

PLANO DE GESTÃO DE DADOS

A Data Management Plan created using DMPTool

Title: Prospecção Do Impacto Da Diversidade Genética De *Streptococcus B* Nas Estratégias De Controle De Doenças No Estado Da Paraíba Através De Uma Abordagem Fundamentada Em One Health

Creator: Ilana Camargo

Affiliation: Universidade de São Paulo (USP)

Funder: FAPESP - São Paulo Research Foundation (fapesp.br)

Funding opportunity number: FAPESP 2019/23684-9

Grant: <https://bv.fapesp.br/pt/auxilios/107482/prospeccao-do-impacto-da-diversidade-genetica-de-streptococos-b-nas-estrategias-de-controle-de-doen/>

Template: Digital Curation Centre (português)

Project abstract:

Streptococcus agalactiae, or group B *Streptococcus*, is a human pathogen recognized worldwide for neonatal mortality as well as infections in pregnant women and debilitated adults with significant mortality. Equitably, it is a relevant pathogen in animal health, with mastitis being the main source of economic losses in dairy herds of regions without control strategies. Strategies for preventing *S. agalactiae* infections have been based mainly on prophylactic administration of antimicrobials, and more recently, capsular vaccines are under investigation. The term One Health represents the vision of unified efforts in the fields of veterinary, human and environmental health. In this context, bacterial resistance to antimicrobials is a severe risk to human and animal health and is one of the few evolutionary processes that can be observed in real-time. The origin of genetic elements present in human and animal pathogens can indeed be traced back to environmental microorganisms. Thus, zoonoses and reverse zoonoses gain prominence in determining the emergence and dissemination of resistance mechanisms, virulence, and interspecies capsular serotypes. This project aims to characterize strains of human and animal microbiota (cattle and goats) in Paraíba State, investigating the presence of genetic elements to determine interspecies relationships and their potential impact on prevention strategies. Bacterial isolates will be obtained from the routine of Lauro Wanderley University Hospital in João Pessoa / PB and the analysis of milk from cariri, agreste, and Paraíba forest areas. Data will be collected from medical records and questionnaires will be applied to those responsible for rural properties. Bacterial isolates will be identified at the species level by phenotypic and genotypic testing and clones will be identified by PFGE. Susceptibility to antimicrobials will be determined by phenotypic testing, and for high resistance profile samples, beta-lactams, lincosamides, and macrolides resistance genes will be screened. Twenty isolates will be selected for the complete genome sequencing. With these, we can determine the types of sequences by MLST and verify the role of mobile genetic elements in the dissemination of resistance and virulence genes in the genome. We emphasize that knowledge about this pathogen, especially in a particular region such as the interior of Paraíba, is extremely scarce, and the distribution of capsular serotypes and determinants of resistance/virulence suffer local changes, and it is not appropriate to extrapolate data from other regions. Due to the imminent introduction of vaccines for *S. agalactiae*, we have also experienced a unique period for obtaining data that will support its incorporation into the Health System and investigate possible adaptive mechanisms of the pathogen.

Start date: 12-01-2020

End date: 11-30-2022

Last modified: 12-08-2021

Grant number / URL: <https://bv.fapesp.br/pt/auxilios/107482/prospeccao-do-impacto-da-diversidade-genetica-de-streptococos-b-nas-estrategias-de-controle-de-doen/>

PROSPECÇÃO DO IMPACTO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE ESTREPTOCOCOS B NAS ESTRATÉGIAS DE CONTROLE DE DOENÇAS NO ESTADO DA PARAÍBA ATRAVÉS DE UMA ABORDAGEM FUNDAMENTADA EM ONE HEALTH

COLETA DE DADOS

Que dados serão coletados ou criados?

Neste projeto, apenas os isolados bacterianos previamente identificados como *S. agalactiae* serão tipados por eletroforese em gel de campo pulsado, gerando fotos dos géis e dendrogramas de similaridade genética. Representantes de cada clone terão seus genomas sequenciados, gerando números de acessos no NCBI , onde serão depositadas as sequências dos genomas bacterianos.

Como os dados serão coletados ou criados?

Para os dendrogramas de similaridade genética, os isolados bacterianos serão tipados por macrorrestrrição do DNA seguido de eletroforese em campos pulsados. Os géis obtidos serão analisados pelo software Bionumerics (Applied Math).

Os genomas serão sequenciados pelas técnicas Nanopore e Illumina.

DOCUMENTAÇÃO E METADADOS

Que documentação e metadados acompanharão os dados?

Os metadados incluem perfil de sensibilidade aos antimicrobianos e tipagem sorológica das bactérias, bem como data de coleta e espécime clínico.

ÉTICA E CONFORMIDADE LEGAL

Como você administrará qualquer questão ética?

A identidade dos pacientes serão preservadas e não estarão disponíveis aos demais membros da equipe.

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

Há um Acordo de Propriedade Intelectual firmado entre as equipes colaboradoras do IFSC-USP e UFPB. As Instituições se comprometem, por meio deste acordo, a respeitar e cumprir as respectivas Políticas de Propriedade Intelectual, Confidencialidade e Publicação em relação as propostas da FAPESP e da FAPESQ.

ARMAZENAMENTO E BACKUP

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

Os dados serão armazenados pela Profa. Dra. Ilana L. B. C. Camargo em um repositório disponibilizado pela USP.

SELEÇÃO E PRESERVAÇÃO

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

As fotos dos géis e dendrogramas do PFGE deverão ser mantidos no repositório e compartilhados.

Os números de acesso do NCBI dos genomas serão descritos e mantidos no repositório.

COMPARTILHAMENTO DE DADOS

Como você vai compartilhar os dados?

Os dados serão disponibilizados no repositório de dados científicos da Universidade de São Paulo (<http://dadoscientificos.usp.br>).

Existem restrições ao compartilhamento de dados requeridos?

Os dados serão compartilhados quando houver a publicação do artigo.

RESPONSABILIDADES E RECURSOS

Quem será responsável pelo gerenciamento de dados?

Ilana L. B. C. Camargo será responsável pelo gerenciamento de dados gerados a partir da tipagem molecular e do sequenciamento dos genomas de isolados bacterianos.

