# **ESTUDIO DE CASOS: Re-emergencia Mpox**

Esta guía nos lleva a través de un estudio de caso en el que planificaremos un análisis para entender la re-emergencia de un brote de Mpox y planear acciones de vigilancia genómica

**Descarga datos:** Descargue los datos del taller del siguiente vínculo

<https://drive.google.com/file/d/1ZzlWH4_xP0CMWFm5pgOAk1amfisJ9Oo5/view?usp=sharing>

**CASO**

Detección de casos en viajeros

* Ustedes son un equipo de científicos que trabaja en salud pública en la Zona 1 y fueron contactados para analizar un reciente brote de MPOX.
* Tres de los pacientes tienen antecedente de viaje a la Zona 2, donde se ha reportado la introducción y circulación del Clado Ib.
* Se sospecha la aparición del Clado Ib ,ya que uno de los pacientes con antecedente de viaje a la Zona 2 presenta múltiples máculas y lesiones en todo el cuerpo.
* Las muestras de tres viajeros fueron enviadas a instituciones aliadas cercanas a los puntos de ingreso.
  + La institución A secuenció dos muestras con tecnología Illumina con un protocolo de ADN total,
  + La institución B secuenció una muestra con un MinION de ONT por un método de amplicones.
  + Ambos laboratorios les han enviado únicamente las lecturas FASTQ para análisis.

Muestras del brote actual

* Además de esto, su institución cuenta con dos muestras del brote reciente que tienen disponible para secuenciar.

**¿Qué estrategias emplearon las instituciones aliadas para atender la emergencia y cuáles pueden ser sus ventajas y desventajas?**

|  |
| --- |
| **R/** |

Otras secuencias disponibles

* Dentro de bases de datos, cuenta con cuatro secuencias de genoma completo de muestras recientes de la Región 1.
* También encontró en bases de datos genomas reportados por la Zona 2 pertenecientes al Clado Ib.

**Muestras nuevas:**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Procedencia** | **Código de la muestra** | **Presentación clínica** | **Plataforma** | **Archivos** |
| Viajero desde Zona 2 | muestra01-v2 | Lesión perianal, fiebre | Illumina | FASTQ lecturas (ADN total) |
| Viajero desde Zona 2 | muestra02-v2 | Lesiones en todo el cuerpo | Illumina | FASTQ lecturas  (ADN total) |
| Zona 1 | muestra03-z1 | Lesiones genitales | Illumina | FASTQ lecturas  (Amplicon seq) |
| Zona 1 | muestra04-z1 | Lesión perianal | Illumina | FASTQ lecturas  (Amplicon seq) |
| Viajero desde Zona 2 | muestra05-z1 | Lesiones orales, dolor de cabeza | Nanopore | FASTQ lecturas  (Amplicon seq) |

**Secuencias previas de la Zona 1 y 2:**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Procedencia** | **Código de la muestra** | **Presentación clínica** | **Plataforma** | **Archivos** |
| Zona 1 | base01-z1 |  | Nanopore | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base02-z1 |  | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base03-z1 |  | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base04-z1 | Otro | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base05-z1 |  | unknown | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 2 | base06-z2 |  | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 2 | base07-z2 | Lesiones | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 2 | base08-z2 | Lesiones | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base09-z1 | Lesiones | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base10-z1 | Otro | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 2 | base11-z2 | Otro | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base12-z1 | Lesión genital | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 2 | base13-z2 | Lesion | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base14-z1 |  | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base15-z1 |  | Nanopore MinION | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base16-z1 | Orofaringea | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base17-z1 | Tejido | Sanger | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 2 | base18-z2 | Lesión genital | Illumina MiSeq | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base19-z1 |  | Oxford Nanopore | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base20-z1 |  | Oxford Nanopore | base-zona1-zona2.fasta |
| Zona 1 | base21-z1 |  | Oxford Nanopore | base-zona1-zona2.fasta |

**Tareas por parte del líder de la misión:**

Les han encargado la caracterización de las nuevas muestras secuenciadas,

1. Identificar el virus del Mpox en las muestras

2. Análisis metagenómico a las muestras de ADN total

3. Caracterización de genomas y linajes

4. Ubicación filogenética de las muestras.

5. Realizar la preparación de un estudio de vigilancia genómica.

6. Contestar preguntas y preparar información para tomadores de decisión y los medios

**Análisis de las muestras de mNGS**

**¿Qué organismos encontró en el análisis en CZ ID? ¿Son estas asignaciones precisas?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**¿Cómo confirmaron que los alineamientos microbianos de CZ ID son precisos?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Análisis de las muestras de amplicones**

**¿Cuántas secuencias consenso obtuvieron en CZ ID? ¿Cómo podrían mejorar estos pasos?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Análisis de epidemiología genómica**

**¿Cómo se relacionan las muestras con las secuencias que se tenían en base de datos?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**¿El brote podría estar relacionado a nuevas introducciones del virus?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**¿Cómo podrían sus hallazgos impactar el tratamiento de pacientes o la salud pública?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Diseño experimental de un estudio de vigilancia genómica**

**¿Cómo podrías usar la genómica para apoyar la vigilancia del evento?** Para dar luz a esta primera pregunta, concentren la información en la siguiente tabla.

|  |  |
| --- | --- |
| **Selección de muestras** | *¿Qué tipo de muestras recolectarían? ¿Cuántas? ¿Cuáles se secuenciarían?* |
| **Almacenamiento de muestras** | *¿Cómo recolectarían y almacenarían las muestras?* |
| **Preparación de librerías** | *¿Cómo procesarían las muestras? ¿Extracción?* |
| **Secuenciación** | *¿Cómo secuenciarían las muestras? ¿Qué controles incluiría?* |

**¿Qué metadatos clínicos recolectarán sobre estos pacientes?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Plan de análisis**

**¿Una vez terminada la secuenciación, qué harían con los datos “crudos”?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**¿Cómo confirmarían que sus librerías de secuenciación son de alta calidad?**

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Comunicación**

**Preguntas del ministro:**

**1.** ¿Lo que tenemos en Zona 1 es igual a lo que tienen en Zona 2?

**2.** ¿Este brote en Zona 1 fue causado por la llegada de viajeros que estuvieron en la Zona 2?

**3.** ¿Qué más podemos hacer?

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Preguntas de los medios:**

**1.** ¿El Mpox no había terminado en 2022?

**2.** ¿Llegó Clado Ib?

**3.** ¿Por qué uno de los pacientes tiene lesiones por todo el cuerpo y los demás no (muestra02-v2)?

**4.** ¿Estamos preparados para la llegada de Clado Ib?

|  |
| --- |
| **R/.** |

**Presentación**

Prepare dos presentaciones con la información obtenida en este estudio dirigidos a actores diferentes. Una primera presentación para un funcionario tomador de decisiones en salud pública y otro para un medio de comunicación que realizará una nota para informar a la comunidad.