



INCT Fungos do Brasil

POP 3: Planejamento, Levantamento de Demandas e Cotação

Recomendação para coordenação e comitê gestor em genômica

Objetivo:

Orientar o Comitê Gestor na coleta de intenções de sequenciamento junto à rede, organização das demandas (priorização científica) e estimativa de custos (cotação) junto à *facility* nos EUA.

1. Levantamento de Intenções de Sequenciamento

Antes de solicitar a extração de DNA, o Comitê deve mapear as linhagens que os pesquisadores da rede têm interesse em sequenciar. Isso permite organizar a logística, otimizar os custos e priorizar amostras de maior impacto científico.

Ação:

Distribuir a "**Planilha 2: Intenção de Sequenciamento e Demandas**" para todos os laboratórios associados.

Os pesquisadores deverão preencher informações biológicas e taxonômicas cruciais:

- Gênero e Espécie (se identificada).
- Se trata-se de uma espécie nova (sp. nov.).
- Se é uma linhagem Tipo (*Type strain*).

- Estimativa do tamanho do genoma (em Mb) – *Essencial para cálculo de cobertura*.
- Justificativa resumida do interesse científico.

2. Análise e Seleção pelo Comitê

Com a planilha consolidada, o Comitê deverá avaliar as propostas com base em critérios pré-estabelecidos pelo INCT Fungos do Brasil.

Critérios Sugeridos para Priorização:

1. **Relevância Taxonômica:** Cepas Tipo e espécies novas têm prioridade máxima para estabelecimento de genomas de referência.
2. **Impacto Biotecnológico/Clínico/Agrícola/ambiental:** Linhagens com potencial de aplicação ou impacto econômico/saúde.
3. **Tamanho do Genoma vs. Orçamento:** O tamanho do genoma dita a quantidade de dados (Gigabases - Gb) necessários para atingir a cobertura ideal (ex: 50x a 100x). Genomas muito grandes consomem mais recursos.
4. **Capacidade de Execução:** O laboratório proponente possui capacidade de extrair DNA na qualidade exigida ou precisará de suporte logístico (Hub Regional)?

3. Cotação e Orçamento com a *Facility*

Uma vez selecionadas as amostras, o Comitê deve estruturar a solicitação de cotação para a facility.

Informações necessárias para a *Facility*:

- **Número total de amostras:** Lembre-se que o ideal é enviar lotes de 50 a 96 amostras. Lotes maiores que 96 exigirão múltiplas corridas no robô, adicionando cerca de 1 semana ao *Turnaround Time (TAT)*.
- **Tipo de Biblioteca:** PCR-free library prep.
- **Plataforma e Tamanho do *Insert*:** Especificar se é Illumina (ex: NovaSeq, PE 150 bp) ou tecnologia de leitura longa (PacBio/Nanopore), dependendo do objetivo (rascunho vs. genoma fechado).
- **Volume de Dados (*Output*):** Informar a quantidade de Gb desejada por amostra ou o tamanho médio do genoma e a cobertura desejada.

4. Aprovação e Início do Fluxo de Extração

Após a aprovação do orçamento, o Comitê comunicará os laboratórios selecionados, autorizando o início da extração de DNA conforme as diretrizes do **POP 1 (Manual do Usuário)** e acionando o **Plano de Logística Nacional**.



Bioinformatics
Multidisciplinary
Environment



inct
institutos nacionais
de ciência e tecnologia



CNPq
Conselho Nacional de Desenvolvimento
Científico e Tecnológico
60 ANOS

Ministério da
Ciência, Tecnologia
e Inovação

