

**DINÂMICA EVOLUTIVA DE VETORES ARTRÓPODES E SUAS IMPLICAÇÕES  
PARA O CONTROLE DE DOENÇAS INFECCIOSAS EMERGENTES**  
EVOLUTIONARY DYNAMICS OF ARTHROPOD VECTORS AND THEIR  
IMPLICATIONS FOR THE CONTROL OF EMERGING INFECTIOUS DISEASES  
DINÁMICA EVOLUTIVA DE LOS VECTORES ARTRÓPODOS Y SUS  
IMPLICACIONES PARA EL CONTROL DE LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS  
EMERGENTES

*Marildo dos Santos*

*Orientador: Prof. Dr. Daniel Laiber Bonadiman*

## RESUMO

O presente artigo analisa, sob uma perspectiva evolutiva e ecológica, a dinâmica adaptativa dos vetores artrópodes e suas implicações para o controle de doenças infecciosas emergentes. A pesquisa, de natureza qualitativa e baseada em revisão bibliográfica narrativa, abrangeu publicações entre 2015 e 2025, selecionadas nas bases SciELO, PubMed, ScienceDirect e Google Scholar. Os resultados evidenciam que fatores como variação genética, plasticidade fenotípica e coevolução entre patógeno, vetor e hospedeiro são determinantes na disseminação de doenças transmitidas por artrópodes. Constatou-se, ainda, que as mudanças climáticas e as ações humanas aceleram processos evolutivos, ampliando a resistência e a virulência de patógenos. Conclui-se que o controle dessas enfermidades requer abordagens integradas, fundamentadas na ecologia evolutiva e na sustentabilidade das intervenções em saúde pública.

**Palavras-chave:** Vetores; Evolução; Doenças Emergentes; Mudanças Climáticas; Ciências Biológicas.

## ABSTRACT

This article analyzes, from an evolutionary and ecological perspective, the adaptive dynamics of arthropod vectors and their implications for the control of emerging infectious diseases. The study, qualitative in nature and based on a narrative bibliographic review, covered publications from 2015 to 2025 retrieved from the SciELO, PubMed, ScienceDirect, and Google Scholar databases. The results indicate that genetic variation, phenotypic plasticity, and the coevolution among pathogen, vector, and host are key factors in the spread of vector-borne diseases. It was also observed that climate change and human activities accelerate evolutionary processes, increasing pathogen resistance and virulence. It is concluded that the control of these diseases requires integrated approaches grounded in evolutionary ecology and the sustainability of public health interventions.

**Keywords:** Vectors; Evolution; Emerging Diseases; Climate Change; Biological Sciences.

## RESUMEN

El presente artículo analiza, desde una perspectiva evolutiva y ecológica, la dinámica adaptativa de los vectores artrópodos y sus implicaciones para el control de enfermedades infecciosas emergentes. La investigación, de naturaleza cualitativa y basada en una revisión bibliográfica narrativa, abarcó publicaciones comprendidas entre 2015 y 2025, seleccionadas en las bases de datos SciELO, PubMed, ScienceDirect y Google Scholar. Los resultados demuestran que la variación genética, la plasticidad fenotípica y la coevolución entre patógeno, vector y huésped son factores determinantes en la propagación de enfermedades transmitidas por artrópodos. Asimismo, se observó que el cambio climático y las actividades humanas aceleran los procesos evolutivos, aumentando la resistencia y virulencia de los patógenos. Se concluye que el control de estas enfermedades requiere enfoques integrados, basados en la ecología evolutiva y en la sostenibilidad de las intervenciones en salud pública.

**Palabras clave:** Vectores; Evolución; Enfermedades Emergentes; Cambio Climático; Ciencias Biológicas.

## 1 INTRODUÇÃO

Os artrópodes vetores, como mosquitos e carrapatos, são responsáveis pela transmissão de diversas doenças infecciosas, entre elas dengue, malária, zika e chikungunya. Tem-se que a biologia, e o comportamento desses vetores, são

moldados por processos evolutivos, que influenciam, diretamente, a transmissão e a persistência das enfermidades (Powell, 2019).

Sendo assim, as mudanças climáticas e as alterações ambientais têm modificado a distribuição e a dinâmica das populações vetoriais, ampliando áreas de risco e favorecendo o surgimento de novos ciclos epidemiológicos (Cator *et al.*, 2020). Além disso, a ação humana, como o uso de inseticidas e a urbanização desordenada, acelera processos evolutivos, promovendo resistência e dificultando o controle (Rogalski *et al.*, 2017).

Diante disso, este artigo tem como objetivo geral analisar, sob uma perspectiva evolutiva e ecológica, os mecanismos que moldam a adaptação dos vetores artrópodes e suas implicações, para o controle de doenças infecciosas.

Para tanto delimita-se os seguintes objetivos específicos:

- a) Identificar os principais fatores evolutivos e ecológicos que influenciam a adaptação dos vetores artrópodes;
- b) Descrever como as mudanças climáticas e ambientais afetam a distribuição e a competência vetorial dessas espécies;
- c) Analisar a relação coevolutiva entre patógeno, vetor e hospedeiro;
- d) Avaliar o impacto das ações humanas, como o uso de inseticidas e a urbanização, nos processos adaptativos dos vetores.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### Conceitos e fundamentos sobre vetores artrópodes

Vetores artrópodes são organismos invertebrados capazes de transmitir patógenos entre hospedeiros, incluindo a transmissão de agentes de doenças de animais para humanos. Esses vetores incluem principalmente insetos, como mosquitos, flebotomíneos, moscas, pulgas, piolhos e barbeiros, e aracnídeos, principalmente carrapatos e alguns ácaros. Em geral, muitos desses vetores são hematófagos, ou seja, alimentam-se de sangue em pelo menos uma fase de seu

ciclo de vida, o que permite que ingiram microrganismos patogênicos presentes no sangue de um hospedeiro infectado e posteriormente os inoculam em outro hospedeiro saudável (Lietner *et al.*, 2015).

Do ponto de vista dos mecanismos de transmissão de patógenos, distinguem-se vetores biológicos e mecânicos. No vetor biológico, o agente infeccioso replica-se ou se desenvolve dentro do artrópode, de modo que o vetor é parte do ciclo do patógeno. Já no vetor mecânico, o artrópode atua apenas como transportador passivo, sem que ocorra multiplicação do agente em seu interior.

Em ambos os casos, a doença é transmitida ao ser humano de forma ativa ou passiva pelo vetor. Em vetores hematófagos, a transmissão biológica pode ocorrer por injeção direta de patógenos na corrente sanguínea do hospedeiro através da saliva infectada (como no caso dos mosquitos), ou por inóculo em feridas que formam poças de sangue durante a alimentação (Lietner *et al.*, 2015).

Os aspectos ecológicos e comportamentais dos vetores artrópodes têm grande influência na transmissão de doenças. Cada espécie vetora possui hábitos específicos de alimentação, reprodução e abrigo que condicionam quando e onde a transmissão ocorre. Por exemplo, mosquitos do gênero *Anopheles*, costumam picar ao entardecer e à noite, em áreas próximas a coleções de água doce onde se reproduzem, enquanto *Aedes aegypti* é predominantemente diurno e prolifera em criadouros artificiais em ambientes urbanos (Fernandes *et al.*, 2024).

Carrapatos, por sua vez, vivem em vegetação rasteira ou em hospedeiros animais, alimentando-se de sangue por longos períodos, o que facilita a transmissão de patógenos como bactérias e protozoários durante a fixação no hospedeiro. Fatores ambientais como temperatura, pluviosidade e disponibilidade de criadouros naturais ou artificiais influenciam diretamente os ciclos de vida e distribuição desses vetores (Chanda *et al.*, 2017).

Conhecer a biologia, ecologia e comportamento dos vetores permite compreender sua capacidade vetorial, ou seja, sua competência e eficiência em transmitir determinado patógeno, e a dinâmica epidemiológica das doenças por eles veiculadas (Chanda *et al.*, 2017).

Por exemplo, a alta densidade populacional de um vetor em certa região pode elevar o risco de transmissão (Fernandes *et al.*, 2024).

Além disso, muitos vetores participam de ciclos zoonóticos, envolvendo animais silvestres como reservatórios, e podem atuar como ponte entre ecossistemas silvestres e a população humana, contribuindo para a emergência de doenças quando há alterações ambientais ou comportamentais que aumentam o contato humano com esses ciclos naturais (Lima; Camara, 2016).

Diante disso, a literatura ressalta que entender *hábitats*, ciclos de vida, comportamento alimentar e suscetibilidade a inseticidas dos vetores permite planejar métodos de controle mais eficazes e direcionados. Por exemplo, saber que o mosquito *Aedes aegypti* se reproduz em água parada e limpa levou a estratégias de eliminação de criadouros domiciliares, enquanto o conhecimento de que *Anopheles* busca abrigos dentro de casas, após picar, fundamenta o uso de mosquiteiros impregnados e pulverização intradomiciliar (Lima; Camara, 2016; Chanda *et al.*, 2017; Fernandes *et al.*, 2024; Lietner *et al.*, 2015).

Em suma, o controle vetorial bem-sucedido depende diretamente do embasamento científico sobre o vetor, e abordagens baseadas em conhecimentos entomológicos têm maior chance de reduzir a transmissão de doenças.

### 3 METODOLOGIA

O presente estudo caracteriza-se como uma pesquisa de natureza qualitativa, desenvolvida por meio de uma revisão bibliográfica narrativa e analítica, voltada à compreensão da dinâmica evolutiva dos vetores artrópodes e suas implicações para o controle de doenças infecciosas emergentes.

A pesquisa foi conduzida entre agosto e outubro de 2025, e abrangeu o levantamento, seleção e análise de literatura científica publicada nos últimos dez anos (2015–2025), complementada por estudos clássicos fundamentais ao tema. As fontes foram obtidas em bases de dados SciELO (*Scientific Electronic Library Online*), PubMed, ScienceDirect e Google Scholar, por meio da combinação de

descritores em português e inglês, utilizando os operadores booleanos *AND* e *OR* nas seguintes expressões: “*vetores artrópodes*” *AND* “*evolução*”, “*doenças infecciosas emergentes*”, “*vector-borne diseases*” *AND* “*evolutionary dynamics*”, “*climate change*” *AND* “*arthropod vectors*”.

Os critérios de inclusão contemplaram artigos científicos, revisões sistemáticas e narrativas, dissertações e teses que abordassem aspectos evolutivos, ecológicos ou genéticos relacionados aos vetores artrópodes, com ênfase na adaptação às mudanças ambientais e no impacto dessas transformações sobre a transmissão de patógenos.

Foram excluídos estudos sem revisão por pares, publicações redundantes, textos meramente descritivos, desprovidos de fundamentação, e materiais que tratassem exclusivamente de aspectos clínicos ou veterinários, sem correlação com o enfoque ecológico ou evolutivo.

Após o levantamento inicial, procedeu-se à triagem e leitura integral das publicações, sendo selecionados cinco estudos considerados mais representativos e no campo da ecologia evolutiva e das doenças zoonóticas. Cada obra foi analisada quanto à abordagem teórica, objetivos, metodologia empregada, principais resultados e contribuições para a compreensão da evolução zoonótica.

O processo analítico seguiu os princípios da Análise de Conteúdo propostos por Bardin (2016), o que possibilitou a identificação e categorização de temas recorrentes. As categorias emergentes, construídas a partir da leitura exaustiva das fontes, foram:

- a) Coevolução entre patógeno, vetor e hospedeiro;
- b) Variação genética e fenotípica intraespecífica;
- c) Ecologia imunológica e mecanismos de resistência e tolerância;
- d) Impactos das ações antrópicas e das mudanças climáticas na evolução zoonótica;
- e) Diversidade viral e papel dos artrópodes como reservatórios e motores evolutivos de patógenos.

Cada uma dessas categorias orientou a estrutura da análise, permitindo a comparação dos resultados entre os autores e a elaboração de inferências teóricas sobre o comportamento adaptativo dos vetores diante das pressões seletivas ambientais e humanas

#### 4 APRESENTAÇÃO DOS RESULTADOS

Os cinco artigos analisados foram os de Powell (2019), Cator *et al.* (2020), Shaw *et al.* (2018), Rogalski *et al.* (2017) e Li, Holmes e Shi (2025).

A pesquisa conduzida por Powell (2019) propõe uma análise evolutiva das doenças transmitidas por vetores, concebendo-as como um sistema de interação tripla entre patógeno, vetor artrópode e hospedeiro vertebrado. O autor enfatiza que compreender a dinâmica dessas doenças requer a observação simultânea dos três agentes envolvidos, cujas relações coevolutivas moldaram, ao longo do tempo, a capacidade de transmissão, adaptação ecológica e estabilidade dos ciclos epidemiológicos.

Powell (2019) apresenta um modelo evolutivo de origem das doenças zoonóticas humanas, demonstrando que, antes da sua emergência em populações humanas, muitos desses patógenos coexistiam em ciclos silvestres complexos envolvendo múltiplos vertebrados e espécies de mosquitos.

Em sua análise comparativa, o autor identifica diferenças nos ritmos e modos de evolução entre os três componentes. Os patógenos, especialmente os vírus de RNA, apresentam elevadas taxas mutacionais e curtos tempos de geração, o que lhes confere vantagem adaptativa frente a vetores e hospedeiros.

Esse desequilíbrio gera rápidas respostas evolutivas, como mutações simples que aumentam a eficiência de transmissão, evidenciadas nos casos do vírus Chikungunya (*CHIKV*) e do vírus do Nilo Ocidental (*WNV*). Por outro lado, os mosquitos e os vertebrados evoluem de forma mais lenta, dependendo de mecanismos de recombinação genética e seleção natural.

O autor propõe ainda que doenças com associações antigas, como a malária, alcançaram um equilíbrio estável e difícil de romper, uma vez que infecções

emergentes, como o vírus do Nilo Ocidental nas Américas, apresentam interações ainda instáveis, mais suscetíveis à intervenção e controle (Powell, 2019).

Powell (2019) também explora o conceito de interesses evolutivos conflitantes. Para o patógeno, o vetor ideal é longo, competente e fisiologicamente favorável à transmissão. Para o mosquito, o patógeno ideal é aquele que não compromete sua fecundidade. E, para o hospedeiro humano, são desejáveis vetores pouco abundantes, com baixa competência vetorial e patógenos de curta duração e baixa virulência.

Ademais, mesmo em associações estáveis, como *Ae. aegypti* e vírus da dengue, existe uma variabilidade genética que determina diferenças na competência vetorial. Powell (2019) observa que essa heterogeneidade pode ser aproveitada para estratégias de controle genético, sem recorrer, necessariamente, à transgenia, explorando populações naturalmente refratárias à infecção.

Além dos fatores biológicos, estudos citados pelo autor demonstram que, paradoxalmente, a resistência a inseticidas pode aumentar a competência vetorial para certos vírus, e que o tratamento de infecções humanas pode elevar a infectividade dos parasitas para mosquitos.

Assim, a intervenção humana é hoje o principal agente de mudança na dinâmica evolutiva das doenças vetoriais, superando, em velocidade, os próprios processos biológicos.

Por fim, Powell (2019) destaca a necessidade de modelos coevolutivos quantitativos que incorporem os parâmetros de variação genética, taxas de evolução e estabilidade ecológica entre os três agentes. A ausência de tais modelos limita a compreensão preditiva dos ciclos epidemiológicos e dificulta o planejamento de intervenções sustentáveis.

O autor conclui que, ao reconhecer o caráter dinâmico e coevolutivo dessas interações, torna-se possível identificar pontos críticos capazes de interromper o ciclo de transmissão e, conseqüentemente, reduzir o impacto das doenças infecciosas emergentes.

De maneira complementar e, diferentemente, das abordagens tradicionais, centradas apenas em médias populacionais, Cator *et al.* (2020) enfatizam que a variação de traços entre indivíduos, ou seja, morfológicos, fisiológicos, comportamentais e genéticos, é um fator decisivo para compreender a heterogeneidade da competência vetorial e, conseqüentemente, a dinâmica epidemiológica das doenças emergentes.

Essa variação intrapopulacional, ignorada nos modelos clássicos de epidemiologia, afeta parâmetros fundamentais como a taxa de picada, a longevidade do vetor, o período de incubação extrínseco e a probabilidade de infecção. Assim, pequenas diferenças fenotípicas, dentro de uma mesma população, podem amplificar ou diminuir surtos, modificando o número básico de reprodução ( $R_0$ ) (Cator *et al.*, 2020).

Essa constatação reforça que as epidemias não são fenômenos uniformes, pois são expressões ecológicas da diversidade biológica e ambiental que molda as populações vetoriais (Cator *et al.*, 2020).

Entre os fatores ambientais, os autores destacam a temperatura como um dos principais moduladores da variação dos traços. Alterações térmicas de apenas alguns graus são capazes de modificar, de forma não linear, a velocidade do desenvolvimento larval, a fecundidade e a duração do ciclo de vida do vetor, além de influenciar o tempo de replicação do patógeno. Essa relação explica por que a expansão urbana tem ampliado as zonas de transmissão de arboviroses e parasitoses, permitindo que vetores, tradicionalmente tropicais, colonizem regiões temperadas (Cator *et al.*, 2020).

A análise de Cator *et al.* (2020) também evidencia que os traços fenotípicos são interdependentes, de modo que uma alteração em um componente repercute em outros. Essa correlação reforça a necessidade de abordagens multivariadas, que considerem as interações entre traços e fatores ambientais, em vez de isolá-los em análises unidimensionais.

Um dos pontos de maior relevância do artigo está na distinção entre variação fenotípica plástica e variação genética herdável. Enquanto a plasticidade permite

respostas rápidas a mudanças ambientais, a variação genética confere potencial evolutivo de longo prazo.

A coexistência desses dois mecanismos dá aos vetores uma capacidade de adaptação às intervenções humanas, tornando o controle vetorial um desafio.

A pesquisa também aponta que são escassos os dados empíricos sobre a distribuição dos traços nas populações naturais, e há limitações na capacidade de parametrizar modelos multivariados com alta precisão. No entanto, os avanços recentes na genômica, sensoriamento remoto e modelagem ecológica oferecem possíveis caminhos para resolver esse problema (Cator *et al.*, (2020).

Em síntese, o trabalho de Cator *et al.* (2020) reforça a ideia de que a dinâmica evolutiva dos vetores artrópodes é um processo com muitos fatores, em que a variação de traços individuais interage com fatores ambientais e antrópicos para determinar os padrões de transmissão das doenças infecciosas emergentes.

A incorporação dessa perspectiva à gestão da saúde pública permite compreender os vetores não como entidades estáticas, mas como organismos em constante adaptação às condições ecológicas e às ações humanas, exigindo políticas de controle mais evolutivas (Cator *et al.*, (2020).

Por sua vez, Shaw *et al.* (2018) argumentam que a investigação do sistema imunológico de vetores tem sido, historicamente, conduzida em ambientes laboratoriais altamente controlados.

Essa abordagem, embora tenha permitido o detalhamento das vias moleculares envolvidas na imunidade inata, negligencia as variáveis ecológicas que moldam, de forma decisiva, as interações entre microrganismos e hospedeiros em ambientes naturais (Shaw *et al.*, 2018).

Em consequência, a extrapolação de dados laboratoriais para o contexto ecológico resulta frequentemente em interpretações enviesadas ou parciais sobre a dinâmica evolutiva da resistência e tolerância nos vetores (Shaw *et al.*, 2018).

No plano evolutivo, eles introduzem uma distinção conceitual entre resistência e tolerância. A primeira refere-se à capacidade do vetor em reduzir ou

eliminar o microrganismo invasor, e a segunda, à aptidão em minimizar os danos causados pela infecção, sem, necessariamente, reduzir a carga microbiana.

Essa diferenciação é permite entender que, enquanto a resistência tende a reduzir a transmissão, a tolerância pode aumentá-la, ao prolongar a sobrevivência do vetor infectado (Shaw *et al.*, 2018). Esse entendimento desloca o foco do combate direto aos agentes infecciosos para o manejo evolutivo das respostas imunes, reconhecendo que a supressão completa de patógenos pode ser contraproducente.

Outro ponto está abordagem do conceito de “patogenicidade contextual”, segundo o qual o vírus de um microrganismo é determinado por fatores bióticos e abióticos específicos do hospedeiro e do ambiente.

Patógenos altamente virulentos em humanos podem coexistir com seus vetores, desempenhando, inclusive, papéis simbióticos. Essa constatação reforça a tese de que a relação vetor-patógeno não deve ser analisada sob a ótica linear de antagonismo (Shaw *et al.*, 2018).

O artigo também aprofunda o debate sobre imunidade treinada em artrópodes, conceito análogo à memória inata observada em vertebrados. Evidências em mosquitos, besouros e moluscos sugerem que exposições anteriores a microrganismos podem induzir respostas imunes mais eficientes em desafios subsequentes (Shaw *et al.*, 2018).

Isso, mediado por alterações metabólicas e, possivelmente, por mecanismos epigenéticos, desafia a antiga noção de que a imunidade inata seria desprovida de memória e especificidade.

Essa constatação aproxima os sistemas imunes de artrópodes e vertebrados sob uma perspectiva evolutiva contínua, eliminando a dicotomia entre imunidade inata e adaptativa (Shaw *et al.*, 2018).

Rogalski *et al.* (2017) complementam ao analisarem como as ações humanas têm impulsionado a evolução e a ecologia das doenças infecciosas emergentes. Os autores argumentam que fatores antrópicos, como mudanças no uso da terra, globalização, urbanização e aquecimento climático, intensificam o contato entre

espécies e favorecem o surgimento de novas interações entre hospedeiros, vetores e patógenos.

A variabilidade térmica e a elevação das temperaturas geram pressões seletivas que favorecem indivíduos mais tolerantes e patógenos mais virulentos. Paralelamente, o uso intensivo de inseticidas e medicamentos cria um ambiente de seleção adaptativa, promovendo resistência em populações vetoriais e reduzindo a eficácia das medidas de controle.

Em síntese, o estudo reforça a necessidade de estratégias de controle que integrem ecologia, evolução e saúde pública, reconhecendo que a evolução dos vetores artrópodes está vinculada às transformações ambientais provocadas pela ação humana (Rogalski *et al.*, 2017).

Por fim, Li, Holmes e Shi (2025) apresentam uma revisão sobre a diversidade e o papel ecológico dos vírus associados a artrópodes, destacando a importância desses organismos como reservatórios e vetores de patógenos emergentes. Com base em estudos meta transcriptômicos, os autores estimam a existência de mais de 12 milhões de vírus ligados a artrópodes, sobretudo em mosquitos, abelhas, mariposas e cigarrinhas, confirmando que esses invertebrados possuem o viroma mais diversos conhecido.

Li, Holmes e Shi (2025) destacam ainda evidências de coevolução entre vírus e artrópodes, observadas em fragmentos virais presentes nos genomas desses hospedeiros, demonstrando que eles atuam como “motores” da evolução viral. Conclui-se que os vírus de artrópodes são elementos-chave na dinâmica evolutiva dos vetores e na emergência de doenças infecciosas, além de exercerem funções ecológicas essenciais à estabilidade dos ecossistemas.

Diante do exposto, os cinco estudos analisados convergem para a compreensão de que a dinâmica evolutiva dos vetores artrópodes é um processo, no qual fatores biológicos, ecológicos e antrópicos interagem continuamente, moldando a emergência e a disseminação de doenças infecciosas.

Powell (2019) evidencia que a coevolução entre patógeno, vetor e hospedeiro é a base da estabilidade e da adaptação epidemiológica, enquanto Cator *et al.*

(2020) ampliam essa visão ao demonstrar que a variação genética e fenotípica intraespecífica dos vetores é decisiva para a heterogeneidade da transmissão, especialmente sob influências ambientais, como temperatura e urbanização.

Shaw *et al.* (2018) complementam ao integrar a imunologia molecular e a ecologia evolutiva, mostrando que mecanismos como resistência, tolerância e imunidade treinada determinam a persistência e o sucesso adaptativo dos vetores em ambientes naturais. Rogalski *et al.* (2017) introduzem a dimensão antropogênica dessa dinâmica, mostrando que a ação humana acelera processos evolutivos e aumenta a resistência e a virulência de patógenos.

Por sua vez, Li, Holmes e Shi (2025) ampliam o escopo para o nível virológico, revelando que os artrópodes abrigam um vasto e diversificado viroma, atuando como reservatórios e motores evolutivos de vírus que influenciam a ecologia e a saúde pública.

Em conjunto, esses trabalhos demonstram que o controle de doenças emergentes exige uma abordagem integrada, que reconheça os vetores não apenas como transmissores, mas como agentes evolutivos, influenciados pelas intervenções humanas.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os estudos revisados evidenciam que a coevolução entre patógeno, vetor e hospedeiro é um processo contínuo, que define a capacidade de transmissão e a estabilidade dos ciclos epidemiológicos. A plasticidade fenotípica e a variação genética observadas em populações de vetores, somadas às pressões seletivas impostas pelas mudanças climáticas e pelas ações humanas, revelam que esses organismos são agentes evolutivos em constante adaptação.

Constatou-se que o aumento das temperaturas globais, a urbanização acelerada e o uso intensivo de inseticidas modificam a distribuição, o comportamento e a competência vetorial das espécies, ampliando áreas de risco e dificultando o controle das doenças.

Além disso, os artrópodes são fundamentais na manutenção e diversificação de vírus e outros patógenos, atuando como reservatórios e facilitadores da emergência de novas doenças infecciosas.

Essa relação reforça a necessidade de abordagens interdisciplinares que integrem ecologia, genética, imunologia e saúde pública, permitindo compreender e prever as respostas adaptativas desses vetores diante das pressões ambientais atuais.

Conclui-se que o enfrentamento das doenças infecciosas emergentes exige uma visão evolutiva e sistêmica do controle vetorial. Políticas de saúde pública devem considerar os processos adaptativos dos vetores e incorporar estratégias baseadas em evidências ecológicas, evitando medidas isoladas que acelerem a resistência e comprometam a eficácia das intervenções.

O reconhecimento dos vetores como componentes dinâmicos dos ecossistemas e agentes ativos da evolução dos patógenos é fundamental para o desenvolvimento de ações sustentáveis e integradas, voltadas à preservação ambiental e à proteção da saúde humana.

## 6 REFERÊNCIAS

CATOR, L. J. et al. The role of vector trait variation in vector-borne disease dynamics. **Frontiers in ecology and evolution**, v. 8, p. 189, 2020. DOI: 10.3389/fevo.2020.00189.

CHANDA, E. et al. Harnessing integrated vector management for enhanced disease prevention. **Trends in parasitology**, v. 33, n. 1, p. 30-41, 2017. DOI: 10.1016/j.pt.2016.09.006.

FERNANDES, C. O. de S. et al. Arboviroses emergentes e reemergentes no Brasil: dengue, chikungunya e zika. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, v. 6, n. 8, p. 5036-5048, 2024.

LI, C.; HOLMES, E. C.; SHI, W. The diversity, pathogenic spectrum, and ecological significance of arthropod viruses. **Trends in Microbiology**, 2025. DOI: 10.1016/j.tim.2025.02.003.

LIMA-CAMARA, T. N. Emerging arboviruses and public health challenges in Brazil. **Revista de Saúde Pública**, v. 50, p. 36, 2016. DOI: 10.1590/S1518-8787.2016050006501.

LEITNER, W. W. et al. Arthropod vectors and disease transmission: translational aspects. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 9, n. 11, e0004107, 2015. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004107.

POWELL, J. R. An evolutionary perspective on vector-borne diseases. **Frontiers in Genetics**, v. 10, p. 1266, 2019. DOI: 10.3389/fgene.2019.01266.

ROGALSKI, M. A. et al. Human drivers of ecological and evolutionary dynamics in emerging and disappearing infectious disease systems. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 372, n. 1712, p. 20160043, 2017. DOI: 10.1098/rstb.2016.0043.

SHAW, D. K. et al. Vector immunity and evolutionary ecology: the harmonious dissonance. **Trends in Immunology**, v. 39, n. 11, p. 862-873, 2018. DOI: 10.1016/j.it.2018.08.007.