



## HIV E SIDA

### *Caraterização da UC:*

#### *Designação da UC:*

HIV e SIDA

#### *Sigla da área científica:*

BM

#### *Duração:*

Trimestral

#### *Horas de trabalho:*

84

#### *Horas de contacto:*

22

#### *ECTS:*

3

#### *Observações:*

N/A

### *Docente responsável e respetiva carga letiva na UC:*

João Piedade – 20,5 horas

### *Outros docentes e respetivas cargas letivas na UC:*

Ricardo Parreira – 7,5 horas

### *Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências a desenvolver pelos estudantes):*

No final desta unidade curricular os alunos devem ser capazes de:

1. Conhecer as características da família Retroviridae, incluindo as particularidades dos retrovírus humanos e suas patologias.
2. Descrever os vírus da imunodeficiência humana (HIV) e as fases do seu ciclo replicativo.
3. Interpretar as relações filogenéticas entre os vírus da imunodeficiência dos Primatas e inferir sobre a origem biológica de HIV-1 e HIV-2.
4. Reconhecer os mecanismos biológicos geradores de variabilidade genética nos retrovírus e suas consequências.
5. Descrever a história natural da infecção pelo HIV, relacionar com a resposta imunitária do hospedeiro e compreender os mecanismos imunopatogénicos da infecção.



## HIV E SIDA

6. Interpretar os diferentes algoritmos de diagnóstico/monitorização laboratorial da infecção pelo HIV e seleccionar os testes a realizar segundo as circunstâncias e os objectivos pretendidos.
7. Aplicar, criteriosamente, testes imunoenzimáticos de rastreio (ELISA e testes rápidos) e de confirmação (Western-blot) no diagnóstico laboratorial da infecção pelo HIV-1/-2.

### *Conteúdos programáticos:*

- I. Família *Retroviridae*. Retrovírus humanos e patologias associadas. Morfologia do virião e organização do genoma. Ciclo replicativo. Os vírus da imunodeficiência humana (HIV).
- II. Origem biológica e relações filogenéticas de HIV-1/-2 com os lentivírus dos Primatas. Transmissão de carácter zoonótico. Tendências evolutivas da pandemia.
- III. Variação genética e epidemiologia molecular. Mecanismos biológicos de variabilidade. *Quasispecies*. Tipos, grupos, subtipos e sub-subtipos do HIV. Vírus-mosaico, formas recombinantes únicas e formas recombinantes circulantes. Distribuição geográfica mundial dos diversos tipos, grupos e subtipos virais: causas e efeitos. Epidemiologia molecular da infecção pelo HIV em Portugal.
- IV. História natural da infecção. Resposta imunitária. Infecção aguda, infecção crónica e sida. Infecções oportunistas.
- V. Diversidade genética e resistência aos anti-retrovirais (ARVs). Conceito de “falência virológica”. Factores envolvidos na emergência de resistência. Alvos terapêuticos e classes de fármacos utilizados na terapia. Monitorização da infecção: testes de susceptibilidade aos ARVs. Testes genotípicos e fenotípicos: fundamentos, interpretação e principais vantagens e limitações.
- VI. Diagnóstico laboratorial da infecção. Testes imunoenzimáticos e imunocromatográficos de rastreio (ELISA e testes rápidos) e de confirmação (*Western-blot* e de ácidos nucleicos). Algoritmos de diagnóstico da Organização Mundial da Saúde e do *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC, EUA). Casos particulares de diagnóstico: detecção directa do vírus (PCR, RT-PCR, antigenémia p24). Isolamento viral *in vitro*.

### *Metodologias de ensino (avaliação incluída):*

As horas de contacto totais (22 hrs.) serão distribuídas por quatro aulas teóricas (12 hrs.), uma sessão teórico-prática (2 hrs.), uma aula de prática laboratorial (4 hrs.) e uma sessão de orientação tutorial (2 hrs.). Estima-se em cerca de 84 hrs. o número total de horas de trabalho do aluno. Sem prejuízo de casos específicos previstos na legislação aplicável, a admissão à avaliação final requer uma assiduidade mínima de 2/3 das sessões presenciais programadas. A avaliação será realizada através de um exame escrito final (2 hrs.), constando de perguntas de natureza diversa, e.g. escolha múltipla, verdadeiro/falso, preenchimento de espaços, legendagem, desenvolvimento (100% da classificação final). Para aprovação, é necessária uma classificação mínima de 9,50 valores. Em caso de dúvida sobre a eventual prática de plágio ou fraude, pode determinar-se a realização de uma prova oral, cujo resultado prevalece relativamente a outro anteriormente obtido.



## HIV E SIDA

### *Bibliografia de consulta / existência obrigatória:*

- Alexander TS (2016). Human immunodeficiency virus diagnostic testing: 30 years of evolution. *Clin. Vaccine Immunol.*, 23:249-53.
- Brun-Vézinet F, Charpentier C (2013). Update on the human immunodeficiency virus. *Méd. Mal. Infect.*, 43:177-84.
- Cortez KJ, Maldarelli F (2011). Clinical management of HIV drug resistance. *Viruses*, 3: 347-78.
- Hemelaar J (2012). The origin and diversity of the HIV-1 pandemic. *Trends Mol. Med.*, 18:182-92.
- Hurt CB, et al. (2017). Selecting an HIV test: a narrative review for clinicians and researchers. *Sex. Transm. Dis.*, 44:739-46.
- Kuritzkes DR, Walker BD (2007). HIV-1 pathogenesis, clinical manifestations and treatment. in "Fields Virology", pp. 2187-2214. Knipe DM et al. (eds.), Wolters Kluwer Health e Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia, EUA, 5ª Ed.
- Okulicz JF (2012). Elite controllers and long-term nonprogressors: models for HIV vaccine development? *J. AIDS Clinic. Res.*, 3:139. doi:10.4172/2155-6113.1000139.
- Peeters M, et al. (2013). The origin and molecular epidemiology of HIV. *Expert Rev. Anti Infect. Ther.*, 11:885-96.
- Pépin J (2011). The origins of AIDS. Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido.
- Sharp PM, Hahn BH (2011). Origins of HIV and the AIDS pandemic. *Cold Spring Harb. Perspect. Med.*, 1:a006841.
- Sierra S, et al. (2005). Basics of the virology of HIV-1 and its replication. *J. Clin. Virol.*, 34:233-44.
- Tebit DM, Arts EJ (2011). Tracking a century of global expansion and evolution of HIV to drive understanding and to combat disease. *Lancet Infect. Dis.*, 11:45-56.