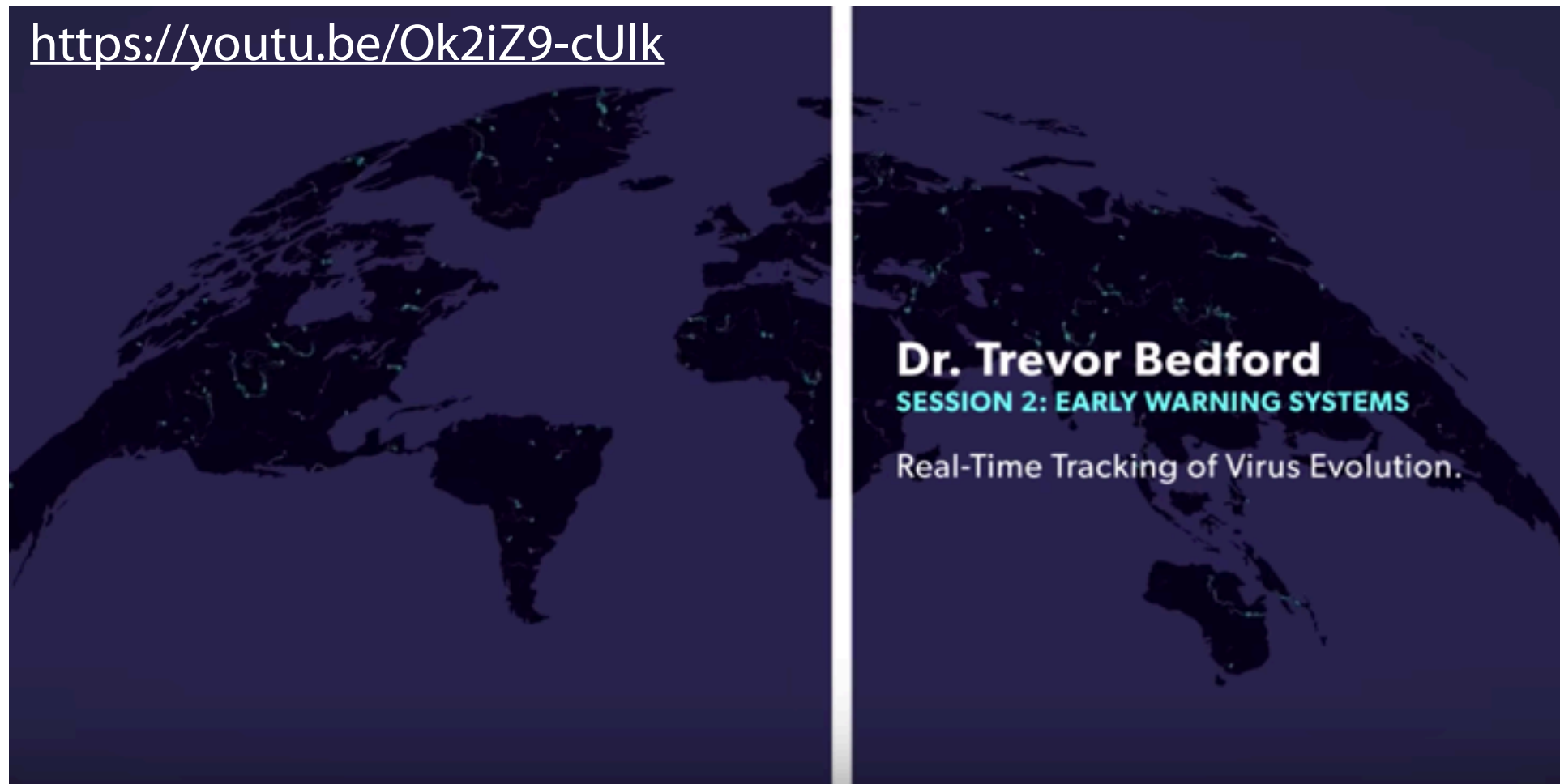


**hoy comenzamos con un sondeo en relación con la conferencia
de Trevor Bedford que vimos como introducción**



1. con respecto al Zika en Brasil:

- a. fue introducido desde Colombia
- b. la información filogenética permite saber que llegó un año y medio antes de que se diera el primer reporte
- c. llegó primero al suroeste de Brasil
- d. las muestras fueron secuenciadas por las autoridades y el proyecto Nexstrain sólo recibió las secuencias

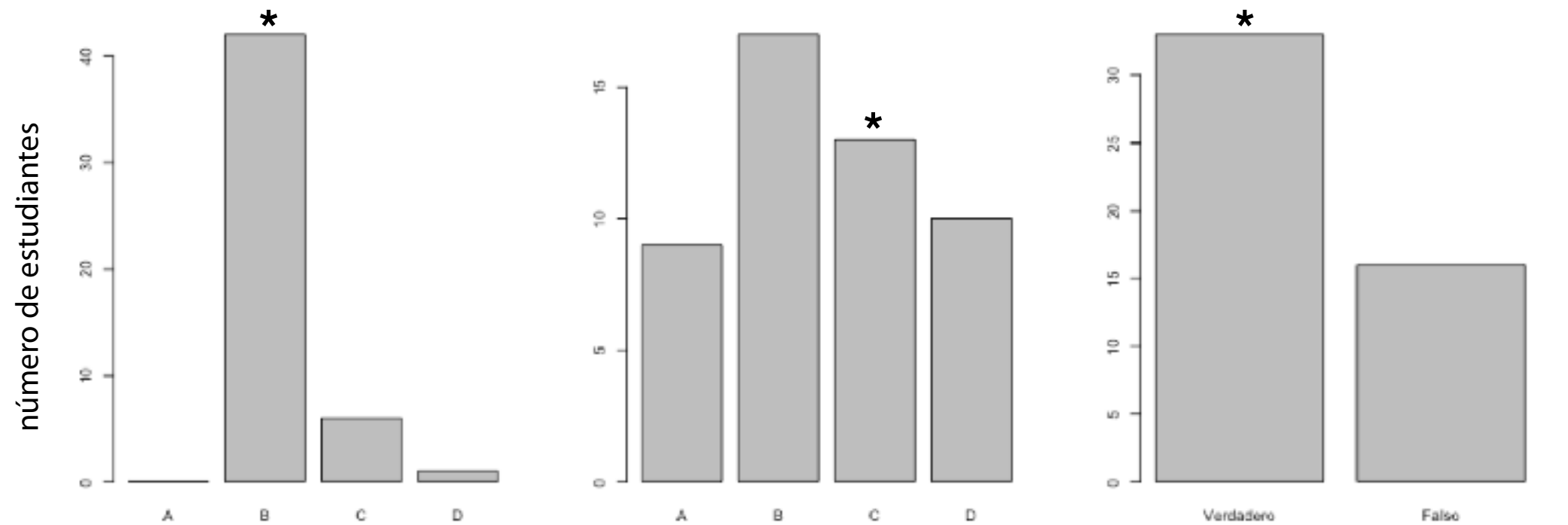
2. ¿cuál de las siguientes es una afirmación correcta?

- a. los virus de zika que circulan en las islas vírgenes forman un grupo monofilético.
- b. los virus de ébola que infectan humanos son un grupo polifilético.
- c. los virus de zika de la polinesia francesa son un grupo parafilético.
- d. ninguna de las anteriores.

3. cerrar fronteras durante el brote de Ébola en África fue efectivo

- a. verdadero
- b. falso

resultados del sondeo - las opciones correctas están señaladas



con respecto al Zika en Brasil:

- fue introducido desde Colombia
- la información filogenética permite saber que llegó un año y medio antes de que se diera el primer reporte
- llegó primero al suroeste de Brasil
- las muestras fueron secuenciadas por las autoridades y el proyecto Nexstrain sólo recibió las secuencias

¿cuál de las siguientes es una afirmación correcta?

- los virus de zika que circulan en las islas vírgenes forman un grupo monofilético
- los virus de ébola que infectan humanos son un grupo polifilético
- los virus de zika de la polinesia francesa son un grupo parafilético
- ninguna de las anteriores.

cerrar fronteras durante el brote de Ébola en África fue efectivo

- verdadero
- falso

los virus de zika de las islas vírgenes no son un grupo monofilético

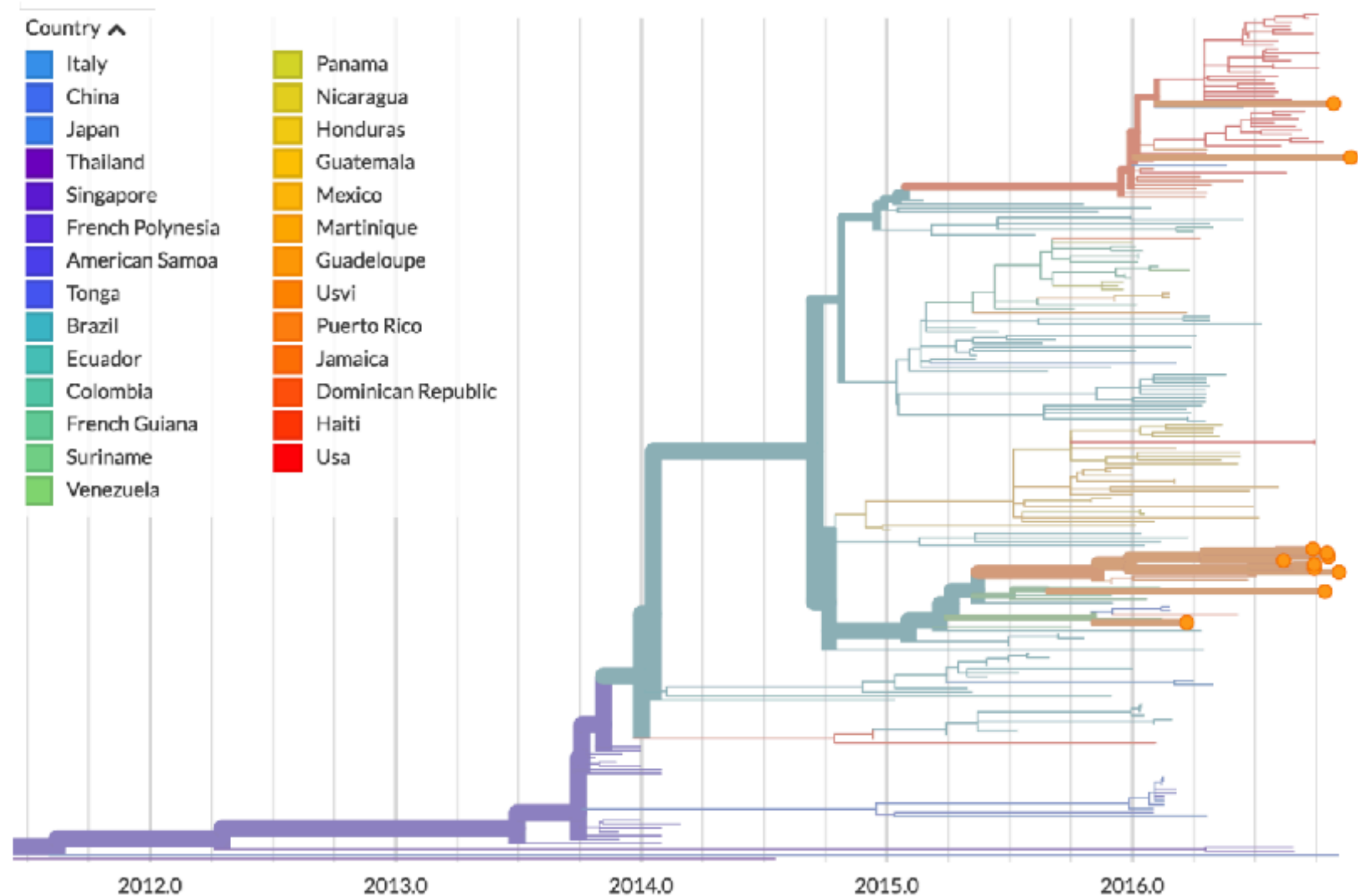
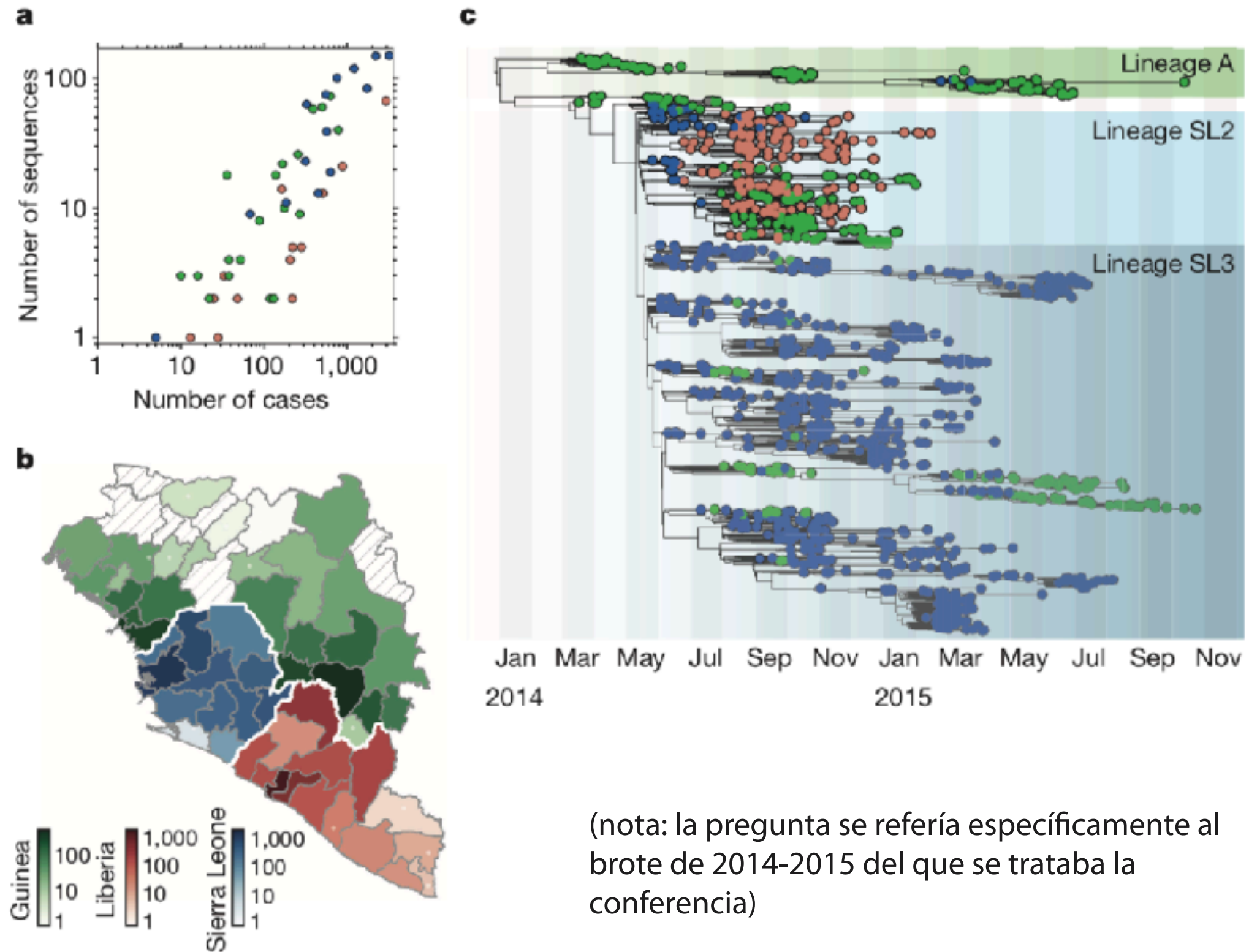


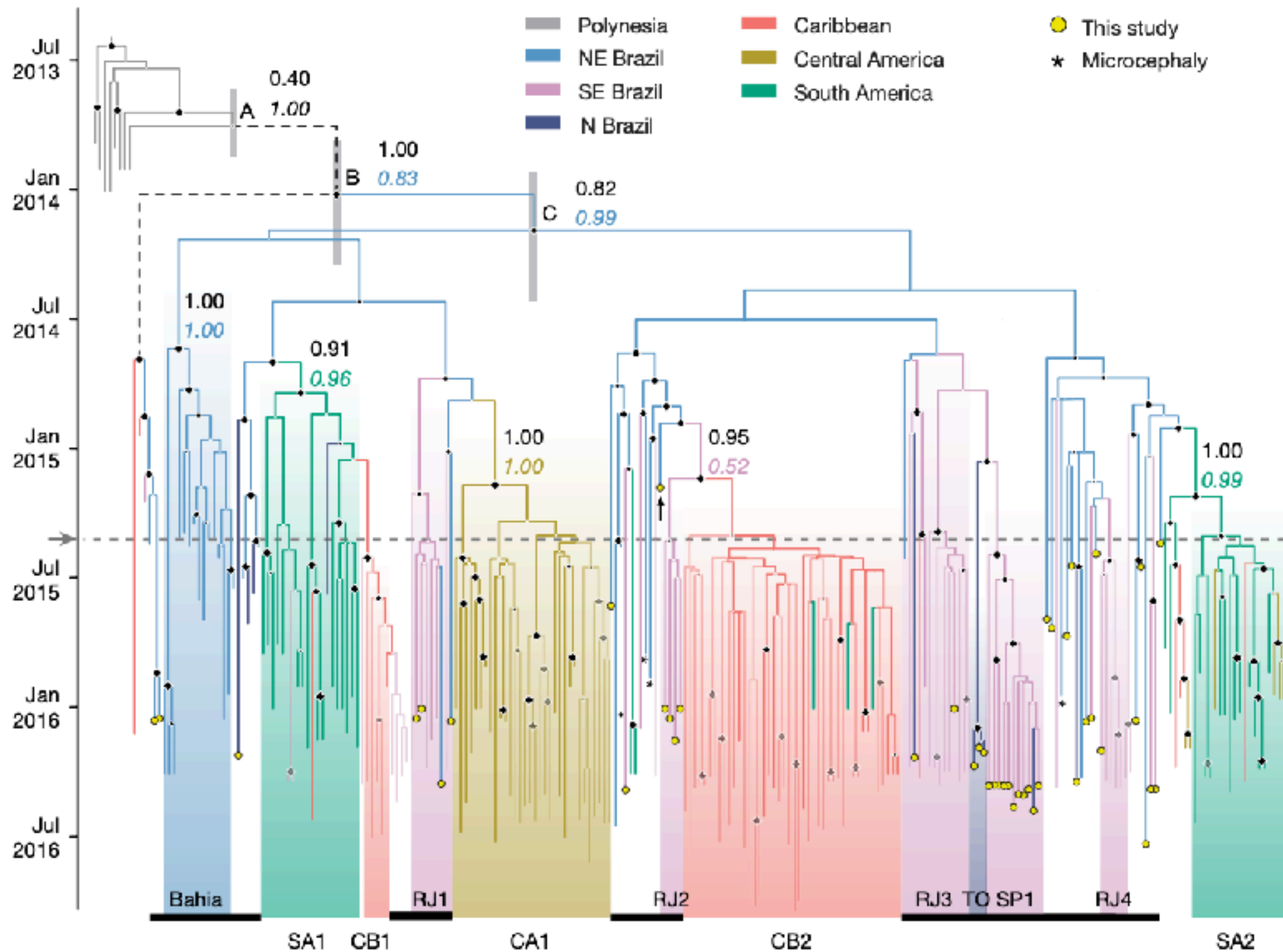
Figure 1. Preliminary phylogeny showing 11 Zika genomes from the USVI. This tree is taken from nextstrain.org/zika and shows a time calibrated phylogeny of publicly available Zika genomes.

los virus de ébola que afectan humanos no son un grupo parafilético

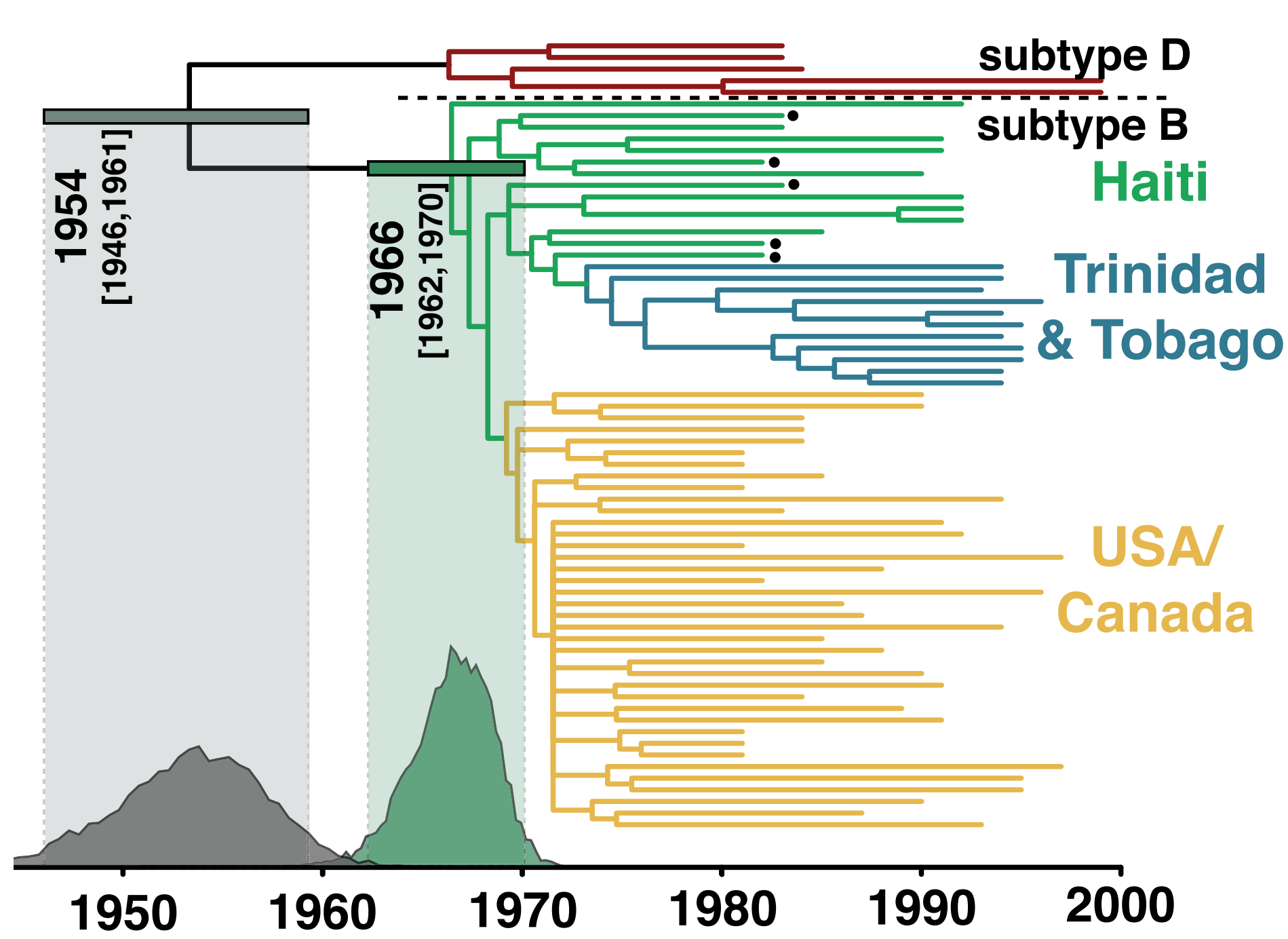


(nota: la pregunta se refería específicamente al brote de 2014-2015 del que se trataba la conferencia)

los virus de zika de la polinesia francesa sí son un grupo paraflético



virus, filogenias y la temporalidad de epidemias: HIV-1 M subtipo B en USA

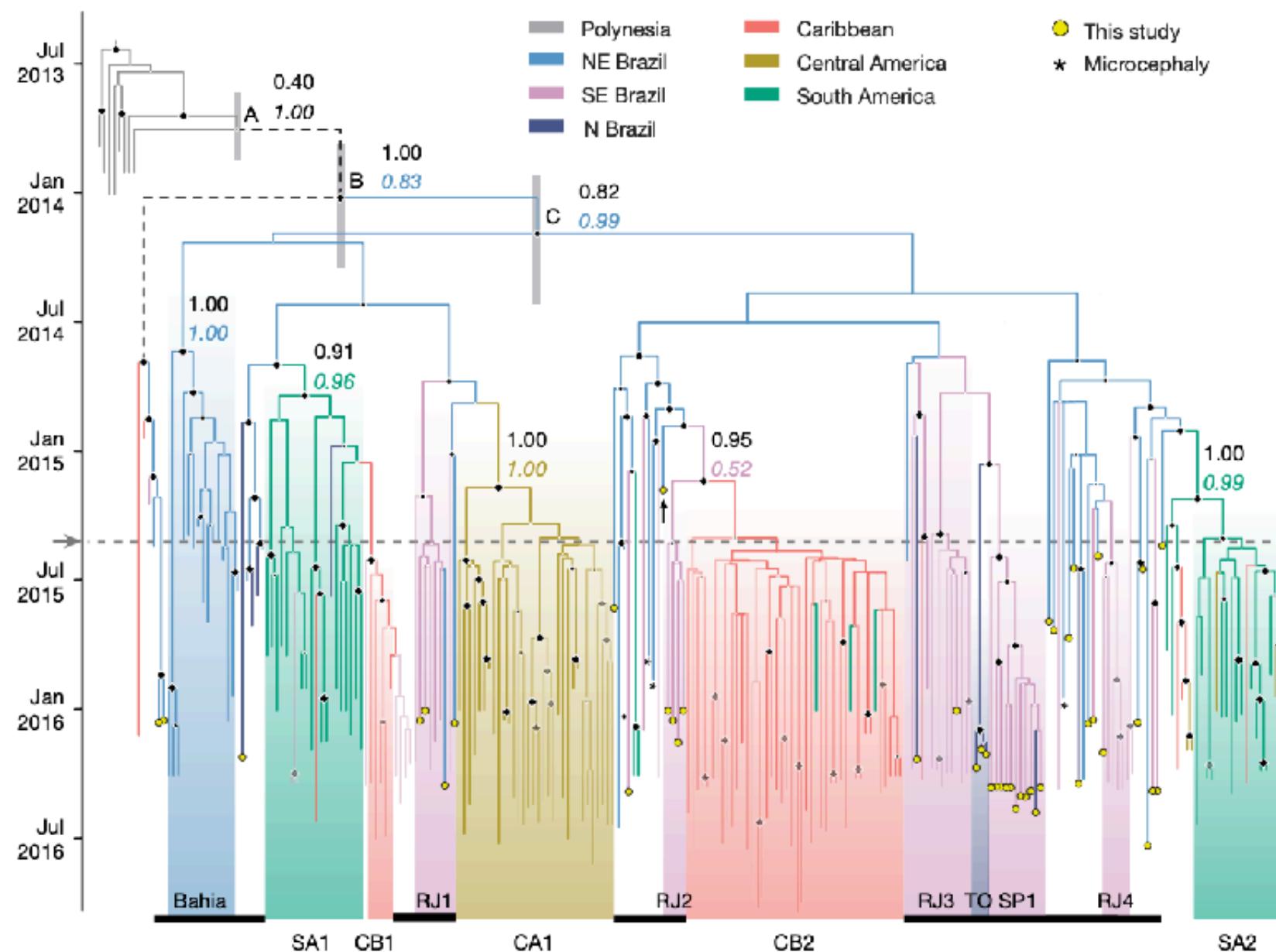


The emergence of HIV/AIDS in the Americas and beyond

M. Thomas P. Gilbert^{*1}, Andrew Rambaut[†], Gabriela Wlasiuk[‡], Thomas J. Spira[§], Arthur E. Pitchevnik[¶], and Michael Worobey^{*||}

Establishment and cryptic transmission of Zika virus in Brazil and the Americas

N. R. Faria^{1,2*}, J. Quilley^{2,3*}, I. M. Claro^{4,5*}, J. Thézé^{6,7*}, L. C. de Jesus^{8,9*}, M. Giovanetti^{10,11*}, M. U. G. Kraemer^{12,13*}, S. C. Hill^{14*}, A. Black^{15,16*}, A. C. da Costa¹⁷, L. C. Franco¹⁸, S. P. Silva¹⁹, C. H. Wu²⁰, J. Raghuram²¹, S. Cauchemez^{12,22}, L. du Plessis²³, M. P. Verotti²⁴, W. K. de Oliveira^{25,26}, E. H. Carmo²⁷, G. E. Coelho^{28,29}, A. C. F. S. Santelli^{30,31}, L. C. Vinhal³², C. M. Henriques³³, J. T. Simpson³⁴, M. Loose³⁵, K. G. Andersen³⁶, N. D. Grubaugh³⁷, S. Somasekar³⁸, C. Y. Chiu³⁹, J. E. Muñoz-Medina⁴⁰, C. R. Gonzalez-Bonilla⁴¹, C. F. Arias⁴², L. L. Lewis-Nimenez⁴³, S. A. Baylis⁴⁴, A. O. Chieppe⁴⁵, S. F. Aguiar⁴⁶, C. A. Fernandes⁴⁷, P. S. Lemos⁴⁸, B. L. S. Nascimento⁴⁹, H. A. O. Monteiro⁵⁰, J. C. Siqueira⁵¹, M. G. de Queiroz⁵², T. R. de Souza^{53,54}, J. F. Bezerra^{55,56}, M. R. Lemos⁵⁷, G. F. Pereira⁵⁸, D. Loudal⁵⁹, L. C. Moura⁶⁰, R. Dhalia⁶¹, R. F. França⁶², T. Magalhães^{63,64}, E. T. Marques Jr⁶⁵, T. Jaenisch⁶⁶, G. L. Wallau⁶⁷, M. C. de Lima⁶⁸, V. Nascimento⁶⁹, E. M. de Caceres⁷⁰, M. M. de Lima⁷¹, D. L. Mascarenhas⁷², J. P. Moura Neto⁷³, A. S. Levin⁷⁴, T. R. Tozetto-Mendoza⁷⁵, S. N. Fonseca⁷⁶, M. C. Mendes-Correa⁷⁷, F. P. Milagres⁷⁸, A. Segurado⁷⁹, E. C. Holmes⁸⁰, A. Rambaut^{81,82}, T. Bedford⁸³, M. R. T. Nunes^{84,85}, E. C. Sabino⁸⁶, L. C. J. Alcantara⁸⁷, N. J. Loman⁸⁸ & O. G. Pybus^{89,90}

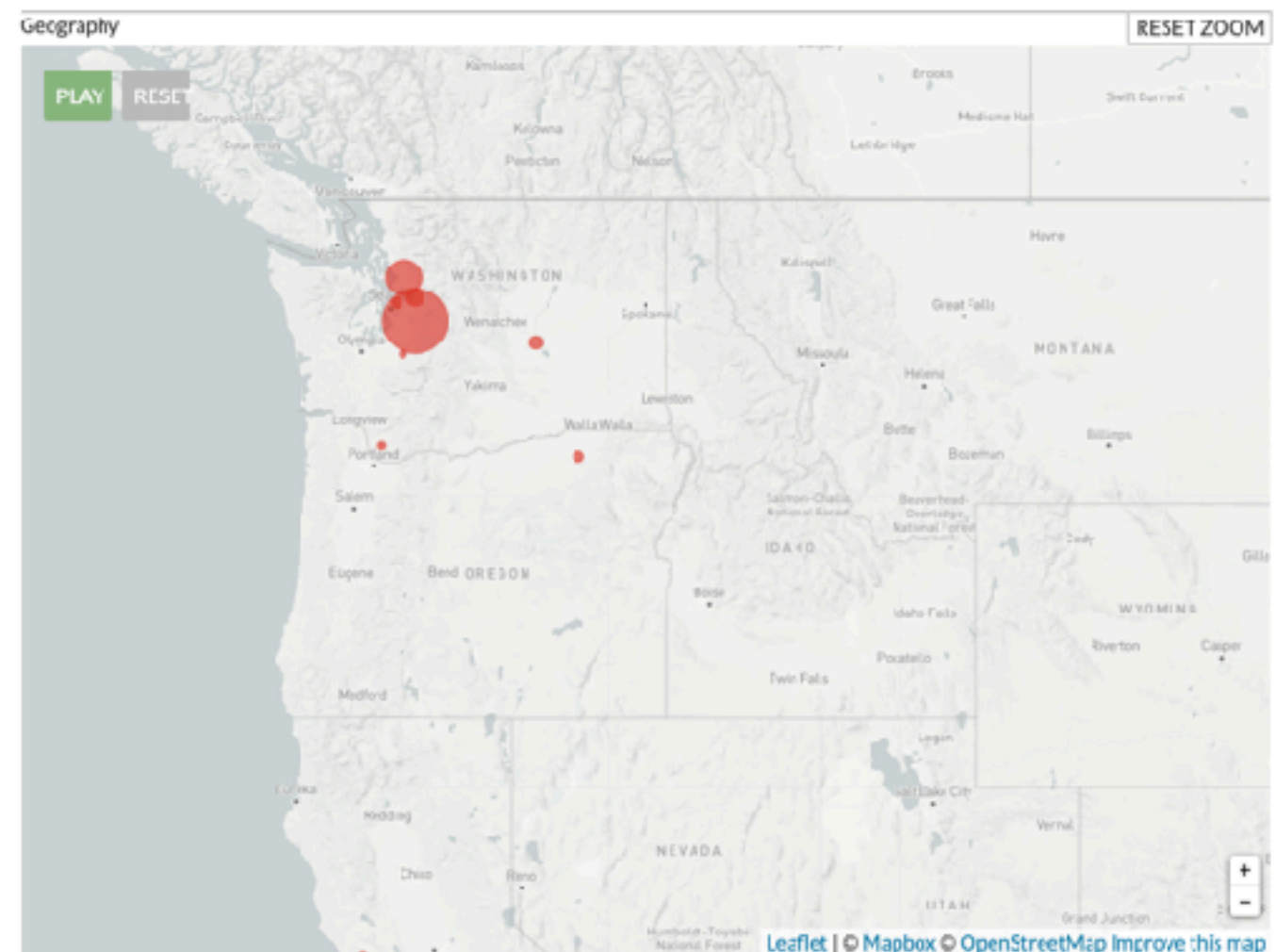
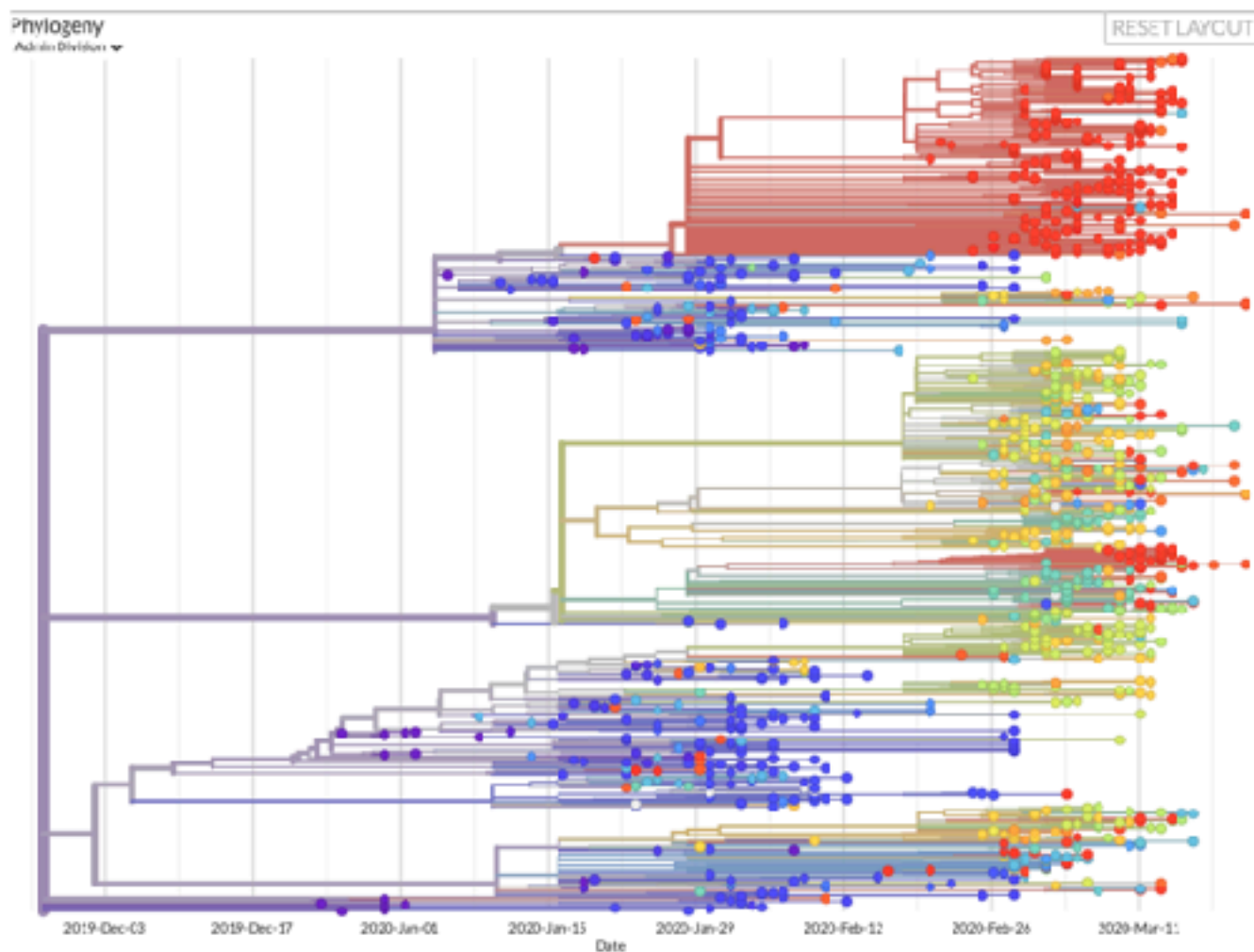


COVID-19 en el estado de Washington, E. U.



Maintained by [the Nextstrain team](#). Enabled by data from [GISAID](#)

Showing 1249 of 1249 genomes sampled between Dec 2019 and Mar 2020.



<https://nextstrain.org/ncov?r=location>