



# Seqüência inchada

Presença de genes saltadores infla tamanho do genoma do *Aedes aegypti*, o mosquito da dengue e da febre amarela

MARCOS PIVETTA

**R**esultado de um esforço internacional de cientistas de sete países, incluindo o Brasil, a publicação da primeira versão do genoma do mosquito *Aedes aegypti* na edição de 18 de maio passado da revista científica *Science* trouxe uma grande surpresa: o material genético do agente transmissor dos vírus da dengue e da febre amarela é cinco vezes maior do que o do *Anopheles gambiae*, vetor do protozoário da malária, e quase sete vezes mais extenso que o da *Drosophila melanogaster*, a mosca-da-fruta, até então as duas únicas espécies de mosquito com genomas seqüenciados. O DNA do *Aedes* compreende quase 1,4 bilhão de pares de bases, as unidades químicas que compõem o código genético, enquanto o do *Anopheles* chega a 280 milhões de pares de bases e o da *Drosophila*, a 180 milhões de pares de bases.

Apesar da enorme diferença de tamanho, os genomas dos mosquitos da dengue e da malária, para ficar apenas nos dois insetos transmissores de doenças, têm mais ou menos a mesma quantidade de genes, cerca de 15 mil. O talhe avantajado do genoma do *Aedes* se deve

a uma peculiaridade também presente em igual intensidade no DNA humano: quase metade de toda a sua seqüência, precisamente 47% dela, é composta pelos chamados elementos de transposição, ou simplesmente transposons, os populares (para o pessoal da genética) genes saltadores. É uma porcentagem muito alta. No *Anopheles*, que evolutivamente derivou de linhagens de mosquitos dos gêneros *Aedes* e *Culex* há 150 milhões de anos, os elementos de transposição respondem por menos de 25% do genoma.

Transposons são trechos de DNA que podem mudar de posição dentro de um genoma, ou mesmo passar do genoma de uma espécie para o de outra, por meio da geração de cópias de sua seqüência original ou pelo seu simples deslocamento entre duas regiões. Mais de mil tipos diferentes de transposons foram identificados no genoma do mosquito da dengue. Um deles, chamado Feilai-B, apresenta cerca de 50 mil cópias espalhadas pelos cromossomos do inseto. No caso do *Aedes*, esses trechos móveis de DNA podem ser usados como ferramentas para estudar a interação entre o mosquito e o vírus da dengue. Podem ser a chave para re-

velar uma forma de interferir na transmissão da doença do inseto para o homem. “Dos transposons, pode sair uma pista de por que o *Aedes* é capaz de passar um vírus ao homem ao passo que o *Anopheles* transmite um protozoário”, diz Sergio Verjovski-Almeida, do Instituto de Química da USP, que coordenou a participação brasileira no consórcio internacional que seqüenciou o DNA do mosquito da dengue. Coube à equipe nacional, que também incluiu cientistas do Instituto Butantan, seqüenciar os genes expressos nas larvas dos mosquitos e, em menor escala, em suas glândulas salivares. A contribuição dos brasileiros se deu por meio de uma parceria firmada entre a FAPESP e o Instituto Pasteur de Paris, que financiaram o trabalho da equipe coordenada por Verjovski.

Os transposons já foram considerados parte do chamado DNA lixo, como eram pejorativamente denominados os pedaços do genoma que pareciam não desempenhar função alguma. Hoje fica cada vez mais claro que a inserção desses genes saltadores – ou ao menos de alguns deles – num genoma pode alterar ou regular a ação de outros genes. Dessa forma, essas seqüências móveis e repetitivas, que alguns acreditam ser resquícios genéticos de material de origem viral, podem ser responsáveis por mutações e contribuir para a ocorrência de algumas doenças, como a distrofia mus-



cular de Duchenne e hemofilias em seres humanos, e promover alterações de traços físicos. Uma única espiga de milho-indiano, por exemplo, pode apresentar grãos de três cores diferentes (brancos, amarelos ou avermelhados) em razão da presença de genes saltadores. “O genoma de alguns tipos de milho pode ser composto em 80% de transposons”, afirma Marie-Anne Van Sluys, do Instituto de Biociências da USP, uma estudiosa dos transposons. Aliás, foi trabalhando com a genética do milho na década de 1940 que a norte-americana Barbara McClintock começou a desvendar a influência desses elementos de transposição, feito pioneiro que lhe renderia um Nobel em 1983. ■

#### O PROJETO

*FAPESP Aedes aegypti cdna project in partnership with Institut Pasteur - Amsud network*

#### MODALIDADE

Linha Regular de Auxílio a Pesquisa - Projeto Genoma

#### COORDENADOR

SERGIO VERJOVSKI-ALMEIDA - IQ/USP

#### INVESTIMENTO

R\$ 690.882,36 (FAPESP/Instituto Pasteur)

*Aedes aegypti* logo depois de se alimentar de sangue: genes saltadores respondem por 47% do genoma