

PRÁCTICA 35

CONSTRUCCIÓN DE CLADOGRAMAS CON EL PROGRAMA WINCLADA

Álvaro Chaos Cador

Objetivo

Que el alumno aprenda a utilizar las funciones básicas del programa Winclada para realizar análisis cladistas.

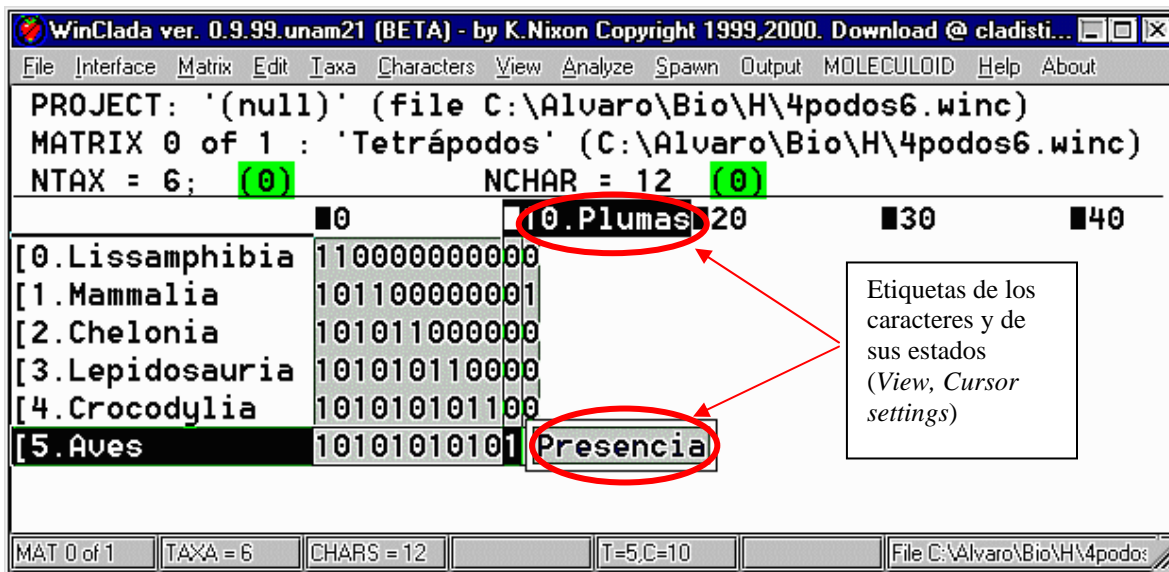
Unidad de conocimiento

WinClada. Programa escrito por Nixon (1999) para realizar análisis cladistas y puede servir de conexión amigable con Hennig86 (Farris, 1988) y Nona (Goloboff, 1996). Para obtener el programa, puedes referirte a la página de la Internet: http://www.cladistics.com/about_winc.htm.

Unidad de acción

A continuación se muestran los pasos a seguir para crear una matriz de datos y hacer unos análisis básicos. En cursivas se muestran las opciones del menú que debes escoger.

Pantalla principal de WinClada



Pasos:

1-MATRIX Crea una nueva matriz (*New matrix (create)*), especifica cuántos taxones y cuántos caracteres contendrá. De todas formas es posible alterar las dimensiones después (*Expand matrix*). En ese momento puedes declarar a los caracteres como aditivos o no aditivos.

En caso de tener ya una matriz o un cladograma se usa el menú FILE (*Open file*) o (*Open tree file*) se puede leer una matriz en varios formatos como Hennig86, Nona, Nexus, Fasta, GDE. Es posible leer cladogramas en formato parentético.

2-TAXA Teclea los nombres de los taxones (*Taxon dialog*), también puedes introducir otros datos como el porcentaje de especies, el número de ejemplares, citas y comentarios. Con el botón izquierdo del ratón puedes seleccionar taxones, con el derecho quitas la selección.

3-CHARACTER Da los nombres de los caracteres y los nombres de sus estados (*Character dialog*), puedes tener hasta 10 estados. Especifica si son aditivos o no, su peso y si están activos o no. Al terminar de introducirlos puedes saber cuáles no son informativos (*Mup uninformative chars*). Puedes seleccionar caracteres con el ratón de la misma forma que seleccionas taxones.

4-VIEW Ve las propiedades de cada carácter (*Show char statistics*). Puedes colorear cada estado con un color diferente (*Color code states*). Si tus datos son secuencias de ADN podrás ver letras en lugar de números con la opción *Dna (IUPAC) mode*. Puedes alterar el despliegue de la matriz, es decir, sus colores, etiquetas, cursor, etc. (*Cursor settings*).

Si deseas hacer una búsqueda para encontrar el cladograma más corto, dispones del programa Hennig86 o del Nona y si los sabes manejar, es posible seguir con los pasos opcionales, en caso contrario deberás brincar al paso 7.

Pasos opcionales:

5-SPAWN WinClada no es un programa que tenga una rutina de búsqueda de cladogramas para encontrar el más corto; sin embargo, posee una conexión con los programas que sí lo hacen como son el Hennig86 y el Nona. Si quieres mandar la matriz de datos para analizarla dentro de estos programas utiliza la opción correspondiente (*Spawn, Hennig86 o Nona, Submit current matrix*).

6-ANALYZE WinClada posee, además, otra ventaja, tiene integrado dentro de estas conexiones, rutinas con algunos de los comandos de Nona para evitar teclearlos dentro del programa manualmente y así hacerlo más amigable y eficiente. Las rutinas disponibles son: búsqueda heurística, el trinquete, el trinquete estrella, la prueba de incongruencia de Farris *et al.* y pruebas no paramétricas. Después de llamar al programa buscador de cladogramas, Winclada tomará la salida de aquél y mostrará en la pantalla de despliegue de cladogramas (winClados) los cladogramas que encontró el buscador.

Pasos (continuación):

7-INTERFACE Esta conexión permite alternar entre la pantalla principal de WinClada (winDada) y la pantalla de cladogramas (winClados). Muestra el cladograma y en la barra inferior de la ventana aparecen su largo, su índice de consistencia y su índice de retención. En este modo muchas de las funciones del menú están disponibles también en una barra de iconos, que se encuentra bajo la del menú, para ejecutar algunos comandos más rápidamente.

8-FILE Opción para leer un cladograma de un archivo en formato parentético (*Open tree file*).

9-TREES En el caso de obtener más de un cladograma del mismo largo se pueden hacer varios tipos de consenso (*Consense-compromise*) además de poder hojear los cladogramas (*Next tree*).

10-EDIT MOUSE Esta opción permite manipular la forma del cladograma a placer. Es posible cambiar su raíz, colapsar nodos, ocultar, marcar, mover, girar o intercambiar ramas.

Pantalla de cladogramas (*winClados*)

Barra de iconos:

Mapeo de caracteres

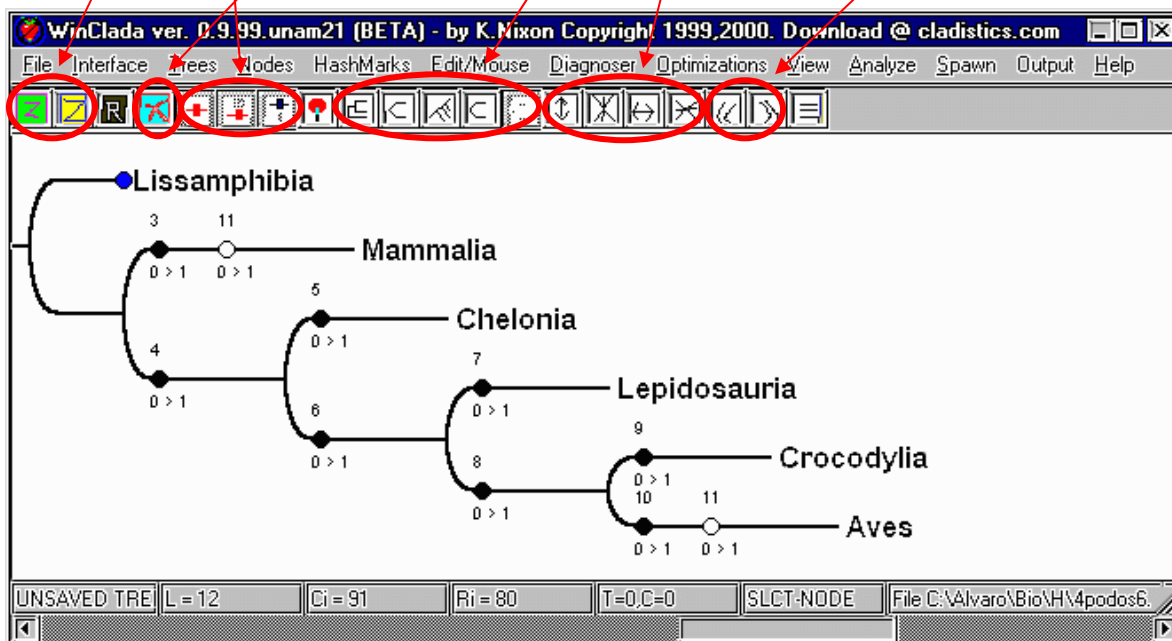
Alejar y acercar

Modo X

Estilo del cladograma (triangular, rectangular, angular, etc.)

Proporciones del cladograma (alto y ancho)

Hojea los cladogramas

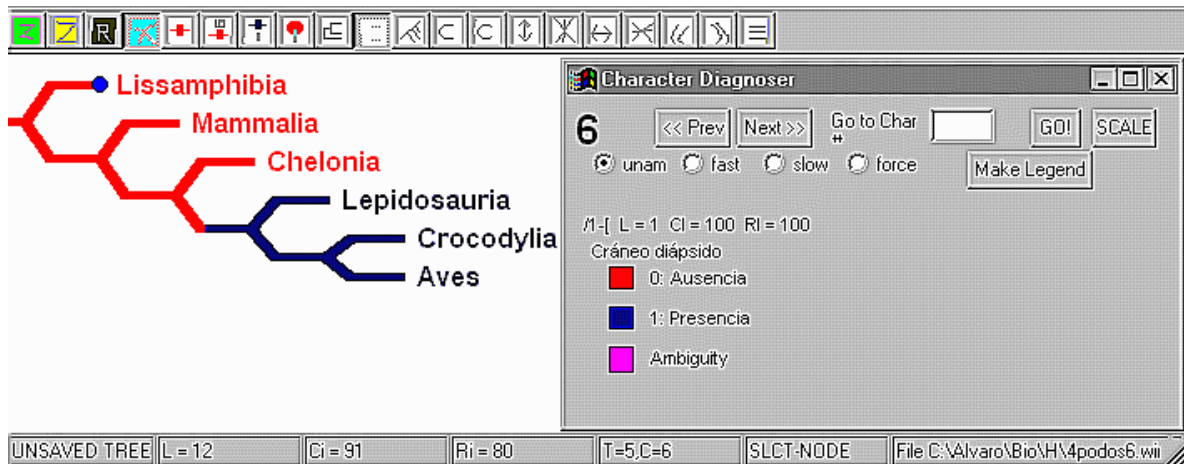


En el ejemplo de arriba podemos ver que las homologías se marcan de negro y las homoplasias de blanco. Además WinClada muestra el cambio que ha ocurrido en cada caso.

11-DIAGNOSER También llamado el Modo X.

Este modo permite marcar cada carácter por separado en un cladograma. Es posible marcarlo utilizando diferentes optimizaciones. Aparecen su índice de consistencia, su índice de retención y el número de pasos.

Pantalla del Modo X



Ejercicio:

- Con la siguiente matriz obtén el cladograma dibujado como se muestra a continuación. Si no tienes una impresora conectada para imprimirlo, guarda el cladograma como un archivo “emf” (*File, Create tree metafile*). Este tipo de archivo se puede leer con Word e imprimirlo desde allí. Codifica las ausencias como cero.

Carácter	Huevo amniota	Sistema circulatorio diestro	Cráneo diápsido	Espacios neumáticos craneales	Sangre caliente
Taxón					
Sapo	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Perro	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Presencia
Laúd	Presencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Iguana	Presencia	Presencia	Presencia	Ausencia	Ausencia
Cocodrilo	Presencia	Presencia	Presencia	Presencia	Ausencia
Águila	Presencia	Presencia	Presencia	Presencia	Presencia

