

INFLUÊNCIA DO FUNGICIDA MANCOZEBE NA MICROBIOTA INTESTINAL EM UM MODELO EXPERIMENTAL

Marina Ferri Pezzini¹, Nelson David Suarez Uribe¹, Juliana Cristina Dall'Agnol¹, Pabulo Henrique Rampelotto², Patrícia Gabriela Riedel³, Sheila de Castro Cardoso Toniasso¹, Larisse Longo¹, Mário Reis Álvares da Silva^{1,3}, Dvora Joveleviths^{1,3}

¹Programa de Pós-Graduação Ciências em Gastroenterologia e Hepatologia da UFRGS

²Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular da UFRGS

³Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

INTRODUÇÃO

Nos últimos 40 anos, a agricultura brasileira se desenvolveu de tal forma que o país será um dos grandes fornecedores de alimentos do futuro. Esse setor vem desempenhando um importante papel na economia do Brasil, devido à grande produção de grãos, que é representada por todas as macrorregiões. De fato, para manter tal produção, o setor agrícola utiliza intensivamente insumos químicos como fertilizantes e agrotóxicos, corroborando para que o Brasil seja um dos maiores consumidores de pesticidas do mundo. Os Etilenobisditiocarbamatos (EBDCs), são um grupo de fungicidas que tem sido amplamente utilizado no mundo, sendo o Manganese Ethylenebis (Mancozebe), um dos seus principais representantes. Sua toxicidade já foi evidenciada em diversos estudos. No entanto, sua influência na estrutura e diversidade da microbiota intestinal permanece desconhecida.

OBJETIVOS

Investigar o impacto do Mancozebe na microbiota intestinal utilizando um modelo com roedores.

METODOLOGIA

A proposta foi um estudo experimental com 27 ratos machos wistar, divididos em 3 grupos de 9 ratos.

Grupo	Intervenção
Grupo Controle (GC)	Recebeu solução salina 0,9%
Grupo Intervenção I (MZ1)	Recebeu 250 mg/kg 1x/semana*
Grupo Intervenção II (MZ2)	Recebeu 500 mg/kg 1x/semana*

*MZ1 e MZ2: diluídos em solução salina 2 ml/kg.

- Após 12 semanas de experimento, os animais foram eutanasiados e as fezes presentes no intestino foram coletadas.
- Posteriormente à extração do ácido desoxirribonucleico (DNA) fecal, a região V4 do gene 16S do ácido ribonucleico ribossômico (rRNA) foi amplificada seguida de sequenciamento em um sistema Ion Torrent PGM™.

(CAAE: 11627319500005327).

RESULTADOS

A análise de diversidade alfa e beta demonstrou diferenças significativas entre os grupos Controle e Mancozebe (MZ1 e MZ2), mas não foi observada diferença entre MZ1 e MZ2. Além disso, 10 táxons foram diferencialmente abundantes entre os 3 grupos. Bacteroides, Bacillus, Bacteroidales_unclassified, Bacteroidetes_G7 e Bacillaceae_unclassified foram diferencialmente abundantes em MZ1 enquanto Monodacaee_unclassified e Ruminococcaceae_G_2 foram prevalentes em MZ2. Outrossim, 7 gêneros aumentaram significativamente em abundância após a exposição ao Mancozebe, enquanto que 5 gêneros diminuíram.



7 gêneros



5 gêneros



CONCLUSÃO

Neste estudo, pudemos demonstrar que o fungicida comumente utilizado, Mancozebe, induziu a alterações na microbiota intestinal de ratos em doses comparáveis à exposição humana. Em especial, a exposição ao Mancozebe apresentou efeitos colaterais alterando a estrutura e composição da microbiota intestinal e aumentando a diversidade bacteriana independentemente da dose utilizada. Esses resultados podem ser explicados principalmente por um efeito direto do fungicida no microbioma intestinal (diminuindo sua população), o que por sua vez abriria novos nichos para proliferação bacteriana. Uma vez que entender como as interações fúngico-bacterianas impactam o hospedeiro após a exposição a fungicidas é essencial para a ecotoxicologia e saúde pública. Mais estudos devem se concentrar em entender o impacto do Mancozebe e outros fungicidas no microbioma hospedeiro, uma área de pesquisa ainda não explorada.