

## RESULTADOS AUTOEVALUACIÓN

### TEMA 3.3 Obtención de árboles filogenéticos mediante el método de máxima parsimonia

#### Resultado autoevaluación 3.3.1.

- (a) 85 árboles más parsimoniosos (abre con un editor de texto el archivo “stats.out” generado automáticamente por el programa y guardado en la carpeta *Outputs* y compáralo con el tuyo)
- (b) 3832
- (c) Obtendría el árbol de consenso estricto y éste sería el que presentaría

#### Resultado autoevaluación 3.3.2.

- (a) No, ya que las muestras de *Reseda* aparecen en dos linajes diferentes, uno con un apoyo de bootstrap de 82 y otro con apenas apoyo (54), que aparecen sin resolver en politomía junto con *Caylusea* (C.) y *Sesamoides* (S.). Además, dentro del único linaje de *Reseda* con apoyo, aparecen anidadas las muestras del género *Ochradenus* (O.).
- (b) Sí, todas las muestras de *Oligomeris* incluidas en el análisis aparecen en un linaje con un apoyo *bootstrap* de 98.
- (c) Sí, todas las muestras de *Ochradenus* (Oc.) incluidas en el análisis aparecen en un linaje con un apoyo *bootstrap* de 85.
- (d) Pondría los valores de *bootstrap* obtenidos sobre los clados que aparezcan en el árbol de consenso estricto obtenido en el ejercicio de autoevaluación 3.3.1.
- (e) Sólo podría hablar de aquellos que tengan un apoyo *bootstrap* igual o superior a 80.
- (f) Al bajo número de replicas realizadas en el desarrollo de este curso.