

## Plan Overview

---

*A Data Management Plan created using DMP Tool*

**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:** 07-08-2024

**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**

## **Coleta de Dados**

---

### **Que dados serão coletados ou criados?**

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.

### **Como os dados serão coletados ou criados?**

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.

## **Documentação e Metadados**

---

### **Que documentação e metadados acompanharão os dados?**

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.

## **Ética e Conformidade Legal**

---

### **Como você administrará qualquer questão ética?**

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.

### **Como você vai gerenciar os direitos autorais e os direitos de propriedade intelectual (IP / IPR)?**

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.

## **Armazenamento e Backup**

---

### **Como os dados serão armazenados e terão backup durante a pesquisa?**

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

### **Como você vai gerenciar o acesso e a segurança?**

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

## **Seleção e Preservação**

---

### **Quais dados são de valor a longo prazo e devem ser mantidos, compartilhados e / ou preservados?**

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.

### **Qual é o plano de preservação a longo prazo do conjunto de dados?**

Cadernos de laboratórios em posse do coordenador do laboratório;

Plataformas digitais;

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

## **Compartilhamento de Dados**

---

### **Como você vai compartilhar os dados?**

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

### **Existem restrições ao compartilhamento de dados requeridos?**

Nenhuma

## **Responsabilidades e Recursos**

---

**Quem será responsável pelo gerenciamento de dados?**

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

**Quais recursos você precisará para entregar seu plano?**

Financiamento de pesquisa junto à FAPESP.

---