



ID de aportación : 42

Tipo: Oral

EasyAmpR: genotipado de amplicones multilocus de secuenciación masiva en R

La secuenciación masiva de librería de amplicones permite generar en paralelo datos para decenas o miles de loci y gran cantidad de muestras en un mismo experimento. Los sesgos, calidad de secuenciación y la gran cantidad de datos imponen algunos retos en el genotipado de muestras a partir de este tipo de datos genéticos. EasyAmpR es el primer paquete de R diseñado para automatizar el genotipado muestras de individuos diploides a partir de secuencias de librerías de amplicones de secuenciación masiva, tales como Illumina MiSeq o NovaSeq. Propone un flujo de trabajo que comienza con el demultiplexado de los loci, determinación de variantes con *dada2* y genotipado a partir de las variantes. Además, incluye varias funciones útiles para conversión entre formatos exportar resultados en forma de tablas y FASTA. Probamos exitosamente EasyAmpR en librerías multiplex de 30 loci para un estudio de genética de poblaciones de una especie de roedor del Sudeste Asiático, comparando las secuencias generadas por EasyAmpR con datos publicados para la misma especie.

¿Presentas la comunicación a premio?

Afiliación (del autor)

Estación Biológica de Doñana - CSIC

Autor primario: CAMACHO SÁNCHEZ, Miguel (Estación Biológica de Doñana)

Coautor: LEONARD, Jennifer (Estación Biológica de Doñana)

Presentador: CAMACHO SÁNCHEZ, Miguel (Estación Biológica de Doñana)

Clasificación de pistas: Ciencias naturales