



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRARIE  
E AMBIENTALI - PRODUZIONE,  
TERRITORIO, AGROENERGIA



DIPARTIMENTO DI BIOLOGIA  
E BIOTECNOLOGIE  
CHARLES DARWIN



SAPIENZA  
UNIVERSITÀ DI ROMA

## Workshop teorico-pratico *Introduzione all'analisi di dati RADseq*

**Data.** Dal 7 al 12 giugno 2015

**Luogo.** Il corso si svolgerà presso la sede del corso di laurea in *Valorizzazione e tutela dell'ambiente e del territorio montano*, Università degli Studi di Milano, Via Morino 8 – 25048 Edolo (BS).

### Organizzazione

DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRARIE E AMBIENTALI – UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

DIPARTIMENTO DI BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE “CHARLES DARWIN” – UNIVERSITÀ DI ROMA LA SAPIENZA

Alessio De Biase

*Università degli Studi di Roma “La Sapienza”, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie “Charles Darwin”*

Matteo Montagna

*Università degli Studi di Milano, Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali*

Giuseppe Carlo Lozza

*Università degli Studi di Milano, Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali*

### Costi

Quota di partecipazione: **90 € (la Società Italiana di Biologia Evoluzionistica mette a disposizione dei suoi iscritti un contributo alle spese di partecipazione. Dettagli disponibili su <http://www.sibe-iseb.it/>).**

Vitto e alloggio presso **Convitto Rosa Camuna, Via Marconi 236, Edolo - BS**

€ 32,00 (a persona) mezza pensione\*

€ 36,00 (a persona) pensione completa\*

\* sistemazione prevista in camere doppie o triple.

**Come raggiungere la sede di Edolo.** Edolo è raggiungibile in treno da Brescia, in pullman da Milano, Bergamo e Brescia, in auto dagli aeroporti di Bergamo Orio al Serio (150 km, 2 ore) o di Milano Linate (170 km, 2 ore e 30 minuti). Costi e organizzazione a cura dei singoli partecipanti.

### Registrazione

Il corso avrà luogo solo a raggiungimento di un numero minimo di partecipanti (15) per consentire la sostenibilità dei costi di organizzazione. La registrazione si svolgerà in due fasi con le seguenti modalità:

- 1) pre-registrazione via email a [alessio.debiase@uniroma1.it](mailto:alessio.debiase@uniroma1.it) oppure [matteo.montagna@unimi.it](mailto:matteo.montagna@unimi.it) entro il **31 marzo 2015 (indicare l'eventuale affiliazione alla SIBE)**
- 2) registrazione definitiva e versamento della quota di partecipazione entro il **15 maggio 2015**; le modalità verranno comunicate via mail ai singoli partecipanti.

**Numero massimo di partecipanti:** per motivi pratici il numero di partecipanti è limitato a 25.

**Docenti:** Emiliano Trucchi

**website:** [www.emilianotrucchi.it](http://www.emilianotrucchi.it)

*Division of Systematics and Evolutionary Botany, Department of Botany - University of Vienna, Austria*

Con il patrocinio di



Sponsorizzato da





UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRARIE  
E AMBIENTALI - PRODUZIONE,  
TERRITORIO, AGROENERGIA



DIPARTIMENTO DI BIOLOGIA  
E BIOTECNOLOGIE  
CHARLES DARWIN



SAPIENZA  
UNIVERSITÀ DI ROMA

## Prerequisiti

Durante il corso ciascun partecipante dovrà avere a disposizione un computer portatile (assicurarsi di avere privilegi di amministratore per installare software). Si assume che i partecipanti abbiano una conoscenza di base delle principali tecniche di inferenza filogenetica e di analisi nell'ambito della genetica di popolazione. Nessuna esperienza di programmazione è richiesta ma è necessario avere familiarità con l'ambiente UNIX e l'esecuzione di comandi in una shell Bash. E' prevista una prima attività, della durata di mezza giornata, introduttiva a UNIX, shell Bash e Python language.

## Il contenuto del workshop

Il sequenziamento RAD (Restriction site Associated DNA), insieme ai progressi della tecnologia di sequenziamento, sta rendendo possibile ottenere dati genomici non solo per gli organismi modello, ma anche per specie per le quali non sono disponibili informazioni genomiche. Le tecniche RADseq sono state utilizzate per la scoperta e la genotipizzazione di SNPs, mappatura di associazioni genotipo-fenotipo, mappatura di linkage, analisi QTL, analisi di ibridazione e flusso genico ed altri studi di genetica delle popolazioni. Più di recente, i dati RADseq sono stati utilizzati anche per affrontare studi filogeografici e filogenetici utilizzando informazioni provenienti da SNPs associati in "mini-contigs" ottenuti da tecniche di sequenziamento *paired end*. Il sequenziamento RADseq è un metodo quindi molto flessibile per studi su organismi modello e non modello.

Il workshop introdurrà i partecipanti all'uso di Stacks (<http://creskolab.uoregon.edu/stacks/>), un software per organizzare flussi di analisi di diversi tipi di dati RADseq. Gli argomenti trattati durante il corso includono l'elaborazione di dati grezzi, l'assemblaggio delle sequenze *de novo* o con l'ausilio di un genoma di riferimento, l'individuazione di siti SNP e il calcolo di statistiche di base di genetica di popolazione. I partecipanti impareranno inoltre a esplorare i dati al fine di individuare tracce di fenomeni microevolutivi, e ad esportare i dati per analisi successive. Saranno discusse alcune tecniche di analisi filogenetica e filogeografica. Esercizi pratici saranno svolti su dati reali messi a disposizione dei partecipanti.

## Programma preliminare del workshop

### Domenica 7 giugno 2015

09:00-13:00 Arrivo dei partecipanti e sistemazione negli alloggi  
14:00-20:00 Introduzione all'ambiente Unix, Bash, Python

### Lunedì 8 giugno 2015

08:40-09:00 Saluti del Direttore del corso di laurea in Valorizzazione e tutela dell'ambiente e del territorio montano  
09:00- 10:00 Introduzione generale al corso  
10:00-11:00 Teoria: introduzione a RADseq  
11:00-12:00 Configurazione dei computer  
12:00-13:00 Pranzo  
13:00-17:00 Tutorial: pulizia e demultiplexing dati RADseq con Stacks  
17:00-19:00 Aiuto extra opzionale con il tutorial del giorno

### Martedì 9 giugno 2015

09:00-11:00 Teoria: dati RADseq negli organismi non modello: costruzione di una mappa genetica  
11:00-12:00 Presentazioni degli studenti (4)  
12:00-13:00 Pranzo  
13:00-17:00 Tutorial: uso di Stack per la costruzione di mappe genetiche in organismi non modello  
17:00-19:00 Aiuto extra opzionale con il tutorial del giorno

### Mercoledì 10 giugno 2015

09:00-11:00 Tutorial: allineamento RADseq ad un genoma di riferimento con Stacks

11:00-12:00 Teoria: casi di studio su dati RADSeq associati ad un genoma di riferimento

12:00-13:00 Pranzo

13:00-14:00 Presentazioni degli studenti (4)

14:00-17:00 Tutorial: analisi di popolazione con Stacks

17:00-19:00 Aiuto extra opzionale con il tutorial del giorno

### Giovedì 11 giugno 2015

09:00-11:00 Esercitazione: esportazione dei dati da Stacks

11:00-12:00 Teoria: filogenetica, filogenesi e filogeografia

12:00-13:00 Pranzo

13:00-14:00 Teoria: utilizzo di dati provenienti da Stacks per analisi filogeografiche

14:00-17:00 Tutorial: inferenza filogenetica e filogeografica con dati provenienti da Stacks

17:00-19:00 Aiuto extra opzionale con il tutorial del giorno

### Venerdì 12 giugno 2015

09:00-10:00 Teoria: setup sperimentale per la produzione di dati RADseq

10:00-11:00 Presentazioni degli studenti (4)

11:00-12:00 Teoria: conoscere i vostri dati: la tecnologia NGS per RADseq

12:00-13:00 Pranzo

13:00-14:00 Presentazioni degli studenti (4)

14:00-15:00 Teoria: futuri sviluppo del software Stacks (**provvisorio**)

15:00-17:00 Dibattito (**orario flessibile**)

17:00-19:00 Aiuto extra opzionale con il tutorial del giorno

## Con il patrocinio di



## Sponsorizzato da

