



DEPARTAMENTO DE FITOPATOLOGIA - UFV
FIP-680 POPULATION BIOLOGY OF PLANT PATHOGENS



Programs and dataset

Prof. Eduardo S. G. Mizubuti
DFP-UFV

Instalação de Programas

1.1. O programa R e pacote úteis

1.2. Arlequin 3.5.x

1.3. DnaSP 6.0

1.4. GenClone

1.5. SplitsTree4

1.6. RDP 4.9

1.7. Structure

1.8. GenePop

1.9. Datamonkey

Conjuntos de dados

1. Instalação de Programas

1.1. O programa R e pacote úteis

Clique no link: <https://cran.fiocruz.br/> → Clique em “Windows” → Clique em “base”
Clique em “Download R 3.X.Y for Windows”

Instale o programa em seu computador.

Após instalar, abra o programa (clique no ícone R) → Clique no menu Pacotes (Packages) → Selecione a opção “Instalar pacotes” → Selecione um “mirror”, por exemplo Brazil(PR), e clique OK → Procure pelo pacote “vegan” e clique OK. Outros pacotes que poderão ser instalados: `poppr`; `diveRsity`; `iNEXT`; `RClone`; `genepop`. Após instalar os pacotes você poderá carregá-los na memória com o comando: `library(vegan)`

Sugestão: Instale o ambiente gráfico RStudio: Clique em <https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/>

1.2. Arlequin 3.5.x

<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arl35Downloads.html>

1.3. DnaSP 6.0

<http://www2.ub.es/dnasp/downloadTv6.html>

1.4. GenClone*¹

<http://wwz.ifremer.fr/clonix/Logiciels/GenClone-2.0#down%20page>

1.5. SplitsTree4

<http://ab.inf.uni-tuebingen.de/data/software/splitstree4/download/welcome.html>

1.6. RDP 4.9

<http://web.cbio.uct.ac.za/~darren/rdp.html>

1.7. Structure

https://web.stanford.edu/group/pritchardlab/structure_software/release_versions/v2.3.4/html/structure.html

1.8. GenePop*¹

<http://genepop.curtin.edu.au/>

1.9. Datamonkey

<http://www.datamonkey.org/dataupload.php>

Antes de iniciar as análises, verifique se o software que pretende utilizar é capaz de processar corretamente os dados gerados pelo marcador molecular utilizado. Por exemplo, GenePop e o pacote

¹ * Disponíveis como programas independentes e como pacote do R [`'RClone'`, `'genepop'`]

'diveRsity' são adequados para marcadores multialélicos (não funcionam para RAPD, AFLP etc.). o SplitsTree somente processa dados de sequências de DNA.

2. Conjuntos de dados

O arquivo dados_1.xls contém quatro conjuntos de dados que estão em abas distintas na planilha.

Conjunto 1: Resultados da inoculação de vários isolados numa série diferenciadora.

Conjunto 2: Resultado de análise por marcador do tipo AFLP em duas populações de um patógeno X; uma associada a plantas Solanaceae e outra a Cucurbitaceae.

Conjunto 3: Constituição alélica de locos microssatélites de isolados distribuídos em três regiões geográficas.

Conjunto 4: Contém sequências de um a patógeno que afeta mono e dicotiledôneas.