

Plan Overview

A Data Management Plan created using DMPTool-Stage

Title: Projeto JP2 - Análise dos mecanismos moleculares envolvidos na interação de metabólitos da microbiota e células do hospedeiro durante a inflamação.

Creator: Marco Vinolo

Affiliation: State University of Campinas (unicamp.br)

Principal Investigator: Marco Vinolo

Data Manager: Marco Vinolo

Funding opportunity number: 42428

Grant: 2018/15313-8

Template: UNICAMP-GENERICICO: Aplicável a todas as áreas

Project abstract:

Como a microbiota intestinal se comunica com as células do hospedeiro e contribui para manutenção da homeostase é uma questão científica muito relevante. Os produtos do metabolismo bacteriano, os ácidos graxos de cadeia curta (AGCCs), são gerados durante a fermentação de carboidratos não digeríveis no intestino e constituem um elo importante da comunicação microbiota-hospedeiro. Trabalhos anteriores demonstraram que esses metabólitos regulam o metabolismo e imunidade do hospedeiro. No entanto, os mecanismos moleculares envolvidos em seus efeitos não foram totalmente definidos. Considerando isso, o objetivo deste projeto é investigar 1) a ativação do receptor de AGCCs FFAR2 (GPR43) e 2) a modificação do padrão de acilação de histonas (principalmente, acetilação e crotonilação) em neutrófilos e células epiteliais intestinais (IECs), e sua relevância biológica em condições inflamatórias. Para isso, caracterizaremos, usando camundongos com deleção tecida específica de FFAR2, o papel desse receptor na função de neutrófilos e células epiteliais intestinais, sua relação com a ativação do inflamassoma e relevância durante inflamação intestinal e analisaremos o efeito de AGCCs no padrão de acilações de histonas de células epiteliais intestinais e neutrófilos e como isso afeta o seu programa transcricional e suas respostas efetoras em condição inflamatória. Com isso, contribuiremos para a compreensão dos mecanismos moleculares de interação microbiota-hospedeiro e identificação de novos biomarcadores e alvos terapêuticos para doenças inflamatórias.

Last modified: 11-24-2020

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

Projeto JP2 - Análise dos mecanismos moleculares envolvidos na interação de metabólitos da microbiota e células do hospedeiro durante a inflamação.

Durante a execução do projeto será gerada uma ampla variedade de dados incluindo resultados de sequenciamento de nova geração, imagens de imunofluorescência e *western blotting*, arquivos de citometria de fluxo, dados de quantificações de metabólitos por CG-MS e HPLC, genotipagem e caracterização de linhagens de camundongos. Tabelas contendo escore clínico e variação do peso dos animais submetidos aos modelos experimentais também serão geradas.

Todos os dados brutos (incluindo arquivos de leitura em equipamentos como citômetro de fluxo e leitor de ELISA, imagens (.jpg), planilhas (.xls) e dados de sequenciamento (FASTA)) serão armazenados juntamente com arquivo (.docx) contendo lista de abreviaturas, descrição de metodologia, grupos e todos os outros detalhes necessários a rastreabilidade e interpretação dos resultados.

Durante a execução do projeto serão utilizados modelos envolvendo o uso de animais de experimentação. Antes da realização dos experimentos e obtenção dos dados, o projeto contendo descrição detalhada dos protocolos utilizados será submetido a Comissão de Ética em Uso de Animais da Universidade Estadual de Campinas. Apenas após a aprovação do mesmo, serão realizadas as análises.

Todos os dados gerados pelos colaboradores também serão organizados e armazenados em plataforma digital (Google drive) utilizada pelos membros do laboratório.

Os dados obtidos durante a execução do projeto serão compartilhados via Google Drive com todos os colaboradores. Todos os dados gerados por sequenciamento de nova geração serão compartilhados por meio de bancos de dados públicos como o NCBI-Gene Expression Omnibus (GEO) após publicação dos artigos científicos. Uma vez que neste projeto não serão incluídas amostras de pacientes, todos os dados gerados serão depositados em formatos apropriados em repositório do Instituto de Biologia da UNICAMP e compartilhados com outros pesquisadores após o aceite da publicação. A solicitação de acesso e o uso dos dados poderão ser feitos após formalização (e-mail) do pedido ao responsável pelo projeto. Os dados brutos serão mantidos por no mínimo 10 anos sendo esse também o período de disponibilização dos mesmos.

Os resultados obtidos no projeto incluirão dados de sequenciamento de nova geração, imagens de imunofluorescência e *western blotting*, arquivos de citometria de fluxo, dados de quantificações de metabólitos por CG-MS e HPLC, genotipagem e caracterização de linhagens de camundongos. Tabelas contendo escore clínico e variação do peso dos animais submetidos aos modelos experimentais também serão geradas. A maior parte dos documentos com os dados estarão em formatos de texto (docx) e planilhas (.xlsx) que poderão ser lidos utilizando Microsoft office e excel. No caso dos dados de sequenciamento os arquivos serão disponibilizados no formato de BAM.files e poderão ser analisados em softwares específicos para esse tipo de análise incluindo o software utilizado pelo grupo (SeqMonk). As imagens geradas serão convertidas em arquivos .pdf que poderão se abertos em softwares como Adobe Acrobat e Pre visualização.

Os arquivos de dados e metadados serão mantidos em plataforma de armazenamento (Google Drive). Esta plataforma será vinculada a “nuvem digital” gerenciada pelo setor de informática do Instituto de Biologia. Cada aluno, terá acesso a uma pasta na qual fará o arquivamento de todos os dados e metadados dos experimentos sob

sua responsabilidade. Os dados serão armazenados em pastas com identificação de projeto e aluno responsável, subpastas com identificação da análise realizada (p.ex. ELISA, *western blotting*, etc). Todos os dados brutos (incluindo arquivos de leitura em equipamentos como citômetro de fluxo e leitor de ELISA, imagens (.jpg), planilhas (.xls) e dados de sequenciamento (FASTA)) serão armazenados juntamente com descrição de metodologia, grupos e todos os outros detalhes necessários a rastreabilidade e interpretação dos resultados. Todos os alunos poderão inserir os arquivos no sistema, mas não será permitida a deleção ou alteração de qualquer arquivo adicionado nas pastas. A técnica de nível superior do laboratório fará o gerenciamento da plataforma, acompanhará e dará todas as instruções necessárias aos alunos para a inserção correta dos dados e metadados. A mesma também ficará responsável pela adição de dados obtidos por colaboradores do grupo. A cada seis meses será feito backup automático em disco rígido externo, o qual permanecerá sob os cuidados da técnica de nível superior do laboratório.
