

Plan Overview

A Data Management Plan created using DMPTool

DMP ID: <https://doi.org/10.48321/D1FM06>

Title: Metagenômica viral de mosquitos capturados no estado de São Paulo

Creator: Vanessa Morais - **ORCID:** [0000-0002-3813-3154](https://orcid.org/0000-0002-3813-3154)

Affiliation: Universidade de São Paulo (www5.usp.br)

Principal Investigator: Ester Cerdeira Sabino

Data Manager: Vanessa dos Santos Morais, Antônio Charlys da Costa

Project Administrator: Vanessa dos Santos Morais, Antônio Charlys da Costa

Contributor: Renata Buccheri de Oliveira, Lidia Maria Reis Santana, João Felipe Bezerra, Themis Rocha de Souza, Roberta Marcatti, Roozbeh Tahmasebi, Flavia Emmanuelle Cruz

Funder: São Paulo Research Foundation (fapesp.br)

Funding opportunity number: 2019/21706-5

Template: Digital Curation Centre (português)

Project abstract:

Os vírus de presentes nos insetos hematófagos podem ser divididos em dois grandes grupos: (1) vírus de insetos que infectam os vertebrados (arbovírus; arthropod-borne virus) e (2) vírus de insetos que não os infectam (vírus específicos de insetos). As condições climáticas (clima úmido e quente) e a alta diversidade de espécies de insetos hematófagos no Brasil propiciam condições mais favoráveis a emergência e dispersão dos vírus. Também pode ocorrer a introdução de novos vírus no país, principalmente relacionado a rotas de comércio, turismo ou imigração e, conseqüentemente, os vetores tornassem aptos para a transmissão de novos patógenos virais, como foi o caso da introdução e dispersão do Zika vírus (ZIKV) recentemente nas Américas. A proposta desse estudo é determinar o conjunto de vírus (viroma) de mosquitos capturados nos estado de São Paulo. Para tanto, nós iremos comparar a diversidade do viroma entre duas localidades que possuem populações de mosquitos teoricamente isoladas geograficamente. O sequenciamento genômica utilizado será o Next-generation Sequencing (NGS) com a plataforma Illumina. Posteriormente, os contigs gerados serão reunidos com o Sequencher software e avaliados quanto à similaridade genética com outros vírus existentes através do BLASTx. Análises filogenéticas serão realizadas, com os novos vírus identificados, a fim de avaliá-los quanto

às suas características evolutivas. Portanto, incentivar o desenvolvimento de pesquisa para compreender os mecanismos evolutivos, emergência e dispersão de vírus presentes em mosquitos é fundamental para prevenir e controlar o aparecimento ou reaparecimento de cepas virais com capacidade de provocar grandes surtos.

Start date: 12-01-2019

End date: 11-30-2024

Last modified: 01-18-2024

Copyright information:

The above plan creator(s) have agreed that others may use as much of the text of this plan as they would like in their own plans, and customize it as necessary. You do not need to credit the creator(s) as the source of the language used, but using any of the plan's text does not imply that the creator(s) endorse, or have any relationship to, your project or proposal

Metagenômica viral de mosquitos capturados no estado de São Paulo

Serão coletadas 713 amostras de soros de indivíduos com doença febril aguda, suspeitos de infecções por arbovírus. Essas amostras serão submetidas à técnica de RT-qPCR para identificar os principais arbovírus circulantes no Brasil, como o vírus dengue (DENV), o vírus Chikungunya (CHIKV) e o vírus Zika (ZIKV). Além disso, serão realizados testes para identificar os gêneros Flavivírus, Alphavírus e Enterovírus, bem como, teste de qPCR para a espécie Erythroparvovirus de Primata 1. As amostras que apresentarem resultado positivo serão selecionadas para o sequenciamento completo do genoma, a fim de realizar uma análise da diversidade viral.

Os dados sociodemográficos (idade, sexo, raça/cor e gestação) dos indivíduos serão obtidos por meio de consultas ao Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) e ao Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL). As amostras serão coletadas após a leitura e assinatura do termo de consentimento livre e esclarecido pelos doadores.

Os protocolos experimentais e os dados obtidos em cada etapa dos experimentos ou das análises de sequenciamento genético. Estarão ainda acompanhados de análise estatística adequada. As plataformas públicas empregadas no estudo de sequenciamento genético serão sempre disponibilizadas.

Todos os estudos realizados serão previamente avaliados pelos comitês de Ética envolvidos. Os projetos com seus respectivos números de processo poderão ser consultados nos comitês das Instituições envolvidos (Comitê da Faculdade de Medicina da USP), e dessa forma, todos os projetos a serem realizados poderão ser consultados nas páginas da Universidade de São Paulo. Os projetos envolvendo amostras humanas poderão ser consultados pela Plataforma Brasil.

Os participantes do projeto serão co-autores dos trabalhos enviados para divulgação nacional e internacional. Os participantes também terão acesso aos dados gerados por meio de arquivos do Google Drive e Drop-box e participarão das análises e elaboração de dados que posteriormente serão divulgados em relatórios científicos e publicação em periódicos científicos.

Os pesquisadores responsáveis, técnicos e estudantes farão compartilhamentos periódicos dos dados gerados em nuvens (Drop-box e Google Drive).

O acesso aos dados da nuvem será realizado através de permissão e senhas estabelecidas.

Todos os dados são de longo prazo e devem ser mantidos pelos responsáveis dos projetos e no laboratório onde foi realizada a pesquisa. Além disso, serão compartilhados com o pesquisador responsável pelo projeto.

Cadernos de laboratórios em posse do coordenador do laboratório;

Plataformas digitais;

Nos relatórios científicos enviados as agências de fomento e estudos publicados em periódicos.

Nas plataformas digitais relacionadas a produção de estudantes de pós-graduação (portal de teses da USP) e nas publicações geradas de acesso público.

Nenhuma

A responsável pelo projeto, Profa. Dra. Ester Cerdeira Sabino

Financiamento de pesquisa junto à FAPESP.
