

## **Estratégias Genéticas para o Controle de Doenças Transmitidas por Vetores: Dinâmica do Mecanismo de Introdução Gênica via Elementos Transponíveis**

Claudio Jose Struchiner

PROCC/FIOCRUZ

Doenças transmitidas por vetores continuam a representar sérios problemas de saúde pública. Experiências recentes demonstram também que o dinamismo resultante da interação dos vários atores envolvidos (vetor, patógeno, e humanos) requer o contínuo aporte de novos métodos de controle. A aplicação de técnicas originadas da genética e biologia molecular, e as análises recentemente disponíveis sobre o genoma de mosquitos têm propiciado o desenvolvimento de métodos genéticos como uma alternativa complementar às estratégias existentes de controle. Estes métodos têm como objetivo tanto a substituição no campo de uma população de vetores por outra incapaz de transmitir o patógeno, como reduzir ou eliminar a população de vetores transmissores. Para sua utilização consciente, a via genética ainda requer importantes avanços laboratoriais, incluindo o isolamento de promotores de genes do vetor, desenvolvimento de técnicas de transgenia vetorial, e síntese de genes efetores anti-patógeno. A expressão dos genes vetoriais tem como principal consequência a alteração de sua capacidade de transmissão ou a morte seletiva daqueles vetores infectados. A racionalidade de muitas destas propostas requer uma base teórica adicional obtida através de resultados quantitativos de base analítica ou numérica.

Nesta apresentação, discutiremos as condições em que se torna possível o controle de doenças transmitidas por vetores, mais especificamente malária e dengue, através da utilização de intervenções com base em procedimentos genéticos. Utilizando dados obtidos diretamente dos genomas de vetores (*Anopheles* e *Aedes*) ora em domínio público, procuraremos identificar os requisitos ótimos, de eficiência e segurança, de agentes de indução genética (drive systems) para a introdução de genes efetores na população de vetores. Para este fim, utilizaremos métodos quantitativos recentemente desenvolvidos (teoria de coalescência) que permitem estimar os parâmetros que descrevem a genética de populações a partir das seqüências de DNA destes agentes.