

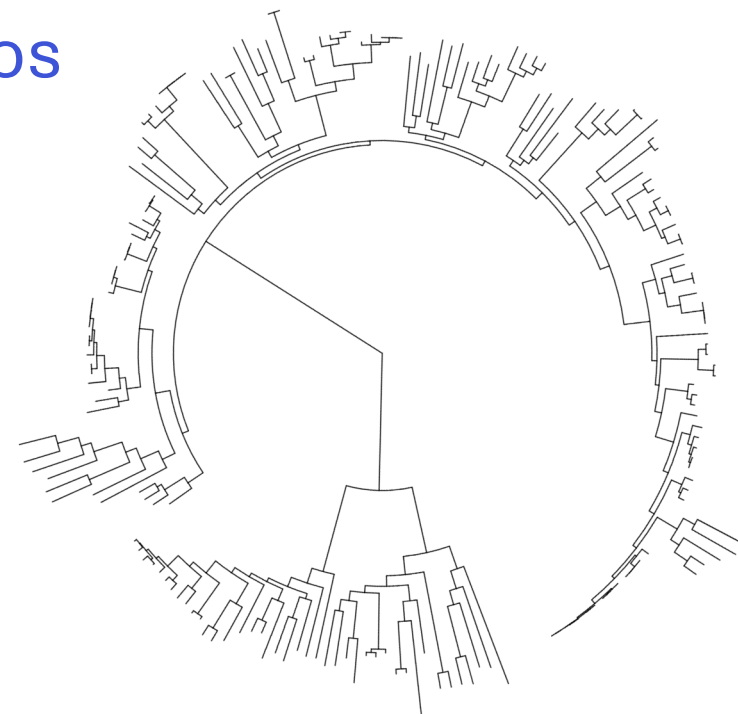


Construcción y edición de árboles filogenéticos

Día 4

Contenido del curso

1. Conceptos clave
2. Preparación de datos y herramientas
3. Reconstrucción de árboles filogenéticos
4. Edición e interpretación de árboles filogenéticos



Día 4: Edición e interpretación de árboles

18:05 - 18:15

- Repaso

18:15 - 18:30

- ¿Cómo “leer” o interpretar un árbol filogenético?

18:30 - 19:30 *

- Uso de la herramienta FigTree
- Uso de la herramienta iTol

19:00 - 19:50

- Trabajo de edición individual
- “Presentación” de resultados

19:50 - 20:00

- Dudas y comentarios finales

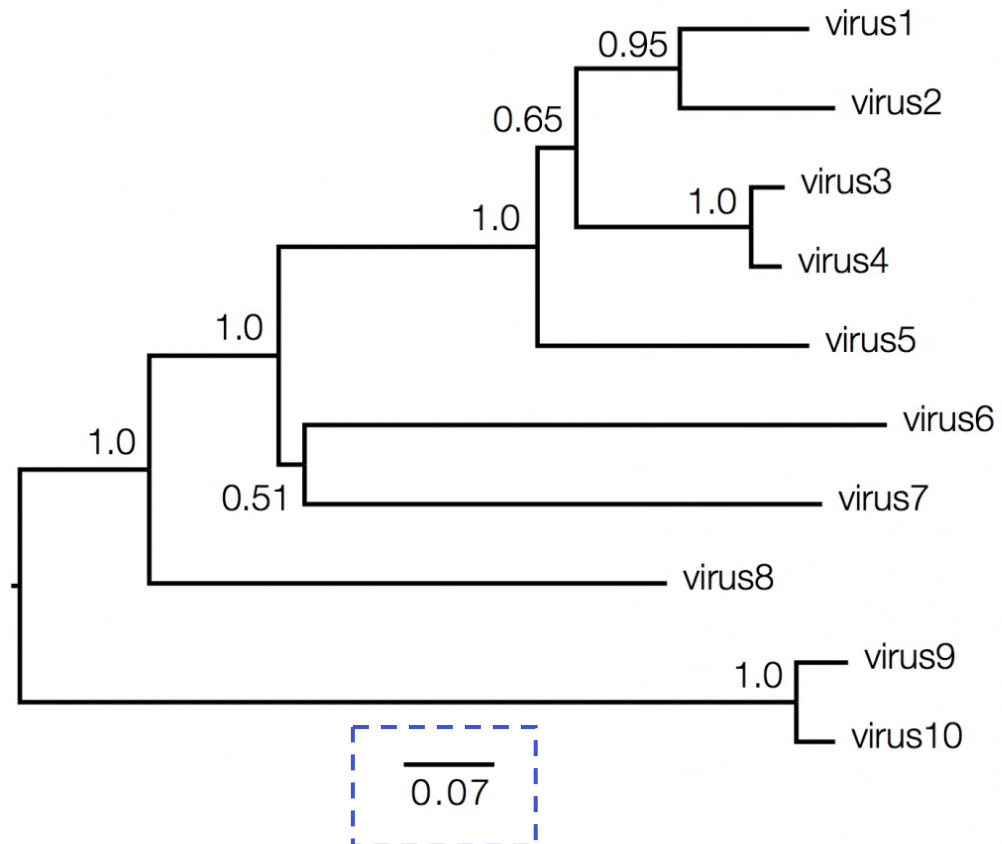


Repaso



¿Cómo “leer” o interpretar un árbol filogenético?

¿Qué información proporciona el árbol filogenético?



Dimensiones

Las dimensiones **verticales** no tienen ningún significado en este árbol

Las dimensiones **horizontales** representan la cantidad de cambios genéticos de las secuencias comparadas

La barra indica la **escala** de estos cambios. Normalmente, las unidades de esta escala son sustituciones por sitio.

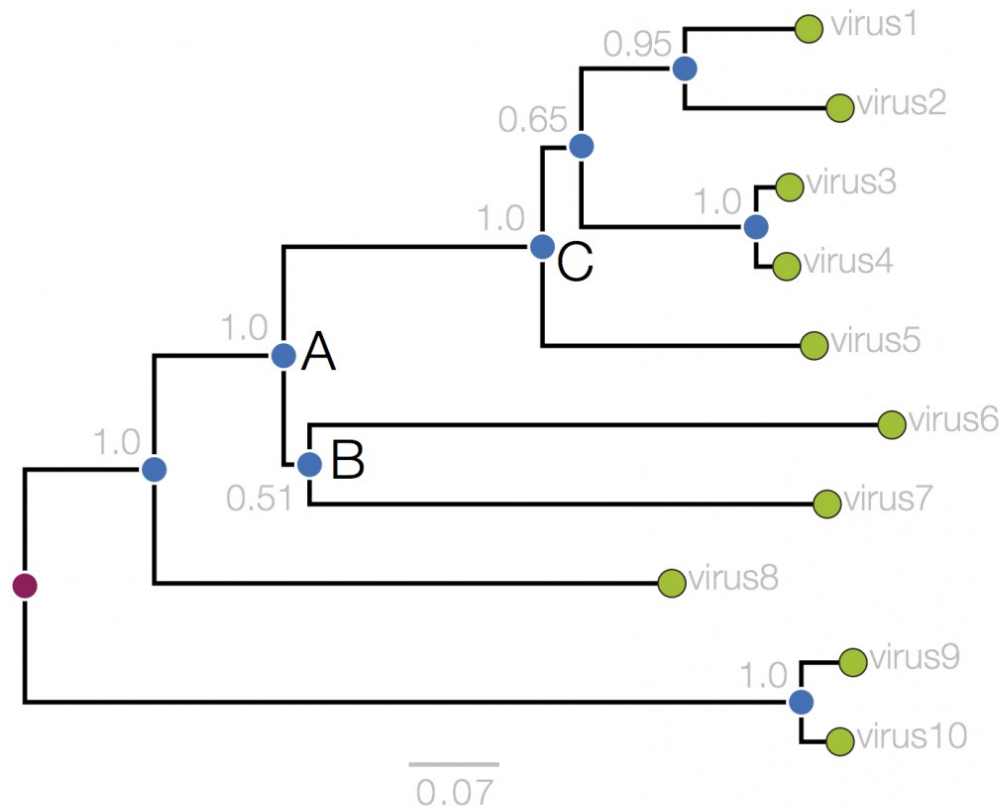
¿Qué información proporciona el árbol filogenético?

Estructura

Nodos (circulos) y ramas (líneas)

Tipos de nodos:

- **Externos** (*tips* o *leaves*)
Representan a las secuencias reales analizadas
- **Internos**
Representan ancestros putativos de las secuencias analizadas

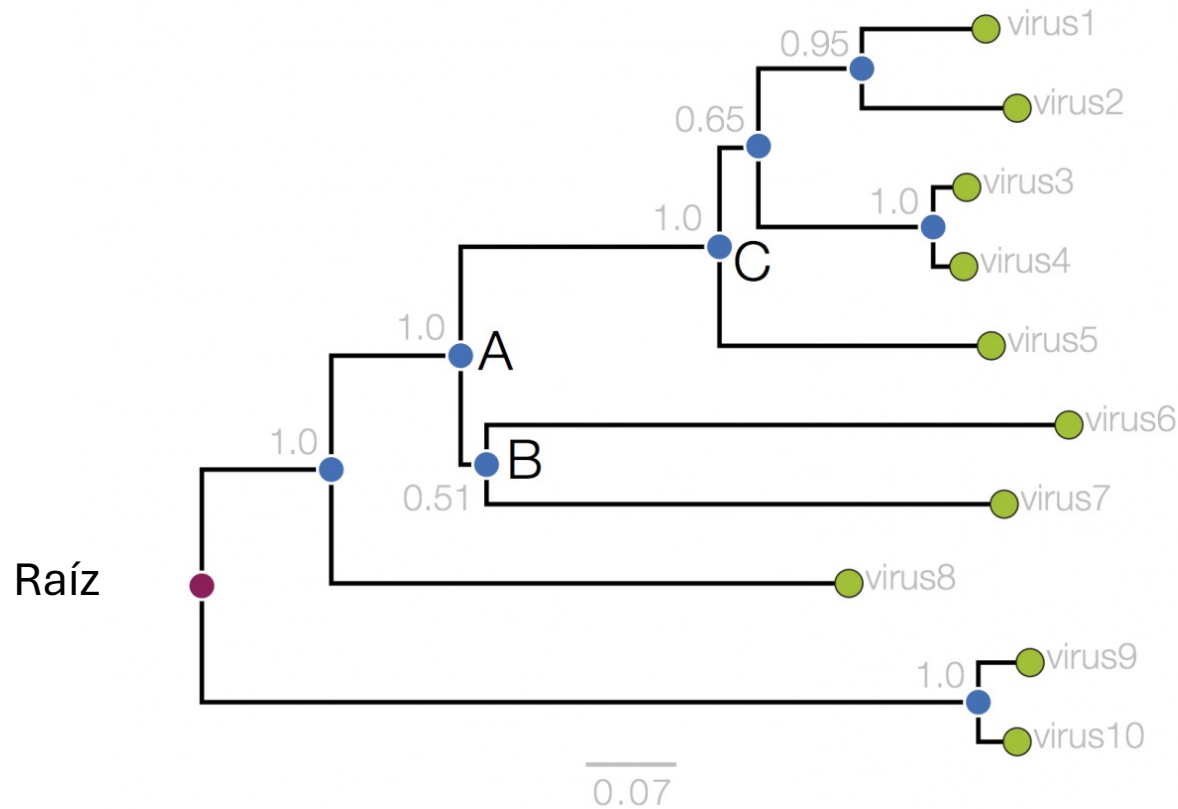


¿Qué información proporciona el árbol filogenético?

Estructura

Cuando el árbol tiene raíz, podemos saber el orden en el cual ocurrieron los cambios evolutivos, por lo que podríamos decir:

“El ancestro A existe antes que el ancestro B y C”

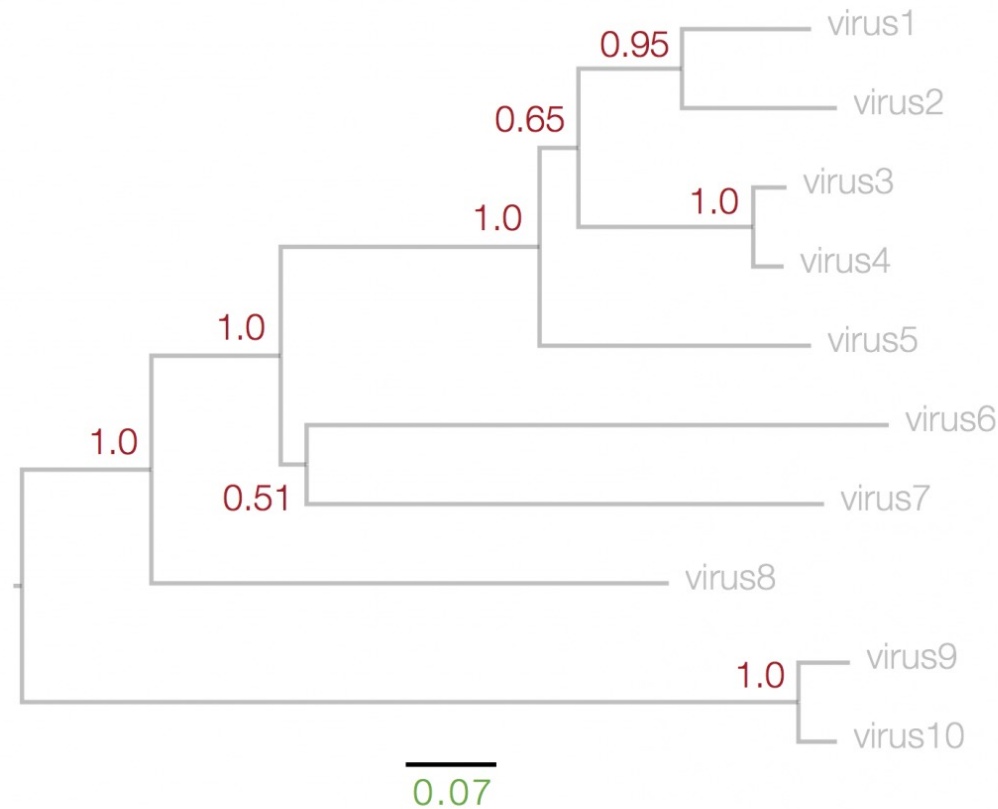


¿Qué información proporciona el árbol filogenético?

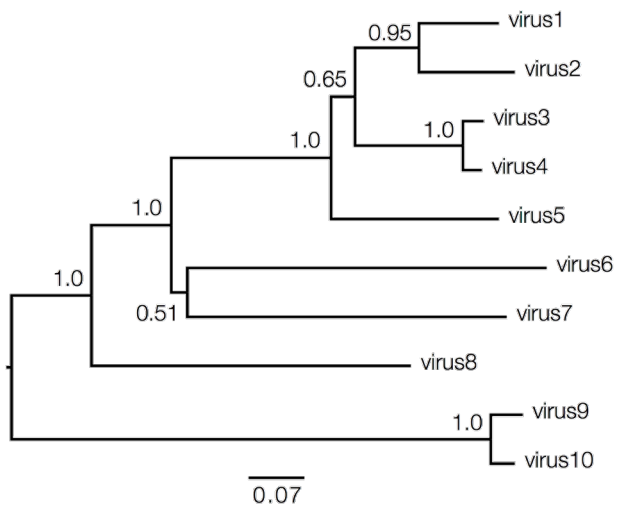
Nivel de confianza

Los números en rojo al lado de cada nodo indican la medida de confianza de ese nodo, por ejemplo, el valor de “bootstrap”.

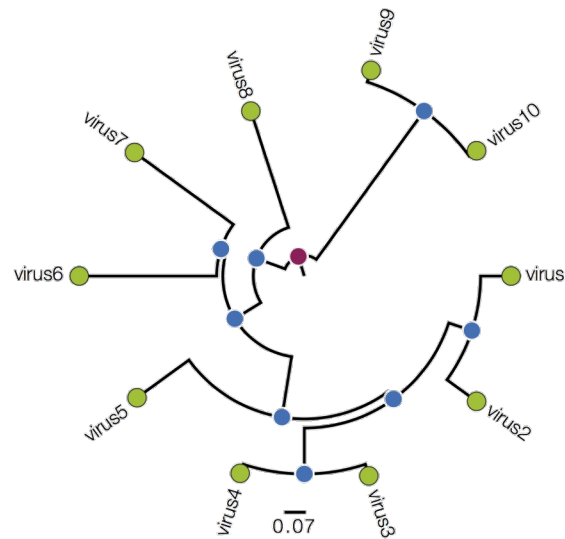
Generalmente este valor va desde 0 a 1, siendo 1 el nivel de confianza mayor



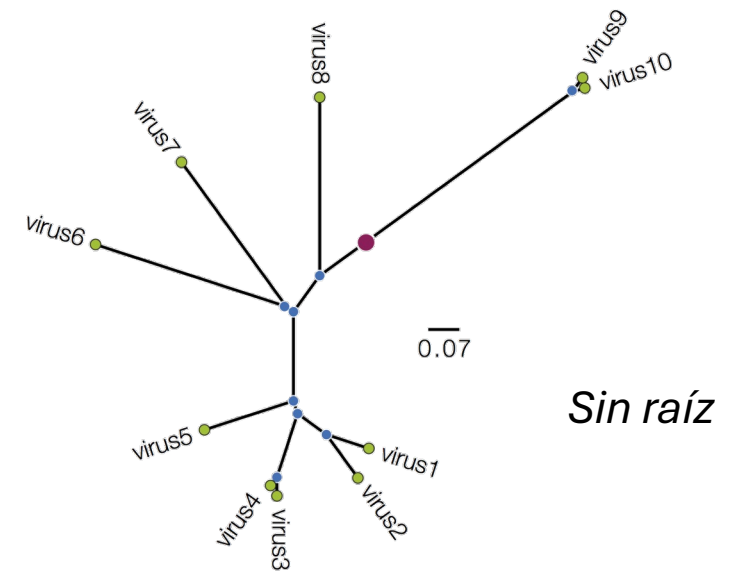
Formas de representar un mismo árbol filogenético



Lineal

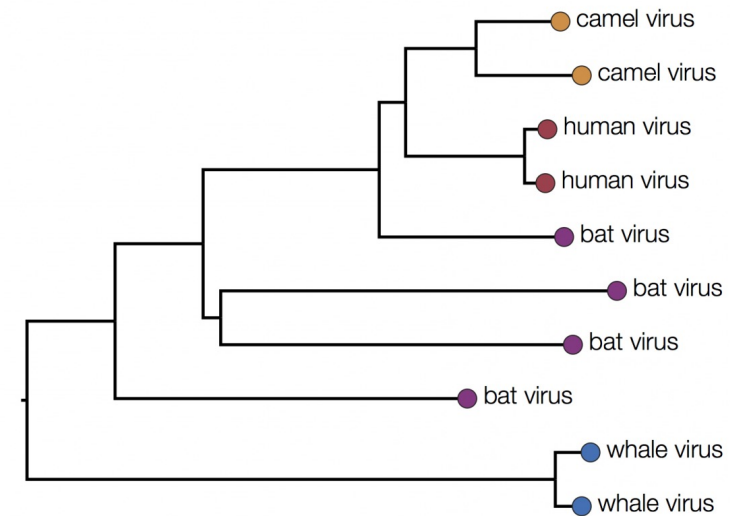
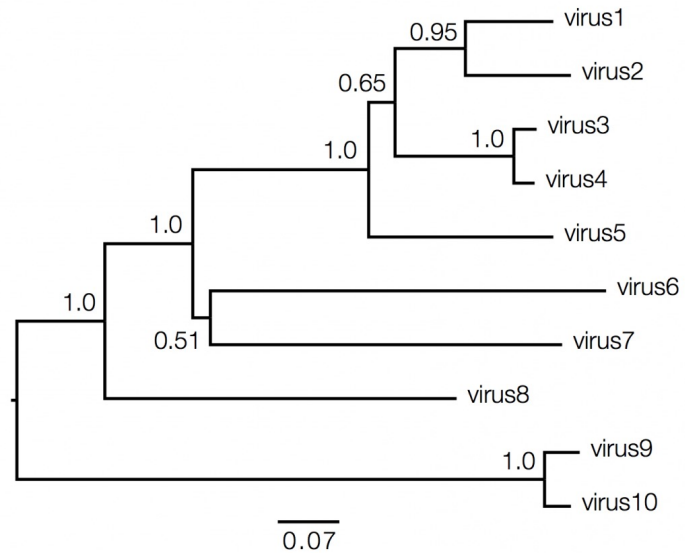


Circular

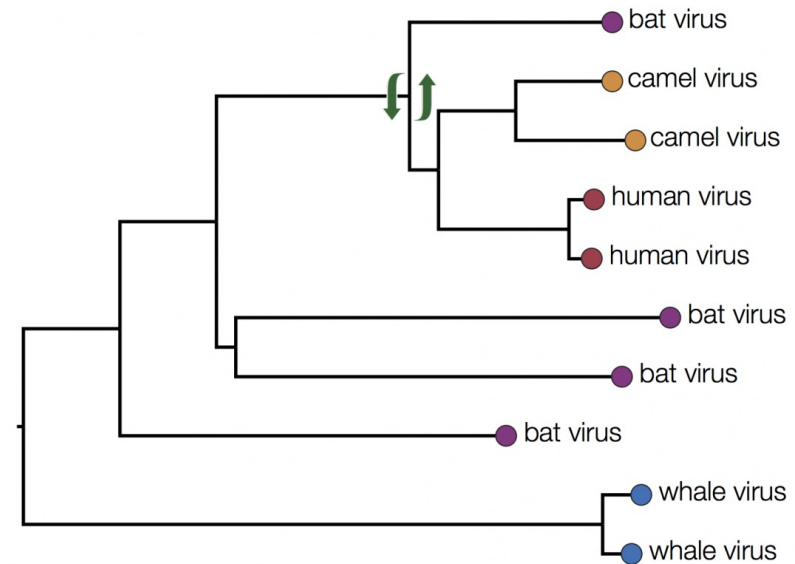
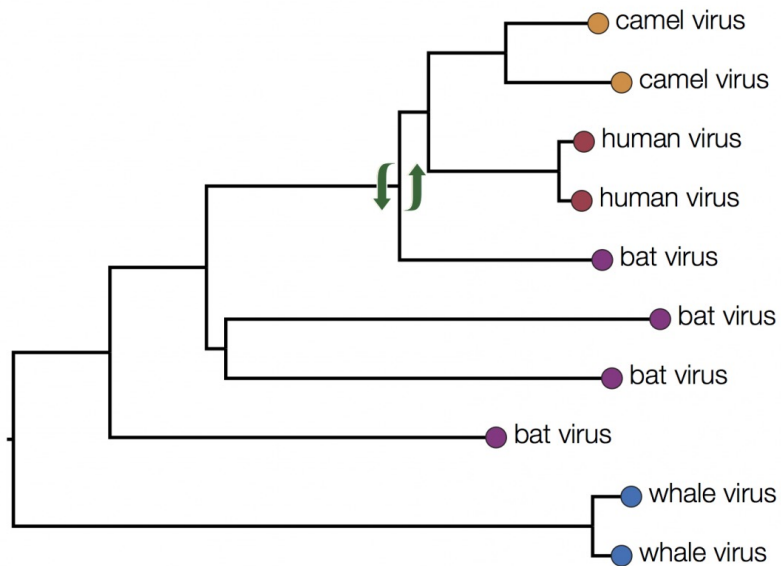


Radial

El poder de la edición



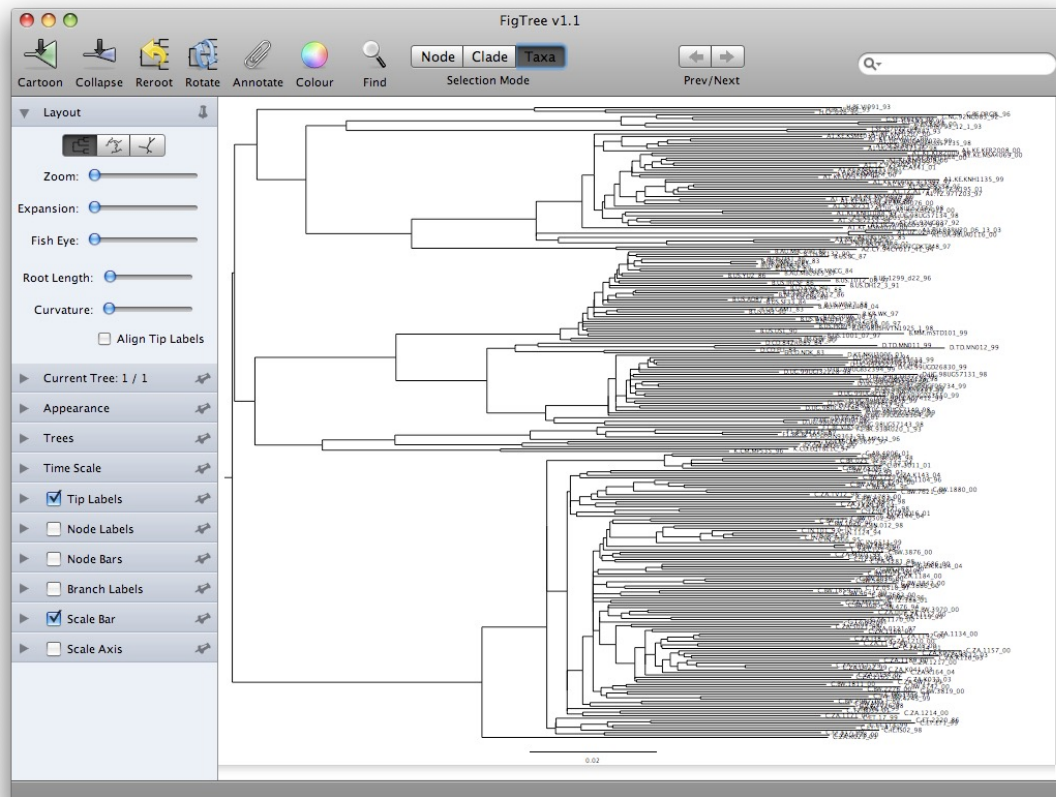
La rotación de los **nodos internos** no cambia las relaciones filogenéticas de los taxas



Uso de la herramienta FigTree



FigTree



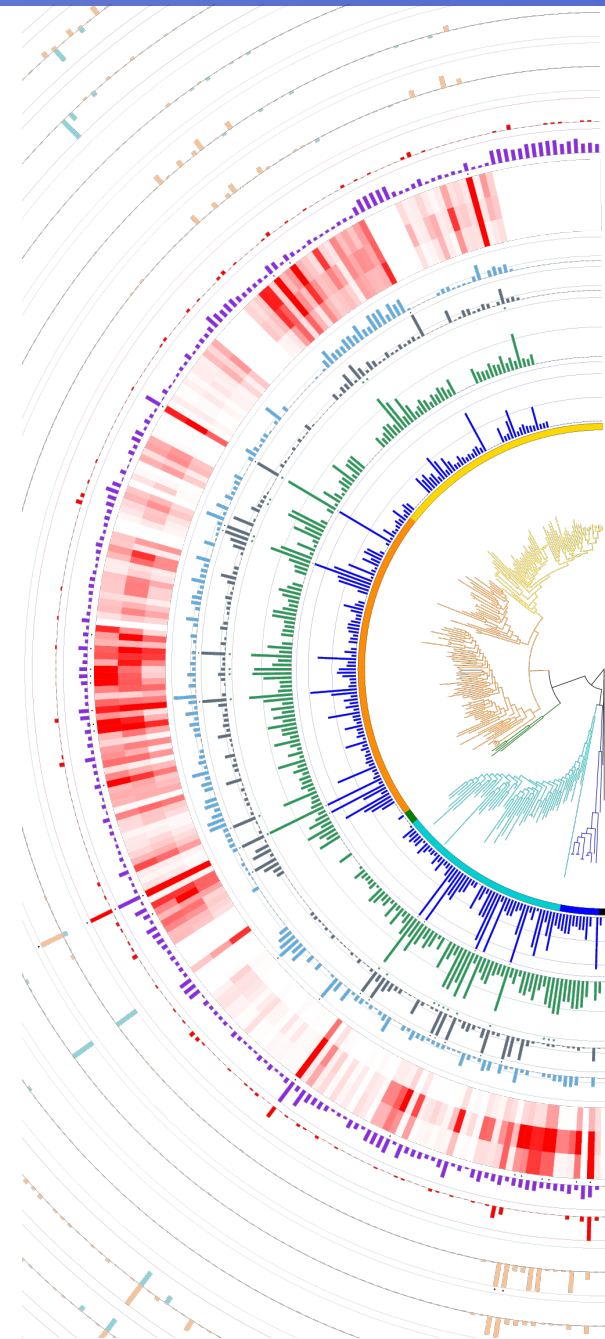
Es una herramienta diseñada como un visualizador gráfico de árboles filogenéticos y como un programa para la producción de figuras listas para publicación

Uso de la herramienta iTOL

Edición de árboles con iTOL

iTOL (Interactive Tree Of Life) es una herramienta online que te permite visualizar, editar y anotar árboles filogenéticos usando un número ilimitado de “datasets”.

Los “datasets” en iTOL son archivos de texto (.txt) bajo un formato pre-establecido que contienen la información necesaria para agregar metadatos asociados a las muestras que contiene un árbol filogenético



¿Qué necesito para crear un árbol con metadatos en iTOL?

1. Un árbol filogenético (.nwk)
2. Los archivos para cada uno de los *datasets* por agregar (.txt)

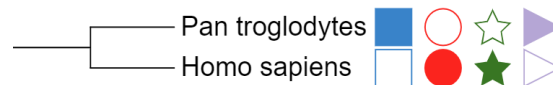
Explora aquí la [galería de iTOL](#)

Nota: Los nombres de las muestras en el árbol filogenético y en los archivos de los datasets deben coincidir para que iTOL pueda reconocerlos

Datasets de iTOL

Encuentra cada plantilla [aquí](#)

Binary data



Simple bar charts



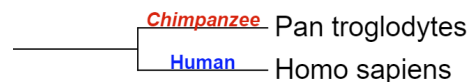
Multiple value bar charts



Pie charts



Text labels



Branch symbols



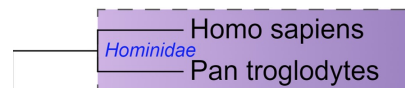
Branch and label styles



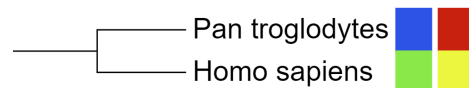
Datasets de iTOL

Encuentra cada plantilla [aquí](#)

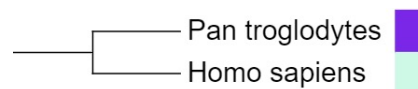
Colored/labeled ranges



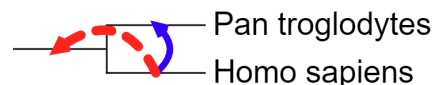
Colored strips



Color gradients



Connections



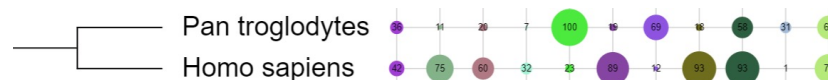
Heatmaps



Protein domains



Shape plots



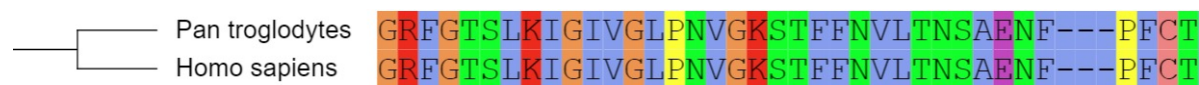
Datasets de iTOL

Encuentra cada plantilla [aquí](#)

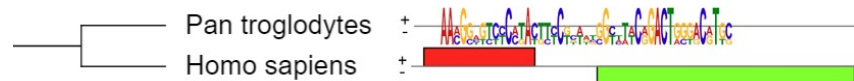
Boxplots



Multiple sequence alignments



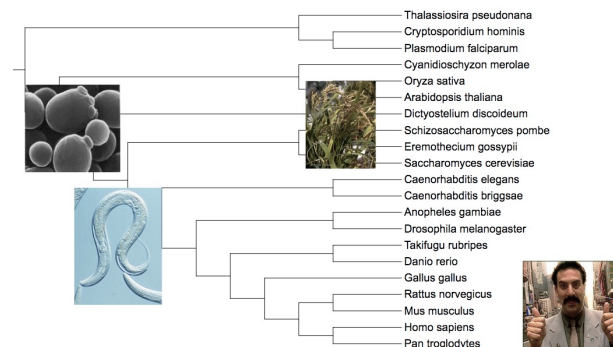
MEME motifs



Line charts



Images



Trabajo individual

¿Qué debo hacer?

1. Usando los datasets de metadatos para iTOL, genera tu propia versión del árbol filogenético de las beta-lactamasas. Puedes elegir diferentes datasets, modificar los colores, las leyendas, etc.
2. Cuando obtengas la mejor versión de tu árbol, descarga la imagen y genera una sola diapositiva con tu árbol y un pie de figura que contenga la siguiente información:
 - a) Título del árbol
 - b) Modelo de sustitución
 - c) Método de reconstrucción filogenética
 - d) Número de sitios
 - e) Número de réplicas de bootstrapping
 - f) Datasets que elegiste mostrar en la figura



Presentación de resultados

Orden de las presentaciones

1. Mariana
2. Julio
3. Magali
4. Eduardo
5. Erika
6. Franciso
7. Pablo
8. José

Dudas y comentarios finales

Contacto

Dra. Paulina M. Mejía-Ponce



paumayell@gmail.com