

Workshop NGS-LAGEVOL I:
**“Delineamento experimental e triagem de dados NGS para abordagens
filogenéticas e filogenômicas”**

Neste curso teórico/prático abordaremos diversos temas envolvendo a obtenção e triagem de dados de Sequenciamento de Nova Geração (NGS), discorrendo sobre as diferentes plataformas existentes atualmente para a obtenção dos dados, sugestões de softwares e abordagens para triagem dos dados e análises filogenéticas. Esta oferta contará com a participação da pesquisadora de Pós-Doutorado do PPGGEv-UFSCAR Isabel Aparecida da Silva Bonatelli, do pesquisador de Pós-Doutorado Dr. Danilo Trabuço do Amaral do Programa de Biologia Comparada da USP e da doutoranda Monique Romeiro Brito (PPGGEv-UFSCar).

Tópicos a serem abordados (teóricos e práticos)

- 1- Princípios teóricos e delineamento experimental para NGS.
- 2- Triagem de dados genômicos com o software ipyrad.
- 3- Filogenia/Filogenômica e análises coalescentes em populações naturais.
- 4- Árvores de espécies e datação com o software BEAST e RelTime.

Período: 01 a 05/10/2019

Dia da semana: terça à sábado

Horários: 8:30 - 12:00 e 14:00-18:00.

Local: Laboratório de Informática 2 (UFSCar – Sorocaba)

Rod. João Leme dos Santos, km 110, Sorocaba/SP

Número máximo de alunos: 20

Desejável conhecimentos básicos de LINUX.

Bibliografia sugerida:

Bleidorn C. 2016. Third generation sequencing: technology and its potential impact on evolutionary biodiversity research. Syst Biodivers.141:1–8.

Eaton D.A.R 2014. PyRAD: assembly of de novo RADseq loci for phylogenetic analyses. *Bioinformatics*, doi:10.1093/bioinformatics/btu121.

Eklblom, R.; Wolf, J.B.W. A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/eva.12178>

Kaldec, M. et al., 2017. Targeted NGS for species level phylogenomics: “made to measure” or “one size fits all”? <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5530999/>

Knowles, L.L., Lanier, H.C., Kilmov, P., He, Q., 2012. Full modeling versus summarizing phylogenetic uncertainty: method choice and species-tree accuracy. *Mol. Phylogenet. Evol.* 65, 501–509.

Leaché, A. D., and J. R. Oaks. 2017. The utility of single nucleotide polymorphism (SNP) data in phylogenetics. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 48:69–84.

Tonini J, Moore A, Stern DL, Shcheglovitova M, Orti G. 2015. Concatenation and species tree methods exhibit statistically indistinguishable accuracy under a range of simulated conditions. *PLoS Curr* 7.

Xu. G et al., 2013. Phylogenomic Distance Method for Analyzing Transcriptome Evolution Based on RNA-seq Dat. <https://academic.oup.com/gbe/article/5/9/1746/556911>

Tutoriais:

Tutorial ipyrad. <https://ipyrad.readthedocs.io/userguide.html>

Tutorial STARBEAST2. <https://taming-the-beast.org/tutorials/StarBeast-Tutorial/>