

**XU** Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

**28<sup>o</sup>**

Encontro de Iniciação Científica da UENF

**20<sup>o</sup>**

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

**16<sup>a</sup>**

Jornada de Iniciação Científica da UFF



**UIII** Congresso Fluminense de Pós-Graduação

**23<sup>a</sup>**

Mostra de Pós-Graduação da UENF

**8<sup>a</sup>**

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**

Mostra de Pós-Graduação da UFF

## Identificação de genes com expressão tecido-específica em *Cannabis sativa*

*Kevelin Barbosa-Xavier, Thiago Motta Venancio*

O cânhamo e a maconha são plantas da espécie *Cannabis sativa* L. que tem aplicações na indústria têxtil e farmacêutica, respectivamente. A porcentagem do fitocanabinoide delta-9-tetrahidrocannabinol (THC) é o critério para determinar se uma planta de *C. sativa* é do tipo cânhamo (< 0,3% THC) ou maconha (> 0,3% THC). Os fitocanabinoides são sintetizados e armazenados em tricomas glandulares, majoritariamente em flores femininas de maconha, enquanto as fibras são retiradas do caule de cânhamo. O uso de tecidos específicos para diferentes finalidades e o aumento da quantidade de dados públicos de RNA-Seq de *C. sativa* nos motivou a identificar genes com expressão tecido específica ou preferencial (TE) em canábis. Os dados de expressão gênica (expressos em TPM) e metadados das amostras de RNA-Seq foram obtidos no atlas de expressão da canábis (Barbosa-Xavier, Almeida-Silva e Venancio; dados não publicados). Para a identificação de genes TE foram usados os tecidos com pelo menos 10 biosamples depositadas, a saber: tricoma, folha, flor, raiz, hipocótilo e fibras do floema. Os padrões de expressão gênica foram analisados com o pacote R TissueEnrich (com o parâmetro *maxNumberOfTissues* = 3) e com o índice de especificidade de tecido (TAU) (*threshold* de 0.80). Foram considerados TE os genes com TAU de ao menos 80% e expressão 5 vezes maior em um tecido em comparação com todos os demais. Para enriquecimento funcional e de vias foram utilizadas, respectivamente, as ferramentas Blast2GO e BlastKOALA. Identificamos 1287 genes TE de raiz, 1004 de flor, 340 de tricoma, 237 de hipocótilo, 227 de folha e 40 de fibras do floema. As análises de enriquecimento indicaram que os genes TE estão envolvidos em funções características de cada tecido. Hipocótilo, tecido diretamente envolvido no desenvolvimento do caule e fibras, apresentou genes intimamente relacionados com a deposição de parede celular. Em fibras do floema tem-se a expressão de genes especialmente envolvidos no alongamento do caule. O perfil de expressão de genes TE de hipocótilo e fibras do floema reflete a importância destes tecidos no desenvolvimento e qualidade das fibras de cânhamo. Em tricomas observamos genes TE cruciais na biossíntese de fitocanabinóides, terpenóides e flavonóides, compostos que, juntos, interferem na composição e qualidade dos extratos de interesse medicinal e terapêutico. Com este trabalho conseguimos traçar um perfil gênico para diferentes tecidos de canábis, gerando dados valiosos para futuras pesquisas e aplicações biotecnológicas no desenvolvimento de fibras e biossíntese de fitocanabinóides.

*Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.*

*Eixo temático: 4.2 UENF - PPG Biotecnologia Vegetal.*

*Fomento da bolsa (quando aplicável): FAPERJ.*

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



**XU** Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

**28<sup>o</sup>**

Encontro de Iniciação Científica da UENF

**20<sup>o</sup>**

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

**16<sup>a</sup>**

Jornada de Iniciação Científica da UFF



**U III** Congresso Fluminense de Pós-Graduação

**23<sup>a</sup>**

Mostra de Pós-Graduação da UENF

**8<sup>a</sup>**

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**

Mostra de Pós-Graduação da UFF

## Identification of genes with tissue-specific expression in *Cannabis sativa*

*Kevelin Barbosa-Xavier, Thiago Motta Venancio*

Hemp and marijuana are plants of the *Cannabis sativa* L. species that have applications in the textile and pharmaceutical industries, respectively. The percentage of the phytocannabinoid delta-9-tetrahydrocannabinol (THC) is the criterion for determining whether a *C. sativa* plant is hemp (< 0.3% THC) or marijuana (> 0.3% THC) type. Phytocannabinoids are synthesized and stored in glandular trichomes, mostly in female marijuana flowers, while the fibres are taken from the hemp stem. The use of specific tissues for different purposes and the increasing amount of public RNA-Seq data from *C. sativa* motivated us to identify genes with tissue-specific or preferential (TE) expression in cannabis. Gene expression data (expressed in TPM) and metadata of the RNA-Seq samples were obtained from the Cannabis Expression Atlas (Barbosa-Xavier, Almeida-Silva and Venancio; unpublished data). For the identification of TE genes, tissues with at least 10 deposited biosamples were used, namely: trichome, leaf, flower, root, hypocotyl and bast fibres. Gene expression patterns were analyzed with the TissueEnrich R package (with the parameter *maxNumberOfTissues* = 3) and with the tissue specificity index (TAU) (*threshold of 0.80*). Genes with a TAU of at least 80% and 5 times higher expression in a tissue compared to all others were considered TE. For functional and pathway enrichment, the Blast2GO and BlastKOALA tools were used, respectively. We identified 1287 TE genes from root, 1004 from flower, 340 from trichome, 237 from hypocotyl, 227 from leaf and 40 from bast fibres. Enrichment analysis indicated that TE genes are involved in functions characteristic of each tissue. Hypocotyl, tissue directly involved in stem and fiber development, presented genes closely related to cell wall deposition. In bast fibres there is the expression of genes especially involved in stem elongation. The TE gene expression profile of hypocotyl and bast fibres reflects the importance of these tissues in the development and quality of hemp fibres. In trichomes we observed crucial TE genes in the biosynthesis of phytocannabinoids, terpenoids and flavonoids, compounds that, together, interfere in the composition and quality of extracts of medicinal and therapeutic interest. With this work we were able to draw a gene profile for different cannabis tissues, generating valuable data for future research and biotechnological applications in the development of fibres and biosynthesis of phytocannabinoids.

*Institution of the CI, IT or PG Program: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.*

*Thematic axis: 4.2 UENF - PPG Biotecnologia Vegetal.*

*Scholarship promotion (when applicable): FAPERJ.*

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

