

## MrBayes

1. Entrar al programa **MrBayes**. Si está en **Windows**, recuerde que el archivo **primates.nex** debe estar en la carpeta donde se encuentre el ejecutable de **MrBayes**.
2. Tipee el comando **execute primates.nex** para que el programa lea el archivo. Revise el output y responda: ¿Cuántos organismos (taxón) tiene el archivo?, ¿Cuánto mide el alineamiento?, ¿Son secuencias de DNA?
3. Para obtener ayuda de qué comando utilizar, tipee **help** y el nombre del comando. Por ejemplo, **help lset**, aparecerá este output:

Parameter	Options	Current Setting
Nucmodel	4by4/Doublet/Codon/Protein	4by4
Nst	1/2/6/Mixed	1
Code	Universal/Vertmt/Invermt/Yeast/Mycoplasma/ Ciliate/Echinoderm/Euplotid/Metmt	Universal
Ploidy	Haploid/Diploid/Zlinked	Diploid
Rates	Equal/Gamma/LNorm/Propinv/ Invgamma/Adgamma	Equal
Ngammacat	<number>	4
Nbetacat	<number>	5
Omegavar	Equal/Ny98/M3	Equal
Covarion	No/Yes	No
Coding	All/Variable/Informative/Nosingletons Noabsencesites/Nopresencesites/ Nosingletonabsence/Nosingletonpresence	All
Parsmodel	No/Yes	No

4. Puede modificar el código con el siguiente comando **lset code=vertmt**
5. Si el comando anterior funciona, tendrá este resultado:  

```
Setting Code to Vertmt
Successfully set likelihood model parameters
```
6. Repitiendo el paso 4 puede observar la modificación de los parámetros.
7. Es posible modificar los parámetros a priori con el comando **prset**. ¿Cómo vería los parámetros asociados a este comando?
8. Los parámetros de las cadenas de Markov puede ser vistos con **help mcmc**
9. Modificaremos los parámetros de número de generaciones y frecuencia de muestreo. Usamos el comando **mcmc ngen=10000 samplefreq=100**.
10. Utilizando el comando **mcmc** el programa empezará a correr, y terminará en pocos segundos, y le preguntará si quiere seguir corriendo. Aparecerá la información de la temperatura de las cadenas de Markov.

11. Ya que tenemos 10 000 generaciones las cuales fueron muestreadas cada 100, al final, nuestra muestra será de  $10\,000/100 = 100$ . De estas 100 generaciones, descartaremos las 25 primeras para generar el árbol usando los comandos **sump burnin=25** y **sumt burnin=25**
12. Salga de **MrBayes** con el comando **quit**