

GCATGCATGCATGCATGCATGCATGCATGCA **N**extGenerationSequencing AmpSeq

CATGCATO JUATOLA 'GCATGCA ATGCATGCATGCA CAATG CATGON **GCATGCATGCATGCATGCA** *TGCATGCATGCATGCATGCATGCA TATGCATGCATGCAT? CATGO ATGC ATGCATGCATGCATG GCATGCAATGCATG SCAGTGCATGCAT ATGCA" SCATEL TATGCAN **CATGCA** 'ATCGCA' TGCATGC ATGCATGC ATGCATGC TGCATG **"GCAT** CATG `*TGC*

CATGCATGC*

ATGCATGCATGC

ATGCATGCA CATGCATGC JGCATGCA ATGCATG

ATGCATGO ATGCAAT ΤGCATGC ΓGCAGG1 **NTGCATG**

- LAIGCATGCATGCATGCATGCA. I & CATGCATCGCATGCATCGCATGCATGCATGCATG

> **Niklaus Zemp** June 2020

Bioinformatics Genetic Diversity Centre (GDC) **ETH Zurich**

JCATGCATG LATGCATGCAIGCATG STGS. GCAATG NGCATGCATGCATGCATGCATA 76 CATGCATAAAGCA) SCAT JUATGCATGCATTCCATCC LATGCATGCATGCATGCA TGCATGCATGCAATGCATTT GCATGCAGTSCATGCATGC CATGCATGCA[®] JCATGCATGCA ATGCATGCATGCAT CATGCATGU TECATGCAT THERITGETA ATGCATG JAT G CAT



Eating behaviour of grasshoppers







Pitteloud, unpublished



tabarcoding

 Composition known from field observation Option: literature, metagenomic approach, pilots
Primers design-What can be detected?
Establish databases based on Sanger Sequencing Option: literature, ncbi
Long Illumina paired-end reads e.g. Miseq for all samples Option: PacBio

Similar to RNAseq have replicates





• Using qRT-PCR to valdiate some of your candidates