

Curso de Análisis Evolutivo de Genomas en el Linaje Verde, casos prácticos con Orthofinder y otras herramientas complementarias

Marcos Ramos González
Francisco J. Romero-Campero

Research Group on Microalgae Systems Biology and Biotechnology
Dpt Computer Science and Artificial Intelligence
Institute for Plant Biochemistry and Photosynthesis
(Universidad Sevilla – CSIC)

<https://greennetwork.us.es/>

Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción, Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Count.

Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción. Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Count.

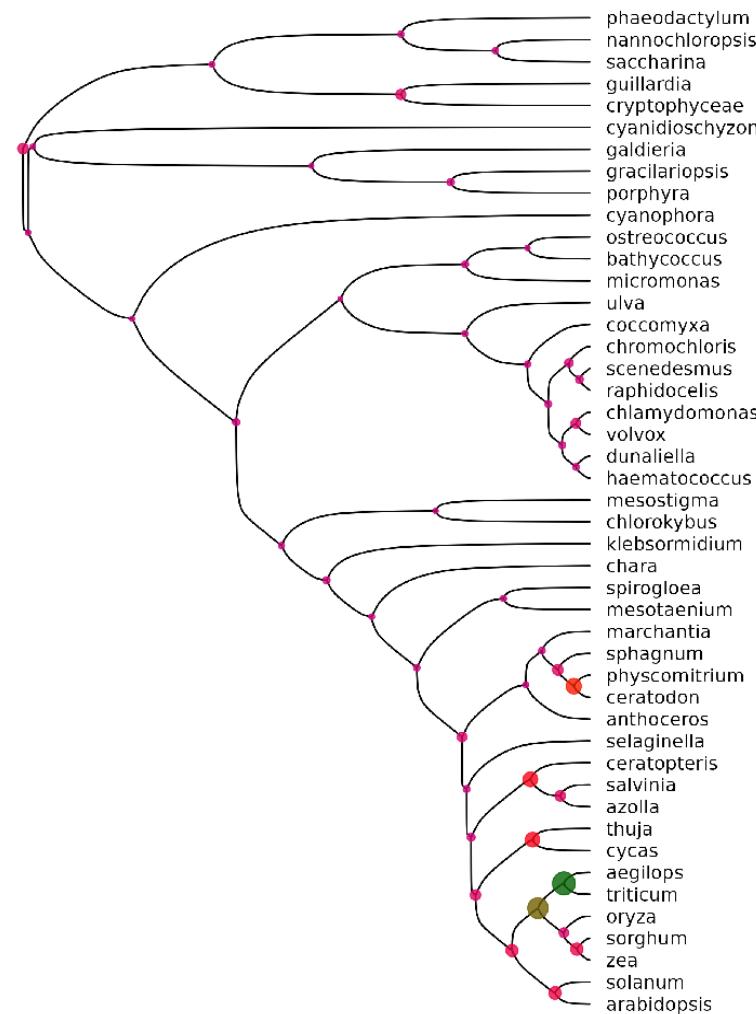


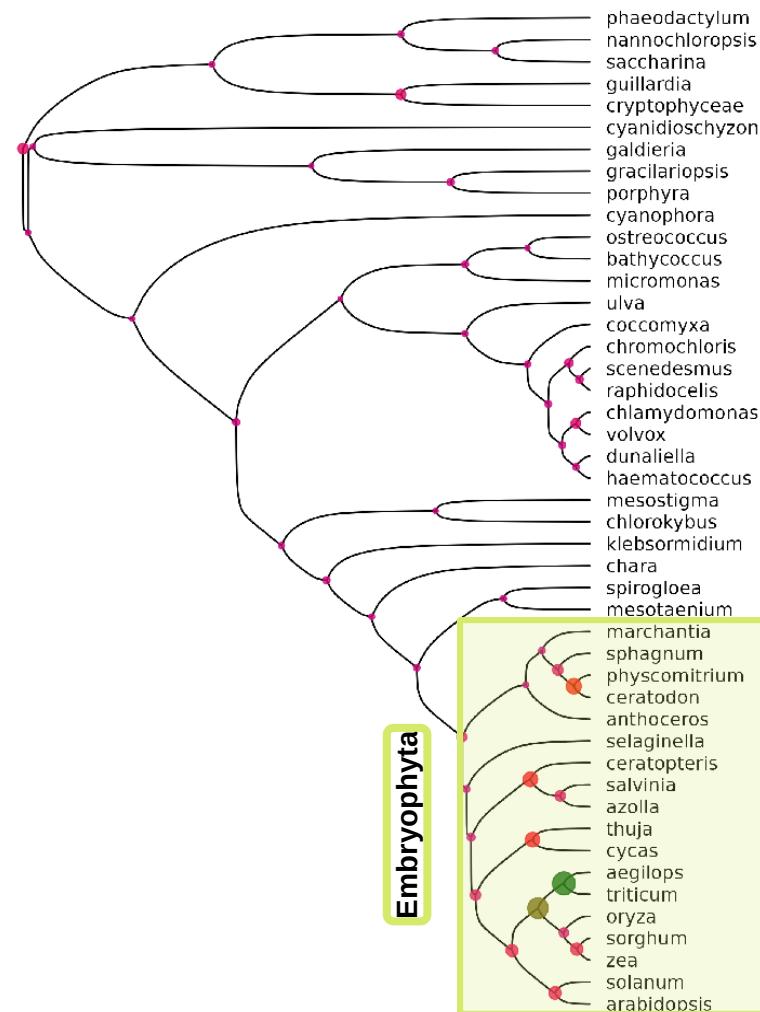
El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existente en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.



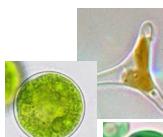
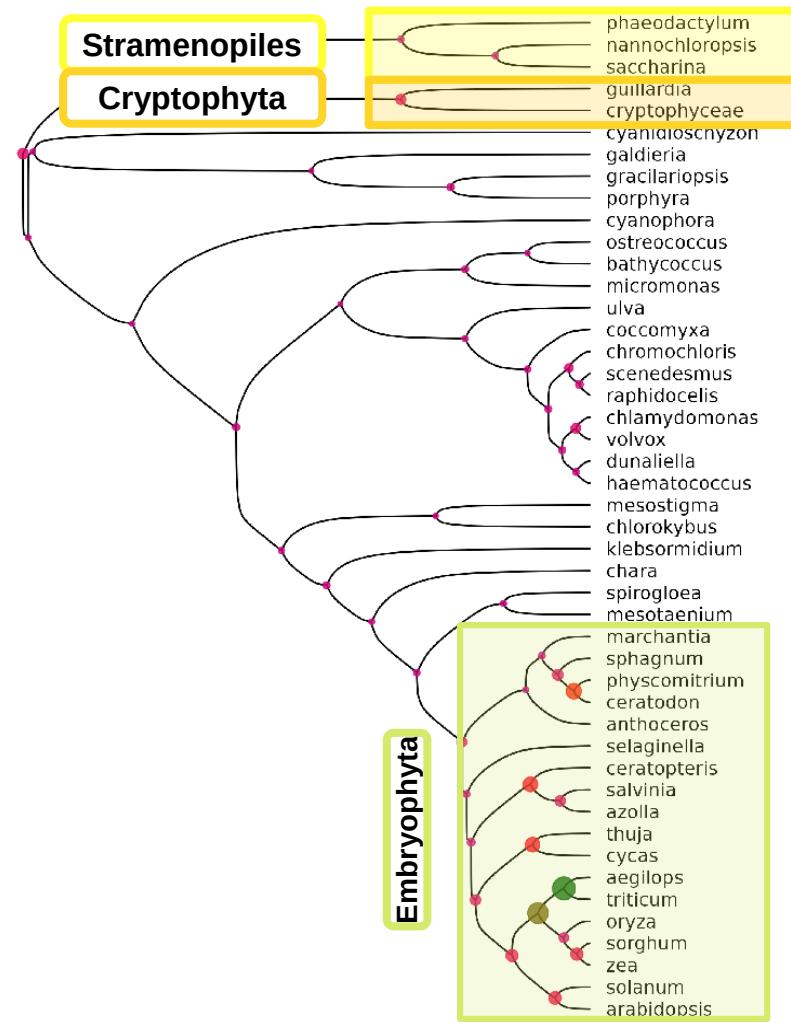


El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

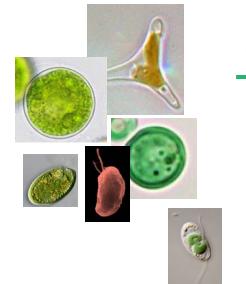
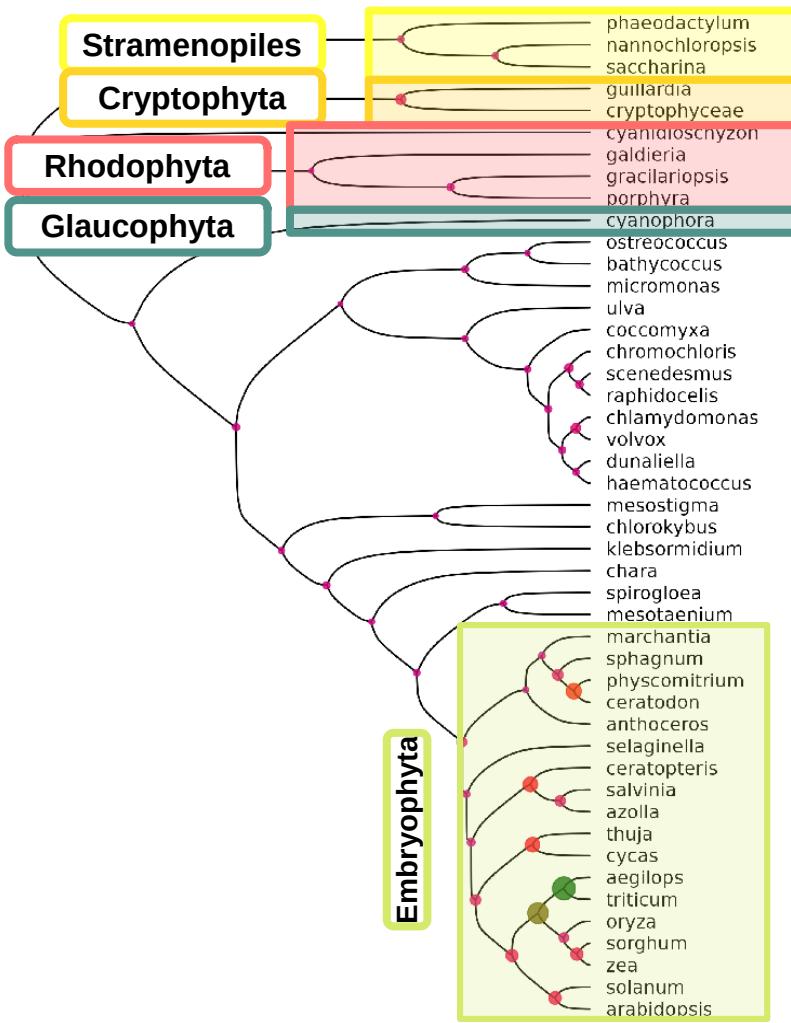
- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.



El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad



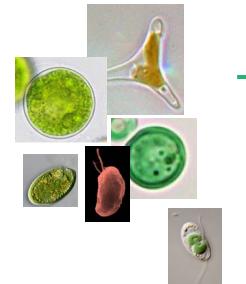
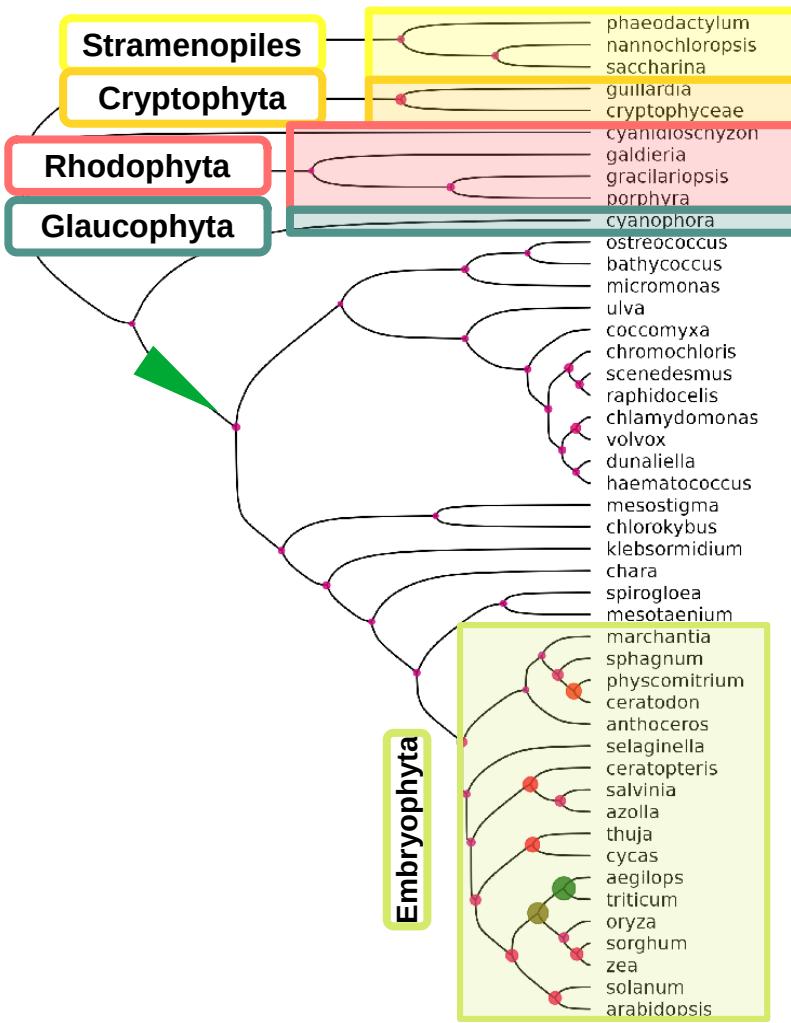
- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.



El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

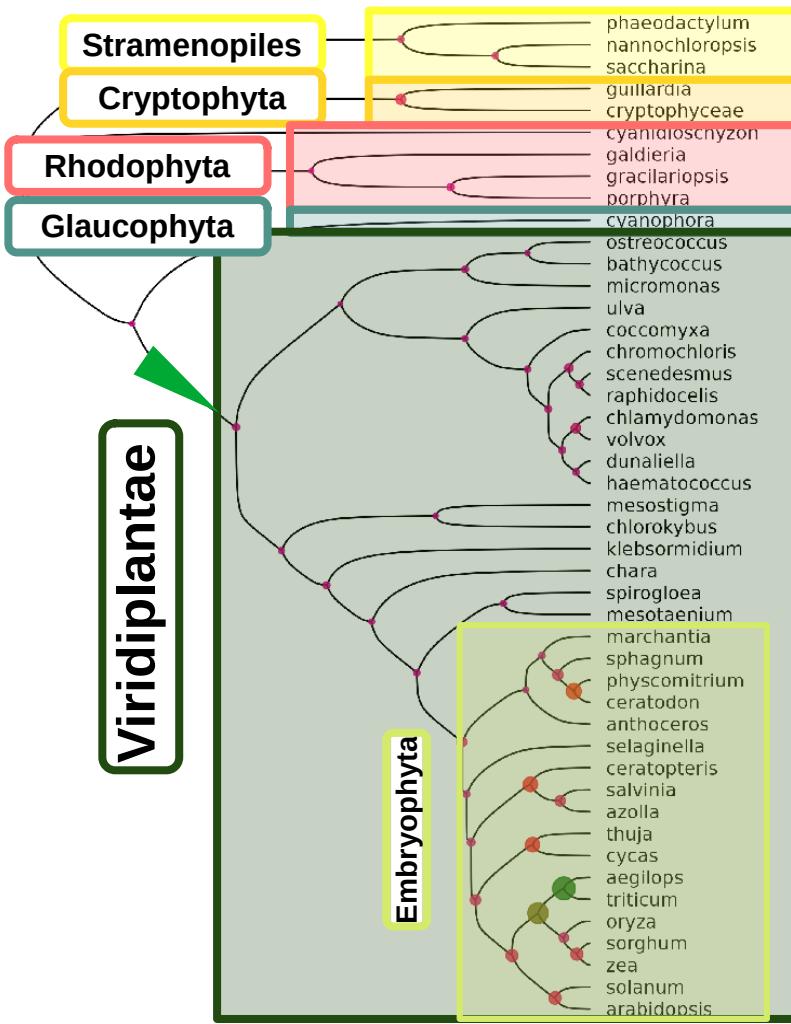




El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

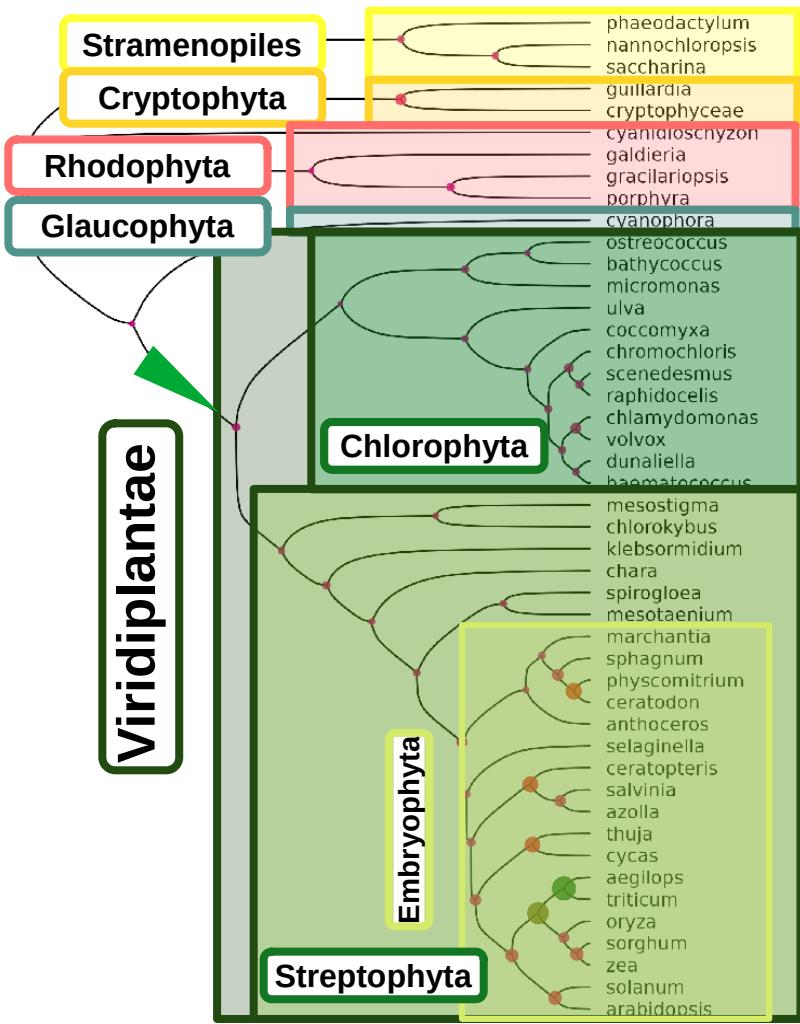




El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.





El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.



Stramenopiles

Cryptophyta

Rhodophyta

Glaucophyta

Viridiplantae

Chlorophyta

Embryophyta

Streptophyta

phaeodactylum
nannochloropsis
saccharina

guillardia
cryptophyceae

cyanidioschyzon

galdieria

gracilariopsis

porphyra

cyanophora

ostreococcus

bathycoccus

micromonas

ulva

coccomyxa

chromochloris

scenedesmus

raphidocelis

chlamydomonas

volvox

dunaliella

haematococcus

mesostigma

chlorokybus

klebsormidium

chara

spirogloea

mesotaenium

marCHANTIA

sphagnum

physcomitrium

ceratodon

anthoceros

selaginella

ceratopteris

salvinia

azolla

thuja

cycas

aegilops

triticum

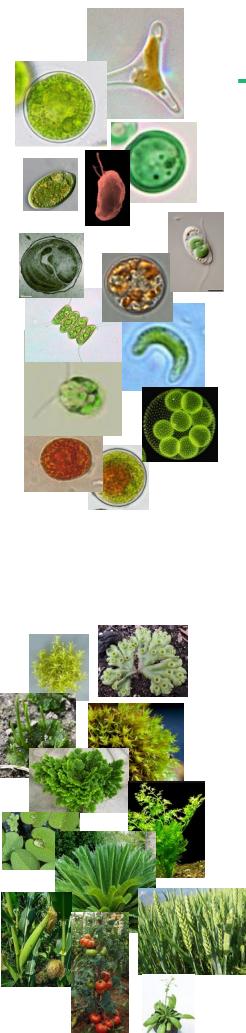
oryza

sorghum

zea

solanum

arabidopsis



El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

Stramenopiles

Cryptophyta

Rhodophyta

Glaucophyta

viridiplantae

Mamiellals

Chlorophyta

Embryophyta

Streptophyta

phaeodactylum
nannochloropsis
saccharina

guillardia
cryptophyceae

cyanidioschyzon
galdieria
gracilariopsis

porphyra
cyanophora

ostreococcus
bathycoccus
micromonas

ulva
coccomyxa
chromochloris

scenedesmus
raphidocelis

chlamydomonas
volvox

dunaliella
haematococcus

mesostigma
chlorokybus

klebsormidium
chara

spirogloea
mesotaenium

marCHANTIA
sphagnum

physcomitrium
ceratodon

anthoceros
selaginella

ceratopteris
salvinia

azolla
thuja

cycas
aegilops

triticum
oryza

sorghum
zea

solanum
arabidopsis



El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

Stramenopiles

Cryptophyta

Rhodophyta

Glaucophyta

viridiplantae

Mamiellals

Chlorophyta

Zygnematales

Embryophyta

Streptophyta

phaeodactylum
nannochloropsis
saccharina

guillardia
cryptophyceae
cyanidioschyzon
galdieria
gracilariopsis
porphyra

cyanophora
ostreococcus
bathycoccus
micromonas

ulva
coccomyxa
chromochloris
scenedesmus
raphidocelis
chlamydomonas

volvox
dunaliella
haematococcus
mesostigma
chlorokybus
klebsormidium
chara

spirogiroea
mesotaenium
marchantia
sphagnum
physcomitrium

ceratodon
anthoceros
selaginella
ceratopteris
salvinia

azolla
thuja
cycas

aegilops
triticum
oryza

sorghum
zea
solanum

arabidopsis



El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

Stramenopiles

Cryptophyta

Rhodophyta

Glaucophyta

viridiplantae

Mamiellals

Chlorophyta

Zygnematales

Bryophyta

Embryophyta

Streptophyta

phaeodactylum
nannochloropsis
saccharina

guillardia
cryptophyceae

cyanidioschyzon
galdieria
gracilariopsis

porphyra
cyanophora

ostreococcus
bathycoccus
micromonas

ulva
coccomyxa
chromochloris

scenedesmus
raphidocelis

chlamydomonas
volvox
dunaliella
haematococcus

mesostigma
chlorokybus
klebsormidium

chara
spirogiroea
mesotaenium

marchantia
sphagnum
physcomitrium

ceratodon
anthoceros

selaginella
ceratopteris

salvinia
azolla
thuja

cycas
aegilops

triticum
oryza

sorghum
zea

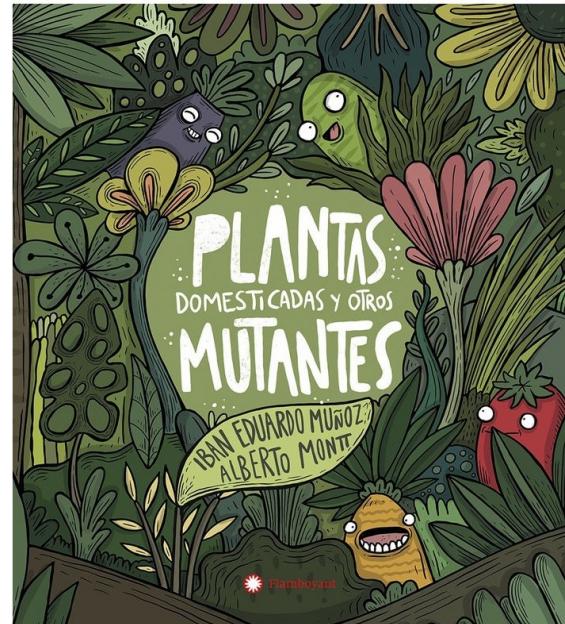
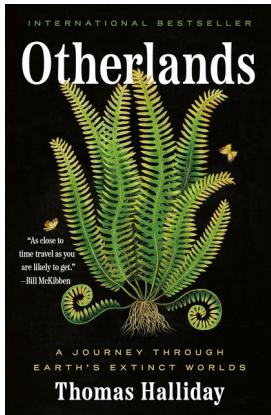
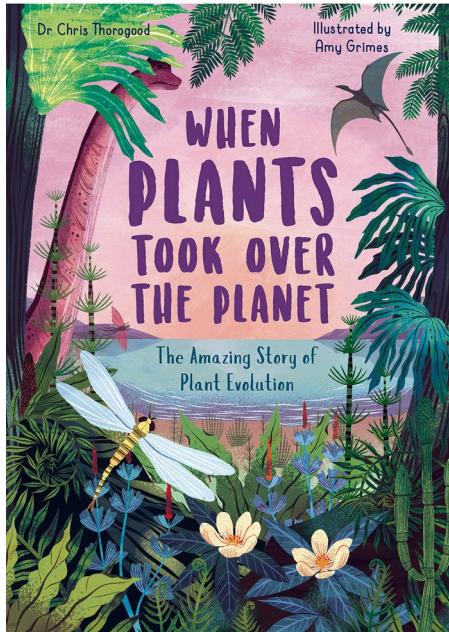
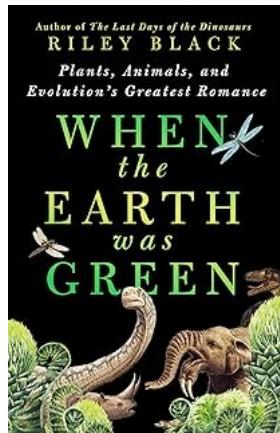
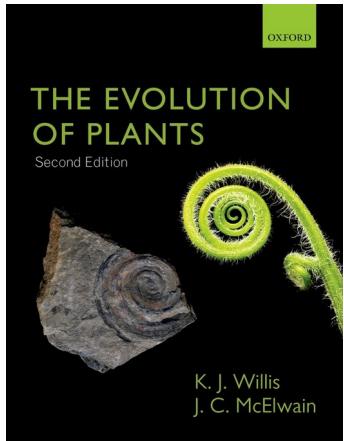
solanum
arabidopsis



El linaje Verde o Viridiplantae presenta una enorme diversidad

- De **micro/pico-algas** hasta **cultivos**.
- Tradicionalmente la diversidad en el linaje verde se clasificaba según **características fenotípicas y morfológicas**.
- La clasificación evolutiva en el linaje verde se realiza tradicionalmente basada en el **registro fósil**.
- El desarrollo de las **técnicas ómicas** en concreto de la genómica ha hecho posible realizar clasificaciones basadas en la **similitudes/diferencias entre los genomas**.
- Basados en comparaciones entre los genomas de especies existentes en la actualidad es posible **inferir historias evolutivas**.
- Esto es un reto especial en el linaje verde dado el alto dinamismo en los genomas vegetales lo cuales son especialmente propensos a **ganancias y pérdidas génicas**.

Bibliografía Divulgativa sobre Evolución Vegetal



Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción, Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Counts.

Bases de Datos Genómicos en el Linaje Verde

Las **bases de datos genómicos** son unas **plataformas esenciales** en la actualidad que **almacenan, organizan y dan acceso** a datos de **secuencias** de DNA, RNA y proteína junto con **anotaciones funcionales** y herramientas para realizar **análisis comparativos**.

En el campo de la biología vegetal estas bases de datos juegan un papel central como **tecnologías capacitadores** para explorar **funciones** génicas, **estructuras** genómicas y **relaciones evolutivas** a lo largo de múltiples especies.

Las bases de datos genómicos se usan tanto en **ciencia vegetal básica** como **biotecnología vegetal** y **ecología vegetal**.

Existen **principalmente tres bases de datos genómicos en el linaje verde**:

- Ensembl Plants
- Phytozome
- Phycocosm



Ensembl Plants

Ensembl Plants es parte del proyecto general de **Ensembl Genomes**. Esta base de datos proporciona acceso a datos a escala genómica de una amplia gama de especies vegetales incluyendo **organismos modelos, cultivos y sus parentales salvajes**. Ofrece de forma integrada **secuencias genómicas, transcriptómicas y proteómicas** junto con información sobre **variación natural**.

The screenshot shows the Ensembl Plants homepage. At the top, there's a search bar with "All species" selected, a "Go" button, and a placeholder "e.g. Carboxy" or "chx28". Below the search is a navigation menu with links to HMMER, BLAST, BioMart, Tools, Downloads, Help & Docs, and Blog. On the right side, there's a "Login/Register" link and a search bar for "Search Ensembl Plants...".

The main content area has two sections: "All genomes" and "Favourite genomes". "All genomes" includes a dropdown menu for selecting a species and a link to "View full list of all species". "Favourite genomes" lists several species with their logos and names: *Arabidopsis thaliana* (TAIR10), *Oryza sativa* Japonica Group (IRGSP-1.0), *Triticum aestivum* (IWGSC), *Hordeum vulgare* MorexV3_pseudomolecules_assembly, *Zea mays* Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0, and *Physcomitrium patens* Physpa_V3.

To the right, under "Wheat assemblies", it says: "Ensembl Plants hosts the RefSeq v1.0 assembly from the IWGSC, including:" followed by a list of wheat-related resources and links.

Below that is a section titled "Archive sites" listing release archives from May 2024 to Sep 2019. At the bottom left is a "What's New in Release 61" section with a "New genomes" bullet point. At the bottom right is a "Did you know?" section and the Gramene logo.

Ensembl Plants

plants.ensembl.org/index.html

Ensembl Plants · HMMER | BLAST | BioMart | Tools | Downloads | Help & Docs | Blog

Search: All species for Go e.g. Carboxy* or chx28

All genomes

Select a species – View full list of all species

Favourite genomes

-  **Arabidopsis thaliana**
TAIR10
-  **Oryza sativa Japonica Group**
IRGSP-1.0
-  **Triticum aestivum**
IWGSC
-  **Hordeum vulgare**
MorexV3_pseudomolecules_assembly
-  **Zea mays**
Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0
-  **Physcomitrium patens**
Physpa_V3

What's New in Release 61

- New genomes

Did you know ?

Wheat assemblies

Ensembl Plants hosts the [RefSeq v1.0 assembly](#) from the IWGSC, including:

- The IWGSC RefSeq v1.1 gene annotation, with links to [wheat expression browser](#) and [KnetMiner](#)
- 17 wheat cultivars from the [10+ genome project](#) and other sources including comparative analysis across the different lines
- ~90 million variants from the [Watkins Landrace Wheat Collection](#)
- Axiom 35K, 820K SNP arrays from [CerealDB](#), including QTL links in selected cases and Linkage Disequilibrium display - see QTL example [here](#). 820K variants have been lifted over to the chromosomal level 10+ wheat cultivars
- EMS-induced mutations from sequenced TILLING populations of Cadenza (coding regions) and Kronos (coding regions and promoters)
- Inter-Homologous Variants (IHVs) between the A, B and D genome components
- Chromosome specific KASP markers from the Nottingham BBSRC Wheat Research Centre
- Whole genome alignments to rice, brachypodium and barley
- Polyplloid view enabled, allowing users to view alignments among multiple wheat components [simultaneously](#)
- Durum wheat 35K, 90K, 820K and TaBW280K variants
- Chromosome and centromere data can be viewed [here](#)
- [AlphaFold](#) protein predictions have been added to all transcripts - see an example [here](#)

Archive sites

Archive of release 59 of EnsemblPlants: [eg59-plants.ensembl.org](#) (May 2024)
Archive of release 56 of EnsemblPlants: [eg56-plants.ensembl.org](#) (Feb 2023)
Archive of release 52 of EnsemblPlants: [eg52-plants.ensembl.org](#) (Dec 2021)
Archive of release 49 of EnsemblPlants: [eg49-plants.ensembl.org](#) (Dec 2020)
Archive of release 45 of EnsemblPlants: [eg45-plants.ensembl.org](#) (Sep 2019)

Funding

Ensembl Plants datasets are constructed in a direct collaboration with the [Gramene](#) resource, funded by the United States [National Science Foundation](#) award [1127112](#). Read [more](#) about our collaboration with Gramene.



Ensembl Plants

e! EnsemblPlants • HMMER | BLAST | BioMart | Tools | Downloads | Help & Docs | Blog

Login/Register

Using this website Data access API & software About us

In this section

Help & Documentation Accessing Ensembl Data FTP Download

FTP Download

You can download via a browser from our [FTP site](#), use a script, or even use `rsync` from the command line.

Globus

For rapid bulk download of files, the Ensembl FTP site is available as an end point in the [Globus Online system](#). In order to access the data you need to sign up for an account with Globus, install the Globus Connect Personal software and setup a personal endpoint to download the data. The Ensembl data is hosted at the EMBL-EBI end point called "EMBL-EBI Public Data". Data from the Ensembl FTP site can then be found under the "`/ensembl.org/pub`". You can also [click here to open the target directory](#).

API Code

If you do not have access to git, you can obtain our latest API code as a gzipped tarball:

[Download complete API for this release](#)

Note: the API version needs to be the same as the databases you are accessing, so please use git to obtain a previous version if querying older databases.

Database dumps

Entire databases can be downloaded from our FTP site in a variety of formats. Please be aware that some of these files can run to many gigabytes of data.

Looking for [MySQL dumps](#) to install databases locally? See our [web installation instructions](#) for full details.

Each directory on <https://ftp.ebi.ac.uk/ensemblgenomes> contains a [README](#) file, explaining the directory structure.

Multi-species data

Database	MySQL	TSV	EMF	MAF	XML
Pan_compara Multi-species	MySQL	TSV	EMF		XML
Plants Multi-species	MySQL	TSV	EMF	MAF	XML
Ensembl Mart	MySQL				

Single species data

Popular species are listed first. You can customise this list via our [home page](#).

Show 10 entries	Filter													
Species	DNA (FASTA)	cDNA (FASTA)	CDS (FASTA)	ncRNA (FASTA)	Protein sequence (FASTA)	Annotated sequence (EMBL)	Annotated sequence (GenBank)	Gene sets	Other annotations	Whole databases	Variation (GVF)	Variation (VCF)	Variation (VEP)	
<i>Arabidopsis thaliana</i>	FASTA	EMBL	GenBank	GTF GFF3	TSV	JSON	MySQL	GVF	VCF	Ensembl VEP				
<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	FASTA	EMBL	GenBank	GTF GFF3	TSV	JSON	MySQL	GVF	VCF	Ensembl VEP				

Ensembl Plants

Popular species are listed first. You can customise this list via our [home page](#).

arabidopsis															
Show 10 entries		Show/hide columns													
★	Species	DNA (FASTA)	cDNA (FASTA)	CDS (FASTA)	ncRNA (FASTA)	Protein sequence (FASTA)	Annotated sequence (EMBL)	Annotated sequence (GenBank)	Gene sets	Other annotations	Whole databases	Variation (GVF)	Variation (VCF)	Variation (Ensembl VEP)	
Y	Arabidopsis thaliana	FASTA	EMBL	GenBank	GTF	GFF3	TSV	MySQL	GVF	VCF	Ensembl VEP				
	Arabidopsis halleri	FASTA	EMBL	GenBank	GTF	GFF3	TSV	MySQL	-	-	Ensembl VEP				
	Arabidopsis lyrata	FASTA	EMBL	GenBank	GTF	GFF3	TSV	MySQL	-	-	Ensembl VEP				

Showing 1 to 3 of 3 entries (filtered from 233 total entries)

<< < 1 > >>

Metadata

Index of /ensemblgenomes/pub/release-61/plants/fasta/arabidopsis_thaliana/pep

	Name	Last modified	Size	Description
	Parent Directory			
	Arabidopsis_thaliana.TAIR10.pep.all.fa.gz	2025-02-20 23:38	9.2M	
	README	2025-02-20 23:40	2.4K	

Phytozome

Phytozome es una plataforma desarrollada por el **Joint Genome Institute (JGI)** que se centra en la genómica de plantas con un fuerte énfasis en la **genómica comparativa y evolutiva**.

Proporciona genomas de alta calidad curados de un **amplio rango de especies vegetales** desde algas a plantas con flor.

The screenshot shows the Phytozome v13 homepage. At the top, there's a navigation bar with links to JGI Home, JGI Data Portal, JGI Data Policy, Tools, Projects, Genomes, Cart, Contact, Subscribe, and Login. Below the navigation is a search interface with two main sections:

1. A search bar labeled "Choose genomes by selecting from tree or type genus/species/common name" with a note "0 genomes selected".
2. A search bar labeled "find genes by keyword" with options "search by BLAST", "get standard data files", and "build custom data sets".

On the left, there's a sidebar titled "Recent Genome Releases" listing several plant species with their common names and release dates:

Genome	Common name	Release Date
<i>Sisymbrium irio</i> vSiYm2s	London rocket	Dec 16, 2024
<i>Camellia sinensis</i> var. DH551.0	false flax	Dec 16, 2024
<i>Ulmus americana</i> var. NA87034 HAP1 v1.1	American elm	Dec 11, 2024
<i>Ulmus americana</i> var. NA87034 HAP2 v1.1	American elm	Dec 11, 2024
<i>Freyneiella multiflora</i> var. ABG20040013 HAP1	climbing pandanus	Dec 11, 2024

The main content area features a hierarchical tree of plant groups. The "Archaeplastida" group is expanded, showing "Rhodophyta" and "Viridiplantae". Under "Viridiplantae", "Chlorophyte" is expanded, listing various green algae species like *Bryothecium braunii*, *Chlamydomonas reinhardtii*, and *Ostreococcus lucimarinus*. Other collapsed groups include "Embryophyte", "Ceratophyceae", and "Tracheophytes". Each node in the tree has a small circular icon indicating its status (e.g., UNIST, JGI, GenBank, etc.) and a link to more details.

Phytozome

phytozome-next.jgi.doe.gov

JGI Home JGI Data Portal JGI Data Policy Tools Projects Genomes Start Contact Subscribe Login

Welcome to Phytozome

Overview Release Notes News

Recent Genome Releases

Genome	Common name	Release Date
<i>Sisymbrium irio</i> vSIYm2s	London rocket	Dec 16, 2024
<i>Camelina sativa</i> var. DH55 1.0	false flax	Dec 16, 2024
<i>Ulmus americana</i> var. NA87034 HAP1 v1.1	American elm	Dec 11, 2024
<i>Ulmus americana</i> var. NA87034 HAP2 v1.1	American elm	Dec 11, 2024
<i>Freylinetia multiflora</i> var. ABG20040013 HAP1	climbing pandanus	Dec 11, 2024

Phytozome, the Plant Comparative Genomics portal of the Department of Energy's Joint Genome Institute, provides JGI users and the broader plant science community a hub for accessing, visualizing and analyzing JGI-sequenced plant genomes, as well as selected genomes and datasets that have been sequenced elsewhere. By integrating this large collection of plant genomes into a single resource and performing comprehensive and uniform annotation and analyses, Phytozome facilitates accurate and insightful comparative genomics studies.

As of release v13, Phytozome hosts 417 assembled and annotated genomes, from 177 Archaeplastida species, and contains the 54 Brachypodium distachyon lines from the BrachyPan pan-genome study, the 20 species included in the Brassicales Map Alignment Project, and 8 cowpea (*Vigna unguiculata*) genomes included in the CowpeaPan pan-genome project. Also new with v13, Phytozome features a "clade-cutting" capability to restrict your investigation to a subset of

1. Choose genomes by selecting from tree or type genus/species/common name 0 genomes selected

2. find genes by keyword search by BLAST get standard data files build custom data sets

- Archaeplastida
 - Rhodophyta
 - *Porphyra umbilicalis* v1.5 (UNRST, JGI)
 - Viridiplantae
 - Chlorophyte
 - *Botryococcus braunii* v2.1 (RST, JGI)
 - *Chlamydomonas reinhardtii* v5.6 (UNRST, GeneAtlas, JGI)
 - *Chlamydomonas reinhardtii* CC-4532 v6.1 (UNRST, JGI)
 - *Chromochloris zofingiensis* v5.2.3.2 (UNRST, EXT)
 - *Coccomyxa subellipsoidea* C-169 v2.0 (UNRST, JGI)
 - *Dunaliella salina* v1.0 (UNRST, JGI)
 - *Micromonas pusilla* CCMP1545 v3.0 (UNRST, JGI)
 - *Micromonas sp* RCC299 v3.0 (UNRST, JGI)
 - *Ostreococcus lucimarinus* v2.0 (UNRST, JGI)
 - *Volvox carteri* v2.1 (UNRST, JGI)
 - Embryophyte
 - *Ceratodon purpureus* GG1 v1.1 (UNRST, JGI)
 - *Ceratodon purpureus* R40 v1.1 (UNRST, JGI)
 - *Marchantia polymorpha* v3.1 (UNRST, JGI)
 - *Physcomitrium patens* v3.3 (UNRST, GeneAtlas, EXT)
 - *Physcomitrium patens* v6.1 (RST, EXT)
 - *Sphagnum fallax* v0.5 (UNRST, JGI)
 - *Sphagnum fallax* v1.1 (UNRST, GeneAtlas, JGI)
 - *Sphagnum magellanicum* v1.1 (UNRST, JGI)
 - Tracheophyte
 - *Criniferaria richardii* v3.1 (UNRST, JGI)

Phytozome

Welcome to Phytozome ▾

Overview Release Notes News

Recent Genome Releases

Genome	Common name	Release Date
<i>Sisymbrium irio</i> vSiYm2s	London rocket	Dec 16, 2024
<i>Camelina sativa</i> var. DH55 1.0	false flax	Dec 16, 2024
<i>Ulmus americana</i> var. NA87034 HAP1 v1.1	American elm	Dec 11, 2024
<i>Ulmus americana</i> var. NA87034 HAP2 v1.1	American elm	Dec 11, 2024
<i>Freycinetia multiflora</i> var. ABG20040013 HAP1	climbing pandanus	Dec 11, 2024

Phytozome, the Plant Comparative Genomics portal of the Department of Energy's Joint Genome Institute, provides JGI users and the broader plant science community a hub for accessing, visualizing and analyzing JGI-sequenced plant genomes, as well as selected genomes and datasets that have been sequenced

1. Choose genomes by selecting from tree or type genome name
2. find genes by keyword search by BLAST

- Archaeplastida
 - Rhodophyta
 - Porphyra umbilicalis* v1.5 (UNRST) (JGI)
 - Viridiplantae
 - Chlorophyte
 - Botryococcus braunii* v2.1 (RST) (UNRST) (JGI)
 - Chlamydomonas reinhardtii* v5.6 (UNRST) (JGI)
 - Chlamydomonas reinhardtii* CC-4532 v6.1 (UNRST) (JGI)
 - Chromochloris zofingiensis* v5.2.3.2 (UNRST) (JGI)
 - Coccomyxa subelliptoidea* C-169 v2.0 (UNRST) (JGI)
 - Dunaliella salina* v1.0 (UNRST) (JGI)
 - Micromonas pusilla* CCMP1545 v3.0 (UNRST) (JGI)
 - Micromonas* sp RCC299 v3.0 (UNRST) (JGI)
 - Ostreococcus lucimarinus* v2.0 (UNRST) (JGI)
 - Volvox carteri* v2.1 (UNRST) (JGI)
 - Embryophyte
 - Ceratodon purpureus* GG1 v1.1 (UNRST) (JGI)

Lens culinaris v1.1
Lens ervoides v1
Lepidium sativum v1.1
Lindenbergia philippensis v1.1
Linum usitatissimum v1.0
Liriodendron tulipifera YP108A alt v1.1
Liriodendron tulipifera YP108A v1.1
Lotus japonicus Lj1.0v1
Lunaria annua v1.1
Lupinus albus v1
Malcolmia maritima v1.1
Malus domestica v1.1
Manihot esculenta v6.1
Manihot esculenta v7.1
Marchantia polymorpha v3.1 (highlighted)
Medicago truncatula Mt4.0v1
Micromonas pusilla CCMP1545 v3.0
Micromonas sp RCC299 v3.0
Mimulus guttatus NONTOL v3.1
Mimulus guttatus NONTOL v4.0
Mimulus guttatus TOL v3.1
Mimulus guttatus TOL v5.0
Mimulus guttatus v2.0
Mimulus guttatus var. AHQT1 v1.1

Phytozome

phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mpolymorpha_v3_1

JGI Home JGI Data Portal JGI Data Policy Tools ▾ Projects ▾ Genomes ▾ Cart

Organism Information:

Marchantia polymorpha v3.1

Phytozome genome ID: 320 • NCBI taxonomy ID: 3197

UNRST JGI

Keyword search Blast search JBrowse Download

Release Date: 2018-04-12
BioProject: PRJNA53523
Accession ID: PNPG0100000

Genome Overview

Marchantia polymorpha is a species of liverwort, one of the three lineages of bryophytes and a basal lineage of land plants. While the phylogenetic relationships of the three bryophyte lineages (liverworts, mosses, hornworts) with the derived vascular plants (lycophytes, ferns, seed plants), the fossil record suggests the first land plants would be morphologically classified with liverworts. Thus, *M. polymorpha* occupies a critical node in the evolution of land plants from their algal ancestors, with extant liverworts possibly retaining features of ancestral land plants. The complete genome sequence of a liverwort will facilitate understanding of the genetic changes responsible for the evolution of a land flora.

M. polymorpha has been used as a model system for investigating biological processes for nearly two centuries, and the recent development of molecular genetic tools has led to a renaissance in *Marchantia* research.

Techniques enabling the creation of loss- and gain-of-function alleles, including homologous recombination

Phytozome

0 files selected

Add to Cart

Phytozome

Search by organism, project name/ID, or PI name

Advanced Search

	Mpolymorpha_320_v3.1.gene_exons.gff3.gz	Annotation/gene	Analysis	4.2 MB	22 FEB 2016	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.gene.gff3.gz	Annotation/gene	Analysis	3 MB	22 FEB 2016	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.P14.analysis.tsv.gz	Unclassified	Analysis	3.8 MB	1 JUN 2025	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.P14.analysis.xml.gz	Analysis	Analysis	12.3 MB	1 JUN 2025	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.P14.annotation_info.txt.gz	Annotation/gene	Analysis	1.3 MB	1 JUN 2025	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.P14.define.txt.gz	Annotation/gene	Analysis	266.6 KB	1 JUN 2025	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.protein_primaryTranscriptOnly.fa.gz	Annotation/gene	Analysis	4.8 MB	22 FEB 2016	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.protein.fa.gz	Annotation/gene	Analysis	5.1 MB	22 FEB 2016	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.readme.txt	Info	Analysis	5.1 KB	9 FEB 2017	Now	
	Mpolymorpha_320_v3.1.readme.html	Annotation/gene	Analysis	0.0 KB	22 FEB 2016	Now	

Phytozome

The screenshot shows a web browser window for the JGI Data Portal. The URL in the address bar is data.jgi.doe.gov/refine-download/phytozome?organism=Mpolymerpha&_gl=1*1jeybdu*_ga*NTI3NTg5ODg0LjE3NTAwOTgxMzA.*_ga_YBLMHYR3C2*cxE3NTAwOTgxMjkba. The page title is "Cart".

The header includes the JGI logo, "Data Portal" button, "JGI HOME", "DATA PORTAL HOME", "OTHER TOOLS", "HELP", "MY DATA PORTAL", "Contact Us", a shopping cart icon with a "1", a bell icon, and a "Login" button.

The main content area is titled "Cart" and shows a summary: "1 dataset | 1 file | 4.8 MB". A green "Download" button is highlighted with a red box. Below this, a table lists the dataset details:

Genome	Number of files	Total file size
Marchantia polymorpha v3.1	1	4.8 MB

Actions available for the dataset include "Remove" and three vertical dots for more options. A "Datasets per page" dropdown is set to 10, with page number 1 selected.

Phytozome

Sign In

JGI – Sign In

[Help](#)

Email (*or User Name*):

[Forgot your username?](#)

Password:

[Forgot your password?](#)

SIGN IN

SIGN IN WITH GOOGLE (LBL/JGI users)

REGISTER

✓ 1 dataset | 1 file | 4.8 MB

Download ▾

Datasets per page

Browser download

Globus download

Remove

More

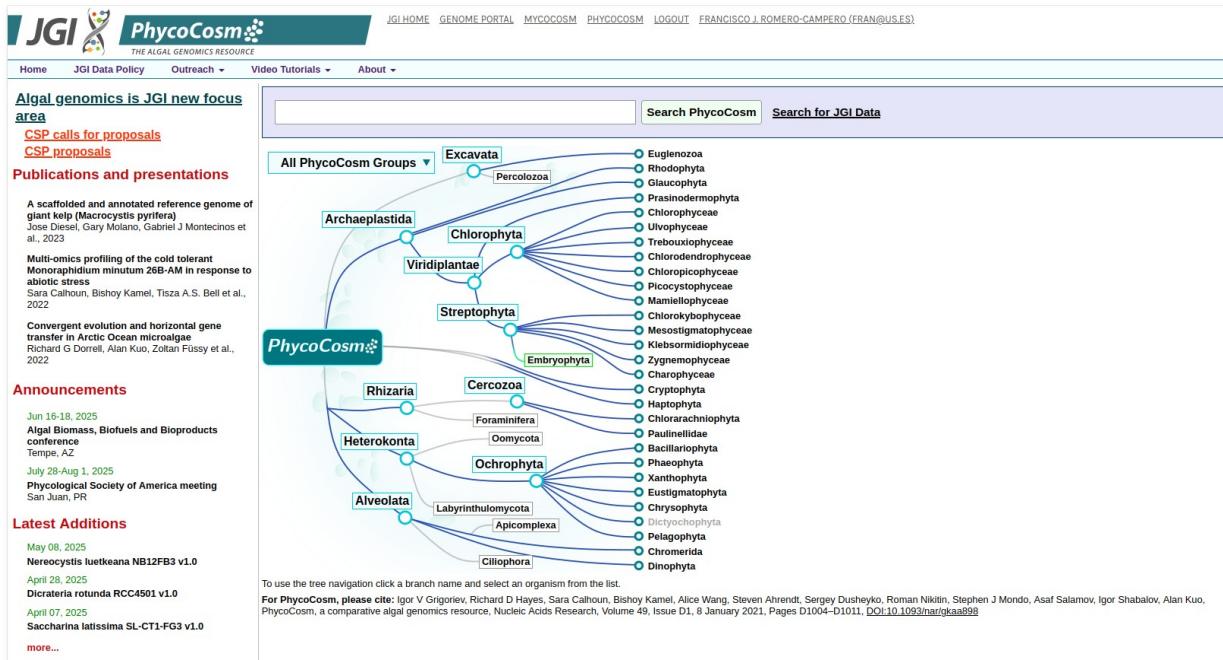
Genome
Marchantia polymorpha v3.1

Number of files
1

Total file size
4.8 MB

Phycocosm

Phycocosm es un portal de JGI **especializado en genomas de algas** incluyendo a algas verdes (clorofita) y otros linajes como algas rojas, diatomeas y haptofitas. Phycocosm proporciona recursos para explorar la **biología, evolución y ecología de algas** con especial enfoque en **sistemas marinos y biotecnología de microalgas**. Phycocosm integra datos **genómicos y transcriptómicos** con **anotación funcional**.



Phycocosm



JGI HOME GENOME PORTAL MYCOCOSM PHYCOCOSM LOGOUT FRANCISCO J. ROMERO-CAMPERO (FRAN@US.ES)

Home JGI Data Policy Outreach ▾ Video Tutorials ▾ About ▾

Algal genomics is JGI new focus area

[CSP calls for proposals](#)

[CSP proposals](#)

Publications and presentations

A scaffolded and annotated reference genome of giant kelp (*Macrocystis pyrifera*)
Jose Diesel, Gary Molano, Gabriel J Montecinos et al., 2023

Multi-omics profiling of the cold tolerant *Monoraphidium minutum* 26B-AM in response to abiotic stress
Sara Calhoun, Bishoy Kamel, Tisza A.S. Bell et al., 2022

Convergent evolution and horizontal gene transfer in Arctic Ocean microalgae
Richard G Dorrell, Alan Kuo, Zoltan Fussy et al., 2022

Announcements

Jun 16-18, 2025

Algal Biomass, Biofuels and Bioproducts conference
Tempe, AZ

July 28-Aug 1, 2025

Phycological Society of America meeting
San Juan, PR

Latest Additions

May 08, 2025

Nereocystis luetkeana NB12FB3 v1.0

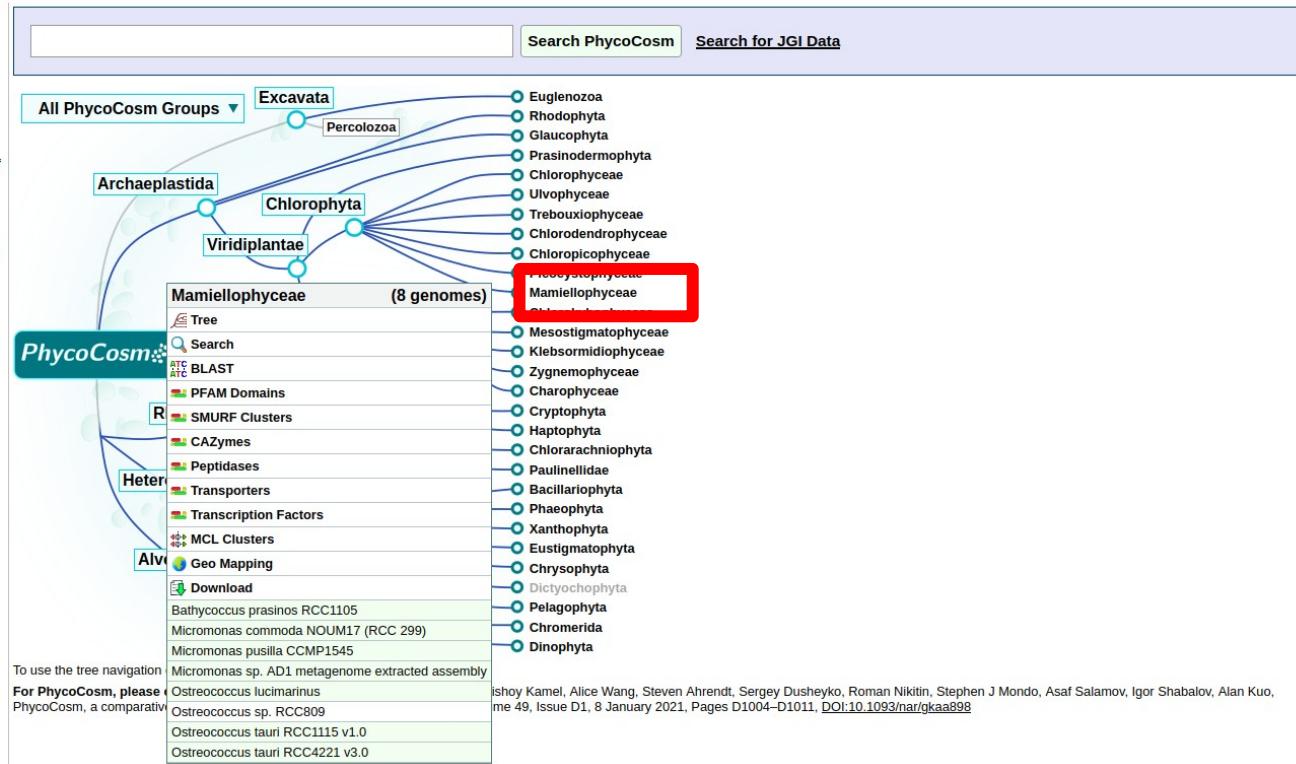
April 28, 2025

Dicrateria rotunda RCC4501 v1.0

April 07, 2025

Saccharina latissima SL-CT1-FG3 v1.0

more...



Phycocosm



JGI HOME GENOME PORTAL MYCOCOSM PHYCOCOSM LOGOUT FRANCISCO J. ROMERO-CAMPERO (FRAN@US.EU)

Home • Ostreococcus

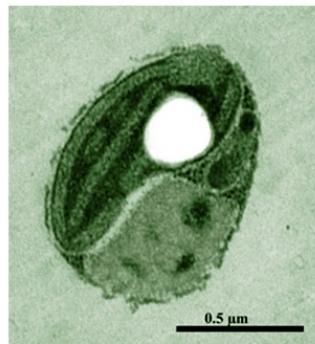
SEARCH BLAST BROWSE ANNOTATIONS ▾ PATHWAYS MCL CLUSTERS SYNTENY

DOWNLOAD

INFO

HOME

HELP!



Ostreococcus tauri strain OTH95, photo courtesy of Hervé Moreau, Laboratoire Arago

An improved genome of the model marine alga *Ostreococcus tauri* unfolds by assessing Illumina *de novo* assemblies. Blanc-Mathieu R, Verhelst B, Derelle E, Rombauts S, Bouget FY, Carré I, Château A, Eyre-Walker A, Grimsley N, Moreau H, Piégé B, Rivals E, Schackwitz W, Van de Peer Y, Piganeau G. BMC Genomics. 2014 Dec 13;15:1103. doi: 10.1186/1471-2164-15-1103.

[1] An improved genome of the model marine alga *Ostreococcus tauri* unfolds by assessing Illumina *de novo* assemblies. Blanc-Mathieu R, Verhelst B, Derelle E, Rombauts S, Bouget FY, Carré I, Château A, Eyre-Walker A, Grimsley N, Moreau H, Piégé B, Rivals E, Schackwitz W, Van de Peer Y, Piganeau G. BMC Genomics. 2014 Dec 13;15:1103. doi: 10.1186/1471-2164-15-1103.

[2] An improved genome of the model marine alga *Ostreococcus tauri* unfolds by assessing Illumina *de novo* assemblies. Blanc-Mathieu R, Verhelst B, Derelle E, Rombauts S, Bouget FY, Carré I, Château A, Eyre-Walker A, Grimsley N, Moreau H, Piégé B, Rivals E, Schackwitz W, Van de Peer Y, Piganeau G. BMC Genomics. 2014 Dec 13;15:1103. doi: 10.1186/1471-2164-15-1103.

The tiny eukaryote *Ostreococcus* provides genomic insights into the paradox of plankton speciation. Proc Natl Acad Sci U S A. 2007 May 1:104(18):7705-10. doi: 10.1073/pnas.0611046104

Contact Us Cite Us Credits
JGI Data Policy Disclaimer Accessibility/Section 508



© 1997-2025 The Regents of the University of California.

Mycocosm Portal version:19.340 myco-web-4.jgi.lbl.gov Release Date:11-Jun-2025 14:04:08 PST Current Date:16-Jun-2025 13:22:21 PDT

Phycocosm



[JGI HOME](#) [GENOME PORTAL](#) [LOGOUT](#) FRANCISCO J. ROMERO-CAMPERO (FRAN@US.ES) (0 items)

Ostreococcus

[PHYCOCOSM](#) [DOWNLOAD](#) [HELP!](#)

The Genome Portal is reaching end of life. We intend to sunset this system by the middle of 2025. Please check out our new [JGI Data Portal website](#). Let us know what you think through the "Contact Us" link.

Portal name: Ostreococcus tauri RCC4221 v3.0

Project PI: [Gwenael Piganeau](#)

Release Date: 2017-05-25

The data on the next page is public. Please cite:

Blanc-Mathieu R, Verhelst B, Derelle E, Rombauts S, Bouget FY, Carré I, Château A, Eyre-Walker A, Grimsley N, Moreau H, Piégé B, Rivals E, Schackwitz W, Van de Peer Y, Piganeau G
An improved genome of the model marine alga *Ostreococcus tauri* unfolds by assessing Illumina de novo assemblies.

BMC Genomics. 2014 Dec 13;15(1):1103. doi: 10.1186/1471-2164-15-1103

Palenik B, Grimwood J, Aerts A, Rouzé P, Salamov A, Putnam N, Dupont C, Jorgensen R, Derelle E, Rombauts S, Zhou K, Oittila R, Merchant SS, Podell S, Gaasterland T, Napoli C, Gandler K, Manuell A, Tai V, Vallon O, Piganeau G, Jancek S, Heijde M, Lohr M, Robbens S, Werner G, Dubchak I, Pazour GJ, Ren Q, Paulsen I, Delwiche C, Schmutz J, Rokhsar D, Van de Peer Y, Moreau H, Grigoriev IV

The tiny eukaryote *Ostreococcus* provides genomic insights into the paradox of plankton speciation.

Proc Natl Acad Sci U S A. 2007 May 1;104(18):7705-10. doi: 10.1073/pnas.0611046104

Ok

[Contact Us](#) [Cite Us](#) [Accessibility/Section 508](#)
[Disclaimer](#) [Credits](#)

© 1997-2025 The Regents of the University of California.

Genome Portal version:8.18.183 content:f293flc2d1 portal-web-1.jgi.lbl.gov Release Date:11-Nov-2024 09:54:36.113 PST Current Date:16-Jun-2025 13:23:04.855 PDT



Phycocosm



JGI HOME GENOME PORTAL LOGOUT FRANCISCO J. ROMERO-CAMPERO (FRAN@US.E) (0 items)

Ostreococcus

PHYCOCOSM DOWNLOAD HELP

The Genome Portal is reaching end of life. We intend to sunset this system by the middle of 2025. Please check out our new [JGI Data Portal website](#). Let us know what you think through the "Contact Us" link.

Open Downloads as XML - the document tree is shown within XML file

Please be aware that restore requests sourced from tape and of more than 1 file (including Globus downloads) will be delayed until 8PM.

Download via Globus (v.2)

Download Selected Files

ExpandAll

CollapseAll

Rescan

Organize By File Type

Please keep in mind that downloading tape files () can take a few minutes.

- Ostta4221_3
 - Files
 - Annotation
 - All models, Filtered and Not. "All Models" represents all models generated for this genome which may include redundant model sets for each locus.
 - Filtered Models ("best"). "Filtered Models" is the filtered set of models representing the best gene model for each locus.
 - CDS
 - Functional Annotations
 - Genes
 - Ostreococcus tauri RCC4221 v3.0: Ostta4221_3_GeneCatalog_proteins_20161028.aa.fasta.gz 2 MB, Fri Oct 28 17:11:07 PDT 2016
 - Transcripts
 - Assembly
 - Mycocosm

Ejercicio de Bases de Datos Genómicos en el Linaje Verde

Como ejercicio descarga todas las secuencias de las proteínas codificadas en los genomas de las siguientes especies vegetales usando la base de datos que se indica:

1) *Solanum lycopersicum* usando Ensembl Plants

2) *Selaginella moellendorffii* usando Phytozome

3) *Caulerpa lentillifera* usando Phycocosm

Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción, Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Counts.

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

OrthoFinder es una herramienta ampliamente usada para la **inferencia de ortogrupos**, *familias génicas formadas por genes ortólogos y sus relaciones filogenéticas*.

Orthofinder recibe como entrada **secuencias de proteínas** de múltiples especies (vegetales en este curso) y automatiza el proceso de agrupar genes según su relación evolutiva, reconstruir **árboles filogenéticos y árboles enraizados de especies**.

OrthoFinder identifica **duplicaciones y pérdidas génicas**, especialmente relevantes en genomas vegetales los cuales son propensos a duplicaciones genómicas y pérdidas. .

The screenshot shows the GitHub repository page for OrthoFinder. The URL in the address bar is github.com/davidemms/OrthoFinder?tab=readme-ov-file. The repository is owned by [davidemms](#) and is public. The main navigation bar includes links for Product, Solutions, Resources, Open Source, Enterprise, Pricing, and a search bar. Below the header, there's a summary of repository activity: 319 issues, 11 pull requests, and tabs for Code, Issues, Pull requests, Actions, Projects, Wiki, Security, and Insights. The Code tab is currently selected. A dropdown menu shows the master branch. The repository has 7 branches and 40 tags. A recent commit by [davidemms](#) to README.md is shown, dated 8 months ago. Another commit to ExampleData is also listed from 8 months ago. On the right side, there's an About section describing OrthoFinder as a phylogenetic orthology inference tool for comparative genomics, and a link to davidemms.github.io/.

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

Google x | Microphone | Camera | Search

Todo Imágenes Vídeos Noticias Vídeos cortos Web Libros Más ▾ Herramientas ▾

 MobaXterm
<https://mobaxterm.mobatek.net> · Traducir esta página

MobaXterm free Xserver and tabbed SSH client for Windows

MobaXterm X server and SSH client. MobaXterm is your ultimate toolbox for remote computing. In a single Windows application, it provides loads of functions that ...

Download >
Free X server for Windows with tabbed SSH terminal, telnet ...

Download Home Edition >
Changelog · New feature: added "graphical macros" that can ...

Documentation >
ini" configuration file, you should set this shared folder as read ...

Demo >
Free X server for Windows with tabbed SSH terminal, telnet ...

Features >
MobaXterm allows you to launch remote sessions. You can ...

[Más resultados de mobatek.net »](#)

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

The screenshot displays the MobaXterm website and its application interface.

Website Header:

- MobaXterm logo
- Navigation menu: Home, Demo, Features, Download, Plugins, Help, Contact
- User icons: Customer area, Buy

MobaXterm Application Interface:

The main window shows a terminal session titled "MobaXterm" with a list of "User sessions" including "Factory servers", "Linux servers", "My dockers", "My Virtual Machines", "Phone devices", "Raspberry cluster", "RedHat cluster", "Tests servers", "Windows servers", and "WSL".

A "Session settings" dialog box is open, titled "Session settings". It contains a toolbar with icons for various session types: SSH, Telnet, Rsh, Xdmcp, RDP, VNC, FTP, SFTP, Serial, File, Shell, Browser, and Mosh. Below the toolbar, there is a preview window showing a 3D cube icon and the placeholder text "Choose a session type...". At the bottom of the dialog are "OK" and "Cancel" buttons.

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



MobaXterm

Home

Demo

Features

Download

Plugins

Help

Contact



Customer area

Buy

Home Edition

Free

Full **X server** and **SSH** support

Remote desktop (RDP, VNC, Xdmcp)

Remote terminal (SSH, telnet, rlogin, Mosh)

X11-Forwarding

Automatic SFTP browser

Master password protection

Plugins support

Portable and installer versions

Full documentation

Max. **12** sessions

Max. **2** SSH tunnels

Max. **4** macros

Max. **360** seconds for Tftp, Nfs and Cron



Download now

Professional Edition

\$69 / 49€ per user*

* Excluding tax. Volume discounts [available](#)

Every feature from Home Edition +

Customize your startup message and logo

Modify your profile script

Remove unwanted games, screensaver or tools

Unlimited number of sessions

Unlimited number of tunnels and macros

Unlimited run time for network daemons

Enhanced security settings

12-months updates included

Deployment inside company

Lifetime right to use



Subscribe online / Get a quote

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



MobaXterm

Home Demo Features **Download** Plugins Help Contact 

Customer area Buy

MobaXterm Home Edition

Download MobaXterm Home Edition (current version):



MobaXterm Home Edition v25.2
(Portable edition)



MobaXterm Home Edition v25.2
(Installer edition)

Download previous stable version: [MobaXterm Portable v25.1](#) [MobaXterm Installer v25.1](#)

By downloading MobaXterm software, you accept [MobaXterm terms and conditions](#)

You can download the third party plugins and components sources [here](#)



If you use MobaXterm inside your company, you should consider subscribing to [MobaXterm Professional Edition](#): your subscription will give you access to professional support and to the "Customizer" software. This customizer will allow you to generate personalized versions of MobaXterm including your own logo, your default settings and your welcome message.
Please [contact us](#) for more information.

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

Accede al servidor molsysbio.cica.es usando Mobaxterm.

Inicia Sesión usando el icono de la parte superior izquierda “**Session**”

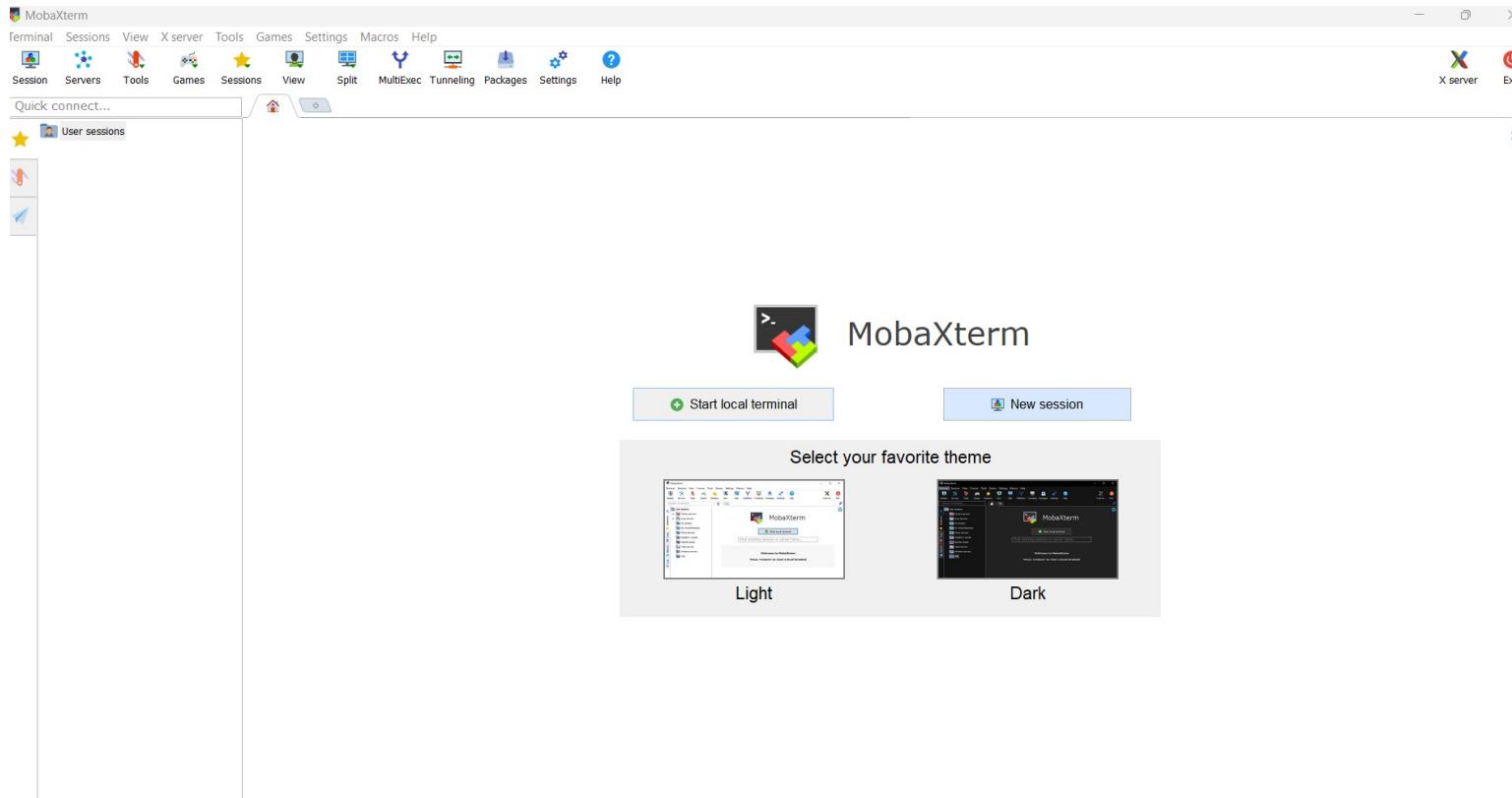
En el pop-up pincha en “**SSH**”

Introduce en “**Remote host***”. **molsysbio.cica.es** y pulsa OK.

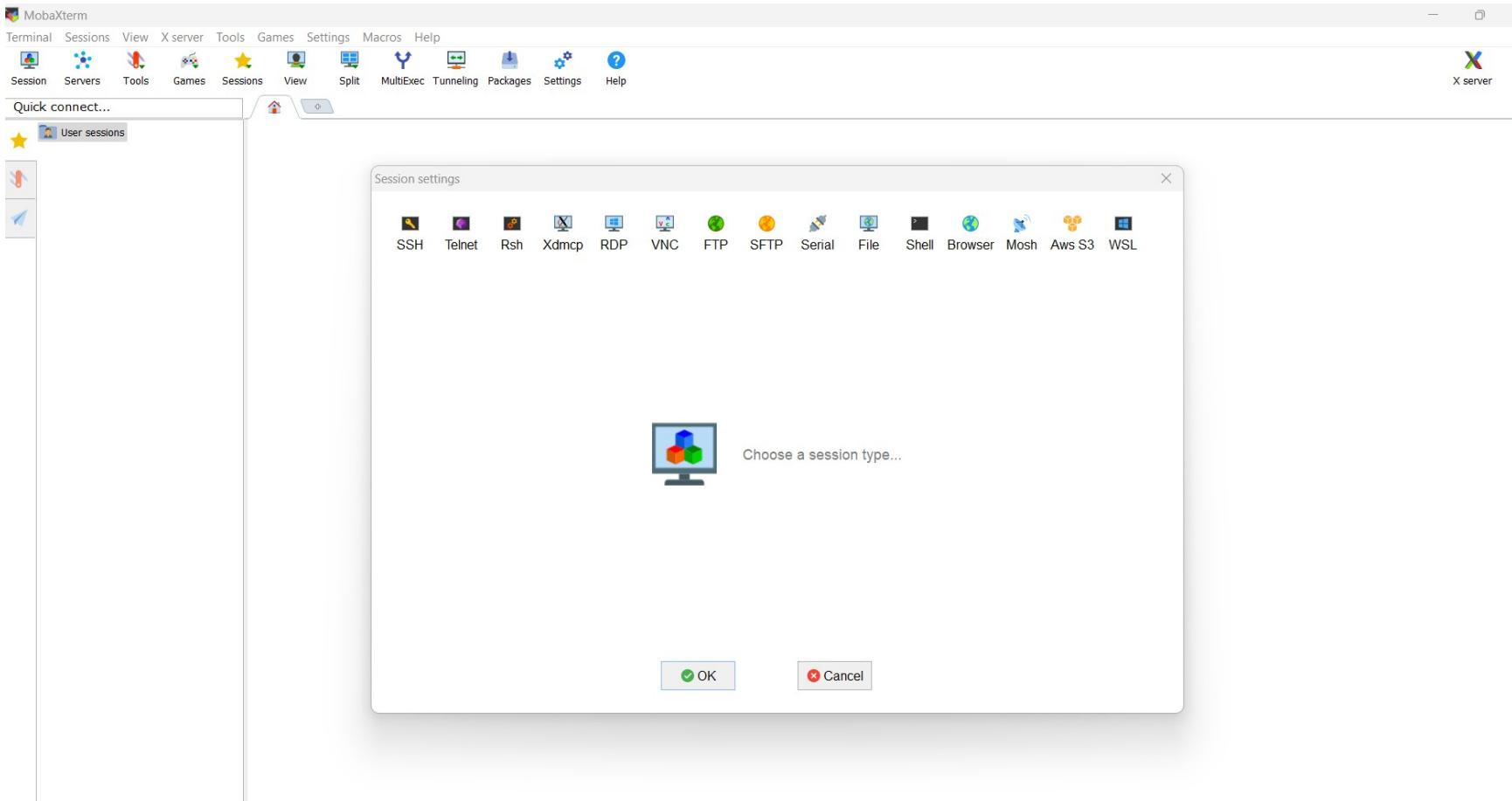
Te pedirá tu login. Escribe **evosignet** y enter. Luego tu clave ?????? y enter.

Atención al escribir la clave o password no aparecerá nada pero se está introduciendo.

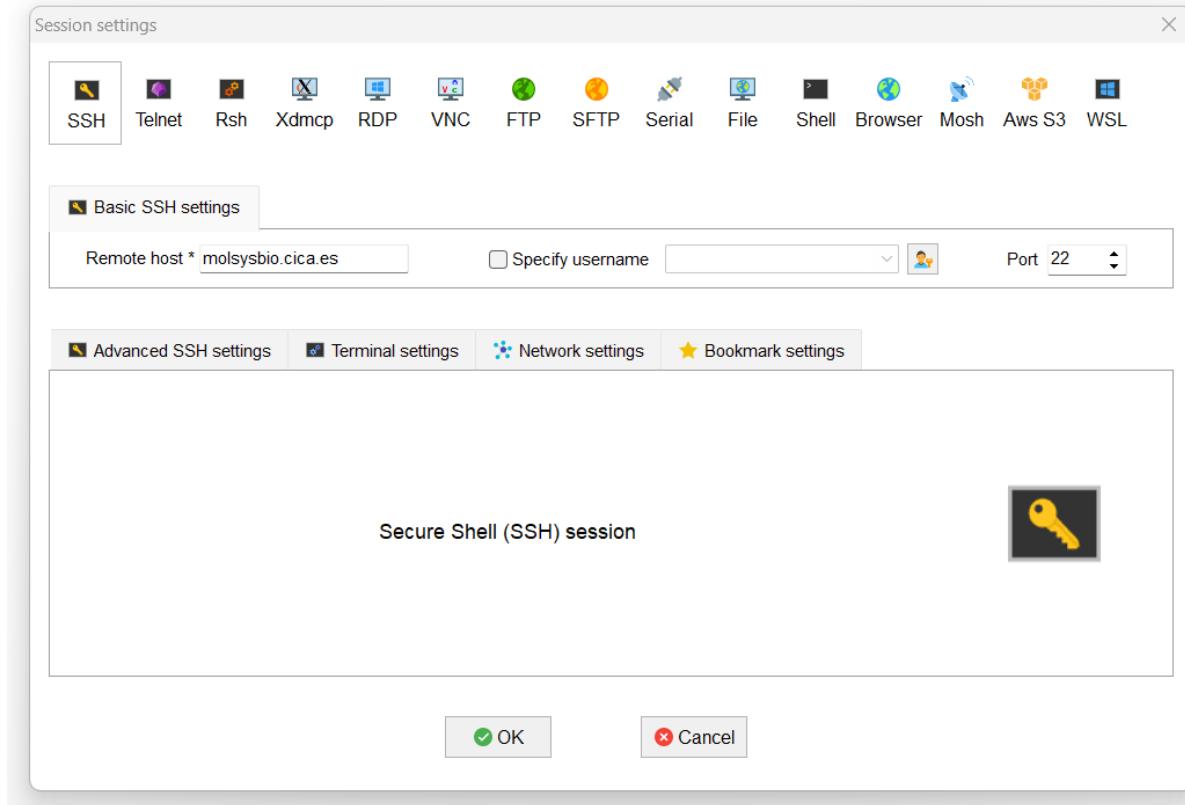
Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



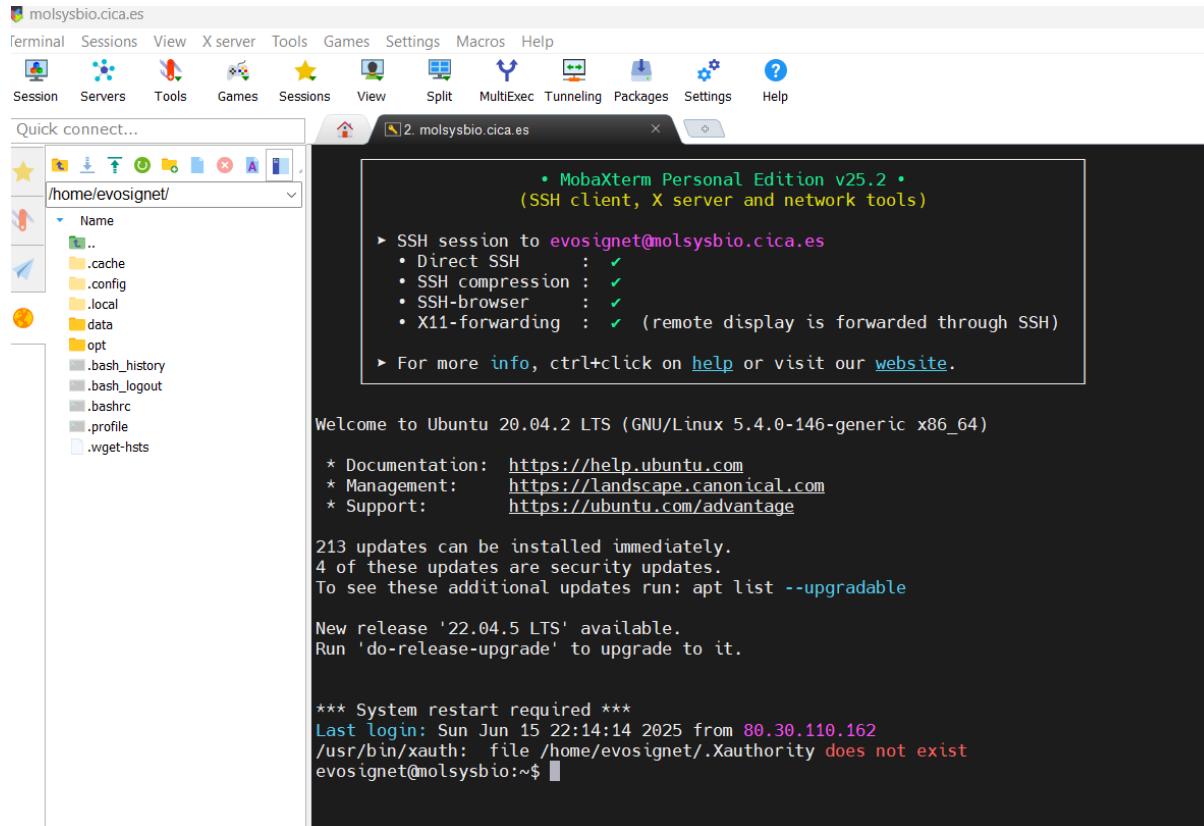
Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

Accede a tu carpeta de usuario.

Mira el contenido de la carpeta tecleando ls.

Tendrías que ver una carpeta con tu nombre.

Accede a ese carpeta tecleando cd <nombre>.

Mira el contenido de la carpeta tecleando ls. Deberías ver una carpeta genomes y un fichero tree_evosignet.nwk

Mira el contenido de la carpeta genomes con ls genomes. Deberías ver los ficheros fasta con las proteínas ejemplo codificadas en el genoma de cada especie.

```
evosignet@molsysbio:~$ ls
andrea carolina fran manuela noelia pablo santiago
belen data jessenia marcos opt raquel sara
evosignet@molsysbio:~$ cd fran
evosignet@molsysbio:~/fran$ ls
genomes tree_evosignet.nwk
evosignet@molsysbio:~/fran$ ls genomes/
arabidopsis_thaliana.fa oryza_sativa.fa
ceratopteris_richardii.fa ostreococcus_tauri.fa
chlamydomonas_reinhardtii.fa porphyra_umbilicalis.fa
klebsormidium_nitens.fa selaginella_moellendorffii.fa
marchantia_polymorpha.fa solanum_lycopersicum.fa
mesotaenium_endlicherianum.fa
evosignet@molsysbio:~/fran$
```

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

Ejecuta orthofinder.

Desde tu carpeta ejecuta la instrucción:

```
orthofinder.py -f genomes -s tree_evoSignet.nwk
```

```
evosignet@molsysbio:~/fran$ orthofinder.py -f genomes/ -s tree_evoSignet.nwk

OrthoFinder version 2.5.4 Copyright (C) 2014 David Emms

2025-06-17 00:52:05 : Starting OrthoFinder 2.5.4
32 thread(s) for highly parallel tasks (BLAST searches etc.)
4 thread(s) for OrthoFinder algorithm

Checking required programs are installed
-----
Test can run "mcl -h" - ok
Test can run "fastme -i /home/evosignet/fran/genomes/OrthoFinder/Results_Jun17/W
orkingDirectory/SimpleTest.phy -o /home/evosignet/fran/genomes/OrthoFinder/Resul
ts_Jun17/WorkingDirectory/SimpleTest.tre" - ok

Dividing up work for BLAST for parallel processing
-----
2025-06-17 00:52:05 : Creating diamond database 1 of 11
2025-06-17 00:52:05 : Creating diamond database 2 of 11
2025-06-17 00:52:05 : Creating diamond database 3 of 11
```

Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

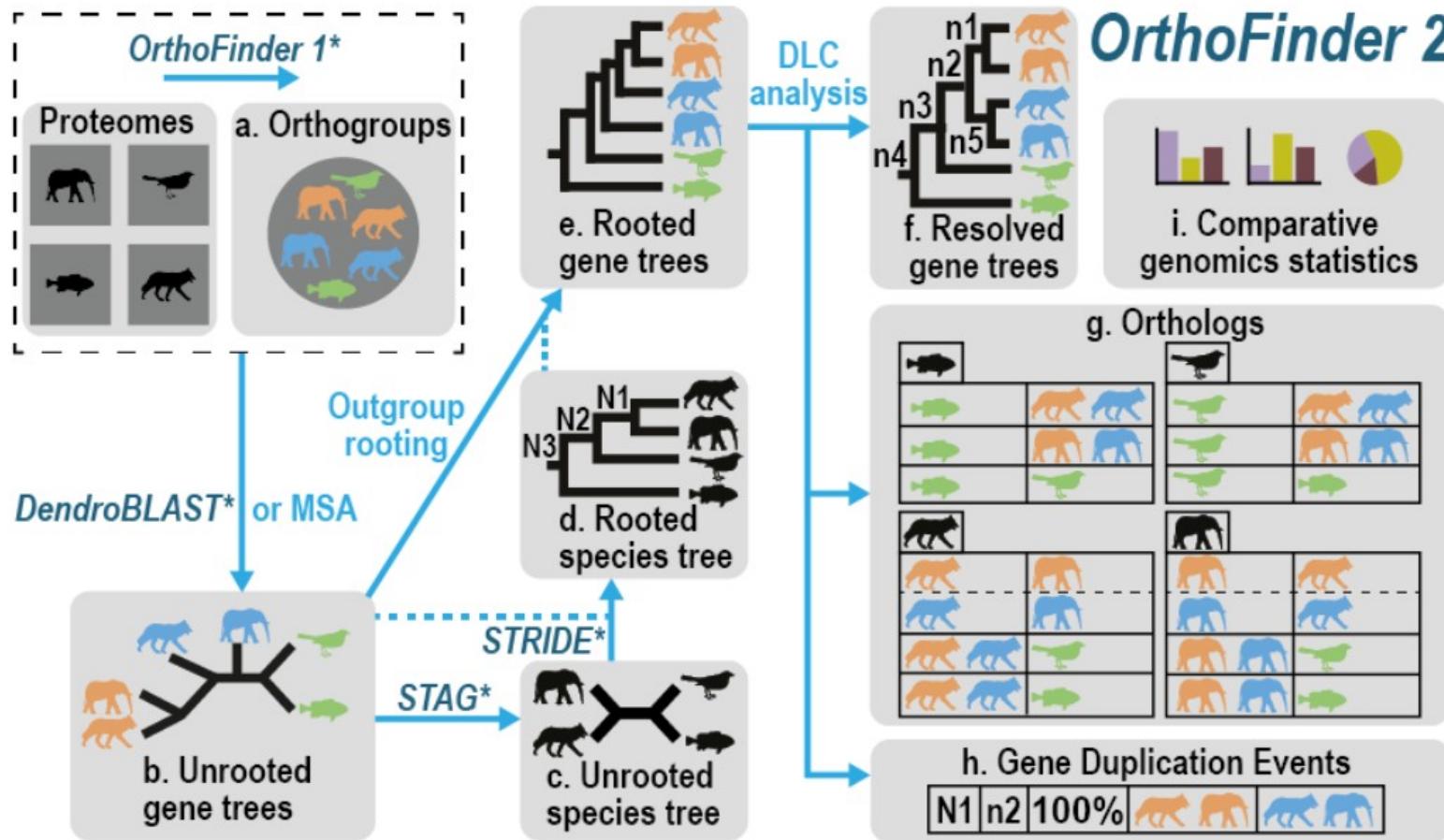
Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción, Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

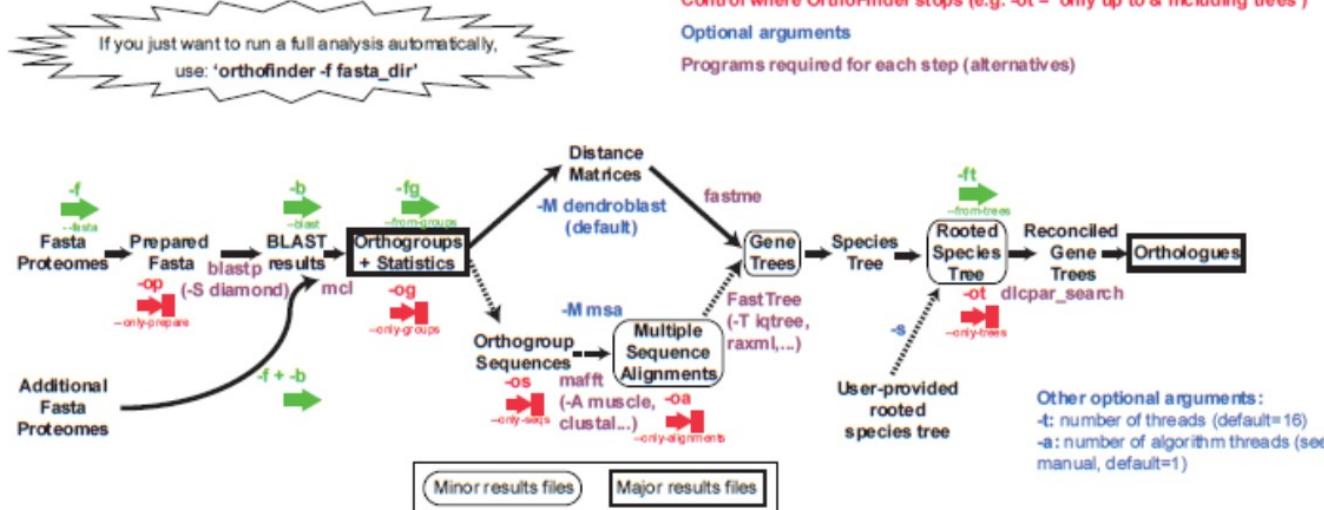
Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Counts.

Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos



Orthofinder: Inferencia Evolutiva de Familias Génicas u Ortogrupos

Controlling the OrthoFinder Analysis



Example commands:

`-f <fasta_dir>`

Perform a complete OrthoFinder analysis on the proteomes contained in `fasta_dir`, use the default dendroblast method to infer gene trees.

`-fg <orthogroups_dir> -ot`

Infer gene trees for the orthogroups in `orthogroups_dir`, the rooted species tree and the all orthologues (use dendroblast for gene trees).

`-f <fasta_dir> -b <previous_blast_results_dir> -M msa -oa`

Reinfer orthogroups by adding the species from `fasta_dir` to species in `previous_blast_results_dir` and infer MSAs for each orthogroup.

`-f <fasta_dir> -t 64 -M msa`

Perform a complete OrthoFinder analysis on the proteomes contained in `fasta_dir`, use gene trees inferred from multiple sequence alignments and 64 threads.

Other optional arguments:
`-t`: number of threads (default=16)
`-a`: number of algorithm threads (see manual, default=1)

Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción, Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Counts.

Resultados de Orthofinder

Descargar usando el menú de la izquierda de Mobaxterm la carpeta **Orthofinder** dentro de la carpeta genomes.

Inspeccionar el fichero con las estadísticas de los resultados:

Results_Jun17 → Comparative_Genomics_Statistics → Statistics_Overall.tsv

```
Number of species      11
Number of genes 519
Number of genes in orthogroups 477
Number of unassigned genes      42
Percentage of genes in orthogroups     91.9
Percentage of unassigned genes 8.1
Number of orthogroups 36
Number of species-specific orthogroups 17
Number of genes in species-specific orthogroups 47
Percentage of genes in species-specific orthogroups     9.1
Mean orthogroup size    13.2
Median orthogroup size  4.5
G50 (assigned genes)   41
G50 (all genes)        41
O50 (assigned genes)   5
O50 (all genes)        5
Number of orthogroups with all species present 2
Number of single-copy orthogroups      0
Date 2025-06-17
Orthogroups file      Orthogroups.tsv
Unassigned genes file Orthogroups_UnassignedGenes.tsv
Per-species statistics Statistics_PerSpecies.tsv
Overall statistics    Statistics_Overall.tsv
Statistics_Overall.tsv
```

Resultados de Orthofinder

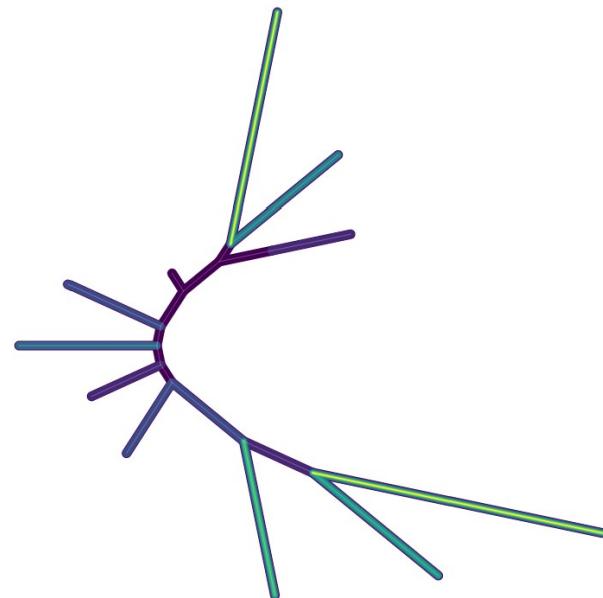
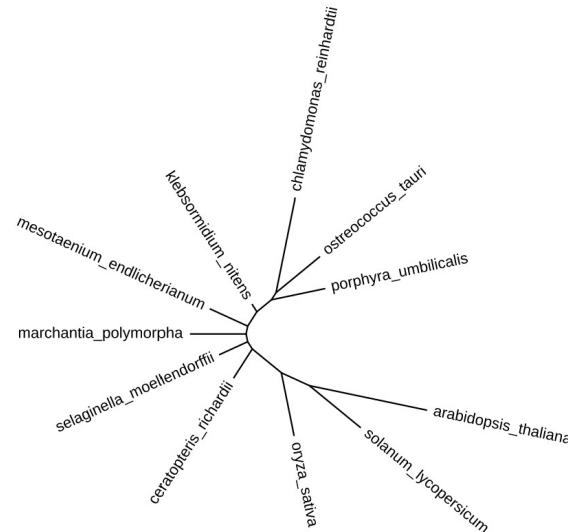
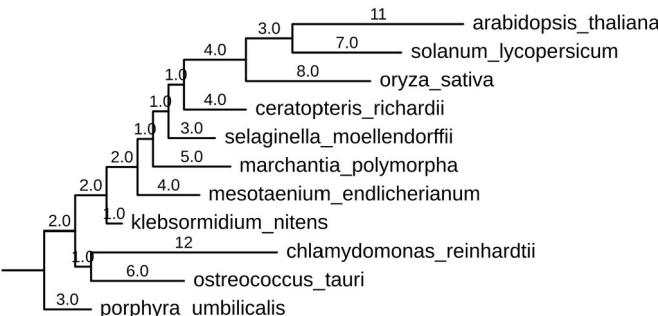
Visualizar el fichero con el árbol de especies:

Results_Jun17 → Species_Tree → SpeciesTree_rooted.txt

Puedes usar:

<https://etetoolkit.org/treeview/>

<https://treeviewer.org/>



Resultados de Orthofinder

Visualizar el fichero con el árbol de filogenético de genes de interés:

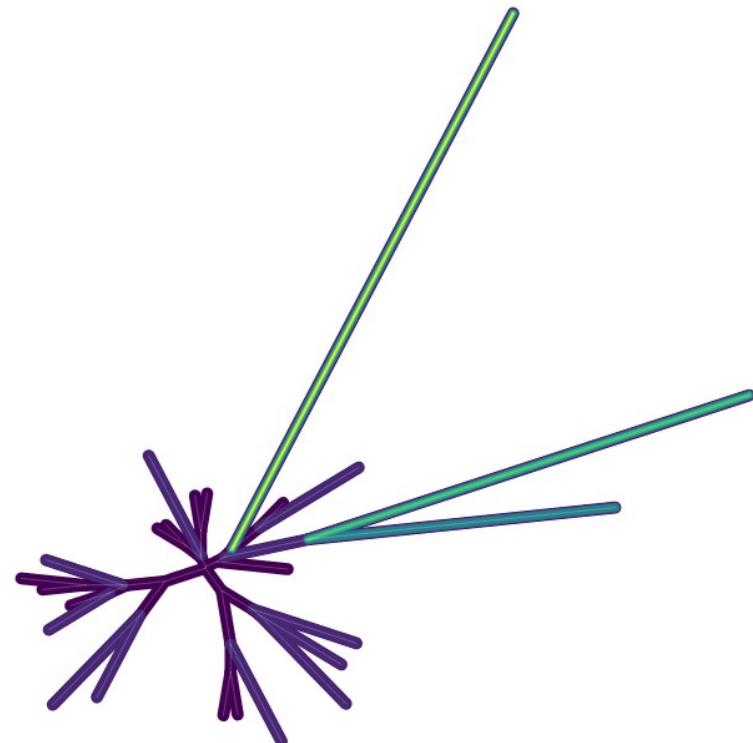
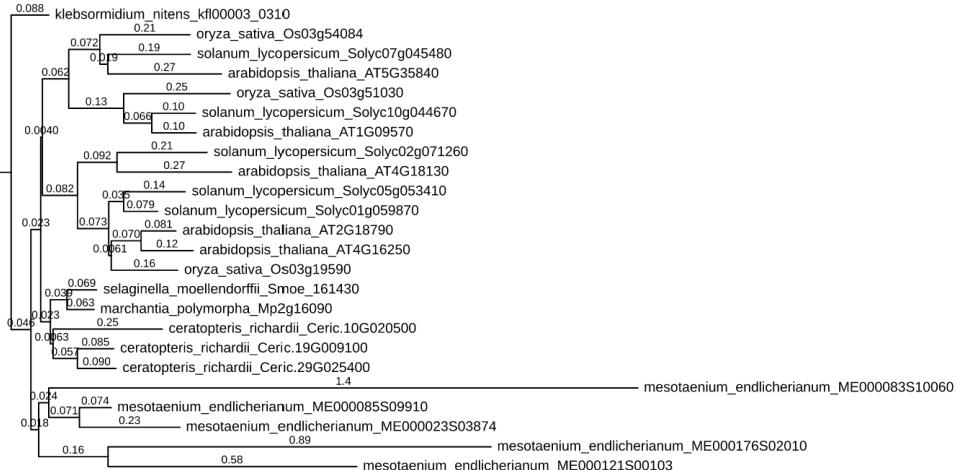
Results_Jun17 → Resolved_Genes_Trees

```
evosignet@molsysbio:~/fran/genomes/OrthoFinder/Results_Jun17$ cd Resolved_Gene_Trees/
evosignet@molsysbio:~/fran/genomes/OrthoFinder/Results_Jun17/Resolved_Gene_Trees
$ ls
OG00000000_tree.txt  OG00000005_tree.txt  OG00000010_tree.txt  OG00000015_tree.txt
OG00000001_tree.txt  OG00000006_tree.txt  OG00000011_tree.txt  OG00000016_tree.txt
OG00000002_tree.txt  OG00000007_tree.txt  OG00000012_tree.txt  OG00000017_tree.txt
OG00000003_tree.txt  OG00000008_tree.txt  OG00000013_tree.txt  OG00000018_tree.txt
OG00000004_tree.txt  OG00000009_tree.txt  OG00000014_tree.txt  OG00000019_tree.txt
evosignet@molsysbio:~/fran/genomes/OrthoFinder/Results_Jun17/Resolved_Gene_Trees
$ grep AT2G18790 *
OG00000007_tree.txt:(klebsormidium_nitens_kfl00003_0310:0.0879975,((((oryza_sativa_Os03g51030:0.248576,(solanum_lycopersicum_Solyc10g044670:0.101539,arabidopsis_thaliana_AT1G09570:0.103364)n6:0.065598)n5:0.128179,((solanum_lycopersicum_Solyc07g045480:0.192676,arabidopsis_thaliana_AT5G35840:0.26523)n8:0.018822,oryza_sativa_Os03g54084:0.210326)n7:0.072478)n4:0.06158,(((solanum_lycopersicum_Solyc01g059870:0.079442,solanum_lycopersicum_Solyc05g053410:0.143759)n11:0.03495,((arabidopsis_thaliana_AT2G18790:0.081424,arabidopsis_thaliana_AT4G16250:0.12134)n13:0.069522,oryza_sativa_Os03g10590:0.155149)n12:0.006119)n10:0.072801,(solanum_lycope
```

Resultados de Orthofinder

Visualizar el fichero con el árbol de filogenético de genes de interés:

Results_Jun17 → Resolved_Genes_Trees



Resultados de Orthofinder

Inspeccionar el fichero con los ortogrupos:

Results_Jun17 → Orthogroups → Orthogroups.tsv

Resultados de Orthofinder

Inspeccionar el fichero con los ortogrupos:

Results_Jun17 → Orthogroups → Orthogroups.GeneCount.tsv

Orthogroups.GeneCount.tsv — LibreOffice Calc

	A	B	C	D	E	F	G
1	Orthogroup_arabidopsis_thaliana	ceratopteris_richardii	chlamydomonas_reinhardtii	klebsormidium_nitens	marchantia_polymorphia	mesotaenium_endlicherianum	oedipina_ciliata
2	OG0000000	14	8	2	2	3	2
3	OG0000001	11	10	2	2	1	2
4	OG0000002	11	5	0	0	1	0
5	OG0000003	7	8	2	7	3	1
6	OG0000004	10	5	0	1	1	1
7	OG0000005	5	8	2	1	3	4
8	OG0000006	4	3	2	0	2	1
9	OG0000007	5	3	0	1	1	5
10	OG0000008	2	2	1	0	4	1
11	OG0000009	3	0	0	0	0	0

Ejercicio exploración de los resultados de Orthofinder

Como ejercicio inspecciona los resultados de Orthofinder para responder a la siguientes preguntas:

- 1)** ¿En qué ortogrupo se encuentra el gen de *Arabidopsis* AT5G44280 que codifica por la unidad catalítica de PRC1 RING1A? Pista busca en el fichero Orthogroups.tsv.

- 2)** Visualiza el árbol filogenético correspondiente a este ortogrupo y coméntalo.

- 3)** ¿Qué especies tienen genes en este ortogrupo y cuántos?

Plan del Curso de Análisis Evolutivo de Genomas

Martes 17 de Junio

Bloque I: 9:00 – 10:30 → Introducción, Bases de datos genómicos y Orthofinder

Descanso: 10:30 – 11:30

Bloque II: 11:30 – 13:30 → Resultados de Orthofinder y Análisis evolutivo con Counts.

Count: Reconstrucción de la Evolución de Familias Génicas

Count es una herramienta computacional para analizar las **dinámicas evolutivas de familias génicas** a lo largo de un arbol filogenético.

Count integra datos de una **matriz con tamaños de familias génicas** en diferentes especies con un **arbol filogenético** de dichas especies obtenidos usando, por ejemplo, Orthofinder.

Count usa **modelos probabilísticos** para inferir el punto concreto en la evolución donde **emerge una familia génica** u ortogrupo así como eventos de **ganacias/expansiones y pérdidas/contracciones**. También estima el **número ancestral de genes** de una familia.

The screenshot shows a web browser window with the URL www.iro.umontreal.ca/~csuros/gene_content/count.html. The page title is "Intro". The content area begins with a paragraph about the software's purpose and data sources, followed by a bulleted list of tasks it performs.

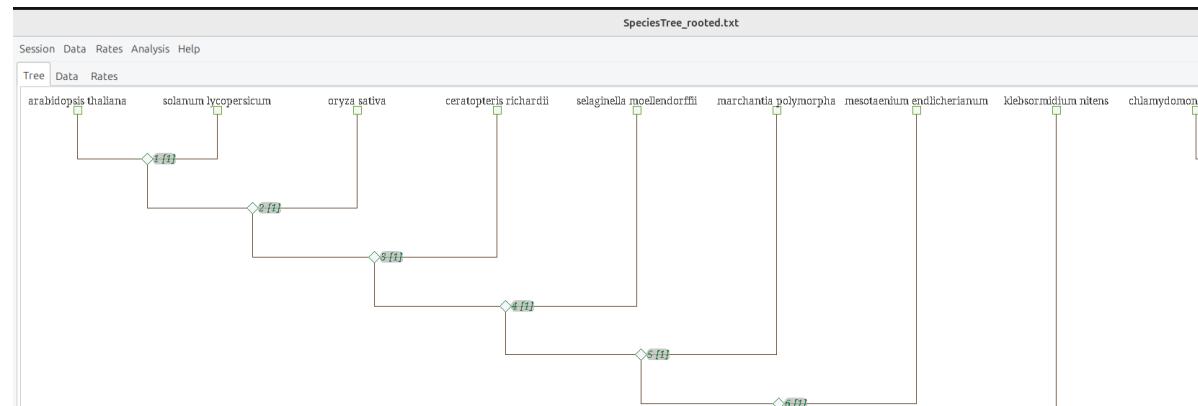
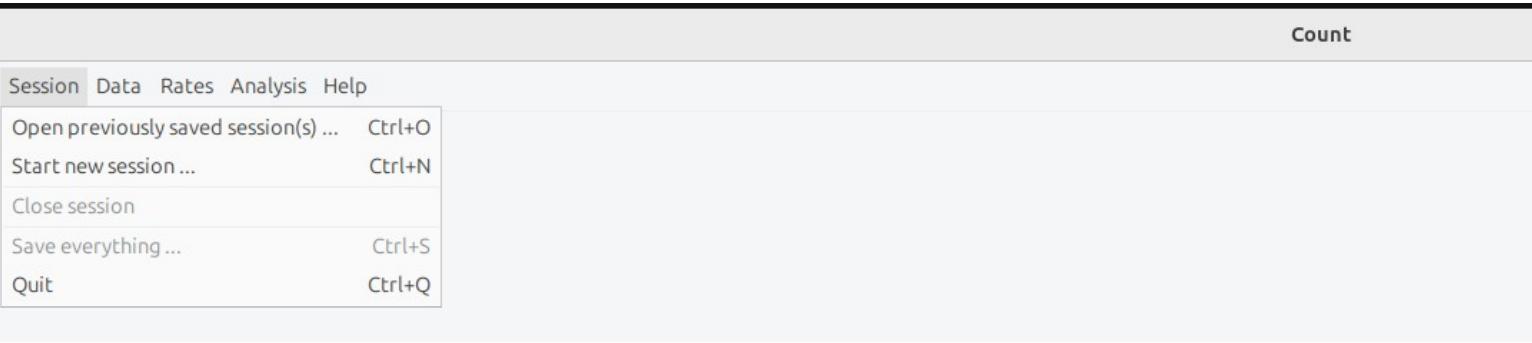
Count is a software package for the evolutionary analysis of homolog family sizes (phylogenetic profiles), or other numerical census-type characters along a phylogeny. The principal data consist of the distribution of homolog family sizes across multiple genomes: for each (gene) family, that table gives the number of homologs identified in each genome. Count has been tested using data from the arCOG and KOG databases. The implemented tasks include the following.

- Family filtering by family size, presence in selected genomes, or other criteria.
- Parameter optimization for a phylogenetic birth-and-death model.
- Ancestral reconstruction by Dollo parsimony.
- Ancestral reconstruction by symmetric or asymmetric Wagner parsimony.
- Ancestral reconstruction by posterior probabilities in a phylogenetic birth-and-death model.

Count: Reconstrucción de la Evolución de Familias Génicas

Lanza Count

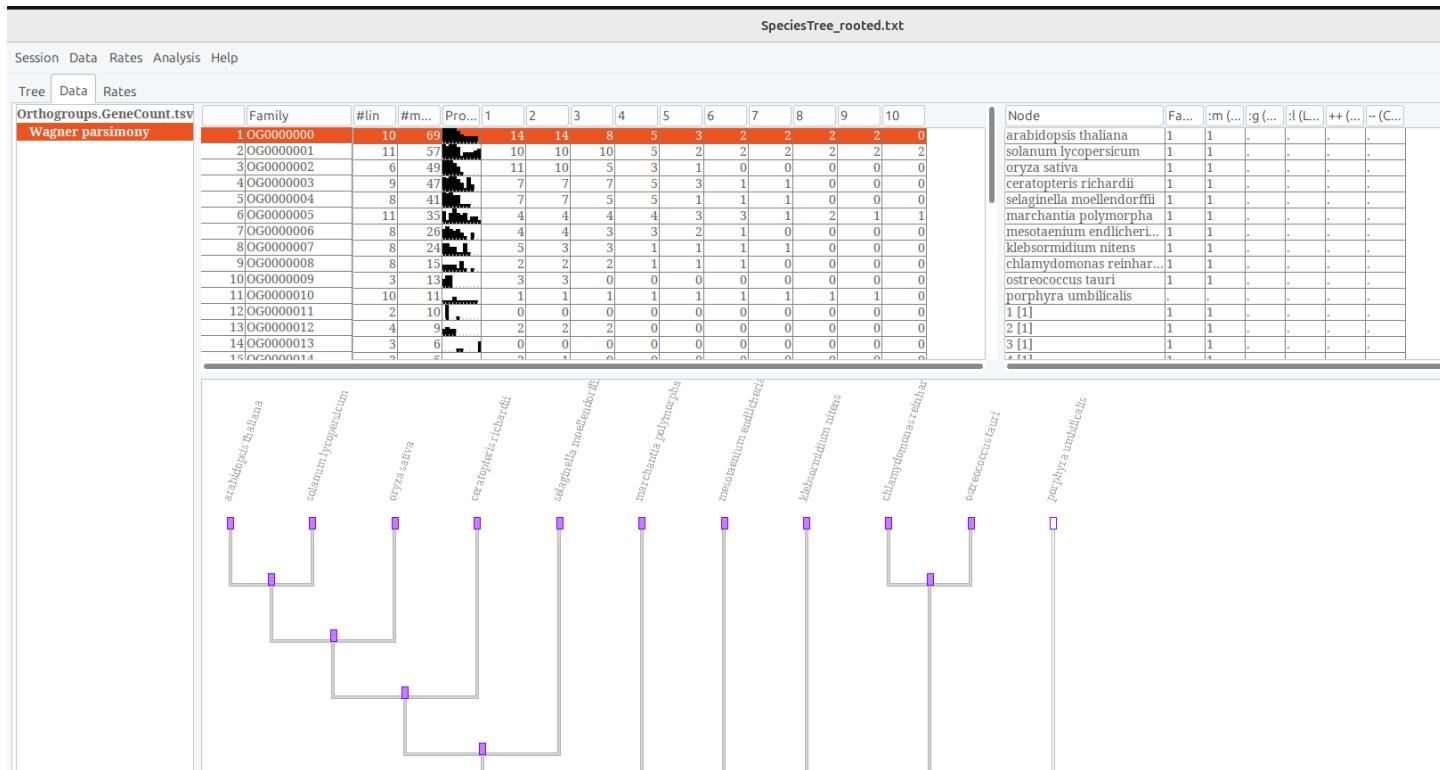
Carga el árbol de especies con: Session → Start new session ...



Count: Reconstrucción de la Evolución de Familias Génicas

Analiza la evolución de las familias génicas aplicando, por ejemplo, parsimonia Wagner con:

Analysis → Family history by Wagner parsimony



Ejercicio reconstrucción de la historia evolutiva con Count

Como ejercicio inspecciona los resultados de Count para responder a las siguientes preguntas:

- 1)** Busca ortogrupos que ya emergieron desde el comienzo de Viridiplantae.
- 2)** Busca ortogrupos que no estuvieran presentes en clorofitas.
- 3)** Busca ortogrupos con eventos de ganancia.