

Nicolle Veiga Sydney



Mestranda em ecologia, Laboratório de ecologia marinha, IB-USP.

Proposta

Principal

A morfometria geométrica é uma técnica utilizada pra estudar a forma de diferentes organismos e estruturas. Para isto, cada objeto de estudo é transformado em uma figura geométrica, formada por uma nuvem de pontos. O centróide de um conjunto de pontos é o ponto que tem as coordenadas (x, y, z) equivalentes às médias das coordenadas de todo o conjunto de pontos. Como o cálculo do centróide é primeiro passo necessário para que todas as análises morfométricas sejam realizadas, sugiro a criação de uma função que calcule o centróide de cada configuração de uma amostra, a partir de uma matriz de dados contendo as coordenadas de cada estrutura. (Em uma matriz que contem as coordenadas de 20 crânios, esta função calcularia o centróide de cada crânio).

Comentários

Paulo

Idéia legal e bem geral! Com a função `aggregate` isto é bem simples, e te sugiro acrescentar mais alguma coisa. Sugestões:

1. Fazer gráficos de dispersão de todos as combinações das variáveis, e acrescentar a eles o ponto do centróide, em destaque.
2. Se sua matriz de dados tiver alguma fator que classifica as observações (p.ex., local, sexo, etc) acrescentar a possibilidade de fazer a análise por estes grupos.
3. Calcular a distância de cada indivíduo ao centróide e retornar um novo *data frame* com estes resultados.

Plano B

Como plano B, sugiro uma função que retire os "NAs" de um arquivo, mostre a sua estrutura, apresente as 5 linhas iniciais e finais e exponha um resumo, depois do mesmo ter sido aberto com a função `"read.table"`.

Página de Ajuda

centroide

package:nenhum

R Documentation

Cálculo do centróide e do tamanho do centróide de uma amostra.

Description:

Calcula o centróide geral de um conjunto de dados e também o centróide por espécime. Calcula ainda, o tamanho do centróide (distância do centróide de cada indivíduo até a configuração centróide), retornando em um novo data.frame.

Usage:

```
centroide(X, col.especimes)
```

Arguments:

X: data.frame que contém valores de uma amostra e espécimes incluídos nesta amostra.

col.especimes: nome da coluna que contém todos os espécimes incluídos na amostra.

Details:

Sua tabela de dados deve conter uma coluna com os espécimes da amostra e 3 colunas contendo as variáveis x, y e z. (Dica: programe seu digitalizador morfométrico para tranferir os dados desta forma).

Value:

Os valores do centróide geral e por espécime são calculados e exibidos na tela, assim como o data.frame contendo os tamanhos de centróide.

Author(s):

Nicolle Veiga Sydney

nvsydney@usp.br

References:

Monteiro, L. R. e Reis, S. F. (2001) Princípios de morfometria geometrica.

Holos Editora.
189p.

Moraes, D. A. (2003) A MORFOMETRIA GEOMÉTRICA E A "REVOLUÇÃO NA MORFOMETRIA": LOCALIZANDO E VISUALIZANDO MUDANÇAS NA FORMA DOS ORGANISMOS. Bioletim. Ano III. Número 3.

See Also:

'tapply' do pacote base, para calcular o centróide por espécime.

Examples:

PARA COMEÇAR, SALVE O DATA.FRAME ABAIXO E CARREGUE NO R, POIS A FUNÇÃO SÓ FUNCIONA PARA DATA.FRAMES.

```
cranio<- read.table("testecentroide.txt", h=T)
attach(cranio)
cranio
```

RODE A FUNÇÃO...

```
centroide(cranio, ntombo)
```

[testecentroide](#)

Código da Função

```
centroide = function (X, col.especimes)
{
M = X[,sapply(X,is.numeric)]
cent=apply(M,2,mean)
cent
p<-dim(M)[1]
size<-sqrt(sum(apply(M,2,var))*(p-1))
cent.size=list("centroid_size"=size,"scaled"=M/size)
cent.size
especime_x<-tapply(x,col.especimes,mean)
especime_y<-tapply(y,col.especimes,mean)
especime_z<-tapply(z,col.especimes,mean)
cent.esp<-rbind(especime_x,especime_y,especime_z)
cent.esp
```

```
return(list(cent, cent.esp, cent.size))
}
```

Arquivo da Função

[centroide](#)

From:

<http://labtrop.ib.usp.br/> - **Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais**

Permanent link:

http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:alunos:trabalho_final:nicolle 

Last update: **2020/07/27 18:45**