

Avaliação da expressão diferencial em *Physcomitrium patens* na busca das adaptações moleculares responsivas na arquitetura dos órgãos reprodutivos.

Tiego Ferreira, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Rafael De La Vega de Mendonça, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Geferson Fernando Metz, discente de doutorado, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Rafael Plá Matiello Lemos, técnico de laboratório, Universidade Federal do Pampa, Filipe de Carvalho Victoria, docente, Universidade Federal do Pampa

e-mail primeiro autor- tiegoferreira.aluno@unipampa.edu.br

A infertilidade masculina humana está ligada a diferentes funções dos gametas masculinos, sendo uma delas causada pela deficiência na motilidade em função de anomalias no flagelos do espermatozóide. Diversos defeitos genéticos culminam na perda da fertilidade quando se é visto no ponto evolutivo, onde a função flagelar do espermatozoide é extremamente conservada em todos os reinos. Segundo pesquisas recentes, o musgo *Physcomitrium patens* possui genes homólogos aos genes humanos que se relacionam com a arquitetura dos microtúbulos que possibilitam a motilidade espermática. O musgo *P. patens* vem sendo um importante sistema modelo para estudar questões de biologia evolutiva e de desenvolvimento, como também é um excelente modelo para estudos de reprogramação celular além de colaborar com os estudos de organismos não vasculares. Apesar dos genes envolvidos no processo da organogênese das estruturas reprodutivas dos musgos ainda serem desconhecidos, a melhor hipótese determina que esses possam estar envolvidos na construção da motilidade do flagelo. Baseando-se nessa hipótese o nosso objetivo é identificar os genes responsivos pela diferenciação de estruturas reprodutivas e como esses podem identificar problemas na formação dos órgãos reprodutivos do musgos. Como parte da metodologia, foi realizada uma análise de expressão gênica diferencial com auxílio de dados obtidos na técnica de RNA-Seq. Essa análise comparou os transcritos de anterídios (masculino) e arquegônios (feminino) a fim de identificar diferenças na expressão gênica entre esses órgãos do musgo. As reads utilizados foram obtidos através do banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), na plataforma *Sequence Reads Archives* (SRA) SRR19502729, SRR19502730, SRR19502731, SRR19502732, SRR19502733, SRR19502734, SRR4454535 e SRR9901085. As *reads* brutas (*raw reads*) foram filtradas por tamanho e qualidade (Phred-Score 28) e então analisadas para a contagem dos transcritos e análise de expressão diferencial de genes (DEGs) por meio das ferramentas Salmon e Degust. Como resultado foram identificados os genes Pp3c10_9456v3.1, Pp3c17_1640V3.1 e Pp3c17_13470V3.1 como possíveis genes envolvidos na diferenciação sexual entre órgãos sexuais do musgo, onde esses genes são super-expressos quando há formação de anterídios e sub-expressos quando há formação dos arquegônios. Por meio da análise de função

e ontologia gênica, foi observado que o gene Pp3c10_9456v3.1 é responsável pela determinação da simetria, morfogênese da estrutura anatômica, montagem de componentes celulares e desenvolvimento de órgãos em *P. patens*, sendo um alvo ideal para testes de nocaute gênico para validação de sua função na diferenciação dos órgãos reprodutivos nesta planta. Com esse estudo, nós propomos que esses genes podem ser os responsáveis pela representação genotípica e fenotípica da diferenciação sexual dos musgos com o foco específico nos genes responsáveis pela arquitetura do desenvolvimento, como o caso do gene Pp3c10_9456v3.1. De acordo com uma avaliação dos dados obtidos, e posteriormente analisando o banco de dados da plataforma PEATmoss, um defeito no gene citado causado pela sua falta de expressão ou excesso de expressão ainda pode causar malformações de órgãos reprodutivos além de causarem uma cascata de eventos imprevisíveis para o organismo, culminando na ausência de reprodução nos indivíduos afetados ou em alguma deficiência reprodutiva. Logo, com maior compreensão de genes homólogos em eucariotos (como plantas e humanos), não somente se entenderá melhor o desenvolvimento das plantas, mas também possibilitará entender questões relacionadas à infertilidade humana. A possibilidade de um modelo eucarioto flagelado e de fácil manipulação em laboratório faz destes musgos uma importante fonte de informação para melhor entendimento de nossas variações genéticas como também problemas em relação à reprodução humana.

Agradecimentos: Programa Pesquisador Gaúcho - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS/2021. 21/2551-0002313-9), CNPQ 442675/2018-6, UNIPAMPA, INOVABOLSA.

Palavras-chave: Bioinformática; Infertilidade Humana; Musgos; Transcriptoma; Modelo Biológico.