e permitindo a identificação do último nucleotídeo adicionado em cada fragmento.
- C. O método de Sanger é baseado na utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula.
- D. O método de Sanger oferece a mesma capacidade de processamento de genomas que o NGS, sendo uma metodologia em menor escala e mais cara para poucas amostras.
- E. O método de Sanger é baseado na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protético incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula.

[Limpar minha escolha](#)**1. Feedback para o item correto da questão 16**

Questão 16
Correto
Atingiu 100 de 100

Marcar questão

O método de sequenciamento de Sanger foi desenvolvido por Fred Sanger e seus colaboradores em 1977 e foi uma técnica pioneira responsável por uma revolução genômica na área.
A respeito do princípio do sequenciamento por Sanger escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O método de Sanger é baseado na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo, por meio de uma amplificação em ponte, utilizando nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementaridade, permitindo a identificação da sequência de interesse.
- B. O método de Sanger é baseado na utilização de nucleotídeos modificados com fluoróforos - dideoxinaucleotídeos marcados (dDNTP) - que interrompem a síntese de fragmentos de DNA, resultando na produção de cópias com diferentes tamanhos e permitindo a identificação do último nucleotídeo adicionado em cada fragmento. Parabéns! Alternativa correta. O método de Sanger realiza o sequenciamento pela incorporação de dideoxinaucleotídeos marcados com fluorescência.
- C. O método de Sanger é baseado na utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula.
- D. O método de Sanger oferece a mesma capacidade de processamento de genomas que o NGS, sendo uma metodologia em menor escala e mais cara para poucas amostras.
- E. O método de Sanger é baseado na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protético incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

LU, Hengyun; GIORDANO, Francesca; NING, Zemin. Oxford Nanopore MinION Sequencing and Genome Assembly. *Genomics, proteomics & bioinformatics*, [S.l.], v. 14, n. 5, p. 265-279, 2016. DOI 10.1016/j.gpb.2016.05.004. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27646134/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

HU, Taishan et al. Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human Immunology*, [S.l.], v. 82, n. 11, p. 801-811, 2021. DOI <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2021.02.012>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33745759/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 16

Questão 16
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

O método de sequenciamento de Sanger foi desenvolvido por Fred Sanger e seus colaboradores em 1977 e foi uma técnica pioneira responsável por uma revolução genômica na área.
A respeito do princípio do sequenciamento por Sanger escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O método de Sanger é baseado na utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula. Alternativa incorreta. A plataforma Ion Torrent promove o sequenciamento pela utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula.
- B. O método de Sanger oferece a mesma capacidade de processamento de genomas que o NGS, sendo uma metodologia em menor escala e mais cara para poucas amostras.
- C. O método de Sanger é baseado na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protético incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula.
- D. O método de Sanger é baseado na utilização de nucleotídeos modificados com fluoróforos - dideoxinaucleotídeos marcados (dDNTP) - que interrompem a síntese de fragmentos de DNA, resultando na produção de cópias com diferentes tamanhos e permitindo a identificação do último nucleotídeo adicionado em cada fragmento.
- E. O método de Sanger é baseado na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo, por meio de uma amplificação em ponte, utilizando nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementaridade, permitindo a identificação da sequência de interesse.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

LU, Hengyun; GIORDANO, Francesca; NING, Zemin. Oxford Nanopore MinION Sequencing and Genome Assembly. *Genomics, proteomics & bioinformatics*, [S.l.], v. 14, n. 5, p. 265-279, 2016. DOI 10.1016/j.gpb.2016.05.004. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27646134/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

HU, Taishan et al. Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human Immunology*, [S.l.], v. 82, n. 11, p. 801-811, 2021. DOI <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2021.02.012>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33745759/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 16

Questão 16
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

O método de sequenciamento de Sanger foi desenvolvido por Fred Sanger e seus colaboradores em 1977 e foi uma técnica pioneira responsável por uma revolução genômica na área. A respeito do princípio do sequenciamento por Sanger escolha a alternativa correta.

- Escolha uma opção:
- A. O método de Sanger é baseado na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protéico incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula. **X Alternativa incorreta.** A abordagem de sequenciamento por nanoporo em 2014 pela Oxford Nanopore Technologies é realizada utilizando o equipamento MiniON e se baseia na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protéico incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula.
 - B. O método de Sanger é baseado na utilização de nucleotídeos modificados com fluoróforos – dideoxinucleotídeos marcados (dDNTP) – que interrompem a síntese de fragmentos de DNA, resultando na produção de cópias com diferentes tamanhos e permitindo a identificação do último nucleotídeo adicionado em cada fragmento.
 - C. O método de Sanger oferece a mesma capacidade de processamento de genomas que o NGS, sendo uma metodologia em menor escala e mais cara para poucas amostras.
 - D. O método de Sanger é baseado na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo, por meio de uma amplificação em ponte, utilizando nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementariedade, permitindo a identificação da sequência de interesse.
 - E. O método de Sanger é baseado na utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula.

Sua resposta está incorreta.

Referênci(a)s Bibliográficas(s):

LU, Hengyun; GIORDANO, Francesca; NING, Zemin. Oxford Nanopore MiniON Sequencing and Genome Assembly. *Genomics, proteomics & bioinformatics*, [S.J.], v. 14, n. 5, p. 265-279, 2016. DOI 10.1016/j.gpb.2016.05.004. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27646134/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

HU, Taishan et al. Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human Immunology*, [S.J.], v. 82, n. 11, p. 801-811, 2021. DOI <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2021.02.012>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33745759/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 16

Questão 16
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

O método de sequenciamento de Sanger foi desenvolvido por Fred Sanger e seus colaboradores em 1977 e foi uma técnica pioneira responsável por uma revolução genômica na área. A respeito do princípio do sequenciamento por Sanger escolha a alternativa correta.

- Escolha uma opção:
- A. O método de Sanger é baseado na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo, por meio de uma amplificação em ponte, utilizando nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementariedade, permitindo a identificação da sequência de interesse. **X Alternativa incorreta.** A metodologia de sequenciamento pela plataforma Illumina se baseia na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo com nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementariedade, permitindo a identificação da sequência de interesse.
 - B. O método de Sanger é baseado na utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula.
 - C. O método de Sanger é baseado na utilização de nucleotídeos modificados com fluoróforos – dideoxinucleotídeos marcados (dDNTP) – que interrompem a síntese de fragmentos de DNA, resultando na produção de cópias com diferentes tamanhos e permitindo a identificação do último nucleotídeo adicionado em cada fragmento.
 - D. O método de Sanger oferece a mesma capacidade de processamento de genomas que o NGS, sendo uma metodologia em menor escala e mais cara para poucas amostras.
 - E. O método de Sanger é baseado na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protéico incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula.

Sua resposta está incorreta.

Referênci(a)s Bibliográficas(s):

LU, Hengyun; GIORDANO, Francesca; NING, Zemin. Oxford Nanopore MiniON Sequencing and Genome Assembly. *Genomics, proteomics & bioinformatics*, [S.J.], v. 14, n. 5, p. 265-279, 2016. DOI 10.1016/j.gpb.2016.05.004. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27646134/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

HU, Taishan et al. Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human Immunology*, [S.J.], v. 82, n. 11, p. 801-811, 2021. DOI <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2021.02.012>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33745759/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 16

Questão 16

Incorreto

Atingiu 0,00 de
1,00Marcar
questão

O método de sequenciamento de Sanger foi desenvolvido por Fred Sanger e seus colaboradores em 1977 e foi uma técnica pioneira responsável por uma revolução genômica na área. A respeito do princípio do sequenciamento por Sanger escolha a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. O método de Sanger é baseado na passagem de uma fita simples de DNA por um nanoporo protético incorporado em uma membrana e sob ação de um campo elétrico. Cada nucleotídeo causa uma alteração padrão na corrente iônica, que pode ser utilizada para o sequenciamento da molécula.
- B. O método de Sanger é baseado na utilização de nucleotídeos modificados com fluorofóros - dideoxinaucleotídeos marcados (dNTP) - que interrompem a síntese de fragmentos de DNA, resultando na produção de cópias com diferentes tamanhos e permitindo a identificação do último nucleotídeo adicionado em cada fragmento.
- C. O método de Sanger oferece a mesma capacidade de processamento de genomas que o NGS, sendo uma metodologia em menor escala e mais cara para poucas amostras. X
Alternativa incorreta. O método de Sanger não é adequado para montagem de genomas totais. Dessa forma, o sequenciamento Sanger é utilizado para sequenciamento de pequenos fragmentos.
- D. O método de Sanger é baseado na síntese de uma fita complementar ao DNA alvo, por meio de uma amplificação em ponte, utilizando nucleotídeos que emitem fluorescência após a incorporação por complementaridade, permitindo a identificação da sequência de interesse.
- E. O método de Sanger é baseado na utilização de chips semicondutores capazes de detectar alterações no pH provocadas pela liberação de íons hidrogênio (H^+) durante a polimerização do DNA, determinando a sequência da molécula.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

LU, Hengyun; GIORDANO, Francesca; NING, Zemin. Oxford Nanopore MiniON Sequencing and Genome Assembly. *Genomics, proteomics & bioinformatics*, [S.l.], v. 14, n. 5, p. 265-279, 2016. DOI 10.1016/j.gpb.2016.05.004. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27646134/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

HU, Taishan et al. Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human Immunology*, [S.l.], v. 82, n. 11, p. 801-811, 2021. DOI <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2021.02.012>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33745759/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 17**Questão 17**Ainda não
respondidaVale 1,00
ponto(s).Marcar
questão

O sequenciamento do genoma total de patógenos pelo método de Sanger não é considerada a melhor técnica para a vigilância molecular, sendo o método por NGS mais adequado quando o objetivo é conhecer o genoma total. O método de Sanger tem sido aplicado, por exemplo, para a identificação das principais variantes, seja de preocupação (VOCs) ou de interesse (VOIs), de SARS-CoV-2. A respeito do sequenciamento pelo método de Sanger, pode-se afirmar que

Escolha uma opção:

- A. No método de Sanger é possível sequenciar grandes grupos amostrais simultaneamente em uma mesma reação.
- B. O sequenciamento de Sanger pode ser utilizado para detectar, de forma mais econômica e rápida, múltiplas variantes de um genoma presentes em grandes volumes de amostra.
- C. O método de Sanger contempla as etapas de transcrição reversa do RNA viral em cDNA, amplificação da região de interesse (até 800pb) por PCR convencional, reação de Sanger com dideoxinaucleotídeos marcados (dNTPs) e eletroforese capilar.
- D. O método de Sanger, uma vez que utiliza nucleotídeos marcados, pode ser lido em equipamentos de PCR em tempo real que detectam os fluorofóros específicos da reação de sequenciamento.
- E. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de RNA polimerase.

[Limpar minha escolha](#)**1. Feedback para item correto da questão 17**

Questão 17
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00

Mark question

O sequenciamento do genoma total de patógenos pelo método de Sanger não é considerada a melhor técnica para a vigilância molecular, sendo o método por NGS mais adequado quando o objetivo é conhecer o genoma total. O método de Sanger tem sido aplicado, por exemplo, para a identificação das principais variantes, seja de preocupação (VOCs) ou de interesse (VOIs), de SARS-CoV-2. A respeito do sequenciamento pelo método de Sanger, pode-se afirmar que

Escolha uma opção:

- A. no método de Sanger é possível sequenciar grandes grupos amostrais simultaneamente em uma mesma reação.
- B. O sequenciamento de Sanger pode ser utilizado para detectar, de forma mais econômica e rápida, múltiplas variantes de um genoma presentes em grandes volumes de amostra.
- C. O método de Sanger contempla as etapas de transcrição reversa do RNA viral em cDNA, amplificação da região de interesse (até 800pb) por PCR convencional, reação de Sanger com dideoxinaucleotídeos marcados (dNTPs) e eletroforese capilar.  Parabéns! Alternativa correta. O método de Sanger contempla todas as etapas descritas, sendo realizadas para amostras de forma individual, não sendo possível a junção em "pool" (conjuntos) de amostras como o sequenciamento NGS.
- D. O método de Sanger, uma vez que utiliza nucleotídeos marcados, pode ser lido em equipamentos de PCR em tempo real que detectam os fluoróforos específicos da reação de sequenciamento.
- E. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de RNA polimerase.



Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): CESCHINI, Laís et al. Identificação de VOC e VOI (SARS-CoV-2) por Sanger Sequencing V.2. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://www.protocols.io/view/voc-and-voi-sars-cov-2-identification-by-sanger-se-ewov1nxqkgr2/v2>. Acesso em: 23 dez. 2022.

2. Feedback para item incorreto da questão 17

Questão 17
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00

Mark question

O sequenciamento do genoma total de patógenos pelo método de Sanger não é considerada a melhor técnica para a vigilância molecular, sendo o método por NGS mais adequado quando o objetivo é conhecer o genoma total. O método de Sanger tem sido aplicado, por exemplo, para a identificação das principais variantes, seja de preocupação (VOCs) ou de interesse (VOIs), de SARS-CoV-2. A respeito do sequenciamento pelo método de Sanger, pode-se afirmar que

Escolha uma opção:

- A. no método de Sanger é possível sequenciar grandes grupos amostrais simultaneamente em uma mesma reação.  Alternativa incorreta. No método de Sanger as amostras são separadas individualmente, ou seja, uma amostra equivale a uma sequência ou uma reação no sequenciamento. Apenas no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é possível, a partir do uso de indexes, sequenciar grandes grupos amostrais em uma mesma corrida, uma vez que as amostras são identificadas e reconhecidas individualmente, no final do processo.
- B. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de RNA polimerase.
- C. O método de Sanger contempla as etapas de transcrição reversa do RNA viral em cDNA, amplificação da região de interesse (até 800pb) por PCR convencional, reação de Sanger com dideoxinaucleotídeos marcados (dNTPs) e eletroforese capilar.
- D. O método de Sanger, uma vez que utiliza nucleotídeos marcados, pode ser lido em equipamentos de PCR em tempo real que detectam os fluoróforos específicos da reação de sequenciamento.
- E. O sequenciamento de Sanger pode ser utilizado para detectar, de forma mais econômica e rápida, múltiplas variantes de um genoma presentes em grandes volumes de amostra.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): CESCHINI, Laís et al. Identificação de VOC e VOI (SARS-CoV-2) por Sanger Sequencing V.2. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://www.protocols.io/view/voc-and-voi-sars-cov-2-identification-by-sanger-se-ewov1nxqkgr2/v2>. Acesso em: 23 dez. 2022.

3. Feedback para item incorreto da questão 17

Questão 17
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

O sequenciamento do genoma total de patógenos pelo método de Sanger não é considerada a melhor técnica para a vigilância molecular, sendo o método por NGS mais adequado quando o objetivo é conhecer o genoma total. O método de Sanger tem sido aplicado, por exemplo, para a identificação das principais variantes, seja de preocupação (VOCs) ou de interesse (VOIs), de SARS-CoV-2. A respeito do sequenciamento pelo método de Sanger, pode-se afirmar que

Escolha uma opção:

- A. O sequenciamento de Sanger pode ser utilizado para detectar, de forma mais econômica e rápida, múltiplas variantes de um genoma presentes em grandes volumes de amostra. **X**
Alternativa incorreta. É o Sequenciamento de Nova Geração (NGS) que possibilita, não apenas a identificação do genoma de um elevado número de amostras como a obtenção desses resultados em um menor intervalo de tempo, tornando o processo econômico em relação ao Método de Sanger.
- B. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de RNA polimerase.
- C. no método de Sanger é possível sequenciar grandes grupos amostrais simultaneamente em uma mesma reação.
- D. O método de Sanger contempla as etapas de transcrição reversa do RNA viral em cDNA, amplificação da região de interesse (até 800pb) por PCR convencional, reação de Sanger com dideoxinucleotídeos marcados (dDNTPs) e eletroforese capilar.
- E. O método de Sanger, uma vez que utiliza nucleotídeos marcados, pode ser lido em equipamentos de PCR em tempo real que detectam os fluoróforos específicos da reação de sequenciamento.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): CESCHINI, Lais et al. Identificação de VOC e VOI (SARS-Cov-2) por Sanger Sequencing V.2. [S.l.], 2022. Disponível em: <https://www.protocols.io/view/voc-and-voi-sars-cov-2-identification-by-sanger-se-ewov1nxqkgr2/v2>. Acesso em: 23 dez. 2022.

4. Feedback para item incorreto da questão 17

Questão 17
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

O sequenciamento do genoma total de patógenos pelo método de Sanger não é considerada a melhor técnica para a vigilância molecular, sendo o método por NGS mais adequado quando o objetivo é conhecer o genoma total. O método de Sanger tem sido aplicado, por exemplo, para a identificação das principais variantes, seja de preocupação (VOCs) ou de interesse (VOIs), de SARS-CoV-2. A respeito do sequenciamento pelo método de Sanger, pode-se afirmar que

Escolha uma opção:

- A. O método de Sanger, uma vez que utiliza nucleotídeos marcados, pode ser lido em equipamentos de PCR em tempo real que detectam os fluoróforos específicos da reação de sequenciamento.
- B. O método de Sanger contempla as etapas de transcrição reversa do RNA viral em cDNA, amplificação da região de interesse (até 800pb) por PCR convencional, reação de Sanger com dideoxinucleotídeos marcados (dDNTPs) e eletroforese capilar.
- C. no método de Sanger é possível sequenciar grandes grupos amostrais simultaneamente em uma mesma reação.
- D. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de RNA polimerase. **X** *Alternativa incorreta. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de DNA. As seqüências são transcritas a partir do RNA, por meio do cDNA.*
- E. O sequenciamento de Sanger pode ser utilizado para detectar, de forma mais econômica e rápida, múltiplas variantes de um genoma presentes em grandes volumes de amostra.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): CESCHINI, Lais et al. Identificação de VOC e VOI (SARS-Cov-2) por Sanger Sequencing V.2. [S.l.], 2022. Disponível em: <https://www.protocols.io/view/voc-and-voi-sars-cov-2-identification-by-sanger-se-ewov1nxqkgr2/v2>. Acesso em: 23 dez. 2022.

5. Feedback para item incorreto da questão 17

Questão 17
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00

Marcar
questão

O sequenciamento do genoma total de patógenos pelo método de Sanger não é considerada a melhor técnica para a vigilância molecular, sendo o método por NGS mais adequado quando o objetivo é conhecer o genoma total. O método de Sanger tem sido aplicado, por exemplo, para a identificação das principais variantes, seja de preocupação (VOCs) ou de interesse (VOIs), de SARS-CoV-2. A respeito do sequenciamento pelo método de Sanger, pode-se afirmar que

- Escolha uma opção:
- A. O método de Sanger contempla as etapas de transcrição reversa do RNA viral em cDNA, amplificação da região de interesse (até 800pb) por PCR convencional, reação de Sanger com dideoxínucleotídeos marcados (dDNTPs) e eletroforese capilar.
 - B. O método de Sanger, uma vez que utiliza nucleotídeos marcados, pode ser lido em equipamentos de PCR em tempo real que detectam os fluoróforos específicos da reação de sequenciamento.  Alternativa incorreta: O método de Sanger, apesar de utilizar-se da detecção de fluorescência para análise do resultado, depende de equipamento específico que utiliza polímeros de gel para a corrida dos fragmentos de DNA.
 - C. O método de Sanger envolve a produção de muitas cópias de uma região alvo de RNA polimerase.
 - D. O sequenciamento de Sanger pode ser utilizado para detectar, de forma mais econômica e rápida, múltiplas variantes de um genoma presentes em grandes volumes de amostra.
 - E. no método de Sanger é possível sequenciar grandes grupos amostrais simultaneamente em uma mesma reação.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): CESCHINI, Laís et al. Identificação de VOC e VOI (SARS-CoV-2) por Sanger Sequencing V.2. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://www.protocols.io/view/voc-and-voi-sars-cov-2-identification-by-sanger-se-ewov1nxqkgr2/v2>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Questão 18

Questão 18
Ainda não
respondida
Vale 1,00
ponto(s).
Marcar
questão

Considere que em sua rotina, um analista de bioinformática notou um problema na geração da sequência consenso: o arquivo FASTA gerado estava vazio. Por outro lado, ele verificou que todos os passos e comandos foram executados de maneira correta. Para resolver isso, o analista abriu o arquivo FASTQ bruto gerado pelo sequenciador. Qual o tipo de problema pode ter ocorrido no arquivo FASTQ?

- Escolha uma opção:
- A. O alinhamento das reads dentro do arquivo FASTQ foi feito de maneira errada pelo analista.
 - B. Foi localizado 2 arquivos FASTQ (R1 e R2) para cada amostra. Por estarem duplicados, o algoritmo não conseguiu diferenciar.
 - C. O arquivo FASTQ estava com o cabeçalho iniciando-se com "@", o que impediu a geração do genoma consenso.
 - D. As reads geradas estavam com tamanho inadequado, em torno de 150 a 300 pb.
 - E. As reads estavam com escores de qualidade abaixo do limite estipulado no programa, não passando no filtro de qualidade utilizado pelo software.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 18

Questão 18
Correto
Atingiu 100 de 100
Marcar questão

Considere que em sua rotina, um analista de bioinformática notou um problema na geração da sequência consenso: o arquivo FASTA gerado estava vazio. Por outro lado, ele verificou que todos os passos e comandos foram executados de maneira correta. Para resolver isso, o analista abriu o arquivo FASTQ bruto gerado pelo sequenciador. Qual o tipo de problema pode ter ocorrido no arquivo FASTQ?

Escolha uma opção:

- A. O alinhamento das reads dentro do arquivo FASTQ foi feito de maneira errada pelo analista.
- B. Foi localizado 2 arquivos FASTQ (R1 e R2) para cada amostra. Por estarem duplicados, o algoritmo não conseguiu diferenciar.
- C. O arquivo FASTQ estava com o cabeçalho iniciando-se com "@", o que impedia a geração do genoma consenso.
- D. As reads geradas estavam com tamanho inadequado, em torno de 150 a 300 pb.
- E. As reads estavam com escores de qualidade abaixo do limite estipulado no programa, não passando no filtro de qualidade utilizado pelo software. Parabéns! Alternativa correta. Em um fluxo para montagem de genomas, necessita-se de uma etapa inicial para remoção de bases ambíguas, não gerando assim dados errôneos. Devido à, algum problema anterior a etapa de bioinformática, seja a amostra degradada, a enzima que não foi acondicionada de maneira correta, os primers trocados ou qualquer outro fator, as reads geradas podem apresentar um escore de qualidade para cada base bem abaixo do requisitado pelo software. Caso nenhuma base passe por esse controle, nenhum dado será gerado no final.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? *Varsomics*, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

RESENDE, Paola et al. *Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais*. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Conceitos de Vigilância Epidemiológica aplicada à Virologia*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 18

Questão 18
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Considere que em sua rotina, um analista de bioinformática notou um problema na geração da sequência consenso: o arquivo FASTA gerado estava vazio. Por outro lado, ele verificou que todos os passos e comandos foram executados de maneira correta. Para resolver isso, o analista abriu o arquivo FASTQ bruto gerado pelo sequenciador. Qual o tipo de problema pode ter ocorrido no arquivo FASTQ?

Escolha uma opção:

- A. As reads geradas estavam com tamanho inadequado, em torno de 150 a 300 pb. Alternativa incorreta. Reads são fragmentos que possuem tamanho em torno de 150 a 300 pb, a depender do número de ciclos de sequenciamento. Dessa forma, o tamanho está adequado e não é a causa do problema.
- B. As reads estavam com escores de qualidade abaixo do limite estipulado no programa, não passando no filtro de qualidade utilizado pelo software.
- C. O arquivo FASTQ estava com o cabeçalho iniciando-se com "@", o que impedia a geração do genoma consenso.
- D. Foi localizado 2 arquivos FASTQ (R1 e R2) para cada amostra. Por estarem duplicados, o algoritmo não conseguiu diferenciar.
- E. O alinhamento das reads dentro do arquivo FASTQ foi feito de maneira errada pelo analista.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? *Varsomics*, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

RESENDE, Paola et al. *Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais*. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Conceitos de Vigilância Epidemiológica aplicada à Virologia*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 18

Questão 18
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Considere que em sua rotina, um analista de bioinformática notou um problema na geração da sequência consenso: o arquivo FASTA gerado estava vazio. Por outro lado, ele verificou que todos os passos e comandos foram executados de maneira correta. Para resolver isso, o analista abriu o arquivo FASTQ bruto gerado pelo sequenciador. Qual o tipo de problema pode ter ocorrido no arquivo FASTQ?

Escolha uma opção:

- A. As *reads* estavam com escores de qualidade abaixo do limite estipulado no programa, não passando no filtro de qualidade utilizado pelo software.
- B. O alinhamento das *reads* dentro do arquivo FASTQ foi feito de maneira errada pelo analista.
- C. Foi localizado 2 arquivos FASTQ (R1 e R2) para cada amostra. Por estarem duplicados, o algoritmo não conseguiu diferenciar. **X** Alternativa incorreta. Geralmente em um sequenciamento são gerados 2 FASTQ para cada amostra, pois os fragmentos são sequenciados em 2 sentidos: 5' → 3' e 3' → 5'. Assim, o número de FASTQ não é a causa do problema.
- D. As *reads* geradas estavam com tamanho inadequado, em torno de 150 a 300 pb.
- E. O arquivo FASTQ estava com o cabeçalho iniciando-se com "@" , o que impedia a geração do genoma consenso.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências?. *Varsomics*, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Conceitos de Vigilância Epidemiológica aplicada à Virologia*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 18

Questão 18
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Considere que em sua rotina, um analista de bioinformática notou um problema na geração da sequência consenso: o arquivo FASTA gerado estava vazio. Por outro lado, ele verificou que todos os passos e comandos foram executados de maneira correta. Para resolver isso, o analista abriu o arquivo FASTQ bruto gerado pelo sequenciador. Qual o tipo de problema pode ter ocorrido no arquivo FASTQ?

Escolha uma opção:

- A. Foi localizado 2 arquivos FASTQ (R1 e R2) para cada amostra. Por estarem duplicados, o algoritmo não conseguiu diferenciar.
- B. O alinhamento das *reads* dentro do arquivo FASTQ foi feito de maneira errada pelo analista. **X** Alternativa incorreta. Dentro do arquivo FASTQ não se faz o alinhamento das *reads*. O alinhamento é feito gerando um arquivo SAM ou BAM.
- C. As *reads* geradas estavam com tamanho inadequado, em torno de 150 a 300 pb.
- D. As *reads* estavam com escores de qualidade abaixo do limite estipulado no programa, não passando no filtro de qualidade utilizado pelo software.
- E. O arquivo FASTQ estava com o cabeçalho iniciando-se com "@" , o que impedia a geração do genoma consenso.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências?. *Varsomics*, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Conceitos de Vigilância Epidemiológica aplicada à Virologia*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 18

Questão 18

Incorreto

Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Considere que em sua rotina, um analista de bioinformática notou um problema na geração da sequência consenso: o arquivo FASTA gerado estava vazio. Por outro lado, ele verificou que todos os passos e comandos foram executados de maneira correta. Para resolver isso, o analista abriu o arquivo FASTQ bruto gerado pelo sequenciador. Qual o tipo de problema pode ter ocorrido no arquivo FASTQ?

Escolha uma opção:

- A. Foi localizado 2 arquivos FASTQ (R1 e R2) para cada amostra. Por estarem duplicados, o algoritmo não conseguiu diferenciar.
- B. O alinhamento das reads dentro do arquivo FASTQ foi feito de maneira errada pelo analista.
- C. O arquivo FASTQ estava com o cabeçalho iniciando-se com "@", o que impediu a geração do genoma consenso. Alternativa incorreta. O cabeçalho de um arquivo FASTQ inicia-se com o caractere "@", sendo necessário para a compreensão do início de cada read.
- D. As reads geradas estavam com tamanho inadequado, em torno de 150 a 300 pb.
- E. As reads estavam com escores de qualidade abaixo do limite estipulado no programa, não passando no filtro de qualidade utilizado pelo software.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S. l.], 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? *Varsomics*, [S. l.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genómica Aplicada às Doenças Infeciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genómica. Unidade 1. In: *Conceitos de Vigilância Epidemiológica aplicada à Virologia*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Questão 19

Questão 19

Ainda não respondida

Valo 1,00 ponto(s).

Marcar questão

A imagem representada a seguir contém a sequência em nucleotídeos das reads de um genoma, pequenos fragmentos de material genético gerados a partir do sequenciamento de nova geração (NGS), com um cabeçalho e escores de qualidade para cada base gerada.

Fonte: MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Tullio. *Curso Vigilância Genómica Aplicada às Doenças Infeciosas e Virais. Módulo 1: Aplicações e limitações das metodologias para a Vigilância Genómica (VG)*, Unidade 2. In: *Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genómica (VG)*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Qual o tipo de arquivo (extensão) ilustrado na imagem?

Escolha uma opção:

- A. Arquivo BED
- B. Arquivo SAM
- C. Arquivo FASTA
- D. Arquivo FASTQ
- E. Arquivo PDB

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 19

Escolha uma opção:

- A. Arquivo BED
- B. Arquivo SAM
- C. Arquivo FASTA
- D. Arquivo FASTQ

✓ Parabéns! Alternativa correta. O arquivo com extensão FASTQ é um documento de texto com os dados brutos gerados pelo sequenciador. Nesse tipo de arquivo, possuímos apenas as *reads* ainda não tratadas e nem alinhadas, com a qualidade individual para podermos realizar o tratamento, alinhamento e montagem.

 E. Arquivo PDB

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? **Varsomics**, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 19

Escolha uma opção:

A. Arquivo PDB


✗ Alternativa incorreta. O arquivo PDF é originado do Protein Data Bank e mostra informações referentes aos aminoácidos presentes em uma proteína modelada. O arquivo do enunciado se trata de um FASTQ.

 B. Arquivo FASTA

C. Arquivo FASTQ

D. Arquivo SAM

E. Arquivo BED

Sua resposta está incorreta.



Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Karzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*. [S.l.], 2020. DOI <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências?. *Varsomics*, [S. l.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 19

Escolha uma opção:

A. Arquivo FASTA

 Alternativa incorreta. Um arquivo FASTA representa o consenso do genoma montado a partir das *reads*, com um cabeçalho iniciando com ">", não contendo índices de qualidade. O arquivo do enunciado se trata de um FASTQ.

B. Arquivo FASTQ

C. Arquivo PDB

D. Arquivo SAM

E. Arquivo BED

Sua resposta está incorreta.



Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzi et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? *Varsomics*, [S. I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 19

Escolha uma opção:

A. Arquivo BED

B. Arquivo FASTQ

C. Arquivo FASTA

D. Arquivo SAM


✗ Alternativa incorreta. Um arquivo SAM é gerado a partir do alinhamento das reads, sendo delimitado por tabulações contendo informações para cada leitura individual. O arquivo do enunciado se trata de um FASTQ.



E. Arquivo PDB

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzí et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? *Varsomics*, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 19

Escolha uma opção:

A. Arquivo FASTA

B. Arquivo SAM

C. Arquivo FASTQ

D. Arquivo PDB

E. Arquivo BED


✗ Alternativa incorreta. A especificação *Browser Extensible Data* (BED) trata-se de uma forma de representar regiões genómicas, sendo baseado em linhas, delimitado por tabulações, sendo designado para anotações de informações a respeito dos dados genómicos. O arquivo do enunciado se trata de um FASTQ.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KANZI, Aquillah M Kanzí et al. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Analysis of Family Genetic Inheritance. *Front Genet*, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.544162>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33193618/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

InfoBio Jr. Fasta: como realizar a leitura de sequências? *Varsomics*, [S.I.], 2021. Disponível em: <https://blog.varsomics.com/fasta-como-realizar-a-leitura-de-sequencias/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 20

Questão 20
Ainda não respondeu.
Vale 1,00 ponto(s).
Marcar questão

Você aprendeu que a transcrição reversa acoplada à reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é a tecnologia mais utilizada para o diagnóstico de vírus respiratórios em amostras de swab de nasofaringe. Uma alternativa promissora é o diagnóstico baseado na técnica de transcrição reversa em loop mediado por amplificação isotérmica (RT-LAMP). A respeito da técnica de RT-LAMP, selecione a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Assim como a RT-PCR, o RT-LAMP necessita da utilização de termociclagens, com variação de temperatura em ciclos de PCR.
- B. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, quando comparada com a RT-PCR, porém demora cerca de 2 horas para a geração de dados.
- C. A tecnologia do RT-LAMP não se baseia na utilização da enzima polimerase, utilizando dessa forma isotérmica (temperatura fixa) ao decorrer do processo
- D. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR.
- E. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase consegue esse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 20

Questão 20
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Você aprendeu que a transcrição reversa acoplada à reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é a tecnologia mais utilizada para o diagnóstico de vírus respiratórios em amostras de swab de nasofaringe. Uma alternativa promissora é o diagnóstico baseado na técnica de transcrição reversa em loop mediado por amplificação isotérmica (RT-LAMP). A respeito da técnica de RT-LAMP, selecione a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Assim como a RT-PCR, o RT-LAMP necessita da utilização de termociclagens, com variação de temperatura em ciclos de PCR.
- B. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, quando comparada com a RT-PCR, porém demora cerca de 2 horas para a geração de dados.
- C. A tecnologia do RT-LAMP não se baseia na utilização da enzima polimerase, utilizando dessa forma isotérmica (temperatura fixa) ao decorrer do processo
- D. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR. Parabéns! Alternativa correta. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil e rápida execução, sendo utilizada quando há urgência para a geração do resultado, em casos de pacientes transplantados, por exemplo.
- E. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase consegue esse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KEVADIYA, Bhavesh D et al. Diagnostics for SARS-CoV-2 infections. *Nature Materials*, [S.l.], v. 20, n. 5, p. 593-605, 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41563-020-00906-z>. Acesso em: 23 dez. 2022.

2. Feedback para item incorreto da questão 20

Erros

Resposta incorreta: D. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR.

Resposta correta: D. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR. Parabéns! Alternativa correta. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil e rápida execução, sendo utilizada quando há urgência para a geração do resultado, em casos de pacientes transplantados, por exemplo.

Resposta incorreta: E. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase consegue esse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.

Resposta correta: E. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase consegue esse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.

Questão 20
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Você aprendeu que a transcrição reversa acoplada à reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é a tecnologia mais utilizada para o diagnóstico de vírus respiratórios em amostras de swab de nasofaringe. Uma alternativa promissora é o diagnóstico baseado na técnica de transcrição reversa em loop mediado por amplificação isotérmica (RT-LAMP). A respeito da técnica de RT-LAMP, selecione a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A tecnologia do RT-LAMP não se baseia na utilização da enzima polimerase, utilizando dessa forma isotérmica (temperatura fixa) ao decorrer do processo
- B. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, quando comparada com a RT-PCR, porém demora cerca de 2 horas para a geração de dados.
- C. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase conseguesse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.
- D. Assim como a RT-PCR, o RT-LAMP necessita da utilização de termociclagens, com variação de temperatura em ciclos de PCR. × Alternativa incorreta. A tecnologia do RT-LAMP não necessita da utilização de termociclagens comerciais, gerando um menor tempo para o resultado final.
- E. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KEVADIYA, Bhavesh D et al. Diagnostics for SARS-CoV-2 infections. *Nature Materials*, [S.l.], v. 20, n. 5, p. 593-605, 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41563-020-00906-z>. Acesso em: 23 dez. 2022.

3. Feedback para item incorreto da questão 20

Questão 20
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Você aprendeu que a transcrição reversa acoplada à reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é a tecnologia mais utilizada para o diagnóstico de vírus respiratórios em amostras de swab de nasofaringe. Uma alternativa promissora é o diagnóstico baseado na técnica de transcrição reversa em loop mediado por amplificação isotérmica (RT-LAMP). A respeito da técnica de RT-LAMP, selecione a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR.
- B. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, quando comparada com a RT-PCR, porém demora cerca de 2 horas para a geração de dados. × Alternativa incorreta. De fato, o RT-LAMP é de fácil execução, porém seu tempo é menor do que quando comparado com a RT-PCR, levando cerca de 15 minutos.
- C. A tecnologia do RT-LAMP não se baseia na utilização da enzima polimerase, utilizando dessa forma isotérmica (temperatura fixa) ao decorrer do processo
- D. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase conseguesse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.
- E. Assim como a RT-PCR, o RT-LAMP necessita da utilização de termociclagens, com variação de temperatura em ciclos de PCR.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KEVADIYA, Bhavesh D et al. Diagnostics for SARS-CoV-2 infections. *Nature Materials*, [S.l.], v. 20, n. 5, p. 593-605, 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41563-020-00906-z>. Acesso em: 23 dez. 2022.

4. Feedback para item incorreto da questão 20

Questão 20
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Markar questão

Você aprendeu que a transcrição reversa acoplada à reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é a tecnologia mais utilizada para o diagnóstico de vírus respiratórios em amostras de swab de nasofaringe. Uma alternativa promissora é o diagnóstico baseado na técnica de transcrição reversa em loop mediado por amplificação isotérmica (RT-LAMP). A respeito da técnica de RT-LAMP, selecione a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A tecnologia do RT-LAMP não se baseia na utilização da enzima polimerase, utilizando dessa forma isotérmica (temperatura fixa) ao decorrer do processo. ✗ Alternativa incorreta. A tecnologia do RT-LAMP utiliza a enzima polimerase, capaz de realizar o processo de separação e anelamento das fitas.
- B. Assim como a RT-PCR, o RT-LAMP necessita da utilização de termocicladores, com variação de temperatura em ciclos de PCR.
- C. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, quando comparada com a RT-PCR, porém demora cerca de 2 horas para a geração de dados.
- D. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase consegue esse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas.
- E. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KEVADIYA, Bhavesh D et al. Diagnostics for SARS-CoV-2 infections. *Nature Materials*, [S.l.], v. 20, n. 5, p. 593-605, 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41563-020-00906-z>. Acesso em: 23 dez. 2022.

5. Feedback para item incorreto da questão 20

Questão 20
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Markar questão

Você aprendeu que a transcrição reversa acoplada à reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) é a tecnologia mais utilizada para o diagnóstico de vírus respiratórios em amostras de swab de nasofaringe. Uma alternativa promissora é o diagnóstico baseado na técnica de transcrição reversa em loop mediado por amplificação isotérmica (RT-LAMP). A respeito da técnica de RT-LAMP, selecione a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, necessitando de um período médio de 15 minutos para a obtenção de resultados, apresentando uma redução considerável no tempo de retorno em comparação às outras tecnologias baseadas em PCR.
- B. A tecnologia do RT-LAMP é de fácil execução, quando comparada com a RT-PCR, porém demora cerca de 2 horas para a geração de dados.
- C. A tecnologia do RT-LAMP não se baseia na utilização da enzima polimerase, utilizando dessa forma isotérmica (temperatura fixa) ao decorrer do processo.
- D. Assim como a RT-PCR, o RT-LAMP necessita da utilização de termocicladores, com variação de temperatura em ciclos de PCR.
- E. Em uma PCR convencional, a temperatura é responsável por separar as fitas de cDNA para ocorrer a amplificação. Na RT-LAMP, a própria RNA polimerase consegue esse processo, permitindo que o mesmo possa ocorrer em temperaturas variadas. ✗ Alternativa incorreta. O que torna a alternativa incorreta é que o processo pode ocorrer em temperatura fixa no RT-LAMP.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): KEVADIYA, Bhavesh D et al. Diagnostics for SARS-CoV-2 infections. *Nature Materials*, [S.l.], v. 20, n. 5, p. 593-605, 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41563-020-00906-z>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Questão 21

Questão 21

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

Marcar questão

No intuito de atender às demandas de diagnóstico de forma mais rápida e eficiente, diferentes técnicas alternativas de PCR em tempo real foram desenvolvidas, dentre elas pode-se exemplificar a All-in-one. A respeito da PCR All-in-One, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A técnica de PCR All-in-One é amplamente empregada na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis*, causadora da Tuberculose.
- B. A plataforma All in one envolve extração de ácidos nucleicos, a partir do qual a amostra clínica é inserida em um dos compartimentos do cartucho e, com um auxílio de um êmbolo, ela é transportada a um segundo compartimento, onde fica aderida às beads magnéticas e é extraída por maceração mecânica.
- C. A técnica foi desenvolvida para gerar um resultado em até 5 minutos, a partir de 50 µL de amostra clínica.
- D. Na PCR All-in-One, o material genético não necessita ser extraído. A amostra clínica já passa diretamente para a etapa de amplificação.
- E. Na PCR All-in-One, as amostras de RNA são dissolvidas em uma solução reagente para amplificação direta do material, em tempo real, com detecção por sondas específicas.

[Limpar minha escolha](#)**1. Feedback para item correto da questão 21****Questão 21**

Correto

Atingiu 1,00 de 1,00

Marcar questão

No intuito de atender às demandas de diagnóstico de forma mais rápida e eficiente, diferentes técnicas alternativas de PCR em tempo real foram desenvolvidas, dentre elas pode-se exemplificar a All-in-one. A respeito da PCR All-in-One, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A técnica de PCR All-in-One é amplamente empregada na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis*, causadora da Tuberculose. Parabéns! Alternativa correta. A técnica, antes de ser utilizada para detecção de SARS-CoV-2, já era bastante útil na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis* e de sua resistência à rifampicina.
- B. A plataforma All in one envolve extração de ácidos nucleicos, a partir do qual a amostra clínica é inserida em um dos compartimentos do cartucho e, com um auxílio de um êmbolo, ela é transportada a um segundo compartimento, onde fica aderida às beads magnéticas e é extraída por maceração mecânica.
- C. A técnica foi desenvolvida para gerar um resultado em até 5 minutos, a partir de 50 µL de amostra clínica.
- D. Na PCR All-in-One, o material genético não necessita ser extraído. A amostra clínica já passa diretamente para a etapa de amplificação.
- E. Na PCR All-in-One, as amostras de RNA são dissolvidas em uma solução reagente para amplificação direta do material, em tempo real, com detecção por sondas específicas.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

CEPHEID. Xpert® Xpress SARS-CoV-2, instructions for Use. For Use Under an Emergency Use Authorization (EUA) Only [S.J.], 2021. Disponível em: <https://www.fda.gov/media/136315/download>. Acesso em: 17 set. 2022.

GOLDENBERGER, Daniel *et al.* Brief validation of the novel GeneXpert Xpress SARS-CoV-2 PCR assay. *J Virol Methods*, [S.J.], 2020. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2020.113925>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32659240/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 21

Questão 21
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

No intuito de atender às demandas de diagnóstico de forma mais rápida e eficiente, diferentes técnicas alternativas de PCR em tempo real foram desenvolvidas, dentre elas pode-se exemplificar a All-in-one. A respeito da PCR All-in-One, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. Na PCR All-in-One, o material genético não necessita ser extraído. A amostra clínica já passa diretamente para a etapa de amplificação. **X** Alternativa incorreta. O material precisa ser extraído antes de seguir para as etapas seguintes de conversão a cDNA e amplificação por tempo real.
- B. A técnica foi desenvolvida para gerar um resultado em até 5 minutos, a partir de 50 uL de amostra clínica.
- C. A plataforma All in one envolve extração de ácidos nucleicos, a partir do qual a amostra clínica é inserida em um dos compartimentos do cartucho e, com um auxílio de um êmbolo, ela é transportada a um segundo compartimento, onde fica adherida às beads magnéticas e é extraída por maceração mecânica.
- D. A técnica de PCR All-in-One é amplamente empregada na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis*, causadora da Tuberculose.
- E. Na PCR All-in-One, as amostras de RNA são dissolvidas em uma solução reagente para amplificação direta do material, em tempo real, com detecção por sondas específicas.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

CEPHED. Xpert® Xpress SARS-CoV-2. instructions for Use. For Use Under an Emergency Use Authorization (EUA) Only [S.I.], 2021. Disponível em: <https://www.fda.gov/media/136315/download>. Acesso em: 17 set. 2022.

GOLDENBERGER, Daniel et al. Brief validation of the novel GeneXpert Xpress SARS-CoV-2 PCR assay. *J Virol Methods*, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2020.113925>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32659240/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 21

Questão 21
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

No intuito de atender às demandas de diagnóstico de forma mais rápida e eficiente, diferentes técnicas alternativas de PCR em tempo real foram desenvolvidas, dentre elas pode-se exemplificar a All-in-one. A respeito da PCR All-in-One, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A plataforma All in one envolve extração de ácidos nucleicos, a partir do qual a amostra clínica é inserida em um dos compartimentos do cartucho e, com um auxílio de um êmbolo, ela é transportada a um segundo compartimento, onde fica adherida às beads magnéticas e é extraída por maceração mecânica.
- B. Na PCR All-in-One, o material genético não necessita ser extraído. A amostra clínica já passa diretamente para a etapa de amplificação.
- C. Na PCR All-in-One, as amostras de RNA são dissolvidas em uma solução reagente para amplificação direta do material, em tempo real, com detecção por sondas específicas.
- D. A técnica de PCR All-in-One é amplamente empregada na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis*, causadora da Tuberculose.
- E. A técnica foi desenvolvida para gerar um resultado em até 5 minutos, a partir de 50 uL de amostra clínica. **X** Alternativa incorreta. A técnica de fato foi desenvolvida para gerar um resultado em até 45 minutos. Entretanto, isto seria para um volume de amostra a partir de 300 uL.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

CEPHED. Xpert® Xpress SARS-CoV-2. instructions for Use. For Use Under an Emergency Use Authorization (EUA) Only [S.I.], 2021. Disponível em: <https://www.fda.gov/media/136315/download>. Acesso em: 17 set. 2022.

GOLDENBERGER, Daniel et al. Brief validation of the novel GeneXpert Xpress SARS-CoV-2 PCR assay. *J Virol Methods*, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2020.113925>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32659240/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 21

Questão 21

Incorrecto

Atingiu 0,00 de
1,00F Marcar
questão

No intuito de atender às demandas de diagnóstico de forma mais rápida e eficiente, diferentes técnicas alternativas de PCR em tempo real foram desenvolvidas, dentre elas pode-se exemplificar a All-in-one. A respeito da PCR All-in-One, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A plataforma All in one envolve extração de ácidos nucleicos, a partir do qual a amostra clínica é inserida em um dos compartimentos do cartucho e, com um auxílio de um êmbolo, ela é transportada a um segundo compartimento, onde fica aderida às beads magnéticas e é extraída por maceração mecânica.
- B. A técnica de PCR All-in-One é amplamente empregada na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis*, causadora da Tuberculose.
- C. Na PCR All-in-One, o material genético não necessita ser extraído. A amostra clínica já passa diretamente para a etapa de amplificação.
- D. A técnica foi desenvolvida para gerar um resultado em até 5 minutos, a partir de 50 uL de amostra clínica.
- E. Na PCR All-in-One, as amostras de RNA são dissolvidas em uma solução reagente para amplificação direta do material, em tempo real, com detecção por sondas específicas. ✗ Alternativa incorreta. As amostras de RNA, antes de serem submetidas à solução reagente de amplificação, são primeiramente convertidas a cDNA, pois não é possível realizar PCR com amostras de RNA diretamente.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

CEPHID. **Xpert® Xpress SARS-CoV-2**, instructions for Use. For Use Under an Emergency Use Authorization (EUA) Only [S.I.], 2021. Disponível em: <https://www.fda.gov/media/136315/download>. Acesso em: 17 set. 2022.

GOLDENBERGER, Daniel et al. Brief validation of the novel GeneXpert Xpress SARS-CoV-2 PCR assay. **J Virol Methods**, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2020.113925>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32659240/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 21

Questão 21

Incorrecto

Atingiu 0,00 de
1,00F Marcar
questão

No intuito de atender às demandas de diagnóstico de forma mais rápida e eficiente, diferentes técnicas alternativas de PCR em tempo real foram desenvolvidas, dentre elas pode-se exemplificar a All-in-one. A respeito da PCR All-in-One, marque a alternativa correta.

Escolha uma opção:

- A. A plataforma All in one envolve extração de ácidos nucleicos, a partir do qual a amostra clínica é inserida em um dos compartimentos do cartucho e, com um auxílio de um êmbolo, ela é transportada a um segundo compartimento, onde fica aderida às beads magnéticas e é extraída por maceração mecânica. ✗ Alternativa incorreta. O material é transportado de um compartimento ao outro, onde fica aderido a um filtro e é submetido a um processo de sonicação para ser extraído.
- B. A técnica de PCR All-in-One é amplamente empregada na rápida detecção de *Mycobacterium tuberculosis*, causadora da Tuberculose.
- C. Na PCR All-in-One o material genético não necessita ser extraído. A amostra clínica já passa diretamente para a etapa de amplificação.
- D. Na PCR All-in-One, as amostras de RNA são dissolvidas em uma solução reagente para amplificação direta do material, em tempo real, com detecção por sondas específicas.
- E. A técnica foi desenvolvida para gerar um resultado em até 5 minutos, a partir de 50 uL de amostra clínica.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

CEPHID. **Xpert® Xpress SARS-CoV-2**, instructions for Use. For Use Under an Emergency Use Authorization (EUA) Only [S.I.], 2021. Disponível em: <https://www.fda.gov/media/136315/download>. Acesso em: 17 set. 2022.

GOLDENBERGER, Daniel et al. Brief validation of the novel GeneXpert Xpress SARS-CoV-2 PCR assay. **J Virol Methods**, [S.I.], 2020. DOI <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2020.113925>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32659240/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 22

Questão 22

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

Marcar questão

Um novo laboratório de biologia molecular será montado e você foi convidado a fazer parte da equipe técnica para aprovar o layout do espaço dos protocolos de organização dos fluxos de trabalho. Considerando o seu conhecimento adquirido no curso e que esse laboratório fará ensaios de PCR convencional e em tempo real, eletroforese e sequenciamento, escolha a alternativa correta em relação à organização do laboratório.

Escolha uma opção:

- A. é adequado que o mesmo operador que realiza o preparo do gel de eletroforese, posteriormente execute outro preparo de mix no pré-PCR para garantir a continuidade das etapas.
- B. as salas de pré-PCR e amostras podem estar no mesmo ambiente, separando-se apenas os fluxos em áreas distintas.
- C. os equipamentos de proteção individual devem ser exclusivos para cada operador. É recomendado que o operador utilize um único jaleco descartável em todas as áreas e o despreze ao final da semana.
- D. o laboratório que trabalha com a detecção molecular do mesmo patógeno não necessita de processos de descontaminação rotineiros, pois não haverá reação cruzada.
- E. as bancadas do laboratório de PCR devem ser limpas diariamente com solução de álcool Isopropílico, por ser um método mais seguro e de baixo custo.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 22

Questão 22

Correto
Atingiu 1,00 de 1,00

Marcar questão

Um novo laboratório de biologia molecular será montado e você foi convidado a fazer parte da equipe técnica para aprovar o layout do espaço dos protocolos de organização dos fluxos de trabalho. Considerando o seu conhecimento adquirido no curso e que esse laboratório fará ensaios de PCR convencional e em tempo real, eletroforese e sequenciamento, escolha a alternativa correta em relação à organização do laboratório.

Escolha uma opção:

- A. é adequado que o mesmo operador que realiza o preparo do gel de eletroforese, posteriormente execute outro preparo de mix no pré-PCR para garantir a continuidade das etapas.
- B. as salas de pré-PCR e amostras podem estar no mesmo ambiente, separando-se apenas os fluxos em áreas distintas.  Muito bem! Esta é a afirmativa correta, tendo em vista que não se pode separar as salas em áreas físicas. A sala de preparo de soluções e de extração de ácidos nucleicos pode se constituir em uma única sala, com duas áreas distintas.
- C. os equipamentos de proteção individual devem ser exclusivos para cada operador. É recomendado que o operador utilize um único jaleco descartável em todas as áreas e o despreze ao final da semana.
- D. o laboratório que trabalha com a detecção molecular do mesmo patógeno não necessita de processos de descontaminação rotineiros, pois não haverá reação cruzada.
- E. as bancadas do laboratório de PCR devem ser limpas diariamente com solução de álcool Isopropílico, por ser um método mais seguro e de baixo custo.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): WU, Yingping et.al. DNA decontamination methods for internal quality management in clinical PCR laboratories. *Journal Of Clinical Laboratory Analysis*, [S. l.], v. 32, n. 3, p. 1-8, 2018. DOI <https://doi.org/10.1002/jla.22290>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/jla.22290>. Acesso em: 9 jan. 2023.

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Resolução-RDC nº 50, de 21 de fevereiro de 2002**. Regulamenta as Boas Práticas de Gerenciamento dos Resíduos de Serviços de Saúde e dá outras providências. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2002. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/anvisa/2002/rdc0050_21_02_2002.html. Acesso em: 09 jan. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 22

Questão 22
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

↑ Marcar questão

Um novo laboratório de biologia molecular será montado e você foi convidado a fazer parte da equipe técnica para aprovar o layout do espaço dos protocolos de organização dos fluxos de trabalho. Considerando o seu conhecimento adquirido no curso e que esse laboratório fará ensaios de PCR convencional e em tempo real, eletroforese e sequenciamento, escolha a alternativa correta em relação à organização do laboratório.

Escolha uma opção:

- A. é adequado que o mesmo operador que realiza o preparo do gel de eletroforese, posteriormente execute outro preparo de mix no pré-PCR para garantir a continuidade das etapas. ✗ Alternativa incorreta. Para evitar contaminação, os fluxos são sempre unidirecionais, da área de pré-PCR (preparo de mix) para a área de pós-PCR (que é o caso da eletroforese) e não o contrário.
- B. os equipamentos de proteção individual devem ser exclusivos para cada operador. É recomendado que o operador utilize um único jaleco descartável em todas as áreas e o despreze ao final da semana.
- C. as bancadas do laboratório de PCR devem ser limpas diariamente com solução de álcool isopropílico, por ser um método mais seguro e de baixo custo.
- D. as salas de pré-PCR e amostras podem estar no mesmo ambiente, separando-se apenas os fluxos em áreas distintas.
- E. o laboratório que trabalha com a detecção molecular do mesmo patógeno não necessita de processos de descontaminação rotineiros, pois não haverá reação cruzada.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): WU, Yingping et al. DNA decontamination methods for internal quality management in clinical PCR laboratories. *Journal Of Clinical Laboratory Analysis*, [S. l.], v. 32, n. 3, p. 1-8, 2018. DOI <https://doi.org/10.1002/jcla.22290>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/jcla.22290>. Acesso em: 9 jan. 2023.

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Resolução-RDC nº 50, de 21 de fevereiro de 2002**. Regulamenta as Boas Práticas de Gerenciamento dos Resíduos de Serviços de Saúde e dá outras providências. Brasília/DF: Ministério da Saúde; 2002. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/anvisa/2002/rdc0050_21_02_2002.html. Acesso em: 09 jan. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 22

Questão 22
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

↑ Marcar questão

Um novo laboratório de biologia molecular será montado e você foi convidado a fazer parte da equipe técnica para aprovar o layout do espaço dos protocolos de organização dos fluxos de trabalho. Considerando o seu conhecimento adquirido no curso e que esse laboratório fará ensaios de PCR convencional e em tempo real, eletroforese e sequenciamento, escolha a alternativa correta em relação à organização do laboratório.

Escolha uma opção:

- A. as bancadas do laboratório de PCR devem ser limpas diariamente com solução de álcool isopropílico, por ser um método mais seguro e de baixo custo. ✗ Alternativa incorreta, pois o reagente recomendado para limpeza diária e minimização dos riscos de contaminação por DNA amplificado (amplicon) é o hipoclorito de sódio.
- B. as salas de pré-PCR e amostras podem estar no mesmo ambiente, separando-se apenas os fluxos em áreas distintas.
- C. o laboratório que trabalha com a detecção molecular do mesmo patógeno não necessita de processos de descontaminação rotineiros, pois não haverá reação cruzada.
- D. é adequado que o mesmo operador que realiza o preparo do gel de eletroforese, posteriormente execute outro preparo de mix no pré-PCR para garantir a continuidade das etapas.
- E. os equipamentos de proteção individual devem ser exclusivos para cada operador. É recomendado que o operador utilize um único jaleco descartável em todas as áreas e o despreze ao final da semana.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): WU, Yingping et al. DNA decontamination methods for internal quality management in clinical PCR laboratories. *Journal Of Clinical Laboratory Analysis*, [S. l.], v. 32, n. 3, p. 1-8, 2018. DOI <https://doi.org/10.1002/jcla.22290>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/jcla.22290>. Acesso em: 9 jan. 2023.

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Resolução-RDC nº 50, de 21 de fevereiro de 2002**. Regulamenta as Boas Práticas de Gerenciamento dos Resíduos de Serviços de Saúde e dá outras providências. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2002. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/anvisa/2002/rdc0050_21_02_2002.html. Acesso em: 09 jan. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 22

Questão 22
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Um novo laboratório de biologia molecular será montado e você foi convidado a fazer parte da equipe técnica para aprovar o layout do espaço dos protocolos de organização dos fluxos de trabalho. Considerando o seu conhecimento adquirido no curso e que esse laboratório fará ensaios de PCR convencional e em tempo real, eletroforese e sequenciamento, escolha a alternativa correta em relação à organização do laboratório.

Escolha uma opção:

- A. os equipamentos de proteção individual devem ser exclusivos para cada operador. É recomendado que o operador utilize um único jaleco descartável em todas as áreas e o despreze ao final da semana.
- B. as salas de pré-PCR e amostras podem estar no mesmo ambiente, separando-se apenas os fluxos em áreas distintas.
- C. as bancadas do laboratório de PCR devem ser limpas diariamente com solução de álcool isopropílico, por ser um método mais seguro e de baixo custo.
- D. é adequado que o mesmo operador que realiza o preparo do gel de eletroforese, posteriormente execute outro preparo de mix no pré-PCR para garantir a continuidade das etapas.
- E. o laboratório que trabalha com a detecção molecular do mesmo patógeno não necessita de processos de descontaminação rotineiros, pois não haverá reação cruzada. ✗ Alternativa incorreta. Independente se o laboratório trabalha com o mesmo ensaio ou ensaios diferentes, existe o potencial de contaminação por DNA amplificado.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): WU, Yingping et al. DNA decontamination methods for internal quality management in clinical PCR laboratories. *Journal Of Clinical Laboratory Analysis*, [S. l.], v. 32, n. 3, p. 1-8, 2018. DOI <https://doi.org/10.1002/jcla.22290>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/jcla.22290>. Acesso em: 9 jan. 2023.

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Resolução-RDC nº 50, de 21 de fevereiro de 2002**. Regulamenta as Boas Práticas de Gerenciamento dos Resíduos de Serviços de Saúde e dá outras providências. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2002. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/anvisa/2002/rdc0050_21_02_2002.html. Acesso em: 09 jan. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 22

Questão 22
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Um novo laboratório de biologia molecular será montado e você foi convidado a fazer parte da equipe técnica para aprovar o layout do espaço dos protocolos de organização dos fluxos de trabalho. Considerando o seu conhecimento adquirido no curso e que esse laboratório fará ensaios de PCR convencional e em tempo real, eletroforese e sequenciamento, escolha a alternativa correta em relação à organização do laboratório.

Escolha uma opção:

- A. as bancadas do laboratório de PCR devem ser limpas diariamente com solução de álcool isopropílico, por ser um método mais seguro e de baixo custo.
- B. o laboratório que trabalha com a detecção molecular do mesmo patógeno não necessita de processos de descontaminação rotineiros, pois não haverá reação cruzada.
- C. as salas de pré-PCR e amostras podem estar no mesmo ambiente, separando-se apenas os fluxos em áreas distintas.
- D. os equipamentos de proteção individual devem ser exclusivos para cada operador. É recomendado que o operador utilize um único jaleco descartável em todas as áreas e o despreze ao final da semana. ✗ Alternativa incorreta. Para evitar contaminação, os EPIs devem ser exclusivos para cada sala.
- E. é adequado que o mesmo operador que realiza o preparo do gel de eletroforese, posteriormente execute outro preparo de mix no pré-PCR para garantir a continuidade das etapas.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): WU, Yingping et al. DNA decontamination methods for internal quality management in clinical PCR laboratories. *Journal Of Clinical Laboratory Analysis*, [S. l.], v. 32, n. 3, p. 1-8, 2018. DOI <https://doi.org/10.1002/jcla.22290>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/jcla.22290>. Acesso em: 9 jan. 2023.

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Resolução-RDC nº 50, de 21 de fevereiro de 2002**. Regulamenta as Boas Práticas de Gerenciamento dos Resíduos de Serviços de Saúde e dá outras providências. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2002. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/anvisa/2002/rdc0050_21_02_2002.html. Acesso em: 09 jan. 2023.

Questão 23

Questão 23
Ainda não respondida
Vale 1,00 ponto(s).
Marcar questão

Durante a pandemia de SARS-CoV-2, diversas medidas foram implementadas pelos órgãos sanitários para o controle da disseminação do vírus e para prevenir a disseminação de novas variantes. Uma importante medida foi a implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs) em aeroportos e rodoviárias dos principais pontos de saída e entrada das capitais. Neste contexto, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. o objetivo da implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs), é realizar testes rápidos em 100% dos viajantes no momento que chegam ao seu local de destino.
- B. a coleta de uma nova amostra é solicitada aos indivíduos com o resultado não-detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de diagnóstico da região confirmarem o resultado por RT-qPCR.
- C. a coleta de uma nova amostra é solicitada às pessoas com o resultado detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de vigilância genômica da região para entrar em fluxo prioritário para sequenciamento genômico.
- D. após o resultado detectável para SARS-CoV-2, a pessoa é obrigada a retornar para sua cidade de origem para realizar o isolamento social.
- E. os resultados dos testes rápidos coletados nos Centros de Testagem ao Viajante - CTVs (SARS-CoV-2 detectável ou não detectável) não retornam ao paciente, servindo exclusivamente para os órgãos de saúde monitorarem o índice de casos e a circulação de variantes na população.

[Ligar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 23

Questão 23
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Durante a pandemia de SARS-CoV-2, diversas medidas foram implementadas pelos órgãos sanitários para o controle da disseminação do vírus e para prevenir a disseminação de novas variantes. Uma importante medida foi a implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs) em aeroportos e rodoviárias dos principais pontos de saída e entrada das capitais. Neste contexto, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. o objetivo da implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs), é realizar testes rápidos em 100% dos viajantes no momento que chegam ao seu local de destino.
- B. a coleta de uma nova amostra é solicitada aos indivíduos com o resultado não-detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de diagnóstico da região confirmarem o resultado por RT-qPCR.
- C. a coleta de uma nova amostra é solicitada às pessoas com o resultado detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de vigilância genômica da região para entrar em fluxo prioritário para sequenciamento genômico. ✓
Parabéns! Afirmativa correta. Uma nova amostra é solicitada do indivíduo com resultado detectável no teste rápido para viabilizar que o genoma viral seja sequenciado de forma prioritária, dada a possibilidade da introdução de uma nova variante.
- D. após o resultado detectável para SARS-CoV-2, a pessoa é obrigada a retornar para sua cidade de origem para realizar o isolamento social.
- E. os resultados dos testes rápidos coletados nos Centros de Testagem ao Viajante - CTVs (SARS-CoV-2 detectável ou não detectável) não retornam ao paciente, servindo exclusivamente para os órgãos de saúde monitorarem o índice de casos e a circulação de variantes na população.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s): GOVERNO DO ESTADO DO CEARÁ. Secretaria de Saúde (SESA). **Centro de Testagem para Viajantes:** Sesa reforça combate à Covid-19 no Aeroporto de Fortaleza. 2021. Disponível em: <https://www.saude.ce.gov.br/2021/07/09/centro-de-testagem-para-viajantes-sesa-reforca-combate-a-covid-19-no-aeroporto-de-fortaleza/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 23

Questão 23

Incorreto

Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Durante a pandemia de SARS-CoV-2, diversas medidas foram implementadas pelos órgãos sanitários para o controle da disseminação do vírus e para prevenir a disseminação de novas variantes. Uma importante medida foi a implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs) em aeroportos e rodoviárias dos principais pontos de saída e entrada das capitais. Neste contexto, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. a coleta de uma nova amostra é solicitada às pessoas com o resultado detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de vigilância genômica da região para entrar em fluxo prioritário para sequenciamento genômico.
- B. o objetivo da implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs), é realizar testes rápidos em 100% dos viajantes no momento que chegam ao seu local de destino. × Alternativa incorreta. A taxa de testagem projetada é de até 10% do total de passageiros que desembarcam em determinada região.
- C. após o resultado detectável para SARS-CoV-2, a pessoa é obrigada a retornar para sua cidade de origem para realizar o isolamento social.
- D. a coleta de uma nova amostra é solicitada aos indivíduos com o resultado não-detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de diagnóstico da região confirmarem o resultado por RT-qPCR.
- E. os resultados dos testes rápidos coletados nos Centros de Testagem ao Viajante - CTVs (SARS-CoV-2 detectável ou não detectável) não retornam ao paciente, servindo exclusivamente para os órgãos de saúde monitorarem o índice de casos e a circulação de variantes na população.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): GOVERNO DO ESTADO DO CEARÁ. Secretaria de Saúde (SESA). Centro de Testagem para Viajantes: Sesa reforça combate à Covid-19 no Aeroporto de Fortaleza. 2021. Disponível em: <https://www.saude.ce.gov.br/2021/07/09/centro-de-testagem-para-viajantes-sesa-reforca-combate-a-covid-19-no-aeroporto-de-fortaleza/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 23

Questão 23

Incorreto

Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Durante a pandemia de SARS-CoV-2, diversas medidas foram implementadas pelos órgãos sanitários para o controle da disseminação do vírus e para prevenir a disseminação de novas variantes. Uma importante medida foi a implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs) em aeroportos e rodoviárias dos principais pontos de saída e entrada das capitais. Neste contexto, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. após o resultado detectável para SARS-CoV-2, a pessoa é obrigada a retornar para sua cidade de origem para realizar o isolamento social. × Alternativa incorreta. É orientada à pessoa que ela realize o isolamento social na cidade de coleta da amostra, evitando assim, a possível contaminação de novas pessoas durante uma viagem.
Fonte:
- B. a coleta de uma nova amostra é solicitada aos indivíduos com o resultado não-detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de diagnóstico da região confirmarem o resultado por RT-qPCR.
- C. o objetivo da implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs), é realizar testes rápidos em 100% dos viajantes no momento que chegam ao seu local de destino.
- D. a coleta de uma nova amostra é solicitada às pessoas com o resultado detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de vigilância genômica da região para entrar em fluxo prioritário para sequenciamento genômico.
- E. os resultados dos testes rápidos coletados nos Centros de Testagem ao Viajante - CTVs (SARS-CoV-2 detectável ou não detectável) não retornam ao paciente, servindo exclusivamente para os órgãos de saúde monitorarem o índice de casos e a circulação de variantes na população.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): GOVERNO DO ESTADO DO CEARÁ. Secretaria de Saúde (SESA). Centro de Testagem para Viajantes: Sesa reforça combate à Covid-19 no Aeroporto de Fortaleza. 2021. Disponível em: <https://www.saude.ce.gov.br/2021/07/09/centro-de-testagem-para-viajantes-sesa-reforca-combate-a-covid-19-no-aeroporto-de-fortaleza/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 23

Questão 23
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Durante a pandemia de SARS-CoV-2, diversas medidas foram implementadas pelos órgãos sanitários para o controle da disseminação do vírus e para prevenir a disseminação de novas variantes. Uma importante medida foi a implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs) em aeroportos e rodoviárias dos principais pontos de saída e entrada das capitais. Neste contexto, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. a coleta de uma nova amostra é solicitada às pessoas com o resultado detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de vigilância genômica da região para entrar em fluxo prioritário para sequenciamento genômico.
- B. após o resultado detectável para SARS-CoV-2, a pessoa é obrigada a retornar para sua cidade de origem para realizar o isolamento social.
- C. o objetivo da implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs), é realizar testes rápidos em 100% dos viajantes no momento que chegam ao seu local de destino.
- D. os resultados dos testes rápidos coletados nos Centros de Testagem ao Viajante - CTVs (SARS-CoV-2 detectável ou não detectável) não retornam ao paciente, servindo exclusivamente para os órgãos de saúde monitorarem o índice de casos e a circulação de variantes na população.
- E. a coleta de uma nova amostra é solicitada aos indivíduos com o resultado não-detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de diagnóstico da região confirmarem o resultado por RT-qPCR. ✗ Alternativa incorreta. Somente indivíduos com resultado detectável para SARS-CoV-2 possuem uma nova amostra coletada, para confirmação do diagnóstico por RT-qPCR e para fins de vigilância genômica.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): GOVERNO DO ESTADO DO CEARÁ. Secretaria de Saúde (SESA). Centro de Testagem para Viajantes: Sesau reforça combate à Covid-19 no Aeroporto de Fortaleza. 2021. Disponível em: <https://www.saude.ce.gov.br/2021/07/09/centro-de-testagem-para-viajantes-sesa-reforca-combate-a-covid-19-no-aeroporto-de-fortaleza/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 23

Questão 23
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Durante a pandemia de SARS-CoV-2, diversas medidas foram implementadas pelos órgãos sanitários para o controle da disseminação do vírus e para prevenir a disseminação de novas variantes. Uma importante medida foi a implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs) em aeroportos e rodoviárias dos principais pontos de saída e entrada das capitais. Neste contexto, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. o objetivo da implementação dos Centros de Testagem ao Viajante (CTVs), é realizar testes rápidos em 100% dos viajantes no momento que chegam ao seu local de destino.
- B. a coleta de uma nova amostra é solicitada às pessoas com o resultado detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de vigilância genômica da região para entrar em fluxo prioritário para sequenciamento genômico.
- C. após o resultado detectável para SARS-CoV-2, a pessoa é obrigada a retornar para sua cidade de origem para realizar o isolamento social.
- D. a coleta de uma nova amostra é solicitada aos indivíduos com o resultado não-detectável para SARS-CoV-2, para que esta possa ser enviada aos laboratórios de diagnóstico da região confirmarem o resultado por RT-qPCR.
- E. os resultados dos testes rápidos coletados nos Centros de Testagem ao Viajante - CTVs (SARS-CoV-2 detectável ou não detectável) não retornam ao paciente, servindo exclusivamente para os órgãos de saúde monitorarem o índice de casos e a circulação de variantes na população. ✗ Alternativa incorreta. O laudo do teste rápido é disponibilizado ao paciente no momento da realização do exame, servindo não somente para que os órgãos de saúde monitorem a introdução/circulação de novas variantes, mas também para que o paciente tenha consciência a respeito da necessidade de realizar o isolamento social.

Fonte:

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): GOVERNO DO ESTADO DO CEARÁ. Secretaria de Saúde (SESA). Centro de Testagem para Viajantes: Sesau reforça combate à Covid-19 no Aeroporto de Fortaleza. 2021. Disponível em: <https://www.saude.ce.gov.br/2021/07/09/centro-de-testagem-para-viajantes-sesa-reforca-combate-a-covid-19-no-aeroporto-de-fortaleza/>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 24

Questão 24

Ainda não

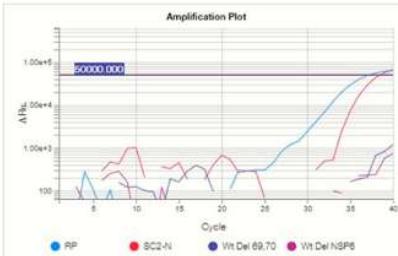
resposta

Vale 1,00

ponto(s).

 Marcar

questão

Observe o gráfico atentamente.

Well#	Omit#	Sample#	Target#	Cq#
Q24		NTC	SC2-N	38.46
Q24		NTC	WT Del NSP6	Undetermined
Q24		NTC	WT Del 69.70	Undetermined
Q24		NTC	RP	37.17

Fonte: MIYAIMA, Hélio; MOTTA, Hermann; CAMPÔS, Julio. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Vírus. Módulo 2: Fluxo laboratorial e requisitos de controle de qualidade. (Módulo 2, m: Metodologias e Fluxo laboratorial da Vigilância Genômica (VG). RioClaro/UFU/UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Ele se refere ao resultado do controle negativo (NTC, do inglês no template control) de uma PCR em tempo real de um kit para detecção do vírus SARS-CoV-2. O kit molecular utilizado visa à amplificação de alvo no gene N, além de possibilitar a triagem de algumas VOCs por meio da presença ou ausência de algumas deleções nos genes ORF1a e spike. Como controle interno da reação, o ensaio detecta uma região do gene constitutivo humano, RNaseP (RP), também chamado de controle endógeno. Para análise dos resultados, os parâmetros de aceitação para detecção dos alvos descritos neste kit são $Ct \leq 40$ para os alvos WT del.69_70, WT del. NSP6 e SC2-N e, $Ct \leq 38$ para o alvo RP.

Baseado nos critérios de validação da corrida, em relação ao resultado apresentado neste gráfico, é correto afirmar que:

Escolha uma opção:

A. A rotina foi considerada válida porque os Cts de amplificação dos genes SC2-N e RP foram abaixo de 40.

B. A rotina foi considerada válida porque o gene RP foi amplificado, garantindo a qualidade da extração.

C. A rotina foi considerada válida, pois somente metades dos alvos amplificaram.

D. A rotina foi considerada inválida porque todos os genes deveriam ter sido amplificados.

E. A rotina foi considerada inválida pela amplificação do gene SC2-N.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

1. Feedback para item correto da questão 24

Escolha uma opção:

A. A rotina foi considerada inválida porque todos os genes deveriam ter sido amplificados.

B. A rotina foi considerada válida, pois somente metades dos alvos amplificaram.

C. A rotina foi considerada inválida pela amplificação do gene SC2-N.

 Parabéns! Alternativa correta. A amplificação do gene SC2-N no controle negativo indica contaminação, uma vez que este gene se apresenta detectável apenas em amostras com a presença do vírus SARS-CoV-2.

D. A rotina foi considerada válida porque os Ct's de amplificação dos genes SC2-N e RP foram abaixo de 40.

E. A rotina foi considerada válida porque o gene RP foi amplificado, garantindo a qualidade da extração.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. World Health Organization (WHO), Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 24

Escolha uma opção:

- A. A rotina foi considerada inválida porque todos os genes deveriam ter sido amplificados.

 Alternativa incorreta. Como essa amostra era o controle negativo, não deveria haver amplificação de nenhum alvo.

-  B. A rotina foi considerada válida, pois somente metades dos alvos amplificaram.

- C. A rotina foi considerada válida porque o gene RP foi amplificado, garantindo a qualidade da extração.

- D. A rotina foi considerada inválida pela amplificação do gene SC2-N.

- E. A rotina foi considerada válida porque os Cts de amplificação dos genes SC2-N e RP foram abaixo de 40.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 24

Escolha uma opção:

- A. A rotina foi considerada válida, pois somente metades dos alvos amplificaram.
- B. A rotina foi considerada válida porque o gene RP foi amplificado, garantindo a qualidade da extração.
- C. A rotina foi considerada inválida pela amplificação do gene SC2-N.
- D. A rotina foi considerada válida porque os Cts de amplificação dos genes SC2-N e RP foram abaixo de 40.



 Alternativa incorreta. Como essa amostra era o controle negativo, não deveria haver amplificação de nenhum alvo.

- E. A rotina foi considerada inválida porque todos os genes deveriam ter sido amplificados.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: [https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20-%20EN.pdf](https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf). Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 24

Escolha uma opção:

- A. A rotina foi considerada inválida pela amplificação do gene SC2-N.
- B. A rotina foi considerada válida porque o gene RP foi amplificado, garantindo a qualidade da extração.
- C. A rotina foi considerada válida, pois somente metades dos alvos amplificaram.

 ✗ Alternativa incorreta. Como essa amostra era o controle negativo, não deveria haver amplificação de nenhum alvo.

- D. A rotina foi considerada inválida porque todos os genes deveriam ter sido amplificados.
- E. A rotina foi considerada válida porque os Cts de amplificação dos genes SC2-N e RP foram abaixo de 40.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 24

Escolha uma opção:

- A. A rotina foi considerada válida porque o gene RP foi amplificado, garantindo a qualidade da extração.



✗ Alternativa incorreta. Como essa amostra era o controle negativo, não deveria haver amplificação de nenhum alvo.

- B. A rotina foi considerada inválida pela amplificação do gene SC2-N.
- C. A rotina foi considerada válida, pois somente metades dos alvos amplificaram.
- D. A rotina foi considerada inválida porque todos os genes deveriam ter sido amplificados.
- E. A rotina foi considerada válida porque os Cts de amplificação dos genes SC2-N e RP foram abaixo de 40.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf> Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 25

Questão 25

Ainda não
respondida
Vale 1,00
ponto(s).

Marcar
questão

Amostras suspeitas de Covid-19 são diariamente encaminhadas para centros de análise a fim de determinar sua provável positividade, carga viral e direcionamento para estudos que possam corroborar para a vigilância de SARS-CoV-2. No contexto epidemiológico da pandemia, um elevado número de amostras são detectáveis para a Covid-19. Para a realização da vigilância genômica dessas amostras, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. apesar de corroborar com o monitoramento genômico de SARS-CoV-2, permitindo uma maior investigação, uma vez que não possui delimitação de CTs para o alvo viral, os ensaios de inferência muitas vezes deixam de ser empregados na triagem laboratorial devido a frequente incompatibilidade das variantes identificadas em relação aos resultados obtidos por NGS.
- B. A seleção amostral é realizada por meio de sequenciamento Sanger, para confirmar regiões genômicas do vírus e mutações sinapomórficas e, posteriormente, as amostras que passam na seleção amostral são encaminhadas para sequenciamento NGS.
- C. a seleção amostral se dá a partir de ensaios de inferência que conseguem determinar os CTs das amostras e predizer possíveis variantes e até casos de co-infeção.
- D. apenas por NGS é possível inferir quais são as variantes circulantes, garantindo o monitoramento/vigilância dos genomas.
- E. todas as amostras positivas para a Covid-19 são encaminhadas para o sequenciamento genômico, uma vez que o contexto epidemiológico é definido a partir do atual cenário.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 25

Questão 25

Correto
Atingiu 1,00 de
1,00

Marcar
questão

Amostras suspeitas de Covid-19 são diariamente encaminhadas para centros de análise a fim de determinar sua provável positividade, carga viral e direcionamento para estudos que possam corroborar para a vigilância de SARS-CoV-2. No contexto epidemiológico da pandemia, um elevado número de amostras são detectáveis para a Covid-19. Para a realização da vigilância genômica dessas amostras, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. apesar de corroborar com o monitoramento genômico de SARS-CoV-2, permitindo uma maior investigação, uma vez que não possui delimitação de CTs para o alvo viral, os ensaios de inferência muitas vezes deixam de ser empregados na triagem laboratorial devido a frequente incompatibilidade das variantes identificadas em relação aos resultados obtidos por NGS.
- B. A seleção amostral é realizada por meio de sequenciamento Sanger, para confirmar regiões genômicas do vírus e mutações sinapomórficas e, posteriormente, as amostras que passam na seleção amostral são encaminhadas para sequenciamento NGS.
- C. a seleção amostral se dá a partir de ensaios de inferência que conseguem determinar os CTs das amostras e predizer possíveis variantes e até casos de co-infeção. ✓ Muito bem! A alternativa está correta. Todas as amostras encaminhadas para o sequenciamento de NGS passam previamente por ensaios de inferência molecular que apresentam uma prévia a respeito do desempenho de amplificação dos alvos virais, por meio do coeficiente limiar amostral, além de inferir possíveis variantes, possíveis co-infeções ou casos que anseiam investigação rigorosa.
- D. apenas por NGS é possível inferir quais são as variantes circulantes, garantindo o monitoramento/vigilância dos genomas.
- E. todas as amostras positivas para a Covid-19 são encaminhadas para o sequenciamento genômico, uma vez que o contexto epidemiológico é definido a partir do atual cenário.

Sua resposta está correta.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 52 p. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 25

Questão 25
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

Amostras suspeitas de Covid-19 são diariamente encaminhadas para centros de análise a fim de determinar sua provável positividade, carga viral e direcionamento para estudos que possam corroborar para a vigilância de SARS-CoV-2. No contexto epidemiológico da pandemia, um elevado número de amostras são detectáveis para a Covid-19. Para a realização da vigilância genômica dessas amostras, pode-se afirmar corretamente que:

- Escolha uma opção:
- A. todas as amostras positivas para a Covid-19 são encaminhadas para o sequenciamento genômico, uma vez que o contexto epidemiológico é definido a partir do atual cenário. ×
Alternativa incorreta. Apesar da necessidade da vigilância do genoma de SARS-CoV-2, nem todas as amostras positivas apresentam controle de qualidade aceitável para o sequenciamento genômico. Amostras com valores de CTs superiores a 27, tendem a produzir sequências de menor cobertura genômica e maior probabilidade de falhas, não viabilizando a obtenção de resultados seguros.
 - B. a seleção amostral se dá a partir de ensaios de inferência que conseguem determinar os CTs das amostras e predizer possíveis variantes e até casos de co-infeção.
 - C. apesar de corroborar com o monitoramento genômico de SARS-CoV-2, permitindo uma maior investigação, uma vez que não possui delimitação de CTs para o alvo viral, os ensaios de inferência muitas vezes deixam de ser empregados na triagem laboratorial devido a frequente incompatibilidade das variantes identificadas em relação aos resultados obtidos por NGS.
 - D. A seleção amostral é realizada por meio de sequenciamento Sanger, para confirmar regiões genômicas do vírus e mutações sinapomórficas e, posteriormente, as amostras que passam na seleção amostral são encaminhadas para sequenciamento NGS.
 - E. apenas por NGS é possível inferir quais são as variantes circulantes, garantindo o monitoramento/vigilância dos genomas.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 52 p. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 25

Questão 25
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

Amostras suspeitas de Covid-19 são diariamente encaminhadas para centros de análise a fim de determinar sua provável positividade, carga viral e direcionamento para estudos que possam corroborar para a vigilância de SARS-CoV-2. No contexto epidemiológico da pandemia, um elevado número de amostras são detectáveis para a Covid-19. Para a realização da vigilância genômica dessas amostras, pode-se afirmar corretamente que:

- Escolha uma opção:
- A. apesar de corroborar com o monitoramento genômico de SARS-CoV-2, permitindo uma maior investigação, uma vez que não possui delimitação de CTs para o alvo viral, os ensaios de inferência muitas vezes deixam de ser empregados na triagem laboratorial devido a frequente incompatibilidade das variantes identificadas em relação aos resultados obtidos por NGS.
 - B. apenas por NGS é possível inferir quais são as variantes circulantes, garantindo o monitoramento/vigilância dos genomas. × Alternativa incorreta. Os ensaios de inferência, que antecedem o sequenciamento por NGS, apresentam uma prévia em relação a prováveis variantes circulantes no cenário investigado, sendo confirmados a partir do direcionamento e análise das amostras investigadas por NGS.
 - C. todas as amostras positivas para a Covid-19 são encaminhadas para o sequenciamento genômico, uma vez que o contexto epidemiológico é definido a partir do atual cenário.
 - D. A seleção amostral é realizada por meio de sequenciamento Sanger, para confirmar regiões genômicas do vírus e mutações sinapomórficas e, posteriormente, as amostras que passam na seleção amostral são encaminhadas para sequenciamento NGS.
 - E. a seleção amostral se dá a partir de ensaios de inferência que conseguem determinar os CTs das amostras e predizer possíveis variantes e até casos de co-infeção.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 52 p. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 25

Questão 25
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

Amostras suspeitas de Covid-19 são diariamente encaminhadas para centros de análise a fim de determinar sua provável positividade, carga viral e direcionamento para estudos que possam corroborar para a vigilância de SARS-CoV-2. No contexto epidemiológico da pandemia, um elevado número de amostras são detectáveis para a Covid-19. Para a realização da vigilância genômica dessas amostras, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. A seleção amostral é realizada por meio de sequenciamento Sanger, para confirmar regiões genômicas do vírus e mutações sinapomórficas e, posteriormente, as amostras que passam na seleção amostral são encaminhadas para sequenciamento NGS.
- B. apenas por NGS é possível inferir quais são as variantes circulantes, garantindo o monitoramento/vigilância dos genomas.
- C. apesar de corroborar com o monitoramento genômico de SARS-CoV-2, permitindo uma maior investigação, uma vez que não possui delimitação de CTs para o alvo viral, os ensaios de inferência muitas vezes deixam de ser empregados na triagem laboratorial devido a frequente incompatibilidade das variantes identificadas em relação aos resultados obtidos por NGS.
 Alternativa incorreta. Os testes de inferência têm sido utilizados como triagem laboratorial da Covid-19 exatamente por permitir inferir as possíveis variantes circulantes, co-infecções e quantificação de carga viral (CT), além de apresentarem resultados seguros, rápidos e com menor custo em relação ao NGS.
- D. a seleção amostral se dá a partir de ensaios de inferência que conseguem determinar os CTs das amostras e predizer possíveis variantes e até casos de co-infeção.
- E. todas as amostras positivas para a Covid-19 são encaminhadas para o sequenciamento genômico, uma vez que o contexto epidemiológico é definido a partir do atual cenário.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS*. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 52 p. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 25

Questão 25
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

Amostras suspeitas de Covid-19 são diariamente encaminhadas para centros de análise a fim de determinar sua provável positividade, carga viral e direcionamento para estudos que possam corroborar para a vigilância de SARS-CoV-2. No contexto epidemiológico da pandemia, um elevado número de amostras são detectáveis para a Covid-19. Para a realização da vigilância genômica dessas amostras, pode-se afirmar corretamente que:

Escolha uma opção:

- A. todas as amostras positivas para a Covid-19 são encaminhadas para o sequenciamento genômico, uma vez que o contexto epidemiológico é definido a partir do atual cenário.
- B. a seleção amostral se dá a partir de ensaios de inferência que conseguem determinar os CTs das amostras e predizer possíveis variantes e até casos de co-infeção.
- C. apesar de corroborar com o monitoramento genômico de SARS-CoV-2, permitindo uma maior investigação, uma vez que não possui delimitação de CTs para o alvo viral, os ensaios de inferência muitas vezes deixam de ser empregados na triagem laboratorial devido a frequente incompatibilidade das variantes identificadas em relação aos resultados obtidos por NGS.
- D. A seleção amostral é realizada por meio de sequenciamento Sanger, para confirmar regiões genômicas do vírus e mutações sinapomórficas e, posteriormente, as amostras que passam na seleção amostral são encaminhadas para sequenciamento NGS. Alternativa incorreta. A seleção amostral é realizada por testes de RT-PCR, sejam eles ensaios de inferência de VOCs (*Variants of Concern*) ou RT-PCR com um único alvo de SARS-CoV-2. Amostras com CT < 27 são aptas ao sequenciamento.
- E. apenas por NGS é possível inferir quais são as variantes circulantes, garantindo o monitoramento/vigilância dos genomas.

Sua resposta está incorreta.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS*. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. 52 p. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 26

Questão 26

Ainda não respondida
Vale 1,00 ponto(s).

Marcar questão

Joana, de 35 anos, foi internada devido a um tumor no intestino delgado. Ela precisava fazer uma cirurgia eletiva de urgência, pois o tumor estava começando a gerar incômodos e desconfortos que poderiam evoluir para a piora do quadro da paciente no futuro. Todavia, o processo ocorreu durante um pico de uma das ondas de COVID-19 na cidade em que Joana se operaria. Nesta situação, qual procedimento seria o mais adequado para a realização da cirurgia de Joana?

Escolha uma opção:

- A. Em caso de procedimento de risco, a paciente deve ser submetida à testagem molecular por PCR antes de realizar o procedimento. Em caso de resultado negativo, a paciente pode seguir com a cirurgia. Em caso de resultado positivo, deve-se considerar os riscos antes da realização da cirurgia.
- B. A paciente deve retornar apenas quando o pico da doença estiver passado.
- C. A paciente poderá realizar a cirurgia, caso faça um teste sorológico de detecção do anticorpo IgG anti-SARS-CoV-2 para ter certeza se estará imune ao vírus e poderá realizar a cirurgia.
- D. A paciente deve ficar internada por 3 dias no hospital em observação. Caso apresente algum sintoma da COVID-19 nesse período, ela não realiza a cirurgia. Caso não apresente sintomas, a cirurgia deve ser feita no 4º dia de internação.
- E. Realizar a cirurgia de qualquer forma, pois a saúde da paciente é muito mais importante.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 26

Questão 26

Correto
Atingiu 1,00 de 1,00

Marcar questão

Joana, de 35 anos, foi internada devido a um tumor no intestino delgado. Ela precisava fazer uma cirurgia eletiva de urgência, pois o tumor estava começando a gerar incômodos e desconfortos que poderiam evoluir para a piora do quadro da paciente no futuro. Todavia, o processo ocorreu durante um pico de uma das ondas de COVID-19 na cidade em que Joana se operaria. Nesta situação, qual procedimento seria o mais adequado para a realização da cirurgia de Joana?

Escolha uma opção:

- A. Em caso de procedimento de risco, a paciente deve ser submetida à testagem molecular por PCR antes de realizar o procedimento. Em caso de resultado negativo, a paciente pode seguir com a cirurgia. Em caso de resultado positivo, deve-se considerar os riscos antes da realização da cirurgia. Parabéns! Alternativa correta. O procedimento padrão para realização de cirurgias de risco, com determinada urgência, é a testagem molecular por PCR antes da realização da cirurgia.
- B. A paciente deve retornar apenas quando o pico da doença estiver passado.
- C. A paciente poderá realizar a cirurgia, caso faça um teste sorológico de detecção do anticorpo IgG anti-SARS-CoV-2 para ter certeza se estará imune ao vírus e poderá realizar a cirurgia.
- D. A paciente deve ficar internada por 3 dias no hospital em observação. Caso apresente algum sintoma da COVID-19 nesse período, ela não realiza a cirurgia. Caso não apresente sintomas, a cirurgia deve ser feita no 4º dia de internação.
- E. Realizar a cirurgia de qualquer forma, pois a saúde da paciente é muito mais importante.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). **Nota Técnica nº 06/2020 – GVIMS/GGTES/ANVISA. Orientações para a Prevenção e o Controle das Infecções pelo Novo Coronavírus (SARS-CoV-2) em Procedimentos Cirúrgicos – Revisão: 30.03.2021.** Brasília/DF, 2021. Disponível em: <http://antigo.anvisa.gov.br/documents/33852/271858/Nota+%C3%A9cnica+06-2020-GVIMS-GGTES-ANVISA/40edaf7d-8f4f-48c9-b876-bee0090d97ae>. Acesso em: 9 jan. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 26

Questão 26
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Joana, de 35 anos, foi internada devido a um tumor no intestino delgado. Ela precisava fazer uma cirurgia eletiva de urgência, pois o tumor estava começando a gerar incômodos e desconfortos que poderiam evoluir para a piora do quadro da paciente no futuro. Todavia, o processo ocorreu durante um pico de uma das ondas de COVID-19 na cidade em que Joana se operaria. Nesta situação, qual procedimento seria o mais adequado para a realização da cirurgia de Joana?

Escolha uma opção:

- A. A paciente poderá realizar a cirurgia, caso faça um teste sorológico de detecção do anticorpo IgG anti-SARS-CoV-2 para ter certeza se estará imune ao vírus e poderá realizar a cirurgia.
✗ Alternativa incorreta. O teste sorológico de detecção de IgG não é recomendado para este caso, pois ele não confere uma resposta do estado atual da paciente no que indica a presença do vírus ou não. Além disso, existem variantes que conseguem realizar o escape imunológico e infectar os pacientes, mesmo que eles apresentem anticorpos atuantes.
- B. A paciente deve retornar apenas quando o pico da doença estiver passado.
- C. A paciente deve ficar internada por 3 dias no hospital em observação. Caso apresente algum sintoma da COVID-19 nesse período, ela não realiza a cirurgia. Caso não apresente sintomas, a cirurgia deve ser feita no 4º dia de internação.
- D. Em caso de procedimento de risco, a paciente deve ser submetida à testagem molecular por PCR antes de realizar o procedimento. Em caso de resultado negativo, a paciente pode seguir com a cirurgia. Em caso de resultado positivo, deve-se considerar os riscos antes da realização da cirurgia.
- E. Realizar a cirurgia de qualquer forma, pois a saúde da paciente é muito mais importante.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Nota Técnica nº 06/2020 - GVIMS/GGTES/ANVISA. Orientações para a Prevenção e o Controle das Infecções pelo Novo Coronavírus (SARS-CoV-2) em Procedimentos Cirúrgicos - Revisão: 30.03.2021. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <http://antigo.anvisa.gov.br/documents/33852/271858/Nota+t%C3%A9cnica+06-2020+GVIMS-GGTES-ANVISA/40edaf7d-8f4f-48c9-b876-bee0090d97ae>. Acesso em: 9 jan. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 26

Questão 26
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Joana, de 35 anos, foi internada devido a um tumor no intestino delgado. Ela precisava fazer uma cirurgia eletiva de urgência, pois o tumor estava começando a gerar incômodos e desconfortos que poderiam evoluir para a piora do quadro da paciente no futuro. Todavia, o processo ocorreu durante um pico de uma das ondas de COVID-19 na cidade em que Joana se operaria. Nesta situação, qual procedimento seria o mais adequado para a realização da cirurgia de Joana?

Escolha uma opção:

- A. Em caso de procedimento de risco, a paciente deve ser submetida à testagem molecular por PCR antes de realizar o procedimento. Em caso de resultado negativo, a paciente pode seguir com a cirurgia. Em caso de resultado positivo, deve-se considerar os riscos antes da realização da cirurgia.
- B. A paciente deve retornar apenas quando o pico da doença estiver passado. ✗ Alternativa incorreta. A paciente pode realizar a testagem por PCR antes de realizar a cirurgia. A depender do resultado, os médicos poderão discutir a respeito da viabilidade da cirurgia naquele momento.
- C. A paciente poderá realizar a cirurgia, caso faça um teste sorológico de detecção do anticorpo IgG anti-SARS-CoV-2 para ter certeza se estará imune ao vírus e poderá realizar a cirurgia.
- D. A paciente deve ficar internada por 3 dias no hospital em observação. Caso apresente algum sintoma da COVID-19 nesse período, ela não realiza a cirurgia. Caso não apresente sintomas, a cirurgia deve ser feita no 4º dia de internação.
- E. Realizar a cirurgia de qualquer forma, pois a saúde da paciente é muito mais importante.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Nota Técnica nº 06/2020 - GVIMS/GGTES/ANVISA. Orientações para a Prevenção e o Controle das Infecções pelo Novo Coronavírus (SARS-CoV-2) em Procedimentos Cirúrgicos - Revisão: 30.03.2021. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <http://antigo.anvisa.gov.br/documents/33852/271858/Nota+t%C3%A9cnica+06-2020+GVIMS-GGTES-ANVISA/40edaf7d-8f4f-48c9-b876-bee0090d97ae>. Acesso em: 9 jan. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 26

Questão 26
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Joana, de 35 anos, foi internada devido a um tumor no intestino delgado. Ela precisava fazer uma cirurgia eletiva de urgência, pois o tumor estava começando a gerar incômodos e desconfortos que poderiam evoluir para a piora do quadro da paciente no futuro. Todavia, o processo ocorreu durante um pico de uma das ondas de COVID-19 na cidade em que Joana se operaria. Nesta situação, qual procedimento seria o mais adequado para a realização da cirurgia de Joana?

Escolha uma opção:

- A. A paciente deve retornar apenas quando o pico da doença estiver passado.
- B. A paciente poderá realizar a cirurgia, caso faça um teste sorológico de detecção do anticorpo IgG anti-SARS-CoV-2 para ter certeza se estará imune ao vírus e poderá realizar a cirurgia.
- C. A paciente deve ficar internada por 3 dias no hospital em observação. Caso apresente algum sintoma da COVID-19 nesse período, ela não realiza a cirurgia. Caso não apresente sintomas, a cirurgia deve ser feita no 4º dia de internação.
- D. Realizar a cirurgia de qualquer forma, pois a saúde da paciente é muito mais importante. ✗ Alternativa incorreta. É controverso colocar a saúde da paciente como justificativa, pois se o paciente estiver infectado com o vírus do SARS-CoV-2, os riscos de uma cirurgia poderiam piorar ainda mais o quadro da paciente a curto prazo e ainda colocar em risco os profissionais de saúde presentes.
- E. Em caso de procedimento de risco, a paciente deve ser submetida à testagem molecular por PCR antes de realizar o procedimento. Em caso de resultado negativo, a paciente pode seguir com a cirurgia. Em caso de resultado positivo, deve-se considerar os riscos antes da realização da cirurgia.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Nota Técnica nº 06/2020 - GVIMS/GGTES/ANVISA. Orientações para a Prevenção e o Controle das Infecções pelo Novo Coronavírus (SARS-CoV-2) em Procedimentos Cirúrgicos - Revisão: 30.03.2021. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <http://antigo.anvisa.gov.br/documents/33852/271858/Nota+t%C3%A9cnica+06-2020+GVIMS-GGTES-ANVISA/40edaf7d-8f4f-48c9-b876-bee0090d97ae>. Acesso em: 9 jan. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 26

Questão 26
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Joana, de 35 anos, foi internada devido a um tumor no intestino delgado. Ela precisava fazer uma cirurgia eletiva de urgência, pois o tumor estava começando a gerar incômodos e desconfortos que poderiam evoluir para a piora do quadro da paciente no futuro. Todavia, o processo ocorreu durante um pico de uma das ondas de COVID-19 na cidade em que Joana se operaria. Nesta situação, qual procedimento seria o mais adequado para a realização da cirurgia de Joana?

Escolha uma opção:

- A. A paciente poderá realizar a cirurgia, caso faça um teste sorológico de detecção do anticorpo IgG anti-SARS-CoV-2 para ter certeza se estará imune ao vírus e poderá realizar a cirurgia.
- B. Em caso de procedimento de risco, a paciente deve ser submetida à testagem molecular por PCR antes de realizar o procedimento. Em caso de resultado negativo, a paciente pode seguir com a cirurgia. Em caso de resultado positivo, deve-se considerar os riscos antes da realização da cirurgia.
- C. A paciente deve ficar internada por 3 dias no hospital em observação. Caso apresente algum sintoma da COVID-19 nesse período, ela não realiza a cirurgia. Caso não apresente sintomas, a cirurgia deve ser feita no 4º dia de internação. ✗ Alternativa incorreta. Não existe nenhum protocolo que recomende os pacientes a ficarem um período em observação de sintomas da COVID-19 antes da cirurgia.
- D. A paciente deve retornar apenas quando o pico da doença estiver passado.
- E. Realizar a cirurgia de qualquer forma, pois a saúde da paciente é muito mais importante.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Nota Técnica nº 06/2020 - GVIMS/GGTES/ANVISA. Orientações para a Prevenção e o Controle das Infecções pelo Novo Coronavírus (SARS-CoV-2) em Procedimentos Cirúrgicos - Revisão: 30.03.2021. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <http://antigo.anvisa.gov.br/documents/33852/271858/Nota+t%C3%A9cnica+06-2020+GVIMS-GGTES-ANVISA/40edaf7d-8f4f-48c9-b876-bee0090d97ae>. Acesso em: 9 jan. 2023.

Questão 27

Questão 27
Ainda não
respondida
Vale 1,00
ponto(s).
Marcar
questão

Com o elevado número de casos positivos para SARS-CoV-2, foi necessário implementar critérios mais rigorosos para garantir o fluxo de doadores e receptores de órgãos sólidos, corroborando para a tomada de decisões nas Unidades de Saúde, sem prejudicar os fluxos e as urgências. Escolha dentre as alternativas a seguir, aquela que identifica corretamente quais os critérios estabelecidos para estes casos.

Escolha uma opção:

- A. Para os doadores de córnea, o exame considerado padrão ouro para detecção de SARS-CoV-2, RT-PCR, é o indicado. Isso se dá devido à demanda de tempo necessário para a obtenção dos demais exames pré-operatórios e pela viabilidade do órgão frente ao prazo para a realização da cirurgia.
- B. Nos transplantes de rim, fígado e pulmão, por se tratar de órgãos de rápida deterioração, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19 deve ser o mais breve possível, idealmente realizado em menos de 4h.
- C. Doador com COVID-19 confirmada por RT-PCR a menos de 10 dias e no caso de ter apresentado apenas sintomas leves, está apto à doação de órgãos.
- D. Dadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas e RT-PCR NÃO DETECTADO, estão aptos a doação.
- E. Para os todos os potenciais doadores, a coleta do trato respiratório superior (swab nasofaríngeo) deverá ser realizada.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 27

Questão 27
Correto
Atingiu 1,00 de
1,00
Marcar
questão

Com o elevado número de casos positivos para SARS-CoV-2, foi necessário implementar critérios mais rigorosos para garantir o fluxo de doadores e receptores de órgãos sólidos, corroborando para a tomada de decisões nas Unidades de Saúde, sem prejudicar os fluxos e as urgências. Escolha dentre as alternativas a seguir, aquela que identifica corretamente quais os critérios estabelecidos para estes casos.

Escolha uma opção:

- A. Para os doadores de córnea, o exame considerado padrão ouro para detecção de SARS-CoV-2, RT-PCR, é o indicado. Isso se dá devido à demanda de tempo necessário para a obtenção dos demais exames pré-operatórios e pela viabilidade do órgão frente ao prazo para a realização da cirurgia.  Parabéns! Alternativa correta. O exame molecular de SARS-CoV-2, para transplantes de córnea, pode ser realizado pelo método padrão de rt-qPCR, pois esse tipo de transplante possui um tempo médio de liberação do resultado maior, portanto pode ser utilizada essa metodologia, que ainda possui custo menor por exame.
- B. Nos transplantes de rim, fígado e pulmão, por se tratar de órgãos de rápida deterioração, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19 deve ser o mais breve possível, idealmente realizado em menos de 4h.
- C. Doador com COVID-19 confirmada por RT-PCR a menos de 10 dias e no caso de ter apresentado apenas sintomas leves, está apto à doação de órgãos.
- D. Dadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas e RT-PCR NÃO DETECTADO, estão aptos a doação.
- E. Para os todos os potenciais doadores, a coleta do trato respiratório superior (swab nasofaríngeo) deverá ser realizada.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária-ANVISA. **Nota Técnica nº 24/2022 – CGSNT/DAET/SAES/MS.** Gerenciamento do risco sanitário da epidemia de COVID-19 (SARS-CoV-2) para a doação e transplantes de órgãos, tecidos e células-tronco hematopóieticas. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/notas-tecnicas/2022/nota-tecnica-gerenciamento-do-risco-sanitario-da-epidemia-de-covid-19-para-a-doacao-e-transplantes-de-orgaos-tecidos-e-celulas-tronco-hematopoieticas.pdf>. Acesso em: 9 jan. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 27

Questão 27
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Com o elevado número de casos positivos para SARS-CoV-2, foi necessário implementar critérios mais rigorosos para garantir o fluxo de doadores e receptores de órgãos sólidos, corroborando para a tomada de decisões nas Unidades de Saúde, sem prejudicar os fluxos e as urgências. Escolha dentre as alternativas a seguir, aquela que identifica corretamente quais os critérios estabelecidos para estes casos.

Escolha uma opção:

- A. Nos transplantes de rim, fígado e pulmão, por se tratar de órgãos de rápida deterioração, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19 deve ser o mais breve possível, idealmente realizado em menos de 4h. **X** Alternativa incorreta. Nos órgãos de rápida deterioração, como fígado e pulmão, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19, é idealmente realizado em menos de 2h. Para rim e coração, a resposta deve ser inferior a 6 horas.
- B. Doadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas e RT-PCR NÃO DETECTADO, estão aptos a doação.
- C. Para os doadores de córnea, o exame considerado padrão ouro para detecção de SARS-CoV-2, RT-PCR, é o indicado. Isso se dá devido à demanda de tempo necessário para a obtenção dos demais exames pré-operatórios e pela viabilidade do órgão frente ao prazo para a realização da cirurgia.
- D. Para os todos os potenciais doadores, a coleta do trato respiratório superior (swab nasofaringeo) deverá ser realizada.
- E. Doador com COVID-19 confirmada por RT-PCR a menos de 10 dias e no caso de ter apresentado apenas sintomas leves, está apto à doação de órgãos.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária-ANVISA. **Nota Técnica nº 24/2022 - CGSNT/DAET/SAES/MS**. Gerenciamento do risco sanitário da epidemia de COVID-19 (SARS-CoV-2) para a doação e transplantes de órgãos, tecidos e células-tronco hematopoiéticas. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/notas-tecnicas/2022/nota-tecnica-gerenciamento-do-risco-sanitario-da-epidemia-de-covid-19-para-a-daoao-e-transplantes-de-orgaos-tecidos-e-celulas-tronco-hematopoeticas.pdf>. Acesso em: 9 jan. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 27

Questão 27
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Com o elevado número de casos positivos para SARS-CoV-2, foi necessário implementar critérios mais rigorosos para garantir o fluxo de doadores e receptores de órgãos sólidos, corroborando para a tomada de decisões nas Unidades de Saúde, sem prejudicar os fluxos e as urgências. Escolha dentre as alternativas a seguir, aquela que identifica corretamente quais os critérios estabelecidos para estes casos.

Escolha uma opção:

- A. Nos transplantes de rim, fígado e pulmão, por se tratar de órgãos de rápida deterioração, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19 deve ser o mais breve possível, idealmente realizado em menos de 4h.
- B. Para os todos os potenciais doadores, a coleta do trato respiratório superior (swab nasofaringeo) deverá ser realizada. **X** Alternativa incorreta. O swab nasofaringeo é recomendado apenas para doadores vivos. Em casos de doadores falecidos, é recomendada a coleta do trato respiratório inferior (aspirado traqueal ou brônquico, ou lavado broncoalveolar). Para transplante de órgãos sólidos de doador falecido, exceto de pulmão, os doadores podem ser avaliados com amostras de secreção de trato respiratório superior ou inferior.
- C. Para os doadores de córnea, o exame considerado padrão ouro para detecção de SARS-CoV-2, RT-PCR, é o indicado. Isso se dá devido à demanda de tempo necessário para a obtenção dos demais exames pré-operatórios e pela viabilidade do órgão frente ao prazo para a realização da cirurgia.
- D. Doadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas e RT-PCR NÃO DETECTADO, estão aptos a doação.
- E. Doador com COVID-19 confirmada por RT-PCR a menos de 10 dias e no caso de ter apresentado apenas sintomas leves, está apto à doação de órgãos.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária-ANVISA. **Nota Técnica nº 24/2022 - CGSNT/DAET/SAES/MS**. Gerenciamento do risco sanitário da epidemia de COVID-19 (SARS-CoV-2) para a doação e transplantes de órgãos, tecidos e células-tronco hematopoiéticas. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/notas-tecnicas/2022/nota-tecnica-gerenciamento-do-risco-sanitario-da-epidemia-de-covid-19-para-a-daoao-e-transplantes-de-orgaos-tecidos-e-celulas-tronco-hematopoeticas.pdf>. Acesso em: 9 jan. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 27

Questão 27
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Com o elevado número de casos positivos para SARS-CoV-2, foi necessário implementar critérios mais rigorosos para garantir o fluxo de doadores e receptores de órgãos sólidos, corroborando para a tomada de decisões nas Unidades de Saúde, sem prejudicar os fluxos e as urgências. Escolha dentre as alternativas a seguir, aquela que identifica corretamente quais os critérios estabelecidos para estes casos.

Escolha uma opção:

- A. Doador com COVID-19 confirmada por RT-PCR a menos de 10 dias e no caso de ter apresentado apenas sintomas leves, está apto à doação de órgãos.
- B. Para os todos os potenciais doadores, a coleta do trato respiratório superior (swab nasofaríngeo) deverá ser realizada.
- C. Para os doadores de córnea, o exame considerado padrão ouro para detecção de SARS-CoV-2, RT-PCR, é o indicado. Isso se dá devido à demanda de tempo necessário para a obtenção dos demais exames pré-operatórios e pela viabilidade do órgão frente ao prazo para a realização da cirurgia.
- D. Nos transplantes de rim, fígado e pulmão, por se tratar de órgãos de rápida deterioração, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19 deve ser o mais breve possível, idealmente realizado em menos de 4h.
- E. Doadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas e RT-PCR NÃO DETECTADO, estão aptos a doação. ✗ Alternativa incorreta. Para doadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas, com resolução clínica e RT-PCR NÃO DETECTADO, recomenda-se aguardar um período de até 6 semanas a contar do início dos sintomas. Com exceção, apenas, para urgências que demandam análises individualizadas.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária-ANVISA. Nota Técnica nº 24/2022 – CGSNT/DAET/SAES/MS. Gerenciamento do risco sanitário da epidemia de COVID-19 (SARS-CoV-2) para a doação e transplantes de órgãos, tecidos e células-tronco hematopoéticas. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/notas-tecnicas/2022/nota-tecnica-gerenciamento-do-risco-sanitario-da-epidemia-de-covid-19-para-a-doacao-e-transplantes-de-orgaos-tecidos-e-celulas-tronco-hematopoeticas.pdf>. Acesso em: 9 jan. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 27

Questão 27
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00

Marcar questão

Com o elevado número de casos positivos para SARS-CoV-2, foi necessário implementar critérios mais rigorosos para garantir o fluxo de doadores e receptores de órgãos sólidos, corroborando para a tomada de decisões nas Unidades de Saúde, sem prejudicar os fluxos e as urgências. Escolha dentre as alternativas a seguir, aquela que identifica corretamente quais os critérios estabelecidos para estes casos.

Escolha uma opção:

- A. Doador com COVID-19 confirmada por RT-PCR a menos de 10 dias e no caso de ter apresentado apenas sintomas leves, está apto à doação de órgãos. ✗ Alternativa incorreta. É contraindicação absoluta a doação de órgãos caso o doador tenha COVID-19 detectada em um período inferior há 10 dias.
- B. Doadores vivos de órgãos com histórico de COVID-19 há menos de 28 dias do início dos sintomas e RT-PCR NÃO DETECTADO, estão aptos a doação.
- C. Para os todos os potenciais doadores, a coleta do trato respiratório superior (swab nasofaríngeo) deverá ser realizada.
- D. Para os doadores de córnea, o exame considerado padrão ouro para detecção de SARS-CoV-2, RT-PCR, é o indicado. Isso se dá devido à demanda de tempo necessário para a obtenção dos demais exames pré-operatórios e pela viabilidade do órgão frente ao prazo para a realização da cirurgia.
- E. Nos transplantes de rim, fígado e pulmão, por se tratar de órgãos de rápida deterioração, o tempo de liberação dos testes de diagnóstico da COVID-19 deve ser o mais breve possível, idealmente realizado em menos de 4h.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s):

BRASIL. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária-ANVISA. Nota Técnica nº 24/2022 – CGSNT/DAET/SAES/MS. Gerenciamento do risco sanitário da epidemia de COVID-19 (SARS-CoV-2) para a doação e transplantes de órgãos, tecidos e células-tronco hematopoéticas. Brasília/DF, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/notas-tecnicas/2022/nota-tecnica-gerenciamento-do-risco-sanitario-da-epidemia-de-covid-19-para-a-doacao-e-transplantes-de-orgaos-tecidos-e-celulas-tronco-hematopoeticas.pdf>. Acesso em: 9 jan. 2023.

Questão 28

Questão 28

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

✓ Marcar questão

Durante a pandemia ocasionada pela COVID-19, foram identificados inúmeros padrões de mutações que deram origem a variantes diversas. Algumas dessas variantes possuem impacto direto aos serviços de saúde pública, sendo responsáveis por períodos de isolamento social. Quais metodologias devem ser utilizadas pelos serviços de vigilância genômica para a identificação de novas variantes?

Escolha uma opção:

- A. Resultados positivos de diagnóstico devem ser utilizados para vigilância genômica, já que geram valores de variante presente na amostra
- B. O sequenciamento deve ser utilizado para a vigilância genômica, sem a necessidade de outras tecnologias para monitoramento ativo de novas variantes.
- C. Resultados positivos de diagnóstico não devem ser utilizados para vigilância genômica, já que não geram valores de variante presente na amostra.
- D. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados para que todas sejam sequenciadas por sanger, sem considerar padrões de qualidade da amostra.
- E. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados, para que seja realizada uma triagem utilizando padrões de qualidade (como o CT da amostra), para sequenciamento por NGS ou outras metodologias.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 28

Questão 28

Correto
Atingiu 1,00 de 1,00

✓ Marcar questão

Durante a pandemia ocasionada pela COVID-19, foram identificados inúmeros padrões de mutações que deram origem a variantes diversas. Algumas dessas variantes possuem impacto direto aos serviços de saúde pública, sendo responsáveis por períodos de isolamento social. Quais metodologias devem ser utilizadas pelos serviços de vigilância genômica para a identificação de novas variantes?

Escolha uma opção:

- A. Resultados positivos de diagnóstico devem ser utilizados para vigilância genômica, já que geram valores de variante presente na amostra
- B. O sequenciamento deve ser utilizado para a vigilância genômica, sem a necessidade de outras tecnologias para monitoramento ativo de novas variantes.
- C. Resultados positivos de diagnóstico não devem ser utilizados para vigilância genômica, já que não geram valores de variante presente na amostra.
- D. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados para que todas sejam sequenciadas por sanger, sem considerar padrões de qualidade da amostra.
- E. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados, para que seja realizada uma triagem utilizando padrões de qualidade (como o CT da amostra), para sequenciamento por NGS ou outras metodologias. ✓ Parabéns! Alternativa correta. O fluxo deve ser realizado a partir do diagnóstico para o sequenciamento NGS ou outras metodologias (genotipagem, sequenciamento sanger), considerando, padrões de qualidade durante a triagem de amostras.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 28

Questão 28

Incorreto

Atingiu 0,00 de
1,00 Marcar
questão

Durante a pandemia ocasionada pela COVID-19, foram identificados inúmeros padrões de mutações que deram origem a variantes diversas. Algumas dessas variantes possuem impacto direto aos serviços de saúde pública, sendo responsáveis por períodos de isolamento social. Quais metodologias devem ser utilizadas pelos serviços de vigilância genômica para a identificação de novas variantes?

Escolha uma opção:

- A. Resultados positivos de diagnóstico não devem ser utilizados para vigilância genômica, já que não geram valores de variante presente na amostra. Alternativa incorreta. Apesar de o diagnóstico não gerar valores de linhagem, variante ou clado, ele deve ser utilizado como parte do fluxo inicial de vigilância genômica, já que seria inviável sequenciar uma amostra negativa para o vírus em questão.
- B. Resultados positivos de diagnóstico devem ser utilizados para vigilância genômica, já que geram valores de variante presente na amostra.
- C. O sequenciamento deve ser utilizado para a vigilância genômica, sem a necessidade de outras tecnologias para monitoramento ativo de novas variantes.
- D. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados, para que seja realizada uma triagem utilizando padrões de qualidade (como o CT da amostra), para sequenciamento por NGS ou outras metodologias.
- E. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados para que todas sejam sequenciadas por sanger, sem considerar padrões de qualidade da amostra.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS*. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 28

Questão 28

Incorreto

Atingiu 0,00 de
1,00 Marcar
questão

Durante a pandemia ocasionada pela COVID-19, foram identificados inúmeros padrões de mutações que deram origem a variantes diversas. Algumas dessas variantes possuem impacto direto aos serviços de saúde pública, sendo responsáveis por períodos de isolamento social. Quais metodologias devem ser utilizadas pelos serviços de vigilância genômica para a identificação de novas variantes?

Escolha uma opção:

- A. Resultados positivos de diagnóstico devem ser utilizados para vigilância genômica, já que geram valores de variante presente na amostra
- B. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados para que todas sejam sequenciadas por sanger, sem considerar padrões de qualidade da amostra. Alternativa incorreta. O sequenciamento sanger pode ser utilizado para vigilância genômica, porém muitas vezes é necessário utilizar um sequenciamento de nova geração (NGS), para englobar um maior número de amostras. Além disso, padrões de qualidade devem ser considerados para a triagem de amostras.
- C. O sequenciamento deve ser utilizado para a vigilância genômica, sem a necessidade de outras tecnologias para monitoramento ativo de novas variantes.
- D. Resultados positivos de diagnóstico não devem ser utilizados para vigilância genômica, já que não geram valores de variante presente na amostra.
- E. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados, para que seja realizada uma triagem utilizando padrões de qualidade (como o CT da amostra), para sequenciamento por NGS ou outras metodologias.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS*. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 28

Questão 28

Incorrecto

Atingiu 0,00 de
1,00Marcar
questão

Durante a pandemia ocasionada pela COVID-19, foram identificados inúmeros padrões de mutações que deram origem a variantes diversas. Algumas dessas variantes possuem impacto direto aos serviços de saúde pública, sendo responsáveis por períodos de isolamento social. Quais metodologias devem ser utilizadas pelos serviços de vigilância genômica para a identificação de novas variantes?

Escolha uma opção:

- A. O sequenciamento deve ser utilizado para a vigilância genômica, sem a necessidade de outras tecnologias para monitoramento ativo de novas variantes.
- B. Resultados positivos de diagnóstico não devem ser utilizados para vigilância genômica, já que não geram valores de variante presente na amostra.
- C. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados para que todas sejam sequenciadas por sanger, sem considerar padrões de qualidade da amostra.
- D. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados, para que seja realizada uma triagem utilizando padrões de qualidade (como o CT da amostra), para sequenciamento por NGS ou outras metodologias.
- E. Resultados positivos de diagnóstico devem ser utilizados para vigilância genômica, já que geram valores de variante presente na amostra × Alternativa incorreta. O diagnóstico molecular não gera resultados a respeito da linhagem, variante ou clado, apenas um resultado qualitativo como presente ou ausente.



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 28

Questão 28

Incorrecto

Atingiu 0,00 de
1,00Marcar
questão

Durante a pandemia ocasionada pela COVID-19, foram identificados inúmeros padrões de mutações que deram origem a variantes diversas. Algumas dessas variantes possuem impacto direto aos serviços de saúde pública, sendo responsáveis por períodos de isolamento social. Quais metodologias devem ser utilizadas pelos serviços de vigilância genômica para a identificação de novas variantes?

Escolha uma opção:

- A. O sequenciamento deve ser utilizado para a vigilância genômica, sem a necessidade de outras tecnologias para monitoramento ativo de novas variantes. × Alternativa incorreta. Apesar de o sequenciamento ser utilizado para vigilância genômica, outras tecnologias devem ser desenvolvidas e empregadas em conjunto.
- B. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados para que todas sejam sequenciadas por sanger, sem considerar padrões de qualidade da amostra.
- C. Resultados positivos de diagnóstico não devem ser utilizados para vigilância genômica, já que não geram valores de variante presente na amostra.
- D. Resultados positivos de diagnóstico de unidades sentinelas devem ser enviados, para que seja realizada uma triagem utilizando padrões de qualidade (como o CT da amostra), para sequenciamento por NGS ou outras metodologias.
- E. Resultados positivos de diagnóstico devem ser utilizados para vigilância genômica, já que geram valores de variante presente na amostra



Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/vigilancia_genomica_SARS-CoV-2_ambito_SVS.pdf. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 29

Questão 29

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

Marcar questão

Lizandra, de 30 anos, é analista de um laboratório de Biologia Molecular que presta serviços à Vigilância Genômica. Ela havia recebido um novo kit de testagem de inferência utilizado para identificação de diferentes variantes do SARS-CoV-2. Este kit é um RT-qPCR multiplex e tem a capacidade de detectar 4 alvos diferentes em uma mesma reação. Os alvos são:

1. RP que detecta o gene de uma RNase P humana e serve como controle interno;
2. SC2-N, que detecta o gene N do nucleocapsídeo viral do SARS-CoV-2;
3. wt delNSP6, que detecta uma deleção na região NSP6 do vírus, e
4. wt del69,70, que detecta uma deleção na posição 69 e 70 do gene S do vírus.

Lizandra leu atentamente o manual do fabricante do teste e avaliou os padrões de amplificação que caracterizavam cada variante. Ela percebeu que o teste detectava mais de uma variante por padrão de amplificação. Em seguida, identificou que a análise dos resultados também dependia do período epidemiológico o qual a amostra se encontrava. Além desses parâmetros, Lizandra percebeu que os resultados dependiam dos valores de CTs e da confiança da curva de amplificação. Para diminuir as chances de erro, ela resolveu elaborar duas tabelas, compilando as informações lidas:

INTERPRETAÇÃO DE RESULTADOS - 4PLEX		
Alvos amplificados	Mês de coleta	Resultado
RP SC2-N	DEZ/2020 - ABR/2021	ALFA
RP SC2-N	DEZ/2021 - ATUAL	Ômicron
RP SC2-N Wt Del 69,70	JAN/2021 - AGO/2021	GAMA/P1
RP SC2-N Wt Del 69,70	ABR/2022 - ATUAL	BA.2/Ômicron
RP SC2-N Wt Del 69,70 Wt Del NSP6	MAR/2020 - MAR/2021	ZETA/P2/V01/Selvagem
RP SC2-N Wt Del 69,70 Wt Del NSP6	JUL/2021 - JAN/2022	DELTA

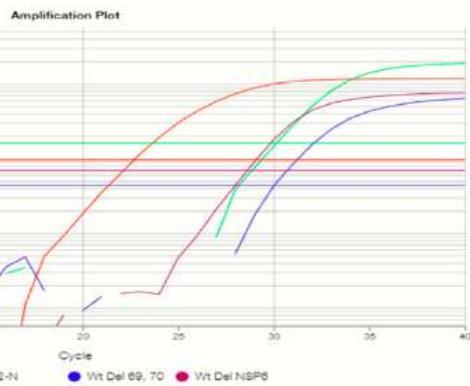
INTERPRETAÇÃO DE RESULTADOS PELO CT e CONFIANÇA - 4PLEX

Alvos	CT	Confiança	Resultado
Alvo viral	menor ou = 35.00	maior ou = 0.5	Válido
	menor 40.00		
Alvo viral	maior 35.00	maior ou = 0.5	Indeterminado
	menor 40.00		
Alvo Viral	Qualquer valor	menor 0.5	Falha
	menor 40.00	maior ou = 0.5	
Alvo Viral	menor ou = 35.00	maior ou = 0.5	Indeterminado
	menor 40.00	menor 0.5	
Alvo Viral	menor ou = 35.00	maior ou = 0.5	Indeterminado
	menor 40.00	menor 0.5	
Alvo Viral	Qualquer valor	menor 0.5	Falha
	Qualquer valor	menor 0.5	

Fonte: MIYAJIMA, Fábio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Túlio. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 3: Aplicação de conhecimentos metodológicos na resolução de problemas laboratoriais. Unidade 2. In: Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS, Fiocruz, 2023.

Além das informações apresentadas na tabela, analisou que a linha do *threshold* estabelecida pelo fabricante é de 50.000. Ao realizar uma corrida-teste com amostras de fevereiro de 2022, Lizandra tinha o seguinte padrão:

Curva de amplificação



Fonte: MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Tullio. Curso Vigilância Genómica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 3: Aplicação de conhecimentos metodológicos na resolução de problemas laboratoriais. Unidade 2. In: Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genómica (VG). Brasília/DF: UNA SUS, Fiocruz, 2023.

Por se tratar de um padrão de amostra da variante delta ou zeta, ela estranhou bastante o resultado e foi reavaliar o que havia feito de errado, já que a amostra em questão era de fevereiro de 2022, período em que nenhuma das duas variantes circulavam.

Tomando como base todo o contexto apresentado tanto no texto quanto nas imagens, escolha a alternativa correta acerca do que Lizandra precisou fazer para remediar o problema.

Escolha uma opção:

- A. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Gama", conforme o estabelecido na bula.
- B. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Ómicron", conforme o estabelecido na bula.
- C. Reavaliou se a amostra era de fato de fevereiro de 2022 e não de outro período para que pudesse, assim, realizar o laudo corretamente, já considerando que todas as exigências de análise técnica de interpretação do resultado estavam corretas.
- D. Verificou que o software estava com problemas de análise dos resultados e resolveu chamar um técnico da empresa para consertar o aparelho antes de realizar a repetição do teste.
- E. Concluiu que o erro mais provável foi a execução da amplificação pelo termociclo. Provavelmente, o termociclo estava descalibrado durante a realização do teste, o que culminou na apresentação de curvas que não correspondem à realidade do período epidemiológico da amostra.

[Limpar minha escolha](#)

Imagen 1 (tabela 1) da questão 29

INTERPRETAÇÃO DE RESULTADOS - 4PLEX		
Alvos amplificados	Mês de coleta	Resultado
RP SC2-N	DEZ/2020 - ABR/2021	ALFA
RP SC2-N	DEZ/2021 - ATUAL	Ômicron
RP SC2-N Wt Del 69,70	JAN/2021 - AGO/2021	GAMA/P1
RP SC2-N Wt Del 69,70	ABR/2022 - ATUAL	BA.2/Ômicron
RP SC2-N Wt Del 69,70 Wt Del NSP6	MAR/2020 - MAR/2021	ZETA/P2/VOI/Selvagem
RP SC2-N Wt Del 69,70 Wt Del NSP6	JUL/2021 - JAN/2022	DELTA

Imagen 2 (tabela 2) da questão 29

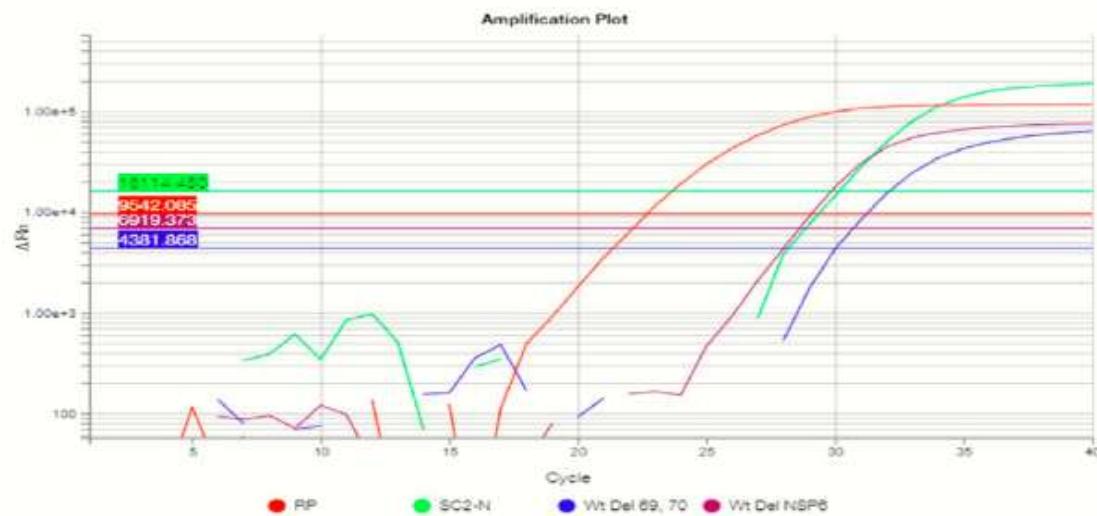
INTERPRETAÇÃO DE RESULTADOS PELO CT e CONFIANÇA - 4PLEX

Alvos	CT	Confiança	Resultado
RP Alvo viral	menor ou = 35.00	maior ou = 0.5	Válido
	menor 40.00		
RP Alvo viral	maior 35.00	maior ou = 0.5	Indeterminado
	menor 40.00		
RP Alvo Viral	Qualquer valor	menor 0.5	Falha
	menor 40.00	maior ou = 0.5	
RP Alvo Viral	menor ou = 35.00	maior ou = 0.5	Indeterminado
	menor 40.00	menor 0.5	
RP Alvo Viral	menor ou = 35.00	maior ou = 0.5	Indeterminado
	menor 40.00	menor 0.5	
RP Alvo Viral	Qualquer valor	menor 0.5	Falha
	Qualquer valor	menor 0.5	

Fonte: MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Tullio. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 3: Aplicação de conhecimentos metodológicos na resolução de problemas laboratoriais. Unidade 2. In: *Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS, Fiocruz, 2023.

Imagen 3 da questão 29

Curva de amplificação



Fonte: MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Tullio. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 3: Aplicação de conhecimentos metodológicos na resolução de problemas laboratoriais. Unidade 2. In: **Metodologias e fluxo laboratorial da Vigilância Genômica (VG)**. Brasília/DF: UNA-SUS, Fiocruz, 2023.

1. Feedback para item correto da questão 29

Escolha uma opção:

- A. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Gama", conforme o estabelecido na bula.
 - B. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Ómicron", conforme o estabelecido na bula.
- ✓ Parabéns! Alternativa correta. A má interpretação dos resultados provavelmente ocorreu pelos valores de corte errôneos, pois todos os alvos deveriam estar estabelecidos com *thresholds* de 50.000, segundo determinação do fabricante.
- C. Reavaliou se a amostra era de fato de fevereiro de 2022 e não de outro período para que pudesse, assim, realizar o laudo corretamente, já considerando que todas as exigências de análise técnica de interpretação do resultado estavam corretas.
 - D. Verificou que o *software* estava com problemas de análise dos resultados e resolveu chamar um técnico da empresa para consertar o aparelho antes de realizar a repetição do teste.
 - E. Concluiu que o erro mais provável foi a execução da amplificação pelo termociclador. Provavelmente, o termociclador estava descalibrado durante a realização do teste, o que culminou na apresentação de curvas que não correspondem à realidade do período epidemiológico da amostra.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS-CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 29

Escolha uma opção:

- A. Reavaliou se a amostra era de fato de fevereiro de 2022 e não de outro período para que pudesse, assim, realizar o laudo corretamente, já considerando que todas as exigências de análise técnica de interpretação do resultado estavam corretas.

 Alternativa incorreta. É válido considerar que pode ter havido de fato um erro de escolha da amostra. Entretanto, este não é um parâmetro suficientemente claro dentro das informações contidas no enunciado para se chegar a uma verdadeira conclusão do porquê ocorreu o erro. Ademais, não é possível considerar que todas as exigências técnicas de interpretação dos resultados estejam corretas quando os valores do *thresholds* estão errados.

- B. Verificou que o software estava com problemas de análise dos resultados e resolveu chamar um técnico da empresa para consertar o aparelho antes de realizar a repetição do teste.
- C. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Ómicron", conforme o estabelecido na bula.
- D. Concluiu que o erro mais provável foi a execução da amplificação pelo termocicloador. Provavelmente, o termocicloador estava descalibrado durante a realização do teste, o que culminou na apresentação de curvas que não correspondem à realidade do período epidemiológico da amostra.
- E. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Gama", conforme o estabelecido na bula.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 29

Escolha uma opção:

- A. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Ômicron", conforme o estabelecido na bula.
- B. Concluiu que o erro mais provável foi a execução da amplificação pelo termociclador. Provavelmente, o termociclador estava descalibrado durante a realização do teste, o que culminou na apresentação de curvas que não correspondem à realidade do período epidemiológico da amostra.
- C. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Gama", conforme o estabelecido na bula.


x Alternativa incorreta. Conforme o enunciado da questão, as amostras gamas só circularam entre janeiro e agosto de 2021, o que já invalida a hipótese, quando se considera que a amostra em questão é de fevereiro de 2022.
- D. Reavaliou se a amostra era de fato de fevereiro de 2022 e não de outro período para que pudesse, assim, realizar o laudo corretamente, já considerando que todas as exigências de análise técnica de interpretação do resultado estavam corretas.
- E. Verificou que o software estava com problemas de análise dos resultados e resolveu chamar um técnico da empresa para consertar o aparelho antes de realizar a repetição do teste.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 29

Escolha uma opção:

- A. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Gama", conforme o estabelecido na bula.
- B. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Ômicron", conforme o estabelecido na bula.
- C. Concluiu que o erro mais provável foi a execução da amplificação pelo termociclador. Provavelmente, o termociclador estava descalibrado durante a realização do teste, o que culminou na apresentação de curvas que não correspondem à realidade do período epidemiológico da amostra.

 ✗ Alternativa incorreta. Não teria como concluir que o erro mais provável foi o termociclador descalibrado, quando os valores de *thresholds* não estão seguindo o padrão de 50.000 estabelecido pelo fabricante.

- D. Reavaliou se a amostra era de fato de fevereiro de 2022 e não de outro período para que pudesse, assim, realizar o laudo corretamente, já considerando que todas as exigências de análise técnica de interpretação do resultado estavam corretas.
- E. Verificou que o *software* estava com problemas de análise dos resultados e resolveu chamar um técnico da empresa para consertar o aparelho antes de realizar a repetição do teste.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS-CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 29

Escolha uma opção:

- A. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Gama", conforme o estabelecido na bula.

- B. Verificou que o *software* estava com problemas de análise dos resultados e resolveu chamar um técnico da empresa para consertar o aparelho antes de realizar a repetição do teste.

 Alternativa incorreta. O *software* não parece estar com problemas e nada no enunciado dá a entender que existe um mau funcionamento dele.



- C. Observou-se que os *thresholds* não estavam na numeração de corte estabelecida pelo fabricante. Então, ela reajustou os valores de corte, reanalisou os resultados da corrida e observou que a amostra se enquadrava como "Ômicron", conforme o estabelecido na bula.

- D. Reavaliou se a amostra era de fato de fevereiro de 2022 e não de outro período para que pudesse, assim, realizar o laudo corretamente, já considerando que todas as exigências de análise técnica de interpretação do resultado estavam corretas.

- E. Concluiu que o erro mais provável foi a execução da amplificação pelo termociclador. Provavelmente, o termociclador estava descalibrado durante a realização do teste, o que culminou na apresentação de curvas que não correspondem à realidade do período epidemiológico da amostra.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): Guidance on tools for detection and surveillance of SARS CoV-2 Variants. **World Health Organization (WHO)**, Genebra, 2021. Disponível em: <https://www.afro.who.int/sites/default/files/Covid-19/Technical%20documents/Guidance%20on%20tools%20for%20detection%20and%20surveillance%20of%20SARS%20CoV-2%20Variants%20-%20EN.pdf>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Questão 30

Questão 30

Ainda não respondida

Vale 1,00 ponto(s).

 Marcar questão

Em uma reação de rt-qPCR Multiplex, conta-se com várias análises para validar um resultado. Considerando todas as validações que precisam ser verificadas em uma reação para um resultado confiável, escolha a afirmativa correta.

- Escolha uma opção:
- a. Um resultado diagnóstico pode ser liberado caso os controles positivos e negativos de um kit válido não apresentem falhas, mesmo que o equipamento não esteja calibrado.
- b. Um resultado diagnóstico pode ser liberado com um kit fora da validade, desde que todos os controles estejam corretamente presentes. Ou seja, controles positivos e endógenos com amplificação e controle negativo sem amplificação.
- c. Um resultado diagnóstico pode ser liberado e considerado confiável se os insumos estiverem na validade e o equipamento calibrado.
- d. Um resultado diagnóstico pode ser liberado, desde que todos os insumos e calibrações estejam na validade e os controles positivos e negativos não apresentem falhas.
- e. Um resultado diagnóstico pode ser liberado como negativo se não houver nenhuma amplificação na reação, e considerando que equipamentos e kits estão em dia e calibrados.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 30

Questão 30
Correto
Atingiu 1,00 de 1,00
Marcar questão

Em uma reação de rt-qPCR Multiplex, conta-se com várias análises para validar um resultado. Considerando todas as validações que precisam ser verificadas em uma reação para um resultado confiável, escolha a afirmativa correta.

Escolha uma opção:

- a. Um resultado diagnóstico pode ser liberado caso os controles positivos e negativos de um kit válido não apresentem falhas, mesmo que o equipamento não esteja calibrado.
- b. Um resultado diagnóstico pode ser liberado com um kit fora da validade, desde que todos os controles estejam corretamente presentes. Ou seja, controles positivos e endógenos com amplificação e controle negativo sem amplificação.
- c. Um resultado diagnóstico pode ser liberado e considerado confiável se os insumos estiverem na validade e o equipamento calibrado.
- d. Um resultado diagnóstico pode ser liberado, desde que todos os insumos e calibrações estejam na validade e os controles positivos e negativos não apresentem falhas. Parabéns!
Alternativa Correta. Para liberar um laudo diagnóstico é obrigatório que os controles apresentem os resultados esperados.
- e. Um resultado diagnóstico pode ser liberado como negativo se não houver nenhuma amplificação na reação, e considerando que equipamentos e kits estão em dia e calibrados.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): NATIONAL INFECTION SERVICE, PHE Quality Guidance. UK Standards for Microbiology Investigations: Good practice when performing molecular amplification assays. Public Health England Publishers: NHS, [S.I.], v. 4, n. 5, p. 2-19, 2018. Disponível em:
https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/682533/Q415.pdf. Acesso em: 9 jan. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 30

Questão 30
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
Marcar questão

Em uma reação de rt-qPCR Multiplex, conta-se com várias análises para validar um resultado. Considerando todas as validações que precisam ser verificadas em uma reação para um resultado confiável, escolha a afirmativa correta.

Escolha uma opção:

- a. Um resultado diagnóstico pode ser liberado como negativo se não houver nenhuma amplificação na reação, e considerando que equipamentos e kits estão em dia e calibrados. ✗
Alternativa incorreta. O controle positivo da reação precisa apresentar amplificação. Caso não aconteça, todos os resultados daquela corrida são inválidos. ←
- b. Um resultado diagnóstico pode ser liberado caso os controles positivos e negativos de um kit válido não apresentem falhas, mesmo que o equipamento não esteja calibrado.
- c. Um resultado diagnóstico pode ser liberado, desde que todos os insumos e calibrações estejam na validade e os controles positivos e negativos não apresentem falhas.
- d. Um resultado diagnóstico pode ser liberado com um kit fora da validade, desde que todos os controles estejam corretamente presentes. Ou seja, controles positivos e endógenos com amplificação e controle negativo sem amplificação.
- e. Um resultado diagnóstico pode ser liberado e considerado confiável se os insumos estiverem na validade e o equipamento calibrado.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): NATIONAL INFECTION SERVICE, PHE Quality Guidance. UK Standards for Microbiology Investigations: Good practice when performing molecular amplification assays. Public Health England Publishers: NHS, [S.I.], v. 4, n. 5, p. 2-19, 2018. Disponível em:
https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/682533/Q415.pdf. Acesso em: 9 jan. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 30

Questão 30
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Em uma reação de rt-qPCR Multiplex, conta-se com várias análises para validar um resultado. Considerando todas as validações que precisam ser verificadas em uma reação para um resultado confiável, escolha a afirmativa correta.

Escolha uma opção:

- a. Um resultado diagnóstico pode ser liberado com um kit fora da validade, desde que todos os controles estejam corretamente presentes. Ou seja, controles positivos e endógenos com amplificação e controle negativo sem amplificação.
- b. Um resultado diagnóstico pode ser liberado e considerado confiável se os insumos estiverem na validade e o equipamento calibrado.
- c. Um resultado diagnóstico pode ser liberado caso os controles positivos e negativos de um kit válido não apresentem falhas, mesmo que o equipamento não esteja calibrado. ✗ Alternativa incorreta. Para liberar um laudo diagnóstico, além dos itens citados, o equipamento precisa estar calibrado para garantir que a interpretação fornecida pelo software esteja correta.
- d. Um resultado diagnóstico pode ser liberado como negativo se não houver nenhuma amplificação na reação, e considerando que equipamentos e kits estão em dia e calibrados.
- e. Um resultado diagnóstico pode ser liberado, desde que todos os insumos e calibrações estejam na validade e os controles positivos e negativos não apresentem falhas.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): NATIONAL INFECTION SERVICE, PHE Quality Guidance. UK Standards for Microbiology Investigations: Good practice when performing molecular amplification assays. Public Health England Publishers: NHS, [S.l.], v. 4, n. 5, p. 2-19, 2018. Disponível em:
https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/682533/Q4i5.pdf. Acesso em: 9 jan. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 30

Questão 30
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Em uma reação de rt-qPCR Multiplex, conta-se com várias análises para validar um resultado. Considerando todas as validações que precisam ser verificadas em uma reação para um resultado confiável, escolha a afirmativa correta.

Escolha uma opção:

- a. Um resultado diagnóstico pode ser liberado, desde que todos os insumos e calibrações estejam na validade e os controles positivos e negativos não apresentem falhas.
- b. Um resultado diagnóstico pode ser liberado como negativo se não houver nenhuma amplificação na reação, e considerando que equipamentos e kits estão em dia e calibrados.
- c. Um resultado diagnóstico pode ser liberado caso os controles positivos e negativos de um kit válido não apresentem falhas, mesmo que o equipamento não esteja calibrado.
- d. Um resultado diagnóstico pode ser liberado com um kit fora da validade, desde que todos os controles estejam corretamente presentes. Ou seja, controles positivos e endógenos com amplificação e controle negativo sem amplificação.
- e. Um resultado diagnóstico pode ser liberado e considerado confiável se os insumos estiverem na validade e o equipamento calibrado. ✗ Alternativa incorreta. Para liberar um laudo diagnóstico, além dos itens citados, nas análises da corrida todos os controles precisam apresentar os resultados esperados.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): NATIONAL INFECTION SERVICE, PHE Quality Guidance. UK Standards for Microbiology Investigations: Good practice when performing molecular amplification assays. Public Health England Publishers: NHS, [S.l.], v. 4, n. 5, p. 2-19, 2018. Disponível em:
https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/682533/Q4i5.pdf. Acesso em: 9 jan. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 30

Questão 30
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00

Marcar
questão

Em uma reação de rt-qPCR Multiplex, conta-se com várias análises para validar um resultado. Considerando todas as validações que precisam ser verificadas em uma reação para um resultado confiável, escolha a afirmativa correta.

- Escolha uma opção:
- a. Um resultado diagnóstico pode ser liberado caso os controles positivos e negativos de um kit válido não apresentem falhas, mesmo que o equipamento não esteja calibrado.
 - b. Um resultado diagnóstico pode ser liberado, desde que todos os insumos e calibrações estejam na validade e os controles positivos e negativos não apresentem falhas.
 - c. Um resultado diagnóstico pode ser liberado e considerado confiável se os insumos estiverem na validade e o equipamento calibrado.
 - d. Um resultado diagnóstico pode ser liberado com um kit fora da validade, desde que todos os controles estejam corretamente presentes. Ou seja, controles positivos e endógenos com amplificação e controle negativo sem amplificação. Alternativa incorreta. Para liberar um laudo diagnóstico, além das análises da corrida, todos os insumos devem estar dentro da validade.
 - e. Um resultado diagnóstico pode ser liberado como negativo se não houver nenhuma amplificação na reação, e considerando que equipamentos e kits estão em dia e calibrados.

Sua resposta está Incorrecta.

Referência(s) Bibliográfica(s): NATIONAL INFECTION SERVICE, PHE Quality Guidance. UK Standards for Microbiology Investigations: Good practice when performing molecular amplification assays. Public Health England Publishers: NHS, [S.l.], v. 4, n. 5, p. 2-19, 2018. Disponível em: https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/682533/Q415.pdf. Acesso em: 9 jan. 2023.

Questão 31

Questão 31
Ainda não
respondida
Vale 1,00
ponto(s).
 Marcar
questão

Um grande avanço no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é a possibilidade de sequenciar muitas amostras, já que são reunidas em um único conjunto, chamado de pool.

Como as amostras são individualizadas para análise posterior?

- Escolha uma opção:
- A. Na etapa de indexação. Adaptadores, também chamados indexes, são adicionados às amostras individualmente e servem como marcadores que identificam as amostras até a análise de dados.
 - B. Na etapa de amplificação do material genético. O número elevado de cópias permite selecionar amostras individualmente.
 - C. Na etapa de análise de dados. O grande diferencial do NGS são pipelines para a montagem de sequências e assim analisar as amostras individualmente.
 - D. Na etapa de triagem de amostras. Cada amostra recebe um número, que é informado ao equipamento de sequenciamento.
 - E. Na etapa de adição ao sequenciador. É informado ao equipamento de NGS o número de cada amostra, e assim ele consegue determiná-las para analisar.

[Limpar minha escolha](#)

1. Feedback para item correto da questão 31

Questão 31

Correto

Atingiu 100 de
100

Marcar
questão

Um grande avanço no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é a possibilidade de sequenciar muitas amostras, já que são reunidas em um único conjunto, chamado de pool.

Como as amostras são individualizadas para análise posterior?

Escolha uma opção:

- A. Na etapa de indexação. Adaptadores, também chamados *indexes*, são adicionados às amostras individualmente e servem como marcadores que identificam as amostras até a análise de dados.
 Parabéns! Alternativa Correta. Na etapa de indexação que são adicionados pequenos oligonucleotídeos específicos chamados *indexes*, ou popularmente "barcode". Como todos os fragmentos de uma mesma amostra tem seu "barcode" específico, centenas de amostras podem ser sequenciadas em paralelo, identificadas na etapa final do processo, na análise dos dados produzidos na corrida.
- B. Na etapa de amplificação do material genético. O número elevado de cópias permite selecionar amostras individualmente.
- C. Na etapa de análise de dados. O grande diferencial do NGS são pipelines para a montagem de sequências e assim analisar as amostras individualmente.
- D. Na etapa de triagem de amostras. Cada amostra recebe um número, que é informado ao equipamento de sequenciamento.
- E. Na etapa de adição ao sequenciador. É informado ao equipamento de NGS o número de cada amostra, e assim ele consegue determiná-las para analisar.

Sua resposta está correta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ILUMINA, Inc. Processando mais amostras em menos tempo. In: Visão geral da multiplexação de amostra. [S.l.], [2022?]. Disponível em: <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/multiplexing.html>. Acesso em: 6 mar. 2023.

2. Feedback para item incorreto da questão 31

Questão 31
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Um grande avanço no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é a possibilidade de sequenciar muitas amostras, já que são reunidas em um único conjunto, chamado de pool.

Como as amostras são individualizadas para análise posterior?

Escolha uma opção:

- A. Na etapa de triagem de amostras. Cada amostra recebe um número, que é informado ao equipamento de sequenciamento.
 - Alternativa incorreta. No NGS a separação ou individualização das amostras acontece por meio de pequenos oligonucleotídeos específicos chamados *indexes*, ou popularmente "barcode", incorporados aos fragmentos de cada amostra gerados no início do processo, chamado de indexação. Como todos os fragmentos de uma mesma amostra tem seu "barcode" específico, centenas de amostras podem ser sequenciadas em paralelo, identificadas na etapa final do processo, na análise dos dados produzidos na corrida.
- B. Na etapa de adição ao sequenciador. É informado ao equipamento de NGS o número de cada amostra, e assim ele consegue determiná-las para analisar.
- C. Na etapa de análise de dados. O grande diferencial do NGS são pipelines para a montagem de sequências e assim analisar as amostras individualmente.
- D. Na etapa de indexação. Adaptadores, também chamados *indexes*, são adicionados às amostras individualmente e servem como marcadores que identificam as amostras até a análise de dados.
- E. Na etapa de amplificação do material genético. O número elevado de cópias permite selecionar amostras individualmente.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ILUMINA, Inc. Processando mais amostras em menos tempo. In: Visão geral da multiplexação de amostra. [S.l.], [2022?]. Disponível em: <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/multiplexing.html>. Acesso em: 6 mar. 2023.

3. Feedback para item incorreto da questão 31

Questão 31
Incorrecto
Atingiu 0,00 de
1,00
Marcar
questão

Um grande avanço no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é a possibilidade de sequenciar muitas amostras, já que são reunidas em um único conjunto, chamado de pool.

Como as amostras são individualizadas para análise posterior?

Escolha uma opção:

- A. Na etapa de indexação. Adaptadores, também chamados *indexes*, são adicionados às amostras individualmente e servem como marcadores que identificam as amostras até a análise de dados.
- B. Na etapa de amplificação do material genético. O número elevado de cópias permite selecionar amostras individualmente.
 - Alternativa incorreta. No NGS a separação ou individualização das amostras acontece por meio de pequenos oligonucleotídeos específicos chamados *indexes*, ou popularmente "barcode", incorporados aos fragmentos de cada amostra gerados no início do processo, chamado de indexação. Como todos os fragmentos de uma mesma amostra tem seu "barcode" específico, centenas de amostras podem ser sequenciadas em paralelo; identificadas na etapa final do processo, na análise dos dados produzidos na corrida.
- C. Na etapa de adição ao sequenciador. É informado ao equipamento de NGS o número de cada amostra, e assim ele consegue determiná-las para analisar.
- D. Na etapa de análise de dados. O grande diferencial do NGS são pipelines para a montagem de sequências e assim analisar as amostras individualmente.
- E. Na etapa de triagem de amostras. Cada amostra recebe um número, que é informado ao equipamento de sequenciamento.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): ILUMINA, Inc. Processando mais amostras em menos tempo. In: Visão geral da multiplexação de amostra. [S.l.], [2022]. Disponível em: <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/multiplexing.html>. Acesso em: 6 mar. 2023.

4. Feedback para item incorreto da questão 31

Questão 31
Incorreto
Atingiu 0,00 de 1,00

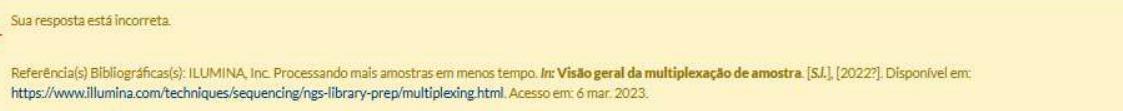
Marcar
questão

Um grande avanço no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é a possibilidade de sequenciar muitas amostras, já que são reunidas em um único conjunto, chamado de pool.

Como as amostras são individualizadas para análise posterior?

Escolha uma opção:

- A. Na etapa de indexação. Adaptadores, também chamados *indexes*, são adicionados às amostras individualmente e servem como marcadores que identificam as amostras até a análise de dados.
- B. Na etapa de análise de dados. O grande diferencial do NGS são pipelines para a montagem de sequências e assim analisar as amostras individualmente.
- C. Na etapa de triagem de amostras. Cada amostra recebe um número, que é informado ao equipamento de sequenciamento.
- D. Na etapa de adição ao sequenciador. É informado ao equipamento de NGS o número de cada amostra, e assim ele consegue determiná-las para analisar.



* Alternativa incorreta. No NGS a separação ou individualização das amostras acontece por meio de pequenos oligonucleotídeos específicos chamados *indexes*, ou popularmente "barcode", incorporados aos fragmentos de cada amostra gerados no início do processo, chamado de indexação. Como todos os fragmentos de uma mesma amostra tem seu "barcode" específico, centenas de amostras podem ser sequenciadas em paralelo, identificadas na etapa final do processo, na análise dos dados produzidos na corrida.
- E. Na etapa de amplificação do material genético. O número elevado de cópias permite selecionar amostras individualmente.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográfica(s): ILUMINA, Inc. Processando mais amostras em menos tempo. In: Visão geral da multiplexação de amostra. [S.l.]. [2022?]. Disponível em: <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/multiplexing.html>. Acesso em: 6 mar. 2023.

5. Feedback para item incorreto da questão 31

Questão 31
Incorrecto
Atingiu 0,00 de 1,00
 Marcar questão

Um grande avanço no Sequenciamento de Nova Geração (NGS) é a possibilidade de sequenciar muitas amostras, já que são reunidas em um único conjunto, chamado de pool.
Como as amostras são individualizadas para análise posterior?

Escolha uma opção:

- A. Na etapa de adição ao sequenciador. É informado ao equipamento de NGS o número de cada amostra, e assim ele consegue determiná-las para analisar.
- B. Na etapa de indexação. Adaptadores, também chamados *indexes*, são adicionados às amostras individualmente e servem como marcadores que identificam as amostras até a análise de dados.
- C. Na etapa de análise de dados. O grande diferencial do NGS são pipelines para a montagem de sequências e assim analisar as amostras individualmente.
- D. Alternativa incorreta. No NGS a separação ou individualização das amostras acontece por meio de pequenos oligonucleotídeos específicos chamados *indexes*, ou popularmente "barcode", incorporados aos fragmentos de cada amostra gerados no início do processo, chamado de indexação. Como todos os fragmentos de uma mesma amostra tem seu "barcode" específico, centenas de amostras podem ser sequenciadas em paralelo, identificadas na etapa final do processo, na análise dos dados produzidos na corrida.
- E. Na etapa de amplificação do material genético. O número elevado de cópias permite selecionar amostras individualmente.
- F. Na etapa de triagem de amostras. Cada amostra recebe um número, que é informado ao equipamento de sequenciamento.

Sua resposta está incorreta.

Referência(s) Bibliográficas(s): ILUMINA, Inc. Processando mais amostras em menos tempo. In: Visão geral da multiplexação de amostra. [S.l.], [2022?]. Disponível em: <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/multiplexing.html>. Acesso em: 6 mar. 2023.

Ao clicar no botão Finalizar a tentativa, aparece:

Avaliação final

Resumo de tentativas

Questão	Status
1	Resposta salva
2	Resposta salva
3	Resposta salva
4	Resposta salva
5	Resposta salva
6	Resposta salva
7	Resposta salva
8	Resposta salva
9	Resposta salva
10	Resposta salva
11	Resposta salva
12	Resposta salva
13	Resposta salva

Navegação do questionário

1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15						

14 Resposta salva

15 Resposta salva

[Retornar à tentativa](#)

[Enviar tudo e terminar](#)

[Iniciar o curso](#)

Seguir para...

[Pesquisa de satisfação](#)

Ao clicar no botão Enviar tudo e terminar, surge:

UNA-SUS Português - Brasil (pt_br) Tuanne Mirella da Silva Rabelo

10 Resposta salva

11 Resposta salva

12 Resposta salva

13 Resposta salva

14 Resposta salva

15 Resposta salva

[Retornar à tentativa](#)

[Enviar tudo e terminar](#)

[Iniciar o curso](#)

Seguir para...

[Pesquisa de satisfação](#)

Confirmação
Uma vez enviada, você não poderá alterar as respostas para esta tentativa.
[Enviar tudo e terminar](#) [Cancelar](#)

Confirmação
Uma vez enviada, você não poderá alterar as respostas para esta tentativa.
[Enviar tudo e terminar](#) [Cancelar](#)

Label ao clicar no botão Enviar tudo e terminar

Iniciado em: sábado, 26 Out 2024, 08:40

Estado: Finalizada

Concluída em: sábado, 26 Out 2024, 09:10

Tempo empregado: 30 minutos 19 segundos

Notas: 1,00/31,00

Avaliar: 0,32 de um máximo de 10,00(3%)

Navegação do questionário

1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15	16	17	18	19	20	21
22	23	24	25	26	27	28
29	30	31				

[Mostrar uma página por vez](#)

[Terminar revisão](#)

Resumo de tentativas anteriores

[VOLTAR](#)

Avaliação Final

Método de avaliação: Nota mais alta

Resumo das suas tentativas anteriores

Tentativa	Estado	Notas / 31,00	Nota / 10,00	Revisão
1	Finalizada Enviada(s) sexta, 25 Out 2024, 22:08	31,00	10,00	Revisão
2	Finalizada Enviada(s) sexta, 25 Out 2024, 23:15	31,00	10,00	Revisão
3	Finalizada Enviada(s) sábado, 26 Out 2024, 09:10	1,00	0,32	Revisão
4	Finalizada Enviada(s) sábado, 26 Out 2024, 11:27	1,00	0,32	Revisão
5	Finalizada Enviada(s) sábado, 26 Out 2024, 14:00	0,00	0,00	Revisão
6	Finalizada Enviada(s) sábado, 26 Out 2024, 16:26	0,00	0,00	Revisão
7	Finalizada Enviada(s) sábado, 26 Out 2024, 17:20	0,00	0,00	Revisão
8	Finalizada	0,00	0,00	Revisão
9	Finalizada Enviada(s) domingo, 27 Out 2024, 00:45	0,00	0,00	Revisão
10	Finalizada Enviada(s) domingo, 27 Out 2024, 10:57	0,00	0,00	Revisão
11	Finalizada Enviada(s) domingo, 27 Out 2024, 11:41	0,00	0,00	Revisão

Nota mais alta: 10,00 / 10,00.

[Fazer uma outra tentativa](#)[Avaliação final](#) Seguir para...[Pesquisa de satisfação ►](#)

Ao clicar no card Pesquisa de satisfação:

[VOLTAR](#)

Pesquisa de satisfação

Sua opinião é fundamental para aprimorar nosso curso. Por isso, convidamos você a avaliar este curso, respondendo nossa enquete final. Esta enquete não influencia na sua avaliação de aprendizagem ou certificação.
Obrigado por participar.

[Responda às perguntas...](#)[Avaliação Final 2 \(Tuanne\)](#) Seguir para...

Label ao clicar no botão Responda às perguntas – Pesquisa de satisfação

< VOLTAR

Enquete final

 Imprimir em Branco

NOME DO CURSO: Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais

DESCRIÇÃO: O curso de qualificação profissional em Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais foi desenvolvido pela Fiocruz e pelo Sistema Universidade Aberta do Sistema Único de Saúde (UNASUS) e é promovido pelo Instituto Todos pela Saúde (ITpS) em parceria com a Associação Brasileira de Saúde Coletiva (Abrasco), na modalidade de Educação a Distância (EaD).

CARGA HORÁRIA: 45h

Questão 1 – Pesquisa de satisfação

1 •

Antes de iniciar a matrícula do curso, tive acesso as informações claras sobre:

	Sim	Não	
1- Os objetivos do curso	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
2- Objetivos de aprendizagem	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
3- A grade curricular	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
4- O sistema de avaliação do curso	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
5- A equipe gestora do curso	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 2 – Pesquisa de satisfação

2 •

Assinale a seguir qual a melhor opção na sua opinião:

	SIM	AS VEZES	NÃO
O conteúdo apresentado foi suficiente para alcançar os objetivos do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O conteúdo desse curso está relacionado com a minha prática profissional.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
A carga horária prevista foi bem dimensionada para realizar todas as atividades propostas no curso	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 3 – Pesquisa de satisfação

3 • Antes de iniciar a matrícula do curso, tive acesso as informações claras sobre:

	SIM	NÃO
Os objetivos do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
Objetivos de aprendizagem.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
A grade curricular.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
O sistema de avaliação do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
A equipe gestora do curso	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 4 – Pesquisa de satisfação

4 • Para as questões abaixo, assinale aquela que melhor se adequa à sua opinião:

	SIM	AS VEZES	NÃO
Tive suporte técnico adequado quando encontrei dificuldades na plataforma e/ambiente de aprendizagem.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Os guias de naveabilidade na plataforma do curso foram facilitadores para o uso do ambiente de aprendizagem.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Falhas no ambiente de aprendizagem dificultaram a execução de minhas atividades no curso (Ex.: não salvar a atividade, não marcar a progressão das atividades, falhas no envio de arquivos, fechamento fora do prazo estipulado).	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 5 – Pesquisa de satisfação

5 • Acessei o curso pelos seguintes dispositivos (Marque todos que se aplicarem):

- Computador/Laptop
- Celular
- Tablet
- Outro

Questão 6 – Pesquisa de satisfação

6

O curso mostrou-se adaptado e de fácil acesso pelos seguintes dispositivos eletrônicos:

- Computador/Laptop
- Celular
- Tablet

Questão 7 – Pesquisa de satisfação

7

Julgue as assertivas a seguir com relação às avaliações:

	SIM	AS VEZES	NÃO
As avaliações relacionam a teoria e prática.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
As avaliações formativas propostas dentro do curso, antes do teste final, contribuíram para o meu aprendizado.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
A avaliação final estava coerente com o conteúdo do curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 8 – Pesquisa de satisfação

8

Com relação ao curso, julgue as assertivas a seguir.

	SIM	NÃO
O curso abordou situações-problema do meu cotidiano profissional.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
Esse curso possibilitou a problematização das situações apresentadas, ou seja, apresentou perspectivas diferentes para a reflexão sobre cada situação.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso auxilia na organização do tempo dedicado para os estudos (por exemplo, possui barras de progresso e/ou marcação do que já foi completado ou estratégias semelhantes).	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 9 – Pesquisa de satisfação

9 • Com relação a plataforma, avalie as assertivas a seguir:

	SIM	NÃO
A plataforma apresenta mecanismos de busca por conteúdo específico.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>
A plataforma oferece ferramentas para organizar os estudos.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 10 – Pesquisa de satisfação

10. Com relação as demais características do curso, avalie as assertivas a seguir.

	SIM	AS VEZES	NÃO
As atividades propostas nesse curso foram motivadoras para mim.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
As características dos recursos audiovisuais deste curso, como vídeos, ilustrações e áudios, colaboraram para o meu aprendizado.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
A linguagem utilizada nos recursos audiovisuais foi adequada para mim.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
A bibliografia recomendada nesse curso foi adequada para a compreensão do conteúdo.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
A bibliografia recomendada nesse curso foi suficiente para a compreensão do conteúdo.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Consegui acessar facilmente a bibliografia complementar sugerida.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Suas demandas administrativas (solicitação de declarações, processo de inscrição, envio de documentos etc.) foram resolvidas de maneira satisfatória pela secretaria acadêmica do Programa.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso contribuiu para minha visão crítica da realidade em que atuo.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso promoveu uma reflexão sobre meu processo de trabalho.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso contribuiu para a realização de atividades que antes não me sentia capaz de realizar.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso contribuiu para o reconhecimento e manejo de problemas.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso possibilitou a promoção de mudanças no processo de trabalho onde eu atuo.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso ampliou minha rede de relacionamento profissional.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Após o curso, percebi uma melhora na minha relação com os usuários.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
Compartilhei aprendizados do curso com meus colegas de trabalho.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso me motivou a buscar outras oportunidades de formação profissional.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>
O curso me motivou a buscar outros conhecimentos, além daqueles indicados no próprio curso.	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>

Questão 11 – Pesquisa de satisfação

11. Avalie o quanto satisfeito você ficou com o curso realizado.

Questão 12 – Pesquisa de satisfação

12*

Avalie a possibilidade de você recomendar esse curso para algum colega.

Improvável	<input type="radio"/> 1	<input type="radio"/> 2	<input type="radio"/> 3	<input type="radio"/> 4	<input type="radio"/> 5	<input type="radio"/> 6	<input type="radio"/> 7	<input type="radio"/> 8	<input type="radio"/> 9	<input type="radio"/> 10	Muito provável
------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	--------------------------	----------------

Questão 13 – Pesquisa de satisfação

13*

Você gostaria de acrescentar algum comentário sobre esse curso?

[Salvar preenchimento parcial](#)

[Enviar enquete](#)

[◀ Avaliação Final](#)

[Seguir para...](#)

- [Seguir para...](#)
- [Seguir para...](#)
- [Guia do aluno](#)
- [Enquete de abertura](#)
- [Iniciar o curso](#)
- [Avaliação final](#)

Novo acesso em Pesquisa de satisfação

Pesquisa de satisfação

Sua opinião é fundamental para aprimorar nosso curso. Por isso, convidamos você a avaliar este curso, respondendo nossa enquete final. Essa enquete não influencia na sua avaliação de aprendizagem ou certificação. Obrigado por participar.

Você já preencheu previamente esta enquete.

[Sua resposta](#)

Label do novo acesso na Pesquisa de satisfação – Sua resposta

[« VOLTAR](#)

Sua resposta



Respondente: Enviada em: domingo, 27 Out 2024, 12:55

Enquete final

NOME DO CURSO: Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais

Descrição: O curso de qualificação profissional em Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais foi desenvolvido pela Fiocruz e pelo Sistema Universidade Aberta do Sistema Único de Saúde (UNASUS) e é promovido pelo Instituto Todos pela Saúde (ITpS) em parceria com a Associação Brasileira de Saúde Coletiva (Abrasco), na modalidade de Educação a Distância (EaD).

CARGA HORÁRIA: 45h