

OCENA WIEDZY PO SZKOLENIU

Warsztaty on-line nt. diagnostyki mikrobiologicznej i oznaczania lekowrażliwości oraz interpretacji wyników
pt. „Metody molekularne w mikrobiologii”
dla diagnostów laboratoryjnych i lekarzy
realizowane w ramach Narodowego Programu Zdrowia na lata 2021-2025
Termin: 17 listopada – 9 grudnia 2023r.
Miejsce: platforma e-learningowa www.antybiotyki.edu.pl

UWAGA: PYTANIA MAJĄ JEDNĄ PRAWIDŁOWĄ ODPOWIEDŹ.

- Pytanie 1** Najbardziej dogłębną charakterystykę genomu bakteryjnego dostarcza:
- A RFLP-PFGE (ang. Restriction fragment length polymorphism, pulsed-field gel electrophoresis): analiza polimorfizmu fragmentów restrykcyjnych w zmiennym polu elektrycznym
 - B MLST (ang. multi-locus sequence typing): sekwencjonowanie 7 genów podstawowego metabolizmu komórki
 - C typowanie PCR (ang. polymerase chain reaction)
 - D **analiza bioinformatyczna sekwencji genomowych**
- Pytanie 2** Metody molekularne w dochodzeniach epidemiologicznych pozwalają między innymi na:
- A określenie pokrewieństwa badanych izolatów
 - B przypisanie badanych izolatów do określonego klonu
 - C określenie jakie geny oporności znajdują się w genomie badanych izolatów
 - D **wszystkie powyższe**
- Pytanie 3** Do analizy bioinformatycznej sekwencji genomowych niezbędnie potrzebujemy:
- A **sprzętu komputerowego o odpowiedniej mocy obliczeniowej**
 - B laboratorium analiz molekularnych
 - C sekwenatora nowej generacji
 - D żadnego z powyższych
- Pytanie 4** Jakie korzyści daje nam zastosowanie sekwencjonowania genomowego w technologii tzw. długich odczytów?
- A większy rozmiar genomu, niż w technologii tzw. krótkich odczytów
 - B większa dokładność odczytu
 - C dłuższy czas generowania sekwencji
 - D **możliwość otrzymania sekwencji pełnych plazmidów i chromosomu**
- Pytanie 5** Identyfikacja gatunkowa z wykorzystaniem spektrometrii mas opiera się na analizie profilu:
- A lipidowych
 - B **białkowych**
 - C polisacharydowych
 - D wszystkie powyższe
- Pytanie 6** WGS umożliwia:
- A identyfikację i charakterystykę klonów bakteryjnych
 - B identyfikację genów oporności
 - C typowanie w oparciu o polimorfizm pojedynczego nukleotydu
 - D **wszystkie powyższe**

Pytanie 7 Z najnowszych badań epidemiologicznych przeprowadzonych w 2021r. wynika, iż wśród szpitalnych *K.pneumoniae* najbardziej rozpowszechnione są szczepy należące do następujących pandemicznych klonów wysokiego ryzyka:

- A** **ST11, ST307, ST147**
- B ST258, ST14, ST485
- C ST45, ST101, ST348
- D Żadne z powyższych

Pytanie 8 Wśród szpitalnych izolatów *K.pneumoniae* z 2021r., odsetek szczepów produkujących karbapenemazę NDM wynosił w przybliżeniu:

- A 50%
- B 30%
- C 12%**
- D 4%

Pytanie 9 Wśród polskich szpitalnych izolatów *K.pneumoniae* z 2021r., najliczniejszą populację stanowiły szczepy produkujące:

- A karbapenemazę NDM
- B karbapenemazę KPC
- C ESBL**
- D najliczniejszą grupę stanowiły szczepy niewytwarzające żadnej z ww. beta-laktamaz

Pytanie 10 W populacji szpitalnych izolatów *K.pneumoniae* z 2021r. wytwarzających beta-laktamazę KPC wysoki odsetek szczepów (>95%) wykazywał wrażliwość na:

- A Piperacylinę/tazobaktam
- B Ceftolozan/tazobaktam
- C Ceftazydym/awibaktam**
- D Karbapenemy