PR DE MATRICES PARA INFERENCIA FILOGENÉTICA

Genus	A[b]	B[b]	C[b]	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O[b]
Acuaria	2	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Ancyracanthopsis	0	1	2	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
Cosmocephalus	4	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Desportesius	3	0	0	0	1	0	1	1	0	0	2	1	0	0	0
Echinuria	3	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	0	0	0	0
Molinacuaria	0	0	2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	1
Paracuaria	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Schistorophus	0	1	2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	1
Sciadiocara	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
Seuratia	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Skrjabinocerca	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0
Skrjabinoclava	4	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	1	0	2	0
Sobolevicephalus	0	1	2	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
Stammerinema	3	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Stegophorus	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Synhimantus	3	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0
Tikusanema	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	2	0
Spiroxys[c]	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1

Transformation series[a]

EJEMPLO CON CARNIVORA

1. Selección de taxones

Pregunta 1: ¿Cuales son las relaciones dentro de Carnivora?
Pregunta 2: ¿Los pinnipedos forman un grupo monofilético?

Grupo ajeno: Topo

EJEMPLO CON CARNIVORA

2. Lista de caracteres y estados de caracter

No.	Caracter	Estados
1	Ramificación de los maxiloturbinales	(0): Poco ramificado (1): Altamente ramificado
2	Forma del proceso paroccipital	(0): Erecto, (1): Convexo
3	# de incisivos inferiores	(0): 2, (1): 3:
4	Molar superior # 1	(0): presente, (1): ausente
5	Baculum (hueso peniano)	(0): presente, (1): ausente
6	Cola	(0): Larga, (1): corta
7	Halux (quinto dígito en la parte trasera de la pierna)	(0): prominente, (1): reducido o ausente
8	Garras	(0): No retraíbles, (1): retraíbles
9	Glándula prostática	(0): pequeño y simple, (1): grande, bilobado
10	Estructura del riñón	(0): simple, (1): conglomerado
11	Orejas externas	(0): presente, (1): ausente
12	Posición de los testículos	(0): escrotal, (1): abdominal

EJEMPLO CON CARNIVORA

3. Matriz morfológica codificada

	1 (4)	2 (21)	3 (32)	4 (45)	5 (52)	6 (54)	7 (56)	8 -	9 (59)	10 (60)	11 (61)	12 (62)	13 (40)	14 (50)	15 (51)	16 (1)	17 (2)	18 (3)	19 (24)	20 (26)
Outgroup	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cat	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Hyena	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
Civet	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Dog	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raccoon	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Bear	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
Otter	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0
Seal	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	?	0	1	1
Walrus	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1
Sea lion	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1

CARACTERES PARA INFERIR FILOGENIAS

Codificación de los caracteres

Propuesta de transformación de "lo mismo"

Propuesta de homología

	1	2	3	4	5
A	1	1	–	–	–
B	0	0	1	1	0
C	0	0	0	1	0
D	0	0	1	0	1
E	0	0	0	0	1

Terminales

CARACTERES PARA INFERIR FILOGENIAS

Codificación de los caracteres

Independencia de caracteres

	1	2	3	4	5
A	1	1	–	–	–
B	0	0	1	1	0
C	0	0	0	1	0
D	0	0	1	0	1
E	0	0	0	0	1

CARACTERES PARA INFERIR FILOGENIAS

Codificación de los caracteres
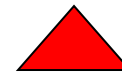
A   B   C   D   E

Codificación compuesta multiestado con una sola serie de transformación

1 ausente

2 redondo negro

3 redondo rojo

4 triángulo negro

5 triángulo rojo

A 1
B 2
C 3
D 4
E 5

CARACTERES PARA INFERIR FILOGENIAS
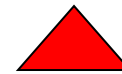
Codificación de los caracteres

A   B   C   D   E

Codificación intermedia dos doble estado y uno de presencia

	1	2	3
A	0	–	–
B	1	1	0
C	1	0	1
D	1	1	0
E	1	0	1

1 Presencia del atributo: (0) ausente, (1) presente

2 Color: rojo (0), negro (1)

3 Forma: circular (0), triangular (1)

CARACTERES PARA INFERIR FILOGENIAS

Codificación de los caracteres
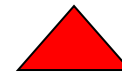
A   B   C   D   E

Codificación reductiva presencia ausencia de todas las condiciones

1 características presente (0), ausente (1)

2 rojo presente (0), ausente (1)

3 negro presente (0), ausente (1)

4 triángulo presente (0), ausente (1)

5 círculo presente (0), ausente (1)

	1	2	3	4	5
A	1	-	-	-	-
B	0	0	1	1	0
C	0	1	0	1	0
D	0	0	1	0	1
E	0	1	0	0	1

EJEMPLO CON CARNIVORA

3. Matriz morfológica codificada

OTROS CÓDIGOS:

- Polimorfismos (12) o [12], (A)
- No aplicable: (–) o (9) o (?)

- Gap: (–); solo para ADN o AAs

- Faltante: (–) o (9) o (?)

- Ambiguedad (ADN): Código IUPAC

IUPAC Code	Mnemonic	Meaning	Complement
A	**A**denine	A	T
C	**C**ytosine	C	G
G	**G**uanine	G	C
T/U	**T**hymidine	T	A
K	**K**eto	G or T	M
M	A**m**ino	A or C	K
S	**S**trong	C or G	S
W	**W**eak	A or T	W
R	Pu**r**ine	A or G	Y
Y	P**y**rimidine	C or T	R
B	not A	C or G or T	V
D	not C	A or G or T	H
H	not G	A or C or T	D
V	not T and not U	A or C or G	B
N	a**n**y	G or A or T or C	N

Taller # 1

https://github.com/jaaguirresant/Sistematica-Filogenetica/blob/master/clase_1/Taller_matrices.md

#NEXUS

[
Data from:

Hayasaka, K., T. Gojobori, and S. Horai. 1988. Molecular phylogeny
    and evolution of primate mitochondrial DNA. Mol. Biol. Evol.
    5:626-644.
]

begin data;
    dimensions ntax=12 nchar=898;
    format datatype=dna interleave=no gap=-;
    matrix

Tarsius_syrichta   AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCCATGGCCTCACCTCCTCCCTATTATTTTGCCTAGCA
Lemur_catta   AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCC
Homo_sapiens   AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTCATAATCGCCCACGGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCA
Pan   AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTCATAATCGCCCACGGACTTACATCCTCATTATTATTCTGCCTAGCA
Gorilla   AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCCACGGACTTACATCATCATTATTATTCTGCCTAGCA
Pongo   AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCTCATGATTGCCCATGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCCTAGCA
Hylobates   AAGCTTTACAGGTGCAACCGTCCTCATAATCGCCCACGGACTAACCTCTTCCCTGCTATTCTGCCTTGCA
Macaca_fuscata   AAGCTTTTCCGGCGCAACCATCCTTATGATCGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCC
M_mulatta   AAGCTTTTCTGGCGCAACCATCCTCATGATTGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCC
M_fascicularis   AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCTTATAATCGCCCACGGGCTCACCTCTTCCATGTATTTCTGCTTGGCC
M_sylvanus   AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCCATGGACTCACCTCTTCCATATACTTCTGCTTGGCC
Saimiri_sciureus   AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTAATAATCGCTCACGGGTTTACTTCGTCTATGCTATTCTGCCTAGCA

    ;

end;

```
#NEXUS
[written Tue Mar 14 20:37:25 COT 2017 by Mesquite  version 3.2 (build 801) at
Julians-MacBook-Pro.local/192.168.0.6]

BEGIN TAXA;
    TITLE Taxa;
    DIMENSIONS NTAX=12;
    TAXLABELS
        Tarsius_syrichta Lemur_catta Homo_sapiens Pan Gorilla Pongo Hylobates
Macaca_fuscata M_mulatta M_fascicularis M_sylvanus Saimiri_sciureus
    ;

END;


BEGIN CHARACTERS;
    TITLE  Character_Matrix;
    DIMENSIONS  NCHAR=897;
    FORMAT DATATYPE = DNA GAP = - MISSING = ?;
    MATRIX
    Tarsius_syrichta
AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCCATGGCCTCACCTCCTCCCTATTATTTTGCCTAGCAAATACAAACTACGAACGAGT
```

```
#NEXUS

BEGIN DATA;
    DIMENSIONS  NTAX=12 NCHAR=897;
    FORMAT DATATYPE = DNA GAP = - MISSING = ?;
    MATRIX
    Tarsiussyrichta   AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCCATGGCCTCACCTCCTCCCTATTATTTTGCCTAGCAAATACAAACTACGAACGAGTC
    Lemurcatta        AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCCAACTCTAACTACGAACGAATC
    Homosapiens       AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTCATAATCGCCCACGGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCAAACTCAAACTACGAACGCACT
    Pan               AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTCATAATCGCCCACGGACTTACATCCTCATTATTATTCTGCCTAGCAAACTCAAATTATGAACGCACC
    Gorilla           AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCCACGGACTTACATCATCATTATTATTCTGCCTAGCAAACTCAAACTACGAACGAACC
    Pongo             AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCTCATGATTGCCCATGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCCTAGCAAACTCAAACTACGAACGAACC
    Hylobates         AAGCTTTACAGGTGCAACCGTCCTCATAATCGCCCACGGACTAACCTCTTCCCTGCTATTCTGCCTTGCAAACTCAAACTACGAACGAACT
    Macacafuscata     AAGCTTTTCCGGCGCAACCATCCTTATGATCGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCCAATTCAAACTATGAACGCACT
    Mmulatta          AAGCTTTTCTGGCGCAACCATCCTCATGATTGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCCAATTCAAACTATGAACGCACT
    Mfascicularis     AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCTTATAATCGCCCACGGGCTCACCTCTTCCATGTATTTCTGCTTGGCCAATTCAAACTATGAGCGCACT
    Msylvanus         AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCCATGGACTCACCTCTTCCATATACTTCTGCTTGGCCAACTCAAACTACGAACGCACC
    Saimirisciureus   AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTAATAATCGCTCACGGGTTTACTTCGTCTATGCTATTCTGCCTAGCAAACTCAAATTACGAACGAATT

;


END;

begin mrbayes;
    set autoclose=yes nowarn=yes;
    lset nst=6 rates=invgamma;
    unlink statefreq=(all) revmat=(all) shape=(all) pinvar=(all);
    prset applyto=(all) ratepr=variable;
    mcmcp ngen= 10000000 relburnin=yes burninfrac=0.25 printfreq=1000  samplefreq=1000 nchains=4 savebrlens=yes;
    mcmc;
    sumt;
end;
```

Phyllip

```
12 897
Tarsius_sy AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCCATGGCCTCACCTCCTCCCTATTATTTTGCCTAGCAAATACAAAC
Lemur_catt AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCCAACTCTAAC
Homo_sapie AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTCATAATCGCCCACGGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCAAACTCAAAC
Pan        AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTCATAATCGCCCACGGACTTACATCCTCATTATTATTCTGCCTAGCAAACTCAAAT
Gorilla    AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCCACGGACTTACATCATCATTATTATTCTGCCTAGCAAACTCAAAC
Pongo      AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCTCATGATTGCCCATGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCCTAGCAAACTCAAAC
Hylobates  AAGCTTTACAGGTGCAACCGTCCTCATAATCGCCCACGGACTAACCTCTTCCCTGCTATTCTGCCTTGCAAACTCAAAC
Macaca_fus AAGCTTTTCCGGCGCAACCATCCTTATGATCGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCCAATTCAAAC
M_mulatta  AAGCTTTTCTGGCGCAACCATCCTCATGATTGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCCAATTCAAAC
M_fascicul AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCTTATAATCGCCCACGGGCTCACCTCTTCCATGTATTTCTGCTTGGCCAATTCAAAC
M_sylvanus AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCCATGGACTCACCTCTTCCATATACTTCTGCTTGGCCAACTCAAAC
Saimiri_sc AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTAATAATCGCTCACGGGTTTACTTCGTCTATGCTATTCTGCCTAGCAAACTCAAAT
```

```
nstates dna;
xread
897 12
Tarsius_syrichta      AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCCATGGCCTCACCTCCTCCCTATTATTTTGCCTAGCA
Lemur_catta AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCCAACTCTAA
Homo_sapiens      AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTCATAATCGCCCACGGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCAAACT
Pan AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTCATAATCGCCCACGGACTTACATCCTCATTATTATTCTGCCTAGCAAACTCAAATTATGAAC
Gorilla AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCCACGGACTTACATCATCATTATTATTCTGCCTAGCAAACTCAAACTAC
Pongo      AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCTCATGATTGCCCATGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCCTAGCAAACTCAAACTAC
Hylobates      AAGCTTTACAGGTGCAACCGTCCTCATAATCGCCCACGGACTAACCTCTTCCCTGCTATTCTGCCTTGCAAACTCAAA
Macaca_fuscata  AAGCTTTTCCGGCGCAACCATCCTTATGATCGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCCAATT
M_mulatta      AAGCTTTTCTGGCGCAACCATCCTCATGATTGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTTCTGCCTAGCCAATTCAAA
M_fascicularis  AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCTTATAATCGCCCACGGGCTCACCTCTTCCATGTATTTCTGCTTGGCCAATT
M_sylvanus  AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCCATGGACTCACCTCTTCCATATACTTCTGCTTGGCCAACTCAAA
Saimiri_sciureus      AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTAATAATCGCTCACGGGTTTACTTCGTCTATGCTATTCTGCCTAGCA
;
```

```
proc /;
comments 0
;
```

XREAD O TNT

```
xread
'indel characters coded using 2xread using the "simple gap coding" method of SIMMONS, M. P
5800 168
A_acicu_J1              2-31302-1232210100232221232-312012212013122---------01-002011032
A_allen_J68             2-31302-1232210100232221232-312012012013123---------01-002011032
A_altoc_J80             ????????????????????????????????????????????????????????????????????
A_amori_J2              2-31302-1232210100232221232-312010212013122---------01-002011032
A_amori_J81             2-31302-1232210100232221232-312010212013122---------01-002011032
A_ander_J147_T          -----02-1232210100232221232-312010212013122---------01-002011032
R_sp_no_J139            ----302-1232210100232221232-312012212013122---------01-002011032
;
cc - .;
proc/;

#
$
;
cn {0 sequence_1 A C G T /;
{1 sequence_2 A C G T /;
{2 sequence_3 A C G T /;
{3 sequence_4 A C G T /;
{4 sequence_5 A C G T /;
{5 sequence_6 A C G T /;
{6 sequence_7 A C G T /;
{7 sequence_8 A C G T /;
{8 sequence_9 A C G T /;
{9 sequence_10 A C G T /;
{10 sequence_11 A C G T /;
{11 sequence_12 A C G T /;
{12 sequence_13 A C G T /;
{13 sequence_14 A C G T /;
{14 sequence_15 A C G T /;
{15 sequence_16 A C G T /;
```