
Plan Overview

A Data Management Plan created using DMPTool

Title: Caracterização da interação entre EFL-1 e dcr-1 no controle do envelhecimento em resposta à restrição calórica em *C. elegans*

Creator: Guilherme Tonon-da-Silva

Affiliation: State University of Campinas (unicamp.br)

Funder: São Paulo Research Foundation (fapesp.br)

Template: UNICAMP-GENERIC: Aplicável a todas as áreas

Start date: 03-01-2020

End date: 02-29-2024

Last modified: 12-12-2020

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

Caracterização da interação entre EFL-1 e dcr-1 no controle do envelhecimento em resposta à restrição calórica em *C. elegans*

Descrição dos Dados e Metadados

Quais serão os dados coletados?

Geraremos no projeto dados de diversos tipos a partir de populações de *C. elegans* de diferentes linhagens (carregando diferentes mutações ou transgenes) e submetidas a diferentes tratamentos:

(1) Dados de experimentos de tempo de vida (eventos de morte/dia) serão registrados em planilhas físicas e posteriormente convertidos em formato .PZF. (2) Dados de expressão gênica. (3) dados de quantificação de DNA e (6) Dados de ChIP-qPCR serão gerados pelo CFX384 Touch™ Real-Time PCR Detection System (Ct, cycle threshold) e exportados em planilhas de formato .XLS. (4) Imagens de fluorescência e DIC serão geradas em microscópio de fluorescência Observer.Z1 (Axiocam 506 mono) em formato .CZI e exportadas tanto nesse formato (que mantém os metadados descritos no próprio arquivo) quanto em .TIFF. (5) Dados de ChIP-seq, gerados por sequenciamento de última geração (Illumina NGS Systems), e (7) dados de proteômica, gerados por espectrômetro de massas, serão exportados dos equipamentos em formato .FASTA. (8) Dados de taxa de consumo de oxigênio (pmolO₂/min/indivíduo) serão gerados usando o equipamento Seahorse XFe24 Analyzer e exportados em formato .XLS.

Que metadados serão anotados e qual padrão será seguido?

Os dados obtidos serão acompanhados pelos relatórios gerados nos equipamentos de análise, com as condições de preparo, operação e tratamento das amostras. Os metadados comuns aos dados de todos os experimentos serão: (i) título dos dados, (ii) data de aquisição dos dados, (iii) formato dos dados, (iv) ORCID do(s) pesquisador(es) responsável(is) pela obtenção e gerenciamento dos dados, (v) descrição das condições de obtenção dos dados, (vi) descrição das variáveis experimentais (linhagem, tratamento etc.), entre outros. Os dados de cada tipo serão acompanhado também de metadados específicos como, por exemplo, sequência dos primers utilizados e volume total de reação, nos (2) dados de expressão gênica; e intensidade da luz, tempo de exposição e ganho de câmera, nas (4) imagens de fluorescência e DIC.

Os metadados serão disponibilizados, quando possível, na própria planilha ou arquivo onde os dados estarão. Quando isso não for possível, os metadados serão informados em documento de texto (.TXT ou .DOC) na mesma pasta onde os respectivos dados estarão. No caso dos dados de (5) ChIP-seq e (7) proteômica, os metadados associados ficarão disponíveis nas bases de dados onde eles serão depositados (ver seção "Gestão de Dados e Armazenamento").

Aspectos Legais e Facilidade de Acesso aos Dados

Quais são as questões legais e éticas associadas aos dados e relevantes a este projeto?

Os dados referem-se a linhagens do nematoide *C. elegans*, não requerendo cuidado especial.

Quais são as políticas a serem utilizadas para o compartilhamento de dados?

Os dados serão protegidos até a publicação do trabalho em periódico indexado, situação após a qual eles serão irrestritamente compartilhados. Os dados brutos que não constarem no(s) artigo(s) nem nos bancos de dados utilizados serão disponibilizados à comunidade acadêmica mediante requisição por e-mail ao autor correspondente.

Gestão de Dados e Armazenamento

Em que formatos serão armazenados os arquivos resultantes da pesquisa em questão? Que software poderá ser utilizado para a manipulação de cada um dos formatos listados?

Todos os dados serão armazenados juntamente com seus metadados correspondentes no mesmo arquivo ou, caso isso não seja possível, em documento de texto no formato .TXT ou .DOC localizado na mesma pasta dos dados. Os dados brutos de (1) tempo de vida serão armazenados em formato .PZF (podendo ser lido por meio do GraphPad Prism), juntamente com seus originais em papel físico. Os dados de (2) expressão gênica, de (3) quantificação de DNA por qPCR, de (6) ChIP-qPCR e de (8) taxa de consumo de oxigênio serão armazenados em formato .XLS, podendo ser abertos com Microsoft Excel ou similares. As (4) imagens originais de fluorescência e de DIC serão armazenadas em formato .czi e/ou .tiff, podendo ser analisadas através do software Zen (Zeiss) ou do ImageJ. Os dados de (5) ChIP-seq (sequenciamento de DNA) e de (7) proteômica serão armazenados em formato .FASTA, podendo ser lidos e analisados com o uso de linguagens de programação (como R ou Python) e ferramentas de processamento de texto.

Como e onde estes arquivos serão mantidos? Por quanto tempo ocorrerá esta preservação? Como será realizado o backup destes dados?

Os dados serão armazenados em pasta com identificação do projeto, e subpastas com identificação da análise realizada. Todos os dados brutos [incluindo planilhas de análise em equipamentos como Seahorse XFe24 Analyzer e CFX384 Touch™ Real-Time PCR Detection System (.XLS), imagens (.CZI e .TIFF) e dados de sequenciamento (.FASTA)] serão armazenados juntamente com descrição de metodologia, condições experimentais e todos os outros detalhes necessários à rastreabilidade e interpretação dos resultados.

Além de serem mantidos no computador pessoal do aluno, cópias de todos os dados e metadados serão mantidos também em duas nuvens — Google Drive (fornecida pela UNICAMP; 10 TB) e Dropbox — com acesso compartilhado com o orientador. Além dessas cópias, os dados de sequenciamento de DNA e proteômica serão também depositados, respectivamente, nos repositórios públicos Gene Expression Omnibus (GEO) e PRIDE, após publicação do(s) artigo(s) científico(s).

Os dados brutos serão mantidos por no mínimo 10 anos, tempo pelo qual eles ficarão disponíveis irrestritamente. Além das cópias nas duas nuvens supracitadas, será feito backup semestral dos dados em HD externo.