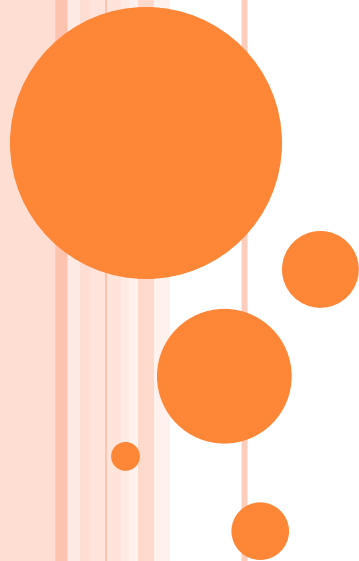


# VISUALIZACIÓN DE ÁRBOLES FILOGENÉTICOS CON ETE TREEVIEWER



**Santiago García Sánchez**  
**551651@unizar.es**  
**Bioinformática, práctica 4**

# ETE TREEVIEWER

ETE Toolkit

A Python framework to work with trees

- Permite visualizar árboles filogenéticos en formato Newick y alineamientos en formato Fasta
- Ofrece integración con la base de datos NCBI taxonomy para la traducción automática de identificadores numéricos de taxonomías
- Basada en el ETE toolkit, framework para la manipulación, análisis, comparación y visualización de árboles filogenéticos (y todo tipo de árboles jerárquicos)



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



# ETE TREEVIEWER: CARGAR DATOS

- Los datos del árbol a visualizar se pueden introducir en el área de texto correspondiente o importan un fichero. En ambos caso el formato debe ser Newick.

Paste your tree in newick format:

```
((6669.DappuP312785:1.24473,  
(((7739.JGI126010:4.02e-  
06,7739.JGI126021:0.168081)0.99985:0.848895,  
((45351.NEMVEDRAFT_v1g217973-PA:1.49614,
```

 Clear

*Or upload a newick file:*

Ningún archivo seleccionado



# ETE TREEVIEWER: CARGAR DATOS

- Opcionalmente, se pueden importar los datos de alineamiento para ser visualizados conjuntamente con el árbol filogenético.

Paste your alignment in fasta format:

```
>7029.ACYP1001869-PA  
-P-----TKNANE-F-  
ANDLFETCNLTEIESLQSSLKKDVEKKADQLKSLVSEKYRD  
LIDAADTISSMAIIVSDI-T-----NVTEHILKTNQTN-----
```

[Clear](#)

*Or upload a fasta file:*

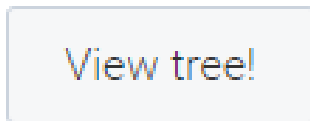
Seleccionar archivo

Ningún archivo seleccionado



# ETE TREEVIEWER: VISUALIAR ÁRBOL

- Una vez cargados los datos, se visualiza el árbol mediante el botón



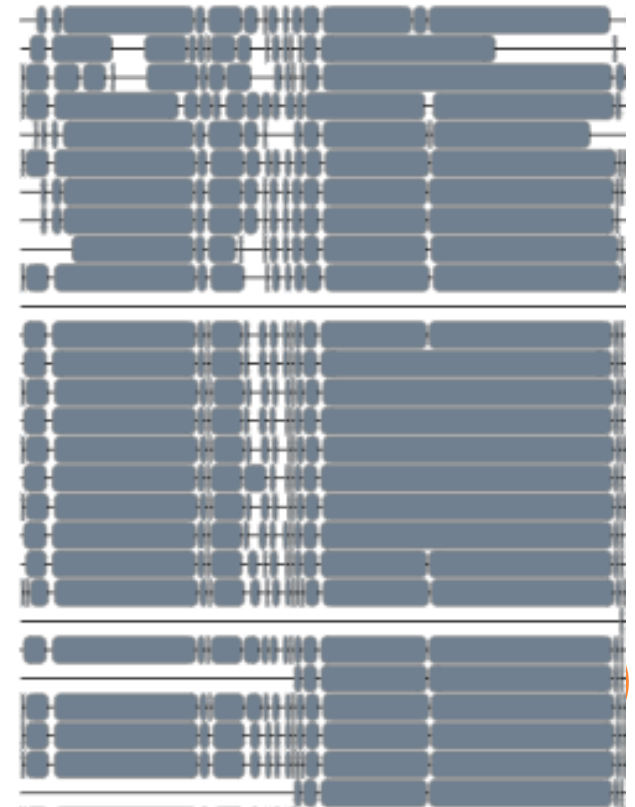
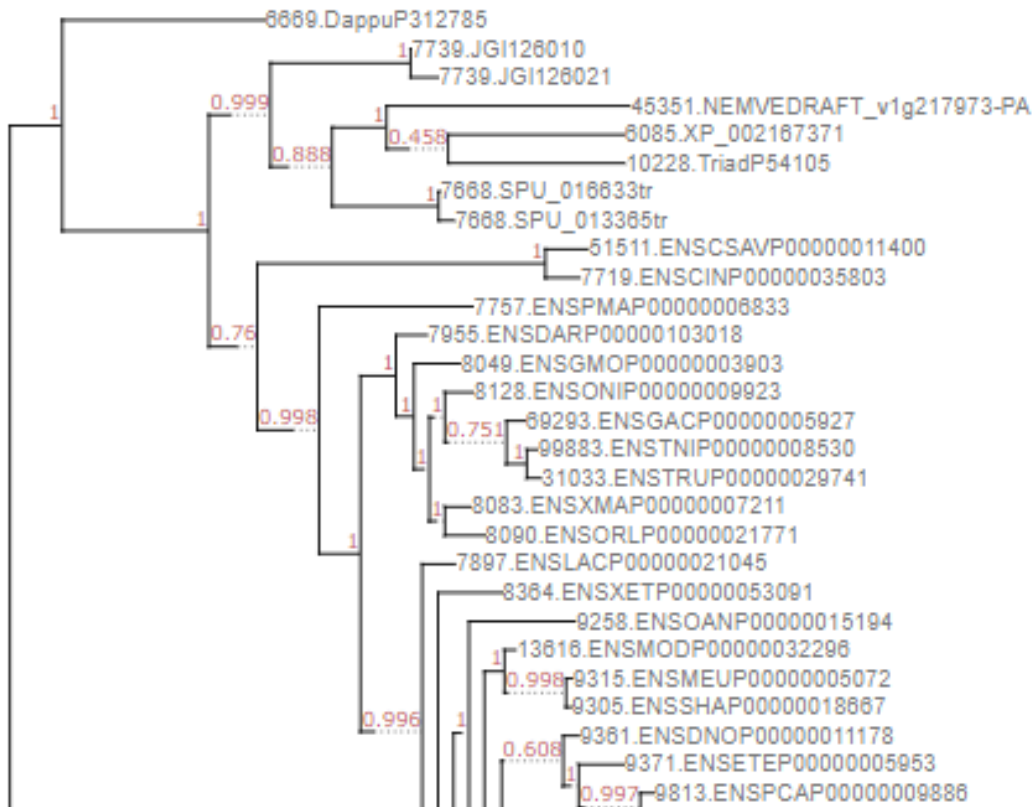
- Las ramas aparecen etiquetada con las distancias evolutivas y los nombres de los nodos coinciden con los de las secuencias alineadas



# ETE TREEVIEWER: CONFIGURAR SALIDA

- Si se han introducido datos de alineamiento puede configurarse la forma en la que son presentados.

Alignment image type:



# ETE TREEVIEWER: CONFIGURAR SALIDA

- Si se han introducido datos de alineamiento puede configurarse la forma en la que son presentados.

Alignment image type:



# ETE TREEVIEWER: TRADUCIR IDs TAXONÓMICOS

- Un identificador taxonómico es un número que identifica una especie en la base de datos NCBI taxonomy.  
Ejemplo: 6669 = *Daphnia pulex*
- Usando estos identificadores como nombre de los nodos (o el formato taxID.nombreSecuencia) la herramienta obtendrá de la base de datos NCBI el nombre de especie asociado a cada identificador junto con su linaje
- Para usar esta funcionalidad:  [Resolve taxonomic ids](#)







# ETE TOOLKIT: USO AVANZADO

- La herramienta web ETE Treeviewer es solo una pequeña muestra de lo que se puede hacer con el ETE Toolkit

```
master
[vagrant@precise64] /Users/jhc/_Devel/ete_master/bin
$ python demo.py examples.sh
#
# INLINE LINE TREE EDITION AND VISUALIZATION
#
# ' |
```

- Además de la visualización de filogenias el framework permite, entre otras opciones, la generación de árboles de genes y especies, ejecutar y visualizar análisis CodeML y SLR, calcular distancias entre árboles, realizar consultas a la base de datos NCBI taxonomy, manipular la topología de los árboles, etc.



# ETE TOOLKIT: USO AVANZADO

- Para tener acceso a las opciones avanzadas es necesario descargar la versión instalable disponible para Linux y Mac OS X, la cual ofrece un conjunto de herramientas ejecutables por línea de comandos
- Guía de descarga e instalación:  
<http://etetoolkit.org/download/>
- Documentación:  
<http://etetoolkit.org/documentation/tools/>

