

Plan Overview

A Data Management Plan created using DMPTool-Stage

Title: Epi_COVID placentária: Caracterização epigenética da reprogramação placentária em gestantes infectadas pelo SARS-CoV-2

Creator: Rodrigo Augusto da Silva

Affiliation: Universidade de Taubaté (unitau.br)

Principal Investigator: Liliana del Valle Sosa, Simone de Lima Silva , Rodrigo Augusto da Silva , Flavio Henrique Alves, Gilson F. Ruivo

Data Manager: Marcel Rodrigues Ferreira

Project Administrator: Rodrigo Augusto da Silva

Funder: National Science Foundation (nsf.gov)

Template: Digital Curation Centre

Project abstract:

Durante a gestação a mulher passa por uma série de alterações fisiológicas nos sistemas imunológico, respiratório, cardiovascular e na coagulação que a torna mais suscetível a diversas infecções e com maior risco de complicações materno-fetal. Estas alterações podem ter efeitos negativos na progressão da doença COVID-19. A experiência clínica de relatos de caso ou de casos em gestações complicadas com infecção por outros coronavírus, como a Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e a Síndrome Respiratória do Oriente Médio, levou pesquisadores a considerar que a mulher grávida se torna vulnerável a infecção grave por SARS-CoV-2. Apesar da literatura científica ainda apresentar dados pouco robustos, algumas complicações gestacionais, como a pré-eclâmpsia, sofrimento fetal, ruptura prematura de membranas, partos prematuros e até mesmo morte fetal parece estar associada a infecção materno pelo SARS-CoV-2 durante o período gestacional. Levando em consideração a importância do tema e sua gravidade mundial um esforço global articulado se faz necessário para determinar o real impacto da infecção pelo SARS-CoV-2 no desenvolvimento fetal, incluindo avaliar as possíveis alterações epigenéticas na placenta como um potencial biomarcador de riscos para futuros desfechos da doença por fornecerem informações críticas sobre a biologia do desenvolvimento e a patogênese da doença. Assim, este projeto tem como objetivo central investigar se a infecção por SARS-CoV-2 no período gestacional altera o panorama epigenético e compromete o desenvolvimento placentário influenciando no desenvolvimento Neuropsicomotor.

Start date: 06-30-2021

End date: 06-29-2023

Last modified: 03-24-2021

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

Epi_COVID placentária: Caracterização epigenética da reprogramação placentária em gestantes infectadas pelo SARS-CoV-2

Serão obtidos dados:

- Histológicos: registros digitais de fotomicrografias de lâminas histológicas do tecido placentário (placenta e cordão umbilical) e análises morfométrica em forma de tabelas excel; registros digitais de análises ultraestruturais realizadas em Microscópio Eletrônico de Varredura (M.E.V).
- Bioquímicos: Conteúdo proteico - *Western Blotting*: registro digital de membranas salvas em formato TIF e análises das membranas em tabelas excel; Elisa: leituras de absorbância em tabelas de excel.
- Moleculares: Expressão gênica - tabelas em excel contendo os valores brutos geradas pelo equipamento de qPCR e tabelas em excel contendo os valores normalizados pelos genes de referência; Metilação gene específica (M.G.E) - tabelas em excel contendo os valores brutos (CTs) geradas pelo equipamento de qPCR e tabelas em excel contendo os cálculos para determinação da porcentagem de metilação (5-meC, 5-hmeC e 5-meC/5-hmeC);
- Dados em larga escala: Metiloma - Tabela contendo desenho experimental, tabela contendo dados amostrais, tabela contendo desenho do array utilizado, dados brutos e processados; Proteoma – Tabela contendo desenho experimental, tabela contendo dados amostrais, dados brutos e processados.

Os formatos escolhidos permitem o compartilhamento e o acesso de longo prazo aos dados. Será utilizado "Zenodo" que é um repositório de acesso aberto de propósito geral desenvolvido sob o programa European OpenAIRE e operado pelo CERN.

Os dados serão coletados conforme as metodologias descritas no projeto. As membranas de Western Blotting serão reveladas com agentes cromógenos adequados, em seguida serão salvas e analisadas em Software específico BioRad. Os dados de expressão gênica e metilação gene específica (genes LINE1 e HOXA13) serão gerados pelo equipamento de PCR pela captação da fluorescência (Syber) através da amplificação com iniciadores específicos e registrados no formato bruto em tabelas de excel. Os dados de larga escala (Metiloma e Proteoma) serão gerados por terceiros (Proteoma – Facilita da Faculdade de Odontologia de Bauru – FOP) e (Metiloma – pela empresa CD Genomics) e armazenados no formato de tabelas em excel. Os registros das análises ultraestruturais serão gerados no Centro de Microscopia Electrónica, INICSA-CONICET, Fac. de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba/Argentina por pesquisador colaborador.

Os dados serão organizados em pastas conforme os procedimentos gerais:

[Parâmetros morfológicos e ultraestruturais (histomorfométricos - Hematoxilina/Eosina (H.E), Tricômico de masson (T.M), Hematoxilina Fosfotúngica (H.F), Fucsina básica/resorcina (Weigert) e (ultraestrutural - M.E.V)], [Parâmetros Bioquímicos (Elisa), (Western Blotting), (Proteoma)], [Parâmetros Moleculares (Expressão Gênica), (Metilação gene específica), (Metiloma)].

Em cada pasta será descrito a especificação do dado, por exemplo, coloração de H.E, e os grupos serão descritos dentro de cada especificação. Caso as amostras sejam nomeadas por siglas estas sempre serão descritas.

A consistência e a qualidade da coleta de dados serão minuciosamente controladas levando em consideração os cuidados adequados durante a realização dos procedimentos experimentais, além de se utilizar sempre captura e registro de dados padronizados e controle negativos e/ou positivos quando necessário.

Juntamente com os dados, será descrito brevemente como foi obtido tais dados e nas próprias tabelas serão descritas informações relevantes como por exemplo, peso em gramas, tempo em segundos, etc.

Será utilizado o tipo de metadados descritivo pois este proporciona maiores informações sobre os dados que estarão ali contidos.

Antes do início do recrutamento das parturientes e coleta das amostras, o projeto será registrado na Plataforma Brasil e encaminhamento ao Comitê de Ética institucional (Universidade e Hospitalar). Após a aprovação pelas esferas competentes, o estudo será conduzido de acordo com os princípios éticos e boas práticas clínicas, sendo os participantes verbalmente informados sobre os objetivos da pesquisa, e escolherão livremente por sua participação o que será documentada através da assinatura do termo de consentimento livre e esclarecido.

Quando envolver colaboração direta de outros pesquisadores, pode ser feito acordo de consentimento formal para publicação dos dados e ou termo de doação do material coletado.

Todos os colaboradores possuirão os dados experimentais. Os dados só serão licenciados para reutilização após publicações dos mesmos. Eu, Rodrigo Augusto da Silva, serei a proprietário dos direitos autorais.

O armazenamento dos dados será feito pelo Zenodo e não será necessário a inclusão de serviços adicionais. O backup dos dados será feito quinzenalmente por meio de nuvens on line e também sempre em 2 vias em papel (tabelas excel) e em DVDs em casos de arquivos em tif (uma via do pesquisador e uma via pertencente ao laboratório). Eu mesmo, serei o responsável pelo backup e recuperação dos dados quando necessária.

Para segurança intelectual durante a execução do projeto somente o pesquisador Coordenador e os pesquisadores colaboradores terão acesso aos dados antes de sua publicação. Os acessos públicos dos mesmos serão liberados somente após a publicação dos mesmos.

Os dados serão mantidos e serão preservados por todo o tempo em que o Zenodo poder armazená-los. A intenção é manter todos os dados em livre acesso após a publicação por maior tempo possível.

O Zenodo será utilizado para repositório dos dados e os dados serão lá mantidos pelo tempo máximo que for permitido pelo Zenodo.

Os usuários em potencial descobrirão os dados em questão pois eles terão metadados descritivos. Os dados serão compartilhados por meio de repositório de acesso aberto Zenodo e serão disponibilizados após publicações dos mesmos.

Possivelmente haverá restrições de acesso aos dados até que eles sejam publicados. Como se trata de um projeto muito bem delineado, a intenção é publicação imediata dos dados à medida que forem sendo coletados.

Eu, Rodrigo Augusto da Silva, serei a responsável pela implementação do DMP e pela revisão do mesmo.

A captura de dados será de responsabilidade de todos os colaboradores envolvidos no projeto. A produção de metadados, qualidade de dados, armazenamento e backup, arquivamento e compartilhamento de dados serão de minha responsabilidade.

Não será necessário nenhum conhecimento especializado, além dos conhecimentos técnicos referentes as técnicas que serão utilizadas. Apenas para o depósito público dos dados do metiloma e proteoma serão necessários conhecimento específicos de linguagem de programação, fato este que deverá ser realizado pelo pesquisador colaborador que será responsável pelo tratamento dos dados de bioinformática.
