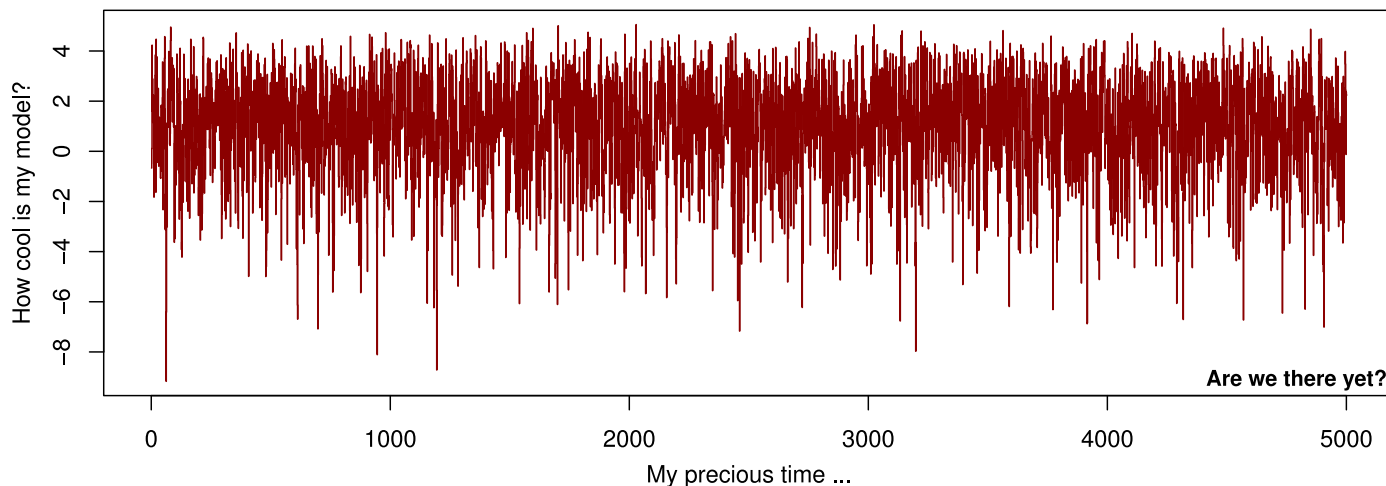


Workshop: MCMC passo a passo

Uma visão prática de métodos Monte Carlo para inferência Bayesiana e aplicações usando modelos comparativos filogenéticos



Diversos métodos estatísticos para o estudo de ecologia e evolução usam inferência Bayesiana com Markov chain Monte Carlo (MCMC) para estimar parâmetros de modelos. Novos métodos são descritos com frequência e estão se tornando cada vez mais populares. O curso visa abrir a caixa-preta do Markov chain Monte Carlo e métodos similares para navegar pelos seus componentes e compreender suas aplicações. Usando uma linguagem simples, diversos exemplos e tutoriais vamos investigar como o MCMC estima a distribuição posterior de parâmetros, como identificar problemas nas cadeias e quais diagnósticos usar para verificar convergência. O objetivo principal é desenvolver uma visão intuitiva para facilitar o uso de métodos Bayesianos baseados em MCMC. Como exemplos, vamos explorar e aplicar uma série de modelos comparativos filogenéticos.

Palestrante: Daniel Caetano é estudante de doutorado na University of Idaho (EUA) e trabalha com o desenvolvimento de métodos comparativos filogenéticos usando inferência Bayesiana para estimar taxas de evolução de caracteres.

Público alvo: Pessoas que já utilizam ou pretendem utilizar métodos que implementam MCMC e/ou que possuem interesse sobre como o método funciona. Conhecimento da linguagem R é importante para um melhor aproveitamento do curso.

Data e local: 15 a 17 de Fevereiro de 2016 no Instituto de Biociências, USP, São Paulo.

Inscrição: Email para 'caetanods1@gmail.com' com o título "Inscrição workshop". Email deve conter breve texto sobre método(s) (exemplo de software) que você utiliza (ou pretende utilizar). Caso não use nenhum método, comentar sobre o interesse no workshop. Favor indicar se possui experiência com o R.

Mais informações visite <https://github.com/Caetanods/workshop>

Apoio: **University of Idaho**
College of Science