

Sobre el tipado de bacterias productoras de carbapenemasas mediante IR-FT, es cierto que (indique la opción correcta):

Ha demostrado ser una herramienta rápida para la detección de brotes nosocomiales para algunas especies.

Es capaz de detectar un clon de riesgo que pertenezca a un determinado ST si previamente se ha creado una base de datos.

La gran cantidad de datos generados requiere de software estadístico para poder hacer el análisis de los resultados.

Es una técnica muy fácil de realizar y fácil de interpretar.

Todas las anteriores son ciertas.

2

El objetivo del control activo de portadores de bacterias productoras de carbapenemasas es:

Conocer la epidemiología local de estos patógenos.

Comprender dónde, cuándo y qué pacientes poseen riesgo de colonizarse o incluso de enfermar por este tipo de microorganismos.

Diseñar medidas adecuadas de control de la infección y asignar mejor los recursos en función de las necesidades.

Evitar la generación de brotes o situaciones endémicas.

Todas las opciones son válidas.

3

Señala la opción correcta en relación a la metodología de análisis metagenómicos para el control de la diseminación de la resistencia a antibióticos respecto a las bacterias productoras de carbapenemasas

Cada análisis de vigilancia epidemiológica puede incluir herramientas metagenómicas únicas o combinadas (WGS, cultivo, qPCR, 16SRNA, shotgun metagenomics, Minion, ...).

Existen iniciativas de armonización de flujos de trabajo y de adaptación de redes vigilancia epidemiológica para la aplicación, interpretación y comunicación de resultados metagenómicos.

No existe armonización del uso de herramientas metagenómicas (tipo, número y métrica de comunicación de resultados).

No existen redes de vigilancia epidemiológica metagenómica.

Todas las anteriores son ciertas.

4

En relación a la resistencia adquirida a carbapenémicos en bacilos Gram-negativos:

Es anecdótica en España.

Siempre está codificada por genes productores de carbapenemasas.

Solo es necesario su estudio en enterobacteriales.

Precisa de la búsqueda y estudio activo en algunos pacientes y entornos asistenciales de elevado riesgo.

Se ha de confirmar por una técnica de tipo molecular.

5

En relación a las técnicas microbiológicas disponibles, no es cierto que:

Puede valorarse el utilizar otras muestras diferentes al frotis rectal.

Además de los medios cromogénicos comerciales exista la posibilidad de utilizar medios selectivos convencionales suplementados con antibiótico.

Se puede prescindir del enriquecimiento previo en caldo de cultivo suplementado con antibiótico salvo que se trate de un paciente con alta sospecha de colonización y el cultivo directo haya sido negativo.

Las guías no contemplen el uso de técnicas inmunocromatográficas (*Lateral-Flow Assays*) pero ya existan experiencias a partir de una preincubación corta del frotis rectal en medio líquido.

Actualmente se considere que la PCR directa de frotis rectal es el “gold standard” por su elevada sensibilidad y especificidad. Un resultado negativo descarta con certeza la presencia de este tipo de microorganismos.

6

La reconstrucción y análisis de las secuencias de plásmidos que albergan los genes de resistencia en bacterias multirresistentes nos ofrece la gran ventaja de poder comprender la epidemiología molecular de los plásmidos transferibles, pero las principales dificultades de este análisis son:

El ensamblado de los plásmidos a partir de lecturas cortas es difícil por tratarse de secuencias que presentan muchas regiones repetidas, lo que a veces requiere combinar la secuenciación de lectura larga y corta.

No se dispone de bases de datos de plásmidos en los repositorios públicos.

Las necesidades de cómputo son tan grandes que no es posible realizar este tipo de análisis.

Una vez que hemos conseguido reconstruir los plásmidos carecemos de herramientas que permitan una representación gráfica de los mismos.

Que se trate de fragmentos de ADN que pueden contener genes que codifican resistencia a antibióticos.

7

La vigilancia de las bacterias productoras de carbapenemasas es necesaria porque..., (indique la opción incorrecta):

La mortalidad atribuible a las infecciones por bacterias resistentes a carbapenems es importante y va en aumento.

Las carbapenemasas están codificadas por genes localizados en elementos genéticos móviles capaces de diseminarse rápidamente entre diferentes especies bacterianas.

La detección precoz de un brote implica establecer medidas de higiene rápidamente y evitar la expansión de estas bacterias.

Los niveles de resistencia a carbapenems en enterobacterias están creciendo anualmente.

Si la vigilancia es exhaustiva se puede evitar realizar el lavado de manos.

8

Señala la opción correcta en relación a la búsqueda activa de bacterias productoras de carbapenemasas (BPC):

Se debe realizar de manera universal en cualquier paciente que ingrese en un hospital de agudos.

Está protocolizado y no depende de la epidemiología local.

Se recomienda en pacientes con colonización previa por CR-GNB, contactos de pacientes colonizados o infectados por CR-GNB y pacientes con antecedentes de hospitalización reciente en entornos endémicos de CR-GNB.

No varía en función de la procedencia ni de la unidad en la que ingresa el paciente. Es independiente del nivel asistencial, en los centros de larga estancia se han de seguir los mismos protocolos que en el hospital de agudos cribando a cualquier paciente al ingreso.

9

La metagenómica puede ser utilizada en la vigilancia epidemiológica de las bacterias productoras de carbapenemasas para:

Caracterización de brotes hospitalarios.

Detección y control de portadores.

Monitorización de las aguas residuales hospitalarias (contaminación medioambiental por bacterias productoras de carbapenemasas de residuos hospitalarios).

Solo se aplica con fines de investigación; hay métodos más baratos, menos laboriosos, y de sensibilidad similar.

“a”, “b”, y “c”.

10

¿Qué ventajas presenta la metagenómica respecto a otras técnicas dependientes de cultivo (e.g. cultivo, WGS) y no-dependientes de cultivo (e.g. qPCR)?

Permite cuantificar la abundancia y diversidad de bacterias productoras de carbapenemasas.

Proporciona resultados rápidos y de alta sensibilidad.

Presenta un gran potencial para el análisis de alta resolución de la diseminación y evolución de bacterias productoras de carbapenemasas a nivel global.

“a” y “c”.

“a”, “b”, y “c”.

11

Sobre la espectroscopia de infrarrojos con transformada de Fourier (IR-FT), indique la opción incorrecta:

La luz infrarroja ioniza las moléculas y estas se separan en un campo electromagnético hasta llegar al detector.

Utiliza la radiación correspondiente a la luz infrarroja media.

La parte del espectro obtenido que se utiliza para el tipado es la correspondiente a los carbohidratos.

El tiempo de respuesta es muy rápido.

Al utilizar pocos reactivos, es una técnica con un coste muy bajo.

12

Sobre los métodos moleculares de tipado, indique la opción incorrecta:

La electroforesis en campo pulsado es un método con un valor discriminativo muy alto.

La electroforesis en campo pulsado es un método poco reproducible.

El MLST (multilocus sequence typing) es un método reproducible.

El MLST se basa en la secuencia de 8 genes muy conservados la secuencia de 7 genes con un alto grado de variabilidad genética.

La secuenciación del genoma completo (WGS) es un método con un valor discriminativo muy alto.

13

¿Cuál es el principal objetivo del proyecto EURGen-RefLabCap?

El control de *Acinetobacter baumannii* resistente a antibióticos carbapenémicos. Determinar la distribución geográfica de clones resistentes a múltiples antibióticos y elementos de resistencia transmissibles.

Dar soporte a los Laboratorios Nacionales de Referencia europeos para la capacitación, establecimiento de redes, y controles de calidad en el campo de la resistencia a antibióticos.

Vigilar la diseminación de Enterobacterales resistentes a colistina y/o antibióticos carbapenémicos.

Es la continuación de EUR-Gen-Net.

14

Los métodos que se utilizan para realizar la búsqueda de mecanismos de resistencias utilizan diferentes aproximaciones, alguna de las que se indica NO es cierta.

BLAST que permiten identificar los genes diana en las secuencias ensambladas. Se trata solo de herramientas de uso local que necesitamos instalar en nuestro ordenador.

Alineamiento de las lecturas crudas frente a bases de datos de genes de Resistencia.

Análisis de co-ocurrencia de k-mers entre la secuencia diana (WGS) y la base de datos de genes de Resistencia.

Requieren del uso de bases de datos de calidad y actualizadas con los genes diana que se pretende buscar en nuestros genomas.

15

En relación a la red EURGen-Net, señala la opción **incorrecta**:

Su objetivo principal es la vigilancia de clones y mecanismos de resistencia a nivel europeo.

Es una red para la vigilancia genómica de bacterias multirresistentes de importancia para la salud pública.

El CCRE-survey es el principal proyecto desarrollado hasta la fecha por EURGen-Net.

Recoge datos de sensibilidad a antibióticos de forma continua en patógenos invasivos.

Está coordinada por el ECDC.

16

Referente a la integración de la secuenciación genómica en la vigilancia de la resistencia a antibióticos, señale la opción correcta:

La secuenciación genómica se está aplicando a nivel europeo en la vigilancia de unos pocos patógenos prioritarios, entre los que no se encuentra la resistencia a antibióticos.

Se está promoviendo a nivel nacional pero todavía no se ha implementado a nivel europeo.

Se está desarrollando a nivel europeo por red europea RedLabRA.

Se está potenciando, alineando diferentes iniciativas europeas y nacionales.

Se trata de una metodología no aplicable a la vigilancia epidemiológica.

17

¿Cuál de los siguientes problemas de salud no se consideró inicialmente prioritario por la “Hoja de Ruta 2016-2019” elaborada por el ECDC para la integración de la secuenciación genómica en la vigilancia?

Listeria monocytogenes.

Acinetobacter baumannii y *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a antibióticos carbapenémicos.

Neisseria meningitidis

Neisseria gonorrhoeae resistente a antibióticos.

Enterobacteriales resistentes a antibióticos carbapenémicos.

18

El proyecto EuSCAPE

Detectó que la carbapenemasa OXA-48 es la más prevalente en todos los países europeos.

Mostró una alta variabilidad en la prevalencia y en el tipo de carbapenemasa más frecuente detectadas entre los diferentes países europeos.

En ningún caso se observó asociación entre el tipo de carbapenemasa y los secuenciotipos de *pneumoniae*.

Es un sistema de vigilancia continuo con unos pocos hospitales centinela.

Ha tenido su continuidad con el proyecto EURGen-RefLabCap.

19

Los análisis filogenéticos que se llevan a cabo con los datos generados en la secuenciación de genomas completos (WGS):

Son muy limitados y presentan una sensibilidad para mas baja que los métodos clásicos como puede ser la electroforesis de campo pulsado (PFGE).

Solo se pueden llevar a cabo con recursos informáticos disponibles en formato “on line”.

Están completamente estandarizados.

Las dos aproximaciones principales se basan en la búsqueda de SNPs y en la identificación de un conjunto de genes.

No se pueden aplicar al estudio de brotes.

20

La aplicación de metagenómica al análisis de portadores de bacterias productoras de carbapenemasas:

Es una herramienta más recomendada en pacientes con colonización previa por bacterias productoras de carbapenemasas, contactos de pacientes colonizados.

No está recomendada actualmente con fines asistenciales.

Presenta una sensibilidad similar a otras técnicas moleculares no dependientes de cultivo (e.g. qPCR).

Es el único abordaje que permite la cuantificación no sesgada de la abundancia, diversidad, y dinámica de bacterias productoras de carbapenemasas.

“b” y “d”.