

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE MEDICINA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MEDICINA: CIÊNCIAS MÉDICAS

EXPRESSÃO DE MEMBROS DA SUPERFAMÍLIA TGF- β , SEUS RECEPTORES E
SINALIZADORES INTRACELULARES EM CÉLULAS DA GRANULOSA DE
FOLÍCULOS ANTRAIS DE MULHERES INFÉRTEIS COM ENDOMETRIOSE

EMILY DE CONTO

PORTO ALEGRE

2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE MEDICINA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MEDICINA: CIÊNCIAS MÉDICAS

EXPRESSÃO DE MEMBROS DA SUPERFAMÍLIA TGF- β , SEUS RECEPTORES E
SINALIZADORES INTRACELULARES EM CÉLULAS DA GRANULOSA DE
FOLÍCULOS ANTRAIS DE MULHERES INFÉRTEIS COM ENDOMETRIOSE

EMILY DE CONTO

Orientador:

Prof. Dr. João Sabino Lahorgue da Cunha Filho

Tese apresentada como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Medicina: Ciências Médicas, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Programa de Pós-Graduação em Medicina: Ciências Médicas.

PORTO ALEGRE

2018

Agradecimentos

Ao professor Dr. João Sabino, eu agradeço a confiança, as oportunidades e a atenção nesses nove anos de parceria na pesquisa.

À professora Ursula, o suporte científico.

Aos colegas João Paolo e Vanessa, o companheirismo.

Aos amigos Charles e Juliana por compartilharmos a experiência na vida acadêmica.

Aos amigos Marlon e Rosa, agradeço a cumplicidade e parceria.

Agradeço à minha família, mãe e avó. À minha mãe, por ser minha inspiração como pessoa e profissional, por ter me dado incentivo e condições de alçar esses voos e, especialmente, pelo amor. À minha avó, sempre atenta a me ouvir e disposta a aprender as minhas descobertas científicas.

Thiago, meu companheiro, paciente e amoroso mesmo nos dias mais difíceis.

Gaia, minha continuação, a filha que é alegria e me ensina a viver o presente.

RESUMO

Base teórica

O desenvolvimento oocitário depende da comunicação bi-direcional entre o oócito e as células da granulosa e da teca; e os membros da superfamília TGF- β são responsáveis por essa comunicação, desempenhando importante papel nos processos de foliculogênese e oogênese. A endometriose é uma doença que causa infertilidade e já foi determinado que o *AMH*, membro da superfamília TGF- β , apresenta genótipo polimórfico nesse grupo de pacientes, além de estar estabelecido na literatura que há comprometimento das células da granulosa nessa doença.

Objetivo

Determinar a expressão gênica dos ligantes (*AMH*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* e *TGF β 3*), receptores (*AMHR2*, *BMPR2* e *TGF β R3*) e sinalizadores intracelulares (*SMAD3* e *SMAD4*) em células da granulosa de folículos antrais de mulheres inférteis com endometriose.

Métodos

Estudo caso-controle em que se avaliou a expressão de membros da superfamília TGF- β em mulheres inférteis com endometriose comparando-as com mulheres submetidas à fertilização *in vitro* por infertilidade tubária ou masculina através de PCR em tempo real com sondas TaqMan.

Resultados

Os dados dos ciclos de reprodução assistida e a idade não apresentaram diferença estatística entre os grupos estudados. A análise de expressão dos genes demonstrou que o ligante *BMP-6*, com Quantificação Relativa de 0,431 (QR: 0,355-0,524) ($P=0,013$) e o sinalizador intracelular *SMAD4*, com Quantificação Relativa de 0,624 (QR: 0,529-0,735) ($P=0,044$) apresentam níveis diminuídos nas pacientes inférteis com endometriose em comparação com o grupo controle. Os demais genes não apresentaram diferença significativa entre os grupos.

Conclusão

O grupo de pacientes inférteis com endometriose apresentou expressão de *BMP-6* e *SMAD4* reduzidas, indicando que o desenvolvimento oocitário é deficiente nestas pacientes no que compete às funções da *BMP-6* e que deve haver comprometimento de todas as rotas sinalizadas pelo *SMAD4*.

Palavras chave

Endometriose – Infertilidade – Expressão gênica – Superfamília TGF- β

ABSTRACT

Base theory

Oocyte development depends on the bi-directional communication between the oocyte and the granulosa and theca cells, and the members of the TGF- β superfamily are responsible for this communication, playing an important role in folliculogenesis and oogenesis. Endometriosis is a disease that causes infertility, and it has been determined that anti-Müllerian hormone (*AMH*), a member of the TGF- β superfamily, shows genetic polymorphism in this group of patients, besides being established in the literature that granulosa cells are involved in this disease.

Objective

The aim of this study was to determine gene expression of the ligands *AMH*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* and *TGF β 3*, receptors *AMHR2*, *BMPR2* and *TGF β R3*, and intracellular signal transducers *SMAD3* and *SMAD4* in antral follicle granulosa cells from infertile women with endometriosis.

Methods

A case-control study was conducted to evaluate the expression of TGF- β superfamily members in infertile women with endometriosis, comparing them with women undergoing *in vitro* fertilization due tubal or male infertility through real-time PCR with TaqMan probes.

Results

The data of assisted reproduction cycles and age did not show statistical difference between the groups studied. Expression analysis of the genes demonstrated that the ligand *BMP-6* with Relative Quantification of 0.431 (RQ=0.355-0.524) ($P=0.013$) and the signal transducer *SMAD4* with Relative Quantification of 0.624 (RQ=0.529-0.735) ($P=0.044$), indicating decreased expression levels in patients with endometriosis compared to the control group. The other genes did not exhibit significant differences between the groups.

Conclusion

The group of patients with endometriosis had reduced expression of *BMP-6* and *SMAD4*, indicating that oocyte development is deficient in these patients, with regard to *BMP-6* functions, and that all *SMAD4* signaling pathways should be impaired.

Keywords

Endometriosis – Infertility – Gene Expression – TGF- β Superfamily

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Resultado da busca de informações para a Revisão da Literatura nas bases de dados Embase, PubMed e SciELO.	13
Figura 2. Modelo de desenvolvimento oocitário proposto por Gougeon em 1986. (Fonte: Gougeon, 1986)	15
Figura 3. Membros da superfamília TGF- β envolvidos na comunicação entre o ócito e as células da granulosa e da teca. (Fonte: Knight et al., 2006)	18
Figura 4. Esquema da sinalização intracelular via SMAD decorrente da ativação de receptores transmembrana por membros da superfamília TGF- β	21

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

SIGLA – Significado

AMH – anti-Mullerian hormone (hormônio anti-Mulleriano)

AMHR2 – anti-Mullerian hormone Type II receptor (receptor tipo 2 de hormônio anti-Mulleriano)

ASRM – American Society for Reproductive Medicine (Sociedade Americana de Medicina Reprodutiva)

BMPs – bone morphogenetic proteins (proteínas morfogenética óssea)

BMP-6 – bone morphogenetic protein 6 (proteína morfogenética óssea 6)

BMP-15 – bone morphogenetic protein 15 (proteína morfogenética óssea 15)

BMPR2 – bone morphogenetic protein receptor type II (receptor de proteína morfogenética óssea tipo II)

CG – célula da granulosa

Co-SMAD – common mediator SMAD (mediador comum SMAD)

CT – célula da teca

ESHRE – European Society of Human Reproduction and Embryology (Sociedade Europeia de Reprodução Humana e Embriologia)

FIV – fertilização *in vitro*

FSH – follicle stimulating hormone (hormônio folículo estimulante)

GDFs – growth and differentiation factors (fatores de crescimento e diferenciação)

GDF-9 – growth and differentiation factor 9 (fator de crescimento e diferenciação 9)

INHA – inhibin alpha subunit (subunidade alfa de inibina)

INHBB – inhibin beta B subunit (subunidade inibina beta B)

I-SMAD – inhibitory SMAD protein (proteína SMAD inibitória)

LH – luteinizing hormone (hormônio luteinizante)

LHR – luteinizing hormone receptor (receptor de hormônio luteinizante)

R-SMAD – receptor-regulated SMAD protein (proteína SMAD regulada por receptores)

SMAD – small mothers against decapentaplegic

SMAD1 – SMAD family member 1 (membro 1 da família SMAD)

SMAD2 – SMAD family member 2 (membro 2 da família SMAD)

SMAD3 – SMAD family member 3 (membro 3 da família SMAD)

SMAD4 – SMAD family member 4 (membro 4 da família SMAD)

SNP – single nucleotide polymorphism (polimorfismo de nucleotídeo simples)

TGF- β – transforming growth factor beta (fator de crescimento transformador)

TGF β 1 – transforming growth factor beta-1 (fator de crescimento transformador beta-1)

TGF β 3 – transforming growth factor beta-3 (fator de crescimento transformador beta-3)

TGF β R3 – transforming growth factor beta receptor type III (receptor de fator de crescimento transformador beta tipo III)

Sumário

1 INTRODUÇÃO	10
2 REVISÃO DA LITERATURA	13
2.1 Estratégias para localizar e selecionar as informações	13
2.2 Desenvolvimento oocitário	13
2.3 Superfamília TGF- β.....	15
2.4 Processamento dos ligantes, seus receptores e a sinalização	20
2.5 Endometriose	22
2.6 Endometriose e infertilidade.....	24
2.7 Superfamília TGF-β e endometriose	25
3 MARCO CONCEITUAL.....	27
4 OBJETIVOS	28
5 HIPÓTESE NULA.....	29
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30
7 ARTIGO.....	39
8 CONSIDERAÇÕES FINAIS (Conclusões)	62
9 PERSPECTIVAS	63
10 ANEXOS	64

1 INTRODUÇÃO

Fêmeas de mamíferos nascem com um número fixo de oócitos em seus ovários e, em condições fisiológicas normais, o balanço entre o pool de oócitos no nascimento e a depleção desses oócitos ao longo da vida determina a reserva ovariana (1).

O desenvolvimento do complexo oóцит-folículo pode ser dividido em duas fases principais: a fase pré-antral, regida principalmente por fatores intraovarianos da superfamília de fatores de crescimento transformantes β (Transforming Growth Factor- β - TGF- β), e a fase antral, regida por membros da superfamília TGF- β e pelos hormônios folículo estimulante (Follicle Stimulating Hormone - FSH) e luteinizante (Luteinizing Hormone - LH) liberados pela adenoipófise (2). A importância da superfamília TGF- β na comunicação entre o oóцит e as células do folículo ovariano está bem sedimentada na literatura (3, 4, 5, 6).

Os principais membros da superfamília TGF- β a regularem as fases pré-antral e antral são as proteínas morfogenéticas ósseas (Bone Morphogenetic Protein - BMPs), os fatores de crescimento e diferenciação (Growth Differentiation Factor - GDFs), hormônio anti-Mulleriano (Anti-Mullerian Hormone - AMH), fatores de crescimento transformantes (Transforming Growth Factor- β - TGF β s), inibinas e ativinas (4). Esses fatores são produzidos pelo oóцит e/ou pelas células do folículo e agem de forma autócrina e/ou parácrina (4). Dentre eles, destacam-se o AMH que limita o crescimento de folículos pré-antrais e antrais através da regulação da sua sensibilidade ao FSH (7); BMP-6 que contribui para a sobrevivência de folículos saudáveis (8); BMP-15 e GDF-9 que induzem a proliferação, diferenciação, apoptose e luteinização das células da granulosa e da teca nos folículos primário e secundário (9, 10); inibinas que regulam a síntese de FSH pela hipófise e diminuem o efeito das ativinas por competição (11, 12), e TGF β 3 que induz a síntese de estradiol nas células da granulosa (13).

A funcionalidade das proteínas da superfamília TGF- β se dá através da sua ligação a receptores transmembrana na célula-alvo que, por sua vez, desencadeiam sinalização intracelular via fatores de transcrição da família SMAD (small mothers against decapentaplegic) que se deslocam do citoplasma para o núcleo onde contribuem para a regulação da transcrição de genes-alvo (14, 15, 16). A principal consequência da ação dessas proteínas é a mitose e diferenciação das células do

folículo e a promoção do desenvolvimento e maturação do oócito de forma que se torne competente para a fertilização.

A endometriose é uma desordem ginecológica benigna estrogênio-dependente caracterizada pela presença/disseminação de tecido endometrial fora da cavidade uterina resultante da interação entre fatores genéticos e ambientais (17). Essa doença afeta aproximadamente uma em cada sete mulheres em idade reprodutiva (17) e estima-se que 50% das pacientes com endometriose sejam, ao menos, subférteis (18). O diagnóstico comumente é realizado com atraso de cerca de 13 anos, pois as pacientes pensam que a dismenorreia é normal e não buscam esclarecer a sua causa (19). Após o diagnóstico, o tratamento pode ser hormonal ou cirúrgico e a decisão deve levar em consideração o desejo de gestar por parte da paciente e é comum que as pacientes precisem ser submetidas a técnicas de reprodução assistida para tornar a gestação possível (20, 21).

A associação entre endometriose e infertilidade é bastante clara, porém a maneira como isso acontece ainda não está bem determinado. Algumas ideias foram desenvolvidas e contribuem para o entendimento, como a influência da distorção anatômica e inflamação decorrentes da endometriose no ambiente da concepção (22), e insuficiência da fase lútea (23) com níveis diminuídos de progesterona (24) que influenciam a receptividade endometrial ao embrião (22, 25). E alterações genéticas também vêm sendo estudadas, como a expressão diminuída do gene Hoxa10 que reflete negativamente na receptividade do endométrio e, consequentemente, na taxa de implantação (26), a presença do polimorfismo genético do receptor de LH (*LHR*) na infertilidade associada à endometriose causando disfunção ovulatória (27); e a associação do alelo polimórfico do *AMH* para o polimorfismo p.Ile49Ser com o grupo de pacientes inférteis com endometriose (28). Além disso, está estabelecido que há anormalidades funcionais nas células da granulosa dessas mulheres, como insuficiência lútea (23, 24), esteroidogênese folicular prejudicada (29, 30), expressão reduzida de aromatase P450, aumento da geração de espécies reativas de oxigênio intracelular e sinais apoptóticos aumentados (30).

Membros da superfamília TGF- β vêm sendo estudados na busca pelo entendimento da patogênese da endometriose (31), e foram descobertas informações importantes: a ativina A cria condições para a sobrevivência e o desenvolvimento da lesão ectópica (32, 33); *AMH* e seu receptor *AMHR2* são expressos em lesões endometrióticas (34); *TGF β 1*, *SMAD1* e *SMAD4* estão supra-regulados no endométrio

eutópico de pacientes com endometriose (35); TGF β 1 é sintetizado pelo endometrioma e promove sua adesão ao tecido ovariano (36, 37, 38); BMP-6 é expressa no endométrio ectópico contribuindo para mecanismos de fixação, sobrevivência e expansão da endometriose (39). Entretanto, poucos trabalhos exploraram essas proteínas como influenciadoras da fertilidade na endometriose. Sabe-se que mulheres com endometriose apresentam menor concentração de GDF-9 no fluido folicular (40), GDF-9 tem expressão diminuída na endometriose moderada a severa (41) e que existe associação de genótipo polimórfico do *AMH* em pacientes inférteis com endometriose (28).

Esses achados evidenciam a necessidade de explorar mais o conhecimento sobre o comportamento da superfamília TGF- β na infertilidade associada à endometriose, por isso sugerimos investigar a expressão gênica de membros da superfamília TGF- β na fase antral do desenvolvimento folicular (*AMH*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* e *TGF β 3*), juntamente com seus receptores (*AMHR2*, *BMPR2* e *TGF β R3*) e sinalizadores intracelulares (*SMAD3* e *SMAD4*) para compreender melhor a fisiologia dessas proteínas na endometriose.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 Estratégias para localizar e selecionar as informações

Esta revisão da literatura foca em aspectos relacionados à endometriose e infertilidade e aos membros da superfamília TGF-β. Dessa forma, foram utilizados os termos “endometriosis”, “infertility” e “TGF-β superfamily” e suas combinações. A pesquisa foi realizada nas bases de dados Embase, PubMed e SciELO no período de 1960 a 2018. A Figura 1 exibe o resultado desta busca de informações.

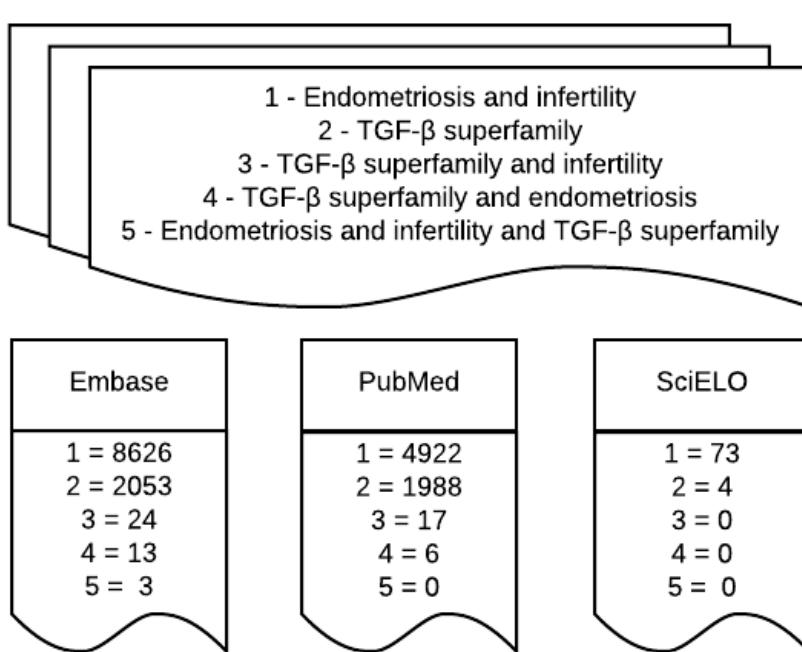


Figura 1. Resultado da busca de informações para a Revisão da Literatura nas bases de dados Embase, PubMed e SciELO.

2.2 Desenvolvimento oocitário

O desenvolvimento oocitário depende de dois processos que ocorrem simultaneamente no interior do ovário: oogênese e foliculogênese. O primeiro consiste no desenvolvimento do oócito, a célula germinativa; e o segundo, no desenvolvimento das camadas de células que formam o folículo que envolve essa unidade germinativa (2). Esses processos começam na embriogênese com a formação dos folículos primordiais que compõem a reserva ovariana (estoque de folículos imaturos de oócitos ainda não capacitados que ficam armazenados no ovário em estado de dormência -

estágio de Prófase I da meiose) e se encerram na menopausa que é consequência da depleção quase total desses folículos e marca o fim da vida reprodutiva feminina (12).

Os complexos folículo-oócito começam a ser liberados da dormência na puberdade, início da vida reprodutiva feminina. A cada ciclo reprodutivo, folículos saem da dormência e se desenvolvem através de uma série de fases coordenadas cujo resultado é a ovulação (42). Gougeon, em 1986, propôs que o desenvolvimento do folículo fosse subdividido em 8 classes e é possível observar com clareza a divisão em duas fases principais: a fase pré-antral e a fase antral (Figura 2) (2). A fase pré-antral consiste na parte inicial do crescimento do folículo, é a evolução do folículo primordial a folículo primário e secundário chegando ao tamanho de aproximadamente 0,2 mm de diâmetro. Estão envolvidos nessa fase apenas fatores de crescimento locais. A maior marca desta fase é a proliferação de células da granulosa (CG) e células da teca (CT): a organização destas células leva à formação de uma cavidade cheia de líquido – o antro – e é nesse momento que se inicia a fase antral. Na fase antral, o folículo (com 0,2 mm e antro inicial) começa a responder às gonadotrofinas (43). No início, o crescimento do folículo depende do balanço da ação do FSH, que promove o seu crescimento, e da ação do AMH, que regula a sua sensibilidade ao FSH (12). Este é o momento em que ocorre a seleção do folículo dominante, este folículo já tem receptores de FSH e LH em sua superfície e passa a responder a estes hormônios até que se torne folículo pré-ovulatório com 16 mm e ovulatório com aproximadamente 20 mm de diâmetro (2).

A comunicação bidirecional entre o oócito e as CG e CT, que formam o folículo, determina esse desenvolvimento e depende da ação de fatores intra e extraovarianos que agem de forma autócrina e parácrina (44). No grupo de fatores intraovarianos, podem ser citados alguns membros da Superfamília TGF- β : GDF-9, BMP-6 e -15, Inibinas, Ativinas e AMH. Os fatores extraovarianos são as gonadotrofinas: FSH e LH, secretadas pela adenoipófise (12).

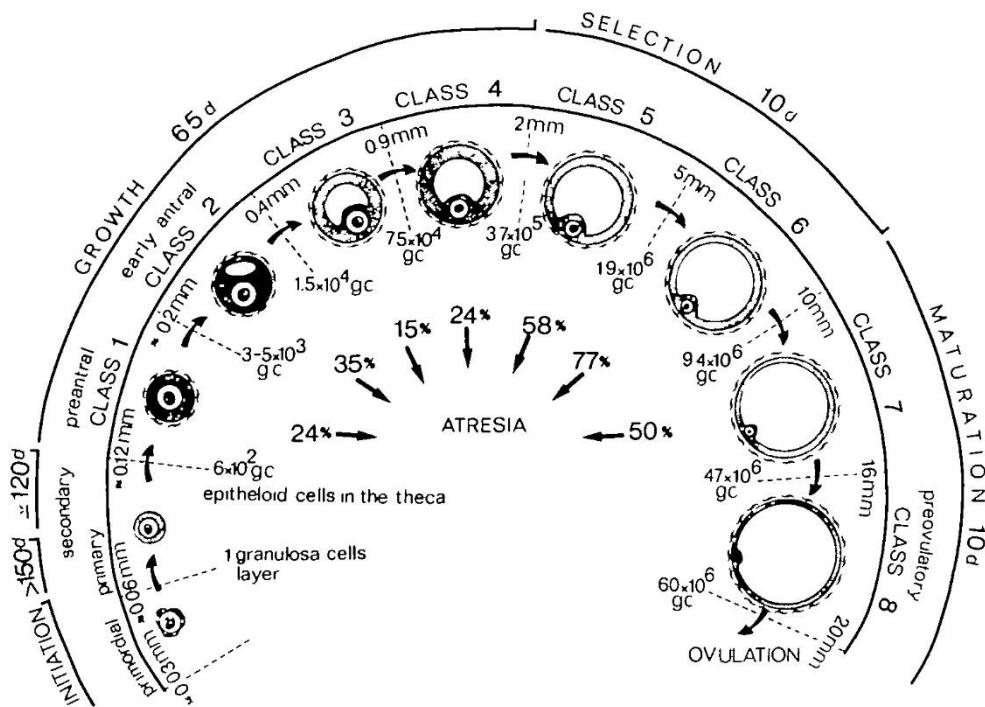


Figura 2. Modelo de desenvolvimento oocitário proposto por Gougeon em 1986.

(Fonte: Gougeon, 1986)

2.3 Superfamília TGF- β

Os membros da Superfamília TGF- β são proteínas envolvidas em uma série de eventos fisiológicos em vários tecidos como diferenciação, apoptose, proliferação e especificação celular, e sua ação se dá de forma autócrina ou parácrina regulando a expressão gênica por meio da ativação de receptores transmembrana que deflagram a ação de fatores de transcrição intracelulares SMAD junto a outros co-fatores transpcionais (45). Este grupo de mais de 40 proteínas é subdividido em famílias menores: subfamília TGF- β , subfamília ativina/inibina, AMH, BMPs e GDFs (12).

Estudos realizados *in vivo* e *in vitro* com diversas espécies mostram que fatores desta família são expressos no ovário sendo relacionados com a formação do estoque de folículos na fase embrionária e, após, nas fases de recrutamento, crescimento e diferenciação de oócitos e folículos (tanto na fase pré-antral quanto na fase antral) podendo estar relacionados com o controle da reserva ovariana através do seu envolvimento na atresia folicular (9, 12, 46).

TGF β s

Os TGF β s são citocinas homodiméricas e, em mamíferos, são sintetizadas em três isoformas: TGF β 1, β 2 e β 3 (9). Embora alguns estudos tenham sido realizados em camundongos, ainda são escassas as informações sobre os efeitos dessas proteínas na formação dos oócitos ou na montagem e ativação dos folículos primordiais (12). Entretanto, foi relatado que promovem a proliferação de CG e o crescimento de folículos pré-antrais (47) e que atuam sobre a produção de progesterona e síntese de estrogênio dependente de FSH (48). Sabe-se que os TGF β s estimulam a produção das inibinas A e B em ratos no período pós-natal e, além disso, sua função principal está relacionada à fase antral, pois aumentam o diâmetro de folículos de ratos adultos (49). Recentemente, foi relatado que o TGF β 1 regula positivamente a expressão da conexina 43 que é abundantemente expressa no ovário e fundamental para a comunicação célula-célula em células da granulosa humanas (50).

Ativina, inibina e folistatina

Ativinas são homo e heterodímeros formados por subunidades β A e β B, que resultam em três moléculas: ativina A, ativina B e ativina AB, as formas A e B são as mais comuns (9). Seus receptores são expressos em células germinativas (oogônias e oócitos) e em células somáticas (células da granulosa, da teca e luteais), e seu efeito pode ser diminuído por dois tipos de proteínas: inibina e folistatina. Essas três proteínas (ativina, inibina e folistatina) são secretadas pelas células da granulosa e flutuam simultaneamente no ovário (51).

Um estudo com ovários fetais humanos revelou que a ativina e seu receptor são expressos no período anterior à formação dos folículos primordiais, este dado sugere que a ativina esteja envolvida na regulação da proliferação e da sobrevivência das células germinativas (52). A ativina também estimula a expressão de receptores para o FSH nas CG e age junto com este hormônio regulando a proliferação e a diferenciação dessas células em estágios avançados da foliculogênese (9). As ativinas A, B e AB ainda diminuem a produção de progesterona em células da granulosa humanas (53, 54), entretanto, a capacidade de induzir a liberação de FSH é a função com maior destaque dessas moléculas (55).

A inibina é uma proteína sintetizada em duas isoformas, A e B, formadas por subunidades α e pelas mesmas subunidades β das ativinas, isso faz com que possam se ligar aos receptores das ativinas diminuindo seu efeito por competição (12). Além disso, exercem papel endócrino, por meio da circulação, na adenoipófise, suprimindo

a secreção de FSH (49). A inibina B parece ser a forma fisiologicamente relevante durante a fase folicular do ciclo menstrual (56).

A folistatina é uma glicoproteína extracelular encontrada em três isoformas: FST288, FST303 e FST315, e apresenta alta afinidade pela ativina de forma que, ligando-se a ela, a impede de interagir com o seu receptor de sinalização (12).

AMH

AMH é uma proteína produzida pelas CG de folículos em desenvolvimento (primeiramente aparece em folículos primários, aumenta em folículos pré-antrais e antrais de tamanho ≤4 mm e desaparece gradualmente em folículos antrais de tamanho de 4-8 mm) (12, 15, 57). Ele tem sua expressão induzida por outras proteínas da superfamília TGF-β, como BMP-2, -6, -7 (58).

As principais funções do AMH estão relacionadas com a seleção do folículo dominante, para isso ele está envolvido na regulação da ativação dos folículos primordiais e na inibição do crescimento destes folículos (59). Três mecanismos são sugeridos para essa ação: (i) interação direta com receptores para o AMH, o AMHR2, nas CG de folículos em estágios de desenvolvimento iniciais; (ii) de forma indireta, por diminuir a sinalização de fatores de crescimento que promovem a transição de folículo primordial a folículo primário (fator de crescimento de fibroblasto, kit ligante, fator de crescimento de queratinócitos), e (iii) por agir nas células ovarianas diminuindo a expressão dos receptores de ligação desses fatores de crescimento, o que diminui a responsividade das células a esses fatores (9).

Há envolvimento do AMH no ajuste fino da sensibilidade do folículo ao FSH. Na fase folicular do ciclo menstrual, o aumento do nível de FSH recruta uma coorte de folículos quiescentes para continuar o crescimento, no entanto, destes folículos recrutados apenas um seguirá se desenvolvendo, o folículo dominante, e ovulará. O processo de seleção do folículo para a dominância ainda não é bem esclarecido, porém sabe-se que o AMH diminui a sensibilidade dos folículos ao FSH, inibindo seu crescimento (59). O receptor *AMHR2* não é expresso em folículos antrais, fazendo com que o AMH não tenha efeito sobre estes e permitindo que o FSH promova o seu crescimento (60).

O AMH é detectável no soro humano e tem sido utilizado como preditor acurado e reprodutível para estimar reserva ovariana em mulheres com dificuldade para gestar (9). Essa medida é indireta uma vez que ele é expresso por folículos em crescimento

e não pelos folículos primordiais que compõem a reserva ovariana (12). Um estudo com mulheres submetidas à FIV mostrou que a concentração sérica de 0,2 ng/mL de AMH pode ser utilizada como ponto de corte para predizer a qualidade da reserva ovariana, uma vez que mulheres com níveis abaixo de 0,2 ng/mL apresentaram menor Contagem de Folículos Antrais (teste realizado por ultrassonografia para predição da reserva ovariana) e menores taxas de gravidez clínica do que aquelas com níveis maiores do que este (61). Além disso, os níveis séricos de AMH diminuem com o avanço da idade ovariana (a idade ovariana avança à medida que decresce o estoque de folículos) tornando-se indetectáveis após a menopausa (57).

BMPs e GDF-9

As BMPs aparecem em vários tecidos regulando crescimento, diferenciação e morte celular. Dentre as aproximadamente 20 BMPs descritas, várias são expressas no ovário e é bem conhecido seu papel de reguladoras positivas da especificação e proliferação de células germinativas primordiais no período embrionário de vários mamíferos (12). O GDF-9 é a principal proteína da subfamília de GDFs e apresenta papel essencial no desenvolvimento inicial dos folículos (4).

Cada compartimento do complexo oócito-folículo expressa diferentes fatores que permitem a comunicação bi-direcional oócito/CG e CG/CT, como é mostrado na Figura 3 (4).

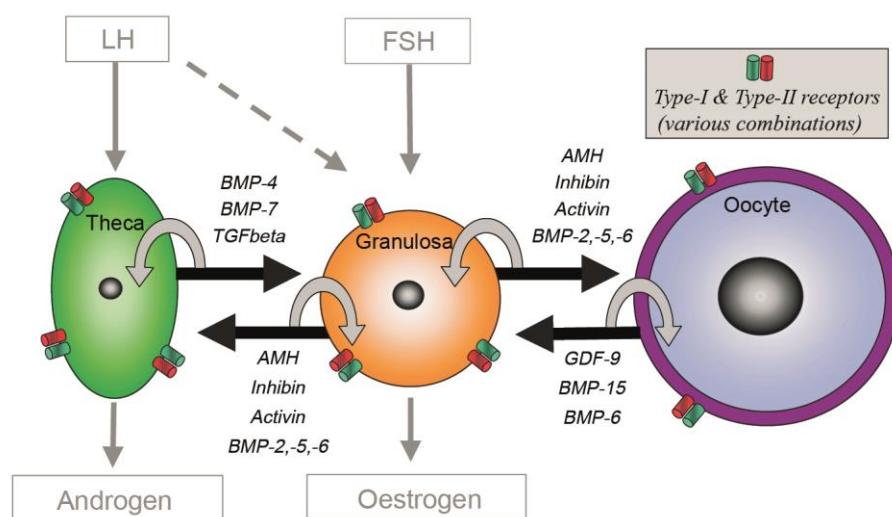


Figura 3. Membros da superfamília TGF- β envolvidos na comunicação entre o oócito e as células da granulosa e da teca. (Fonte: Knight et al., 2006)

BMP-6 é expressa pelas CG de folículos primordiais e primários e por oócitos de folículos antrais. Essa proteína promove a proliferação de CG em folículos antrais e diminui a produção de progesterona FSH-dependente por estas células, porém não influencia a produção de estradiol FSH-dependente, além de diminuir a produção de andrógenos pelas CT (4, 49). BMP-6 também contribui para a sobrevivência de folículos saudáveis em crescimento e auxilia na preservação da reserva ovariana pois aumenta a expressão do AMH (62).

BMP-15 (também conhecida como GDF-9b) e GDF-9 são proteínas secretadas pelo oócito dos folículos em estágio primário e secundário e tem sua origem em genes parálogos (genes que dão origem a proteínas de função semelhante) (4). O GDF-9 também é expresso em CG após o pico de LH o que revela a sua atividade em toda a foliculogênese (41, 63).

GDF-9 e BMP-15, assim como outros membros da superfamília TGF- β , são sintetizados como pré-proteínas que após clivagem proteolítica formam homodímeros (GDF-9:GDF-9 e BMP-15:BMP-15) e heterodímeros (GDF-9:BMP-15). Em 2013, um estudo *in vitro* mostrou que o heterodímero GDF-9:BMP-15 é, em humanos, 1000 a 3000 vezes mais potente biologicamente que o homodímero BMP-15 e que, em ratos, o heterodímero é 10 a 30 vezes mais potente que o homodímero GDF-9, além disso este heterodímero apresenta via de sinalização diferente das vias utilizadas pelos homodímeros (64).

A principal função do GDF-9 e da BMP-15 é promover o avanço do folículo primário para o estágio de folículo secundário. Para isso, eles sinalizam a mitose de CG e CT no entorno do folículo primário. No folículo secundário, continuam estimulando a proliferação de CG, porém diminuem a produção de progesterona por estas células e aumentam a expansão e reorganização do cumulus para a formação do antró. Neste momento, o GDF-9 também estimula a expressão de receptores de FSH na superfície das CG do folículo pré-antral, que passa a ser responsável à gonadotrofina (4, 9).

BMP-15 está associada ao aumento da expressão de *AMH* e do seu receptor *AMHR2*, potencializando as ações inibitórias de *AMH* (65). E o GDF-9, além das funções expostas anteriormente, está envolvido na regulação positiva da produção de inibina B pelas CG através da ativação da via SMAD2 (51), e também é responsável pela promoção da biossíntese de colesterol pelas células do cumulus momentos antes

da ovulação, o que permite o aporte adequado de precursores metabólicos ao óvulo (66).

2.4 Processamento dos ligantes, seus receptores e a sinalização

A superfamília TGF- β é formada por proteínas sintetizadas como pró-peptídeos que se tornam dímeros (homo ou heterodímeros) ligados por pontes dissulfeto após seu processamento (16, 67). A partir do momento em que passam a ser funcionais, esses fatores se ligam e ativam dois tipos de receptores transmembrana serina/treonina-quinase: inicialmente, ligam-se a um receptor tipo 2 que fosforila o receptor tipo I, responsável por iniciar a sinalização intracelular (16). O receptor tipo I ativado fosforila a proteína SMAD apropriada (específica para cada grupo de ligantes) que inicia uma cascata de sinalização intracelular. Há três categorias de proteínas SMAD: as ativadas por receptor (R-SMAD, SMADs 1, 2, 3, 5 e 8), a mediadora comum (Co-SMAD, SMAD4) e as inibitórias (I-SMAD, SMADs 6 e 7) (15). Os R-SMADs ativados formam complexos com o SMAD4 que é o Co-SMAD, esses complexos se deslocam do citoplasma para o núcleo onde se associam com a cromatina regulando a transcrição de inúmeros genes responsáveis pela proliferação e diferenciação celular (14, 15). A Figura 4 demonstra a via de sinalização SMAD utilizada por diversos membros da superfamília TGF- β .

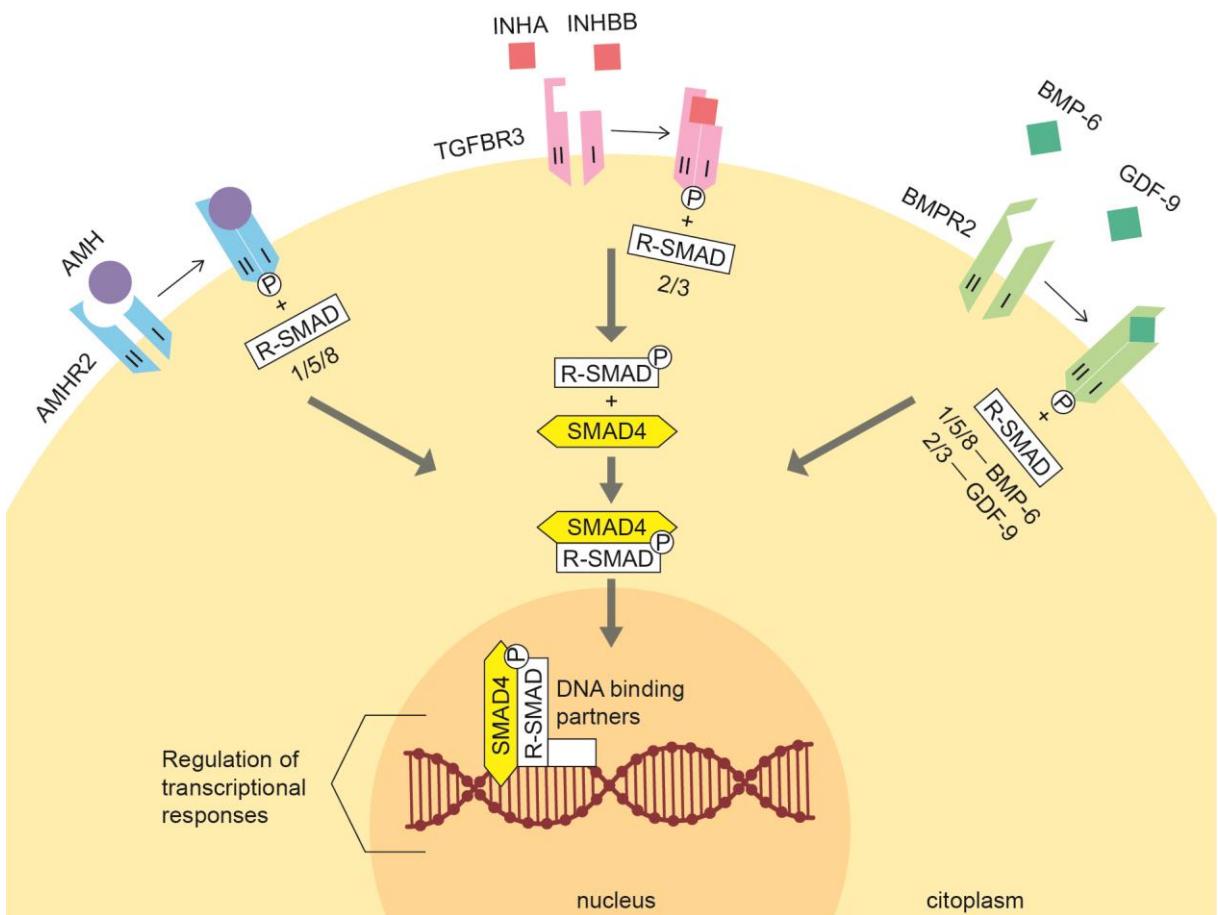


Figura 4. Esquema da sinalização intracelular via SMAD decorrente da ativação de receptores transmembrana por membros da superfamília TGF- β .

A ruptura da comunicação ligante/receptor/sinalizador gera fenótipo de infertilidade e doença (68). Alterações genéticas de fatores em separado também têm consequência no fenótipo reprodutivo: a *BMP-6* parece estar envolvida na patogênese da SOP, pois aparece superexpressa nesse grupo de pacientes podendo induzir algum grau de resistência ao FSH (69); Kawabe et al. demonstraram que endometriose moderada à grave pode reduzir a expressão de *GDF-9* causando baixa maturação nuclear do óvulo e pobre qualidade embrionária (41); a *BMP-15* tem mutações relacionadas a diferentes fenótipos reprodutivos e o alelo c.-9G foi relacionado à transcrição aumentada da proteína em pacientes com falência ovariana prematura, sendo indicado como agente causal desta doença (70); polimorfismos nos genes *GDF-9* também foram associados com falência ovariana prematura (71); e nós demonstramos que o alelo polimórfico do SNP (polimorfismo de nucleotídeo simples)

p.Ile49Ser do *AMH* está associado com a infertilidade na endometriose (28). Dessa forma, fica clara a importância de compreender melhor o envolvimento da superfamília TGF-β em doenças ginecológicas associadas com infertilidade.

2.5 Endometriose

A endometriose, por definição, é uma desordem ginecológica estrogênio-dependente caracterizada pela presença/disseminação de tecido glandular e estroma endometrial fora da cavidade uterina (17). Esta patologia pode ocorrer sem sinais ou sintomas, sendo diagnosticada, muitas vezes, em função da dificuldade ou incapacidade de gestar; ou de forma sintomática, cursando, principalmente, com dor pélvica cíclica ou crônica, dismenorreia, dispareunia e/ou infertilidade (72).

A endometriose é o resultado da interação entre diversos fatores (genéticos e ambientais) (17) e a história familiar é um dado importante a se considerar quando existe possibilidade de que o diagnóstico seja endometriose: mulheres com história familiar são afetadas sete vezes mais do que mulheres sem história familiar (73). Isso demonstra que há forte envolvimento hereditário e genético na doença. Com relação à composição genética da endometriose, sabe-se que há envolvimento dos cromossomos 7 e 10 (73), e genes específicos vêm sendo estudados com a popularização das técnicas de Biologia Molecular, como o polimorfismo do gene *DRD2* (receptor de dopamina) que está associado ao aumento da prolactina e foi referido como facilitador da implantação do endométrio ectópico por aumentar a prolactina e, consequentemente, seu efeito angiogênico (74).

Menstruação retrógrada, teoria aceita pela maioria dos pesquisadores para explicar a etiologia da doença, consiste no refluxo de tecido endometrial através das trompas de Falópio em direção à cavidade peritoneal (75); esse tecido pode se disseminar, implantar e crescer, pois apresenta capacidade de angiogênese, linfangiogênese e neurogênese, e são essas características que permitem o sucesso do implante ectópico, diante disso ocorre resposta imunológica e a geração dos sintomas relacionados à endometriose (76).

Os implantes endometrióticos podem ser de diversos tamanhos e se aderir em vários órgãos. O mais frequente é que o endométrio ectópico se instale na cavidade peritoneal e no entorno dos ovários, entretanto também já foi encontrado no pericárdio, na pleura, parênquima pulmonar e, raro, no cérebro. Diferentes tamanhos e localização dos implantes é que possibilitam que a doença apresente graus de

complexidade e gravidade. No entanto, é difícil classificar as pacientes que apresentam esta doença (77).

O sistema de classificação proposto pela Sociedade Americana de Medicina Reprodutiva (American Society for Reproductive Medicine - ASRM) em 1979 e revisado em 1996 categoriza a endometriose considerando tamanho, profundidade, localização dos implantes endometrióticos e gravidade das aderências: grau 1 (mínima – implantes isolados e sem aderências significativas), grau 2 (leve – implantes superficiais com menos de 5 cm, sem aderências significativas), grau 3 (moderada – múltiplos implantes, aderências peritubárias e periovarianas evidentes) e grau 4 (severa – múltiplos implantes superficiais e profundos, incluindo endometriomas e aderências densas e firmes) (78). Este sistema não correlaciona o grau de endometriose com a possibilidade de gravidez durante a fase e nem após o tratamento da doença (79).

Atualmente, a classificação mais utilizada apresenta a endometriose em três fenótipos: peritoneal, ovariana e profunda. Na endometriose peritoneal, observam-se lesões na superfície de órgãos da cavidade peritoneal, como intestino, bexiga e ureter; seus principais sintomas são cólica, irregularidade menstrual e infertilidade. A endometriose ovariana apresenta lesões na superfície externa do ovário que também aparecem como cistos ovarianos por provocarem retração para o interior do mesmo; normalmente cursa sem sintomas ou com sintomas discretos. A endometriose profunda influencia a fertilidade feminina e é a que apresenta maior número de sintomas e mais intensos: dor pélvica crônica, dispareunia, dismenorreia, queixas gastrointestinais; essa forma de endometriose apresenta implantes que envolvem intestino, septo reto-vaginal, bexiga, ureteres e ligamentos útero-sacros (80).

Com relação à epidemiologia, a endometriose afeta aproximadamente uma em cada sete mulheres em idade reprodutiva (17). O diagnóstico comumente é realizado por volta dos 30 anos de idade em mulheres com queixas de infertilidade e em torno dos 33 anos em mulheres que referem dor, sendo rara antes da menarca e pouco referida após a menopausa (81). Existe um atraso no diagnóstico de em média 13 anos, pois as pacientes normalmente pensam que a dismenorreia (cólica antes ou durante a menstruação) é normal e não buscam esclarecer a sua causa (19). Dentre a população feminina fértil, 0,5-5% das mulheres apresenta endometriose; com relação à população feminina infértil, a endometriose está presente em 25-40% (82). Estima-se que 50% das pacientes com endometriose sejam, ao menos, subférteis (18).

e a taxa de fecundidade de mulheres com endometriose não tratadas é menor do que a de casais normais (72). Apesar de estar bem estabelecida a relação entre endometriose e infertilidade, relacionar o grau da doença com o comprometimento da fertilidade ainda é um desafio.

A investigação da endometriose considera sintomas e sinais clínicos que levam à realização de laparoscopia com inspeção direta da cavidade e visualização dos implantes (não sendo necessária a confirmação histopatológica através de biópsia) para confirmação do diagnóstico. Esta técnica cirúrgica é considerada padrão-ouro para o diagnóstico, segundo consenso entre a Sociedade Europeia de Reprodução Humana e Embriologia (European Society of Human Reproduction and Embryology - ESHRE) (83) e a ASRM (78).

2.6 Endometriose e infertilidade

A endometriose causa declínio de fertilidade ou até mesmo infertilidade nas mulheres. A taxa de fecundidade de um casal saudável é de 15 a 20% por mês; em um casal cuja mulher é acometida pela endometriose essa taxa cai para 2 a 10% (84). Apesar de a associação entre endometriose e infertilidade estar bem sedimentada na literatura, ainda são escassas as informações que expliquem de forma clara esse envolvimento.

Uma evidência é a distorção anatômica que os implantes endometrióticos podem causar no sistema reprodutivo feminino ocasionando impedimento físico da chegada tanto do óvulo quanto dos espermatozoides ao local ideal da fertilização e, no caso de ocorrer fertilização, esses implantes podem prejudicar o transporte do embrião ao local de nidificação (22).

A inflamação decorrente da endometriose na cavidade peritoneal altera a ovulação e influencia negativamente a produção de óvulos pelo ovário. Essa inflamação também prejudica a qualidade e a funcionalidade do esperma em função da maior quantidade de macrófagos ativados (22). Além disso, na endometriose ocorre insuficiência da fase lútea (23) com níveis diminuídos de progesterona (24) e isso influencia a receptividade endometrial ao embrião (22, 25), como nosso grupo de pesquisa já mencionara. Foi sugerido que há uma comunicação bidirecional entre o endométrio ectópico e o endométrio eutópico alterando a polaridade do endométrio eutópico requerida para a fertilidade normal (22, 85).

A alteração de vários genes está presente na endometriose e afeta a fertilidade. Um desses é o gene *Hoxa10* e o pico da sua expressão ocorre durante a janela de implantação em resposta ao estímulo do estrogênio e da progesterona, este gene é importante para a regeneração do endométrio após o evento menstrual. Mulheres inférteis com endometriose apresentam expressão diminuída deste gene e, consequentemente, a receptividade do seu endométrio é menor refletindo negativamente na taxa de implantação (26).

Outras alterações genéticas também estão presentes na endometriose, como o polimorfismo genético do receptor de LH (*LHR*), que consiste na inserção de 6 pares de bases (CTGCAG) no códon 18 do exon 1 do gene, que foi relacionado com infertilidade associada à endometriose evidenciando disfunção ovulatória nesta doença (27); e a associação do alelo polimórfico do gene *AMH* para o polimorfismo p.Ile49Ser com o grupo de pacientes inférteis com endometriose, achado este que reforça a hipótese da presença de anormalidades de células da granulosa na endometriose e aumenta o questionamento acerca do envolvimento da superfamília TGF-β com esta doença (28). Esses achados compõem estudos do nosso grupo de pesquisa e essa linha de pesquisa foi desenvolvida justamente para tentar entender melhor qual sinalização hormonal pode estar associada com a infertilidade em mulheres que apresentam endometriose.

A fim de preservar/restaurar a fertilidade da mulher com endometriose que deseja gestar são realizados determinados procedimentos dependendo do grau de comprometimento do sistema reprodutivo. Remover os implantes endometrióticos por meio cirúrgico é a base do manejo e apresenta resultado positivo em todos os estágios da doença por corrigir a anatomia pélvica. Em seguida, duas técnicas de reprodução assistida podem ser utilizadas: superovulação com inseminação intrauterina para formas mais amenas da doença e fertilização *in vitro* (FIV) com transferência embrionária para casos mais complexos que envolvem dano tubário (20, 21).

2.7 Superfamília TGF-β e endometriose

Membros da superfamília TGF-β são expressos no endométrio em condições fisiológicas e patológicas, por isso começaram a ser estudados como moléculas potenciais no estabelecimento e na manutenção da endometriose (31).

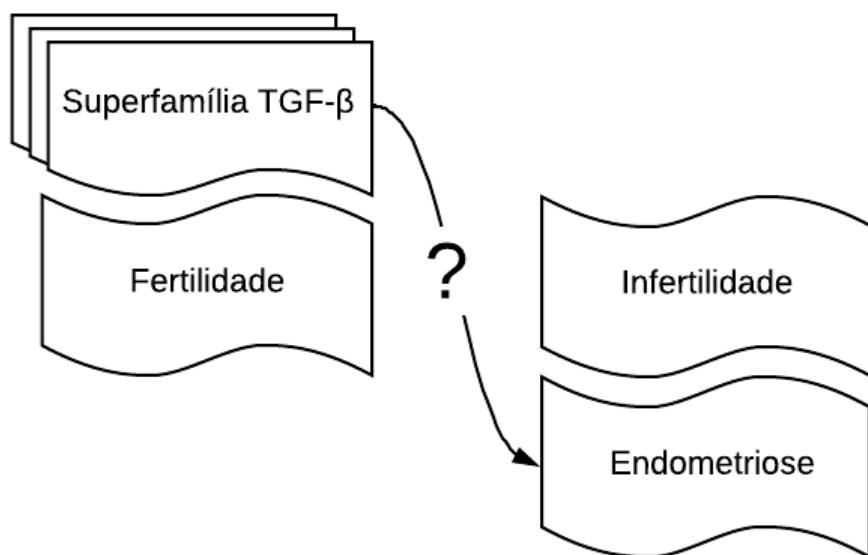
A ativina A é produzida na endometriose ovariana e foi relatada a sua influência na expressão da aromatase P450 promovendo a síntese de estrogênio, o que cria

condições para a sobrevivência e o desenvolvimento da lesão ectópica (32, 33); *AMH* e seu receptor *AMHR2* aparecem aumentados no endométrio de mulheres com endometriose e são expressos em lesões endometrióticas (34); *TGF β 1*, *SMAD1* e *SMAD4* estão supra-regulados no endométrio eutópico de pacientes com endometriose (35); *TGF β 1* é sintetizado em células de endometrioma tornando possível a fibrose e a sua adesão ao tecido ovariano (36, 37, 38); *BMP-6* também está expressa no endométrio ectópico contribuindo para os mecanismos de fixação, sobrevivência e expansão da endometriose (39).

Estudos associando a endometriose e membros da superfamília TGF- β vêm sendo realizados no sentido de conhecer melhor a patogênese da doença. Entretanto, apesar de estar estabelecido que existem anormalidades funcionais nas células da granulosa dessas mulheres (23, 24, 29, 30), poucos trabalhos exploraram essas proteínas como influenciadoras da fertilidade na endometriose, a exemplo de Hendarto et al. que demonstraram que mulheres com endometriose apresentam menor concentração de *GDF-9* no fluido folicular (40), Kawabe et al. que relataram expressão diminuída de *GDF-9* na endometriose moderada a severa (41) e De Conto et al. que mostraram a associação do genótipo polimórfico do *AMH* em pacientes inférteis com endometriose (28). Mais estudos são necessários nessa área, pois conhecer melhor o comportamento das proteínas da superfamília TGF- β na infertilidade associada à endometriose pode levar ao desenvolvimento de terapias personalizadas e mais eficientes para esse grupo de pacientes inférteis.

3 MARCO CONCEITUAL

É bem estabelecida a relação de endometriose e infertilidade, da mesma forma, está bem sedimentado o conhecimento acerca do envolvimento da Superfamília TGF- β nos processos de fertilidade. Nós demonstramos que existem anormalidades funcionais nas células da granulosa de mulheres inférteis com endometriose e que o *hormônio anti-Mulleriano*, membro da Superfamília TGF- β , apresenta polimorfismo genético nesse grupo de pacientes. Esses são os marcos conceituais que levam a questionar se há alteração na expressão de membros da Superfamília TGF- β na infertilidade associada à endometriose.



4 OBJETIVOS

Analisar a expressão gênica dos ligantes *BMP-6*, *GDF-9*, *AMH*, *TGF β 3*, *INHBB*, *INHA*; receptores *BMPR2*, *AMHR2*, *TGF β R3*; e sinalizadores intracelulares *SMAD3* e *SMAD4* da superfamília TGF- β em células da granulosa de folículos ovarianos antrais de mulheres inférteis com endometriose submetidas à fertilização *in vitro* comparando-a com a expressão destes genes em células da granulosa de folículos antrais de mulheres submetidas à fertilização *in vitro* por fator tubário ou fator masculino.

5 HIPÓTESE NULA

A expressão dos genes *BMP-6*, *GDF-9*, *AMH*, *TGF β 3*, *INHBB*, *INHA*, *BMPR2*, *AMHR2*, *TGF β R3*, *SMAD3* e *SMAD4* em células da granulosa de folículos ovarianos antrais de mulheres inférteis com endometriose submetidas à fertilização *in vitro* não difere da expressão destes genes em células da granulosa de folículos antrais de mulheres submetidas à fertilização *in vitro* por fator tubário ou fator masculino.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 1 – De Felici M, Klinger FG, Farini D, Scaldaferri ML, Iona S, Lobascio M. Establishment of oocyte population in the fetal ovary: primordial germ cell proliferation and oocyte programmed cell death. *Reprod Biomed Online*. 2005 Feb;10(2):182-91.
- 2 – Gougeon A. Dynamics of follicular growth in the human: a model from preliminary results. *Hum Reprod*. 1986 Feb;1(2):81-7.
- 3 – Juengel JL, McNatty KP. The role of proteins of the transforming growth factor-beta superfamily in the intraovarian regulation of follicular development. *Hum Reprod Update*. 2005 Mar-Apr;11(2):143-60.
- 4 – Knight PG, Glister C. TGF-beta superfamily members and ovarian follicle development. *Reproduction*. 2006 Aug;132(2):191-206.
- 5 – Chang HM, Qiao J, Leung PC. Oocyte-somatic cell interactions in the human ovary-novel role of bone morphogenetic proteins and growth differentiation factors. *Hum Reprod Update*. 2016 Dec;23(1):1-18.
- 6 – Rimon-Dahari N, Yerushalmi-Heinemann L, Alyagor L, Dekel N. Ovarian Folliculogenesis. *Results Probl Cell Differ*. 2016;58:167-90.
- 7 – Homburg R, Crawford G. The role of AMH in anovulation associated with PCOS: a hypothesis. *Hum Reprod*. 2014;29(6):1117-21.
- 8 – Kim JW, Kang KM, Yoon TK, Shim SH, Lee WS. Study of circulating hepcidin in association with iron excess, metabolic syndrome, and BMP-6 expression in granulosa cells in women with polycystic ovary syndrome. *Fertil Steril*. 2014;102(2):548-554.e2.
- 9 – Trombly DJ, Woodruff TK, Mayo KE. Roles for transforming growth factor beta superfamily proteins in early folliculogenesis. *Semin Reprod Med*. 2009 Jan;27(1):14-23.
- 10 – Da Broi MG, Giorgi VSI, Wang F, Keefe DL, Albertini D, Navarro PA. Influence of follicular fluid and cumulus cells on oocyte quality: clinical implications. *J Assist Reprod Genet*. 2018;35(5):735-751.
- 11 – Walton KL, Makanji Y, Robertson DM, Harrison CA. The synthesis and secretion of inhibins. *Vitam Horm*. 2011;85:149-84.

- 12 – Pangas SA. Regulation of the ovarian reserve by members of the transforming growth factor beta family. *Mol Reprod Dev.* 2012 Oct;79(10):666-79.
- 13 – Liang N, Xu Y, Yin Y, Yao G, Tian H, Wang G, Lian J, Wang Y, Sun F. Steroidogenic factor-1 is required for TGF-beta3-mediated 17beta-estradiol synthesis in mouse ovarian granulosa cells. *Endocrinology.* 2011;152(8):3213-25.
- 14 – Shi Y, Massagué J. Mechanisms of TGF-beta signaling from cell membrane to the nucleus. *Cell.* 2003;113(6):685-700.
- 15 – Wrana JL. Signaling by the TGF β superfamily. *Cold Spring Harb Perspect Biol.* 2013;5(10):a011197.
- 16 – Kristensen SG, Andersen K, Clement CA, Franks S, Hardy K, Andersen CY. Expression of TGF-beta superfamily growth factors, their receptors, the associated SMADs and antagonists in five isolated size-matched populations of pre-antral follicles from normal human ovaries. *Mol Hum Reprod.* 2014;20(4):293-308.
- 17 – Begum T, Chowdhury SR. Aetiology and pathogenesis of endometriosis - a review. *Mymensingh Med J.* 2013 Jan; 22(1):218-21.
- 18 – Bulletti C, Coccia ME, Battistoni S, Borini A. Endometriosis and infertility. *J Assist Reprod Genet.* 2010; 27:441-7.
- 19 – Han XT, Guo HY, Kong DL, Han JS, Zhang LF. Analysis of characteristics and influence factors of diagnostic delay of endometriosis. *Zhonghua Fu Chan Ke Za Zhi.* 2018 Feb 25;53(2):92-98.
- 20 – Olive DL, Lindheim SR, Pritts EA. Endometriosis and infertility: what do we do for each stage? *Curr Womens Health Rep.* 2003 Oct;3(5):389-94.
- 21 – Ozkan S, Murk W, Arici A. Endometriosis and infertility: epidemiology and evidence-based treatments. *Ann N Y Acad Sci.* 2008 Apr;1127:92-100.
- 22 – Macer ML, Taylor HS. Endometriosis and Infertility A Review of the Pathogenesis and Treatment of Endometriosis-associated Infertility. *Obstet Gynecol Clin North Am.* 2012 Dec;39(4):535-49.
- 23 – Cunha-Filho JS, Gross JL, Lemos NA, Brandelli A, Castillos M, Passos EP. Hyperprolactinemia and luteal insufficiency in infertile patients with mild and minimal endometriosis. *Horm Metab Res.* 2001 Apr;33(4):216-20.

- 24 – Cunha-Filho JS, Gross JL, Bastos de Souza CA, Lemos NA, Giugliani C, Freitas F, Passos EP. Physiopathological aspects of corpus luteum defect in infertile patients with mild/minimal endometriosis. *J Assist Reprod Genet.* 2003 Mar;20(3):117-21.
- 25 – Lessey BA, Kim JJ. Endometrial receptivity in the eutopic endometrium of women with endometriosis: it is affected, and let me show you why. *Fertil Steril.* 2017 Jul;108(1):19-27.
- 26 – Zanatta A, Rocha AM, Carvalho FM, Pereira RM, Taylor HS, Motta EL, Baracat EC, Serafini PC. The role of the Hoxa10/HOXA10 gene in the etiology of endometriosis and its related infertility: a review. *J Assist Reprod Genet.* 2010 Dec;27(12):701-10.
- 27 – Schmitz CR, de Conto E, Genro VK, de Souza CAB, Matte U, Cunha-Filho JS. A common *Ih* receptor polymorphism is associated to infertility and peritoneal endometriosis. *Fertil Steril.* 2013 Sep;100(3), Supplement, Page S23
- 28 – De Conto E, Matte Ú, Bilibio JP, Genro VK, Souza CA, Leão DP, Cunha-Filho JS. Endometriosis-associated infertility: GDF-9, AMH, and AMHR2 genes polymorphisms. *J Assist Reprod Genet.* 2017;34(12):1667-1672.
- 29 – Harlow CR, Cahill DJ, Maile LA, Talbot WM, Mears J, Wardle PG, Hull MG. Reduced preovulatory granulosa cell steroidogenesis in women with endometriosis. *J Clin Endocrinol Metab.* 1996;81(1):426-9.
- 30 – Sanchez AM, Somigliana E, Vercellini P, Pagliardini L, Candiani M, Vigano P. Endometriosis as a detrimental condition for granulosa cell steroidogenesis and development: From molecular alterations to clinical impact. *J Steroid Biochem Mol Biol.* 2016;155(Pt A):35-46.
- 31 – Dela Cruz C, Reis FM. The role of TGF β superfamily members in the pathophysiology of endometriosis. *Gynecol Endocrinol.* 2015 Jul;31(7):511-5.
- 32 – Mabuchi Y, Yamoto M, Minami S, Umesaki N. Immunohistochemical localization of inhibin and activin subunits, activin receptors and Smads in ovarian endometriosis. *Int J Mol Med.* 2010 Jan;25(1):17-23.
- 33 – Zheng J, Qu J, Lu P, Hou Z, Cui Y, Mao Y, Qi X, Ji H, Liu J. Activin A Stimulates Aromatase via the ALK4-Smad Pathway in Endometriosis. *Biomed Res Int.* 2016;2016:5791510. Epub 2016 Oct 19.

- 34 – Carrarelli P, Rocha AL, Belmonte G, Zupi E, Abrão MS4, Arcuri F, Piomboni P, Petraglia F. Increased expression of antimüllerian hormone and its receptor in endometriosis. *Fertil Steril.* 2014 May;101(5):1353-8.
- 35 – Ping S, Ma C, Liu P, Yang L, Yang X, Wu Q, Zhao X, Gong B. Molecular mechanisms underlying endometriosis pathogenesis revealed by bioinformatics analysis of microarray data. *Arch Gynecol Obstet.* 2016 Apr;293(4):797-804.
- 36 – Correa LF, Zheng Y, Delaney AA, Khan Z, Shenoy CC, Daftary GS. TGF- β Induces Endometriotic Progression via a Noncanonical, KLF11-Mediated Mechanism. *Endocrinology.* 2016 Sep;157(9):3332-43.
- 37 – Shi LB, Zhou F, Zhu HY, Huang D, Jin XY, Li C, Dai Y, Pan YB, Zhang SY. Transforming growth factor beta1 from endometriomas promotes fibrosis in surrounding ovarian tissues via Smad2/3 signaling. *Biol Reprod.* 2017 Jan 1;97(6):873-882.
- 38 – Lin X, Dai Y, Xu W, Shi L, Jin X, Li C, Zhou F, Pan Y, Zhang Y, Lin X, Zhang S. Hypoxia Promotes Ectopic Adhesion Ability of Endometrial Stromal Cells via TGF- β 1/Smad Signaling in Endometriosis. *Endocrinology.* 2018 Apr 1;159(4):1630-1641.
- 39 – Athanasios F, Afrodite N, Effstratios P, Demetrios K. Co-expression of bone morphogenetic protein 6 with estrogen receptor α in endometriosis. *Arch Gynecol Obstet.* 2012 Apr;285(4):1001-7.
- 40 – Hendarto H, Prabowo P, Moeloek FA, Soetjipto S. Growth differentiation factor 9 concentration in the follicular fluid of infertile women with endometriosis. *Fertil Steril.* 2010 Jul;94(2):758-60.
- 41 – Kawabe S, Yamashita Y, Saito N, Kokunai K, Hayashi A, Hayashi M, Terai Y, Miyazaki K, Ohmichi M. The effect of moderate to severe endometriosis on expression of growth differentiation factor-9 mRNA in human granulosa cells under controlled ovarian hyperstimulation. *Reprod Med Biol.* 2015 May 19;14(4):179-184.
- 42 – Hutt KJ, Albertini DF. An oocentric view of folliculogenesis and embryogenesis. *Reprod Biomed Online.* 2007 Jun;14(6):758-64.
- 43 – Craig J, Orisaka M, Wang H, Orisaka S, Thompson W, Zhu C, Kotsuji F, Tsang BK. Gonadotropin and intra-ovarian signals regulating follicle development and atresia: the delicate balance between life and death. *Front Biosci.* 2007 May 1;12:3628-39.

- 44 – Kidder GM, Vanderhyden BC. Bidirectional communication between oocytes and follicle cells: ensuring oocyte developmental competence. *Can J Physiol Pharmacol.* 2010 Apr;88(4):399-413.
- 45 – Hinck AP. Structural studies of the TGF- β s and their receptors - insights into evolution of the TGF- β superfamily. *FEBS Lett.* 2012 Jul 4;586(14):1860-70.
- 46 – Chu YL, Xu YR, Yang WX, Sun Y. The role of FSH and TGF- β superfamily in follicle atresia. *Aging (Albany NY)*. 2018 Mar 2;10(3):305-321.
- 47 – Liu X, Andoh K, Abe Y, Kobayashi J, Yamada K, Mizunuma H, Ibuki Y. A comparative study on transforming growth factor-beta and activin A for preantral follicles from adult, immature, and diethylstilbestrol-primed immature mice. *Endocrinology*. 1999 Jun;140(6):2480-5.
- 48 – Dodson WC, Schomberg DW. The effect of transforming growth factor-beta on follicle-stimulating hormone-induced differentiation of cultured rat granulosa cells. *Endocrinology*. 1987 Feb;120(2):512-6.
- 49 – Findlay JK, Drummond AE, Dyson ML, Baillie AJ, Robertson DM, Ethier JF. Recruitment and development of the follicle; the roles of the transforming growth factor-beta superfamily. *Mol Cell Endocrinol.* 2002 May 31;191(1):35-43.
- 50 – Chen YC, Chang HM, Cheng JC, Tsai HD, Wu CH, Leung PC. Transforming growth factor- β 1 up-regulates connexin43 expression in human granulosa cells. *Hum Reprod.* 2015 Sep;30(9):2190-201.
- 51 – Kaivo-Oja N, Bondestam J, Kämäräinen M, Koskimies J, Vitt U, Cranfield M, Vuojolainen K, Kallio JP, Olkkonen VM, Hayashi M, Moustakas A, Groome NP, ten Dijke P, Hsueh AJ, Ritvos O. Growth differentiation factor-9 induces Smad2 activation and inhibin B production in cultured human granulosa-luteal cells. *J Clin Endocrinol Metab.* 2003 Feb;88(2):755-62.
- 52 – Martins da Silva SJ, Bayne RA, Cambray N, Hartley PS, McNeilly AS, Anderson RA. Expression of activin subunits and receptors in the developing human ovary: activin A promotes germ cell survival and proliferation before primordial follicle formation. *Dev Biol.* 2004 Feb 15;266(2):334-45.
- 53 – Fang L, Chang HM, Cheng JC, Leung PC, Sun YP. TGF- β 1 downregulates StAR expression and decreases progesterone production through Smad3 and ERK1/2

- signaling pathways in human granulosa cells. *J Clin Endocrinol Metab.* 2014 Nov;99(11):E2234-43.
- 54 – Chang HM, Cheng JC, Huang HF, Shi FT, Leung PC. Activin A, B and AB decrease progesterone production by down-regulating StAR in human granulosa cells. *Mol Cell Endocrinol.* 2015 Sep 5;412:290-301.
- 55 – Wijayarathna R, de Kretser DM. Activins in reproductive biology and beyond. *Hum Reprod Update.* 2016 Apr;22(3).
- 56 – Dokras A, Habana A, Giraldo J, Jones E. Secretion of inhibin B during ovarian stimulation is decreased in infertile women with endometriosis. *Fertil Steril.* 2000 Jul;74(1):35-40.
- 57 – Themmen AP. Anti-Müllerian hormone: its role in follicular growth initiation and survival and as an ovarian reserve marker. *J Natl Cancer Inst Monogr.* 2005;(34):18-21.
- 58 – Ogura-Nose S, Yoshino O, Osuga Y, Shi J, Hiroi H, Yano T, Taketani Y. Anti-Müllerian hormone (AMH) is induced by bone morphogenetic protein (BMP) cytokines in human granulosa cells. *Eur J Obstet Gynecol Reprod Biol.* 2012 Sep;164(1):44-7.
- 59 – Durlinger AL, Visser JA, Themmen AP. Regulation of ovarian function: the role of anti-Müllerian hormone. *Reproduction.* 2002 Nov;124(5):601-9.
- 60 – Visser JA, Durlinger AL, Peters IJ, van den Heuvel ER, Rose UM, Kramer P, de Jong FH, Themmen AP. Increased oocyte degeneration and follicular atresia during the estrous cycle in anti-Müllerian hormone null mice. *Endocrinology.* 2007 May;148(5):2301-8.
- 61 – Merhi Z, Zapantis A, Berger DS, Jindal SK. Determining an anti-mullerian hormone cutoff level to predict clinical pregnancy following in vitro fertilization in women with severely diminished ovarian reserve. *J Assist Reprod Genet.* 2013 Aug 21. In press.
- 62 – Shi J, Yoshino O, Osuga Y, Koga K, Hirota Y, Hirata T, Yano T, Nishii O, Taketani Y. Bone morphogenetic protein-6 stimulates gene expression of follicle-stimulating hormone receptor, inhibin/activin beta subunits, and anti-Müllerian hormone in human granulosa cells. *Fertil Steril.* 2009 Nov;92(5):1794-8.

- 63 – Yamamoto N, Christenson LK, McAllister JM, Strauss JF. Growth differentiation factor-9 inhibits 3'5'-adenosine monophosphate-stimulated steroidogenesis in human granulosa and theca cells. *J Clin Endocrinol Metab.* 2002 Jun;87(6):2849-56.
- 64 – Peng J, Li Q, Wigglesworth K, Rangarajan A, Kattamuri C, Peterson RT, Eppig JJ, Thompson TB, Matzuk MM. Growth differentiation factor 9:bone morphogenetic protein 15 heterodimers are potent regulators of ovarian functions. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2013 Feb 19;110(8):E776-85.
- 65 – Pierre A, Estienne A, Racine C, Picard JY, Fanchin R, Lahoz B, Alabart JL, Folch J, Jarrier P, Fabre S, Monniaux D, di Clemente N. The Bone Morphogenetic Protein 15 Up-Regulates the Anti-Müllerian Hormone Receptor Expression in Granulosa Cells. *J Clin Endocrinol Metab.* 2016 Jun;101(6):2602-11.
- 66 – Otsuka F, McTavish KJ, Shimasaki S. Integral role of GDF-9 and BMP-15 in ovarian function. *Mol Reprod Dev.* 2011 Jan;78(1):9-21
- 67 – Elvin JA, Clark AT, Wang P, Wolfman NM, Matzuk MM. Paracrine actions of growth differentiation factor-9 in the mammalian ovary. *Mol Endocrinol.* 1999 Jun;13(6):1035-48.
- 68 – Li X, Tripurani SK, James R, Pangas SA. Minimal fertility defects in mice deficient in oocyte-expressed Smad4. *Biol Reprod.* 2012 Jan 30;86(1):1-6.
- 69 – Khalaf M, Morera J, Bourret A, Reznik Y, Denoual C, Herlicovitz M, Mittre H, Benhaim A. BMP system expression in GCs from polycystic ovary syndrome women and the in vitro effects of BMP4, BMP6, and BMP7 on GC steroidogenesis. *Eur J Endocrinol.* 2013 Feb 20;168(3):437-44.
- 70 – Fonseca DJ, Ortega-Recalde O, Esteban-Perez C, Moreno-Ortiz H, Patiño LC, Bermúdez OM, Ortiz AM, Restrepo CM, Lucena E, Laissue P. BMP15 c.-9C>G promoter sequence variant may contribute to the cause of non-syndromic premature ovarian failure. *Reprod Biomed Online.* 2014 Nov;29(5):627-33.
- 71 – Ma L, Chen Y, Mei S, Liu C, Ma X, Li Y, Jiang Y, Ha L, Xu X. Single nucleotide polymorphisms in premature ovarian failure-associated genes in a Chinese Hui population. *Mol Med Rep.* 2015 Aug;12(2):2529-38.
- 72 – Bedoschi G, Turan V, Oktay K. Fertility preservation options in women with endometriosis. *Minerva Ginecol.* 2013 Apr;65(2):99-103.

- 73 – Bulun SE. Endometriosis. *N Engl J Med.* 2009 Jan 15;360(3):268-79.
- 74 – Bilibio JP, Matte U, de Conto E, Genro VK, Souza CA, Cunha-Filho JS. Dopamine receptor D2 genotype (3438) is associated with moderate/severe endometriosis in infertile women in Brazil. *Fertil Steril.* 2013 Apr;99(5):1340-5.
- 75 – Giudice LC, Kao LC. Endometriosis. *Lancet.* 2004 Nov 13-19;364(9447):1789-99.
- 76 – Hey-Cunningham AJ, Peters KM, Zevallos HB, Berbic M, Markham R, Fraser IS. Angiogenesis, lymphangiogenesis and neurogenesis in endometriosis. *Front Biosci (Elite Ed).* 2013 Jun 1;5:1033-56.
- 77 – Krikun G. Endometriosis, Angiogenesis and Tissue Factor. *Scientifica.* Volume 2012, Article ID 306830, 10 pages.
- 78 – American Society for Reproductive Medicine. Revised American Society for Reproductive Medicine classification of endometriosis: 1996. *Fertil Steril.* 1997 May 5;67(5):817-21.
- 79 – Guzick DS, Silliman NP, Adamson GD, Buttram Jr VC, Canis M, Malinak LR, Schenken RS. Prediction of pregnancy in infertile women based on the American Society for Reproductive Medicine's revised classification of endometriosis. *Fertil Steril.* 1997 May;67(5):822-9.
- 80 – Nisolle M, Donnez J. Peritoneal endometriosis, ovarian endometriosis, and adenomyotic nodules of the rectovaginal septum are three different entities. *Fertil Steril.* 1997 Oct;68(4):585-96.
- 81 – Bellelis P, Dias Jr JA, Podgaec S, Gonzales M, Baracat EC, Abrão MS. Aspectos epidemiológicos e clínicos da endometriose pélvica - uma série de casos. *Rev Assoc Med Bras.* 2010;56(4):467-71.
- 82 – Harb H, Gallos I, Chu J, Harb M, Coomarasamy A. The effect of endometriosis on in vitro fertilisation outcome: a systematic review and meta-analysis. *BJOG.* 2013 Oct;120(11):1308-20.
- 83 – Kennedy S, Bergqvist A, Chapron C, D'Hooghe T, Dunselman G, Greb R, Hummelshøj L, Prentice A, Saridogan E; ESHRE Special Interest Group for Endometriosis and Endometrium Guideline Development Group. ESHRE guideline for the diagnosis and treatment of endometriosis. *Hum Reprod.* 2005 Oct;20(10):2698-704.

84 – American Society for Reproductive Medicine. Endometriosis and infertility: a committee opinion. *Fertil Steril.* 2012 Sep;98(3):591-8.

85 – Santamaria X, Massasa EE, Taylor HS. Migration of cells from experimental endometriosis to the uterine endometrium. *Endocrinology.* 2012 Nov;153(11):5566-74.

7 ARTIGO

O artigo intitulado “*BMP-6 and SMAD4 gene expression are altered in women with endometriosis-associated infertility.*” foi submetido para publicação na revista JCEM (The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism) em junho de 2018.

Title

BMP-6 and SMAD4 gene expression are altered in women with endometriosis-associated infertility.

Authors

Emily De Conto

- Institutions: 1,2
- e-mail address: emilydconto@gmail.com
- Appropriate funding information for each author: CAPES, FIPE

Ursula Matte

- Institutions: 2
- e-mail address: umatte@hcpa.edu.br

João Sabino Cunha-Filho

- Institutions: 1,3
- e-mail address: sabino@insemine.com
- Appropriate funding information for each author: CNPq, FIPE

Institutions

1 - UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Avenida Paulo Gama, 110, Porto Alegre, RS, CEP 90.040-060, Brazil.

2 - HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre, Rua Ramiro Barcelos, 2.350, Porto Alegre, RS, CEP 90.035-903, Brazil.

3 - Insemine Human Reproduction Center - Av Nilo Peçanha, 2825/905, Porto Alegre, RS, CEP 91330-001, Brazil.

Short title

BMP-6 and SMAD4 in women with endometriosis.

Keywords

Endometriosis - Infertility - Gene Expression - TGF- β Superfamily - SMAD4 - BMP-6

Corresponding author's contact information

Emily De Conto

emilydconto@gmail.com

Address: Rua Ramiro Barcelos, 2.350, Porto Alegre, RS, CEP 90.035-903, Brazil.

Any grants or fellowships supporting the writing of the paper.

CNPq, CAPES, FIPE-HCPA, CAPES Doctoral Scholarship.

Disclosure summary.

I certify that neither I nor my co-authors have a conflict of interest as described above that is relevant to the subject matter or materials included in this Work.

Abstract

Context

Oocyte quality depends on communication between the oocyte and the granulosa and theca cells. In the preantral phase, the members of the TGF- β superfamily are responsible for this communication and playing an important role in folliculogenesis and oogenesis. Members of the TGF- β superfamily are related to endometriosis because they are expressed in the ectopic endometrium, but few studies have explored these proteins as influencing fertility in this disease. Considering these factors and to better understand the role of the TGF- β superfamily in the antral phase in patients with endometriosis, this work investigated the gene expression of the ligands *AMH*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* and *TGF β 3*, receptors *AMHR2*, *BMPR2* and *TGF β R3*, and intracellular signaling *SMAD3* and *SMAD4*.

Design

Case-control study to evaluate the expression of TGF- β superfamily members in infertile women with endometriosis comparing them with women undergoing *in vitro* fertilization due to tubal or male infertility through real-time PCR with TaqMan probes.

Results

Age and outcomes of assisted reproduction were similar between the groups. Gene expression analysis demonstrated that *BMP-6* with Relative Quantification (RQ) of 0.431 ($P=0.013$) and *SMAD4* with RQ of 0.624 ($P=0.044$), indicating decreased expression levels in patients with endometriosis compared to the control group. The other genes did not display significant differences between the groups.

Conclusions

The patients with endometriosis showed reduced expression of *BMP-6* and *SMAD4*, indicating that oocyte development could be altered in these patients, in regard to *BMP-6* functions, and that all *SMAD4* signaling pathways there should be impaired.

Introduction

Communication between the oocyte and follicle cells ultimately determines the quality of the oocyte to be fertilized and the superfamily of growth factors and transforming growth factor- β (TGF- β) is closely related to this process, since it governs this communication (1, 2) in the preantral and antral phases, along with follicle stimulating hormone (FSH) and luteinizing hormone (LH) (3).

The major intraovarian factors of the TGF- β superfamily are bone morphogenetic proteins (BMPs), growth and differentiation factors (GDFs), anti-Mullerian hormone (AMH), transforming growth factors β (TGF β s), inhibins and activins (4). Among them, we highlight the following: AMH, which is related to the selection of the dominant follicle since it limits the growth of preantral and antral follicles by regulating their sensitivity to FSH (5); BMP-6, which contributes to the survival of healthy growing follicles and suppresses the depletion of the reserve of primordial follicles (6); and BMP-15 and GDF-9, which act in an analogous manner, inducing the proliferation, differentiation, apoptosis and luteinization of granulosa and theca cells in primary and secondary follicles (7).

Moreover, GDF-9 stimulates the expression of surface FSH receptors of these cells that respond to gonadotrophins (8); inhibin A (INHA) and inhibin B (INHBB) (9,10), and TGF β 3, which induces the synthesis of estradiol in granulosa cells (11).

These proteins act on the granulosa and oocyte cells by binding to transmembrane receptors (AMHR2 for AMH; BMPR2 for BMP-6 and GDF-9, and TGF β R3 for INHA and INHBB), which, once activated, phosphorylate R-SMAD proteins, specific for each group of ligands, and these complexes with SMAD4 (common mediator) move from the cytoplasm to the nucleus, regulating the transcription of innumerable genes responsible for cell proliferation and differentiation (12, 13, 14). Any change in the formation of the protein, its receptor or intracellular signaling can lead to loss of function and impairment in processes important for full development of the oocyte.

TGF- β superfamily members have been studied in the search for understanding the pathogenesis of endometriosis (15): activin A creates conditions for survival and development of ectopic lesions (16, 17); AMH and its receptor AMHR2 are expressed in endometriotic lesions (18); TGF β 1, SMAD1 and SMAD4 are over-regulated in the eutopic endometrium of patients with endometriosis (19); TGF β 1 is synthesized by the

endometrium and promotes its attachment to ovarian tissue (20, 21, 22); *BMP-6* is expressed in the ectopic endometrium, contributing to the development and spread of endometriosis (23). However, few studies have explored these proteins as a reason for infertility associated with endometriosis or the effect of these proteins in granulosa cells.

Functional abnormalities in the granulosa cells of women with endometriosis are reported in the literature: luteal insufficiency (24, 25), impaired follicular steroidogenesis (26, 27), reduced P450 aromatase expression, increased generation of intracellular reactive oxygen species, and increased apoptotic signs (27).

We have recently shown that the genetic polymorphism of *AMH* p.Ile49Ser can influence fertility in endometriosis (28), thus demonstrating DNA alteration in a member of the TGF- β superfamily in endometriosis. Based on the knowledge available so far, we considered it important to investigate the gene expression of some prominent members of the TGF- β superfamily expressed in the antral phase of follicular development (*AMH*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* and *TGF β 3*) in the pathophysiology of endometriosis, along with its receptors (*AMHR2*, *BMPR2* and *TGF β R3*) and intracellular signal transducers (*SMAD3* and *SMAD4*).

Materials and Methods

Study design

A case-control study was performed to evaluate the gene expression of TGF- β superfamily members (ligands – *AMP*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* and *TGF β 3*, receptors – *AMHR2*, *BMPR2* and *TGF β R3*; and signal transducers – *SMAD3* and *SMAD4*) in infertile women with endometriosis, comparing them with women undergoing *in vitro* fertilization (IVF) for tubal or male infertility. Patient recruitment and granulosa cell collection were performed at the INSEMINE Center of Human Reproduction, and the gene expression work was performed at Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), both located in Porto Alegre, Brazil. This study is in accordance with STROBE guidelines for case-control studies.

Patients

Patient eligibility criteria for both groups were: women aged 25-38 years, regular menstrual cycles, ultrasound for screening for negative endometriosis, and presence of both ovaries, submitted to IVF.

Inclusion criteria for the control group were: women submitted to IVF due to tubal or male factor as cause of infertility of the couple, and who did not have endometriosis diagnosed by laparoscopy, not used medication for pain, dysmenorrhea, or family history of endometriosis.

Inclusion criteria for the study group were: infertile women submitted to IVF with peritoneal endometriosis as the sole cause of infertility of the couple. Endometriosis was diagnosed by laparoscopy and the inclusion of only peritoneal endometriosis was intended to increase the homogeneity of the group.

Based on these criteria, twenty-eight women submitted to IVF at the INSEMINE Center of Human Reproduction were recruited for this study; eighteen were part of the Control group, and ten formed the Endometriosis group.

Controlled ovarian hyperstimulation

Controlled ovarian hyperstimulation was performed with recombinant human FSH (Puregon, Vetter Pharma-Fertigung GmbH & Co. KG, Germany) and suppression of the GnRH antagonist pituitary gland (Orgalutran, Vetter Pharma-Fertigung GmbH & Co. KG, fixed protocol for six days. The daily dose of FSH was adjusted as of the sixth

day according to the number of growing follicles visualized by ultrasonography. In the last days of controlled ovarian hyperstimulation, ultrasonography was performed daily and ovarian induction lasted until at least three follicles had a diameter of 17 mm, at which time human chorionic gonadotropin (hCG) (Choriomon-M, IBSA Institut Biochimique SA, Switzerland) was administered to promote final follicle maturation, and aspiration was performed 36 hours later with ultrasonographic guidance.

Collection of granulosa cells

The antral follicles were punctured as standard IVF protocol and the granulosa cells were collected from patients who had at least four oocytes recovered. The collection of the granulosa cells was performed mechanically with 22G needles, and these cells were then washed in culture medium and stored as a pool of follicles (29) in RNAlater Solution (Ambion) at -80°C until RNA extraction.

RNA extraction and cDNA synthesis

Cell RNA was extracted following the biological tissue extraction protocol of the RNeasy kit (Qiagen, DE) according to the manufacturer's instructions and with RNase-Free DNase Set (Qiagen, DE). RNA concentration and integrity were verified in the Agilent 4200 TapeStation system (Agilent Technologies, US). Messenger RNA (mRNA) was converted to complementary DNA (cDNA) with the High Capacity cDNA Reverse Transcription Kit (Applied Biosystems, US) according to the manufacturer's instructions for a 20- μ L reaction mix in the presence of ribonuclease inhibitor-RNaseOUT Recombinant Ribonuclease Inhibitor (Invitrogen, US).

Analysis of gene expression

Gene expression was determined by real-time PCR with Taqman Gene Expression Assays (Applied Biosystems, US) according to the manufacturer's instructions. Expression levels of the genes of interest were normalized against the expression of the endogenous control glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (*GAPDH* - Catalog number: 4310884E - Applied Biosystems, US). Real-time PCR was performed on the QuantStudio 3 System (Applied Biosystems, US) under the following conditions: 2 minutes at 50°C, 10 minutes at 95°C, 40 cycles of 15 seconds at 95°C and 1 minute at 60°C W. Limit cycle (*Ct*) values over 38 cycles were considered indicators of undetermined gene expression and omitted from the analysis. The relative

quantification of gene expression was determined using the $\Delta\Delta Ct$ (30) model and through the Relative Quantification application available in Thermo Fisher Cloud (Thermo Fisher Scientific).

Ethical aspects

This study was approved by the Ethics Committee of HCPA under project No. 14-0386.

Sample size

Since there are no data in the literature on SMAD4 and endometriosis, and considering that SMAD4 is the molecule with the greatest influence in the physiological context because it acts as Co-SMAD for all members of the TGF- β superfamily, the expression of *SMAD4* was considered as an outcome primary. Twelve patients are required to have a 80% chance of detecting, as significant at the 5% level, a decrease in the primary outcome measure from 100% in the control group to 40% in the experimental group (31).

Statistical analysis

Student's t-test was used to compare continuous variables, and the χ^2 test was used to compare categorical variables. The statistical package used was IBM SPSS Statistics version 18.0; the results are expressed as mean \pm standard deviation, and $P<0.05$ was considered statistically significant.

Relative Quantification analysis available on the Thermo Fisher cloud (Thermo Fisher Scientific) provided relative quantification (RQ), minimum RQ, maximum RQ and P -corrected expression data.

The relative quantification of gene expression was also calculated by the $\Delta\Delta Ct$ (30) method, where expression of the target gene is normalized with the endogenous control (*GAPDH*). We then compared gene expression between the study groups (control and endometriosis) and performed multivariate analysis (binary regression) with our data to evaluate the simultaneous action of the factors on the outcome (endometriosis) with a significance level of 5% in IBM SPSS Statistics version 18.0.

Results

Age, days of controlled ovarian hyperstimulation, initial dose of gonadotrophin, number of oocytes at metaphase II and pregnancy in patients are shown in Table 1 and did not show statistical difference between the groups studied.

AMH, GDF-9, INHA, INHBB, TGF β 3, AMHR2, BMPR2, TGF β R3 and SMAD3 showed gene expression in granulosa cells of antral follicles, but without significant statistical difference between the groups. These data are shown in Table 2. The *BMP-6* gene showed a Relative Quantification of 0.507 (RQ=0.355-0.524) ($P=0.013$) and *SMAD4* 0.624 (RQ=0.529-0.735) ($P=0.044$) indicating decreased expression in infertile patients with endometriosis compared to the group of patients submitted to IVF due to tubal or male factor. The results of relative gene expression are shown in Figure 1.

In multivariate evaluation (binary regression), considering the presence or absence of endometriosis, only *SMAD4* was a significant ($P=0.045$) factor associated with endometriosis, controlling for all other TGF- β superfamily members studied.

Discussion

Infertility is a frequent complaint among patients with endometriosis, and it is common to seek assisted reproductive techniques as an alternative to resolve the reproductive abnormalities of the spontaneous cycle. The exogenous hormonal induction of ovarian function performed in IVF reverses the natural physiological changes, correcting the reproductive outcome, which is why there were no reproductive differences between infertile women with endometriosis and women submitted to IVF due to tubal or male cause in our study.

The ligands *AMH*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* and *TGF β 3* showed no difference in expression between the groups studied, which allowed us to infer that they act satisfactorily and are not involved in infertility associated with endometriosis.

BMP-6 is expressed in oocytes and granulosa cells and acts by increasing *AMH* and *FSH receptor* expression, decreasing *StAR* and *GDNF* expression, suppressing luteinization by decreasing progesterone production (6, 32, 33), thus making their participation in good oocyte quality unquestionable. We demonstrated that *BMP-6* had decreased relative expression in the group of infertile patients with endometriosis and might have been associated with reproductive abnormalities in these patients. This finding contributes to our understanding of the poor oocyte quality in endometriosis, being the first study to explore this protein in granulosa cells of antral follicles in this group of patients.

GDF-9 is mainly expressed by the oocyte, but its mRNA appears in granulosa cells after the LH peak (34). Kawabe et al. (35) reported a negative effect of moderate to severe endometriosis on *GDF-9* expression in granulosa cells after hormonal induction, suggesting low oocyte nuclear maturation and poor embryo quality. Our findings revealed similar expression of *GDF-9* in granulosa cells in patients with and without peritoneal endometriosis. The difference in endometriosis classification between the two studies limits the comparison, but the findings contribute to the understanding that *GDF-9* expression is affected according to disease characteristics.

We also demonstrated that *TGF β 3* is expressed in granulosa cells from human antral follicles after controlled ovarian hyperstimulation. This finding complements the idea of Kristensen et al., because in their study, *TGF β 3* was absent in preantral follicles (14). On the basis of these results, we can assume that *TGF β 3* is expressed in later stages of development or that it may appear only after the LH peak, since the cells in

our study were luteinized. In view of these questions, it would be interesting if further studies were undertaken to better understand the participation of this protein in oocyte development.

TGF- β superfamily proteins perform their functions in the target cell through serine/threonine-kinase type I and II transmembrane receptors which propagate the signal through the phosphorylation of intracellular transducers of the SMAD family (R-SMAD - receptor-regulated SMADs) (12, 13). Our gene expression results demonstrated that the *AMHR2*, *BMPR2* and *TGF β R3* receptors and *SMAD3* (R-SMAD) showed similar behavior in the Control and Endometriosis groups.

Intracellular signaling is also dependent on a common mediator (Co-SMAD - Co-mediator), SMAD4, which forms a complex with the R-SMADs phosphorylated by the receptors allowing their passage to the cell nucleus, where, associated with binding to DNA, this complex can regulate the expression of target genes (12, 13, 14). We have shown that *SMAD4* has decreased expression level in endometriosis. This is the most striking finding of our work, since this led us to believe that the functionality of all TGF- β superfamily proteins dependent on this signaling pathway is compromised in this group of patients. The signaling pathway of the TGF- β superfamily can be observed in Figure 2, with emphasis on the altered phases in endometriosis.

It is important to remember that our result demonstrated the abundance of mRNA available for translating these genes into protein, a very important process that, however, does not necessarily reflect protein translation (36). The adequate or compromised function of these proteins depends on the translation efficacy of this mRNA, in addition to mRNA availability, which can be verified by Western blot by detecting the presence of the proteins in the granulosa cell homogenate (37). Since we demonstrated that the availability of *BMP-6* and *SMAD4* mRNA is decreased in infertility associated with endometriosis, the analysis of the presence of the proteins becomes a prospect of our study.

Our study had limitations with respect to the heterogeneity of the disease and we selected only patients with peritoneal endometriosis to minimize this interference, but this limitation is common to all studies involving endometriosis.

Unsurprisingly, infertile women with endometriosis have compromised granulosa cell functions (24, 25, 26, 27), and our study showed that members of the TGF- β superfamily contribute to changes in folliculogenesis, resulting in a decreased

BMP-6 and *SMAD4* mRNA expression in granulosa cells of patients with peritoneal endometriosis.

Furthermore, we plan to investigate the presence of proteins that demonstrated altered gene expression, using Western blot, and accordingly, to study *in vitro* maturation with specific supplementation of the culture medium that provides an adequate environment for the development of oocytes. In this way we could help these patients by obtaining more competent oocytes and by avoiding ovarian stimulation with supraphysiological doses of gonadotropins used in conventional IVF.

Acknowledgements

We thank Lisiane Knob for the assistance provided in the sample collection, Hugo Bock for the technical-scientific support and Thiago Augusto Cosme da Silva for the design support. We thank the financial support of the Research Incentive Fund (Fundação de Incentivo a Pesquisas e Eventos - FIPE) - Clinical Hospital of Porto Alegre (Hospital de Clínicas de Porto Alegre - HCPA), National Council for Scientific and Technological Development (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq), and the Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES).

References

- 1 – Kidder GM, Vanderhyden BC. Bidirectional communication between oocytes and follicle cells: ensuring oocyte developmental competence. *Can J Physiol Pharmacol.* 2010;88(4):399-413.
- 2 – Dumesic DA, Meldrum DR, Katz-Jaffe MG, Krisher RL, Schoolcraft WB. Oocyte environment: follicular fluid and cumulus cells are critical for oocyte health. *Fertil Steril.* 2015;103(2):303-16.
- 3 – Gougeon A. Dynamics of follicular growth in the human: a model from preliminary results. *Hum Reprod.* 1986 Feb;1(2):81-7.
- 4 – Knight PG, Glister C. TGF-beta superfamily members and ovarian follicle development. *Reproduction.* 2006;132(2):191-206.
- 5 – Homburg R, Crawford G. The role of AMH in anovulation associated with PCOS: a hypothesis. *Hum Reprod.* 2014;29(6):1117-21.
- 6 – Kim JW, Kang KM, Yoon TK, Shim SH, Lee WS. Study of circulating hepcidin in association with iron excess, metabolic syndrome, and BMP-6 expression in granulosa cells in women with polycystic ovary syndrome. *Fertil Steril.* 2014;102(2):548-554.e2.
- 7 – Da Broi MG, Giorgi VSI, Wang F, Keefe DL, Albertini D, Navarro PA. Influence of follicular fluid and cumulus cells on oocyte quality: clinical implications. *J Assist Reprod Genet.* 2018;35(5):735-751.
- 8 – Trombly DJ, Woodruff TK, Mayo KE. Roles for transforming growth factor beta superfamily proteins in early folliculogenesis. *Semin Reprod Med.* 2009;27:14–23.
- 9 – Walton KL, Makanji Y, Robertson DM, Harrison CA. The synthesis and secretion of inhibins. *Vitam Horm.* 2011;85:149-84.
- 10 – Pangas SA. Regulation of the ovarian reserve by members of the transforming growth factor beta family. *Mol Reprod Dev.* 2012;79(10):666-79.
- 11 – Liang N, Xu Y, Yin Y, Yao G, Tian H, Wang G, Lian J, Wang Y, Sun F. Steroidogenic factor-1 is required for TGF-beta3-mediated 17beta-estradiol synthesis in mouse ovarian granulosa cells. *Endocrinology.* 2011;152(8):3213-25.
- 12 – Shi Y, Massagué J. Mechanisms of TGF-beta signaling from cell membrane to the nucleus. *Cell.* 2003;113(6):685-700.

- 13 – Wrana JL. Signaling by the TGF β superfamily. *Cold Spring Harb Perspect Biol.* 2013;5(10):a011197.
- 14 – Kristensen SG, Andersen K, Clement CA, Franks S, Hardy K, Andersen CY. Expression of TGF-beta superfamily growth factors, their receptors, the associated SMADs and antagonists in five isolated size-matched populations of pre-antral follicles from normal human ovaries. *Mol Hum Reprod.* 2014;20(4):293-308.
- 15 – Dela Cruz C, Reis FM. The role of TGF β superfamily members in the pathophysiology of endometriosis. *Gynecol Endocrinol.* 2015 Jul;31(7):511-5.
- 16 – Mabuchi Y, Yamoto M, Minami S, Umesaki N. Immunohistochemical localization of inhibin and activin subunits, activin receptors and Smads in ovarian endometriosis. *Int J Mol Med.* 2010 Jan;25(1):17-23.
- 17 – Zheng J, Qu J, Lu P, Hou Z, Cui Y, Mao Y, Qi X, Ji H, Liu J. Activin A Stimulates Aromatase via the ALK4-Smad Pathway in Endometriosis. *Biomed Res Int.* 2016;2016:5791510. Epub 2016 Oct 19.
- 18 – Carrarelli P, Rocha AL, Belmonte G, Zupi E, Abrão MS4, Arcuri F, Piomboni P, Petraglia F. Increased expression of antimüllerian hormone and its receptor in endometriosis. *Fertil Steril.* 2014 May;101(5):1353-8.
- 19 – Ping S, Ma C, Liu P, Yang L, Yang X, Wu Q, Zhao X, Gong B. Molecular mechanisms underlying endometriosis pathogenesis revealed by bioinformatics analysis of microarray data. *Arch Gynecol Obstet.* 2016 Apr;293(4):797-804.
- 20 – Correa LF, Zheng Y, Delaney AA, Khan Z, Shenoy CC, Daftary GS. TGF- β Induces Endometriotic Progression via a Noncanonical, KLF11-Mediated Mechanism. *Endocrinology.* 2016 Sep;157(9):3332-43.
- 21 – Shi LB, Zhou F, Zhu HY, Huang D, Jin XY, Li C, Dai Y, Pan YB, Zhang SY. Transforming growth factor beta1 from endometriomas promotes fibrosis in surrounding ovarian tissues via Smad2/3 signaling. *Biol Reprod.* 2017 Jan 1;97(6):873-882.
- 22 – Lin X, Dai Y, Xu W, Shi L, Jin X, Li C, Zhou F, Pan Y, Zhang Y, Lin X, Zhang S. Hypoxia Promotes Ectopic Adhesion Ability of Endometrial Stromal Cells via TGF- β 1/Smad Signaling in Endometriosis. *Endocrinology.* 2018 Apr 1;159(4):1630-1641.

- 23 – Athanasios F, Afrodite N, Effstratos P, Demetrios K. Co-expression of bone morphogenetic protein 6 with estrogen receptor a in endometriosis. *Arch Gynecol Obstet.* 2012 Apr;285(4):1001-7.
- 24 – Cunha-Filho JS, Gross JL, Lemos NA, Brandelli A, Castillos M, Passos EP. Hyperprolactinemia and luteal insufficiency in infertile patients with mild and minimal endometriosis. *Horm Metab Res.* 2001;33(4):216-20.
- 25 – Cunha-Filho JS, Gross JL, Bastos de Souza CA, Lemos NA, Giugliani C, Freitas F, Passos EP. Physiopathological aspects of corpus luteum defect in infertile patients with mild/minimal endometriosis. *J Assist Reprod Genet.* 2003;20(3):117-21.
- 26 – Harlow CR, Cahill DJ, Maile LA, Talbot WM, Mears J, Wardle PG, Hull MG. Reduced preovulatory granulosa cell steroidogenesis in women with endometriosis. *J Clin Endocrinol Metab.* 1996;81(1):426-9.
- 27 – Sanchez AM, Somigliana E, Vercellini P, Pagliardini L, Candiani M, Vigano P. Endometriosis as a detrimental condition for granulosa cell steroidogenesis and development: From molecular alterations to clinical impact. *J Steroid Biochem Mol Biol.* 2016;155(Pt A):35-46.
- 28 – De Conto E, Matte Ú, Bilibio JP, Genro VK, Souza CA, Leão DP, Cunha-Filho JS. Endometriosis-associated infertility: GDF-9, AMH, and AMHR2 genes polymorphisms. *J Assist Reprod Genet.* 2017;34(12):1667-1672.
- 29 – Assou S, Haouzi D, Dechaud H, Gala A, Ferrières A, Hamamah S. Comparative gene expression profiling in human cumulus cells according to ovarian gonadotropin treatments. *Biomed Res Int.* 2013;2013:354582.
- 30 – Livak KJ, Schmittgen TD. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C(T)) Method. *Methods.* 2001;25(4):402-8.
- 31 – Schauer SN, Sontakke SD, Watson ED, Esteves CL, Donadeu FX. Involvement of miRNAs in equine follicle development. *Reproduction.* 2013 Jul 31;146(3):273-82.
- 32 – Liang Y, Cao Q, Gao X, Du H. Increased bone morphogenetic protein-6 in follicular fluid and granulosa cells may correlate with fertilization and embryo quality in humans. *Exp Ther Med.* 2017;14(2):1171-1176.

- 33 – Zhang XY, Chang HM, Taylor EL, Leung PCK, Liu RZ. BMP6 down-regulates GDNF expression through SMAD1/5 and ERK1/2 signaling pathways in human granulosa-lutein cells. *Endocrinology*. 2018 May 9. doi: 10.1210/en.2018-00189. [Epub ahead of print]
- 34 – Yamamoto N, Christenson LK, McAllister JM, Strauss JF. Growth differentiation factor-9 inhibits 3'5'-adenosine monophosphate-stimulated steroidogenesis in human granulosa and theca cells. *J Clin Endocrinol Metab*. 2002 Jun;87(6):2849-56.
- 35 – Kawabe S, Yamashita Y, Saito N, Kokunai K, Hayashi A, Hayashi M, Terai Y, Miyazaki K, Ohmichi M. The effect of moderate to severe endometriosis on expression of growth differentiation factor-9 mRNA in human granulosa cells under controlled ovarian hyperstimulation. *Reprod Med Biol*. 2015 May 19;14(4):179-184.
- 36 – Radhakrishnan A, Green R. Connections Underlying Translation and mRNA Stability. *J Mol Biol*. 2016 Sep 11;428(18):3558-64.
- 37 – Yung Y, Aviel-Ronen S, Maman E, Rubinstein N, Avivi C, Orvieto R, Hourvitz A. Localization of luteinizing hormone receptor protein in the human ovary. *Mol Hum Reprod*. 2014 Sep;20(9):844-9.

Attachments

Table 1

Table 1 - Demographic and assisted reproduction data of the studied groups.

	Control (n=18)	Endometriosis (n=10)	P-value
Age (years)	33.1±3.6	32.5±4.1	0.688
Days of controlled ovarian hyperstimulation	11.6±1.9	11.0±1.7	0.460
Initial dose of gonadotrophin	205±66	246±57	0.170
Number of MII oocytes	9.7±3.7	11.1±2.6	0.345
Positive hCG (%)	55	40	0.692

Student's t-test was used to compare continuous variables and χ^2 test was used to compare categorical variable. P<0.05 was considered statistically significant.

Values are mean ± SD or %.

Table 2

Table 2. Results of gene expression of TGF- β superfamily members comparing the Control and Endometriosis groups.

Function	Gene	Group (n)	RQ	RQ min	RQ max	P-value
Ligands	<i>AMH</i>	Control (16)	1	0.708	1.412	1.000
		Endometriosis (10)	1.151	0.868	1.527	
	<i>BMP-6</i>	Control (18)	1	0.766	1.306	0.013
		Endometriosis (10)	0.431	0.355	0.524	
	<i>GDF-9</i>	Control (14)	1	0.594	1.684	0.084
		Endometriosis (9)	0.440	0.269	0.718	
	<i>INHA</i>	Control (18)	1	0.830	1.205	0.494
		Endometriosis (10)	0.677	0.492	0.932	
	<i>INHBB</i>	Control (18)	1	0.720	1.388	0.096
		Endometriosis (10)	0.408	0.284	0.587	
Receptors	<i>TGFβ3</i>	Control (17)	1	0.739	1.354	0.320
		Endometriosis (10)	0.603	0.427	0.851	
	<i>AMHR2</i>	Control (15)	1	0.711	1.405	0.990
		Endometriosis (10)	0.841	0.468	1.513	
	<i>BMPR2</i>	Control (18)	1	0.848	1.179	0.802
		Endometriosis (10)	0.815	0.655	1.014	
	<i>TGFβR3</i>	Control (18)	1	0.801	1.248	1.000
		Endometriosis (10)	0.831	0.575	1.201	
Intracellular Signaling	<i>SMAD3</i>	Control (18)	1	0.835	1.198	0.381
		Endometriosis (10)	0.761	0.654	0.887	
	<i>SMAD4</i>	Control (18)	1	0.864	1.157	0.044
		Endometriosis (10)	0.624	0.529	0.735	

Results expressed in Relative Quantification (RQ) verified by the $\Delta\Delta Ct$ method in the Relative Quantification App (Thermo Fisher Scientific). P <0.05 was considered statistically significant.

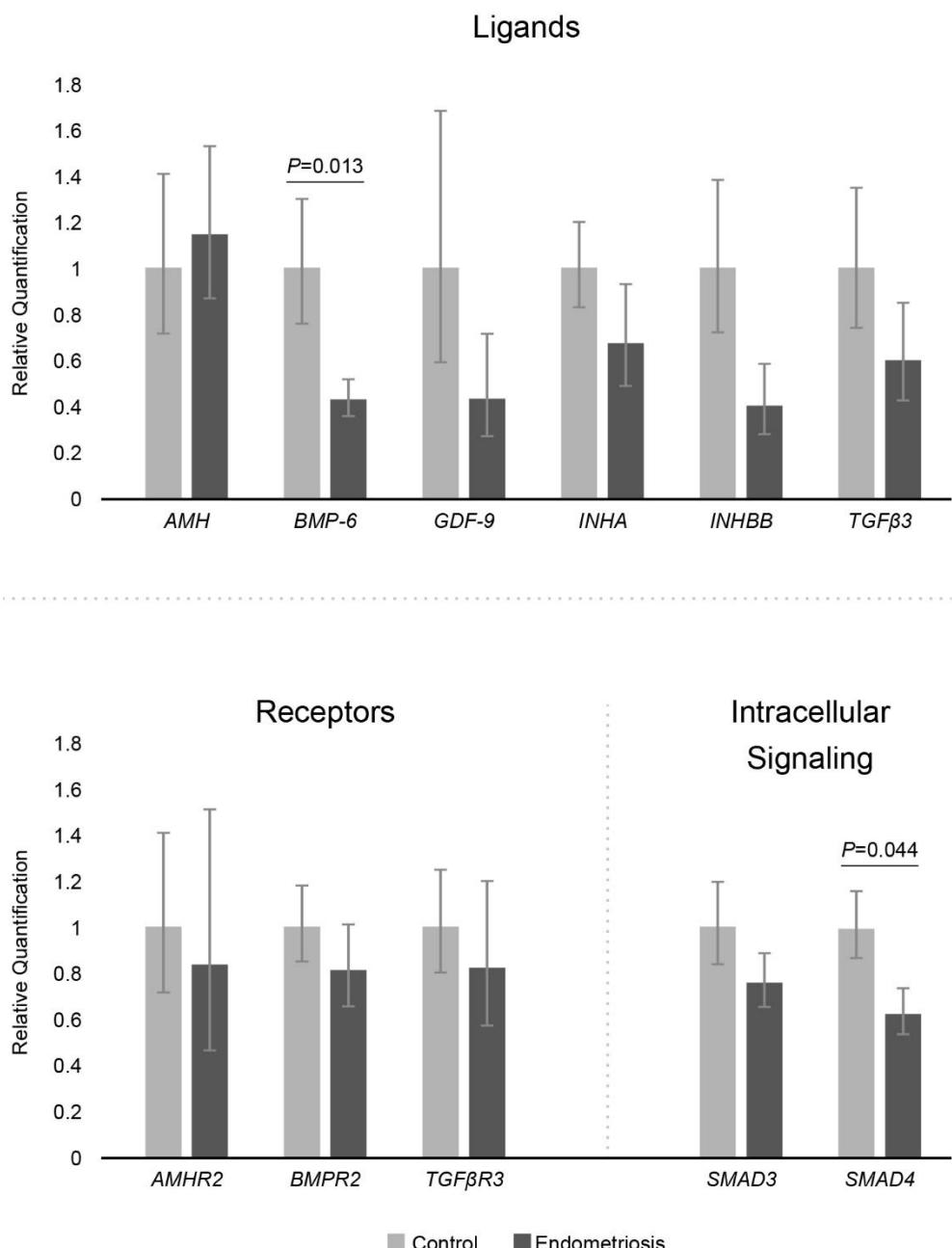
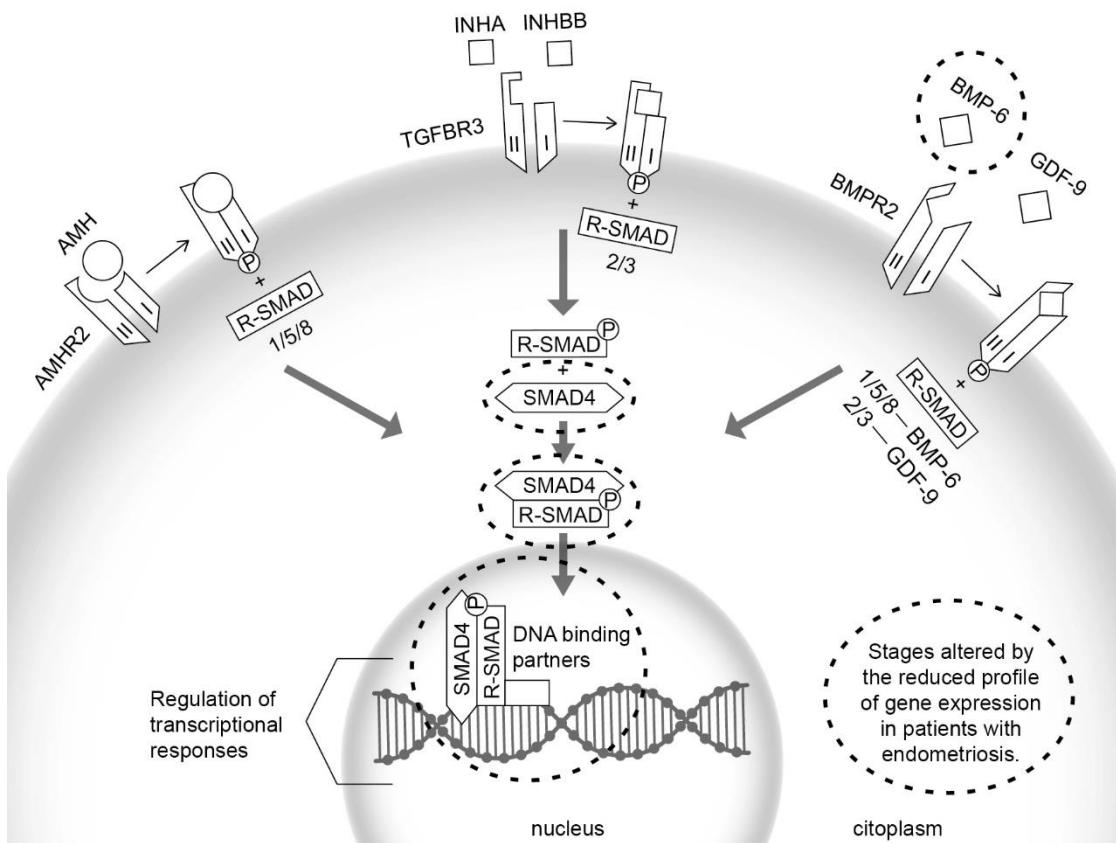
Figure 1

Figure 2

Legends for Figures

Figure 1. Relative quantification of gene expression of TGF- β superfamily members, comparing the control group (women undergoing IVF due to tubal or male factor) and the endometriosis group (infertile women with endometriosis undergoing IVF). Other quantifications showed $P>0.05$.

Figure 2. Demonstration of intracellular signaling of TGF- β superfamily members through their transmembrane receptors via SMAD to regulate transcriptional responses of target genes in the cell nucleus. The altered steps in infertile patients with endometriosis are highlighted.

8 CONSIDERAÇÕES FINAIS (Conclusões)

A linha de pesquisa que vem sendo desenvolvida por nosso grupo tem como objetivo principal elucidar questionamentos sobre a infertilidade associada à endometriose. Já foi demonstrado que existem anormalidades funcionais nas células da granulosa das pacientes acometidas por essa doença e, mais recentemente, demonstramos que o *hormônio anti-Mulleriano* apresenta maior frequência do alelo polimórfico do que o alelo selvagem para a mutação p.Ile49Ser em mulheres inférteis com endometriose. Sabendo do envolvimento de membros da superfamília TGF- β com a qualidade oocitária e que há alteração genética na endometriose, nos sentimos incentivados a determinar a expressão gênica dos membros de destaque desta família de proteínas nesta doença ginecológica.

O presente trabalho demonstrou pela primeira vez que membros da superfamília TGF- β apresentam expressão gênica alterada em células da granulosa de folículos antrais de mulheres inférteis com endometriose. A diminuição da expressão de *BMP-6* afeta a qualidade e a quantidade de óocitos dessas pacientes, porque essa proteína tem papel importante tanto no desenvolvimento dos folículos antrais como na preservação da reserva ovariana através da regulação de expressão do AMH.

A expressão diminuída de *SMAD4* na endometriose associada à infertilidade afeta sobremaneira a qualidade oocitária, pois essa molécula é o Co-SMAD, imprescindível para a atividade de inúmeros ligantes da superfamília TGF- β por encaminhar ao núcleo, em complexo com os R-SMADs, a informação emitida pelos ligantes. Sem a quantidade suficiente de *SMAD4* no citoplasma da célula, a função dos ligantes fica comprometida e essa é uma explicação do porquê as mulheres inférteis com endometriose têm qualidade oocitária menor e mais dificuldade para gestar naturalmente do que mulheres sem endometriose.

9 PERSPECTIVAS

Nosso trabalho trouxe um dado importante para o entendimento da patogênese da endometriose associada à infertilidade e nos instiga a analisar a presença das proteínas alteradas através de técnicas imunológicas nas células da granulosa desse grupo de pacientes.

A partir dos achados do presente estudo, podemos elaborar alternativas que beneficiem esse grupo de pacientes, como a maturação *in vitro* dos oócitos com meio de cultivo suplementado com as proteínas BMP-6 e SMAD4 humanas recombinantes para corrigir a baixa expressão endógena ocasionada pela endometriose. Dessa forma, seria diminuído o custo do tratamento hormonal e o tempo do ciclo de reprodução assistida, porém, o mais importante: obteríamos oócitos de melhor qualidade sem expor a paciente a doses supra-fisiológicas de gonadotrofinas exógenas como se faz no ciclo tradicional de FIV.

10 ANEXOS

Anexo 1

Metodologia

Desenho do estudo

Foi realizado um estudo de caso-controle para avaliar a expressão gênica de membros da superfamília TGF-β (ligantes – *AMH*, *BMP-6*, *GDF-9*, *INHA*, *INHBB* e *TGFβ3*; receptores – *AMHR2*, *BMPR2* e *TGFβR3*; sinalizadores intracelulares – *SMAD3* e *SMAD4*) em células da granulosa de folículos ovarianos antrais de mulheres inférteis com endometriose comparando-as com mulheres submetidas à fertilização *in vitro* (FIV) por infertilidade tubária ou masculina. O recrutamento de pacientes e a coleta de células da granulosa foi realizada no Centro de Reprodução Humana Insemine e o experimento de expressão gênica foi realizado no Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), ambos localizados em Porto Alegre/Brasil. Este estudo está de acordo com STROBE guidelines para estudos de caso-controle.

Pacientes

Os critérios de elegibilidade de pacientes para os dois grupos foram: mulheres com idade entre 25 e 38 anos, ciclos menstruais regulares, ultrassom para rastreio de endometriose negativo e presença de ambos os ovários submetidas à FIV.

Critérios de inclusão para o grupo controle: mulheres submetidas à FIV por fator tubário ou fator masculino como causa de infertilidade do casal, estas mulheres não poderiam ter cólicas, uso prévio de medicação para dor, dismenorreia, nem histórico familiar de endometriose.

Critérios de inclusão para o grupo de estudo: mulheres inférteis submetidas à FIV com endometriose peritoneal como única causa de infertilidade do casal. A inclusão de somente endometriose peritoneal tem a intenção de aumentar a homogeneidade do grupo.

Com base nesses critérios, vinte e oito mulheres submetidas à FIV no Centro de Reprodução Humana Insemine foram recrutadas para este estudo, sendo que dezoito fizeram parte do grupo Controle e dez formaram o grupo Endometriose.

Hiperestimulação ovariana controlada

A hiperestimulação ovariana controlada foi realizada com FSH recombinante humano (Puregon, Vetter Pharma-Fertigung GmbH & Co. KG, Alemanha) e supressão da hipófise com antagonista de GnRH (Orgalutran, Vetter Pharma-Fertigung GmbH & Co. KG, Alemanha) em um protocolo fixo de seis dias. A dose diária de FSH foi ajustada a partir do sexto dia de acordo com o número de folículos em crescimento visualizados através de ultrassonografia. Nos últimos dias de hiperestimulação ovariana controlada, a ultrassonografia foi realizada diariamente e a ovulação foi induzida até que pelo menos três folículos apresentassem diâmetro de 17mm, nesse momento foi administrado gonadotrofina coriônica humana (hCG) (Choriomon-M, IBSA Institut Biochimique S.A., Suíça) para promover a maturação folicular final e a aspiração dos folículos foi realizada 36 horas depois por orientação ultrassonográfica.

Coleta de células da granulosa

Os folículos antrais foram puncionados como protocolo padrão de FIV e as células da granulosa foram coletadas de pacientes que tiveram no mínimo quatro óocitos recuperados. A coleta das células foi realizada mecanicamente com auxílio de agulhas 22G, em seguida as células coletadas foram lavadas em meio de cultura e armazenadas como pool de folículos (1) em RNAlater Solution (Ambion), identificadas anonimamente de acordo o grupo ao qual pertenciam, permanecendo em temperatura de -80°C até a extração de RNA.

Obtenção de RNA e síntese de DNA complementar (cDNA)

O RNA das células foi extraído seguindo o protocolo de extração para tecido biológico do kit RNeasy (Qiagen, DE) conforme instruções do fabricante e com enzima DNase – RNase-Free DNase Set (Qiagen, DE). Concentração e integridade do RNA foram verificados em Agilent 4200 TapeStation system (Agilent Technologies, US). A concentração variou entre 14,7 e 95,0 ng/µL e a integridade obtida foi RINe (escore de qualidade do TapeStation) 6,6 a 10,0 sendo que a maioria das amostras apresentou RINe ou igual ou superior a 9,0. Dados do TapeStation para algumas amostras são mostrados a título de exemplo na Figura 1. As amostras de RNA foram armazenadas a -80°C até a realização da síntese cDNA.

A síntese de cDNA foi realizada com kit High Capacity cDNA Reverse Transcription (Applied Biosystems, US) a partir de uma concentração padronizada de

19,4ng de RNA, conforme instruções do fabricante para uma reação de 20 μ L em presença de inibidor de ribonuclease – RNaseOUT Recombinant Ribonuclease Inhibitor (Invitrogen, US).

Análise de expressão gênica

A expressão gênica foi verificada através de ensaios Taqman Gene Expression (Applied Biosystems, US) conforme instruções do fabricante e todas as amostras foram analisadas em uma única placa para cada gene de interesse a fim de minimizar as variações entre placas. Os níveis de expressão dos genes de interesse foram normalizados contra a expressão do controle endógeno gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase (*GAPDH* – Catalog number: 4310884E – Applied Biosystems, US).

As reações de amplificação foram realizadas em triplicata e os ensaios utilizados estão descritos na Tabela 1 (2). As reações foram realizadas em volume total de 20 μ L utilizando o reagente TaqMan Gene Expression Master Mix (Applied Biosystems, US), TaqMan Gene Expression Assay FAM (Applied Biosystems, US) para os genes de interesse em reação duplex com o TaqMan Gene Expression Assay VIC (Applied Biosystems, US) para o *GAPDH* e 1 μ L de cDNA foi utilizado como template. A PCR em tempo real foi realizada no equipamento QuantStudio 3 System (Applied Biosystems, US) nas seguintes condições: 2 minutos a 50°C, 10 minutos a 95°C, 40 ciclos de 15 segundos a 95°C e 1 minuto a 60°C.

Valores do ciclo limite (Ct) acima de 38 ciclos foram considerados indicadores de expressão gênica indeterminada e omitidos da análise. A quantificação relativa da expressão gênica foi verificada através do modelo $\Delta\Delta Ct$ (3) (resultados em anexo) e usando o aplicativo Relative Quantification disponível no Thermo Fisher Cloud (Tabela 2) (Thermo Fisher Scientific). O resultado gráfico da expressão gênica relativa é demonstrado na Figura 2.

Tamanho amostral

Como não há dados na literatura sobre SMAD4 e endometriose, e considerando que SMAD4 é a molécula com maior influência no contexto fisiológico porque atua como Co-SMAD para todos os membros da superfamília TGF- β , a expressão de SMAD4 foi considerada como desfecho primário. Doze pacientes são requeridos para se ter 80% de chance de detecção, com nível de significância de 5%, para uma diminuição no desfecho primário de 100% no grupo controle para 40% no grupo experimental (4).

Aspectos éticos

Este estudo foi aprovado pelo Comitê de ética do HCPA sob projeto número 14-0386.

Análise estatística

Teste t de Student foi usado para comparar variáveis contínuas e teste χ^2 foi usado para comparar variáveis categóricas. O pacote estatístico utilizado foi o IBM SPSS Statistics versão 18.0, os resultados são expressos em média \pm desvio-padrão e o valor de $P < 0.05$ foi considerado estatisticamente significativo.

A análise no aplicativo Relative Quantification disponível no Thermo Fisher Cloud (Thermo Fisher Scientific) forneceu dados de expressão como Quantificação Relativa (RQ), RQ mínima, RQ máxima e valores P corrigidos.

A Quantificação Relativa da expressão gênica foi calculada através do método $\Delta\Delta Ct$ (3) que controla a expressão do gene alvo com o controle endógeno (*GAPDH*) e, em seguida, faz a relação de expressão entre os grupos de estudo (controle e endometriose) e foi realizada análise multivariada (regressão binária) com nossos dados para avaliar a ação simultânea dos fatores no desfecho (endometriose) com nível de significância de 5% em IBM SPSS Statistics versão 18.0.

Referências da metodologia

- 1 - Assou S, Haouzi D, Dechaud H, Gala A, Ferrières A, Hamamah S. Comparative gene expression profiling in human cumulus cells according to ovarian gonadotropin treatments. *Biomed Res Int.* 2013;2013:354582.
- 2 - Website Thermo Fisher Scientific. [https://www.thermofisher.com/en/home/life-science/pcr/real-time-pcr/real-time-pcr-assays/taqman-gene-expression /single-tube-taqman-gene-expression-analysis.html](https://www.thermofisher.com/en/home/life-science/pcr/real-time-pcr/real-time-pcr-assays/taqman-gene-expression-single-tube-taqman-gene-expression-analysis.html). Acesso em 4 de junho de 2017.
- 3 - Livak KJ, Schmittgen TD. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C(T)) Method. *Methods.* 2001;25(4):402-8.
- 4 - Schauer SN, Sontakke SD, Watson ED, Esteves CL, Donadeu FX. Involvement of miRNAs in equine follicle development. *Reproduction.* 2013 Jul 31;146(3):273-82.

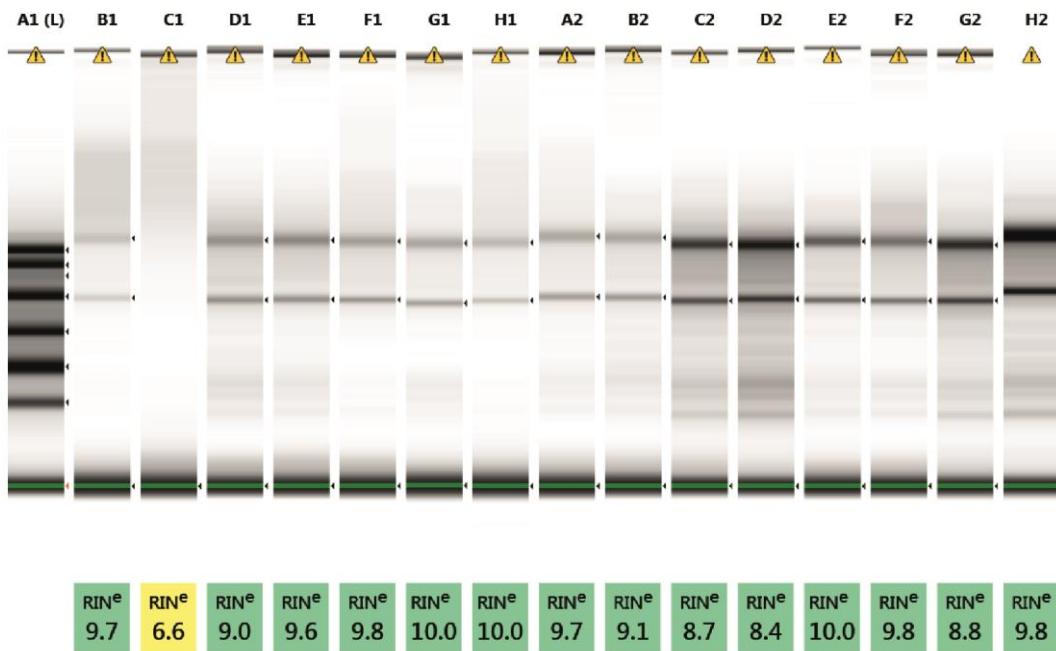
Anexo 2

Figura 1. Integridade de mRNA checada no sistema Agilent 4200 TapeStation (Agilent Technologies). Posição A1: Marcador de massa molecular de RNA. Posições B1 a H2: amostras de mRNA.

Anexo 3

Tabela 1. Ensaios de expressão gênica TaqMan dos genes de interesse em detalhes.

Função	Símbolo do gene	ID do gene	Nome do gene	ID do ensaio
Ligantes	<i>AMH</i>	268	anti-Mullerian hormone	Hs00174915_m1
	<i>BMP-6</i>	654	bone morphogenetic protein 6	Hs01099594_m1
	<i>GDF-9</i>	2661	growth differentiation factor 9	Hs03986126_s1
	<i>INHA</i>	3623	inhibin alpha subunit	Hs00171410_m1
	<i>INHBB</i>	3625	inhibin beta B subunit	Hs00173582_m1
Receptores	<i>TGFβ3</i>	7043	transforming growth factor beta 3	Hs01086000_m1
	<i>AMHR2</i>	269	anti-Mullerian hormone receptor type 2	Hs01086646_g1
	<i>BMPR2</i>	659	bone morphogenetic protein receptor type 2	Hs00176148_m1
Sinalizadores intracelulares	<i>TGFβR3</i>	7049	transforming growth factor beta receptor 3	Hs00234257_m1
	<i>SMAD3</i>	4088	SMAD family member 3	Hs00969210_m1
	<i>SMAD4</i>	4089	SMAD family member 4	Hs00929647_m1

Informações obtidas no Website Thermo Fisher Scientific (2).

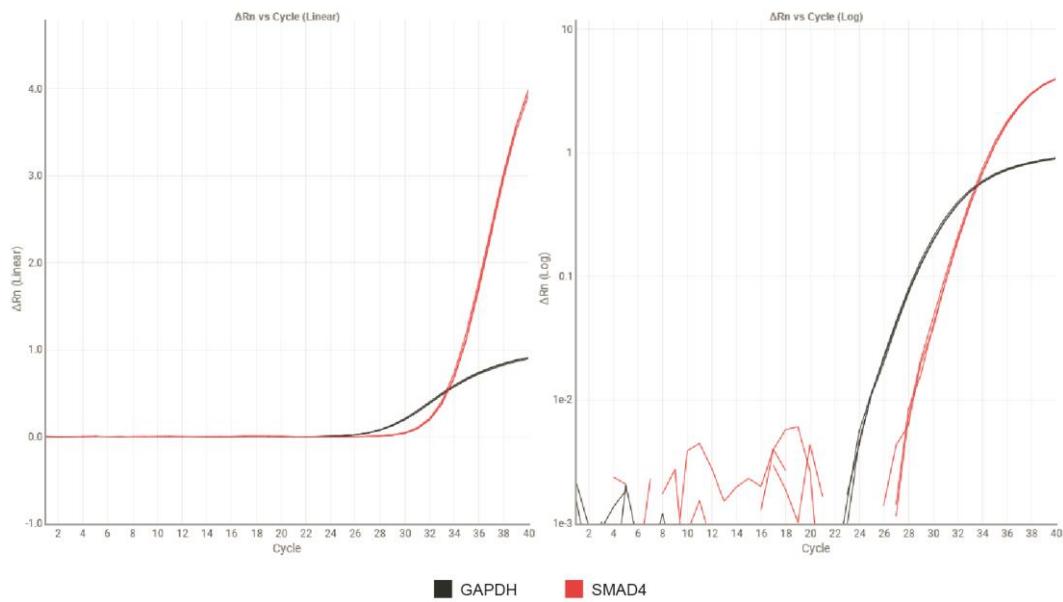
Anexo 4

Figura 2. Amplificação linear (a) e logarítmica (b) dos genes *GAPDH* (controle endógeno) e *SMAD4* (gene alvo) em triplicata.

Anexo 5

Tabela 2. Resultados de expressão gênica de membros da superfamília TGF-β comparando os grupos Controle e Endometriose.

Função	Gene	Grupo (n)	RQ	RQ mín	RQ máx	Valor P
Ligantes	<i>AMH</i>	Controle (16)	1	0,708	1,412	1,000
		Endometriose (10)	1,151	0,868	1,527	
	<i>BMP-6</i>	Controle (18)	1	0,766	1,306	0,013
		Endometriose (10)	0,431	0,355	0,524	
	<i>GDF-9</i>	Controle (14)	1	0,594	1,684	0,084
		Endometriose (9)	0,440	0,269	0,718	
	<i>INHA</i>	Controle (18)	1	0,830	1,205	0,494
		Endometriose (10)	0,677	0,492	0,932	
	<i>INHBB</i>	Controle (18)	1	0,720	1,388	0,096
		Endometriose (10)	0,408	0,284	0,587	
	<i>TGFβ3</i>	Controle (17)	1	0,739	1,354	0,320
		Endometriose (10)	0,603	0,427	0,851	
Receptores	<i>AMHR2</i>	Controle (15)	1	0,711	1,405	0,990
		Endometriose (10)	0,841	0,468	1,513	
	<i>BMPR2</i>	Controle (18)	1	0,848	1,179	0,802
		Endometriose (10)	0,815	0,655	1,014	
	<i>TGFβR3</i>	Controle (18)	1	0,801	1,248	1,000
		Endometriose (10)	0,831	0,575	1,201	
Sinalizadores intracelulares	<i>SMAD3</i>	Controle (18)	1	0,835	1,198	0,381
		Endometriose (10)	0,761	0,654	0,887	
	<i>SMAD4</i>	Controle (18)	1	0,864	1,157	0,044
		Endometriose (10)	0,624	0,529	0,735	

Resultados expressos em Quantificação Relativa (RQ - Relative Quantification) verificada pelo método $\Delta\Delta Ct$ no Relative Quantification App (Thermo Fisher Scientific). $P<0,05$ foi considerado estatisticamente significativo.

Anexo 6

Gene alvo: *AMH*

Dados de expressão gênica de *AMH* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>AMH</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	2	37,701	36,550	35,432	36,561	26,975	27,189	27,166	27,110
1	3	34,713	34,521	34,727	34,654	26,917	26,928	27,024	26,956
1	4	36,800	Indeterminado	Indeterminado	36,800	29,993	Omitido	Omitido	29,993
1	5	34,800	35,506	34,867	35,057	28,121	28,112	28,153	28,129
1	6	35,708	37,274	Indeterminado	36,491	27,382	27,490	Omitido	27,436
1	7	35,726	34,193	35,214	35,044	25,110	25,337	25,377	25,274
1	8	36,705	36,909	36,882	36,832	29,565	29,662	29,660	29,629
1	9	35,132	34,746	36,144	35,340	30,263	30,643	30,534	30,480
1	10	37,207	Indeterminado	Indeterminado	37,207	28,622	Omitido	Omitido	28,622
1	11	36,499	Indeterminado	Indeterminado	36,499	28,665	Omitido	Omitido	28,665
1	12	35,137	35,675	Indeterminado	35,406	25,994	26,539	Omitido	26,267
1	13	33,956	36,486	35,217	35,220	27,647	27,988	27,935	27,857
1	14	36,740	Indeterminado	Indeterminado	36,740	28,653	Omitido	Omitido	28,653
1	15	35,077	34,475	35,496	35,016	24,900	24,974	24,883	24,919
1	16	31,767	33,118	32,448	32,444	24,855	25,135	24,960	24,983
1	17	34,360	34,241	34,475	34,359	25,560	25,632	25,615	25,602
1	18	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
2	1	33,471	33,522	34,892	33,962	24,444	25,493	25,443	25,127
2	2	34,072	33,506	33,444	33,674	24,990	25,134	24,921	25,015
2	3	30,974	31,244	30,945	31,054	24,692	24,843	24,554	24,696
2	4	36,314	35,813	36,564	36,231	29,393	29,534	29,230	29,386
2	5	33,308	33,577	33,467	33,451	25,388	25,700	25,487	25,525
2	6	35,798	33,836	34,820	34,818	27,770	27,780	28,030	27,860
2	7	32,394	32,874	32,479	32,582	24,192	24,392	24,178	24,254
2	8	33,509	32,727	33,773	33,336	24,292	24,417	24,603	24,437
2	9	35,448	Indeterminado	Indeterminado	35,448	27,616	Omitido	Omitido	27,616
2	10	36,456	Indeterminado	Indeterminado	36,456	28,062	Omitido	Omitido	28,062

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *AMH* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *AMH* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>AMH</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>AMH</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	36,561	27,110	9,451		
	34,654	26,956	7,697		
	36,800	29,993	6,807		
	35,057	28,129	6,929		
	36,491	27,436	9,055		
	35,044	25,274	9,770		
	36,832	29,629	7,203		
	35,340	30,480	4,860		
	37,207	28,622	8,585		
	36,499	28,665	7,834		
	35,406	26,267	9,140		
	35,220	27,857	7,363		
	36,740	28,653	8,087		
	35,016	24,919	10,097		
Média	32,444	24,983	7,461		
	34,359	25,602	8,756		
Endometriose			8,07±1,34	0,00	1,00
	33,962	25,127	8,835		
	33,674	25,015	8,659		
	31,054	24,696	6,358		
	36,231	29,386	6,845		
	33,451	25,525	7,926		
	34,818	27,860	6,958		
	32,582	24,254	8,328		
	33,336	24,437	8,899		
	35,448	27,616	7,832		
	36,456	28,062	8,394		
	Média		7,90±0,90	-0,16	1,12

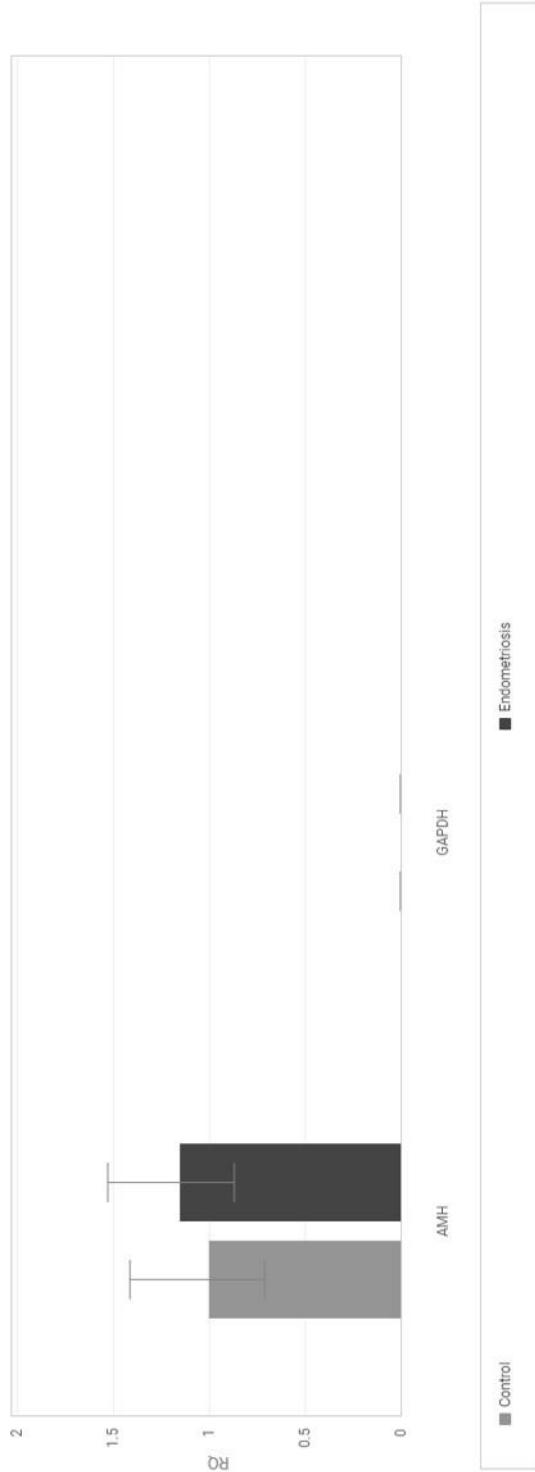
ΔCt = Ct médio *AMH* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct$ = média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *AMH* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔCt	$\Delta Ct + F\sigma$	$\Delta Ct - F\sigma$	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
AMH	Control	9.221	0.246	2.026	0.000	-0.498	0.498	1.000	0.708	1.412	1.000
AMH	Endometriosis	9.018	0.198	2.060	-0.203	-0.610	0.204	1.151	0.868	1.527	1.000
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 7

Gene alvo: *BMP-6*

Dados de expressão gênica de *BMP-6* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>BMP-6</i>			<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3
1	1	32,746	32,834	32,810	32,797	28,973	29,184	29,382
1	2	31,914	32,282	31,504	31,900	27,270	27,454	27,542
1	3	31,511	30,872	31,354	31,245	27,070	27,154	27,375
1	4	36,202	34,556	Indeterminado	35,379	30,003	29,926	Omitido
1	5	34,971	33,721	35,336	34,676	28,155	28,451	28,419
1	6	32,294	31,940	31,928	32,054	27,632	27,756	27,794
1	7	31,391	32,250	32,240	31,960	25,540	25,545	25,499
1	8	32,908	32,780	32,805	32,831	29,735	29,868	29,872
1	9	34,547	34,838	34,292	34,559	30,654	30,824	30,810
1	10	35,719	35,524	Indeterminado	35,621	28,707	28,406	Omitido
1	11	35,263	35,976	Indeterminado	35,620	28,643	29,032	Omitido
1	12	33,413	34,182	33,485	33,693	26,644	26,562	26,679
1	13	31,895	31,613	31,519	31,676	28,130	28,155	28,143
1	14	33,999	33,240	33,840	33,693	28,773	28,568	28,837
1	15	31,703	31,853	31,069	31,542	25,003	25,156	24,849
1	16	29,984	30,475	30,664	30,374	24,769	25,188	25,107
1	17	32,500	32,602	32,005	32,369	25,546	25,792	25,597
1	18	33,594	33,763	33,355	33,571	28,276	28,358	28,328
2	1	31,327	32,300	31,506	31,711	25,527	25,684	25,546
2	2	32,223	32,225	32,585	32,344	25,218	25,073	24,883
2	3	31,588	31,821	30,669	31,359	24,484	24,459	23,720
2	4	37,506	35,431	35,629	36,189	29,746	29,774	29,545
2	5	31,816	31,735	31,493	31,681	25,714	25,914	25,411
2	6	33,640	32,941	33,136	33,239	28,247	28,318	28,052
2	7	30,483	30,222	30,674	30,460	24,535	24,499	24,218
2	8	31,327	31,387	31,130	31,281	24,680	24,748	24,698
2	9	33,393	33,890	33,459	33,581	27,364	26,959	28,051
2	10	33,372	33,841	33,805	33,672	27,851	28,208	28,204

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: **BMP-6** (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *BMP-6* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>BMP-6</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>BMP-6</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	32,797 31,900 31,245 35,379 34,676 32,054 31,960 32,831 34,559 35,621 35,620 33,693 31,676 33,693 31,542 30,374 32,369 33,571	29,180 27,422 27,199 29,964 28,342 27,727 25,528 29,825 30,762 28,556 28,838 26,628 28,142 28,726 25,003 25,021 25,645 28,321	3,617 4,478 4,046 5,415 6,334 4,326 6,433 3,006 3,797 7,065 6,782 7,065 3,533 4,967 6,539 5,353 6,724 5,250		
Média			$5,26 \pm 1,35$	0,00	1,00
Endometriose	31,711 32,344 31,359 36,189 31,681 33,239 30,460 31,281 33,581 33,672	25,586 25,058 24,221 29,688 25,680 28,206 24,418 24,709 27,458 28,087	6,125 7,286 7,138 6,500 6,002 5,033 6,042 6,572 6,123 5,585		
Média			$6,24 \pm 0,67$	0,98	0,507

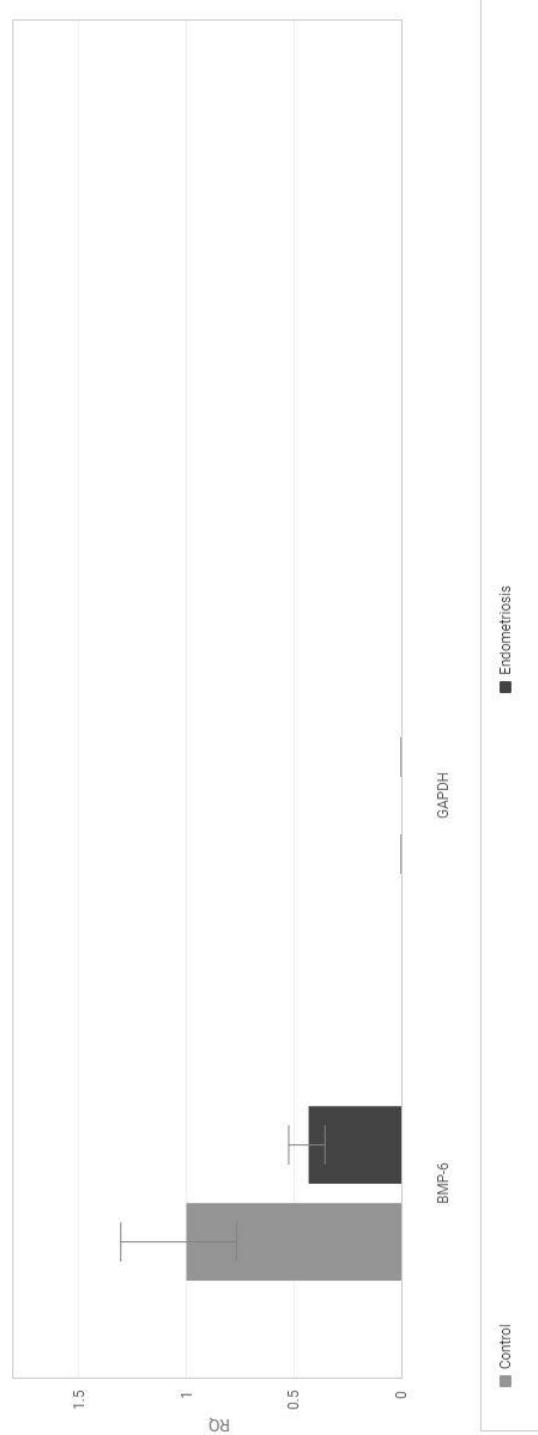
ΔCt = Ct médio *BMP-6* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct$ = média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: **BMP-6** (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	$\Delta\Delta Ct$	$\Delta\Delta Ct + F\sigma$	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value	
BMP-6	Control	6.646	0.191	2.012	0.000	-0.385	0.385	1.000	0.766	1.306	1.000
BMP-6	Endometriosis	7.859	0.138	2.037	1.213	0.933	1.494	0.431	0.355	0.524	0.013
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 8

Gene alvo: *GDF-9*

Dados de expressão gênica de *GDF-9* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>GDF-9</i>			<i>GAPDH</i>				
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	36,461	Indeterminado	Indeterminado	36,461	28,868	Omitido	Omitido	28,868
1	2	36,694	36,999	Indeterminado	36,847	27,637	27,521	Omitido	27,579
1	3	37,394	36,711	36,618	36,907	26,706	26,741	26,863	26,770
1	4	35,454	Indeterminado	Indeterminado	35,454	30,014	Omitido	Omitido	30,014
1	5	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	6	36,365	36,758	Indeterminado	36,561	27,274	27,464	Omitido	27,369
1	7	34,832	Indeterminado	Indeterminado	34,832	25,175	Omitido	Omitido	25,175
1	8	36,654	Indeterminado	Indeterminado	36,654	29,473	Omitido	Omitido	29,473
1	9	36,153	37,153	35,966	36,424	30,404	30,427	30,268	30,367
1	10	35,402	Indeterminado	Indeterminado	35,402	29,202	Omitido	Omitido	29,202
1	11	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	12	35,414	35,107	34,875	35,132	26,249	26,297	26,340	26,295
1	13	35,327	36,703	Indeterminado	36,015	27,640	27,749	Omitido	27,694
1	14	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	15	34,273	36,330	34,453	35,019	24,651	24,784	24,625	24,687
1	16	35,701	36,857	Indeterminado	36,279	24,709	24,921	Omitido	24,815
1	17	36,594	37,568	36,657	36,940	25,319	25,276	25,212	25,269
1	18	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
2	1	36,504	36,331	Indeterminado	36,417	25,063	25,203	Omitido	25,133
2	2	35,514	35,763	34,760	35,346	24,960	24,791	24,757	24,836
2	3	37,004	35,329	35,952	36,095	25,257	25,373	25,017	25,216
2	4	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
2	5	36,443	37,544	Indeterminado	36,993	25,362	25,222	Omitido	25,292
2	6	37,035	36,258	34,931	36,075	27,883	27,803	27,618	27,768
2	7	36,853	35,088	34,234	35,392	23,957	23,996	23,808	23,920
2	8	35,255	Indeterminado	Indeterminado	35,255	24,642	Omitido	Omitido	24,642
2	9	36,789	Indeterminado	Indeterminado	36,789	27,572	Omitido	Omitido	27,572
2	10	36,231	35,595	Indeterminado	35,913	28,085	28,021	Omitido	28,053

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *GDF-9* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *GDF-9* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>GDF-9</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>GDF-9</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	36,461	28,868	7,593		
	36,847	27,579	9,267		
	36,907	26,770	10,137		
	35,454	30,014	5,440		
	36,561	27,369	9,193		
	34,832	25,175	9,657		
	36,654	29,473	7,181		
	36,424	30,367	6,058		
	35,402	29,202	6,200		
	35,132	26,295	8,836		
	36,015	27,694	8,321		
	35,019	24,687	10,332		
	36,279	24,815	11,464		
	36,940	25,269	11,671		
Média			8,67±1,96	0,00	1,00
Endometriose	36,417	25,133	11,284		
	35,346	24,836	10,510		
	36,095	25,216	10,880		
	36,993	25,292	11,701		
	36,075	27,768	8,307		
	35,392	23,920	11,471		
	35,255	24,642	10,613		
	36,789	27,572	9,217		
	35,913	28,053	7,860		
	Média		10,20±1,40	1,53	0,356

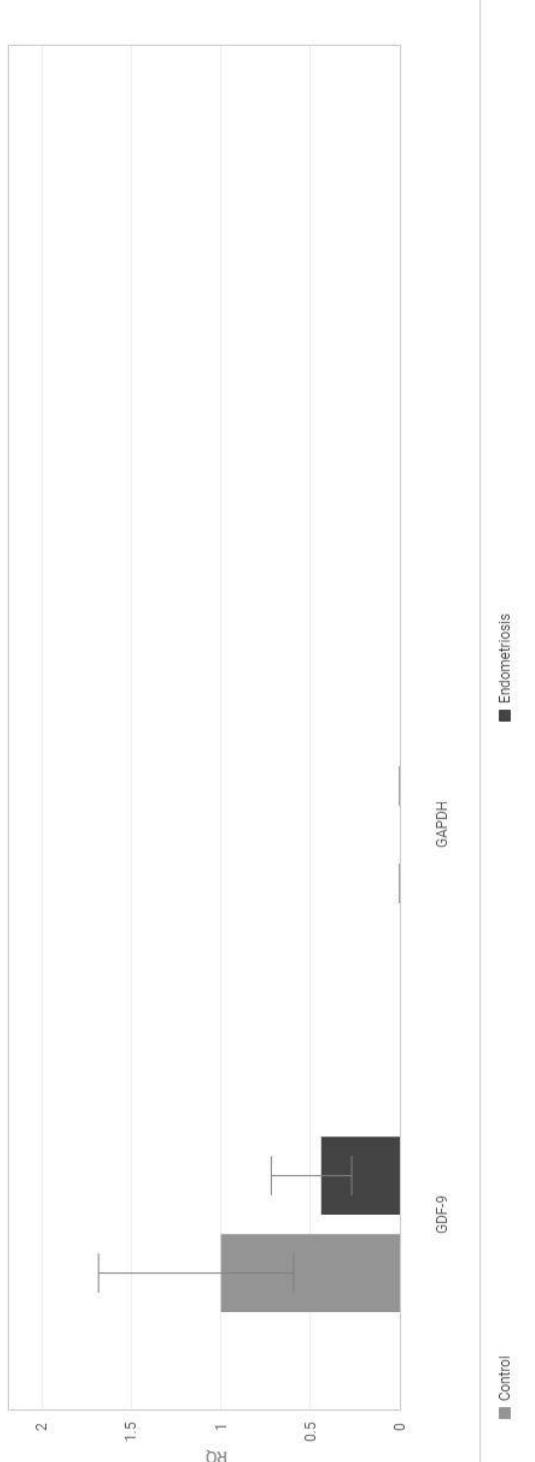
$\Delta Ct = Ct$ médio *GDF-9* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct =$ média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *GDF-9* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCT Mean	ΔCT SE	F-Factor	ΔCT	$\Delta CT + F\sigma$	$\Delta CT - F\sigma$	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
<i>GDF-9</i>	Control	10.227	0.366	2.052	0.000	-0.752	0.752	1.000	0.594	1.684	1.000
<i>GDF-9</i>	Endometriosis	11.413	0.339	2.093	1.186	0.477	1.895	0.440	0.269	0.718	0.084
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 9

Gene alvo: *INHA*

Dados de expressão gênica de *INHA* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>INHA</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	30,954	31,006	31,103	31,021	28,906	28,980	29,141	29,009
1	2	28,367	28,080	28,312	28,253	27,423	27,195	27,515	27,378
1	3	29,147	29,167	29,073	29,129	26,769	26,854	26,894	26,839
1	4	33,303	33,240	33,461	33,335	30,074	30,022	30,118	30,071
1	5	31,100	31,151	30,851	31,034	28,176	28,360	28,091	28,209
1	6	28,132	28,183	28,192	28,169	27,410	27,488	27,456	27,452
1	7	27,774	27,771	27,918	27,821	25,180	25,129	25,295	25,202
1	8	30,076	30,235	30,335	30,215	29,224	29,179	29,507	29,303
1	9	30,670	30,345	30,574	30,530	30,412	30,314	30,392	30,373
1	10	31,720	31,573	31,654	31,649	29,300	29,178	29,172	29,217
1	11	32,320	32,216	32,060	32,199	29,394	29,356	29,418	29,389
1	12	29,655	29,619	29,615	29,630	26,494	26,451	26,598	26,514
1	13	29,521	29,488	29,356	29,455	27,761	27,748	27,624	27,711
1	14	29,364	29,483	29,442	29,430	28,249	28,135	28,278	28,221
1	15	27,801	27,757	27,709	27,756	24,660	24,746	24,613	24,673
1	16	28,670	28,976	28,630	28,758	25,305	25,637	25,327	25,423
1	17	28,478	28,419	28,482	28,460	25,294	25,386	25,449	25,376
1	18	30,816	30,778	30,770	30,788	28,653	28,764	28,613	28,677
2	1	28,452	28,497	28,456	28,468	25,230	25,299	25,293	25,274
2	2	28,080	28,092	28,089	28,087	24,933	25,005	24,774	24,904
2	3	27,995	28,051	27,988	28,012	25,262	25,435	25,095	25,264
2	4	30,624	30,425	30,546	30,532	29,665	29,502	29,507	29,558
2	5	28,347	28,241	28,130	28,239	25,555	25,579	25,246	25,460
2	6	29,127	29,037	29,076	29,080	27,858	27,831	27,820	27,836
2	7	28,708	28,795	28,611	28,705	23,942	24,084	23,804	23,943
2	8	28,458	28,421	28,437	28,439	24,730	24,823	24,687	24,747
2	9	31,195	31,213	31,242	31,217	27,595	27,639	27,707	27,647
2	10	29,273	29,311	29,338	29,307	28,122	28,172	28,117	28,137

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *INHA* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *INHA* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>INHA</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>INHA</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	31,021 28,253 29,129 33,335 31,034 28,169 27,821 30,215 30,530 31,649 32,199 29,630 29,455 29,430 27,756 28,758 28,460 30,788	29,009 27,378 26,839 30,071 28,209 27,452 25,202 29,303 30,373 29,217 29,389 26,514 27,711 28,221 24,673 25,423 25,376 28,677	2,012 0,875 2,290 3,264 2,825 0,717 2,620 0,912 0,157 2,432 2,810 3,116 1,744 1,209 3,083 3,336 3,083 2,111		
Média			$2,14 \pm 0,99$	0,00	1,00
Endometrios	28,468 28,087 28,012 30,532 28,239 29,080 28,705 28,439 31,217 29,307	25,274 24,904 25,264 29,558 25,460 27,836 23,943 24,747 27,647 28,137	3,194 3,183 2,748 0,974 2,779 1,244 4,761 3,692 3,570 1,170		
Média			$2,73 \pm 1,24$	0,59	0,664

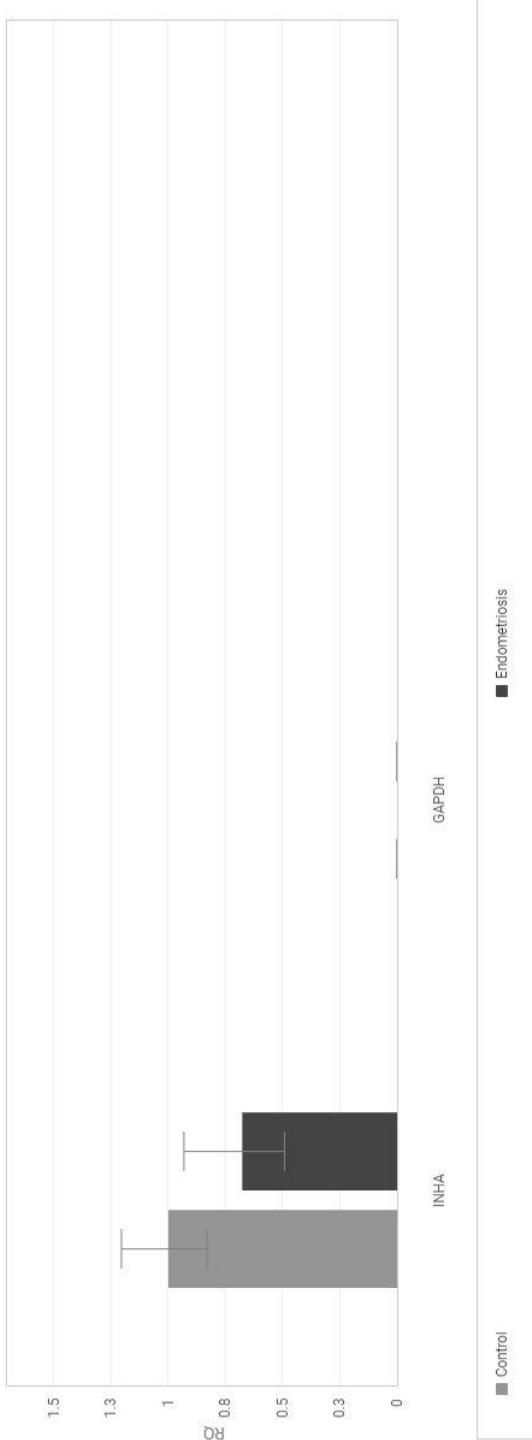
$\Delta Ct = Ct$ médio *INHA* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct =$ média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *INHA* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target ▼	Biological Group ▲	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔΔCt	ΔΔCt + Fσ	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value	
INHA	Control	0.236	0.134	2.006	0.000	-0.269	0.269	1.000	0.830	1.205	1.000
INHA	Endometriosis	0.799	0.225	2.045	0.563	0.102	1.024	0.677	0.492	0.932	0.494
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 10

Gene alvo: *INHBB*

Dados de expressão gênica de *INHBB* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>INHBB</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	32,163	32,040	32,257	32,153	29,309	29,141	29,340	29,263
1	2	28,160	28,391	28,424	28,325	27,195	27,471	27,521	27,395
1	3	31,376	31,458	31,623	31,486	27,341	27,358	27,510	27,403
1	4	35,418	35,073	35,103	35,198	29,920	30,086	30,003	30,003
1	5	31,088	31,071	31,221	31,127	28,100	28,387	28,381	28,289
1	6	28,559	28,635	28,446	28,547	27,282	27,497	27,351	27,377
1	7	30,708	31,048	30,870	30,875	25,445	25,747	25,618	25,603
1	8	31,532	31,417	31,517	31,489	30,037	29,966	30,039	30,014
1	9	30,422	30,832	30,849	30,701	30,604	30,839	30,831	30,758
1	10	33,681	33,563	34,071	33,772	29,045	28,958	29,119	29,041
1	11	33,170	33,687	33,364	33,407	29,199	29,183	29,274	29,218
1	12	30,324	30,300	30,534	30,386	26,744	26,751	26,926	26,807
1	13	29,185	29,412	29,474	29,357	28,061	28,243	28,286	28,197
1	14	32,118	32,314	32,091	32,174	28,834	28,808	28,889	28,844
1	15	29,923	30,059	30,290	30,091	24,913	25,153	25,278	25,115
1	16	28,829	29,045	29,090	28,988	25,107	25,213	25,292	25,204
1	17	32,073	32,365	32,225	32,221	25,666	26,009	25,997	25,891
1	18	32,221	32,145	32,472	32,279	28,210	28,431	28,653	28,431
2	1	30,960	30,935	31,155	31,017	25,690	25,801	25,604	25,698
2	2	32,307	32,327	32,614	32,416	25,333	25,497	25,309	25,380
2	3	30,626	30,438	30,676	30,580	24,736	24,868	24,804	24,803
2	4	32,426	32,936	33,131	32,831	29,662	29,960	29,555	29,726
2	5	29,948	30,047	30,210	30,068	25,655	25,956	25,739	25,783
2	6	30,380	30,994	30,911	30,762	27,871	28,440	28,249	28,187
2	7	29,369	29,456	29,615	29,480	24,354	24,588	24,437	24,460
2	8	30,881	30,883	30,867	30,877	24,780	24,917	24,855	24,851
2	9	32,202	32,214	32,268	32,228	27,713	27,778	27,942	27,811
2	10	30,969	31,114	30,875	30,986	28,221	28,500	28,220	28,314

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *INHBB* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *INHBB* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>INHBB</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>INHBB</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	32,153	29,263	2,890		
	28,325	27,395	0,930		
	31,486	27,403	4,083		
	35,198	30,003	5,195		
	31,127	28,289	2,837		
	28,547	27,377	1,170		
	30,875	25,603	5,272		
	31,489	30,014	1,474		
	30,701	30,758	-0,057		
	33,772	29,041	4,731		
	33,407	29,218	4,188		
	30,386	26,807	3,579		
	29,357	28,197	1,161		
	32,174	28,844	3,331		
	30,091	25,115	4,976		
Média	28,988	25,204	3,784		
	32,221	25,891	6,330		
	32,279	28,431	3,848		
			$3,31 \pm 1,77$	0,00	1,00
Endometriose	31,017	25,698	5,319		
	32,416	25,380	7,036		
	30,580	24,803	5,777		
	32,831	29,726	3,105		
	30,068	25,783	4,285		
	30,762	28,187	2,575		
	29,480	24,460	5,020		
	30,877	24,851	6,026		
	32,228	27,811	4,417		
	30,986	28,314	2,673		
Média			$4,62 \pm 1,50$	1,31	0,403

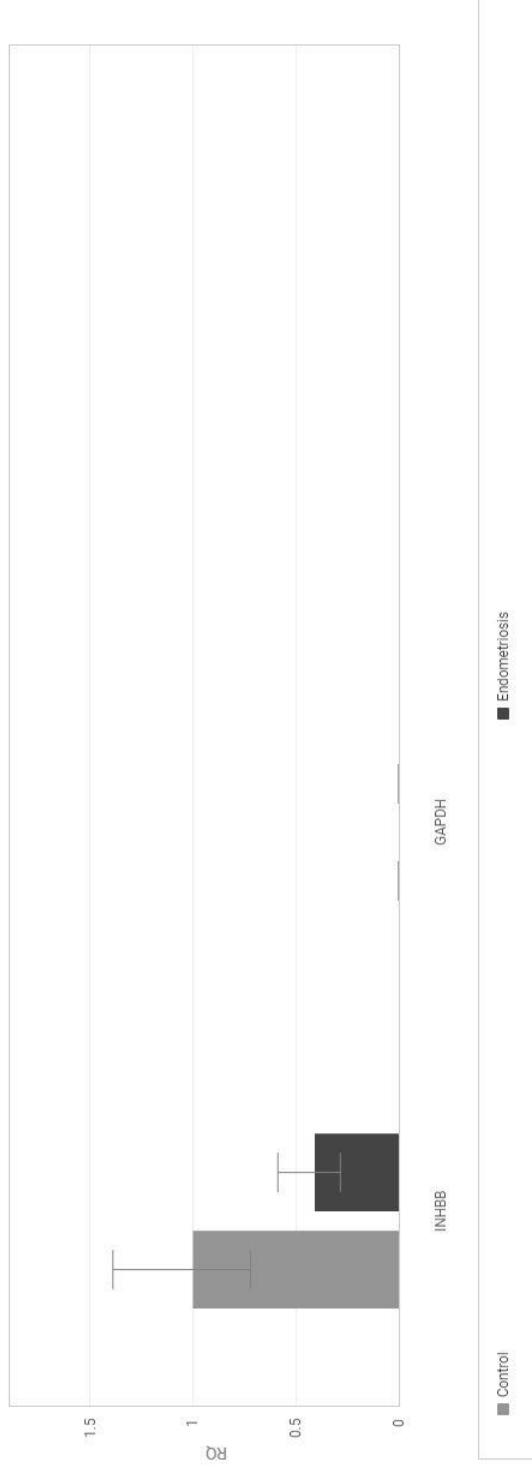
$\Delta Ct = Ct$ médio *INHBB* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct =$ média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *INHBB* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target ▾	Biological Group ▲	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔΔCt	ΔΔCt - Fσ	ΔΔCt + Fσ	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
INHA	Control	0.236	0.134	2.006	0.000	-0.269	0.269	1.000	0.830	1.205	1.000
INHA	Endometriosis	0.799	0.225	2.045	0.563	0.102	1.024	0.677	0.492	0.932	0.494
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 11

Gene alvo: *TGFβ3*

Dados de expressão gênica de *TGFβ3* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>TGFβ3</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	36,438	36,716	37,267	36,807	28,616	28,809	28,812	28,746
1	2	33,830	33,920	33,305	33,685	26,843	27,133	27,002	26,992
1	3	35,337	36,130	34,376	35,281	26,467	26,583	26,693	26,581
1	4	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	5	36,351	36,704	Indeterminado	36,528	27,898	27,945	Omitido	27,921
1	6	33,735	34,672	34,000	34,136	27,384	27,514	27,454	27,451
1	7	33,964	35,507	36,771	35,414	25,021	25,151	25,164	25,112
1	8	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	9	36,770	34,892	Indeterminado	35,831	30,362	30,449	Omitido	30,405
1	10	36,586	36,606	35,867	36,353	29,112	28,959	29,355	29,142
1	11	36,384	35,539	Indeterminado	35,961	29,152	28,976	Omitido	29,064
1	12	35,449	35,393	35,528	35,456	26,187	26,295	26,460	26,314
1	13	34,815	35,689	34,723	35,076	27,345	27,549	27,522	27,472
1	14	34,434	35,480	Indeterminado	34,957	28,149	28,359	Omitido	28,254
1	15	34,585	33,952	32,909	33,815	24,427	24,326	24,441	24,398
1	16	32,781	34,830	32,897	33,502	24,924	25,561	24,811	25,099
1	17	35,177	34,299	34,265	34,580	25,090	25,174	25,246	25,170
1	18	34,995	Indeterminado	Indeterminado	34,995	28,070	Omitido	Omitido	28,070
2	1	34,193	33,885	33,219	33,766	24,995	25,160	25,126	25,094
2	2	34,632	34,857	32,887	34,125	24,990	24,790	24,673	24,818
2	3	35,484	35,852	34,161	35,165	25,044	25,345	25,020	25,136
2	4	36,230	Indeterminado	Indeterminado	36,230	29,585	Omitido	Omitido	29,585
2	5	33,191	33,311	32,999	33,167	25,237	25,232	24,883	25,117
2	6	36,771	34,702	36,284	35,919	27,857	27,671	27,673	27,734
2	7	33,695	35,378	33,337	34,136	23,826	23,917	23,484	23,742
2	8	32,588	35,218	32,874	33,560	24,094	24,531	24,492	24,372
2	9	35,786	36,213	Indeterminado	35,999	27,507	27,553	Omitido	27,530
2	10	35,871	34,811	33,735	34,805	28,024	27,419	27,479	27,641

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *TGFβ3* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *TGFβ3* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>TGFβ3</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>TGFβ3</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	36,807	28,746	8,061		
	33,685	26,992	6,693		
	35,281	26,581	8,700		
	36,528	27,921	8,606		
	34,136	27,451	6,685		
	35,414	25,112	10,302		
	35,831	30,405	5,426		
	36,353	29,142	7,211		
	35,961	29,064	6,897		
	35,456	26,314	9,142		
	35,076	27,472	7,604		
	34,957	28,254	6,703		
	33,815	24,398	9,417		
	33,502	25,099	8,404		
	34,580	25,170	9,410		
	34,995	28,070	6,924		
Média			7,88±1,32	0,00	1,00
Endometriose	33,766	25,094	8,672		
	34,125	24,818	9,308		
	35,165	25,136	10,029		
	36,230	29,585	6,645		
	33,167	25,117	8,049		
	35,919	27,734	8,185		
	34,136	23,742	10,394		
	33,560	24,372	9,188		
	35,999	27,530	8,469		
	34,805	27,641	7,165		
Média			8,61±1,18	0,72	0,607

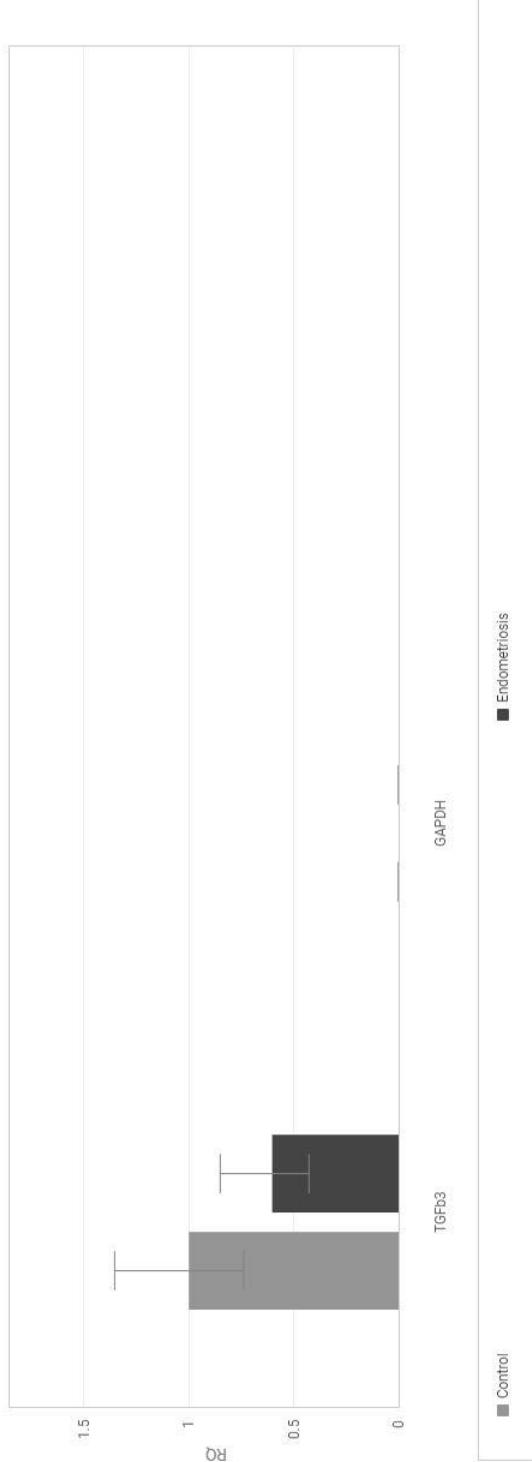
ΔCt = Ct médio *TGFβ3* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct$ = média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *TGFβ3* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target ▾	Biological Group ▾	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔΔCt	ΔΔCt + Fσ	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
TGFB3	Control	9.308	0.216	2.020	0.000	-0.437	0.437	1.000	0.739	1.354
TGFB3	Endometriosis	10.038	0.242	2.056	0.730	0.234	1.227	0.603	0.427	0.851
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 12

Gene alvo: *AMHR2*

Dados de expressão gênica de *AMHR2* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>AMHR2</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	2	36,161	34,686	35,844	35,563	27,539	27,640	27,652	27,610
1	3	33,100	32,982	36,168	34,083	26,839	26,824	26,917	26,860
1	4	35,085	36,160	Indeterminado	35,623	29,961	30,021	Omitido	29,991
1	5	35,692	36,362	34,498	35,517	28,205	28,271	28,087	28,188
1	6	34,215	35,652	Indeterminado	34,934	27,457	27,453	Omitido	27,455
1	7	36,052	34,641	34,238	34,977	25,137	25,215	25,228	25,193
1	8	35,856	34,956	35,652	35,488	29,519	29,128	29,402	29,350
1	9	35,035	35,109	35,567	35,237	30,424	25,332	25,439	27,065
1	10	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
1	11	37,012	Indeterminado	Indeterminado	37,012	29,301	Omitido	Omitido	29,301
1	12	34,549	34,938	Indeterminado	34,744	26,464	26,664	Omitido	26,564
1	13	36,610	35,761	34,924	35,765	27,726	27,830	27,703	27,753
1	14	35,904	34,275	36,058	35,413	28,314	28,378	28,327	28,340
1	15	33,580	33,758	35,318	34,219	24,682	24,807	24,651	24,713
1	16	33,398	32,937	33,166	33,167	25,290	25,353	25,408	25,350
1	17	35,091	Indeterminado	Indeterminado	35,091	25,352	Omitido	Omitido	25,352
1	18	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Indeterminado	Omitido	Omitido	Omitido	Omitido
2	1	34,951	36,132	Indeterminado	35,542	25,288	25,224	Omitido	25,256
2	2	34,911	33,666	34,522	34,366	24,930	24,887	24,788	24,868
2	3	32,585	32,260	32,217	32,354	25,266	25,414	25,144	25,274
2	4	35,484	33,606	34,388	34,493	29,600	29,663	29,583	29,615
2	5	33,887	33,243	33,333	33,488	25,418	25,506	25,251	25,392
2	6	34,717	34,232	Indeterminado	34,474	27,880	27,923	Omitido	27,901
2	7	34,391	34,283	32,627	33,767	24,044	24,051	23,890	23,995
2	8	35,581	36,769	Indet,	36,175	24,749	24,513	Omitido	24,631
2	9	34,451	34,524	33,547	34,174	27,674	27,627	27,638	27,646
2	10	35,162	Indeterminado	Indeterminado	35,162	27,995	Omitido	Omitido	27,995

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *AMHR2* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *AMHR2* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>AMHR2</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>AMHR2</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	35,563	27,610	7,953		
	34,083	26,860	7,223		
	35,623	29,991	5,632		
	35,517	28,188	7,330		
	34,934	27,455	7,479		
	34,977	25,193	9,784		
	35,488	29,350	6,138		
	35,237	27,065	8,172		
	37,012	29,301	7,711		
	34,744	26,564	8,180		
	35,765	27,753	8,012		
	35,413	28,340	7,073		
	34,219	24,713	9,506		
	33,167	25,350	7,817		
Média	35,091	25,352	9,740		
			7,85±1,18	0,00	1,00
Endometriose	35,542	25,256	10,286		
	34,366	24,868	9,498		
	32,354	25,274	7,080		
	34,493	29,615	4,878		
	33,488	25,392	8,096		
	34,474	27,901	6,573		
	33,767	23,995	9,772		
	36,175	24,631	11,544		
	34,174	27,646	6,528		
	35,162	27,995	7,167		
	Média		8,14±2,07	0,29	0,818

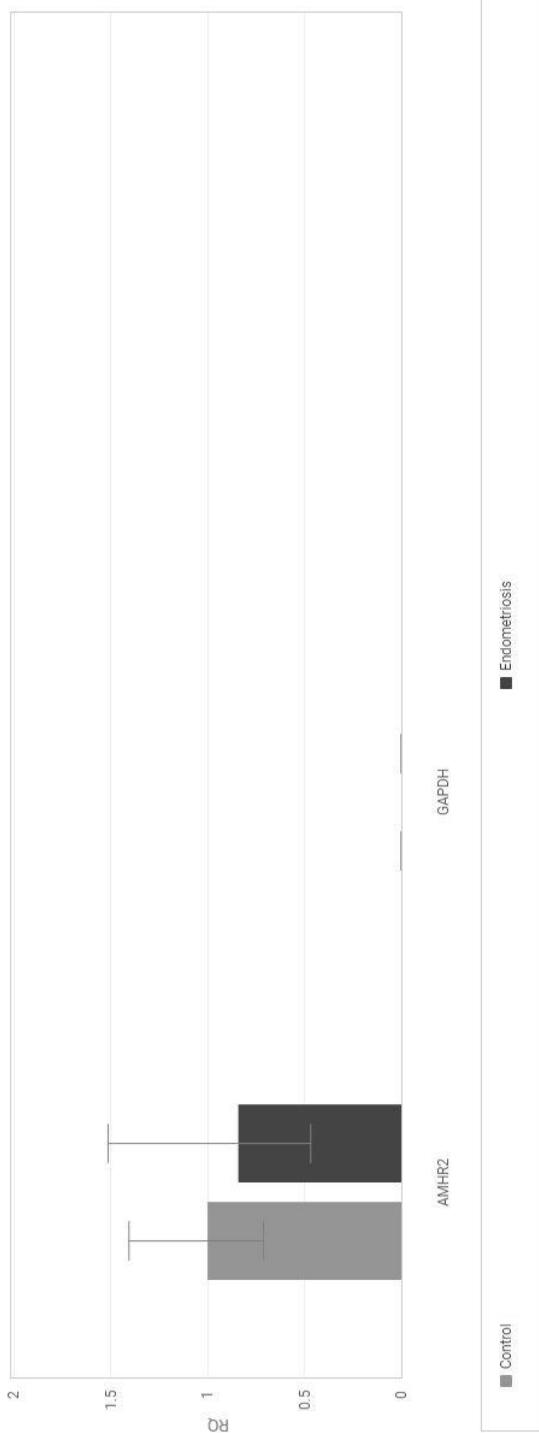
$\Delta Ct = Ct$ médio *AMHR2* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct =$ média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *AMHR2* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔCt	$\Delta Ct + F\sigma$	$\Delta Ct - F\sigma$	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
AMHR2	Control	9.174	0.242	2.026	0.000	-0.491	0.491	1.000	0.711	1.405	1.000
AMHR2	Endometriosis	9.423	0.410	2.064	0.250	-0.598	1.097	0.841	0.468	1.513	0.990
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 13

Gene alvo: *BMPR2*

Dados de expressão gênica de *BMPR2* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>BMPR2</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	33,629	32,461	33,468	33,186	28,691	27,441	28,745	28,292
1	2	30,704	30,546	30,583	30,611	27,393	27,126	27,353	27,291
1	3	31,180	31,030	31,182	31,131	26,828	26,758	26,899	26,828
1	4	34,346	34,354	34,149	34,283	29,925	29,982	29,921	29,943
1	5	33,562	33,129	33,343	33,345	28,142	28,086	28,119	28,116
1	6	30,860	31,477	30,965	31,100	27,432	28,115	27,537	27,695
1	7	30,423	30,398	30,409	30,410	25,125	25,111	25,096	25,111
1	8	32,801	32,876	32,733	32,803	29,269	29,432	29,212	29,304
1	9	33,437	33,588	33,653	33,559	30,277	30,349	30,358	30,328
1	10	35,261	34,475	34,970	34,902	29,014	29,113	29,260	29,129
1	11	34,095	34,926	33,815	34,279	28,562	29,353	28,572	28,829
1	12	30,981	31,136	31,037	31,051	26,416	26,399	26,451	26,422
1	13	31,446	31,218	31,547	31,404	27,608	27,534	27,691	27,611
1	14	31,574	31,346	31,533	31,485	28,212	28,070	28,211	28,164
1	15	30,185	30,296	30,144	30,209	24,563	24,631	24,544	24,580
1	16	30,345	30,235	30,342	30,308	25,165	25,246	25,322	25,244
1	17	30,072	30,157	29,988	30,072	25,162	25,264	25,189	25,205
1	18	34,013	34,140	33,994	34,049	28,575	28,613	28,518	28,569
2	1	30,351	30,402	29,943	30,232	25,233	25,227	24,893	25,118
2	2	30,148	30,208	30,077	30,144	24,960	24,883	24,716	24,853
2	3	30,016	30,052	30,051	30,040	25,281	25,348	25,081	25,237
2	4	33,632	33,582	33,407	33,540	29,745	29,441	29,302	29,496
2	5	30,325	30,411	30,195	30,310	25,389	25,482	25,170	25,347
2	6	31,063	31,066	31,018	31,049	27,838	27,944	27,755	27,845
2	7	30,133	29,996	29,961	30,030	23,965	23,983	23,736	23,895
2	8	30,229	30,080	30,158	30,156	24,678	24,560	24,608	24,615
2	9	32,410	32,854	32,985	32,750	27,254	27,581	27,724	27,520
2	10	31,967	31,990	31,935	31,964	27,977	28,177	27,974	28,043

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: **BMPR2** (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *BMPR2* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>BMPR2</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>BMPR2</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	33,186	28,292	4,894		
	30,611	27,291	3,320		
	31,131	26,828	4,302		
	34,283	29,943	4,340		
	33,345	28,116	5,229		
	31,100	27,695	3,406		
	30,410	25,111	5,299		
	32,803	29,304	3,499		
	33,559	30,328	3,231		
	34,902	29,129	5,773		
	34,279	28,829	5,450		
	31,051	26,422	4,629		
	31,404	27,611	3,793		
	31,485	28,164	3,320		
	30,209	24,580	5,629		
Endometriose	30,308	25,244	5,063		
	30,072	25,205	4,867		
	34,049	28,569	5,480		
	Média		4,53±0,90	0,00	1,00
	30,232	25,118	5,114		
	30,144	24,853	5,291		
	30,040	25,237	4,803		
	33,540	29,496	4,045		
	30,310	25,347	4,963		
	31,049	27,845	3,203		
Média	30,030	23,895	6,135		
	30,156	24,615	5,540		
	32,750	27,520	5,229		
	31,964	28,043	3,922		
	Média		4,82±0,87	0,29	0,818

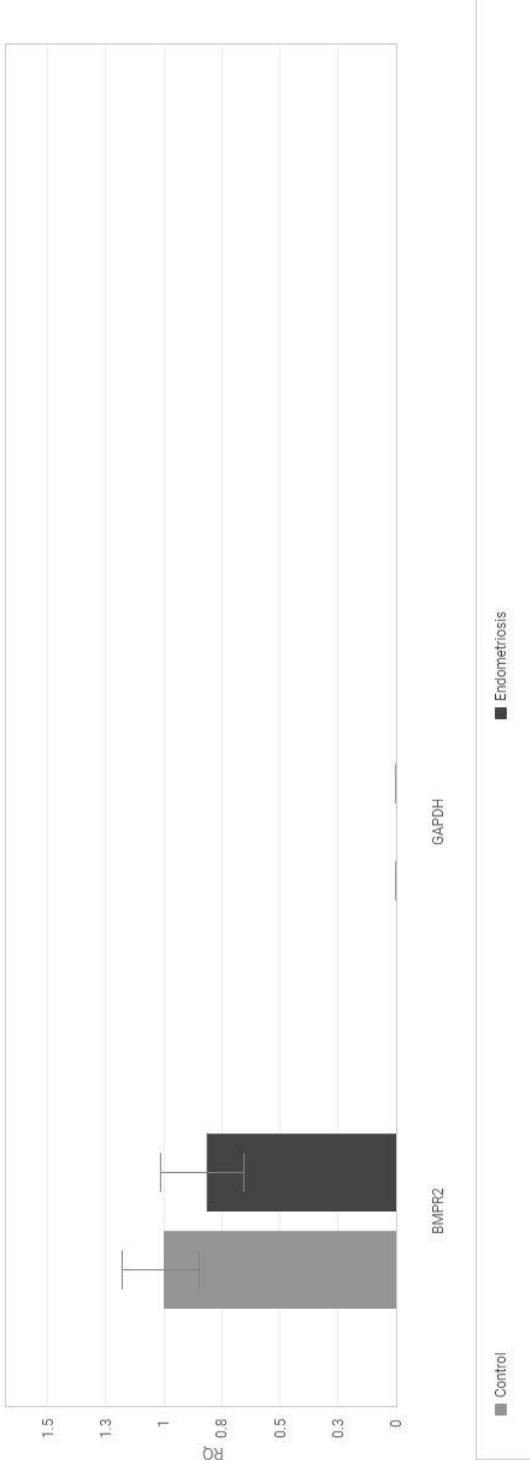
$\Delta Ct = Ct$ médio *BMPR2* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct =$ média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *BMPR2* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔCt	$\Delta Ct + F\sigma$	$\Delta Ct - F\sigma$	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
BMPR2	Control	3.417	0.118	2.006	0.000	-0.238	0.238	1.000	0.848	1.179	1.000
BMPR2	Endometriosis	3.712	0.154	2.045	0.295	-0.020	0.610	0.815	0.655	1.014	0.802
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 14

Gene alvo: *TGFβR3*

Dados de expressão gênica de *TGFβR3* e *GAPDH* para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>TGFβR3</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	32,265	32,484	32,717	32,489	28,917	29,106	29,283	29,102
1	2	28,772	28,966	28,953	28,897	27,080	27,383	27,382	27,281
1	3	29,477	29,600	29,574	29,550	27,308	27,294	27,350	27,317
1	4	32,484	32,893	32,769	32,715	29,972	30,157	29,985	30,038
1	5	30,358	30,627	30,181	30,389	28,212	28,614	27,843	28,223
1	6	28,801	29,026	28,991	28,939	27,408	27,642	27,681	27,577
1	7	28,649	28,941	28,748	28,780	25,354	25,584	25,458	25,465
1	8	31,112	31,042	30,873	31,009	29,769	29,822	29,931	29,841
1	9	31,974	32,120	32,028	32,041	30,754	30,843	30,744	30,780
1	10	31,342	31,439	31,973	31,584	28,264	28,285	28,882	28,477
1	11	32,572	32,515	32,881	32,656	28,644	28,760	28,863	28,756
1	12	30,243	29,817	30,119	30,060	26,538	26,190	26,499	26,409
1	13	30,125	30,339	30,264	30,243	28,043	28,184	28,166	28,131
1	14	28,949	29,124	29,036	29,037	28,487	28,679	28,685	28,617
1	15	28,949	29,194	29,181	29,108	24,920	25,119	25,154	25,064
1	16	29,152	29,204	29,430	29,262	24,910	25,069	25,240	25,073
1	17	29,342	29,359	29,658	29,453	25,691	25,726	25,925	25,781
1	18	32,335	32,571	32,722	32,543	28,154	28,264	28,396	28,271
2	1	28,181	28,518	28,328	28,342	25,359	25,738	25,126	25,408
2	2	27,288	27,427	27,465	27,393	25,059	25,298	25,286	25,215
2	3	27,915	28,452	28,385	28,251	23,780	24,560	24,451	24,264
2	4	31,474	31,975	31,868	31,772	29,255	29,847	29,697	29,600
2	5	29,275	29,548	29,495	29,439	25,599	25,883	25,670	25,718
2	6	28,977	29,218	29,099	29,098	28,060	28,349	28,203	28,204
2	7	29,270	29,706	29,577	29,518	24,187	24,597	24,356	24,380
2	8	29,216	29,464	29,255	29,312	24,499	24,753	24,712	24,655
2	9	31,296	31,289	31,231	31,272	27,723	27,659	27,937	27,773
2	10	28,735	28,737	28,755	28,742	27,796	28,039	28,046	27,961

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: *TGFβR3* (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para *TGFβR3* - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>TGFβR3</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>TGFβR3</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	32,489	29,102	3,387		
	28,897	27,281	1,616		
	29,550	27,317	2,233		
	32,715	30,038	2,677		
	30,389	28,223	2,166		
	28,939	27,577	1,362		
	28,780	25,465	3,314		
	31,009	29,841	1,168		
	32,041	30,780	1,261		
	31,584	28,477	3,107		
	32,656	28,756	3,901		
	30,060	26,409	3,650		
	30,243	28,131	2,111		
	29,037	28,617	0,420		
	29,108	25,064	4,044		
	29,262	25,073	4,189		
	29,453	25,781	3,673		
	32,543	28,271	4,271		
Média			2,70±1,19	0,00	1,00
Endometriose	28,342	25,408	2,934		
	27,393	25,215	2,179		
	28,251	24,264	3,987		
	31,772	29,600	2,172		
	29,439	25,718	3,722		
	29,098	28,204	0,894		
	29,518	24,380	5,138		
	29,312	24,655	4,657		
	31,272	27,773	3,499		
	28,742	27,961	0,782		
Média			3,00±1,48	0,30	0,812

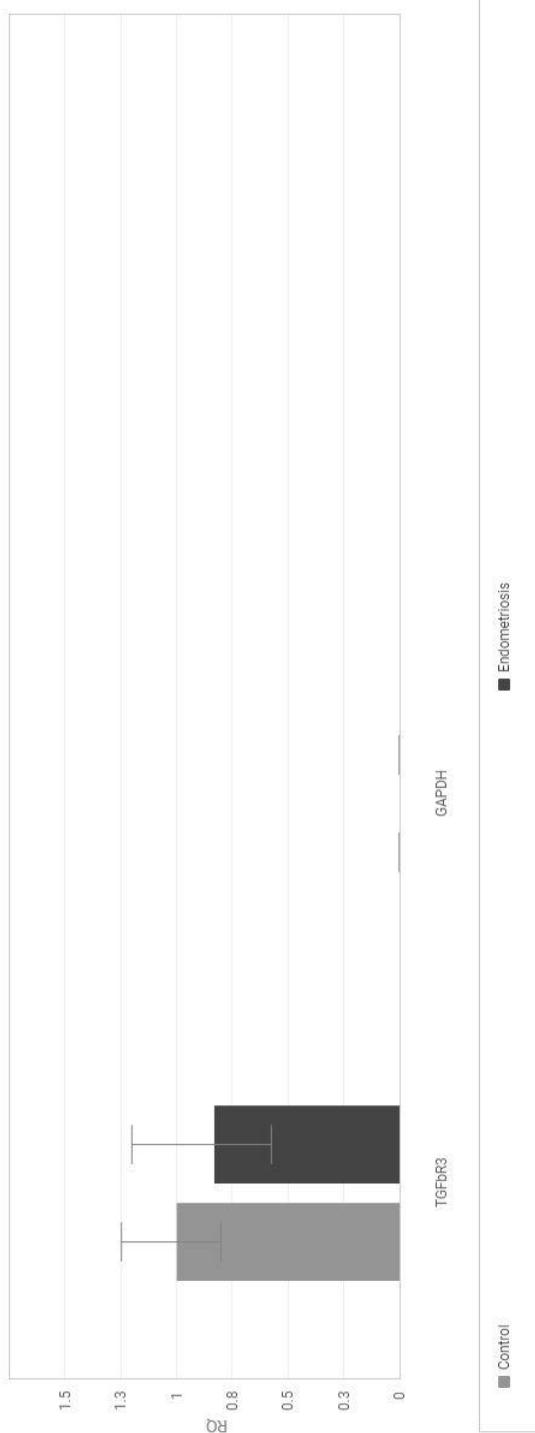
ΔCt = Ct médio *TGFβR3* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct$ = média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: *TGF β R3* (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target ▾	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔCt	ΔΔCt + Fσ	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
TGFB3	Control	1.638	0.159	2.006	0.000	-0.320	0.320	1.000	0.801	1.248
TGFB3	Endometriosis	1.905	0.260	2.045	0.267	-0.264	0.798	0.831	0.575	1.201
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 15

Gene alvo: ***SMAD3***

Dados de expressão gênica de ***SMAD3*** e ***GAPDH*** para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>SMAD3</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	35,239	35,567	35,021	35,276	29,144	29,399	29,474	29,339
1	2	31,247	31,766	31,768	31,594	27,187	27,650	27,644	27,493
1	3	32,230	32,622	32,583	32,478	27,316	27,392	27,424	27,377
1	4	34,981	35,939	35,381	35,433	30,132	29,953	30,055	30,046
1	5	34,274	34,582	34,452	34,436	28,472	28,561	28,639	28,557
1	6	32,439	32,327	32,329	32,365	27,772	27,953	27,741	27,822
1	7	30,639	30,535	30,629	30,601	25,845	25,723	25,792	25,786
1	8	32,531	32,676	32,634	32,614	30,058	30,079	29,988	30,041
1	9	33,774	34,175	34,424	34,124	30,701	30,910	30,921	30,844
1	10	34,733	35,014	35,136	34,961	28,527	28,491	28,695	28,571
1	11	33,867	33,926	33,803	33,866	28,537	28,844	28,624	28,669
1	12	32,060	31,713	31,759	31,844	26,702	26,812	26,662	26,725
1	13	33,078	33,179	33,282	33,179	28,148	28,352	28,391	28,297
1	14	33,893	34,347	34,593	34,278	28,704	28,942	28,987	28,878
1	15	29,700	29,938	29,839	29,826	25,100	25,351	25,315	25,256
1	16	30,566	30,984	30,767	30,772	24,926	25,392	25,153	25,157
1	17	30,757	30,894	30,988	30,880	25,630	25,842	25,974	25,815
1	18	34,474	34,548	34,194	34,405	28,174	28,476	28,435	28,362
2	1	31,236	30,987	31,207	31,143	25,965	25,863	25,685	25,838
2	2	30,642	30,813	30,807	30,754	25,371	25,393	25,348	25,371
2	3	29,684	29,911	29,741	29,779	24,404	24,687	24,420	24,504
2	4	34,855	34,903	35,656	35,138	29,815	29,959	29,871	29,882
2	5	30,500	30,781	30,565	30,615	25,865	26,094	25,643	25,867
2	6	33,208	33,214	32,956	33,126	28,242	28,378	28,268	28,296
2	7	30,444	30,644	30,583	30,557	24,507	24,675	24,444	24,542
2	8	30,671	31,039	30,841	30,850	24,718	24,961	24,920	24,866
2	9	34,300	34,578	34,536	34,471	27,922	28,080	28,121	28,041
2	10	32,318	32,624	32,511	32,484	27,633	28,013	27,857	27,834

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: ***SMAD3*** (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para ***SMAD3*** - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>SMAD3</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>SMAD3</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	35.276	29.339	5.936		
	31.594	27.493	4.100		
	32.478	27.377	5.101		
	35.433	30.046	5.387		
	34.436	28.557	5.879		
	32.365	27.822	4.543		
	30.601	25.786	4.815		
	32.614	30.041	2.573		
	34.124	30.844	3.281		
	34.961	28.571	6.390		
	33.866	28.669	5.197		
	31.844	26.725	5.119		
	33.179	28.297	4.882		
	34.278	28.878	5.400		
	29.826	25.256	4.570		
Média			4,99±0,95	0,00	1,00
Endometriose	31.143	25.838	5.305		
	30.754	25.371	5.384		
	29.779	24.504	5.275		
	35.138	29.882	5.257		
	30.615	25.867	4.748		
	33.126	28.296	4.830		
	30.557	24.542	6.015		
	30.850	24.866	5.984		
	34.471	28.041	6.430		
	32.484	27.834	4.650		
Média			5,39±0,59	0,40	0,758

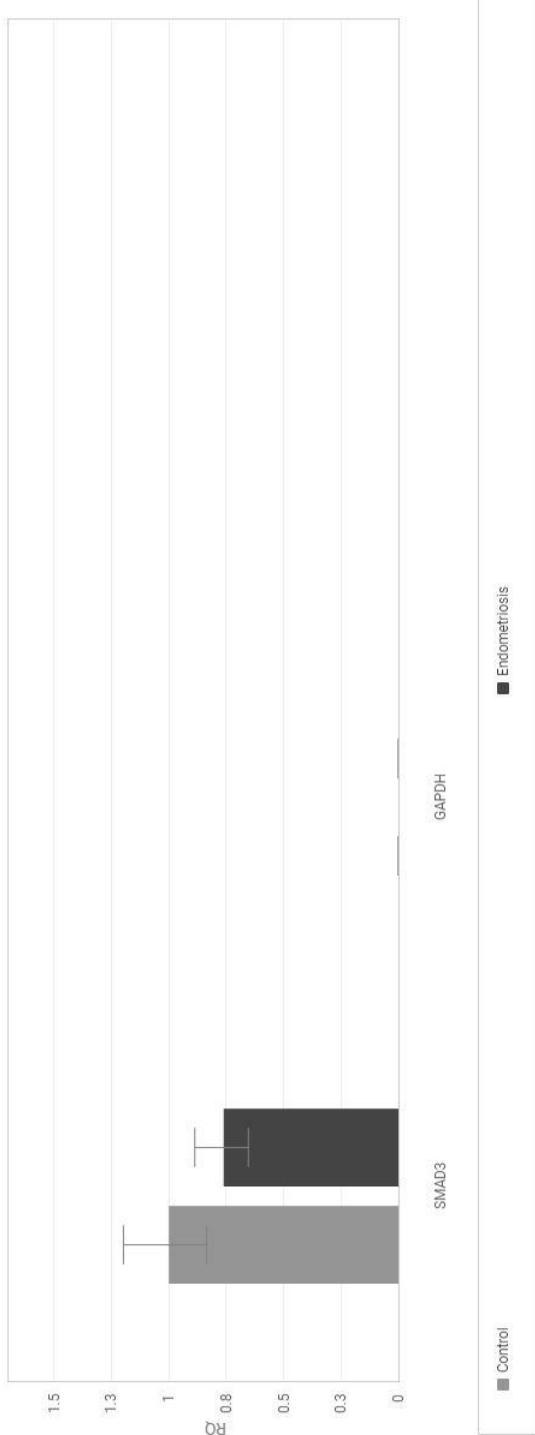
$\Delta Ct = Ct$ médio *SMAD3* - Ct médio *GAPDH* (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct =$ média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: ***SMAD3*** (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔΔCt	ΔΔCt - Fσ	ΔΔCt + Fσ	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
SMAD3	Control	4.994	0.130	2.006	0.000	-0.260	0.260	1.000	0.835	1.198	1.000
SMAD3	Endometriosis	5.388	0.108	2.045	0.394	0.174	0.614	0.761	0.654	0.887	0.381
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Anexo 16

Gene alvo: ***SMAD4***

Dados de expressão gênica de ***SMAD4*** e ***GAPDH*** para os grupos em estudo.

Grupo	n	<i>SMAD4</i>				<i>GAPDH</i>			
		Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio	Ct1	Ct2	Ct3	Ct médio
1	1	33,843	34,600	34,871	34,438	28,864	29,300	29,407	29,190
1	2	30,782	30,847	31,056	30,895	27,282	27,431	27,425	27,379
1	3	31,529	31,834	31,758	31,707	27,234	27,424	27,528	27,395
1	4	34,693	34,510	34,838	34,680	29,955	29,990	30,246	30,064
1	5	33,528	33,629	33,910	33,689	28,601	28,616	28,680	28,632
1	6	31,393	31,708	31,672	31,591	27,394	27,870	27,731	27,665
1	7	31,157	31,436	31,327	31,307	25,726	25,771	25,732	25,743
1	8	33,533	33,693	33,872	33,699	29,930	29,984	30,038	29,984
1	9	33,759	34,041	34,126	33,975	30,732	31,041	30,903	30,892
1	10	34,461	34,291	34,688	34,480	29,020	29,021	28,967	29,003
1	11	33,301	33,745	33,575	33,540	28,614	29,317	28,634	28,855
1	12	31,359	31,603	31,653	31,538	26,429	26,713	26,596	26,579
1	13	32,430	32,576	32,553	32,520	28,178	28,342	28,287	28,269
1	14	33,784	33,726	33,800	33,770	28,774	28,866	28,839	28,827
1	15	30,613	30,946	30,874	30,811	24,979	25,334	25,196	25,170
1	16	30,431	30,530	30,660	30,540	24,905	25,170	25,292	25,122
1	17	31,226	31,488	31,600	31,438	25,527	25,927	26,028	25,827
1	18	33,166	33,396	33,409	33,324	27,871	28,383	28,255	28,170
2	1	31,493	31,593	31,578	31,555	25,716	25,789	25,673	25,726
2	2	30,897	31,085	30,978	30,987	25,363	25,506	25,309	25,393
2	3	30,064	30,389	30,029	30,161	24,397	24,731	24,122	24,417
2	4	34,753	35,021	35,060	34,945	29,699	29,868	29,816	29,794
2	5	30,781	30,961	31,011	30,918	25,782	25,955	25,813	25,850
2	6	32,492	32,598	32,358	32,483	28,085	28,201	28,043	28,110
2	7	30,781	30,902	30,740	30,807	24,452	24,552	24,413	24,472
2	8	30,869	31,222	31,053	31,048	24,716	24,955	24,786	24,819
2	9	33,181	32,922	33,152	33,085	27,777	27,869	27,937	27,861
2	10	32,375	32,940	33,063	32,793	27,887	28,316	28,422	28,208

Grupo 1 = Controle, Grupo 2 = Endometriose

Gene alvo: ***SMAD4*** (continuação)

Cálculos de expressão gênica relativa para ***SMAD4*** - método $\Delta\Delta Ct$.

Grupo	<i>SMAD4</i>	<i>GAPDH</i>	ΔCt	$\Delta\Delta Ct$	Quantidade normalizada de <i>SMAD4</i> em relação ao Controle $2^{-\Delta\Delta Ct}$
Controle	34.438	29.190	5.248		
	30.895	27.379	3.516		
	31.707	27.395	4.312		
	34.680	30.064	4.617		
	33.689	28.632	5.057		
	31.591	27.665	3.926		
	31.307	25.743	5.564		
	33.699	29.984	3.715		
	33.975	30.892	3.084		
	34.480	29.003	5.478		
	33.540	28.855	4.685		
	31.538	26.579	4.959		
	32.520	28.269	4.251		
	33.770	28.827	4.944		
	30.811	25.170	5.642		
Média	30.540	25.122	5.418		
	31.438	25.827	5.611		
Endometriose	33.324	28.170	5.154		
	31.555	25.726	5.829	4,73±0,78	0,00
	30.987	25.393	5.594		
	30.161	24.417	5.744		
	34.945	29.794	5.150		
	30.918	25.850	5.068		
	32.483	28.110	4.373		
	30.807	24.472	6.335		
	31.048	24.819	6.229		
	33.085	27.861	5.224		
	32.793	28.208	4.585		
	Média			5,41±0,65	0,68
					0,624

ΔCt = Ct médio ***SMAD4*** - Ct médio ***GAPDH*** (média ± desvio-padrão)

$\Delta\Delta Ct$ = média ΔCt - média ΔCt Controle

Gene alvo: ***SMAD4*** (continuação)

Relative Quantification App - Thermo Fisher

Target	Biological Group	ΔCt Mean	ΔCt SE	F-Factor	ΔΔCt	ΔΔCt - Fσ	ΔΔCt + Fσ	RQ	RQ Min	RQ Max	Corrected P-Value
SMAD4	Control	4.732	0.105	2.006	0.000	-0.210	0.210	1.000	0.864	1.157	1.000
SMAD4	Endometriosis	5.413	0.116	2.045	0.681	0.444	0.918	0.624	0.529	0.735	0.044
GAPDH	Endometriosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GAPDH	Control	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

