

# **Esercitazione**

Analisi bioinformatiche su un trascrittoma di Salamadra salamandra

# Argomenti

- Analisi del campione da studiare
- Analisi del trascrittoma di Salamandra assemblato
- Alberi filogenetici
- Interpretazione dei risultati

# Il campione: Salamandra salamandra

 La specie di Salamandra pezzata che vive nella penisola è possibile suddividerla in due sottospecie, Salamandra salamandra salamandra nella parte settentrionale e Salamandra salamandra gigliolii in quella centro-meridionale



# Quesito biologico

• La differente attitudine alla dispersione è legata a differenze genotipiche tra gli individui?



tessuto bersaglio per indagare il background genetico del comportamento la variazione genetica interindividuale influenza i polimorfismi comportamentali

architettura genetica delle personalità animale

# Campioni

• Campioni analizzati

Campione Salamandra salamandra	Condizione sperimentale	
R530	Sud	Slow
R531	Sud	Fast
R538	Sud	Slow
R541	Sud	Fast
R547	Sud	Fast
R560	Nord	Slow
R564	Nord	Slow
R565	Nord	Fast
R572	Nord	Fast
R573	Nord	Slow



#### Importanza del trascrittoma

Il trascrittoma :

- Comprende l'insieme delle molecole di RNA presenti in una cellula di un dato tessuto o in una determinata condizione.
- Una delle sue applicazioni più utili riguarda l'analisi differenziale dell'espressione genica fra due o più condizioni sperimentali.
- L'assemblaggio del trascrittoma de novo è spesso il metodo preferito per studiare gli organismi non modello



#### Importanza del trascrittoma

- Organismo non modello: Rispetto agli organismi modello, sono disponibili pochi studi molecolari per gli organismi non modello, la maggior parte degli organismi in natura (Biodiversità)
- Numero di organismi trovati nelle banche dati NCBI interrogando "amphibia" su SRA, archivi nucleotidici, genomici e tassonomici (<u>https://www.ncbi.nlm.nih.gov/</u>) con il software De-novo-finder.

	Trascrittomi	Genomi	
2021	10810	28	
2024	55980	112	

#### ( )( )

#### **ESERCITAZIONE**

#### Esercitazione



Operazione proposta allo studente ACCESSO AL SERVER REMOTO

PARAMETRI DI CONFIGURAZIONE Nome server/host: raganella.deb.unitus.it Nome utente: esercitazione Password: (sarà comunicata dai docenti in aula)

Comando Unix/Linux per Powershell (microsoft): ssh nome\_utente@nome\_host

Comando Unix/Linux per Powershell (microsoft): ssh esercitazione@raganella.deb.unitus.it



#### Se SSH non è presente sul proprio elaboratore

#### LINUX/MAC/UBUNTU

Aggiornamento sistema \$ sudo apt update

**Installazione** \$ sudo apt install openssh-server

Verifica attivazione
\$ sudo systemctl status ssh

**Se ci sono problemi di firewall** \$ sudo ufw allow ssh

#### WINDOWS

Aprire "Impostazioni" > "Sistema" > "Funzionalità Facoltative", e verificare se il client OpenSSH è installato, altrimenti installare cliccando su "Aggiungi una funzionalità facoltativa"

Aprire il prompt dei comandi come amministratore, ad esempio con la funzionalità di ricerca di Windows > "cmd.exe" > "Esegui come amministratore"

Inserire il comando CMD: ssh.

Stabilite la connessione al server desiderato

#### Se SSH non è presente sul proprio elaboratore (PUTTY)

#### **WINDOWS**

https://www.chiark.greenend.org.uk/~sgtatham/putty/latest.html

#### Package files

You probably want one of these. They include versions of all the PuTTY utilities (except the new and slightly experimental Windows pterm).

(Not sure whether you want the 32-bit or the 64-bit version? Read the FAQ entry.)

We also publish the latest PuTTY installers for all Windows architectures as a free-of-charge download at the Microsoft Store; they usually take a few days to appear there after we release them.

#### MSI ('Windows Installer')

64-bit x86:	<u>putty-64bit-0.81-installer.msi</u>	(signature)
64-bit Arm:	<u>putty-arm64-0.81-installer.msi</u>	<u>(signature)</u>
32-bit x86:	<u>putty-0.81-installer.msi</u>	<u>(signature</u> )
Unix source arcl	hive	
.tar.gz:	<u>putty-0.81.tar.gz</u>	(signature)

Alternative b	oinary files				
The installer packages above will provide versions of all of these (except PuTTYtel and pterm), but you can download standalone binaries one by one if you prefer.					
(Not sure whether you want the 32-bit or the 64-bit version? Read the FAQ entry.)					
putty.exe (the S	SSH and Telnet client its				
64-bit x86:	<u>putty.exe</u>	(signature)			
64-bit Arm:	<u>putty.exe</u>	(signature)			
32-bit x86:	putty.exe	(signature)			

Operazione proposta allo studente

Come si raggiunge la cartella di lavoro /data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024 ?

\$esercitazione:~ cd /data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024

In alternativa

- \$esercitazione:~\$ cd /data
- \$esercitazione:data\$ cd ESERCITAZIONI
- \$esercitazione:data/ESERCITAZIONI\$ cd ESERC\_24052024

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024\$

Operazione proposta allo studente

Come si analizza il contenuto della cartella visualizzando i dettagli di ciascun file?

Che significato hanno i metadati mostrati su videoterminale?

\$esercitazione:data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024\$ Is -Ih

totale 558M -rwxrwxr-x 1 fliberat fliberat 545M mag 21 16:42 salamandra\_corset.fasta drwxrwxr-x 2 fliberat fliberat 4,0K mag 22 10:53 script drwxrwxr-x 2 fliberat fliberat 4,0K mag 22 11:22 SPEC -rwxrwxrwx 1 fliberat fliberat 14M mag 21 16:58 trascrittoma\_salamandra.fasta

Operazione proposta allo studente

Realizzare una cartella di lavoro per ciascun utente o gruppo di lavoro

\$esercitazione:data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024\$ mkdir
NOME\_GRUPPO

*Mio caso* \$esercitazione:data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024\$ mkdir DOCENTI

Operazione proposta allo studente

Copiare nella propria cartella il trascrittoma che si trova nella cartella dell'esercitazione e si chiama trascrittoma\_salamandra.fasta

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024\$ cp trascrittoma\_salamandra.fasta NOME\_GRUPPO/

*Mio caso* esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024\$ cp trascrittoma\_salamandra.fasta DOCENTI/

Operazione proposta allo studente

Come è possibile visualizzare su shell/terminale le prime 18 righe del trascrittoma trascrittoma\_salamandra.fasta ?

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/DOCENTI\$ head -n 18 trascrittoma\_salamandra.fasta

Operazione proposta allo studente

Quante sono le sequenze contenute nel file trascrittoma\_salamandra.fasta?

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/DOCENTI\$ grep ">" trascrittoma\_salamandra.fasta -c

7247

Operazione proposta allo studente

Svolgere analisi statistiche sul trascrittoma

Suggerimento: utilizzare l'utility del software Trinity sito in: /bioinf/trinityrnaseq-v2.15.1/util/TrinityStats.pl

**Comando per script PERL: perl** nomescript.pl nome\_file\_da\_analizzare.ext

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/DOCENTI\$

#### perl /bioinf/trinityrnaseq-v2.15.1/util/TrinityStats.pl trascrittoma\_salamandra.fasta

```
## Counts of transcripts, etc.
Total trinity 'genes': 7247
Total trinity transcripts: 7247
Percent GC: 44.79
Stats based on ALL transcript contigs:
Contig N10: 10757
  Contig N20: 7812
  Contig N30: 6075
  Contig N40: 4556
  Contig N50: 3494
  Median contig length: 933
  Average contig: 1841.18
  Total assembled bases: 13343044
```

Operazione proposta allo studente

Quante basi bisogna contare per ottenere la lunghezza del contig N20?

13.343.044.20/100 = 2.668.609

Operazione proposta allo studente (di Programmazione/Infomatica)

Disegnare un diagramma di flusso per il calcolo di GC

(approfondimento personale: implementare in R o in Python il relativo script)



Operazione proposta allo studente (di Programmazione/Infomatica)

Disegnare un diagramma di flusso per il calcolo di N50

(approfondimento personale: implementare in R o in Python il relativo script)



#### Annotazione

Avere un trascrittoma senza annotazione è come avere una piantina di una città senza i nomi delle vie



#### Annotazione

Per annotare un trascrittoma si può usare il seguente workflow

# TRASCRITTOMA

#### TRANSDECODER (Predizione degli ORFs)

EGGNOG Mapper (annotazione funzionale)

DIAMOND (annotazione per omologia)

### Annotazione: TransDecoder

Transdecoder è un software che utilizza tecniche di machine learning per predire i frame di lettura aperti (ORF) all'interno delle sequenze di mRNA

Transdecoder cerca di predire gli ORF in base a diversi fattori, tra cui la presenza di codoni di inizio e fine e la lunghezza dell'ORF stesso

Il risultato di questo step di ORF prediction è l'identificazione di tutti gli ORF presenti nei trascritti

#### TransDecoder/ TransDecoder

TransDecoder source

# Annotazione: TransDecoder (algoritmo)

Passo 1) apertura FASTA e meorizzazione della sequenza nucleotidica Passo 2) Identificazione degli ORF

Per ciascuno dei sei frame di lettura:

Trova tutti i possibili codoni di start (ATG)

Per ogni codone di start trovato: cerca il primo codone di stop (TAA, TAG, TGA) a valle.

Se un codone di stop è trovato: calcola la lunghezza dell'ORF (distanza tra start e stop) e traduce la sequenza in amminoacidi

Passo 3) Filtraggio degli ORF

Scarta gli ORF che non superano la lunghezza minima (es.: 100 aminoacidi)

Valuta la significatività degli ORF (ad esempio, confronto con database di proteine conosciute)

Passo 4) Output dei Risultati

crea un file di output FASTA con gli ORF identificati e le relative informazioni e genera un report con statistiche sugli ORF trovati

#### Annotazione: TransDecoder

Operazione proposta allo studente

Implementare i comandi in sequenza per la generazione degli ORF con Transdecoder

Suggerimento: utilizzare il software sito in: /bioinf/TransDecoder-5.7.1

#### **Comando per Transdecoder**

\$TransDecoder-TransDecoder-v5.5.0/TransDecoder.LongOrfs -t path/file.fasta \$TransDecoder-TransDecoder-v5.5.0/TransDecoder.Predict -t path/file.fasta

#### Annotazione: TransDecoder

/bioinf/TransDecoder-5.7.1/TransDecoder.LongOrfs -t trascrittoma\_salamandra.fasta

#### **Tempo esecuzione <1min**

#### Annotazione: TransDecoder - file system

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/DOCENTI\$ Is -Ih totale 14M -rwxrwxr-x 1 esercitazione esercitazione 14M mag 22 18:32 trascrittoma\_salamandra.fasta drwxrwxr-x 3 esercitazione esercitazione 4,0K mag 22 19:51 trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder\_dir

#### totale 23M

-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 64 mag 22 19:51 base\_freqs.dat
drwxrwxr-x 2 esercitazione esercitazione 4,0K mag 22 19:52 \_\_checkpoints\_longorfs
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 6,7M mag 22 19:52 longest\_orfs.cds
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 13M mag 22 19:52 longest\_orfs.gff3
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 3,2M mag 22 19:52 longest\_orfs.pep

#### Annotazione: TransDecoder

/bioinf/TransDecoder-5.7.1/TransDecoder.Predict -t trascrittoma\_salamandra.fasta

#### **Tempo esecuzione <5min**

#### Annotazione: TransDecoder file system

esercitazione@raganella:/data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/DOCENTI\$ Is -Ih

-rwxrwxr-x 1 esercitazione esercitazione 14M mag 22 18:32 trascrittoma\_salamandra.fasta
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 1,5M mag 22 19:58 trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder.bed
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 5,3M mag 22 19:58 trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder.cds
drwxrwxr-x 5 esercitazione esercitazione 4,0K mag 22 19:58 trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder\_dir
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 6,9M mag 22 19:58 trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder\_dir
-rw-rw-r-- 1 esercitazione esercitazione 2,7M mag 22 19:58 trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder.pep

Diamond è un programma di allineamento di sequenze che utilizza un'implementazione efficiente dell'algoritmo BLAST per confrontare le sequenze di un trascrittoma con i database di proteine già annotati.

L'output di Diamond è un file di allineamento che indica le sequenze proteiche omologhe trovate nel database di riferimento.

Questo output può quindi essere utilizzato per l'annotazione funzionale



Operazione proposta allo studente

**Eseguire l'annotazione usando BLAST/DIAMOND su banche dati SP** 

Suggerimento 1: utilizzare il software (copiarne una copia nella propria cartella) **Diamond** Suggerimento 2: Creare l'indice del database il database si trova in **/data/DATABASES/SP/sp.dmnd** 

#### **Comando per Diamond**

./diamond blastx -q path/file.cds -d path/databasesp/file.dmnd -o file\_uscita.tsv -p 40 -f 6 qseqid qlen sseqid slen qstart qend stitle -k 10 --ultra-sensitive 1>path/file\_blastx.out 2>path/file\_blastx.err

./diamond blastx -q trascrittoma\_salamandra.fasta.transdecoder.cds
-d /data/DATABASES/SP/sp.dmnd
-o salamandra\_annotation.tsv
-p 40
-f 6 qseqid qlen sseqid slen qstart qend stitle
-k 10
--ultra-sensitive
1>file\_blastx.out 2>file\_blastx.err

#### **Tempo esecuzione <2 min**

Operazione proposta allo studente

Vedere il contenuto delle prime 20 righe

# Prelievo dei file: FileZilla

Per esportare i file sul proprio elaboratore scaricare FILEZILLA

https://filezilla-project.org/download.php?type=client

# Prelievo dei file: FileZilla configurazione parametri

Gestione siti	$\times$
Seleziona elemento:	Generale Avanzate Impostazioni trasferimento Set caratteri
I miei siti       I miei siti       Image: CINECA       Image: Nuovo sito       Image: Nuovo sito 2	Protocollo:       SFTP - SSH File Transfer Protocol       ~         Host:       raganella.deb.unitus.it       Porta:
	Tipo di accesso: Normale
	Utente: esercitazione
	Password:
	Colore sfondo: Nessuno V
	Commenti:
Nuovo sito Nuova cartella	
Nuovo preferito Rinomina	
Elimina Duplica	×
	Connetti OK Annulla

#### Prelievo dei file: FileZilla spostamento

5 sftp://fliberat@raganella.deb.unitu	s.it - FileZilla						- 0	×
File Modifica Visualizza Trasfer	mento Server Preferiti Aiu	to Nuova versione dispo	nibile!					
	😣 🗓 🗊 🗮 🔍 🍯 🖉	6						
Host: Nome uter	te: Passw	ord:	Porta:	Connessione rapida				
Stato: Avvio download di /data/E Stato: Trasferimento file completa	ERCITAZIONI/ESERC_24052024/ to; trasferiti 5.463.606 byte in 1 s	DOCENTE/trascrittoma_sal	lamandra.fasta.transd	ecoder.cds				
Sito locale: C:\Users\lenovo\Desktop	١			~	Sito remoto: /data/ESERCITAZIONI/ESERC_24052024/DOCENTE			~
	ioni			I	ESERCITAZIONI     19_12_2023     4_4_2024     9_4_2024     9_4_2024     Arabidopsis_thaliana     CANDURRO     CAPOCCIA     CAPOCCIA     CARRUS     CROCCHIANTI     CROCCHIANTI     ESERC_24052024     DOCENTE			
Nome file AGING_drosophila_miranda		Dimen	nsione file   Tipo file Cartella d	Ultima m i file 10/04/20				
ANNOTATOR			Cartella d	i file 17/04/20	-2 FANTIN			
apegreffi			Cartella d	i file 17/04/20	- 2 fernando			
arch2_2019			Cartella d	i file 25/02/20				
ARCH2_2023			Cartella d	i file 23/05/20	Nome file	Dimensione file	Tipo file	Ultima
Bandi			Cartella d	i file 26/04/20	🗋 file_blastx.err	17.466	File ERR	23/05/
BarPlot			Cartella d	file 27/02/20	file_blastx.out	0	File OUT	23/05/.
BIOINFORMATICA			Cartella d	file 22/05/20	salamandra_annotation.tsv	1.212.399	File TSV	23/05/.
BIOSWITANAIytics			Cartella d	i filo 20/05/20	Trascrittoma_salamandra.fasta	13.950.950	File FASTA	23/05/.
			Cartella d	i file 15/03/20	Trascrittoma_salamandra.fasta.transdecoder.bed	1.559.133	File BED	23/05/
			Cartella d	i file 02/04/20	trascrittoma_salamandra.fasta.transdecoder.cds	5.463.606	File CDS	23/05/
			Cartella d	i file 27/03/20	trascrittoma_salamandra.fasta.transdecoder.gff3	7.157.629	File GFF3	23/05/.
			Cartella d	i file 16/05/20	L uascrittoma_salamandra.tasta.transdecoder.pep	2.823.817		23/05/
adottoressa			Cartella d	i file 08/05/20		039.565	The FASTA	23/03/.

40 file e 37 cartelle. Dimensione totale: 133.420.673 byte

Selezionato 1 file. Dimensione totale: 5.463.606 byte

#### Analisi file CDS

Operazione proposta allo studente

Analizzare il file salamandra\_annotation.tsv

Usando EXCEL/Notepad

#### Analisi file CDS

Se non sapete aprire un file CSV/TSV in Excel c'è sempre la laurea in sociologia

- EGGNOG MAPPER è un servizio web, che si interfaccia con il database EggNOG (Evolutionary Genealogy of Genes: Non-supervised Orthologous Groups), nel quale sono presenti raggruppamenti di geni in famiglie di ortologhi (geni omologhi presenti in specie diverse) e consente l'analisi comparativa
- EGFNOG MAPPER consente di svolgere
  - Annotazione Genomica: annotare genomi, identificando geni e assegnando funzioni a questi geni basandosi su somiglianze con geni noti in altre specie
  - Omologia Genica: trovare omologhi genici, cioè geni in diverse specie che derivano da un comune antenato, fornendo informazioni preziose sull'evoluzione genica

Operazione proposta allo studente

**Applicare eggnNOG-mapper** 

http://eggnog-mapper.embl.de/

 $\leftarrow$  C (  $\blacktriangle$  Non sicuro | eggnog-mapper.embl.de

EGGNOG-MAPPER genome-wide functional annotation	
SUPPORT Annotate a file    Ocumentation     Frequent Questions     About       Annotate a file Ocumentation Ocumentati	News • 18-Aug-2023 eggNOG-mapper 2.1.12 just released! and it is running at eggNOG-mapper web, now including new annotations when searching against the novel families from Rodríguez et al 2022 (try it at eggnog- mapper ambled/ESSNOV or an to "Advanced
OTHER RESOURCES     Vpload sequences     Fit couples expressed in gzip format (file name must end in '.gz')     Scegli ii file     Required for job scheduling and notifications)     Enter email	<ul> <li>Options" -&gt; "Database" -&gt; "Novel families")</li> <li>19-Jul-2022         eggNOG-mapper 2.1.9 just released! and it is running         at eggNOG-mapper web, now including a new         option to search against the novel families from         Rodríguez et al 2022 ("Advanced Options" -&gt;         "Database" -&gt; "Novel families")</li> <li>22-Oct-2021         <ul> <li>New blastx-like search options for genomic and             metagenomic sequences             <li>New frameshift option for apportation of Nanopore</li> </li></ul> </li> </ul>
Advanced Options	<ul> <li>New indifference of the difference of t</li></ul>

at A 🗘 🗘 🗘 🗘 😵 …

 $\leftarrow$  C (  $\blacktriangle$  Non sicuro | eggnog-mapper.embl.de

EGGNOG-MAPPER
Q Search filters
Annotation options

Submit

ancel

Frequent Questions

💭 Abou

OTHER RESOURCES

Standalone version

O Annotation options
Taxonomic Scope (annotations will only be transferred from orthologs in the selected taxa group)
Auto adjust per query (RECOMMENDED)
Orthology restrictions
Transfer annotations from any ortholog
Gene Ontology evidence
Transfor all apportations (including informed from electronic apportation)
PFAM refinement
Report PFAM domains from orthologs
SMART annotation
Skip SMART annotation

#### aぁ A^ ☆ (3 山 つ 🕑 🛞 😪 … 🏹

#### Method Overview

 $\sim$ 

 $\sim$ 

 $\sim$ 

 $\sim$ 

 $\sim$ 

eggNOG-mapper v2 is a tool for functional annotation of large sets of sequences based on fast orthology assignments using precomputed eggNOG v5.0 clusters and phylogenies. The method is illustrated in the following figure:



Andare nel proprio account email

Aprire l'email inviata da eggNOG

Premere START JOB

#### Tempo esecuzione <6 min (dipende dal server)



Operazione proposta allo studente

Analizzare il file xls e poi copiare i file nella cartella di lavoro su server remoto

OrthoFinder è uno strumento utilizzato nell'ambito della genomica comparativa per identificare gruppi di geni ortologhi tra diverse specie.

Gli ortologhi sono geni in specie differenti che derivano da un antenato comune e spesso mantengono funzioni simili.

Identificare questi geni è cruciale per studiare l'evoluzione dei genomi, le funzioni geniche conservate e le variazioni genetiche tra specie.

#### Funzionalità Principali di OrthoFinder

**Identificazione dei Gruppi Ortologhi (Orthogroups):** si raggruppano i geni ortologhi in "orthogroups", che includono geni ortologhi (presenti in specie diverse ma derivanti da un gene ancestrale comune) e paraloghi (geni duplicati all'interno della stessa specie).

**Costruzione di Alberi Genici (Gene Trees):** per ogni gruppo ortologo si costruisce un albero genico che rappresenta le relazioni evolutive tra i geni.

Stima dell'Albero Filogenetico delle Specie (Species Tree): utilizzando gli alberi genici si stima un albero filogenetico delle specie, che mostra le relazioni evolutive tra le specie studiate.

**Identificazione degli Eventi di Duplicazione Genica:** si individuano e datano gli eventi di duplicazione genica, fornendo informazioni su quando e come si sono verificati questi eventi nel corso dell'evoluzione.

**Gruppi Ortologhi Gerarchici**: si restituiscono gruppi ortologhi gerarchici che includono sia ortologhi sia paraloghi, permettendo una comprensione più dettagliata delle relazioni geniche

Operazione proposta allo studente

Applicare Orthofinder alle specie presenti in /data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/SPEC/

Attenzione: Poiché ci sono sequenze di nucleotidi invece di amminoacidi usare il parametro –d Usare lo screen perché il tempo di calcolo eccede i 10 minuti

#### **Comando per Orthofinder**

./orthofinder -t 40 -o path/directory\_output -f path/directory\_con\_file\_fasta -d



Eurycea Cirrigera



Pseudotriton ruber



Necturus\_beyeri

Operazione proposta allo studente

python /bioinf/ORTHOFINDER/orthofinder.py -o /data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/DOCENTE/ORTHO -f /data/ESERCITAZIONI/ESERC\_24052024/SPEC/ -t 40

-d

#### Tempo esecuzione <180 min (dipende dal server)

**Output** OrthoFinder genera diversi file e directory di output:

Results-<date>: Directory principale dei risultati. Orthogroups.tsv: Contiene la lista dei gruppi ortologhi. Orthogroups.txt: Formato alternativo per i gruppi ortologhi. Species\_Tree.txt: Albero filogenetico delle specie inferito Gene\_Trees/: Contiene gli alberi genici individuali Orthogroup\_Sequences/: File FASTA per ciascun gruppo ortologo

# Visualizzazione Albero

Spostare sull'elaboratore locale il file Species\_Tree.txt

Scaricare il programma FIGTREE https://github.com/rambaut/figtree/releases

Sono rilasciate le versioni Windows/MAC/Linux (serve però il JDK installato)

# Visualizzazione Albero

#### FigTree

C Q 🗄 https://github.com	n/rambaut/figtree/releases	🗄 að 🕀 Að	
	♥ 10 10 people reacted		
Nov 26, 2018	FigTree v1.4.4 (Latest)		
💮 rambaut			
♥ v1.4.4	Fixed issues with FigTree on Java 9 (on any platform)	and Mac OS X High Sierra and later.	
-0- 901211e		-	
Compare 👻			
	▼Assets 5		
OS —	♥FigTree.v1.4.4.dmg	11.8 MB	Nov 26, 2018
	GFigTree.v1.4.4.zip	3.3 MB	Nov 26, 2018
	─────	3.3 MB	Nov 26, 2018
	Source code (zip)		Nov 26, 2018

### Visualizzazione Albero

#### File->Apri-> nome file txt

	▲ FigTree v1.4.4 - ALBERO_03_IQTREE_MF.txt		_	
	File Edit Tree Help			
Calco Cape foot like i rote i	🛃 📥 🏂 🎊 🖉 🥥 ⊑ 🔍 Node Clade Taxa		[	Q- Filter 🛞
	Cartoon Collapse Reroot Rotate Annotate Colour Hilight Find Selection Mode	Prev/Next	L	
	Image: Selection Collapse     Cartoon Collapse     Cartoon Collapse     Cartoon Collapse     Payout     Image: Coll	Prev/Next	CASPIN3	Q - Filter
02	Code Axis  Code Axis		z	м ма
		0.2		

Gruppo di lavoro

Prof.ssa Roberta Bisconti

Prof.ssa Tiziana Castrignanò

Dott. Franco Liberati





