

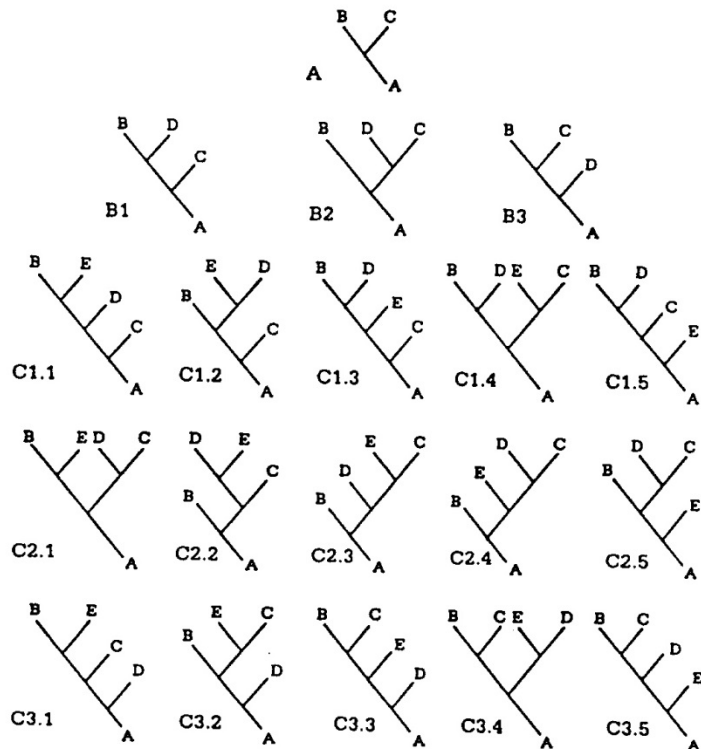
Techniky parsimonické analýzy pre veľké dátové súbory

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

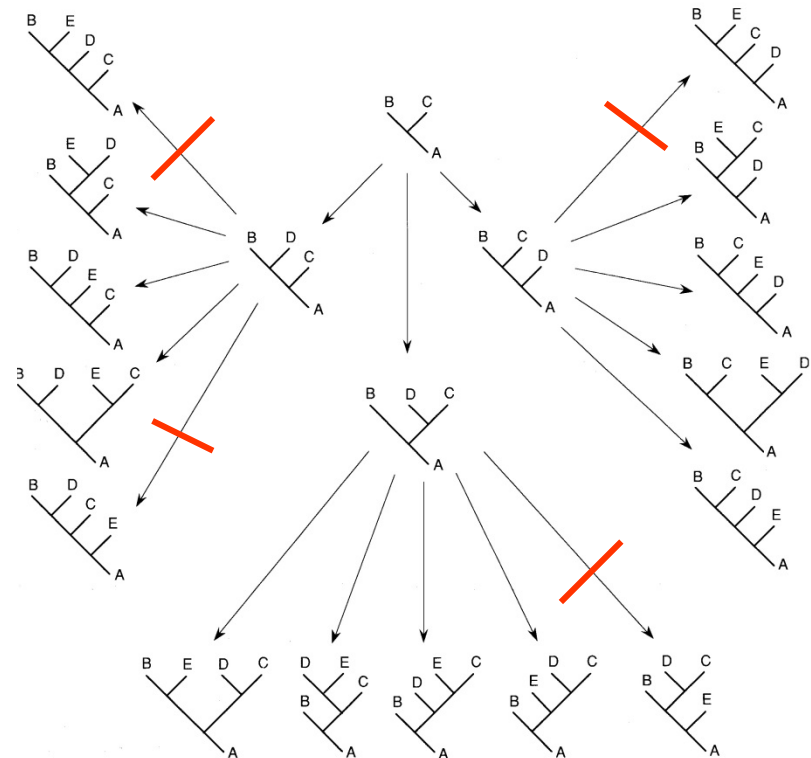
Tradičné techniky

Malé dátové súbory (do 25-30 taxónov)

vyčerpávajúce hľadanie
(exhaustive search)



ohraničovanie vetiev
(branch-and-bound)



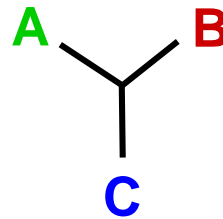
Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Tradičné techniky

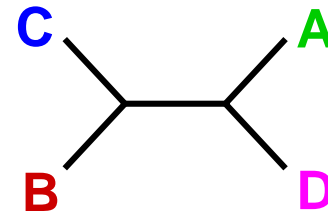
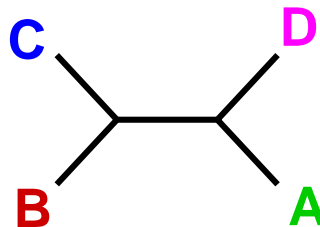
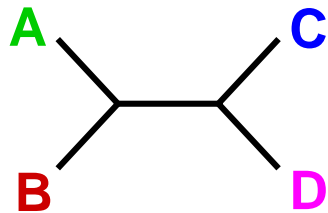
Stredne veľké dátové súbory (do 200 taxónov) – heuristické metódy

(1) pridávanie po krokoch (stepwise addition)

Najprv sa spoja tri objekty



Potom sa náhodne vyberie štvrtý a postupne sa pridáva k trom existujúcim vetvám (konárom, branch)



Jednotlivé stromy sa posudzujú podľa optimalizačného kritéria a jeden alebo viaceré najkratšie sa ponechajú do ďalšieho kola, kde sa pridáva piaty objekt, atď.

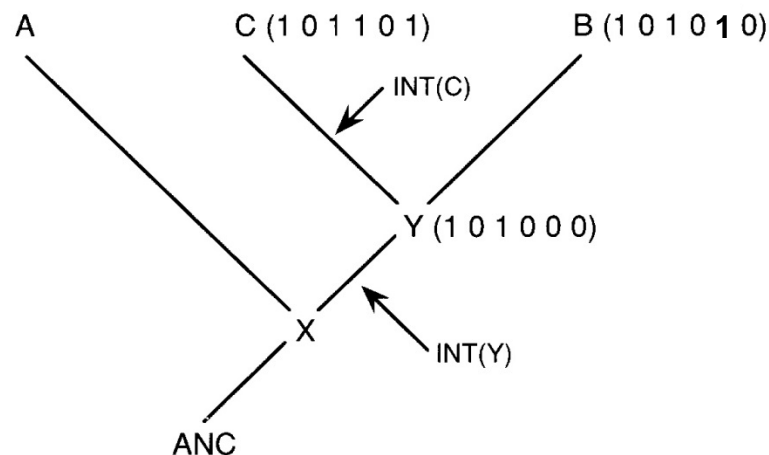
Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Tradičné techniky

Stredne veľké dátové súbory (do 200 taxónov) – heuristické metódy

(2) Wagnerove stromy

- vytvárajú sa tak, že sa postupne pridávajú taxóny na miesto na strome, ktoré zodpovedá najparsimonickejšiemu riešeniu



- **problém:** taxóny sa umiestňujú na miesto na strome, ktoré zodpovedá najparsimonickejšiemu riešeniu vzhľadom k taxónom, ktoré už na strome sú, na celkovom strome môže byť najparsimonickejšie umiestnenie taxónu iné

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Tradičné techniky

(3) Výmena vetiev

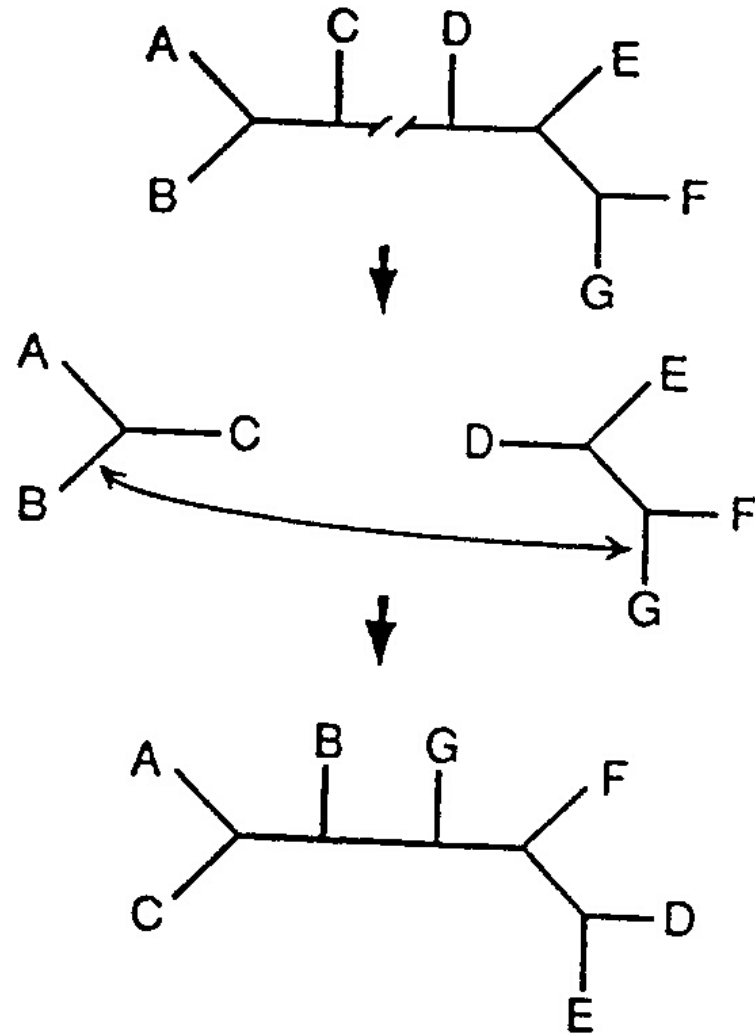
- branch-swapping

Delenie a znovuspájanie stromov –

tree bisection and reconnection (TBR)

Oddelená časť stromu sa pridáva ku každému možnému konáru zostávajúcej časti stromu a hľadá sa najkratší výsledný strom

Počet takto prehľadávaných možností narastá s treťou mocninou počtu taxónov

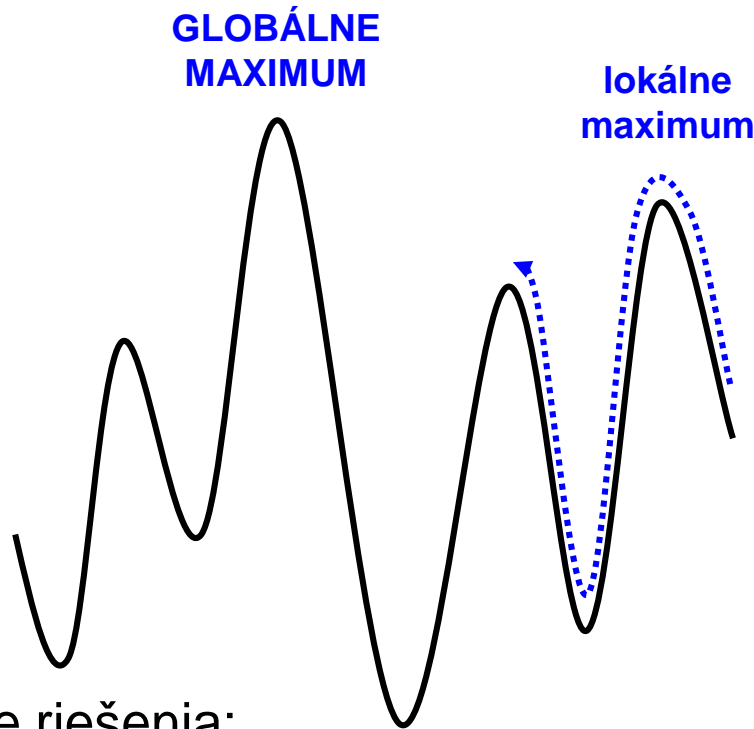


(ak sa počet taxónov zvýši z 10 na 80, čas potrebný na prehľadanie sa zvýši 400x)

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Tradičné techniky

TBR nemusí nájsť vždy najkratší strom – problém lokálnych optím (islands)



Možné stratégie riešenia:

- (1) RAS – random addition sequence – pri opakovanej tvorbe Wagnerových stromov sa taxóny pridávajú v náhodnom poradí (**RAS+TBR stratégia**)
- (2) Pri swapovaní sa do ďalšieho kola ponechávajú aj suboptimálne stromy (menej efektívna stratégia)

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Stratégia použitá v programe NONA (**NONA stratégia**)

- (1) Redukuje sa počet (Wagnerových) stromov, ktoré sa ponechávajú z každej replikácie, čím sa minimalizuje čas strávený na každom „ostrove“
- (2) Maximalizuje sa počet počiatočných stromov z ktorých sa začína hľadanie (počet replikácií)
- (3) Pozbierajú sa výsledné stromy zo všetkých replikácií a tento súbor sa použije na úplnú, kompletnú analýzu, kde sa ponecháva väčší počet stromov

Súbor dát 500 sekvencií *rbcL* (Chase et al. 1993) – Zilla data set:

1 mesiac, PAUP, Mac, TBR z jedinej replikácie – dĺžka 16225 krokov

11,6 mesiaca, PAUP, Sun, stratégia ponechania väčšieho počtu stromov v každom kroku (koľko umožnila RAM), 8 replikácií – 8000 stromov dĺžky 16220 krokov (Rice et al. 1997)

NONA program, Sun (ponechané 2 stromy z replikácie, spojené výsledky 20 replikácií, potom TBR s ponechaním 100 stromov) – strom dĺžky 16220 krokov v priemere každých 78 hodín, strom dĺžky 16218 krokov v priemere každých 150 hodín

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Techniky analýzy veľkých objemov dát (> 500 taxónov)

(nad 500 taxónov už nie je efektívna ani NONA stratégia)

Parsimony ratchet

Sectorial searches – sektorové prehľadávanie

Tree fusing – fúzia stromov

Tree drifting – „posuny“ topológie stromov

+ ich kombinácie

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Parsimony ratchet

- (1) Vygeneruje sa iniciálny strom – náhodné usporiadanie taxónov, vytvorenie Wagnerovho stromu, TBR branch-swapping, pričom sa ponechá niekoľko málo stromov (1-2)
- (2) Strom nájdený v kroku 1 sa použije ako štartovací bod pre iteratívnu stratégiu
- (3) Náhodne vybraný čiastkový súbor znakov (5-25% informatívnych znakov) sa pertrubuje (naruší); typicky sa vybraným znakom zvýši ich váha na dvojnásobok alebo sa použije jack-knife, kde sa tieto znaky vypustia (zníži sa ich váha na 0)
- (4) Strom nájdený v kroku 1 sa „swappuje“ s TBR s využitím zmenených váh znakov, pričom sa kalkuluje jeho dĺžka, pri „swappovaní“ sa ponecháva jeden alebo málo stromov – týmto sa „ošetrí“ prechod z jedného „ostrova“ na iné

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Parsimony ratchet

(5) Váhy znakov sa vrátia do pôvodného stavu (s rovnakými váhami, alebo rôznymi váhami ak tieto boli na začiatku analýzy), strom vytvorený v kroku 4 sa použije sa „swappovanie“ (ponecháva jeden alebo málo stromov) až kým sa pre „nenarušené“ dáta nenájde najkratší strom

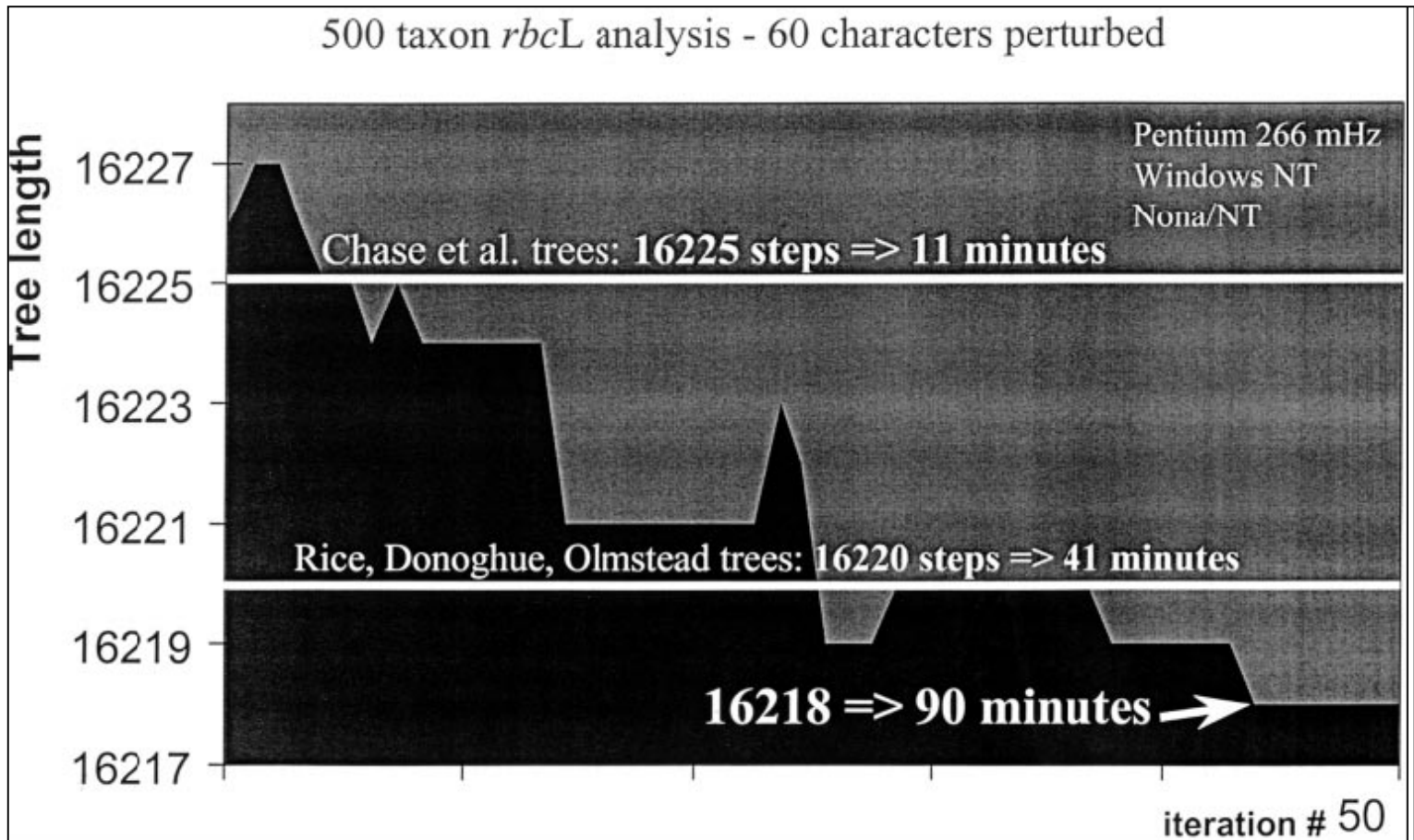
(6) Analýza sa vracia do kroku 3, kde sa náhodne vybraný súbor znakov pertrubuje

Procedúra je implementovaná vo viacerých programoch – TNT, NONA, PAUPRat (aplikácia parsimony ratchet v programe PAUP)

Cladistics **15**, 407–414 (1999)

Kevin C. Nixon

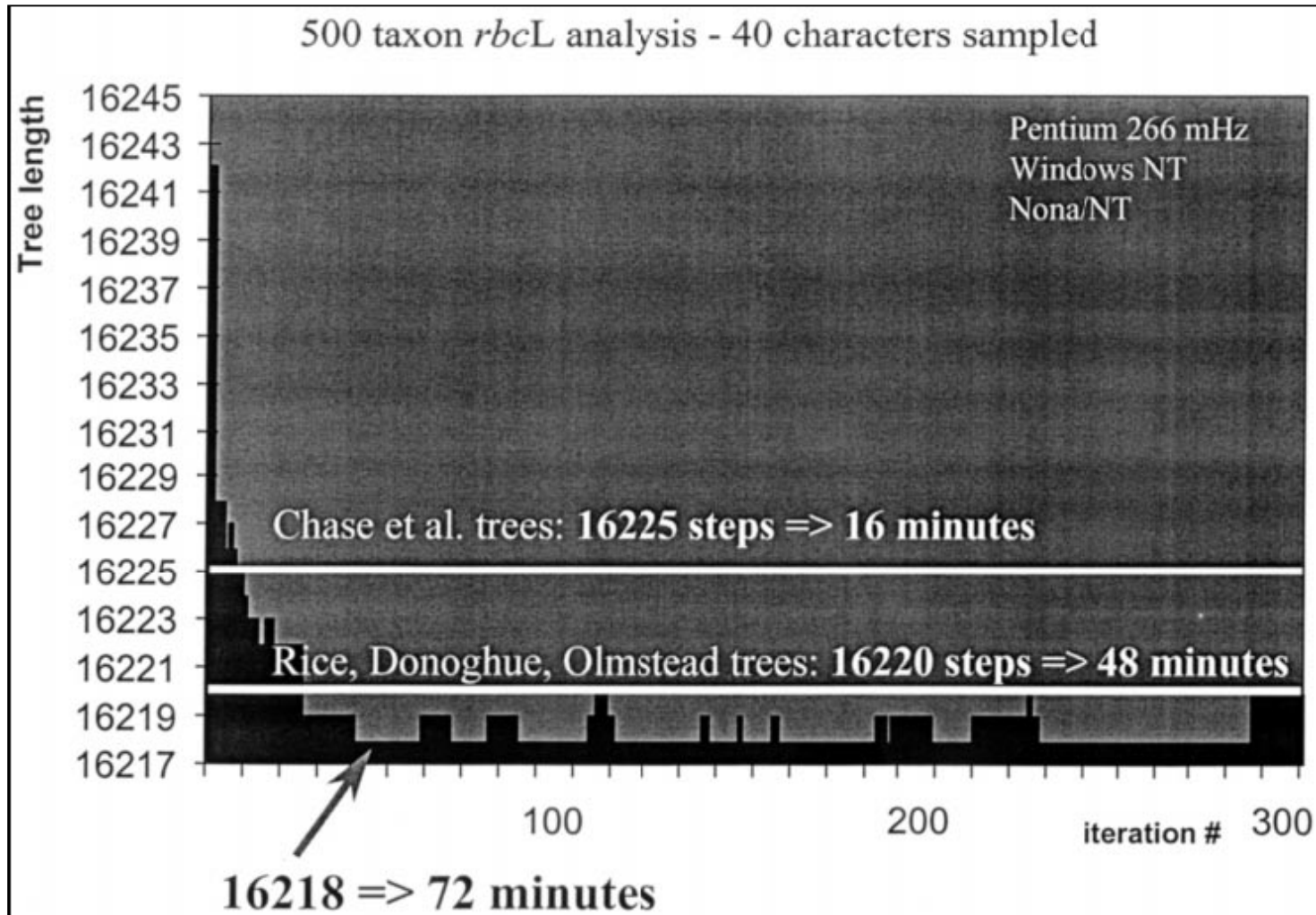
The Parsimony Ratchet, a New Method for Rapid Parsimony Analysis



Cladistics **15**, 407–414 (1999)

Kevin C. Nixon

The Parsimony Ratchet, a New Method for Rapid Parsimony Analysis



Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Parsimony ratchet

Výhody:

„Ostrov“ stromov sa neprehľadávajú tak intenzívne ako v programe PAUP, čím sa negeneruje zbytočne veľké množstvo suboptimálnych stromov podobnej topológie ako majú najkratšie stromy na danom ostrove

Na rozdiel od NONA stratégie sa nezačína v každej „replikácii“ budovať nový strom ale začína sa od stromu, ktorý si ponecháva informácie z už nájdených stromov (môžu byť ale z iného „ostrova“)

Nevýhody:

Pre menšie dátové súbory nemusí nájsť vždy rovnaký počet stromov ako hľadanie v programe PAUP a výsledný konsenzuálny strom z programu TNT tak môže mať väčšie rozlíšenie ako strom z programu PAUP

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

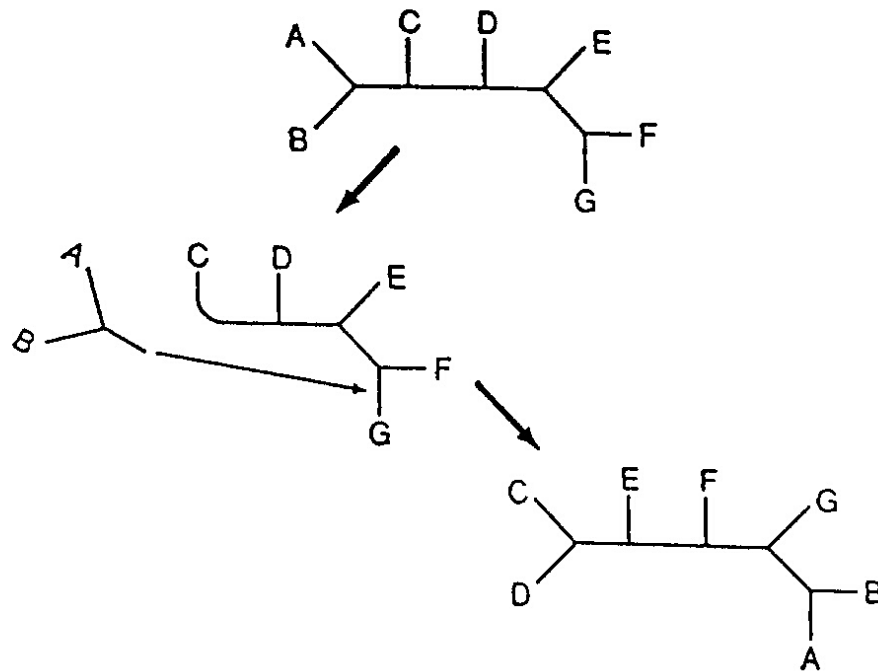
Tree fusing – fúzia stromov

Základnou myšlienkou metódy je výmena podskupín taxónov medzi stromami (s cieľom nájdania kratšieho stromu)

Výmeny zahŕňajú všetky skupiny s viac ako 5 taxónmi, ktoré sú prítomné na striktnom konsenzuálnom strome vytvorenom zo stromov, medzi ktorými sa podskupiny vymieňajú (skupiny by nemali byť vo vnútri rovnako dichotomicky rozdelené)

Postup:

- (1) Náhodne sa vyberie strom („target tree“ – cieľový strom)
- (2) Náhodne sa vyberie jeden zo zostávajúcich stromov („source tree“ – zdrojový strom), **ak už nezostáva ďalší strom na fúziu, urobí sa SPR „swappovanie“ a postup sa vracia ku kroku 1**
- (3) Vyhodnotí sa výsledok presunu každej skupiny taxónov zo zdrojového do cieľového stromu a postup sa vracia do kroku 2



Prerezávanie vetiev (podstromov) a vrúbľovanie (roubování) – subtree pruning and regrafting (SPR „swappovanie“)

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Tree fusing – fúzia stromov

Ak stromy, ktoré máme, sú suboptimálne, fúzia stromov takmer vždy vytvorí stromy, ktoré sú bližšie k optimu

Goloboff (1999) uvádza, že 10 x RAS+TBR na dátovom súbore Zilla zaberie ca 5 minút a výsledné stromy majú dĺžku 16 225-16 230 krokov, pár sekúnd aplikácie fúzie stromov znížilo dĺžku stromu na 16 220-16 222 krokov

Je pravdepodobné, že pri 10 x RAS+TBR každý zo sektorov bude v optimálnej dĺžke aspoň na jednom zo stromov – čo potrebujeme je spojiť tieto optimálne sektory z jednotlivých stromov

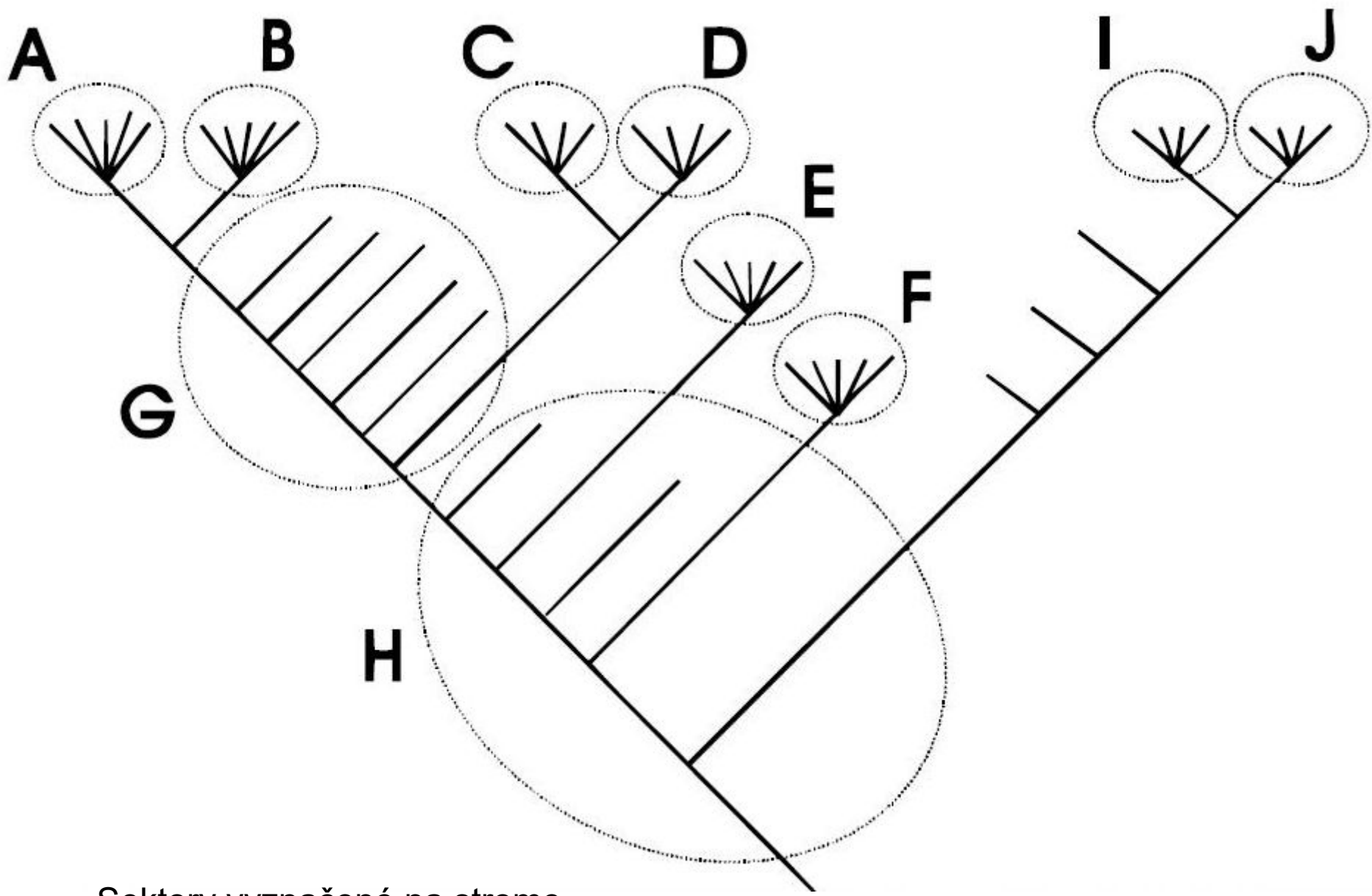
Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Sectorial searches – sektorové prehľadávanie

Základnou myšlienkou metódy je výber sektorov zo stromov a ich separátna analýza, ak sa podarí dosiahnuť lepšiu konfiguráciu v tomto sektore vráti sa do pôvodného stromu

Sektory sa vyberajú buď náhodne, na základe konsenzuálneho stromu alebo zmiešaným spôsobom

Potom, čo sa vyberie určitý sektor stromu (súbor taxónov) dátový súbor sa čiastočne zjednoduší oproti pôvodnému, z viacerých 3-4 stavových znakov sa stanú binárne a časť znakov prestane byť informatívna (sú identické v celom dátovom podsúbore). Toto zrýchli analýzu oproti pôvodnému dátovému súboru



Sektory vyznačené na strome

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Sectorial searches – sektorové prehľadávanie

RSS – random sectorial searches – náhodné sektorové prehľadávanie

Postup:

- (1) Náhodne sa vyberie sektor zo stromu tak, že obsahuje približne 35-55 terminálnych taxónov (jedincov)
- (2) S redukovaným súborom sa urobia asi 3 replikácie, ak tieto replikácie neprinesú zlepšenie topológie, pristúpi sa ku kroku 3, ak sa topológia zlepší, urobia sa ešte ďalšie tri replikácie a pristúpi sa ku kroku 3
- (3) Vyberie sa najlepší výsledok z kroku 2 a umiestni sa na celkový strom
- (4) Po 5-10 výmenách na strome sa urobí „swappovanie“ celého stromu
- (5) Celý postup sa opakuje, pre súbor Zilla sa ako efektívne ukázalo 20-25 opakovaní, pre súbor s 854 taxónmi 50-60 opakovaní

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Sectorial searches – sektorové prehľadávanie

CSS – consensus sectorial searches – konsenzuálne sektorové prehľadávanie

Procedúra je podobná náhodnému sektorovému prehľadávaniu, líši sa iba v spôsobe výberu sektorov

Sektory sa tu vyberajú z konsenzuálneho stromu (vytvoreného v inej analýze), pričom polytómie v konsenzuálnom strome reprezentujú konflikt v dátach, počet taxónov (jedincov) vo vybranom sektore by mal byť približne 10

MSS – mixed sectorial searches – zmiešané sektorové prehľadávanie

Každá replikácia začína s RAS+SPR, hneď ako je SPR skompletizované vytvorí sa konsenzuálny strom so stromom z predošlej replikácie (viac rozlíšený ako pri CSS)

XSS – exclusive sectorial searches – výlučné sektorové prehľadávanie

Strom sa rozdelí na rovnaké sektory, ktoré sa neprekrývajú a ktoré spolu pokrývajú celý strom

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Tree drifting – „posuny“ topológie stromov

Základnou myšlienkou metódy je opakovanie TBR striedavo s akceptovaním iba optimálnych a optimálnych a suboptimálnych stromov („driftová“ fáza)

Suboptimálne stromy sa akceptujú v priebehu „driftovej“ fázy s pravdepodobnosťou do akej sú suboptimálne. Dôležitá je tu pravdepodobnosť akceptácie suboptimálneho stromu, ktorá je založená na absolútnom rozdieli v počte krokov a na merítke konfliktu znakov.

Stromy, ktoré sú tak dlhé alebo lepšie sa akceptujú vždy

Po určitom množstve akceptovaných zmien v „driftovej“ fáze sa analýza vracia k prijatiu iba optimálnych stromov

Proces na niekoľkokrát opakuje

Najlepšie výsledky sa dosahujú kombináciou metód: optimálny postup zahŕňa RAS+TBR, potom sektorové prehľadávanie, potom „drift“ lebo „ratchet“ a výsledky sa potom sfúzujú

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

V parsimonickej analýze sa vždy hľadali všetky najparsimonickejšie stromy

Efektívnejší je prístup hľadania minimálneho množstva najparsimonickejších stromov, ktoré poskytnú rovnaký konsenzuálny strom

Tohto je možné lepšie dosiahnuť nájdením viacerých nezávislých najkratších stromov pochádzajúcich s istou pravdepodobnosťou z rôznych „ostrovov“ skôr než TBR „swapovaním“ stromov z toho istého „ostrova“

S narastaním počtu rovnako parsimonických stromov sú konsenzuálne stromy menej a menej rozlíšené, po istom čase sa rozlíšenie stane stabilným – v tomto momente je pravdepodobné, že sa získa strom s rovnakým rozlíšením ako zo všetkých rovnako parsimonických stromov

Pre získanie istoty je možné celý proces zopakovať






Fundación Miguel Lillo
Ministerio de Educación de la Nación
Tucumán - República Argentina

TNT

“Tree analysis using New Technology”

Goloboff, Farris, & Nixon, 2003

	Download last update: Feb. 21, 2022 (except Mac) (note Lin32 and Mac32 are discontinued)
 Windows	Menu interface – standard version Menu interface – no taxon limit Command-driven version Cygwin version (new, including MPI!)
 Mac	Mac 64 Mac 64 – no taxon limit
 Linux	Linux 64 Linux 64 – no taxon limit Linux 64 – with MPI

TNT stands for "Tree analysis using New Technology". It is a program for phylogenetic analysis under parsimony (with very fast tree-searching algorithms; Nixon, 1999, Cladistics 15:407-406; Goloboff, 1999, Cladistics 15:407-428), as well as extensive tree handling and diagnosis capabilities. It is a joint project by Pablo Goloboff, James Farris, and Kevin Nixon.

<http://www.lillo.org.ar/phylogeny/tnt/>

TNT version 1.5, including a full implementation of phylogenetic morphometrics

Pablo A. Goloboff^{ff^{a,*}} and Santiago A. Catalano^{a,b}

^aUnidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Miguel Lillo 251, 4000 S.M. de Tucumán, Argentina;

^bFacultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000 S.M. de Tucumán, Argentina

Accepted 29 February 2016

Abstract

Version 1.5 of the computer program TNT completely integrates landmark data into phylogenetic analysis. Landmark data consist of coordinates (in two or three dimensions) for the terminal taxa; TNT reconstructs shapes for the internal nodes such that the difference between ancestor and descendant shapes for all tree branches sums up to a minimum; this sum is used as tree score. Landmark data can be analysed alone or in combination with standard characters; all the applicable commands and options in TNT can be used transparently after reading a landmark data set. The program continues implementing all the types of analyses in former versions, including discrete and continuous characters (which can now be read at any scale, and automatically rescaled by TNT). Using algorithms described in this paper, searches for landmark data can be made tens to hundreds of times faster than it was possible before (from T to $3T$ times faster, where T is the number of taxa), thus making phylogenetic analysis of landmarks feasible even on standard personal computers.

© The Willi Hennig Society 2016.

Techniky parsimonickej analýzy pre veľké dátové súbory

Formát dátového súboru pre program TNT (identický s formátom programu Hennig86)

```
xread
'Empetrum'
28 14
enkianthus      0000000000001000100000??0000
daboecia        0000000000001000010000??0100
album           0110100101100111110112001100
conradii        0110100101100111110111?1111?
ceratiola       0110100100010112110111101110
nigrum          1101100210010111111112310110
hermaphrod      11011002100100111111112310111
subholarct      11001102100101111111112310111
kardakovii      110010021001011111111124101??
eamesii         1110100210010011111111241011?
atropurpur      11101002100100111111112510111
medium          ?1101002100100111111112210110
rubrum          0101100210010111111111221011?
maclovian       21101012100101111111112210110
;
```

V programe TNT je možné načítať aj nexus formát

Techniky parsimonické analýzy pre veľké dátové súbory

T. N. T.

Tree Analysis Using New Technology

Version 1.0 © P. Goloboff, J. S. Farris, and K. Nixon

[Introduction-Getting Started](#)

[What TNT doesn't do...](#)

[Printing & Metafiles](#)

[Data Input](#)

[Continuous characters](#)

[Merging Data Files](#)

[Basic Character Settings](#)

[Scopes, sets, and blocks](#)

[Character and block names](#)

[Step-Matrices](#)

[Ancestral states](#)

[Nexus files](#)

[Implied Weighting](#)

[Saving suboptimal trees](#)

[Memory Management](#)

[Tree Collapsing](#)

[Command-Line](#)

[Batch Menus](#)

[Measures of support](#)

[Linux versions](#)

[Consensus estimation](#)

[Search algorithms](#)

[Setting search parameters](#)

[Implementation notes...](#)

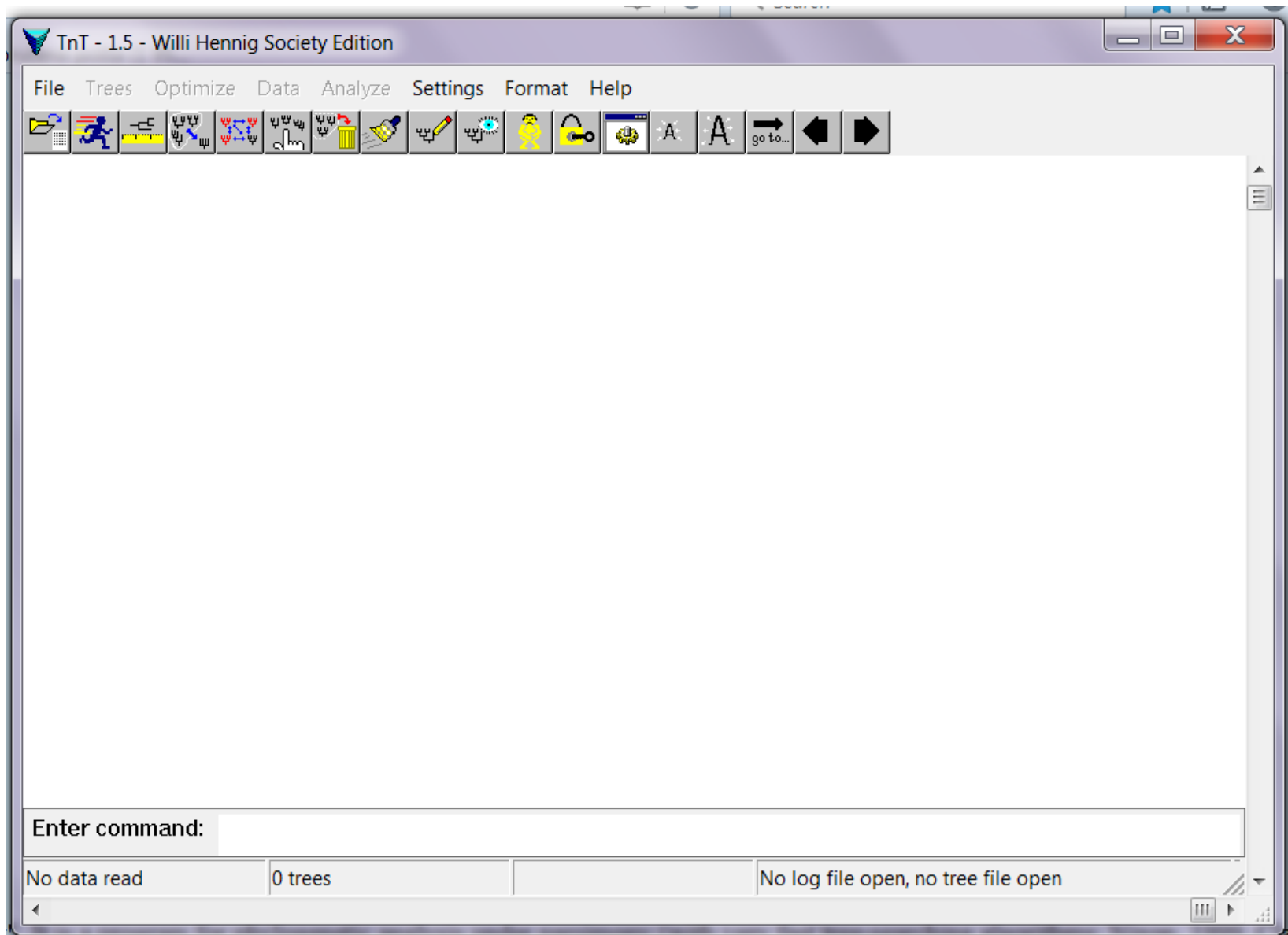
[Scripting\(advanced users\)](#)

[Citations](#)

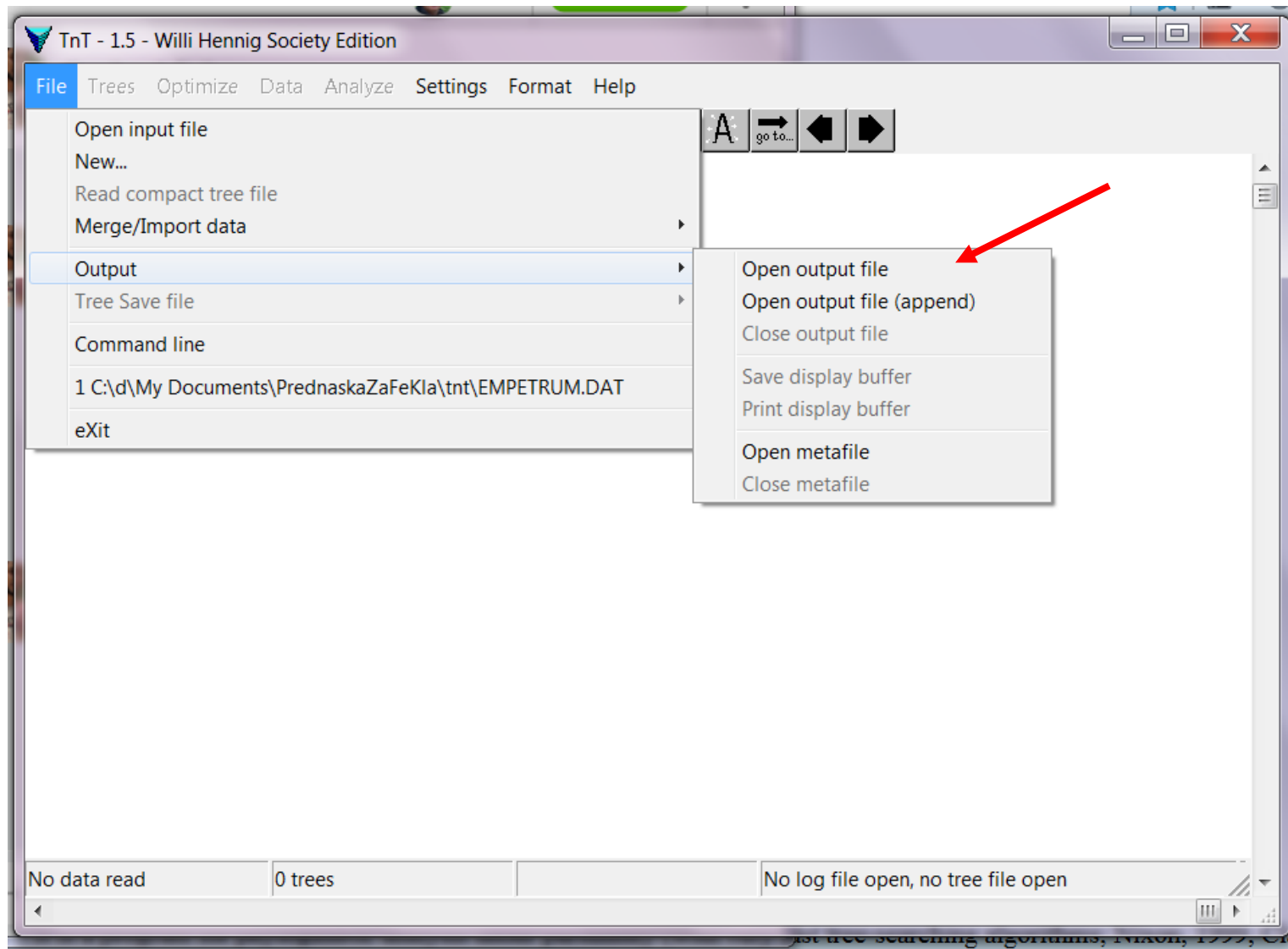
Introduction - Getting Started ([back to index](#))

TNT is a program for phylogenetic analysis under parsimony. It provides fast tree-searching algorithms, as well as extensive capabilities for tree diagnosis, consensus, and manipulation. This documentation explains some important things that are not immediately apparent (or cannot be done easily) from the menus themselves. For details on how to use commands, users must refer to the on-line help of TNT (accessed typing *help* <enter> at the command prompt or the command dialog opened with [File/CommandLine](#)). This file, [tnt.htm](#), provides a general description of the program; if the file is copied to your Windows directory,

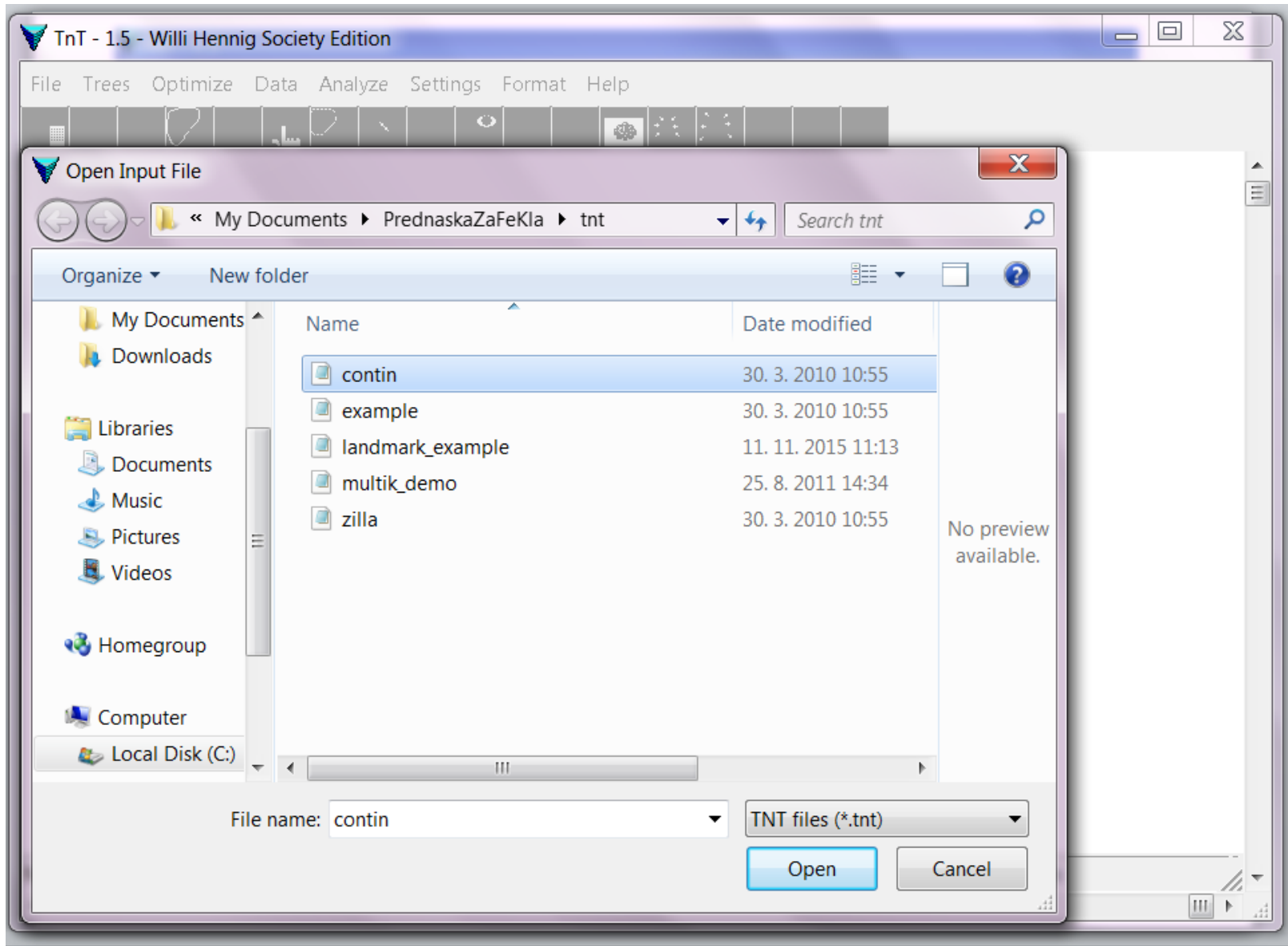
„Help“ k programu je vo forme html súboru a inštaluje sa do adresára programu pri rozbalení súboru „ziptnt.exe“, nakopíruje sa do adresára c:\WINDOWS\, potom funguje ako Help v samotnom programe



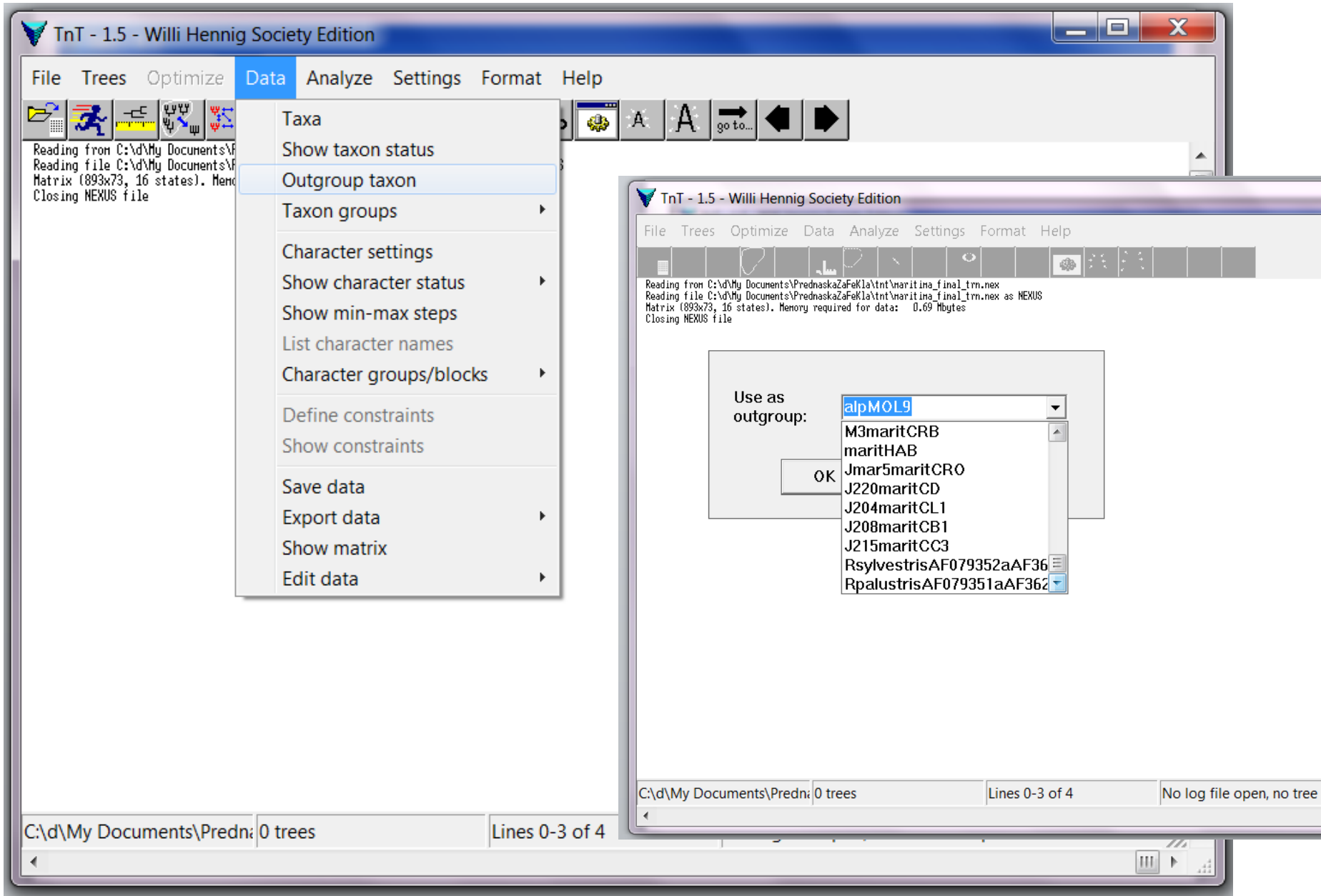
Úvodná stránka programu TNT



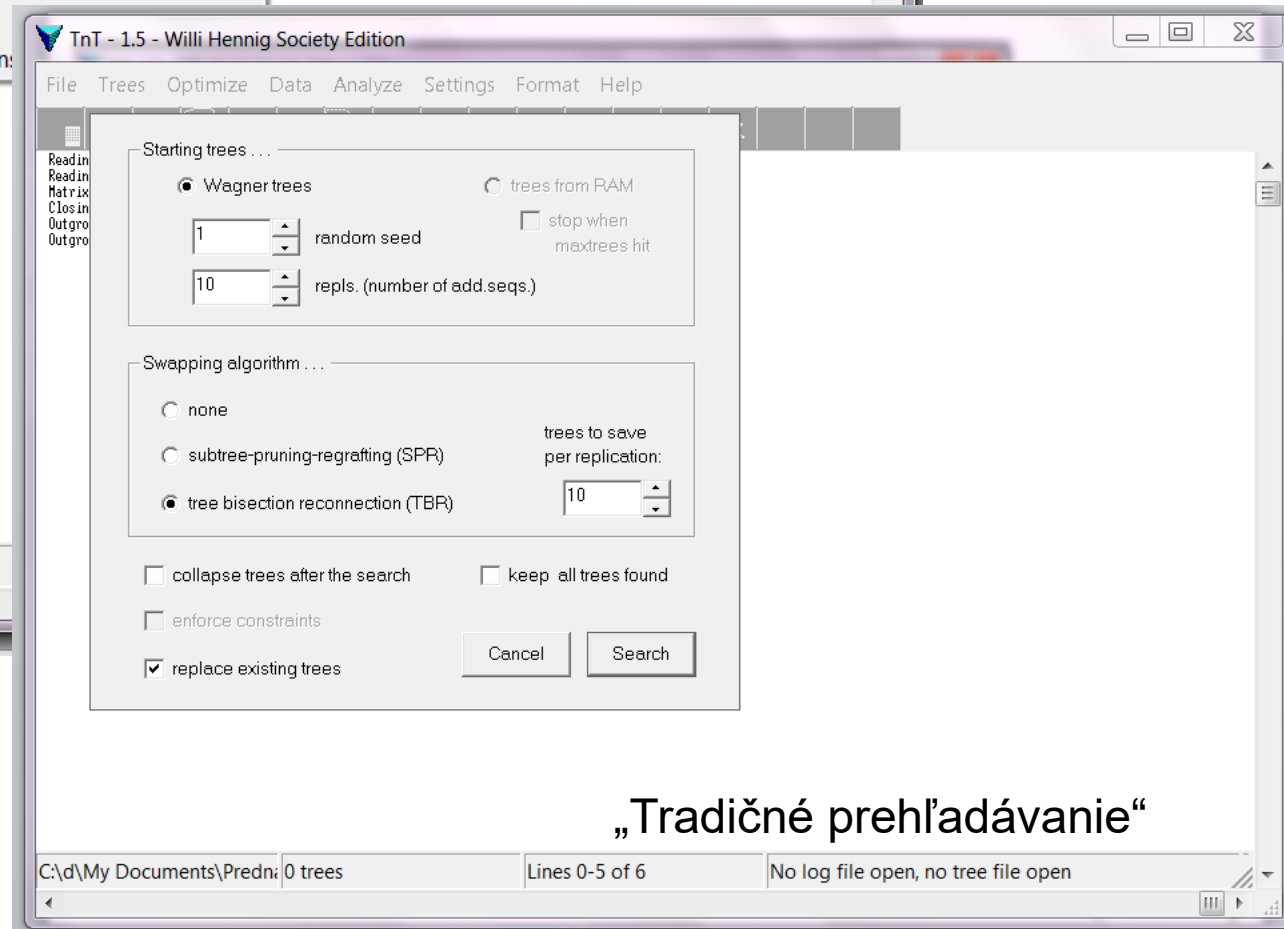
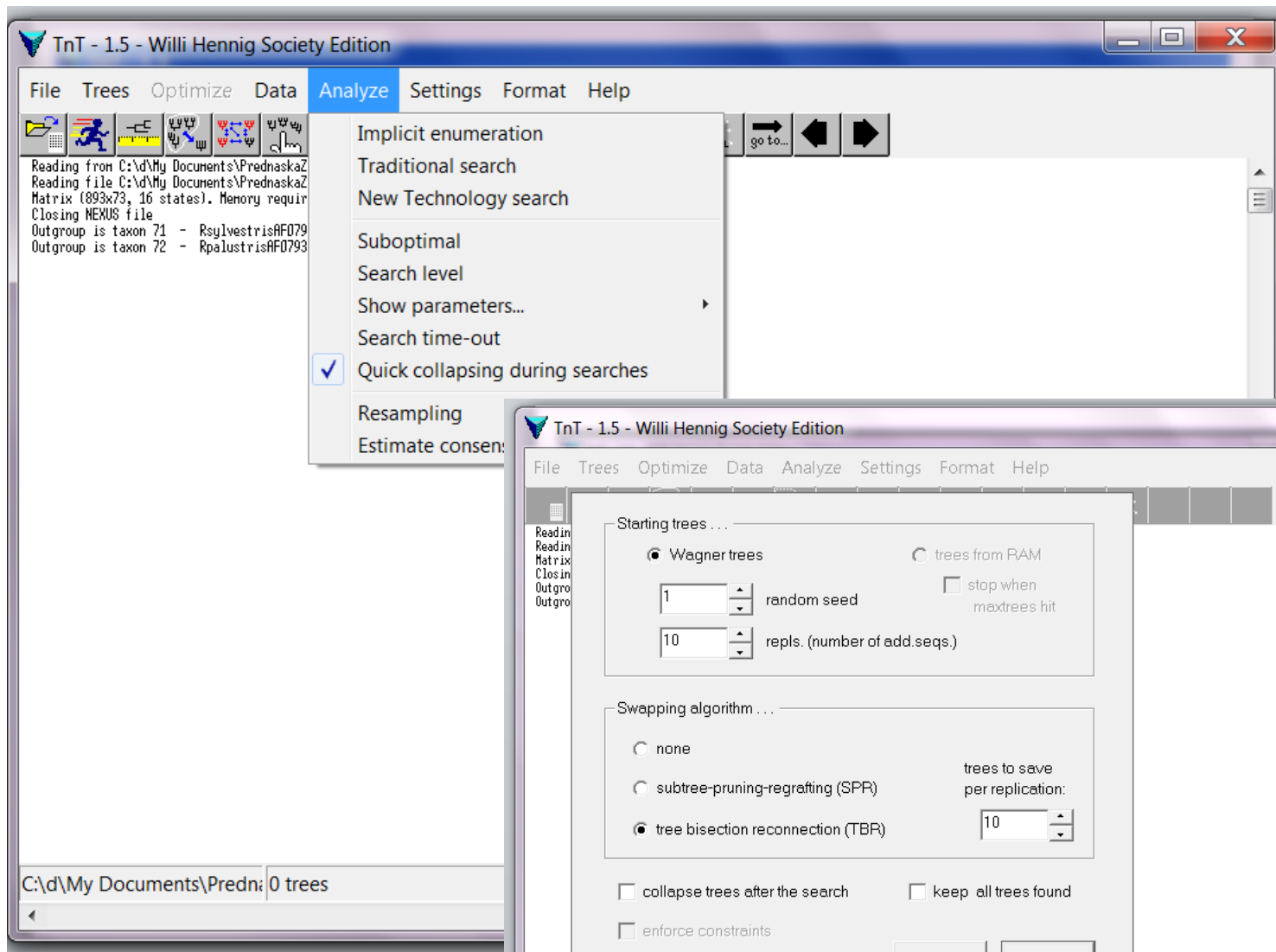
Otvorenie .log súboru, do ktorého sa zapisuje celý priebeh analýzy



Otvorenie dátového súboru súboru – vo formáte programu TNT alebo v nexus formáte



Výber mimoskupiny (outgroup)

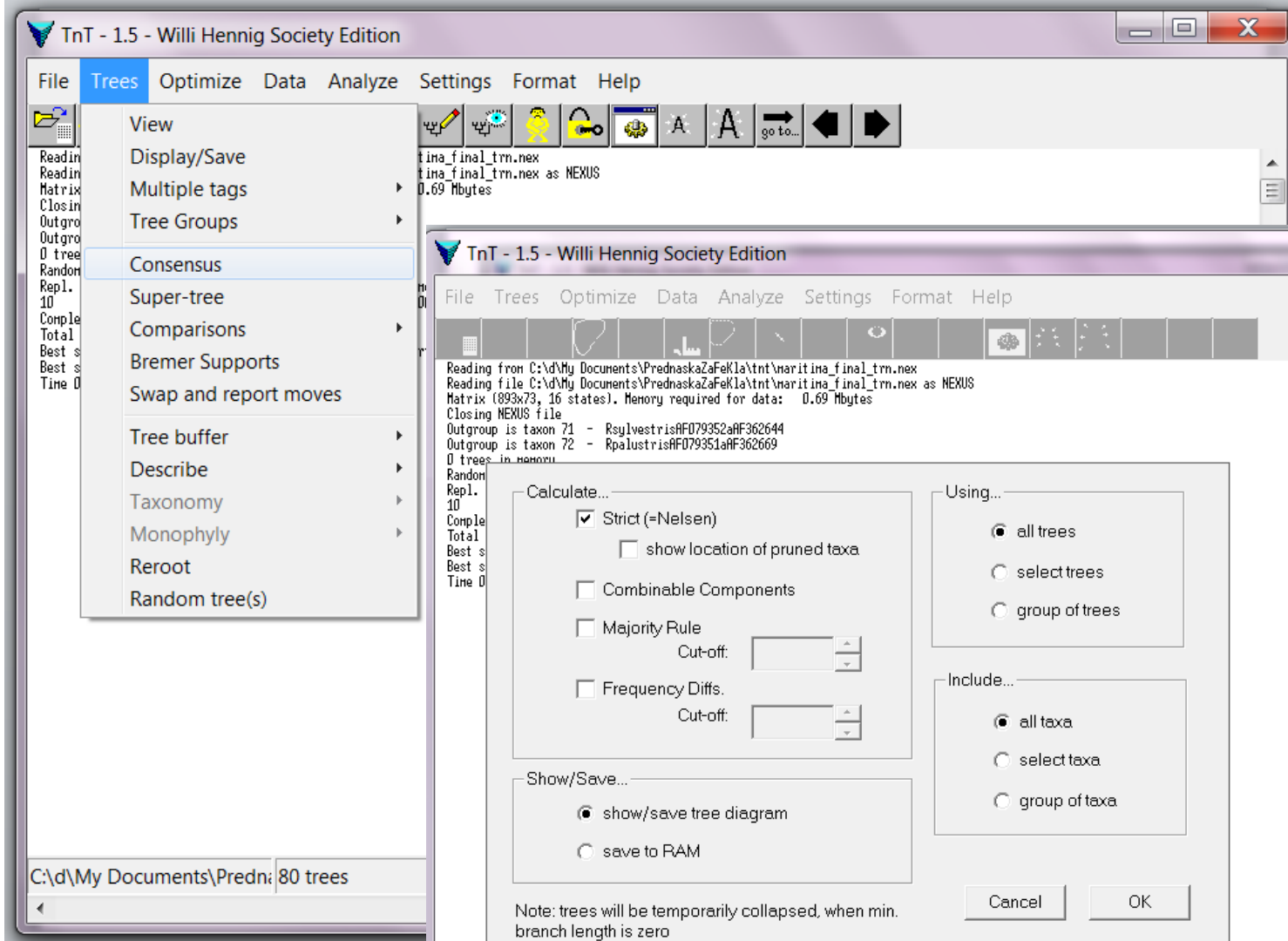


„Tradičné prehľadávanie“



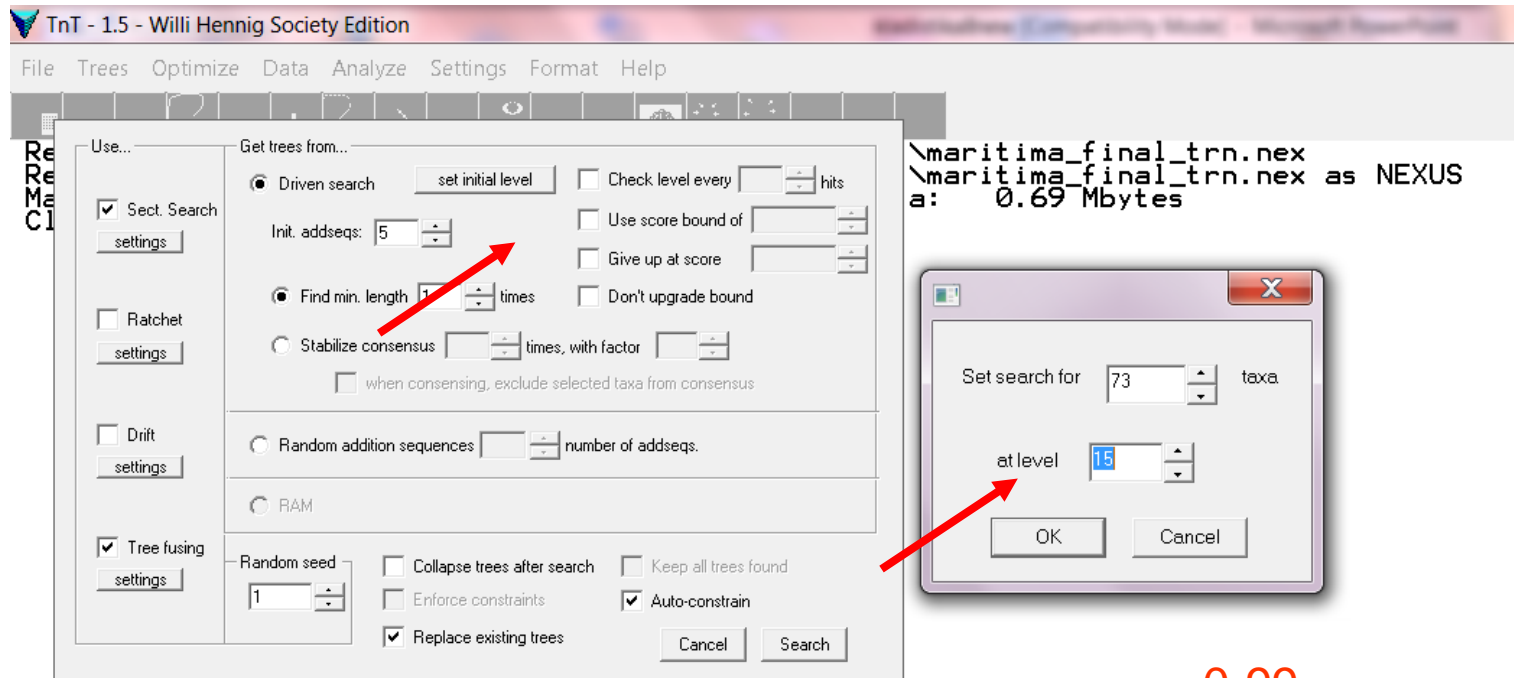
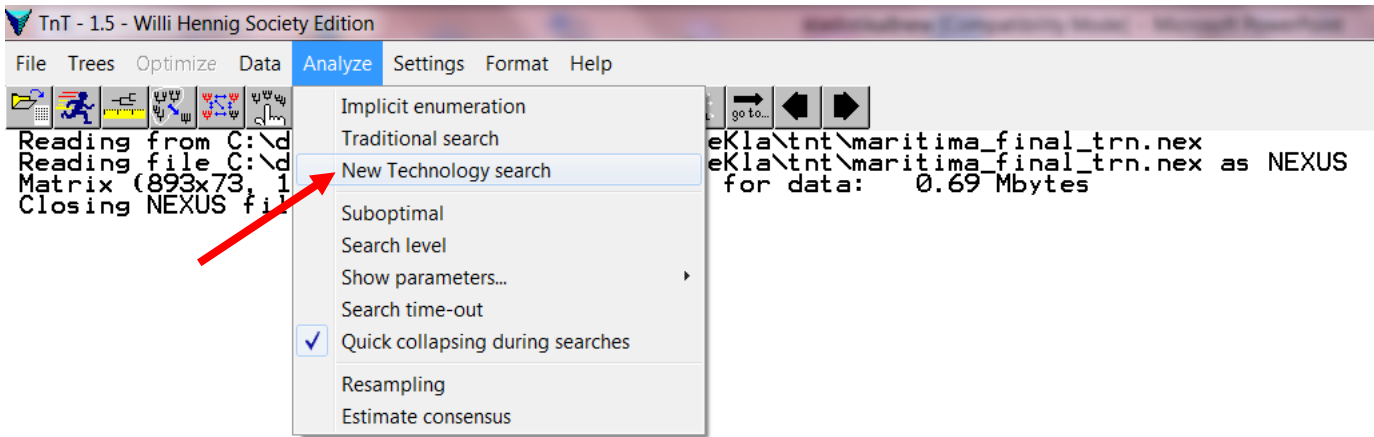
```
Reading from C:\My Documents\PrednaskaZaFeKla\tnt\maritina_final_trn.nex
Reading file C:\My Documents\PrednaskaZaFeKla\tnt\maritina_final_trn.nex as NEXUS
Matrix (893x73, 16 states). Memory required for data: 0.69 Mbytes
Closing NEXUS file
Outgroup is taxon 71 - RsylvestrisAF079352aAF362644
Outgroup is taxon 72 - RpalustrisAF079351aAF362669
0 trees in memory
Random seed is 1
Repl. Algor.   Tree       Score      Best Score  Time      Rearrang.
10   TBR       79 of 80   -----   353       0:00:00   6,873,547
Completed 10 random addition sequences.
Total rearrangements examined: 6,873,547.
Best score hit 10 times out of 10 (some replications overflowed).
Best score (TBR): 353. 80 trees retained.
Time 0.14 secs.
```

Výsledok „tradičného prehľadávania“



Tvorba striktného konsenzuálneho stromu

Tvorba striktného konsenzuálneho stromu



Techniky
analýzy
veľkých
objemov dát (>
500 taxónov)

Nastavenie
miery intenzity
prehľadávania

0-99



MAREK

Use...

Sect
setting

Rato
setting

Drift
setting

Tree
setting

Ratchet parameters ...

Stop perturbation phase when ...

20 substitutions made, or 99 % swapping completed

Perturbation phase ...

4 Up-weighting prob.

4 Down-weighting prob.

Alternate equal weights

Number of iterations ...

0 Total number

0 Auto-constrained iterations

Cancel OK

a_final_trn.nex
a_final_trn.nex as NEXUS
9 Mbytes

Nastavenie parametrov jednej z metód

Constraints is OFF
Random seed is 1 „Driven search“ - výsledok prehľadávania pri úrovni intenzity 15
0 trees in memory

Repl.	Algor.	Tree	Score	Best Score	Time	Rearrang.
5	FUSE	5	-----	-----	0:00:00	1,304,941

Completed search.
Total rearrangements examined: 1,304,941.
No target score defined. Best score hit 1 times.
Best score: 353. 8 trees retained.
0.28 secs.

Constraints is OFF
Random seed is 1 „Driven search“ - výsledok prehľadávania pri úrovni intenzity 99
0 trees in memory

Repl.	Algor.	Tree	Score	Best Score	Time	Rearrang.
13	FUSE	13	-----	353	0:00:01	51,132,385

Completed search.
Total rearrangements examined: 51,132,385.
No target score defined. Best score hit 1 times.
Best score: 353. 19 trees retained.
2.08 secs.

Random addition sequences, 1000 replikácií – výsledok prehľadávania

Space for 40000 trees in memory
Constraints is OFF
Random seed is 1
0 trees in memory

Repl.	Algor.	Tree	Score	Best Score	Time	Rearrang.
1000	FUSE	1000	-----	353	0:03:14	4,825,467,220

Completed search.
Total rearrangements examined: 4,825,467,220.
No target score defined. Best score hit 1 times.
Best score: 353. 168 trees retained.
194.92 secs.

For help on command "xxxx" enter "help xxxx" or "xxx?"
 For help on ALL commands, enter "help*"
 For help with scripting language, enter "help+."
 Enter "help [topic]" for possible help topics.

COMMANDS:

agroup	alltrees	ancstates	apo	bbreak	beep	best
blength	blocks	break	bsupport	ccode	cdir	change
chkmoves	chomo	ckkeep	cls	clbuffer	cnames	collapse
comcomp	condense	constrain	costs	cscodes	cstree	dmerge
drift	edit	echo	export	fit	fillsank	force
freqdifs	help	hold	hybrid	ienum	incltax	info
log	keep	length	lmark	lmbox	lmrealign	lquote
majority	matchtax	map	minmax	mixtrees	mono	mrp
mult	mxram	mxproc	naked	nelsen	nstates	outgroup
procedure	pause	pcrprune	pfijo	piwe	pruncom	prunmajor
prunnelsen	pruntax	qcollapse	qnelsen	quote	quit	randtrees
ratchet	rcompl	rdir	rebuild	recons	report	reroot
resample	resols	rfreqs	riddup	rseed	run	save
screen	scores	sectsch	shortread	shpcomp	silent	slfmt
smatrix	sort	sprdiff	subopt	svtxt	tables	taxcode
taxlabels	taxonomy	taxname	tchoose	tcomp	tequal	tfuse
tgroup	timeout	tnodes	tplot	tread	tsave	tshrink
tsize	tags	txtsize	tzert	view	vversion	warn
watch	xcomp	xgroup	xinact	xmult	xperm	xpiwe
xread	xwipe	unique	unshared	usminmax	window	zzz

Enter command: help

No data read

0 trees

Lines 0-26 of 27

No log file open, no

Zobrazenie možných príkazov

chkmoves	chomo	ckeeep	cls	clbuffer	cnames	collapse
comcomp	condense	constrain	costs	cscores	cstree	dmerge
drift	edit	echo	export	fit	fillsank	force
frequdifs	help	hold	hybrid	ienum	incltax	info
log	keep	length	lmark	lmbbox	lmrealign	lquote
majority	matchtax	map	minmax	mixtrees	mono	mrp
mult	mxram	mxproc	naked	nelsen	nstates	outgroup
procedure	pause	pcrprune	pfijo	piwe	pruncom	prunmajor
prunnelsen	pruntax	qcollapse	qnelsen	quote	quit	randtrees
ratchet	rcompl	rdir	rebuild	recons	report	reroot
resample	resols	rfreqs	riddup	rseed	run	save
screen	scores	sectsch	shortread	shpcomp	silent	slfwt
smatrix	sort	sprdiff	subopt	svtxt	tables	taxcode
taxlabels	taxonomy	taxname	tchoose	tcomp	tequal	tfuse
tgroup	timeout	tnodes	tplot	tread	tsave	tshrink
tsize	ttags	txtsize	tzert	view	vversion	warn
watch	xcomp	xgroup	xinact	xmult	xperm	xpiwe
xread	xwipe	unique	unshared	usminmax	window	zzz

RATCHET

Ratchet, from trees in memory. Options are:

- iter N number of iterations
- [no]equal periodic rounds with original weights [not]
- numsubs N number of replacements (i.e. accepted tree rearrangements) to do in perturbation phase
- upfactor N probability of upweighting a character
- downfact N same, for downweighting
- [no]autoconst N number of auto-constrained cycles
- [no]giveup N percentage of full swap to complete during perturbation
- findscore N if score N or better found, stop
- [no]fuse NxR every N iterations, do R rounds of fusing to the N trees
- [no]dumpfuse if fusing fails to produce a better tree, [don't] dump all the suboptimal trees
- [no]tradrat [don't] run the original ratchet (i.e. noequal; during perturbation swap to completion and don't accept equally good rearrangements).

Options are set with "ratchet:[options];" or "ratchet=[options];"
 (first case changes settings only, second case runs as well). With
 "ratchet:;" current settings are displayed

Enter command: help ratchet

No data read

0 trees

Lines 8-48 of 49

No log file c



Zobrazenie syntaxu možných príkazov

Zimbra: Junk x http://www.lillo.../phylogeny/tnt/ x +

www.lillo.org.ar/phylogeny/tnt/

Zimbra: Inbox Most Visited Getting Started Doručená pošta (1 95...

Linux/Mac.- You have to open the data file yourself, and then run the script

```
proc filename.tnt ; aquickie ; [enter]
```

The script will provide you with a few choices, then run the analysis automatically

TNT

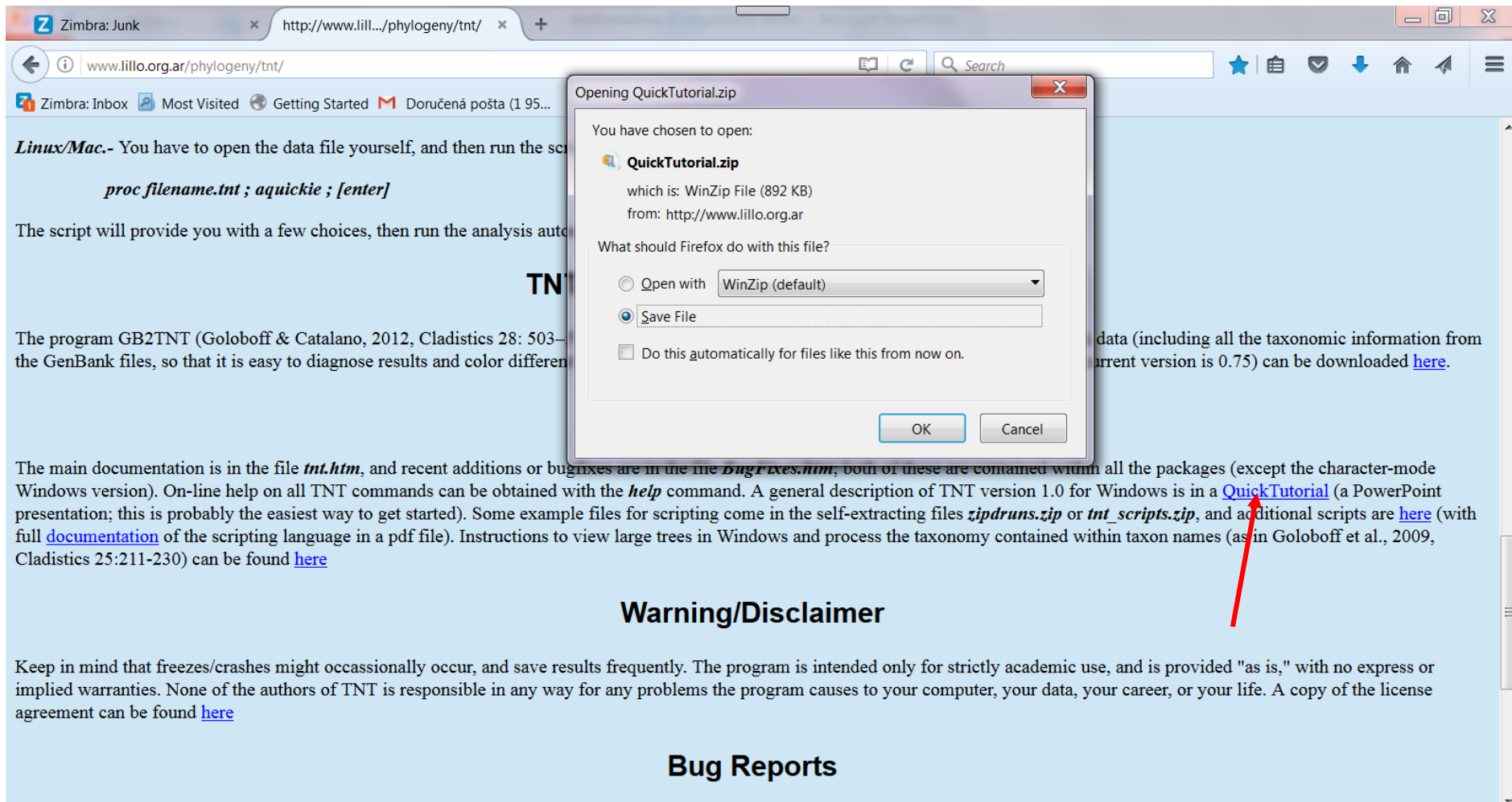
The program GB2TNT (Goloboff & Catalano, 2012, Cladistics 28: 503–510) processes data (including all the taxonomic information from the current version is 0.75) can be downloaded [here](#).

The main documentation is in the file *tnt.htm*, and recent additions or bugfixes are in the file *BugFixes.htm*, both of these are contained within all the packages (except the character-mode Windows version). On-line help on all TNT commands can be obtained with the *help* command. A general description of TNT version 1.0 for Windows is in a [QuickTutorial](#) (a PowerPoint presentation; this is probably the easiest way to get started). Some example files for scripting come in the self-extracting files *zipdruns.zip* or *tnt_scripts.zip*, and additional scripts are [here](#) (with full [documentation](#) of the scripting language in a pdf file). Instructions to view large trees in Windows and process the taxonomy contained within taxon names (as in Goloboff et al., 2009, Cladistics 25:211-230) can be found [here](#)

Warning/Disclaimer

Keep in mind that freezes/crashes might occasionally occur, and save results frequently. The program is intended only for strictly academic use, and is provided "as is," with no express or implied warranties. None of the authors of TNT is responsible in any way for any problems the program causes to your computer, your data, your career, or your life. A copy of the license agreement can be found [here](#)

Bug Reports



All output produced by the program is saved to an internal text-buffer. The text-buffer is displayed in this window. The size of the buffer can be changed with *Settings / Memory*. The text-buffer can be saved to file at any time.

Help calls the explorer and displays the contents of the file *tnt.htm*. For this, the file *tnt.htm* must be copied to your windows directory. This provides detailed descriptions of many commands and options.

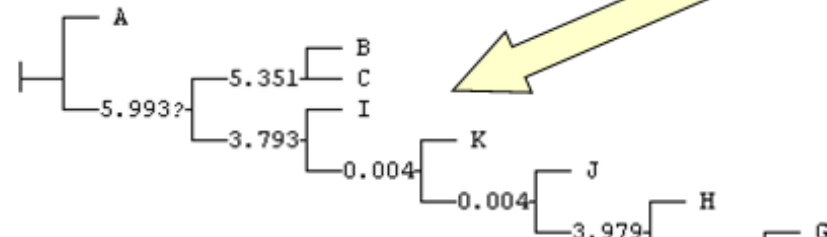
For proper viewing of trees, the font *Tred* should be installed in the system (go to Control Panel / Fonts / Install New Font)



Start swapping from 375 trees (score 47.932-53.932) ...
Repl. Algor. Tree Score Best Score
--- TBR 385 of 386 ----- 47.932
Completed TBR branch-swapping.
Total rearrangements examined: 356,005
Note: some trees of different length may become
Best score (TBR): 47.932-53.932. 386 trees found.
5.64 secs.

Note: for consensus calculation, trees will be temporarily collapsed (when min. branch length = 0)

Bremer supports (from 386 trees, cut 0)



Enter command:

C:\tnt\now\contin.tnt 386 trees Lines 45-65 of 70 No log file open, no tree file open

Techniky parsimonické analýzy pre veľké dátové súbory

Literatúra:

- Nixon, K. C. (1999): The Parsimony Ratchet, a new method for rapid parsimony analysis. – *Cladistics* 15: 407-414.
- Goloboff, P. A. (1999): Analyzing large data sets in reasonable times: solutions for composite optima. – *Cladistics* 15: 415-428.
- Goloboff, P. A. (2002): Techniques for analyzing large data sets. – In: DeSalle, R. et al., *Methods and tools in biosciences and medicine. Techniques in molecular systematics and evolution*. Birkhauser Verlag, Basel, pp. 70-79.
- Chase, M. W. et al. (1993): Phylogenetics of seed plants: an analysis of nucleic sequences from the plastid gene *rbcL*. – *Annals of Missouri Botanical Garden* 80: 528-580. [miesto uverejnenia dátového súboru „Zilla“]
- Rice, K. A., Donoghue, M. J. & Olmstead, R. G. (1997): Analyzing large data sets: *rbcL* 500 revisited. – *Systematic Biology* 46: 554-563. [pokús o novú analýzu dátového súboru „Zilla“]