

Consórcio contra a malária

*ONSA integra rede internacional de laboratórios que vai seqüenciar o genoma do *Anopheles gambiae**

Os laboratórios integrados à Rede ONSA (Organização para Seqüenciamento e Análise de Nucleotídeos), montada pela FAPESP, deverão participar de um consórcio internacional que realizará o seqüenciamento genético do genoma do mosquito *Anopheles gambiae*, o principal responsável pela transmissão da malária na África. Também integrarão o consórcio a Celera Genomics, dos Estados Unidos; o Instituto Pasteur, da França; o Laboratório Europeu de Biologia Molecular, com sede na Alemanha, entre outros. O projeto tem o apoio do Programa Especial de Pesquisa e Treinamento de Doenças Tropicais, da Organização Mundial de Saúde (OMS). A cooperação brasileira foi acertada em reunião realizada no início de março, no Instituto Pasteur, em Paris. De acordo com José Fernando Perez, diretor-científico da FAPESP, os termos da participação brasileira ainda devem ser definidos.

O projeto tem como objetivo seqüenciar integralmente, ainda este ano, os 260 milhões de pares de base do genoma do *Anopheles gambiae*, utilizando a técnica *shotgun*, aperfeiçoada pela Celera Genomics. O início do seqüenciamento será feito pela Celera Genomics e pelo Centro Francês de Seqüenciamento (Genoscope); a junção dos fragmentos do genoma será feita também pela Celera Genomics, e a finalização ficará sob a responsabilidade do Genoscope, do Ins-



Anopheles gambiae: mais agressivo que o *darlingi*

tituto de Pesquisa Genômica (TIGR), entre outros. A Rede ONSA participará da anotação do seqüenciamento, junto com outros sete laboratórios. O projeto também prevê o seqüenciamento de outras variedades de mosquito transmissor da doença, entre eles a do *Anopheles darlingi*, existente no Brasil.

Três organismos integram o ciclo da doença: o ser humano, o mosquito do gênero *Anopheles* e o protozoário que causa a doença, o *Plasmodium falciparum*, cujo seqüenciamento genético está em fase de conclusão, nos Estados Unidos. O seqüenciamento do genoma do mosquito, juntamente com o do parasita *Plasmodium* e do hospedeiro humano permitirá aos pesquisadores identi-

ficar novos mecanismos de controle do ciclo da malária.

Vetor agressivo - A malária atinge, anualmente, 300 milhões de pessoas, principalmente na região subsaariana, e é responsável pela morte de um milhão de crianças. O *Anopheles gambiae* é o seu principal vetor. A incidência da doença cresce junto com a população do mosquito, que desenvolveu resistência a inseticidas. O mosquito africano é parente próximo do *Anopheles darlingi*, transmissor da doença no Brasil. “A principal diferença é que o *gambiae* é muito mais ávido e agressivo. Pica mais e por um maior período de tem-

po”, explica Marcos Boulos, chefe do Departamento de Doenças Infeciosas e Parasitárias da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP). Enquanto o *darlingi* ataca, geralmente, no início da noite, o *gambiae* faz suas vítimas noite adentro e até o início da manhã. O resultado é que, aqui, o número de vítimas é bem menor – atingiu 600 mil pessoas, em 1999, e a mortalidade é pequena. “Pelo menos 80% dos casos são benignos”, diz Boulos.

A região Nordeste do Brasil já conviveu com o *Anopheles gambiae*, no início do século, por volta dos anos 30. O mosquito foi erradicado, segundo Boulos, numa das maiores vitórias da Saúde Pública no país, com o apoio da Fundação Rockfeller. •