

## GUÍA PARA EL USO DEL TNT

TNT (Tree analysis using New Technology) es un programa para realizar análisis filogenéticos bajo parsimonia creado por P. Goloboff, J. Farris y K. Nixon (2000).

Gracias a un acuerdo con la Willi Henning Society y los autores del programa, el TNT esta actualmente disponible como un programa libre (<http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/TNT/>)

La matriz debe tener cierta información presentada en un orden determinado, para que el programa pueda procesarla. Una matriz ejemplo es:

xread	1º: Comando xread
17 8	2º: numero de caracteres y numero de taxa
Lythrum	3º: los datos, identificando taxones y estados (códigos
---0000??00000000	para los caracteres ? para los datos faltantes y – para los
Ludwigia	gaps).
00000?0031?000100	
Circaea	
00001120010110000	
Hauya	
00001010220111010	
Fuchsia	
01001010010110000	
Lopezia	
01001210010110000	
Oenothera	
10111010110110010	
Epilobium	
10031011311110001	
;	
p/;	4º: comando para el TNT

1- ABRIR ARCHIVOS: ir a la ventana “**File**” y dentro de ella a “**Open Input File**” (File/Open Input File) (como en cualquier programa de Windows). Es conveniente cambiar el tipo de extensión de los archivos para ver todos los tipos de matrices (pueden ser de distintos formatos: TNT, SS). También hay un botón en la barra de herramientas para hacer esto.

2. GENERAL DEL PROGRAMA: el TNT posee una pantalla (“buffer”) donde van a ir apareciendo todas las acciones (inclusive los arboles de consenso o de soportes si no está activado el “**preview trees**” de la ventana **Format**). Debajo de esta hay una barra que dice “Enter Commands”, ahí se puede escribir comandos para que el programa trabaje (existen comandos para todo lo que esta en las ventanas y mas). Por ejemplo, poniendo “ie” hace una búsqueda exacta de la matriz que tenemos abierta.

Además existe un espacio para los árboles. Los árboles que el programa encuentra en las búsquedas son guardados ahí. A ese espacio se puede ir con el botón de la barra de herramienta que tiene un árbol y un ojo. Este espacio tiene un tamaño o memoria dado para almacenar árboles que se puede cambiar. Conviene tener bastante memoria para árboles (por ej. 10000). Por esto, antes de hacer búsquedas, es conveniente ir a **Settings/Memory** y cambiar el número de árboles en “**Max Trees**”. Otros seteos previos convenientes son: tildar: “**Map Characters in color**” y “**Preview Trees**” en la ventana “**Format**”.

Tecleando el comando Help en la barra de comandos, se puede ver el listado de comandos y una descripción de los mismos. Si se conoce el nombre de un comando, se puede tipear help seguido del nombre del comando (e.g. help mult) y solo muestra la explicación de este comando.

The screenshot shows the TnT 1.1 - Willi Hennig Society Edition window. The menu bar includes File, Trees, Optimize, Data, Analyze, Settings, Format, and Help. The toolbar contains various icons for file operations and analysis. The main window displays the following text:

```
Can't open C:\Documents and Settings\Pancho\Escritorio\MatrizCladistica.tnt

Reading from C:\Documents and Settings\Pancho\Mis documentos\TRABAJOS\EN_PREP\trabajo missing\desde_
Matrices will be read as alpha-numeric data
Matrix space: allocate for up to 16 states
'YeN, S, ROBINSON, G. and QUICKE, d. 2005. The phylogenetic relationships of chalcosiinae ([45]epid
Matrix (414x207, 16 states). Memory required for data: 0.62 Mbytes

IENUM
Do implicit enumeration (=results guaranteed to be optimal;
feasible only for small data sets)
Space for 1000 trees in memory
Reading from C:\Documents and Settings\Pancho\Mis documentos\TRABAJOS\EN_PREP\trabajo missing\desde_
Matrices will be read as alpha-numeric data
Matrix space: allocate for up to 16 states

WARNING:
Data from:

C:\Documents and Settings\Pancho\Mis documentos\TRABAJOS\EN_PREP\trabajo missing\desde_origi
will be replaced with data from:

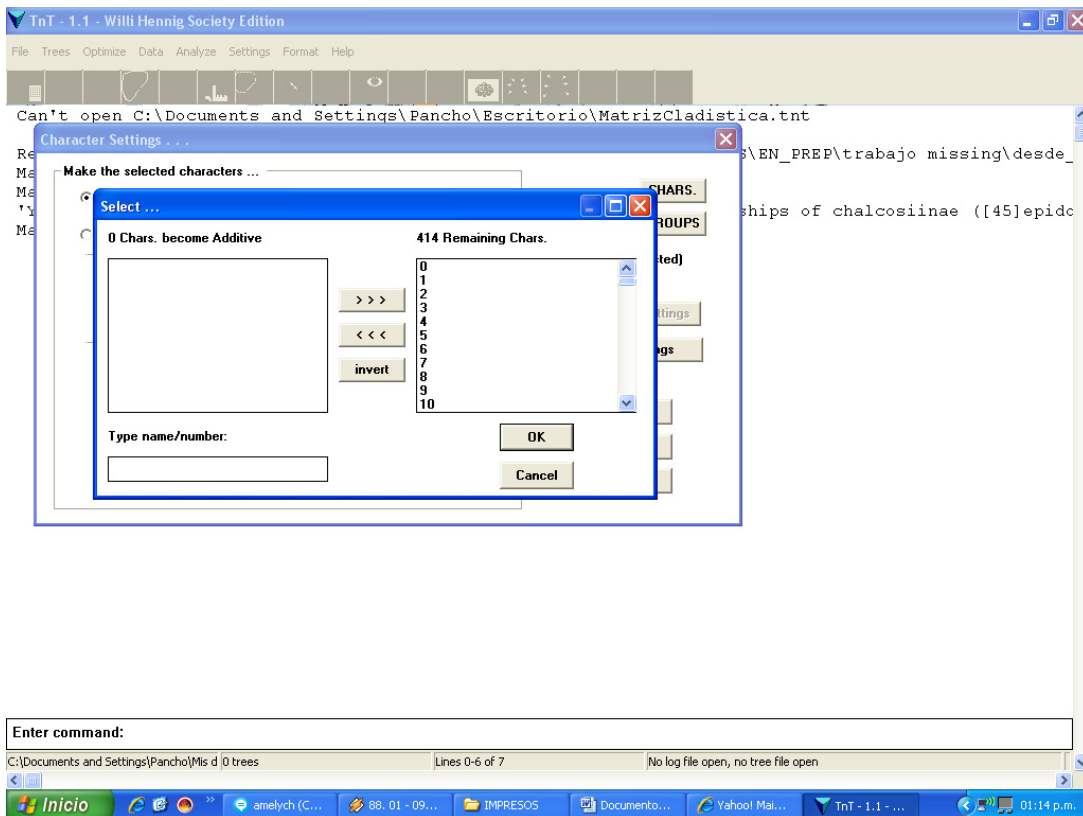
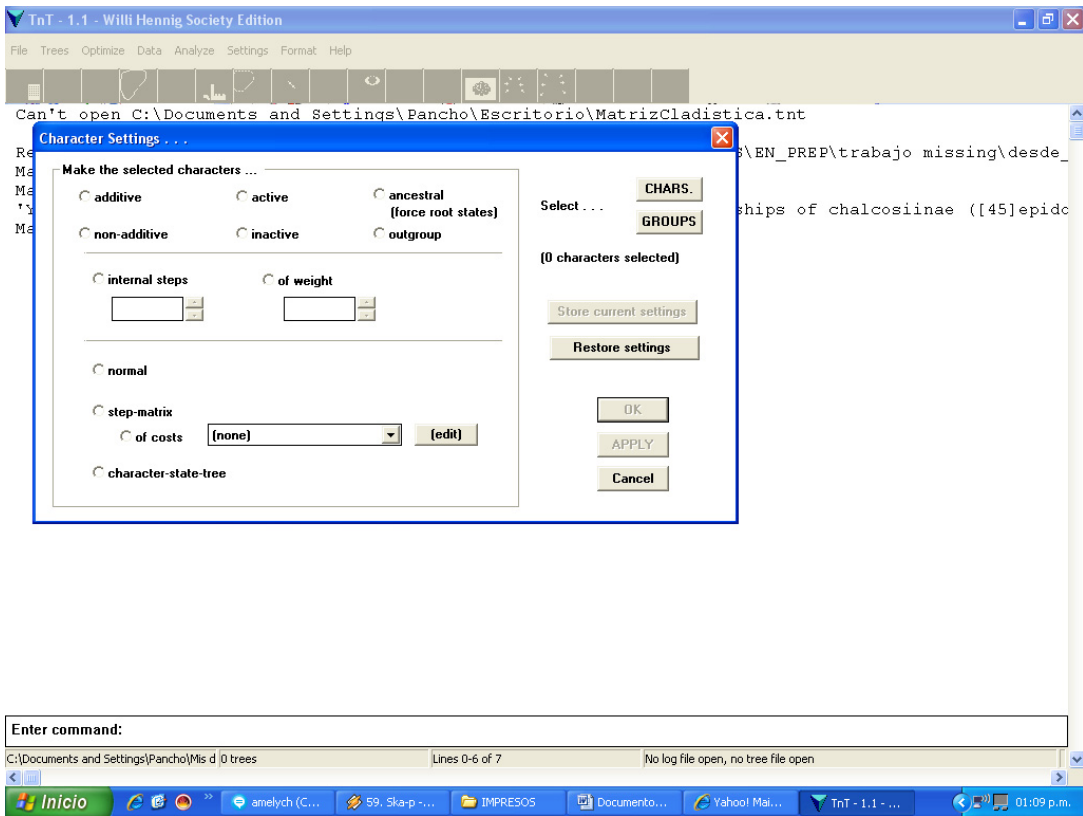
C:\Documents and Settings\Pancho\Mis documentos\TRABAJOS\EN_PREP\trabajo missing\desde_origi

'YeN, S, ROBINSON, G. and QUICKE, d. 2005. The phylogenetic relationships of chalcosiinae ([45]epid
Matrix (414x207, 16 states). Memory required for data: 0.62 Mbytes
Space for 1000 trees in memory
```

At the bottom, there is an "Enter command:" input field. The status bar shows "C:\Documents and Settings\Pancho\Mis d 0 trees", "Lines 0-28 of 29", and "No log file open, no tree file open". The Windows taskbar at the bottom shows the Start button and several open applications, including "Inicio", "amelych (...)", "43. Ska-p...", "IMPRESOS", "MINIMACH...", "Internet E...", and "TnT - 1.1 - ...". The system clock shows "01:42 p.m.".

### 3- SETEO CARACTERES: ir a **Data/Charactersettings**

Para tratar a los caracteres como aditivos/ordenados cliques en **additive** y luego presionar **CHARS** (Botón de la derecha arriba):



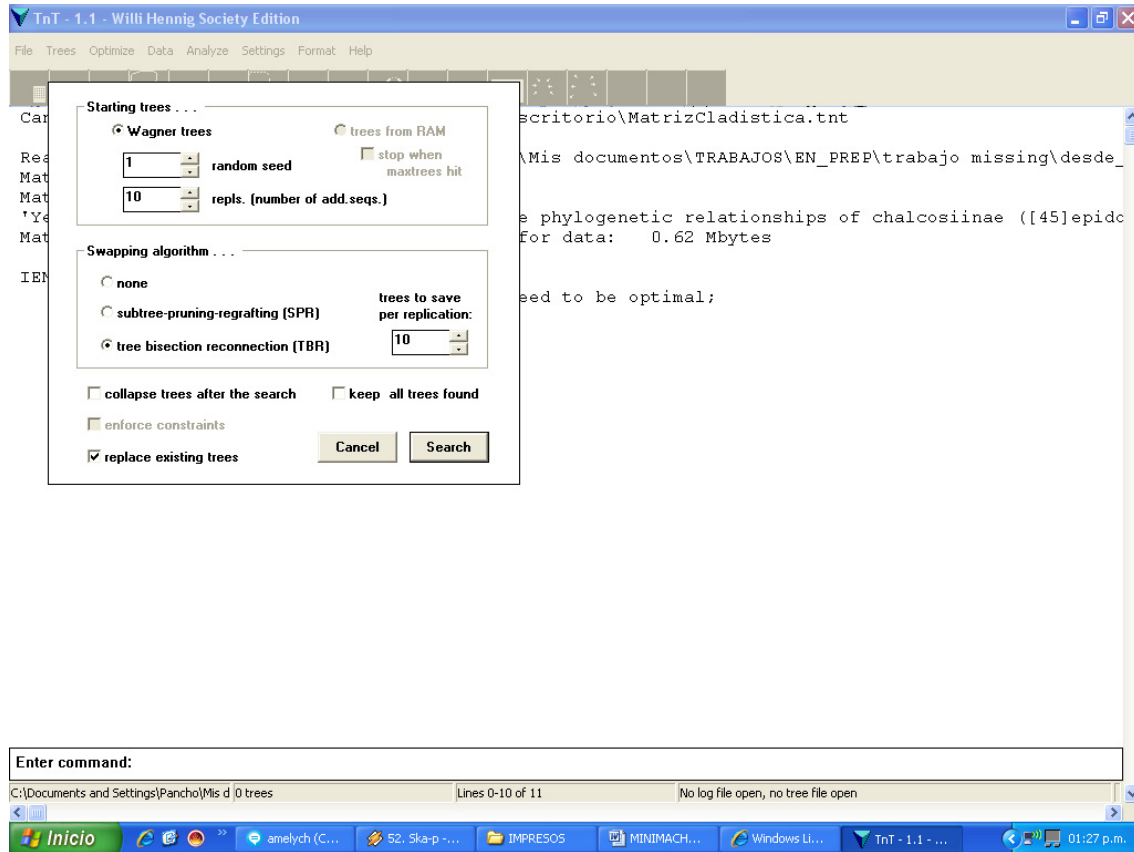
En esta ventana se deben pasar los caracteres que se desean codificar como aditivos de la ventana derecha a la izquierda que dice “**Chars. become Additive**” y luego apretar **OK**.

Para volver a considerarlos como no ordenados, o para activar o desactivarlos, hay que volver a la pantalla anterior, clicar en **non-additive** (o **active – inactive**) y hacer lo mismo.

#### 4- BÚSQUEDAS: ir a “ANALYZE”

\*Si la matriz es chica (menos de 20 o 15 taxones) hacer una búsqueda exacta -> ir a **Implicit Enumeration**

\*Si la matriz es más grande → ir a **Traditional Search** :



La primera sub-ventana permite poner la cantidad de árboles de Wagner, como cambiar la secuencia al azar para la aleatorización de los taxones, entre otras cosas.

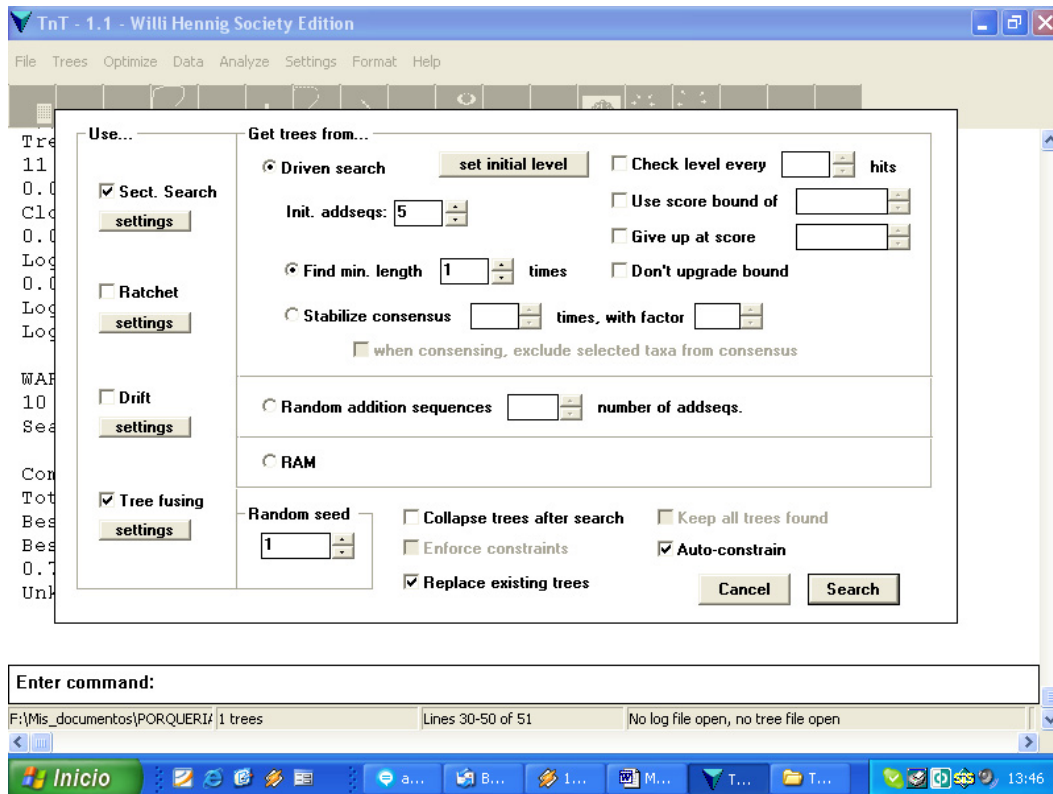
En la segunda, se puede elegir la estrategia de swapeo (como modificar los árboles de Wagner para buscar árboles más cortos). La ventana con el número 10, (“trees to save per replication”) es para indicar cuántos árboles debe guardar en cada ronda.

Siempre tildar en “**collapse trees alter search**”. Si esta opción no se tilda aparecerán nodos no soportados por ninguna transformación de caracteres

Con todo esto listo apretar **Search**.

#### \*Nuevas Tecnologías (Para matrices muy grandes)

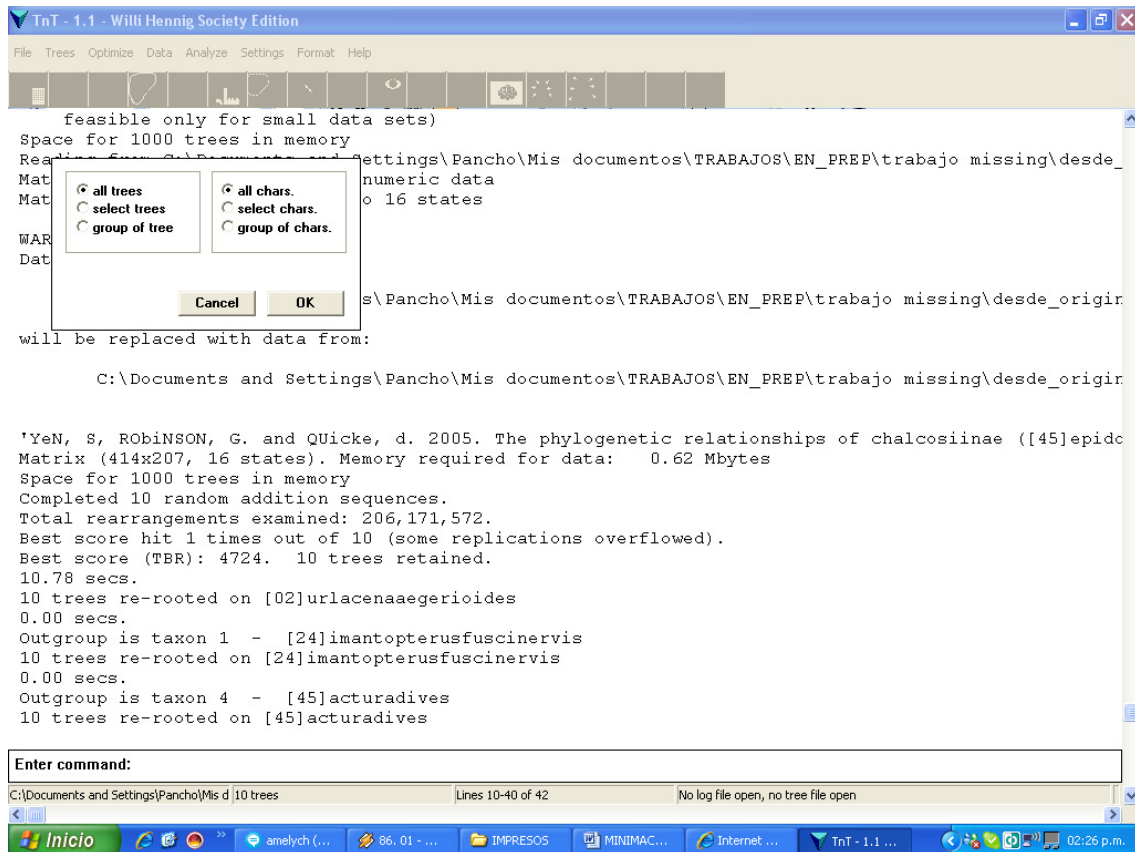
Entrar en **Analyse/ New Technology Search**:



Con esta opción se pueden combinar distintos algoritmos de búsqueda, como búsquedas sectoriales, ratchet, drifting y tree fusing. También se pueden cambiar distintos parámetros de las búsquedas (numero de secuencias de adición , etc..).

##### 5- OPTIMIZACIONES:

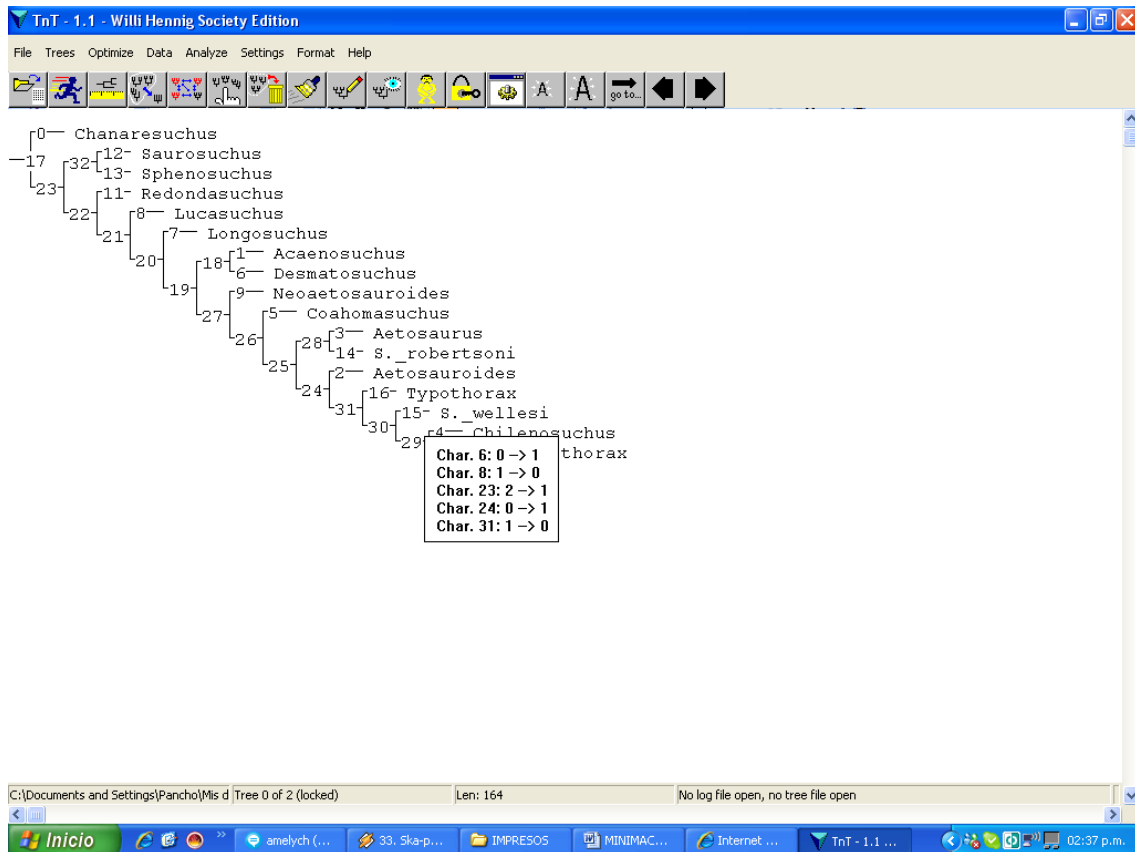
En la ventana **OPTIMIZE**, en **Characters/Mapping characters** se puede pedir al programa que optimice caracteres en uno o más árboles. Esto se regula seleccionando árboles y caracteres con la ventana que aparece:



Como resultado, cada carácter va a aparecer mapeado en el o los árboles, con un color para cada estado. Los nodos que están en gris tienen optimizaciones ambiguas (poner el estado 0, 1 o 2 da la misma longitud). De esta forma puede identificarse posibles lugares donde se den optimizaciones ACCTRAN o DELTRAN (hay que chequear que no sea un nodo terminal el cual posea algún taxón con entradas faltantes “?”). En estos casos se le puede pedir al programa que muestre las reconstrucciones posibles para el carácter (con **OPTIMIZE/Characters/Reconstructions**) y se puede identificar cual corresponde a ACCTRAN y cual a DELTRAN.

6- COSAS SOBRE ARBOLES:

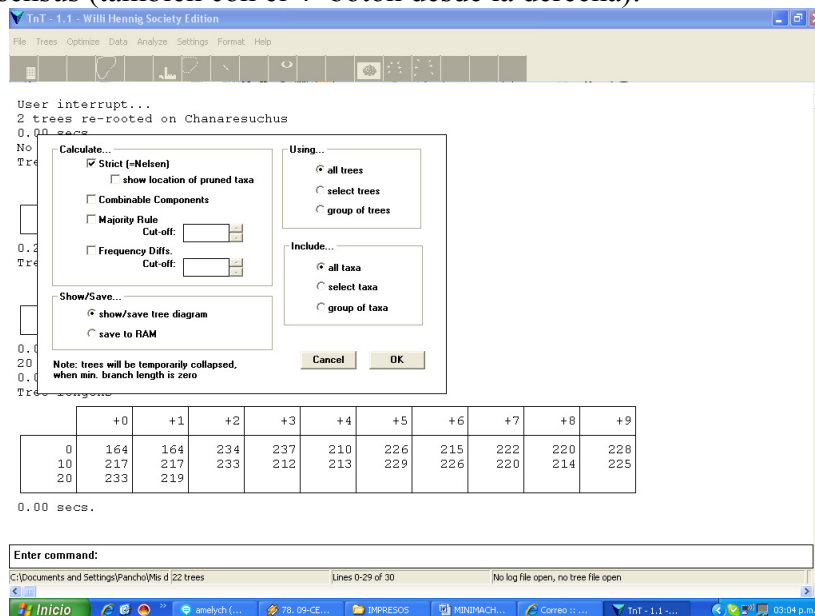
En la memoria de árboles se puede observar a los más parsimoniosos almacenados. Debajo cada uno, se indica qué árbol estamos viendo y cuántos hay (ejemplo “tree 0 of 3”, quiere decir que estamos en el primer árbol de los 4 almacenados. Siempre el primer árbol, carácter o taxón es el número 0. Si figura (Locked) quiere decir que no el árbol no se puede modificar, para hacerlo hay que apretar el botón de la barra de herramientas que es un candado (después va a decir unlocked). Apretando el botón derecho del Mouse sobre los nodos con los árboles “locked” nos van a aparecer los cambios de caracteres que sostienen a ese nodo. El botón que tiene a un hombre desnudo sirve para indicar el número de cada nodo y taxón.



Para cambiarle la raíz a un árbol: Primero ir a **DATA/outgroup taxon** y elegir la nueva raíz. Luego ir a **Trees/reroot**. Así vamos a tener los árboles enraizados con el nuevo outgroup.

### 7- CONSENSOS

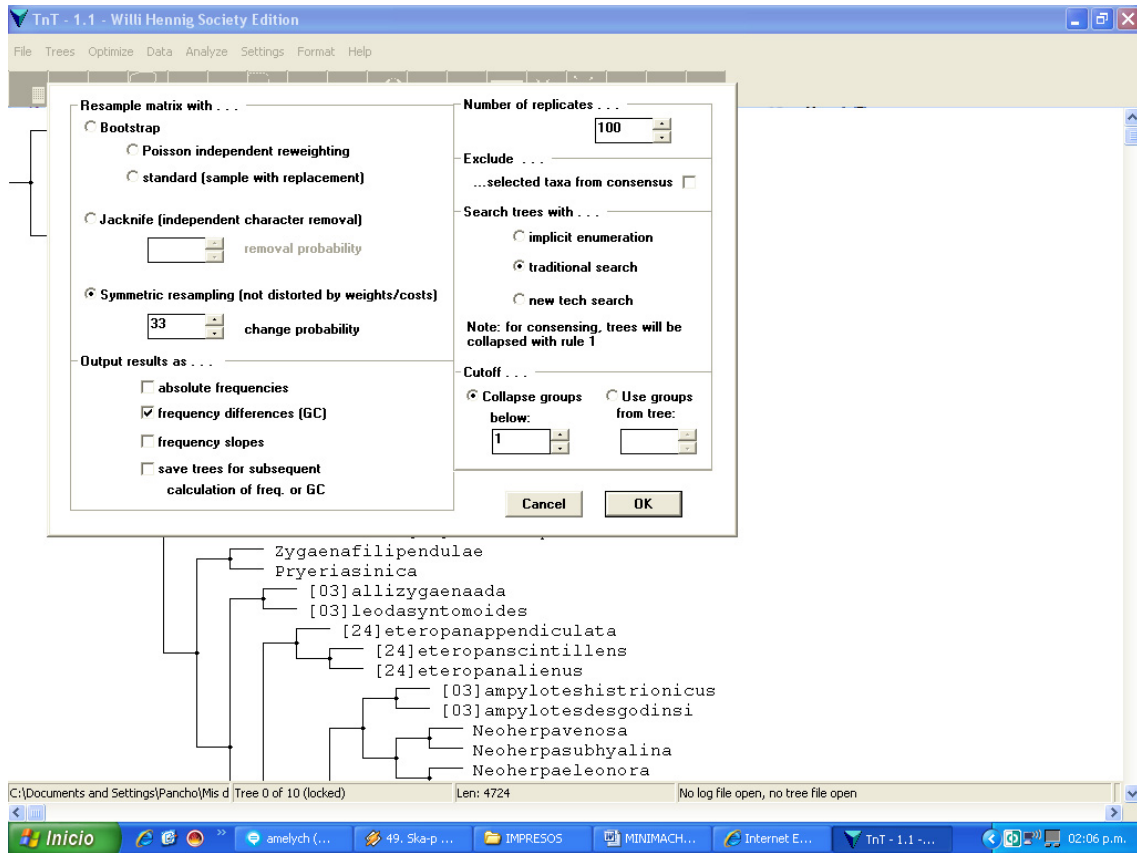
Ir a **Trees/Consensus** (también con el 4º botón desde la derecha):



El programa construye consensos estrictos y de mayoría. Si se tilda “**save to RAM**” el consenso calculado será almacenado en la memoria de árboles y será el último.

## 8- SOPORTES

Ir a **ANALYZE/Resampling**. Aparecen las opciones de soportes basados remuestreos (e.g. Bootstrap, Jackknife):



Se debe definir que tipo de remuestreo se desea hacer (por default está Symmetric Resampling, un tipo de Jackknife). En “**Output results as**” conviene tildar en “**absolute frequencies**” y sacar el de “**frequency differences**” y dar **OK**.

## 9- CALCULO DE CI, RI, BREMERY LECTURA DE SCRIPTS...

El TNT no tiene implementado el cálculo de estos índices, pero permite hacerlo con la ayuda de un *script* (o macro). Estos son archivos con una serie de comandos (una receta) que indican al programa que realice algún cálculo, por ejemplo que calcule un determinado índice y le indica cómo hacerlo. De esta manera el usuario avanzado puede hacer análisis muy sofisticados que no están implementados en ningún programa.

Para calculo de CI/RI, con la matriz abierta y los árboles más parsimoniosos en la memoria de árboles, se debe abrir el Archivo **CI\_RI.txt** a través de “**FILE/open input file**” (o el botón de la barra de herramientas). En el buffer aparecerá una tabla con los resultados. Otra forma de realizar esto es poner en la barra de comandos **run CI\_RI.txt**, pero en este caso el archivo tiene que estar en la misma carpeta donde está la matriz.

De la misma manera, abriendo el archivo **BREMER.run** se puede calcular los soportes de Bremen para los nodos de uno o más árboles que tenemos en memoria.

## 10- SALVANDO ÁRBOLES Y OTRAS COSAS

Para salvar árboles, en la solapa **FILE/Open Tree File**, hay dos opciones, salvarlos con formato “compacto” o parentético. Para eso ir a **Open, compact mode** o **Open, parenthetical mode**, respectivamente. Con la opción **append** pueden agregar árboles a un archivo creado con anterioridad. Si al crear el archivo ya existen árboles en memoria, estos automáticamente serán guardados en el archivo, pero si se hacen nuevas corridas con posterioridad y se quiere conservar copias de estos nuevos árboles, se debe ir nuevamente a **FILE/Open Tree File / Save trees to open file**. Cuando se finaliza se debe cerrar el archivo con **FILE/Open Tree File/Close tree file**. Con posterioridad podemos abrir estos archivos de árboles y automáticamente vamos a tenerlos en memoria, sin necesidad de hacer las búsquedas de nuevo.

Output: permiten guardar toda la información que el programa va volcando en el buffer de texto, o hacer registro de lo que se hace (que puede incluir árboles si no tenemos activada la opción **Preview Trees en Format**). Se maneja de la misma manera que el comando para guardar árboles, pero se entra por **File/Output**.

---

### Referencias

Goloboff, P, J. Farris and K. Nixon. 2000. *T.N.T.: Tree analysis using New Technology*. Program and documentation, available from the authors and [www.zmuc.dk/public/phylogeny](http://www.zmuc.dk/public/phylogeny).

Goloboff, P, J. Farris and K. Nixon. 2008. TNT, a free program for phylogeny analysis. *Cladistics* 24:774-786.

<p><b>Este material fue creado por Francisco Prevosti, con la finalidad de auxiliar los Trabajos Prácticos</b></p>
--