

ANEXO 5

TUTORIAL PARA USO DEL PROGRAMA MrBAYES

Para construir y visualizar los árboles obtenidos a través de la Inferencia Bayesiana se usarán dos software:

Para la construcción se usará MrBayes, descargable a través del siguiente link:
<http://nbisweden.github.io/MrBayes/download.html>

Para la visualización se usará FigTree, descargable a través del siguiente link:
<https://github.com/rambaut/figtree/releases> (elija la opción .zip). Tenga en cuenta que el programa requiere instalación previa de Java.

A continuación se presenta un tutorial para la resolución del Ejercicio 3 del Capítulo 8 usando los software arriba mencionados, sin embargo esta guía puede ser aplicable a otras matrices con las que se desee trabajar.

1. En la carpeta que contiene el ejecutable del MrBayes generar una carpeta nueva nombrada "Planarias_acuaticas". Dentro de esta carpeta copie el archivo "MB_ds_planarias1_0"
2. Abrir el ejecutable del programa "mrbayes32.exe". En este momento se abrirá la consola para poder escribir los comandos.
3. En la línea de comando deberá tipear el comando execute (seguido de un espacio) y luego ir a la carpeta "Planarias_acuaticas" que contiene el archivo "MB_ds_planarias1_0" (planilla de datos) y arrastrar este último hasta la línea de comandos. Apretamos enter.
4. Ahora el programa comenzará a correr una vez finalizado el análisis le preguntará si desea continuar con el análisis. En este caso en la línea de comandos tipear no y luego dar enter.
5. Ir a la carpeta creada "Planarias_acuaticas" (donde copió la matriz) y chequear que se hayan agregado varios archivos.
6. Abrir el programa FigTree y luego abrir el archivo que tiene la extensión .con (tipo: TRE File) en la carpeta "Planarias_acuaticas". Esto permitirá visualizar el árbol consenso generado.
7. Ir a la pestaña "Trees" y tildar la opción "Root trees" y en la ventana desplegable seleccionar la opción "midpoint". En este caso se hará un paso extra parándose

- sobre la rama del taxón *P_coronata* y seleccionándola con un click. En el acceso rápido superior se habilitará la opción “Reroot” la cual deberá presionar.
8. Para poder visualizar los valores de probabilidad posterior tildar la pestaña “Node Labels”. En “Display” seleccionar la opción prob y en “Sig. Digits” setarlo en 2 decimales.
 9. Para guardar el árbol generar un archivo PDF. Ir a “File”-> seleccionar Export PDF. Nombrar el archivo y guardarlo.

El código que correrá en el software “Mr. Bayes” tendrá un formato específico. En el texto siguiente ejemplifica a la izquierda el formato del código y a la derecha el significado de cada paso.

#NEXUS

[Title]

BEGIN TAXA;	→	Comando de lectura de taxones
DIMENSIONS NTAX=5;	→	Número de taxas incluidos
TAXLABELS	→	Codificación para nombres de los taxa
P_coronata		
R_postrema		
D_damoae		
D_etrusca		
D_sagitta		
;		
END;		

BEGIN CHARACTERS;	→	Comando de lectura de caracteres
DIMENSIONS NCHAR=428;	→	Número de caracteres incluidos
FORMAT DATATYPE=DNA MISSING=? GAP=- MATCHCHAR=. INTERLEAVE=NO;		

MATRIX

Alineamiento (Matriz de datos de taxones por caracteres)

P_coronata

TACAGATTACCTTTGTTTGGTCTATTTTTATTACAGCTGTTTTACTTTTTACCT
CTCTTCCTGTTTTGGCTGGGGTCTTACTATGTTGTTAACAGATCGTAAATTTAATA
CATCTTTTTTTGATCCTGGTGGGGGAGGAGATCCTATTTTGTTC AACATTTATTTT
GATTTTTTGGTCATCCTGAAGTTTATATATTGATTTTACCAGGCTTTGGTATAATCT
CTCATGTGATAATTTATTACAGTCTGAAGGATTTTTCTTTTGGGCATATGGGTATGT
TGTATGCTATGGTAGGAATAGGATTTTTAGGTTTTATAGTATGAGCACATCATATGT
ATACTGTGGGTTTAGATTTAGATACTCGGGCTTATTTTACCGGTGCTACTATGATTA
TAGGTATTCCTACTGGGATAAAGATTTT

R_postrema

ATTCATATTCTCTTTTTGTTTGATCTATTTTAGTTACAGCTTTTTTGTGTTACTTTC
TTTACCTGTTTTAGCTTCTGGTTTACTATGCTTATAACAGATCGGTATTTTAAACAC
TTCTTTTTTTGATCCTTCTGGTGGTGGAGATCCTATTTTGTATCAACACATCTTTTG
ATTTTTTGGTCATCCAGAAGTGTATATTCTTATTATCCAGGTTTTGGTATAATTTCC
CATCTACTTATTTTTATAGTGGTAAGGAGTTTTCTTTTGGACATTTGGGAATGGT
TATGCTATGGTAGCATTGGTTTTTTAGGTTTTTTGGTTTGGACACACCATATGTAT
ACTGTAGGTTTAGATGTTGATTCTCGAGCTTATTTTACTGGTGCTACCATGGTTATT
GCTGTTCCCTACTGGCATAAAGGTTTT

D_damoae

GTTAGCCTTCCTTTATATTTATGGTCTTTATTTATAACTTCTTGATTACTTTTACTAT
CTCTTCCTGTTTTAGCTGCTGTTTTAACTATGTTGATTACGGATCGTAAATTTAAAA
CTAGGTTTTTTGATCCCAGAGGTGGTGGTGGTATCCTTTGTTGTTTCAGCATATGTTT
TGGTTTTTTGGCCATCCTGAAGTTTATATTCTTATTATTCCAGGTTTTGGTATTGTTT
CACATCTTTGTATGTATTATAGTGGTAAGGATTTAGTTTTTTGGTCATTTAGGTATGT
TATTTGCTATGTTAGGTATTGGTTTTTTAGGTTTTATTGTTTGGCTCATCATATGTA
TGTTTCTGGTTTGGATTATGACACTCGTTCTTATTTTACTGCGGCTACTATGATTAT
TGCTGTTCCCTACTGGTATTAAGGTTTT

D_etrusca

TCTAATTTATCTTTATATTTATGATCTTTTTATAACTTCTTGATTGCTTTTGTATC
TCTTCCGGTATTAGCTGCTGTTTTAACTATGTTAATTACAGATCGTAAATTTAAAAC
TAGTTTTTTTGACCCAGTGGTGGTGGGGATCCTTTATTATTTCAACATTTGTTTTG
ATTTTTTGGCCATCCTGAGGTTTATATTTTAAATTATACCAGGTTTTGGTATTGTTTCA
CATTTATGCATGTATTATAGTGGGAAGGATTTAGTTTTTTGGTCATTTGGGTATGTTG
TTTGCTATGTTTAGTATTGGTTTTTTGGGTTTTATTGTTTGGCCACCACATGTAT
GTAGTTGGTTTGGATTATGATACGCGTTCTTATTTCACTGCAGCTACTATGATTATA
GCGGTTCCCTACCGGAATAAAGGTTTT

D_sagitta

```
GTTAGCCTTCCTTTATATTTATGGTCTTTATTTATAACTTCTTGGTACTTTTACTTT
CACTTCCGGTTTTAGCTGCTGCTTTAACTATGCTTATTACAGACCGTAATTTAAAA
CTAGGTTTTTTGATCCAAGAGGTGGTGGGGATCCTCTTTTGTTCAGCATTGTTT
TGGTTTTTTGGACATCCTGAGGTTTATATTCTTATTATTCTGGTTTTGGTATCGTT
TCACATCTTGCATGTATTATAGTGGTAAGGATTTAGTTTTTGGTCATTTAGGTATG
TTATTTGCTATGTTAGGTATTGGTTTTTTAGGTTTTATTGTCTGAGCCCATCATATG
TATGTTGCTGGTTTAGATTATGATACTCGTTCTTATTTTACTGCTGCTACTATGATT
ATTGCTGTTCTACAGGTATAAAGGTTTT
```

;

END;

BEGIN MRBAYES;

Comando de inicio de lectura para Mr. Bayes

CHARSET COI_POS1 = 1-428\3;

CHARSET COI_POS2 = 2-428\3;

CHARSET COI_POS3 = 3-428\3;

PARTITION PARTS = 3 : COI_POS1, COI_POS2,
COI_POS3;

Comandos para especificar como
tratar los datos

SET PARTITION = PARTS;

prset ratepr = variable;

lset applyto = (1) nst = 6 rates = gamma;

lset applyto = (2) nst = 6 rates = gamma;

lset applyto = (3) nst = 6 rates = gamma;

unlink statefreq = (all) revmat = (all) shape = (all) switchrates = (all);

mcmc ngen = 100000 printfreq = 100 samplefreq = 100 nchains = 4 nrun = 2
savebrlens=yes;

sump;

sumt;

END;