

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 1

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**La Vigilancia Epidemiológica tiene como objetivo promover el desarrollo de investigaciones que culminen con la identificación de brotes y sus causas epidemiológicas, permitiendo establecer posibles cambios, tanto en los componentes virales que están siendo investigados como en los patrones clínicos identificados, con el objetivo de controlar y/o prevenir enfermedades. Así, la vigilancia epidemiológica se encarga de**

Seleccionar una opción:

- a. Restringir los datos sobre la vigilancia de las enfermedades ocurridas con anterioridad, ya que el conjunto de acciones inicialmente definidas no era pertinente a la situación actual porque se trata de un dato recurrente.
- b. Notificar únicamente los casos que puedan comprometer la salud a nivel nacional.
- c. A. Identificar, inicialmente, las causas probables del desarrollo de un brote y los planes de acción a implementar, sin necesidad de monitoreo periódico, ya que el patrón epidemiológico fue presentado y definido con anticipación.
- d. Recopilar, investigar, interpretar y difundir a las autoridades sanitarias las causas que llevaron a la ocurrencia de los brotes, considerando la difusión de acciones de contención y medidas para prevenir el surgimiento de nuevos casos.

[◀ Iniciar el curso](#)

[Ir a...](#)

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 2

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**La Vigilancia Genómica es esencial para el seguimiento de la aparición de mutaciones y otras alteraciones genéticas en patógenos de interés, además de permitir la generación de conocimiento sobre la dinámica de diseminación de agentes etiológicos para apoyar el uso de estrategias más efectivas para el control de brotes y epidemias. Por lo tanto, llevar a cabo una vigilancia genómica eficiente requiere la recopilación de datos mínimos, además de la recopilación de algunos datos adicionales. Estos son ejemplos de información básica y recomendada para llevar a cabo una vigilancia genómica eficiente.**

Seleccionar una opción:

- a. Básicas: documento de identidad del paciente; código postal de residencia y sexo del paciente.  
Recomendadas: antecedentes de uso de medicamentos, nivel de escolaridad e ingresos familiares.
- b. Básicas: documento de identidad del paciente; código postal de residencia y sexo del paciente.  
Recomendadas: antecedentes de pruebas bioquímicas e imagenológicas, lugar de trabajo y fecha de nacimiento.
- c. Básicas: espécimen biológico; lugar de colecta y fecha de colecta de la muestra.  
Recomendadas: historial de viajes; sospecha del sitio de infección; síntomas y evolución clínica; edad, sexo y ocupación del paciente.
- d. Básicas: documento de identidad del paciente; nombre completo del paciente y fecha de nacimiento.  
Recomendadas: grupo sanguíneo, antecedentes de uso de medicamentos, pruebas de imagen y registro de hospitalización (si lo hubiera).
- e. Básicas: nombre completo del paciente; dirección de residencia y edad del paciente.  
Recomendadas: dirección de trabajo, grupo sanguíneo y CRM (en Brasil: número de inscripción en el Consejo Regional de Medicina) del médico responsable del servicio.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ▶](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 3

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**En diciembre de 2019 se identificó en personas que frecuentaban un mercado en Wuhan, China, un nuevo coronavirus, llamado SARS-CoV-2. Este virus, responsable de la COVID-19, rápidamente se extendió por todo el mundo de forma pandémica. La historia natural de la enfermedad se adapta emblemáticamente al enfoque de “One Health” o Una Sola Salud, que son estrategias de control de enfermedades, que buscan discutir de manera más amplia los aspectos inseparables de la salud humana, animal y ambiental (Limongi, 2020).**

**Aunque no se trata de un concepto nuevo, marque la alternativa que mejor representa la razón por la cual la definición de Una Sola Salud ha estado más presente en los últimos años.**

Seleccionar una opción:

- a. Las poblaciones humanas están disminuyendo en crecimiento poblacional, limitando el contacto con animales domésticos y aumentando la probabilidad de transmisión sostenida de animal a humano.
- b. La deforestación y la consecuente reducción de la vida silvestre reducen el riesgo de contacto con animales y la posibilidad de enfermedades transmitidas entre humanos y animales. Además, las zoonosis tienden a estar restringidas a ciertas especies.
- c. La Tierra ha experimentado cambios en el clima y el uso de la tierra, como la deforestación y las prácticas agrícolas intensivas. Las alteraciones de las condiciones ambientales y los hábitats pueden proporcionar nuevas oportunidades para que las enfermedades se transmitan a los animales y a los seres humanos.
- d. Las intervenciones de los profesionales de la salud humana y animal proporcionan la cooperación necesaria para actuar en el contexto de Una Sola Salud.
- e. El intercambio de personas ya sea debido al aumento de los viajes, especialmente en avión, contribuye a la propagación de virus, pero no está relacionado con problemas de salud individuales.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ▶](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 4

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Los virus son organismos acelulares capaces de infectar bacterias, plantas y animales. Estos organismos pueden causar patologías de gran impacto en la salud pública, como la Gripe, el Sarampión, la Poliomielitis, el Dengue, la Fiebre Amarilla, la Meningitis y el SIDA, y también son responsables de la aparición de grandes pandemias como la COVID-19, la Gripe Española, el Córula y la Viruela. Con respecto a los virus y las enfermedades virales, marque la alternativa correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. Los vectores mecánicos (por ejemplo, *Aedes aegypti*) son aquellos que, además de transmitir el agente etiológico, también cumplen parte del ciclo evolutivo del patógeno, teniendo la capacidad de multiplicar el agente patológico. Los vectores biológicos, por otro lado, (por ejemplo, *Musca domestica Linnaeus*) solo transportan agentes infecciosos adheridos a partes del cuerpo.
- b. Solo los virus de ARN, debido a que tienen un material genético monocatenario, necesitan células huésped para replicarse, mientras que los virus de ADN pueden replicarse sin el uso de la maquinaria de la célula infectada.
- c. Los virus son clasificados por toda la comunidad científica como organismos vivos con un genoma de ARN.
- d. La automedicación preventiva es la mejor manera de mitigar los impactos de las infecciones virales, ya que previene los síntomas antes de la infección y la manifestación clínica.
- e. Como estrategias que puede llevar a cabo el Estado para prevenir la propagación e impactos de las enfermedades virales, se destacan: incentivar la cuarentena de los infectados, estrategias para eliminar el vector e inmunización activa de la población.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 5

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Los virus transmitidos por artrópodos se denominan arbovirus. Entre los más conocidos se encuentran los virus del dengue, el zika, la fiebre amarilla y el chikungunya. Son virus estacionales, y aunque algunos están mejor caracterizados, como el virus del dengue, algunos brotes o epidemias necesitan ser mejor comprendidos.**

**Teniendo en cuenta que la Vigilancia Genómica ofrece esta comprensión, podemos afirmar que la Vigilancia Genómica:**

Seleccionar una opción:

- a. Global del virus Chikungunya demostró que los mismos genotipos de epidemias encontrados en Brasil eran predominantes en todos los países del globo.
- b. Debe actuar en el seguimiento únicamente de los arbovirus que tengan una rutina diagnóstica bien establecida.
- c. Puede actuar para comprender la dinámica de la diseminación espaciotemporal de los arbovirus, a través de estudios filogenéticos que permitan reconstruir las entradas de un virus determinado.
- d. Es importante proporcionar a los pacientes los resultados de las patologías virales que les afectan.
- e. Debe suceder después de la propagación del arbovirus, para comprender lo que sucedió y trabajar para una posible prevención.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

Pregunta **6**

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Con el advenimiento del linaje P.1 del coronavirus, más tarde llamado GAMA, hubo un aumento significativo en el número de casos positivos para COVID-19 en varios estados de Brasil, marcado como una 2<sup>a</sup> ola de SARS-CoV-2. Esta variante fue responsable de un cambio en el escenario epidemiológico. Con esto, se evidencia la necesidad de evaluaciones de riesgo, analizadas a partir de datos genómicos, transmisibilidad, protección vacunal, perfil de gravedad, entre otros. De acuerdo con el escenario nacional provocado por el linaje GAMA, ¿cuál es la clasificación más adecuada, que posteriormente fue definida por la Organización Mundial de la Salud (OMS)?**

Seleccionar una opción:

- a. Variante de interés (VOI) Gamma, ya que esta variante provocó un aumento local de la transmisión en la región amazónica.
- b. Variante gamma de interés (VOI), ya que esta variante tiene una constelación única de mutaciones que merece atención y seguimiento.
- c. Variante de Preocupación (VOC) Gamma, ya que era una variante monitoreada ya que se detectó en Japón en viajeros provenientes de Brasil.
- d. Variante de Preocupación (VOC) Gamma, porque este linaje presenta alteraciones genéticas importantes desde el punto de vista clínico-epidemiológico, con mayor transmisibilidad y mayor riesgo de reinfección por Coronavirus.
- e. Variante de impacto gamma, ya que tiene fracaso diagnóstico, menor eficacia de las vacunas disponibles, mayor potencial de gravedad y muerte.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

Pregunta 7

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**En un Servicio de Vigilancia Genómica se debe aplicar un correcto flujo de muestras para poder seleccionar correctamente las que se deben seguir para cada etapa establecida. Teniendo esto en cuenta, marque una alternativa que cubra correctamente un flujo para la Vigilancia Genómica de virus respiratorios en un laboratorio de referencia estatal, cuya principal tecnología implementada es la secuenciación genómica.**

Seleccionar una opción:

- a. El flujo se dividirá respectivamente en: secuenciación, análisis de datos y selección de muestras. Todas las muestras serán secuenciadas, siendo tamizadas solo al final del proceso.
- b. El flujo se dividirá respectivamente en: selección de muestras y secuenciación. No se requieren etapas de control de calidad y análisis de datos.
- c. El flujo se dividirá respectivamente en: selección de muestras, secuenciación y análisis de datos. No se requieren etapas de control de calidad.
- d. El flujo se dividirá respectivamente en: selección de muestras, secuenciación y análisis de datos. Ambas fases deben incluir pasos de control de calidad para cada muestra seleccionada.
- e. El flujo se dividirá respectivamente en: secuenciación y análisis de datos. Todas las muestras serán secuenciadas, sin necesidad de selección previa.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 8

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**A pesar de ser considerado antigenéticamente estable, el virus del Sarampión tiene una variabilidad genética, especialmente en los genes N y H. En vista de la importancia de la epidemiología molecular como herramienta para la Vigilancia Genómica, podemos afirmar que, dentro del contexto de la vigilancia, el proceso de caracterización del virus del Sarampión:**

Seleccionar una opción:

- a. No necesita ser monitoreado, ya que el virus del sarampión está erradicado.
- b. Ocurre a partir de la secuenciación de la región de los genes que codifican para las proteínas spike (S) y/o la envoltura viral (E), que presentan mayor variabilidad genética en el genoma viral.
- c. Ocurre a partir de la secuenciación de la región de los genes que codifican para las proteínas de la nucleoproteína (N) y/o hemaglutinina (H), que tienen mayor variabilidad genética en el genoma viral.
- d. Se produce a partir de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de las regiones variables del virus.
- e. se produce a partir de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de las regiones conservadas del virus.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

Pregunta **9**

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Con el alto número de casos sospechosos de COVID-19 y la baja disponibilidad de insumos para la realización de pruebas masivas, de manera oportuna para la detección y aislamiento de individuos con infección activa, las pruebas rápidas de captura de antígenos (TR) se han convertido en una alternativa importante para el diagnóstico de COVID-19 en la fase aguda de la enfermedad. El Sr. Carlos, preocupado por la posibilidad de transmisión, optó por realizar una prueba rápida de antígenos el primer día que presentó síntomas similares a los de la gripe, obteniendo un resultado no detectable para COVID-19. Cinco días después, él y dos familiares, cuando repitieron la prueba, mostraron un resultado detectable para COVID-19.**

**Al evaluar las posibles causas del resultado no reactivo en la prueba rápida inicial, realizada por el Sr. Carlos, es correcto afirmar que:**

Seleccionar una opción:

- a. la falla en la toma de muestra es la única razón que puede provocar resultados falsos negativos en las pruebas rápidas, dada la alta sensibilidad del método en todas las fases de la infección aguda.
- b. una prueba rápida de captura de antígenos (TR) negativa garantiza que, en la primera prueba realizada, el individuo no tenía COVID-19, pero que hubo transmisión y contagio, por lo que dio positivo cinco días después de la primera prueba.
- c. una prueba rápida de captura de antígenos (TR) con un resultado no reactivo el primer día de síntomas descarta por completo la presencia de SARS-CoV-2, lo que elimina la necesidad de aislamiento y repetición de la prueba.
- d. dado que la prueba rápida de captura de antígenos (TR) se realizó el primer día de síntomas, es posible que el paciente tuviera una carga viral baja, característica del inicio de la infección, por lo que la presencia de SARS-CoV-2 no pudo ser detectada por la prueba utilizada.
- e. la baja especificidad de la prueba rápida de captura de antígenos puede ser la razón del resultado no reactivo del paciente.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

*Bienvenidos al recurso educativo*

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[\*\*REGRESSAR\*\*](#)

**Pregunta 10**

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**La secuenciación de nueva generación (Next Generation Sequencing - NGS) consiste en una serie de tecnologías de secuenciación que surgieron con el fin de diferenciarse de la Secuenciación por el método Sanger, que hasta entonces se utilizaba de forma más convencional. La NGS presenta varias innovaciones en comparación con la secuenciación convencional de Sanger. Una de las plataformas más destacadas y la que más se ha consolidado, sobre todo tras el inicio de la pandemia del SARS-CoV-2, es la plataforma Illumina.**

**En cuanto a las principales etapas de la preparación de la muestra mediante secuenciación de nueva generación, se puede afirmar que:**

Seleccionar una opción:

- a. con la incorporación del código de barras a los fragmentos correspondientes a cada muestra, las mismas se someten a un proceso de amplificación por PCR puente o PCR en emulsión, generando miles de copias detectadas por señales de fluorescencia. Esta etapa se denomina preparación de la biblioteca.
- b. en este paso, los nucleótidos ordenados de la región de interés se secuencian durante la síntesis de las hebras complementarias de los fragmentos, por lo que es necesario aumentar el número de copias, de modo que haya miles de copias de la misma región para que se detecte la señal. Este paso se denomina secuenciación por el método de Sanger.
- c. se extrae el material nucleico de la muestra clínica de un paciente determinado mediante el uso de kits de extracción con beads magnéticas. El material se somete a amplificación por PCR en tiempo real para determinar los valores de Ct, según lo establecido por los umbrales de control de calidad. Este paso se denomina secuenciación por el método de Sanger.
- d. el ADN de interés se quiebra en pequeños fragmentos aleatorios del mismo tamaño, mediante la acción de enzimas o procesos mecánicos. En este paso, también se utilizan ligasas, que acoplan oligonucleótidos, llamados adaptadores, a los fragmentos generados. Este paso se denomina amplificación de la biblioteca.
- e. NGS le permite secuenciar varias muestras simultáneamente porque incorpora índices o códigos de barras en los fragmentos de cada muestra al principio del proceso. Las muestras fragmentadas se identifican al final del proceso, mediante cada código de barras específico. Este paso se denomina demultiplexación.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[REGRESSAR](#)

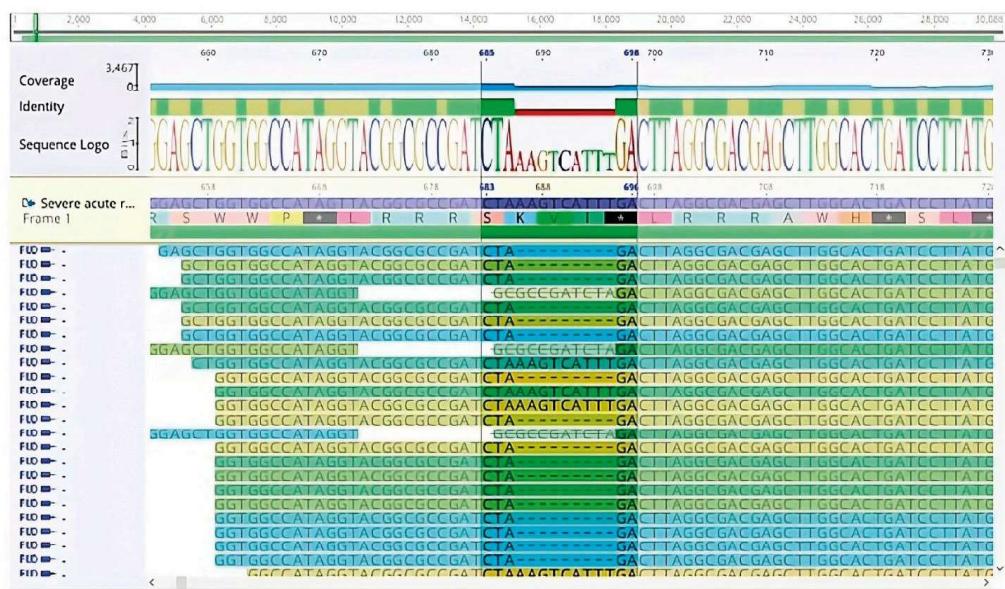
### Pregunta 11

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

Un analista bioinformático se encontró con un problema en una región del genoma secuenciado, al realizar el alineamiento de referencia de los reads como se especifica en la siguiente imagen:

Frecuencia del alelo menor (MAF)



Fuente: MIYAJIMA, Fabio; MOLINA, Fernando; CAMPUS, Julio. Curso Vigilancia Genómica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Aplicaciones y limitaciones de las metodologías para la Vigilancia Genómica (Vg). Unidadte 2. En: Metodologías y flujo de laboratorio de la Vigilancia Genómica. Brasilia/DF: UNA-SUA. Fiocruz, 2023.

A partir de este contexto y de los conocimientos asimilados durante el curso, se puede afirmar acertadamente que:

Seleccionar una opción:

- a. el archivo tiene numerosos sesgos, especialmente en regiones posteriores a la posición 1600, lo que hace imposible realizar el alineamiento y el ensamblaje.
- b. por el patrón de mutaciones presentes en la región mostrada en la imagen, se puede considerar que se trata de una muestra de la variante Delta del SARS-CoV-2. Sin embargo, no hay delección en la región de 1697 a 1709, puede considerarse una muestra recombinante.
- c. el archivo tiene muchas lecturas con bases ambiguas, y no es posible generar un consenso correcto para todo el genoma.
- d. el genoma tiene una baja cobertura horizontal en la región desde 1697 hasta 1709, expresada por el número de lecturas que contempla esta región.
- e. las lecturas tienen una baja profundidad (cobertura vertical) en la región de 1697 a 1709, no teniendo alta confianza. Este problema puede ocurrir debido a la degradación de la muestra, un error de pipeteo o una falla en el pool o cebadores utilizados.

[Ir a...](#)[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 12

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**En cuanto a la conservación del material genético de las muestras clínicas, es fundamental que todo el equipo implicado en el procesamiento de las muestras sea consciente de los cambios que se producen tras la colecta de la muestra, la extracción y las formas de conservar el material hasta su uso. La pandemia de COVID-19, causada por el virus SARS-CoV-2, ha demostrado que se necesita una logística adecuada para que las muestras puedan conservarse adecuadamente y producir resultados confiables. Considerando una vigilancia genómica para COVID-19, realizada a partir del material genético del virus SARS-CoV-2, responda a la alternativa correcta en cuanto a la conservación de esta muestra:**

Seleccionar una opción:

- a. Al tratarse de un virus de ARN, el material genético aislado solo es viable si se mantiene en nitrógeno líquido, a temperaturas ultra bajas, cercanas a los -150 °C.
- b. Al tratarse de un virus de ARN, el material genético aislado debe almacenarse a 4 °C para que no haya degradación por congelación y descongelación.
- c. Debido a que se trata de un virus de ADN, el material genético aislado puede almacenarse a 4 °C durante varias semanas.
- d. El material genético del virus debe conservarse inmediatamente en un freezer a -80 °C, porque tiene aislado el ADN bicatenario, que es muy inestable.
- e. El material genético aislado del virus debe conservarse en un freezer a -80 °C, ya que tenemos ARN aislado que puede degradarse a temperaturas más altas por tratarse de un virus de ARN monocatenario.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 13

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**La mayoría de los laboratorios clínicos que procesan muestras biológicas están clasificados con nivel de bioseguridad 2, NB2. Los niveles se definen por el grado de protección proporcionado al personal del laboratorio, al medio ambiente y a la comunidad. Asimismo, los organismos también se clasifican según su potencial patogénico. En algunos casos, pueden ser necesarios diferentes niveles de bioseguridad para el mismo microorganismo.**

**Con respecto a este asunto, seleccione la alternativa correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. Si el laboratorio dispone de EPC (equipos de protección colectiva), como cabinas de seguridad biológica, no es necesario el uso de EPI (equipos de protección individual).
- b. Después de la inactivación térmica de las muestras sospechosas para el virus SARS-CoV-2, no es necesario que la continuidad del trabajo se realice en el nivel de bioseguridad 2.
- c. El diagnóstico de muestras biológicas sospechosas para el virus Sars-CoV-2 se puede realizar en un laboratorio en el nivel de bioseguridad 2, pero el cultivo viral solo se puede realizar en el nivel de bioseguridad 3.
- d. La secuenciación del virus SARS-CoV-2 debe realizarse en un laboratorio de nivel 3 de bioseguridad, ya que para el ensamblaje del genoma se generan numerosas copias de fragmentos de ADN del virus.
- e. El diagnóstico de muestras sospechosas de virus SARS-CoV-2 se puede realizar en un laboratorio con el nivel de bioseguridad 2, pero el cultivo viral solo se puede realizar con el nivel máximo de bioseguridad, NB-4.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 14

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**La extracción de ácidos nucleicos de muestras biológicas es la etapa inicial de muchos de los abordajes en biología molecular, como la PCR y la secuenciación. Con respecto a los métodos de extracción existentes, seleccione la alternativa correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. La extracción de fenol/cloroformo es uno de los métodos de extracción más nuevos y da como resultado la separación de ADN y ARN en una fase acuosa.
- b. La mayoría de los equipos disponibles en el mercado para la extracción automatizada de ácidos nucleicos se basan en la metodología de extracción en fase sólida, utilizando columnas de sílice.
- c. Brevemente, el proceso de extracción de ácidos nucleicos de muestras biológicas se puede describir en las etapas de: 1) desnaturalización de proteínas; 2) separación del ácido nucleico de otras macromoléculas; 3) lavado, y 4) precipitación o elución final.
- d. La extracción utilizando perlas magnéticas se basa en la unión de ácidos nucleicos a perlas magnéticas, las cuales, al fijarse en un campo magnético, permiten realizar lavados para eliminar macromoléculas y otras impurezas, para posterior elución del material genético adherido.
- e. En la extracción en fase sólida, las macromoléculas y otras impurezas permanecen adsorbidas a la columna de sílice, mientras que la elución del material genético ocurre después del primer lavado.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 15

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Con la llegada de la pandemia de COVID-19, hubo una aplicación sin precedentes de herramientas de biología molecular que tenían como objetivo monitorear la aparición de nuevas variantes del SARS-CoV-2. Como resultado, también hubo una mayor popularización del uso de ensayos de inferencia molecular para el genotipado de variantes. Con relación al tema, elija la alternativa correcta:**

Seleccionar una opción:

- a. Los ensayos de inferencia molecular son el estándar de oro para la clasificación de linajes.
- b. A pesar de ser una metodología simple y objetiva, los ensayos de inferencia tienen un alto tiempo de respuesta y no están indicados para el monitoreo de poblaciones en tiempo real.
- c. Los ensayos de inferencia consisten en ensayos moleculares basados en qPCR para la detección de mutaciones características de los linajes, y pueden utilizarse como herramienta complementaria a la secuenciación.
- d. Por ser una metodología de alto costo, el uso de ensayos de inferencia para la vigilancia genómica está restringido a laboratorios con altos recursos financieros y mano de obra altamente especializada.
- e. El uso de ensayos de inferencia molecular permite definir el linaje filogenético de un virus mediante la identificación de la secuencia completa de nucleótidos presentes en el genoma del patógeno, siendo una gran alternativa para reemplazar la secuenciación de nueva generación (NGS).

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 16

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**El método de secuenciación por Sanger fue desarrollado por Fred Sanger y sus colaboradores en 1977 y fue una técnica pionera responsable de una revolución genómica en el campo. Con respecto al principio de secuenciación de Sanger, elija la alternativa correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. El método de Sanger se basa en la síntesis de una hebra complementaria al ADN de interés, mediante una amplificación puente, utilizando nucleótidos que emiten fluorescencia tras su incorporación por complementariedad, permitiendo la identificación de la secuencia de interés.
- b. El método de Sanger se basa en el uso de chips semiconductores capaces de detectar cambios en el pH causados por la liberación de iones de hidrógeno ( $H^+$ ) durante la polimerización del ADN, determinando la secuencia de la molécula.
- c. El método de Sanger se basa en el uso de nucleótidos modificados con fluoróforos, marcados como didesoxinucleótidos (dDNTP), que interrumpen la síntesis de fragmentos de ADN, lo que resulta en la producción de copias con diferentes tamaños y permite la identificación del último nucleótido adicionado a cada fragmento.
- d. El método de Sanger se basa en el paso de una sola hebra de ADN a través de un nanoporo de proteína incrustado en una membrana y bajo la acción de un campo eléctrico. Cada nucleótido provoca un cambio estándar en la corriente iónica, que se puede utilizar para secuenciar la molécula.
- e. El método de Sanger ofrece la misma capacidad de procesamiento del genoma que la NGS, siendo una metodología de menor escala y más cara para pocas muestras.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ▶](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 17

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**La secuenciación del genoma completo de los patógenos por el método de Sanger no se considera la mejor técnica para la vigilancia molecular, siendo el método de NGS el más apropiado cuando el objetivo es conocer el genoma completo. El método de Sanger se ha aplicado, por ejemplo, para la identificación de las principales variantes, ya sean de preocupación (VOCs) o de interés (VOIs), del SARS-CoV-2. En cuanto a la secuenciación por el método de Sanger, se puede afirmar que**

Seleccionar una opción:

- a. El método de Sanger, al utilizar nucleótidos marcados, puede ser leído en tiempo real por equipos de PCR que detectan los fluoróforos específicos de la reacción de secuenciación.
- b. El método de Sanger implica la producción de muchas copias de una región de interés de la ARN polimerasa.
- c. El método de Sanger incluye los pasos de transcripción inversa del ARN viral en ADNc, amplificación de la región de interés (hasta 800 pb) por PCR convencional, reacción de Sanger con didesoxinucleótidos marcados (dDNTP) y electroforesis capilar.
- d. En el método de Sanger es posible secuenciar grandes grupos de muestras simultáneamente en la misma reacción.
- e. La secuenciación de Sanger puede utilizarse para detectar de forma más rentable y rápida múltiples variantes de un genoma presentes en grandes volúmenes de muestra.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 18

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Pensemos que, en su rutina, un analista bioinformático notó un problema en la generación de la secuencia consenso: el archivo FASTA generado estaba vacío. Por otro lado, verificó que todos los pasos y comandos se ejecutaran correctamente. Para resolver esto, el analista abrió el archivo FASTQ sin procesar generado por el secuenciador. ¿Qué tipo de problema podría haber ocurrido en el archivo FASTQ?**

Seleccionar una opción:

- a. Los **reads** tuvieron valores de calidad por debajo del límite estipulado en el programa, no superando el filtro de calidad utilizado por el software.
- b. El alineamiento de los **reads** dentro del archivo FASTQ fue realizada incorrectamente por el analista.
- c. Los **reads** generados eran de tamaño inadecuado, alrededor de 150 a 300 pb.
- d. El archivo FASTQ tenía el encabezado que comenzaba con "@", lo que impedía la generación del genoma consenso.
- e. Se localizaron 2 archivos FASTQ (R1 y R2) para cada muestra. Debido a que estaban duplicados, el algoritmo no pudo diferenciar.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

## *Bienvenidos al recurso educativo*

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[REGRESSAR](#)

Pregunta 19

**Sin responder aún**

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**La imagen que se muestra a continuación contiene la secuencia de nucleótidos de un genoma, pequeños fragmentos de material genético generados a partir de la secuenciación de nueva generación (NGS), con un encabezado y valores de calidad para cada base generada.**

**Fuente:** MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Túlio. *Curso Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales. Módulo 3: Aplicación de los conocimientos metodológicos en la resolución de problemas de laboratorio. Unidad 2. En: Metodologías y flujo de laboratorio de la Vigilancia Genómica*. Brasília/DF: UNAS. Fiocruz, 2023.

¿Qué tipo de archivo (extensión) se ilustra en la imagen?

Seleccionar una opción:

- a. Archivo SAM
  - b. Archivo FASTA
  - c. Archivo BED
  - d. Archivo FASTQ
  - e. Archivo PDB

 Iniciar el curso

Ira



Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 20

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**Ha aprendido que la transcripción inversa acoplada a la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-qPCR) es la tecnología más utilizada para el diagnóstico de virus respiratorios en muestras de hisopos nasofaríngeos. Una alternativa prometedora es el diagnóstico basado en la técnica de transcripción reversa seguida de amplificación isotérmica mediada por bucle (RT-LAMP). Con respecto a la técnica RT-LAMP, seleccione la alternativa correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. En una PCR convencional, la temperatura es responsable de separar las hebras de ADNc para que se produzca la amplificación. En RT-LAMP, la propia ARN polimerasa logra este proceso, lo que permite que ocurra a diferentes temperaturas.
- b. Al igual que la RT-qPCR, la RT-LAMP requiere el uso de termocicladores, con variación de temperatura en los ciclos de PCR.
- c. La tecnología de RT-LAMP es fácil de realizar en comparación con RT-qPCR, pero tarda aproximadamente 2 horas en generar datos.
- d. La tecnología RT-LAMP es fácil de realizar, requiriendo un periodo medio de 15 minutos para obtener resultados, presentando una reducción considerable del tiempo de retorno en comparación con otras tecnologías basadas en PCR.
- e. La tecnología RT-LAMP no se basa en el uso de la enzima polimerasa, sino que es isotérmica (temperatura fija) durante todo el proceso.

[◀ Iniciar el curso](#)

[Ir a...](#)

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 21

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Con el fin de satisfacer las demandas diagnósticas de forma más rápida y eficiente, se han desarrollado diferentes técnicas alternativas de PCR en tiempo real, entre las que se puede exemplificar el All-in-one. Con respecto a la PCR All-in-one, marque la alternativa correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. En la PCR All-in-one, las muestras de ARN se disuelven en una solución para la amplificación directa del material, en tiempo real, con detección mediante sondas específicas.
- b. La técnica de PCR All-in-one es ampliamente utilizada en la detección rápida de Mycobacterium tuberculosis, que causa la tuberculosis.
- c. La técnica fue desarrollada para generar un resultado en hasta 5 minutos, a partir de 50 uL de muestra clínica.
- d. En la PCR All-in-one, no es necesario extraer el material genético. La muestra clínica ya pasa directamente a la etapa de amplificación.
- e. La plataforma All-in-one consiste en la extracción de ácidos nucleicos, a partir de la cual la muestra clínica se introduce en uno de los compartimentos del cartucho y, con la ayuda de un émbolo, se transporta a un segundo compartimento, donde se adhiere a las perlas magnéticas y se extrae mediante maceración mecánica.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 22

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**Se instalará un nuevo laboratorio de biología molecular y se le ha invitado a formar parte del equipo técnico para aprobar la disposición del espacio de los protocolos de organización de los flujos de trabajo. Teniendo en cuenta sus conocimientos adquiridos en el curso y que este laboratorio realizará pruebas PCR convencionales y en tiempo real (RT-qPCR), electroforesis y secuenciación, seleccione la alternativa correcta con relación a la organización del laboratorio.**

Seleccionar una opción:

- a. Las salas de pre-PCR y las muestras pueden estar en el mismo entorno, solo separando los flujos en áreas distintas.
- b. Las mesas de laboratorio de PCR deben limpiarse diariamente con una solución de alcohol isopropílico, ya que es un método más seguro y de bajo costo.
- c. El equipo de protección personal debe ser exclusivo de cada operador. Se recomienda que el operador use una sola bata de laboratorio desechable en todas las áreas y la deseche al final de la semana.
- d. Es conveniente que el mismo operario que realiza la preparación del gel de electroforesis, realice posteriormente otra preparación de la mezcla en la pre-PCR para asegurar la continuidad de los pasos.
- e. El laboratorio que trabaja con la detección molecular del mismo patógeno no necesita procesos rutinarios de descontaminación, ya que no habrá reacción cruzada.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 23

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**Durante la pandemia de SARS-CoV-2, las agencias de salud implementaron varias medidas para controlar la propagación del virus y prevenir la propagación de nuevas variantes. Una medida importante fue la implementación de Centros de Pruebas de Viajeros en los aeropuertos y estaciones de autobuses en los principales puntos de salida y entrada de las capitales. En este contexto, se puede afirmar con razón que:**

Seleccionar una opción:

- a. Los resultados de las pruebas rápidas recolectadas en los Centros de Pruebas del Viajero (SARS-CoV-2 detectable o indetectable) no regresan al paciente, sirviendo exclusivamente para que las agencias de salud monitoreen la tasa de casos y la circulación de variantes en la población.
- b. Se solicita la recolección de una nueva muestra a las personas con el resultado detectable para SARS-CoV-2, para que pueda ser enviada a los laboratorios de vigilancia genómica de la región para ingresar a un flujo prioritario para la secuenciación genómica.
- c. Se solicita la recolección de una nueva muestra a individuos con un resultado no detectable para SARS-CoV-2, para que pueda ser enviada a los laboratorios de diagnóstico de la región para confirmar el resultado por RT-qPCR.
- d. El objetivo de la implementación de los Centros de Pruebas para Viajeros es realizar pruebas rápidas al 100% de los viajeros en el momento en que llegan a su destino.
- e. Después del resultado detectable para SARS-CoV-2, se requiere que la persona regrese a su ciudad de origen para cumplir aislamiento social.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ▶](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

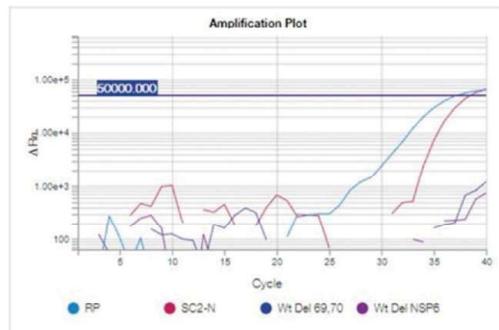
[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 24

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

Observe el gráfico atentamente.



Well#	Omit#	Sample#	Target#	Cq#
O24	□	NTC	SC2-N	38.46
O24	□	NTC	Wt Del NSP6	Undetermined
O24	□	NTC	Wt Del 69,70	Undetermined
O24	□	NTC	RP	37.17

Fuente: MIYAJIMA, Fabio; MOTTA, Fernando; CAMPOS, Túlio. Curso Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales. Módulo 3: Aplicación de los conocimientos metodológicos en la resolución de problemas de laboratorio. Unidad 2. En: *Metodologías y flujo de laboratorio de la Vigilancia Genómica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Se refiere al resultado del control negativo (NTC, del inglés No Template Control) de una PCR en tiempo real de un kit para detección del virus SARS-CoV-2. El kit molecular utilizado visa la amplificación de la región de interés en el gen N, además de posibilitar la investigación de algunas VOCs por medio de la presencia o ausencia de algunas delecciones en los genes ORF1a y spike. Como control interno de la reacción, el ensayo detecta una región del gen constitutivo humano, RNAsaP (RP), también conocido como control endógeno. Para el análisis de los resultados, los parámetros de aceptación para detección de los targets descriptos en este kit son Ct ≤ 40 para WT del.69\_70, WT del. NSP6 y SC2-N y, Ct ≤ 38 para RP.

Con base en los criterios de validación de la corrida, en relación con el resultado presentado en este gráfico, es correcto afirmar que:

Seleccionar una opción:

- a. La rutina se consideró válida porque la amplificación de Cts de los genes SC2-N y RP estaba por debajo de 40.
- b. La rutina se consideró válida porque se amplificó el gen RP, lo que garantizó la calidad de la extracción.
- c. La rutina se consideró inválida porque todos los genes deberían haber sido amplificados.
- d. La rutina se consideró inválida debido a la amplificación del gen SC2-N.
- e. La rutina se consideró válida, ya que solo la mitad de los targets se amplificaron.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...



Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 25

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**Las muestras sospechosas de COVID-19 se envían diariamente a los centros de análisis con el fin de determinar su probable positividad, carga viral y posible direccionamiento para estudios que puedan corroborar para la vigilancia del SARS-CoV-2. En el contexto epidemiológico de la pandemia, un alto número de muestras son detectables para Covid-19. Para llevar a cabo la vigilancia genómica de estas muestras, se puede afirmar con razón que:**

Seleccionar una opción:

- a. La selección de la muestra se basa en ensayos de inferencia que pueden determinar los CTs de las muestras y predecir posibles variantes e incluso casos de coinfección.
- b. La selección de la muestra se realiza mediante secuenciación por Sanger, para confirmar las regiones genómicas del virus y las mutaciones, y posteriormente, las muestras que pasan la selección de muestras se envían para secuenciación por NGS.
- c. Todas las muestras positivas para Covid-19 se envían para su secuenciación genómica, ya que el contexto epidemiológico se define en base al escenario actual.
- d. A pesar de corroborar el monitoreo genómico del SARS-CoV-2, lo que permite una mayor investigación, ya que no tiene delimitación de Cts para la región/target de interés, los ensayos de inferencia a menudo ya no se utilizan en el cribado de laboratorio debido a la frecuente incompatibilidad de las variantes identificadas en relación con los resultados obtenidos por NGS.
- e. Solo a través de NGS es posible inferir qué variantes están circulando, asegurando el seguimiento/vigilancia de los genomas.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 26

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**Joana, de 35 años, fue hospitalizada debido a un tumor en el intestino delgado. Necesitaba una cirugía electiva urgente, ya que el tumor comenzaba a generar molestias y malestares que podrían evolucionar hacia el empeoramiento de la condición del paciente en el futuro. Sin embargo, el proceso ocurrió durante un pico de una de las olas de COVID-19 en la ciudad donde Joana sería operada. Ante esta situación, ¿qué procedimiento sería el más adecuado para realizar la cirugía de Joana?**

Seleccionar una opción:

- a. La paciente puede someterse a una cirugía si se realiza una prueba serológica para detectar el anticuerpo IgG anti-SARS-CoV-2 para estar seguro de si será inmune al virus y podrá realizar la cirugía.
- b. Realizar la cirugía de cualquier manera, ya que la salud del paciente es mucho más importante.
- c. En caso de un procedimiento riesgoso, el paciente debe someterse a pruebas moleculares por PCR antes de realizar el procedimiento. En caso de un resultado negativo, el paciente puede proceder con la cirugía. En caso de un resultado positivo, se deben considerar los riesgos antes de realizar la cirugía.
- d. El paciente debe estar hospitalizado durante 3 días en el hospital en observación. Si tiene algún síntoma de COVID-19 durante este período, no se somete a cirugía. Si no tiene síntomas, la cirugía debe realizarse al 4º día de hospitalización.
- e. El paciente debe regresar solo cuando haya pasado el pico de la enfermedad.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 27

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Con el alto número de casos positivos para SARS-CoV-2, fue necesario implementar criterios más estrictos para asegurar el flujo de donantes y receptores de órganos sólidos, corroborando la toma de decisiones en las Unidades de Salud, sin perjudicar los flujos y las emergencias. Elija entre las siguientes alternativas, la que identifique correctamente los criterios establecidos para estos casos.**

**Con el fin de la Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional por Covid-19, decretada por la Organización Mundial de la Salud (OMS) en mayo de 2023, los flujos de diagnóstico, pruebas y trasplantes han cambiado. Sin embargo, el fin de la Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional por Covid-19 no significa que el SARS-CoV-2 haya dejado de representar un riesgo, especialmente para aquellos grupos vulnerables. De acuerdo con la Nota Técnica Conjunta 140/2023 – Gestión del riesgo sanitario del SARS-CoV-2 para la donación y trasplante de órganos y tejidos oculares, estos flujos podrán ser revisados periódicamente, considerando la estacionalidad viral y los posibles cambios en el escenario epidemiológico.**

Seleccionar una opción:

- a. En los trasplantes de riñón, hígado y pulmón, al tratarse de órganos que se deterioran rápidamente, el tiempo de liberación de las pruebas diagnósticas de COVID-19 debe ser lo más corto posible, idealmente realizado en menos de 4 horas.
- b. Los donantes vivos de órganos con antecedentes de COVID-19 menos de 28 días después del inicio de los síntomas y RT-qPCR NO DETECTABLE, son elegibles para la donación.
- c. Para todos los posibles donantes, se debe realizar una recolección del tracto respiratorio superior (hisopado nasofaríngeo).
- d. Para los donantes de córnea, está indicada la prueba considerada el estándar de oro para la detección del SARS-CoV-2, la RT-qPCR. Esto se debe a la demanda de tiempo necesario para obtener los demás exámenes preoperatorios y la viabilidad del órgano en vista de la fecha límite para realizar la cirugía.
- e. El donante con COVID-19 confirmado por RT-qPCR hace menos de 10 días y si solo ha tenido síntomas leves, es elegible para la donación de órganos.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 28

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**Durante la pandemia provocada por la COVID-19 se identificaron numerosos patrones de mutaciones que dieron lugar a diferentes variantes. Algunas de estas variantes tienen un impacto directo en los servicios de salud pública, siendo responsables de periodos de aislamiento social. ¿Qué metodologías deben utilizar los servicios de vigilancia genómica para identificar nuevas variantes?**

Seleccionar una opción:

- a. Los resultados diagnósticos positivos de las unidades centinela deben enviarse para que todas las muestras sean secuenciadas por el método de Sanger, sin tener en cuenta los padrones de calidad de muestras.
- b. La secuenciación debe utilizarse para la vigilancia genómica, sin necesidad de otras tecnologías para el seguimiento activo de nuevas variantes.
- c. Los resultados diagnósticos positivos deben utilizarse para la vigilancia genómica, ya que generan valores de la variante presente en la muestra.
- d. Los resultados diagnósticos positivos no deben utilizarse para la vigilancia genómica, ya que no generan valores de la variante presente en la muestra.
- e. Los resultados diagnósticos positivos de las unidades centinela deben enviarse para su cribado utilizando normas de calidad (como el Ct de la muestra) para la secuenciación de NGS u otras metodologías.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

*Bienvenidos al recurso educativo*

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[\*\*REGRESSAR\*\*](#)

Sin responder aún

Se puntuó como 0 sobre 1,00

Lizandra, de 30 años, es analista en un laboratorio de Biología Molecular que brinda servicios de Vigilancia Genómica. Había recibido un nuevo kit de prueba de inferencia utilizado para identificar diferentes variantes de SARS-CoV-2. Este kit es un RT-qPCR multiplex y tiene la capacidad de detectar 4 targets diferentes en la misma reacción. Los targets son:

1. RP, que detecta el gen de una RNAsa P humana y sirve como control interno;
2. SC2-N, que detecta el gen N de la nucleocápside viral de SARS-CoV-2;
3. wt delNSP6, que detecta una delección en la región NSP6 del virus, y
4. wt del69,70, que detecta una delección en la posición 69 y 70 del gen S del virus.

Lizandra leyó cuidadosamente el manual del fabricante de la prueba y evaluó los patrones de amplificación que caracterizaban a cada variante. Se dio cuenta de que la prueba detectaba más de una variante por patrón de amplificación. Luego, identificó que el análisis de los resultados también dependía del período epidemiológico en el que se encontraba la muestra. Además de estos parámetros, Lizandra se dio cuenta de que los resultados dependían de los valores de Ct y de la confianza de la curva de amplificación. Para reducir las posibilidades de error, decidió preparar dos tablas, recopilando la información leída:

## INTERPRETACION DE LOS RESULTADOS - 4PLEX

Targets amplificados	Mes de colecta	Resultado
RP SC2-N	DIC/2020 - ABR/2021	ALFA
RP SC2-N	DIC/2021 - ACTUAL	Ómicron
RP SC2-N Wt Del 69,70	ENE/2021 - AGO/2021	GAMMA/P1
RP SC2-N Wt Del 69,70	ABR/2022 - ACTUAL	BA.2/Ómicron
RP SC2-N Wt Del 69,70 Wt Del NSP6	MAR/2020 - MAR/2021	ZETA/P2/VOI/Salvaje
RP SC2-N Wt Del 69,70 Wt Del NSP6	JUL/2021 - ENE/2022	DELTA

## INTERPRETACIÓN DE LOS RESULTADOS USANDO EL CT y CONFIANZA - 4PLEX

Targets	CT	Confianza	Resultado
RP Target viral	menor o = 35.00	mayor o = 0.5	Válido
	menor 40.00		
RP	mayor 35.00	menor o = 0.5	Indeterminado



Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 30

Sin responder aún

Se puntuá como 0 sobre 1,00

**En una reacción RT-qPCR Multiplex, se realizan varios análisis para validar un resultado. Teniendo en cuenta todas las validaciones que deben verificarse en una reacción para obtener un resultado confiable, elija la afirmación correcta.**

Seleccionar una opción:

- a. Se puede publicar un resultado de diagnóstico con un kit desactualizado, siempre que todos los controles estén presentes correctamente. Es decir, controles positivos y endógenos con amplificación y controles negativos sin amplificación.
- b. Un resultado de diagnóstico puede publicarse como negativo si no hay amplificación en la reacción, y siempre que el equipo y los kits estén actualizados y calibrados.
- c. Se puede publicar un resultado de diagnóstico, siempre que todos los reactivos y calibraciones estén dentro de la fecha de validad y los controles positivo y negativo no sean defectuosos.
- d. Un resultado de diagnóstico puede ser publicado y considerado confiable si los reactivos están dentro de la fecha de validad y el equipo está calibrado.
- e. Se puede publicar un resultado de diagnóstico si los controles positivo y negativo de un kit válido no están defectuosos, incluso si el equipo no está calibrado.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)

Bienvenidos al recurso educativo

## Vigilancia genómica aplicada a enfermedades infecciosas y virales

[◀ REGRESSAR](#)

### Pregunta 31

Sin responder aún

Se puntúa como 0 sobre 1,00

**Un gran avance en la secuenciación de nueva generación (NGS) es la posibilidad de secuenciar muchas muestras, ya que se reúnen en un solo conjunto, llamado pool.**

**¿Cómo se individualizan las muestras para su posterior análisis?**

Seleccionar una opción:

- a. En la etapa de selección de muestras. A cada muestra se le asigna un número, que se comunica al equipo de secuenciación.
- b. En la etapa de indexación. Los adaptadores, también llamados índices, se agregan a las muestras individualmente y sirven como marcadores que identifican las muestras hasta el análisis de datos.
- c. En la etapa de análisis de datos. El gran diferencial de la NGS son los pipelines para ensamblar secuencias y, por lo tanto, analizar las muestras individualmente.
- d. En el paso de agregar al secuenciador. El equipo de NGS es informado del número de cada muestra, y así puede determinarlas para su análisis.
- e. En la etapa de amplificación del material genético. El elevado número de copias permite seleccionar muestras individuales.

[◀ Iniciar el curso](#)

Ir a...

[Encuesta de satisfacción ►](#)