



INFEÇÕES VIRAIS EMERGENTES E REEMERGENTES

Caraterização da UC:

Designação da UC:

Infeções Virais Emergentes e Reemergentes

Duração:

Semestral

Horas de trabalho:

168h

Horas de contacto:

44h

% Horas de contacto a distância

N

Créditos ECTS:

6

Observações:

Opcional

Docente responsável e respetiva carga letiva na UC:

Ricardo Manuel Soares Parreira (ricardo@ihmt.unl.pt)

Outros docentes e respetivas cargas letivas na UC:

João Piedade

Carla A. Sousa

Maria Teresa Novo

Paulo Gouveia de Almeida

Objetivos de aprendizagem e a sua compatibilidade com o método de ensino (conhecimentos, aptidões e competências a desenvolver pelos estudantes):

1. Descrever a posição taxonómica, a estrutura e o ciclo replicativo dos vírus abordados nas sessões teóricas.
2. Reconhecer, a nível molecular, dos mecanismos geradores de variabilidade genética, e como estes podem contribuir para promover escape imunitário ou lhes permite suplantar a barreira da espécie.



3. Compreender as características dos ciclos de manutenção natural dos vírus que serão apresentados no decurso das aulas teóricas, e descrever as respetivas gamas de potenciais hospedeiros, e que seja igualmente capaz de avaliar o seu potencial zoonótico, e quais os fatores que podem contribuir para a sua amplificação e transmissão ao Homem.
4. Descrever as características clínicas das infeções virais selecionadas, e sua confirmação laboratorial e reconhecer quais as possibilidades terapêuticas e profiláticas disponíveis/em desenvolvimento para o controlo das infeções virais. Avaliar qual o impacto dos vírus emergentes na saúde humana e animal.
5. Identificar as principais características morfológicas e reconhecer os principais determinantes da bioecologia, bem como a distribuição de mosquitos e carraças vetores de arbovírus emergentes.
6. Demonstrar capacidade de compressão, execução, e análise crítica de resultados decorrentes da utilização de múltiplas abordagens experimentais, incluindo (i) a deteção de vírus com genoma de RNA em amostras ambientais, e (ii) a utilização de ferramentas do domínio da bioinformática tendo em vista a caracterização (anotação) de genomas virais.

Conteúdos programáticos:

Estes conteúdos integrarão a componente de formação teórica subordinada à análise dos temas (1) arbovírus emergentes transmitidos por artrópodes hematófagos, (2) coronavírus emergentes, (3) filovírus causadores de febres hemorrágicas, (4) arenavírus e hantavírus, (5) lissavírus de morcegos, (6) vírus da imunodeficiência humana. Esta unidade curricular incluirá, ainda, uma componente de formação prática, baseada na realização de sessões (incluindo sessões de bioinformática *hands-on*) de prática laboratorial as quais incluirão (1) a deteção de vírus de RNA em macerados de mosquitos, (2) a montagem numa sequência única (*sequence assembly*), anotação e caracterização de genomas virais a partir de sequências fragmentadas e (3) a deteção de genomas virais: construção de *datasets* (apresentação da plataforma NCBI-virus), e a planificação (*in silico*) de *primers* e definição de condições de PCR. Numa sessão Teórico-Prática será abordada a identificação de mosquitos e carraças vetores de arbovírus e numa sessão de Discussão serão abordados desafios apresentados à deteção e caracterização de vírus e dos seus genomas.

Demonstração da coerência dos conteúdos programáticos com os objetivos de aprendizagem da UC:

A componente de formação teórica permitirá que sejam atingidos os objetivos 1 a 4. por outro lado, o objetivo 5 será alcançado através no decurso de uma sessão do domínio da entomologia médica, e que permitirá, igualmente, que os estudantes contactem com objetos de estudo e abordagens de análise muito diferentes das que normalmente são utilizadas no domínio da microbiologia médica. Finalmente, os dois sub-objetivos (i e ii) do objetivo 6 serão alcançados através da realização de aulas práticas quer envolvendo a manipulação laboratorial (i), quer envolvendo o recurso à análise bioinformática de sequências genómicas virais disponíveis em bases de dados de acesso público (ii).



Metodologias de ensino e de aprendizagem específicas da UC articuladas com o modelo pedagógico:

As aulas teóricas/teórico-práticas serão lecionadas recorrendo ao auxílio de metodologias expositivas, estimulando, igualmente, a participação dos estudantes. As aulas práticas decorrerão em ambiente laboratorial de tipo BSL1 (nível de biossegurança básico) ou implicarão a utilização de ferramentas do domínio da bioinformática numa sala equipada com computadores individuais, e que implicará a utilização de aplicações informáticas de uso não restrito (freeware). Serão realizadas sessões de gamificação (usando Kahoot) para permitir que os alunos façam revisões de todos os tópicos teóricos apresentados. Também será promovida uma sessão de discussão abordando os desafios gerais da deteção e identificação de vírus.

Avaliação:

A avaliação desta Unidade Curricular incluirá três componentes: uma avaliação formal/teórica sob a forma de um exame escrito, consistindo num conjunto de afirmações que deverão ser classificadas de Verdadeiro/Falso, uma apresentação oral, realizada em grupo (n=2 estudantes) versando sobre um tópico selecionado pelos estudantes, de entre uma lista facultada no início da UC, e, por fim, uma componente de avaliação contínua (i.e. avaliação do desempenho diário do estudante).

Demonstração da coerência das metodologias de ensino e avaliação com os objetivos de aprendizagem da UC:

A leção da componente teórica baseada na utilização de uma abordagem expositiva, intercalada com a realização de aulas de manipulação laboratorial e informática, permitirá aos alunos que frequentarão esta UC a oportunidade de integrar a aquisição de conhecimentos teóricos com a execução de protocolos experimentais diversos, estimulando a análise crítica dos resultados obtidos, e a exploração das potencialidades das análises *in silico* tendo em vista, especificamente, a caracterização de genomas virais através da sua anotação. A diversidade de estratégias de ensino que serão utilizadas, e a sua complementação com sessões de gamificação e de discussão, permitirão aos estudantes por um lado sedimentar conceitos ao mesmo tempo que serão encorajados a realizar uma análise objetiva e crítica dos diferentes temas apresentados.

Bibliografia de consulta / existência obrigatória:

- Banyard AC, Evans JS, Luo TR, Fooks AR (2014). Lyssaviruses and bats: emergence and zoonotic threat. *Viruses* 6, 2974-2990; doi:10.3390/v6082974.
- Coltart C.E., Lindsey B., Ghinai I., Johnson A.M., Heymann D.L. (2017). The Ebola outbreak, 2013-2016: old lessons for new epidemics. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 372(1721). pii: 20160297. doi: 10.1098/rstb.2016.0297.
- de Wit E., van Doremalen N., Falzarano D., Munster V.J. (2016). SARS and MERS: recent insights into emerging coronaviruses. *Nat. Rev. Microbiol.* 14(8):523-534. doi: 10.1038/nrmicro.2016.81.



- Huang Y.S., Higgs S., Vanlandingham D.L. (2019). Emergence and re-emergence of mosquito-borne arboviruses. *Curr. Opin. Virol.* 34:104-109. doi: 10.1016/j.coviro.2019.01.001.
- Kirtipal N., Bharadwaj S., Kang S.G. (2020). From SARS to SARS-CoV-2, insights on structure, pathogenicity and immunity aspects of pandemic human coronaviruses. *Infect. Genet. Evol.* 85:104502. doi: 10.1016/j.meegid.2020.104502.
- Marston HD, Folkers GK, Morens DM, Fauci AS (2014). Emerging viral diseases: confronting threats with new technologies. *Sci. Transl. Med.* 6. doi: 10.1126/scitranslmed.3009872.
- Sharp PM, Hahn BH (2011). Origins of HIV and the AIDS pandemic. *Cold Spring Harb Perspect Med*; doi: 10.1101/cshperspect.a006841.
- Wang L.F., Anderson D.E. (2019). Viruses in bats and potential spillover to animals and humans. *Curr. Opin. Virol.* 34:79-89. doi: 10.1016/j.coviro.2018.12.007.