
TEMA 4 Programas para la edición de árboles filogenéticos

Contacto: Maite Aguado (maite.aguado@uam.es)

PROGRAMAS NECESARIOS

Existen numerosos programas específicos para la edición gráfica de los árboles filogenéticos obtenidos en el tema 3. En este curso vamos a ver dos alternativas ampliamente usadas. Si bien todos los árboles que hayas guardado en formato .emf puedes editarlos en PowerPoint.

(1) Figtree, un programa gratuito que te puedes descargar desde la web:

<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>

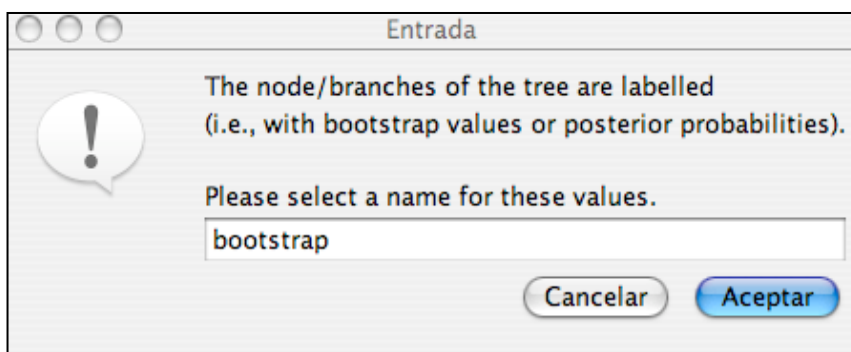
(2) ITOL Interactive Tree of Life, está accessible en la página web:

<http://itol.embl.de/>

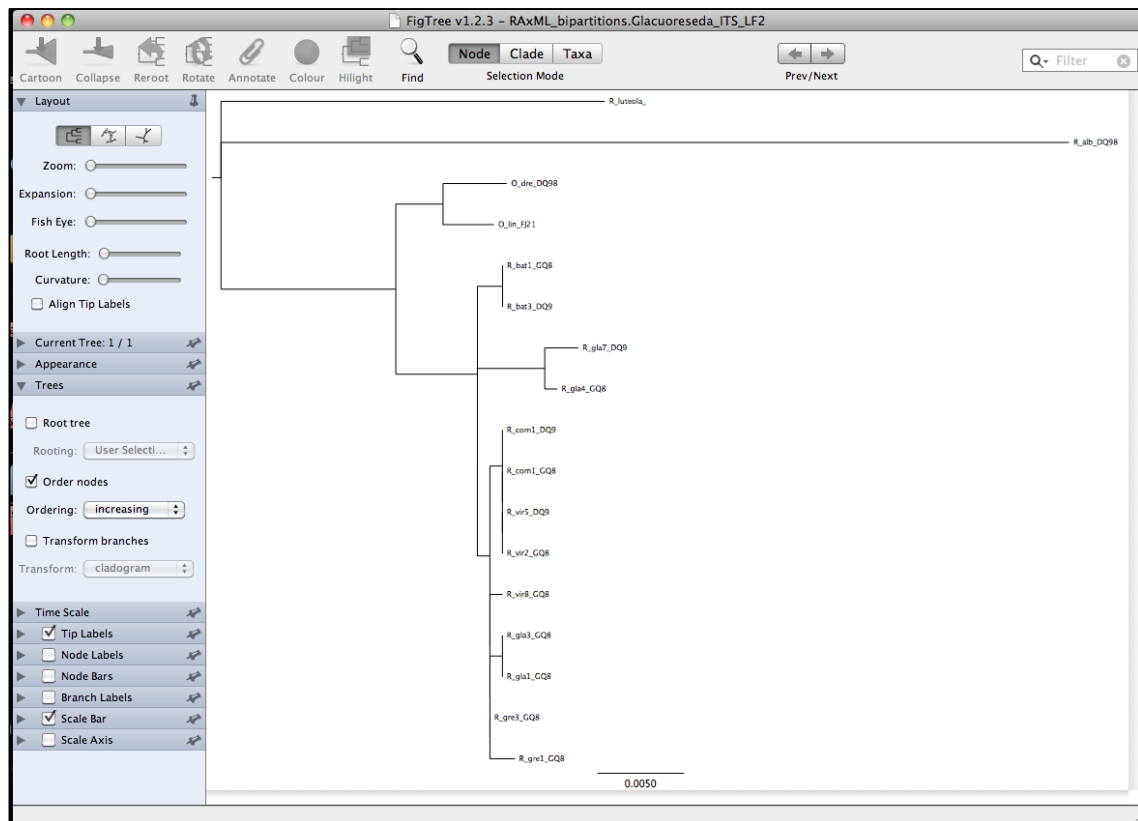
METODOLOGÍA Y PRÁCTICA

I. Figtree para obtener gráficos

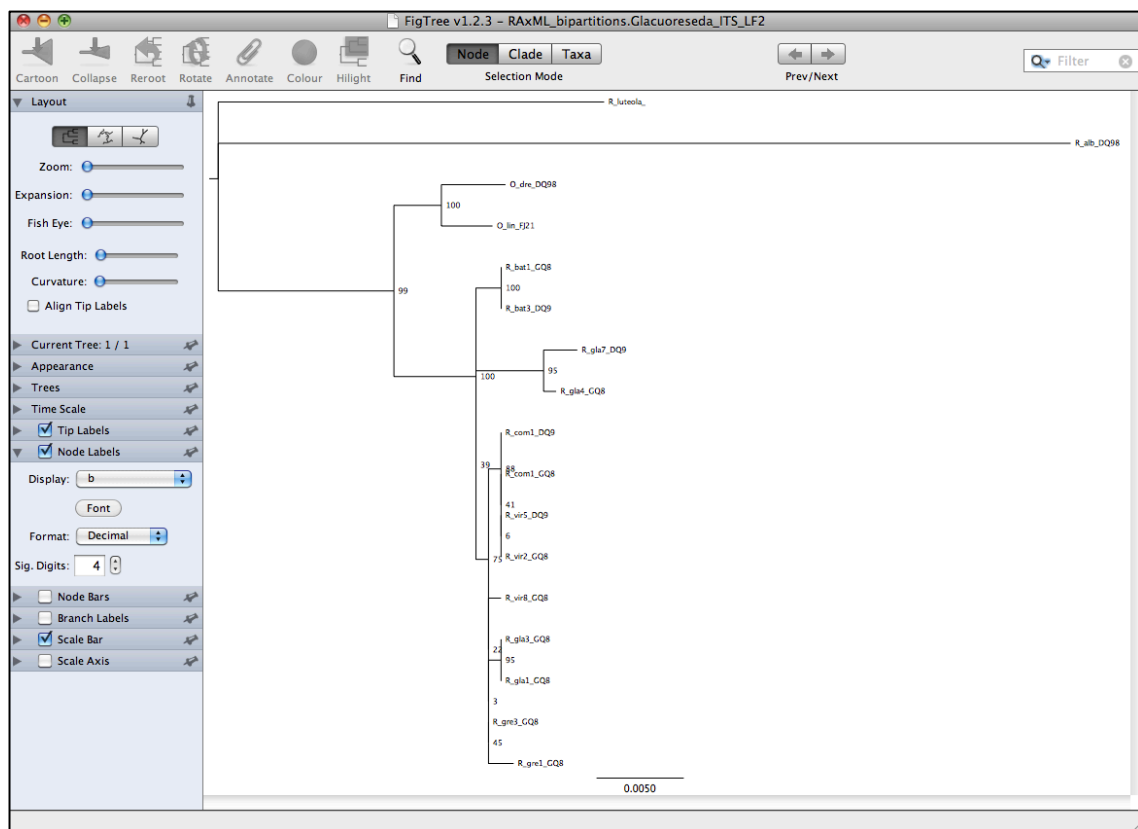
Paso 1. Abre el programa Figtree y en “File” selecciona el archivo “RAxML_bipartitions.Glacuoreseda_ITS_LF.tre” generado como output en los ejercicios del tema 3.6. Aunque en la práctica utilizaremos este árbol de bootstrap, en las publicaciones se ha de presentar el árbol de consenso generado en una de las búsquedas. Generalmente, se utiliza el que presenta la topología más resuelta y posteriormente se le añaden los valores de apoyo. Por ello, es frecuente encontrar clados que presentan tres apoyos (el *bootstrap* del clado obtenido con MP y el obtenido con ML, además de el valor de *posterior probability* obtenido para ese clado con BI). Por el contrario otros clados, sólo tendrán por ejemplo el valor de *posterior probability* obtenido con BI, ya que ese clado no se recupera al analizar la matriz de datos bajo MP y ML. Nos aparecerá una ventana del tipo:



Escribe “bootstrap” . Al aceptar obtendremos un gráfico con el árbol de bootstrap:

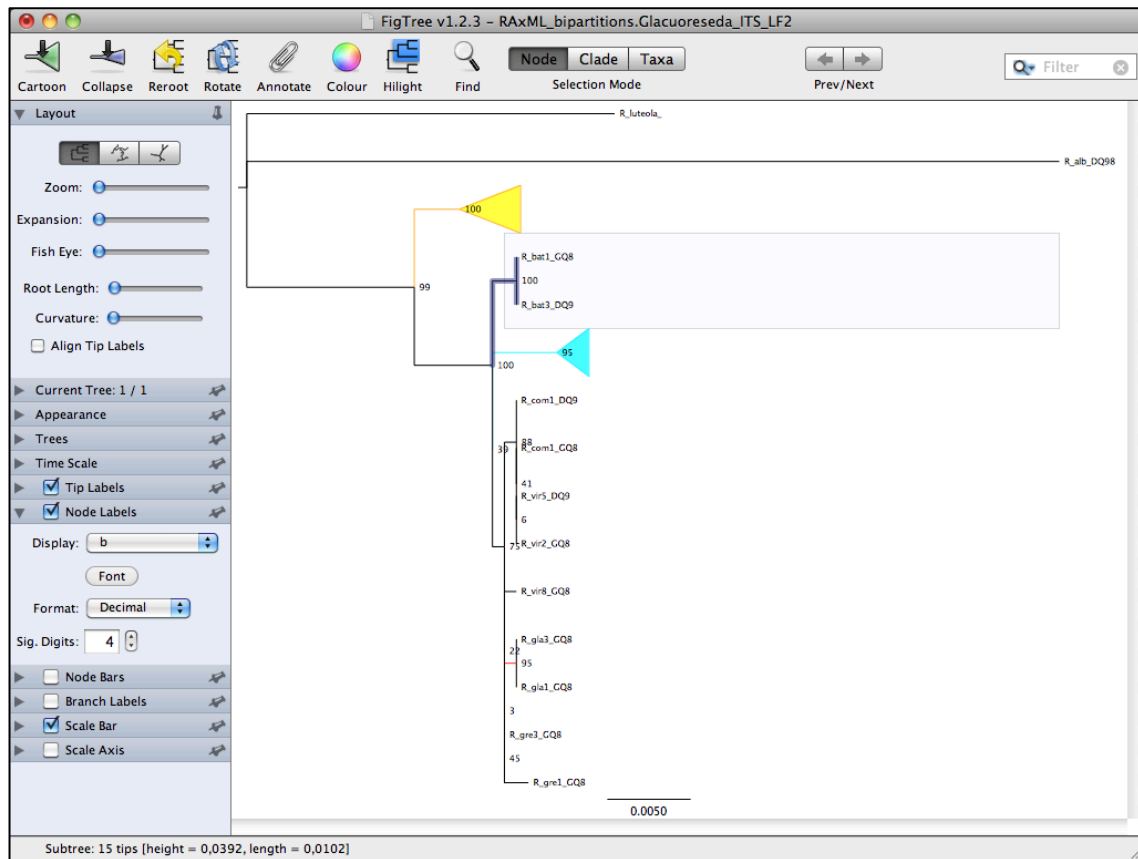


Paso 2. Para obtener los valores de bootstrap de cada clado seleccionando en la barra lateral “Node labels” y en su “Display” seleccionando la opción “bootstrap”.



Paso 3. Podríamos cambiar el *outgroup* simplemente seleccionándolo con el ratón y pulsando en la opción “reroot”. Podríamos igualmente modificar la estética del gráfico jugando con todas las posibilidades que ofrece el programa.

Por ejemplo, podemos colapsar clados con la herramienta “collapse” y utilizar después “colour” para darles color.



Paso 4. Finalmente, para guardar el gráfico selecciona “Export Graphics” en “File”.

III. Otros visors gráficos: IOTL Interactive Tree of Life

Paso 1. Entra en la web: <http://itol.embl.de/>

HOME TREE OF LIFE OTHER TREES SHARED PROJECTS DATA UPLOAD SAVED VIEWS HELP ABOUT & CONTACT

ITOL INTERACTIVE TREE OF LIFE

Welcome to iTOL!

Interactive Tree Of Life is an online tool for the display and manipulation of phylogenetic trees. It provides most of the features available in other tree viewers, and offers a novel circular tree layout, which makes it easy to visualize mid-sized trees (up to several thousand leaves). Trees can be exported to several graphical formats, both bitmap and vector based. [more...](#)

News

- Version 2.1 introduces a new dataset type, [circles](#). Recent additions also include the ability to assign dataset values with internal nodes. These will be displayed only when associated clades are collapsed. Check the [Help pages](#) for details.
- Second iTOL article was published in 2011 NAR Web server issue ([abstract](#), [full text PDF](#)).

ITOL account login

Login: Password:

☐ Remain logged-in?

Firefox toolbar

If you are using Mozilla Firefox to access iTOL, try our [Firefox toolbar](#).

Recent changes

Version 2.1.1

- branches can be marked with [custom labels](#)
- Dataset labels are optional in exported trees

Version 2.1

- New dataset type: [circles](#)
- Several datasets (binary, bar chart, multi-value bar chart, protein domains) support display of values assigned with internal nodes of the tree. These values will only be displayed when associated clades are collapsed.

Version 2.0.1

- Pie chart position on each branch can be defined: [example](#)

Version 2.0

- New dataset type: [connections](#)

Version 1.9

- custom information can be displayed in node popups; basic HTML and CSS are supported, with links and images

Version 1.8.3

- trees can be rerooted when exported through batch access

Version 1.8.2

- name based node filtering in the automatic NCBI tree generator

Version 1.8.1

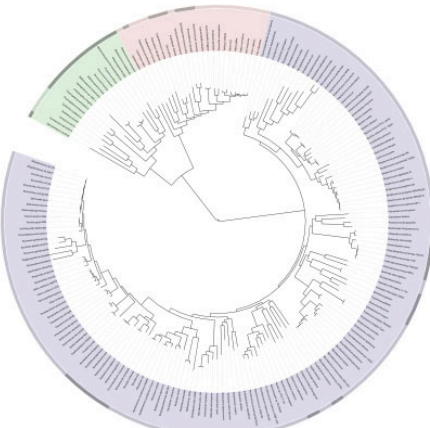
- protein IDs/ACCs (Uniprot and NCBI) supported in the automatic NCBI tree generator

Version 1.8

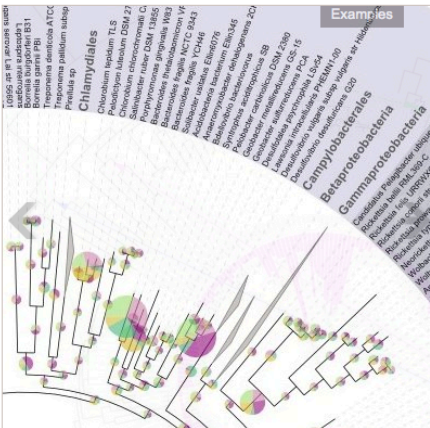
- new tree display mode: [unrooted](#)
- branches can be automatically colored based on bootstrap values

[Full version history](#)

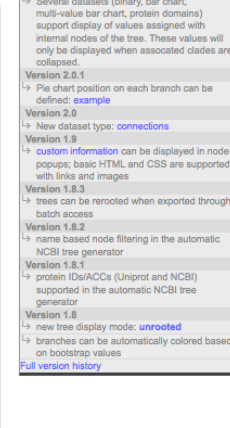
The Tree Of Life



Various iTOL generated tree images



Examples



Paso 2. En “data upload” carga el archivo .tre que desees y visualiza el gráfico. Una vez cargado el archivo iremos a “go to the main display page”.

HOME TREE OF LIFE OTHER TREES SHARED PROJECTS DATA UPLOAD SAVED VIEWS HELP ABOUT & CONTACT

Tree: **glacurese** Views: [current](#) | [saved](#)

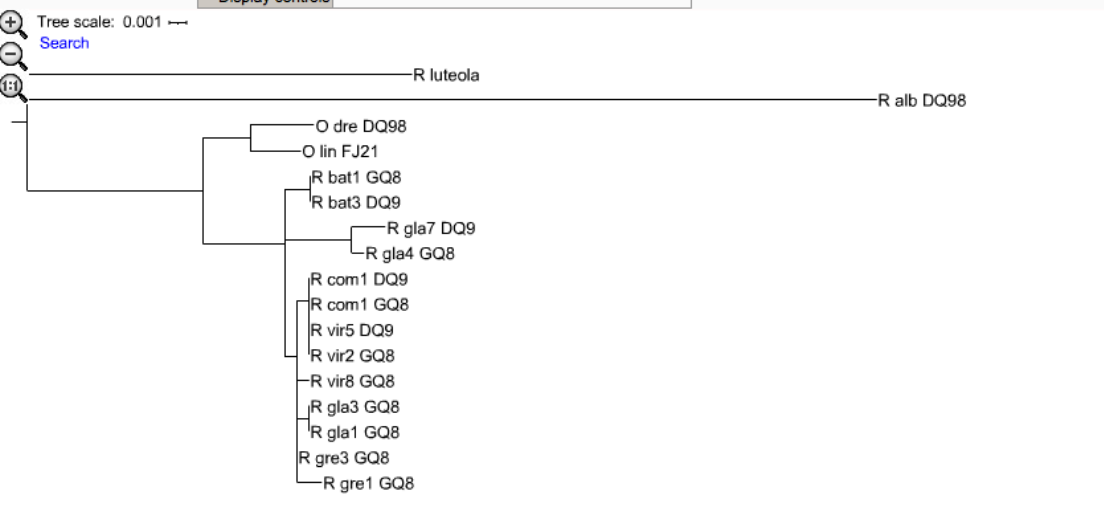
[Update tree](#) [Reset tree](#) [Export tree](#)

Basic controls Mode: **Normal**

Advanced controls ☐ Ignore branch lengths ☐ Align leaf labels

Display controls

Tree scale: 0.001 [Search](#)



— R luteola

— R alb DQ98

— O dre DQ98

— O lin FJ21

— R bat1 GQ8

— R bat3 DQ9

— R gla7 DQ9

— R gla4 GQ8

— R com1 DQ9

— R com1 GQ8

— R vir5 DQ9

— R vir2 GQ8

— R vir8 GQ8

— R gla3 GQ8

— R gla1 GQ8

— R gre3 GQ8

— R gre1 GQ8

Paso 3. En “Basic controls” puedes modificar el modo (normal, circular, unrooted).

Paso 4. En “Advance controls” puedes, entre otras opciones, seleccionar la opción que permite ver los valores de soporte de las ramas (p.ej. Bootstrap).

Paso 5. Cada vez que modifiques algo en alguna de las pestañas pulsa el botón "Update tree" par aver el resultado.

