

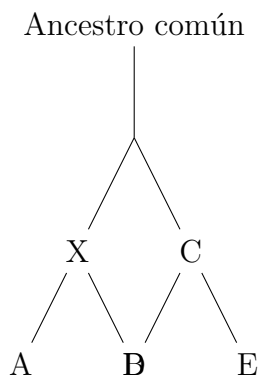
# Ejemplo de un árbol filogenético construido desde L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X

Curso de L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X

October 12, 2023

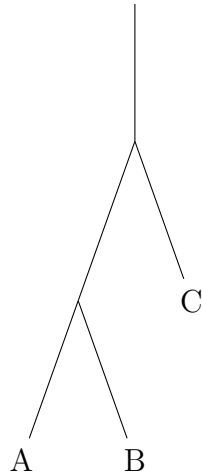
Existen varias herramientas de L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X para construir gráficos de árboles, y una que resulta especialmente útil para los árboles filogenéticos se encuentra en el paquete `tikz`, a través del comando `child`.

Ejemplo de un árbol filogenético enraizado:

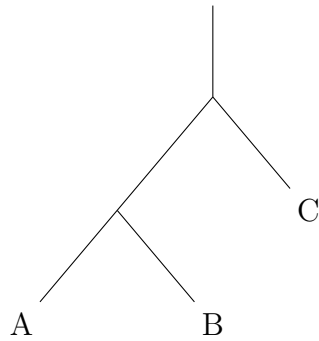


Podemos modificar el diseño de las ramas del árbol con las distintas opciones que nos ofrece esta biblioteca, por ejemplo el largo de las ramas y su separación:

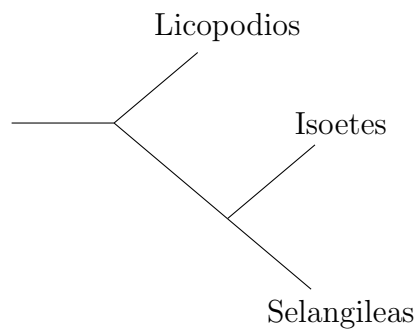
Ancestro común



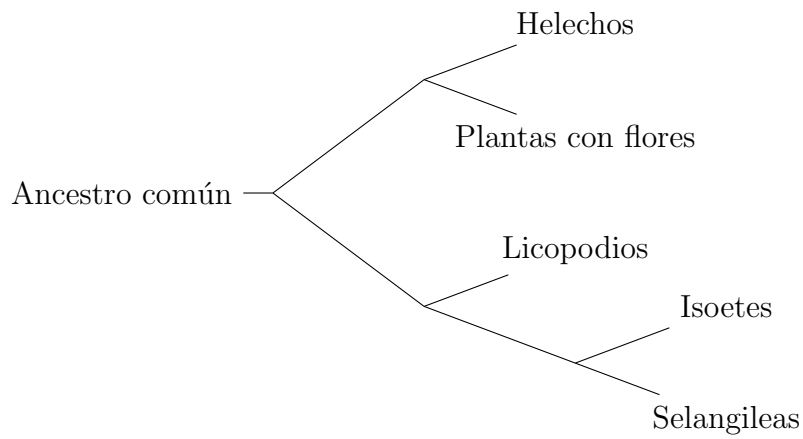
Ancestro común



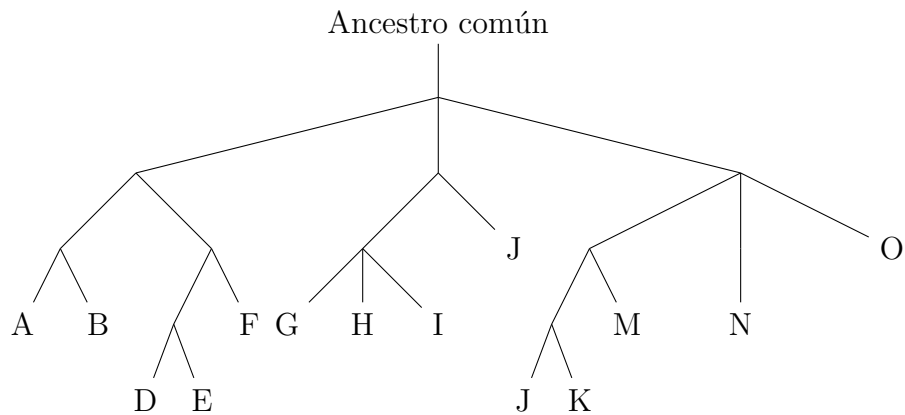
También podemos hacer que el árbol crezca en diferentes direcciones:



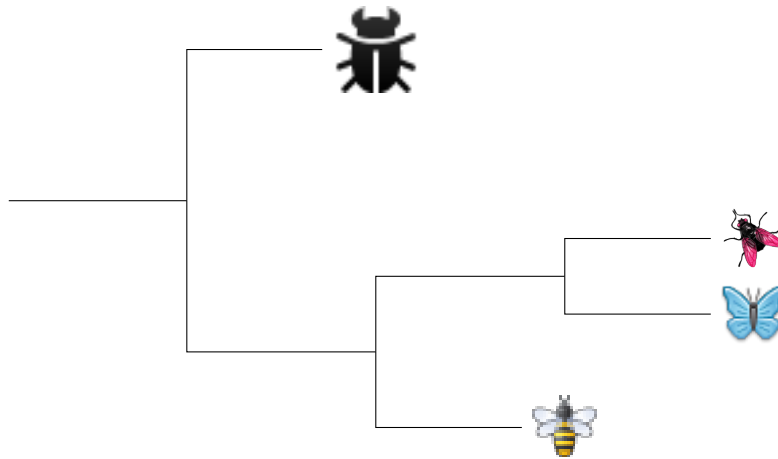
Cuando el árbol crece más, es necesario ampliar la distancia entre sus ramas, para que estas no se solapen. Para conseguirlo, podemos aplicar una distancia diferente entre las ramas a cada uno de los niveles del árbol:



Si el primer nivel del árbol contendrá solo a la raíz del mismo, podemos omitir definir la distancia de las ramas en este nivel y comenzar a hacerlo a partir del segundo nivel, por ejemplo para un árbol de 5 niveles:

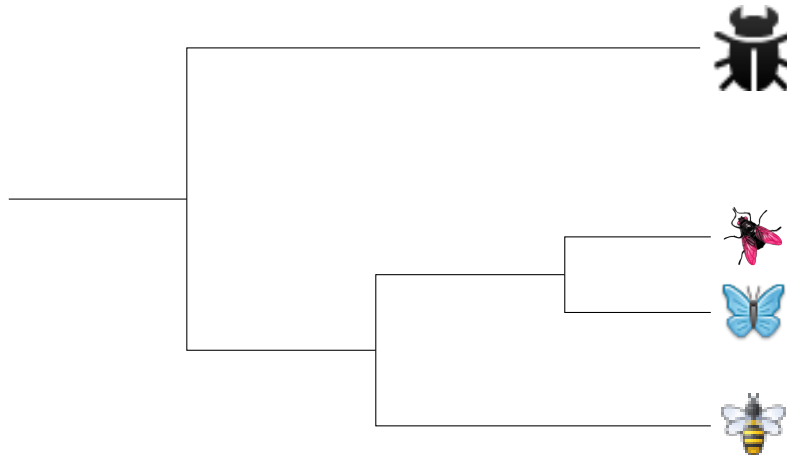


Un árbol filogenético representado con un cladograma, requeriría de un cambio adicional para conseguir que las ramas mostraran un ángulo recto:



Nota: el cladograma anterior muestra la relación entre varios grupos de insectos.

Si quisiéramos poner al mismo nivel a todas las hojas del árbol, podemos modificar su distancia en las opciones de cada comando `child`:



Para conocer el resto de las opciones para árboles del paquete `tikz` y ver ejemplos más avanzados, puedes consultar su documentación completa en la siguiente dirección: [http://www.sfu.ca/~haiyunc/notes/Game\\_Trees\\_with\\_TikZ.pdf](http://www.sfu.ca/~haiyunc/notes/Game_Trees_with_TikZ.pdf)