

Guía para el uso del programa NONA (NoName)
Copyright (c) Pablo A. Goloboff 1993, 1994, 1996.

Noname es un programa para la búsqueda de árboles, funciona bajo entorno de DOS y se abre con el archivo ejecutable NONA. Este busca árboles con el menor número de pasos para un conjunto de datos, de acuerdo a los pesos asignados a los caracteres “a priori” por el usuario.

Formato de la matriz básica de datos (MBD):

NONA puede leer matrices de datos grabadas utilizando el programa EDIT del DOS, o cualquier procesador de textos, siempre y cuando se “salven” en modo texto.

El formato de la matriz es el siguiente:

- a) xread
- b) el nombre de la matriz entre apóstrofes
- c) el número de caracteres y de taxa de la matriz incluyendo el o los grupos externos, separados por un espacio.
- d) nombre de cada taxa incluido en la matriz, y los estados de caracteres de cada uno. Cuando el estado de un carácter no ha podido registrarse se usa un signo de pregunta o un guión.
- f) al final de la matriz es imprescindible escribir un punto y coma; y luego p/;

Ejemplo:

```
xread
30 11
outgroup
00000000000000000000000000000000
sp1
100111101100000110101000300010
sp2
100111101100000100101001210010
sp3
10011110110001?110101012320010
sp4
100111101100000110101000100010
sp5
10011110110000?110101000300010
sp6
10011110110000?110101022300010
sp7
100111101100000110101002100010
sp8
100111101100001000101002000000
sp9
```

```
100111101100000110101000300010
sp10
100111101100000110101000300010
p/;
;
```

A continuación se listan algunos de los comandos de NONA

Cada uno de los comandos debe ser seguido de un punto y coma y se debe presionar <enter> para que se ejecute. Se pueden escribir varios comandos a la vez, cada uno separado por un punto y coma. Los nombres de los comandos también pueden abreviarse (como mínimo debe escribirse la parte del nombre en negrita de los comandos listados)

Ejemplo: **procedure** cualquiermatriz.txt; **whennig**; **max***; **vplot**;
o **p** cualquiermatriz.txt; **wh**; **ma***; **vp**;

PROCEDURE Este comando se utiliza para leer una matriz básica de datos. (Se puede abreviar utilizando sólo la letra P).

TREAD Lee árboles en notación parentética, los que se escriben a continuación del comando. Deben usarse sólo paréntesis para delimitar los grupos.

SV Guarda al árbol “current” en notación parentética en un archivo. (con '*' como argumento guarda cada uno de los árboles en memoria); la primera vez que se utiliza debe darse un nombre de archivo.

/ Cierra el archivo
+ Permite adicionar árboles a un archivo
= Permite sobrescribir un archivo

Ejemplo:

sv+ misarboles.tree sv* s/

Abre el archivo “misarboles”, adiciona todos los árboles en memoria y cierra el archivo.

Este archivo puede ser leído utilizando el programa Winclada con la opción “Open Tree File” (previamente debe leerse la matriz básica de datos).

HELP Brinda información de ayuda.
; Lista todos los comandos (con sus posibles argumentos)
xx Documentación del comando **xx**
* Documentación general

= Lista los comandos por tópicos
/ Brinda un resumen de los comandos y opciones
/xx Brinda un resumen de los comandos y opciones para el comando xx

HOLD N Mantiene en memoria N árboles. El número máximo de árboles que el programa mantiene en memoria por *default* es de 50.

ZZZ Comando para salir del programa.

Comandos para la búsqueda de árboles

WHENNIG N Crea un árbol de Wagner (minimizando el número de pasos). Si se pasa un número N como argumento, se realiza N veces adicionando los taxa al azar, y se mantiene sólo el mejor árbol. Si no se da un número como argumento, la secuencia de adición es de acuerdo al orden de los caracteres en la matriz.

SEARCH Crea un árbol de Wagner y hace sobre este SPR (subtree pruning-regrafting), manteniendo en memoria a el o los árboles más cortos.

MAX Realiza permutación de ramas sobre el o los árboles iniciales y retiene sólo los árboles óptimos (con menor número de pasos). Si se usa un asterisco '*' como argumento los árboles son permutados más exhaustivamente (usando tree bisection-reconnection, el *default* es “subtree pruning-regrafting”).

MULT N Parte de un árbol de Warner y realiza permutación de ramas sobre estos. Si se usa un asterisco '*' se utiliza “tree bisection-reconnection”. Repite el proceso N veces y retiene en memoria el o los árboles más cortos.

JUMP N Hace permutación de ramas sobre todos los árboles que encuentre con un número de pasos extra de N. Este comando es utilizado para saltar entre islas de permutación de ramas.

MSWAP N Permutador múltiple: corta al árbol en N puntos y realiza permutación de ramas sobre las partes resultantes. Si se usa un asterisco '*' como argumento, se utiliza “tree bisection-reconnection”. (Sin argumento usa “subtree pruning-regrafting”). Si se presiona <. > se aborta la búsqueda; presionando <r > (minúscula) produce un reporte (longitud del árbol, que árbol está siendo permutado y el número de árboles almacenados en el

buffer); <x> interrumpe la permutación en el árbol actual, y pasa al siguiente.

Este comando puede ser usado para producir soluciones exactas para matrices de hasta 18 taxones. Para producir una solución exacta con t taxa se corta al árbol en t-3 puntos. Con '+' como argumento calcula el número de cortes para producir una solución exacta (hasta un máximo de 15 cortes).

Ejemplo para una matriz de 15 taxa:

- o **procedure cualquiermatriz.txt; search; mswap+;**
p cualquiermatriz.txt; se; ms+;

Diagnosis y evaluación de árboles o caracteres

- APO** Lista las sinapomorfias para cada clado (con '*' como argumento, lo hace para cada uno de los árboles en memoria; sin argumento sólo para el árbol actual ("current")). Seguido de un número N reporta las sinapomorfias únicamente para el clado N y en el "current".
- CHANGE** Lista los nodos donde hay cambios para cada carácter (con '*' como argumento, lo hace para cada uno de los árboles en memoria; sin argumento sólo para el "current"). Seguido por un número N, lista sólo los cambios para el carácter N.
- FIT** Reporta el numero de pasos de los caracteres informativos (y polimórficos), el índice de consistencia para todos los caracteres, el índice de consistencia para los caracteres informativos, y el índice de retención.
- LENGTH** Calcula la longitud del árbol (con '*' como argumento, lo hace para cada uno de los árboles en memoria; sin argumento sólo para el "current").
- STEPS** Reporta el número de pasos y de pasos extra para cada carácter (con '*' como argumento, lo hace para cada uno de los árboles en memoria; sin argumento sólo para el "current").

Opciones de configuración (seteo)

- AMBIGUOUS** Determina cuan estrictamente se colapsan los árboles.
= Colapsa sólo si ancestro y descendiente tienen idénticos conjuntos de estados

- Colapsa siempre que el antepasado y el descendiente compartan estados (este es el *default*)
- ; Reporta la opción actual

CCODE Muestra los pesos, orden, activación y el número de pasos para cada carácter. Por *default* todos los caracteres tienen un peso de 1, están ordenados y activados (los caracteres polimórficos son considerados no ordenados). Esto puede ser cambiado con el comando ccode:

- [Activa a los caracteres enumerados a continuación
-] Inactiva a los caracteres enumerados a continuación
- Desordena a los caracteres enumerados a continuación
- + Ordena a los caracteres enumerados a continuación
- /N Cambia el peso a N, para los caracteres enumerados a continuación (los caracteres pueden pesar entre 0 y 100)
- * Descarta todas las especificaciones previas

Ejemplos:

ccode/[+;
Reestablece el *default*

ccode]3 4 5 6 7 [/3 9 10 11 12 13 14 o ccode]3.7*/3 9.14

Desactiva a los caracteres 3 4 5 6 7, aplica (a priori) un peso de 3 a los caracteres 9 10 11 12 13 14

MINIMUM Reporta el numero mínimo y máximo de pasos posibles para cada carácter.

POLY Con '=' como argumento trata a los árboles como politómicos, con '-' como argumento trata a los árboles como dicotómicos, sin argumento simplemente reporta de que manera el programa esta tratando a los árboles; el *default* es poly=.

Calcular árboles de consenso

NELSEN Calcula y grafica el consenso estricto del árbol "current" y de todos los árboles en memoria.

Graficar árboles

TPLOT Muestra los árboles (con '*' como argumento, lo hace para cada uno de los árboles en memoria; sin argumento sólo muestra el "current").

- VPLOT** Grafica a los árboles. Se utilizan las teclas de dirección para mover el árbol, <esc> para salir. Se grafican primero los árboles en memoria y por ultimo el “current”; con <enter> y <backspace> se pasa de un árbol a otro.
- VNELSEN** Grafica el árbol de consenso (como en Vplot).

Pasos para realizar Bremer support

- Hallar los árboles de longitud mínima (por ejemplo con mult* 20)
- **sub 2;** (se hallan los árboles subóptimos, dos pasos más largos (o el número de pasos que se especifique))
- **hold 500;**
- **find*** (hace TBR y cuando se llena la memoria se detiene)
- **bsupport;** (o bsupport*)

Nota: Winclada es un programa creado por Kevin C. Nixon (Copyright (c) 1996-1998, 1999-2002) que permite trabajar con NONA bajo entorno de Windows con una interfaz mas “amigable” con menús desplegables y ayudas (Se puede bajar una versión “shareware” del sitio web de la Willi Hennig Society: <http://www.cladistics.org>)

Bibliografía consultada

- Goloboff P. A. 1998. Pee-Wee versión 3.0 para Windows. Programa y documentación distribuido por el autor. Sitio Web de la Willi Hennig Society: <http://www.cladistics.org/education.html>.
- Goloboff P. A. 1998. NONA versión 2.0 para Windows. Programa y documentación distribuido por el autor. Sitio Web de la Willi Hennig Society: <http://www.cladistics.org/education.html>.