

02.05.20

PAUP*

1. Descargar el programa PAUP* en: <http://phylosolutions.com/paup-test> . Bajar la opción: Win32 version: paup4-setup.msi.

El fomato NEXUS

2. Para cargar un archivo en el programa, este debe tener un formato especial conocido como NEXUS
3. En el archivo de ejemplo Cisk.nex la estructura del formato Nexus

Comienza con un símbolo de número y la palabra nexus: **#NEXUS**, observar que todos los caracteres que se encuentra entre corchetes no serán reconocidos por el programa. Luego observamos que el comando **begin taxa** que indica el inicio del bloque de los taxa, observar que luego de cada comando aparece el símbolo ;. En este bloque se especifica el número de taxa (**dimensionsntax=**) y los nombres de los taxa (**taxlabels**), los que deben corresponder a los descritos en el alineamiento. El final del bloque se denota con el comando **end**;

Máxima Parsimonia

4. Es el análisis más potente desarrollado por el PAUP, se presenta por defecto, y corresponde al comando set **criterion=parsimony**
5. El archivo con formato Nexus se carga en el PAUP, observaremos la ventana, si el programa encontrara algún error en la entrada de datos nos lo mostrara inmediatamente.
6. Podemos realizar una búsqueda heurística utilizando el comando **hsearch**, el programa nos mostrara una ventana: Donde nos muestra un resumen de los tipos de caracteres encontrados (constantes, variables y parsimoniosamente informativos), además de algunos datos de cómo se realizó la búsqueda y reconstrucción de los arboles
7. Para realizar el análisis boostrap, se utiliza el comando **bootstrap** y el comando **Nreps** para especificar el número de réplicas a realizar. Así obtendremos un árbol el cual contiene números que representan los resultados de bootstrap. El valor de bootstrap se da como frecuencia de la aparición de los agrupamientos dentro del árbol. Este número puede ser refrendado también observando la columna inferior donde vemos los agrupamientos de forma numérica