

Plan Overview

A Data Management Plan created using DMPTool-Stage

DMP ID: <https://doi.org/10.48321/D1DK6T>

Title: Genomic, transcriptomic and metagenomic in populations of native stingless bees aiming the search for detoxification genes

Creator: Patricia Azevedo - **ORCID:** [0000-0003-4866-9478](https://orcid.org/0000-0003-4866-9478)

Affiliation: State University of Campinas (unicamp.br)

Project Administrator: Maria Imaculada Zucchi, Roberta Cornélio Ferreira Nocelli, Osmar Malaspina

Funder: São Paulo Research Foundation (fapesp.br)

Funding opportunity number: 2018/24245-6 and 2017/21097-3 (FAPESP); 400540/2018-5 (CNPQ)

Template: UNICAMP-OMICAS: Aplicação em -ômicas (transcriptômica, genômica, proteômica, etc)

Project abstract:

O declínio drástico das abelhas, sejam elas nativas ou exóticas, é uma ameaça iminente aos serviços ecossistêmicos de polinização e, conseqüentemente, à segurança alimentar mundial e à preservação e conservação dos recursos naturais. Vários fatores têm sido associados a esse declínio, dentre eles o uso de inseticidas merece destaque, visto que o Brasil é o maior consumidor mundial de agrotóxicos. Assim, o presente estudo propõe montar um genoma e transcriptoma da abelha nativa sem ferrão *Melipona scutellaris* para estudar a expressão gênica de proteínas ligadas à desintoxicação desses insetos submetidos a xenobióticos. Além disso, o objetivo é identificar e avaliar o perfil microbiano intestinal desses insetos relacionando a ingestão de ingredientes ativos presentes em xenobióticos com a mortalidade da comunidade microbiana. Para fazer isso, o esboço do genoma será montado usando a técnica 10x Genomics, que melhora a capacidade de formar sequências muito grandes para facilitar a montagem do transcriptoma de abelhas submetidas a doses subletais do inseticida imidacloprid usando a plataforma de sequenciamento Next Generation, que também fornece alto rendimento sequenciamento. Além disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o microbioma intestinal de indivíduos submetidos a doses subletais de inseticidas por meio do metagenoma, que também será obtido utilizando uma plataforma de nova geração. Essas análises conseguem elucidar alguns mecanismos de resposta aos agrotóxicos para que novas estratégias de conservação e manejo de espécies nativas sejam repensadas frente aos resultados encontrados. que melhora a capacidade de formar sequências muito grandes para facilitar a montagem do transcriptoma de abelhas submetidas a doses subletais do inseticida imidacloprid usando a plataforma de sequenciamento Next Generation, que também fornece sequenciamento de alto rendimento. Além disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o microbioma intestinal de indivíduos submetidos a doses subletais de inseticidas por meio do metagenoma, que também será obtido utilizando uma plataforma de nova geração. Essas análises conseguem elucidar alguns mecanismos de resposta aos agrotóxicos para que novas estratégias de

conservação e manejo de espécies nativas sejam repensadas frente aos resultados encontrados. que melhora a capacidade de formar sequências muito grandes para facilitar a montagem do transcriptoma de abelhas submetidas a doses subletais do inseticida imidacloprid usando a plataforma de sequenciamento Next Generation, que também fornece sequenciamento de alto rendimento. Além disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o microbioma intestinal de indivíduos submetidos a doses subletais de inseticidas por meio do metagenoma, que também será obtido utilizando uma plataforma de nova geração. Essas análises conseguem elucidar alguns mecanismos de resposta aos agrotóxicos para que novas estratégias de conservação e manejo de espécies nativas sejam repensadas frente aos resultados encontrados. que também fornece sequenciamento de alto rendimento. Além disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o microbioma intestinal de indivíduos submetidos a doses subletais de inseticidas por meio do metagenoma, que também será obtido utilizando uma plataforma de nova geração. Essas análises conseguem elucidar alguns mecanismos de resposta aos agrotóxicos para que novas estratégias de conservação e manejo de espécies nativas sejam repensadas frente aos resultados encontrados. que também fornece sequenciamento de alto rendimento. Além disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o microbioma intestinal de indivíduos submetidos a doses subletais de inseticidas por meio do metagenoma, que também será obtido utilizando uma plataforma de nova geração. Essas análises conseguem elucidar alguns mecanismos de resposta aos agrotóxicos para que novas estratégias de conservação e manejo de espécies nativas sejam repensadas frente aos resultados encontrados.

Start date: 07-31-2019

End date: 10-30-2022

Last modified: 08-07-2023

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

Genomic, transcriptomic and metagenomic in populations of native stingless bees aiming the search for detoxification genes - Identificação

Genomic, transcriptomic and metagenomic in populations of native stingless bees aiming the search for detoxification genes

The drastic decline of bees, be they native or exotic, is an imminent threat to ecosystem services of pollination, and consequently to world food security and the preservation and conservation of natural resources. Several factors have been associated with this decline, among them the use of insecticides deserves mention since Brazil is the world's largest consumer of pesticides. Thus, the present study proposes to assemble a genome and transcriptome of the native stingless honey bee *Melipona scutellaris* in order to study the gene expression of proteins linked to the detoxification of these insects submitted to xenobiotics. In addition, the objective is to identify and evaluate the intestinal microbial profile of these insects by relating the ingestion of active ingredients present in xenobiotics to microbial community mortality. To do so, the genome draft will be assembled using the 10x Genomics technique, which improves the ability to form very large sequences to facilitate the assembly of the transcriptome of bees submitted to sublethal doses of the imidacloprid insecticide using the Next Generation sequencing platform, which also provides high throughput sequencing. In addition, the objective of this study was to evaluate the intestinal microbiome of individuals submitted to sublethal doses of insecticides through the metagenome, which will also be obtained using a new generation platform. These analyzes get to elucidate some mechanisms of response to pesticides so that new strategies of conservation and management of native species are rethought against the results found.

Patricia Azevedo, Maria Imaculada Zucchi, Roberta C. F. Nocelli e Osmar Malaspina

<https://orcid.org/0000-0003-4866-9478> ; <https://orcid.org/0000-0002-4863-1843> ; <https://orcid.org/0000-0003-2900-6310> e <https://orcid.org/0000-0002-1650-257X>

Patricia Azevedo - p228344@dac.unicamp.br ou azevedo.p89@gmail.com

Maria Imaculada Zucchi - mizucchi@gmail.com

Roberta C. F. Nocelli - roberta@ufscar.br

Osmar Malaspina - osmar.malaspina@unesp.br

PGD criado em 01 de março de 2021
