

# Alex Hubbe

Alex Hubbe

Doutorando do Departamento de Genética e Biologia Evolutiva - IB/USP [alex\\_ex\\_7\\_f.r](#)

## exercícios

[alex\\_ex1\\_f.r](#) [alex\\_ex2\\_f.r.txt](#) [alex\\_ex3\\_f.r](#) [alex\\_ex4\\_f.r](#) [alex\\_ex5\\_f.r](#) [alex\\_ex6\\_f.r](#) [alex\\_ex\\_7\\_f.r](#)  
[alex\\_ex8\\_f.r](#) [alex\\_ex9\\_f.r](#)

## Proposta de trabalho final

Plano A - Meu doutorado está baseado na coleta de pontos em três dimensões de crânios de mamíferos. Para verificar o erro associado a esta coleta cada crânio é medido duas vezes. Após a dupla medição, uma abordagem inicial para avaliar este erro é visualizar graficamente a distância entre os pontos homólogos para as duas medições. O objetivo do plano A é realizar uma função que faça uma triagem dos espécimes medidos que apresentem uma diferença entre os pontos homólogos nas duas medições maior que algum valor a ser definido. Por exemplo, dos  $x$  crânios amostrados, a função indicará quais deles apresentam uma ou mais variáveis (pontos) com diferença entre as duas medidas maior que  $y$ . Assim, não precisarei olhar crânio por crânio a procura de grandes diferenças! Irei direto ao ponto!

Plano B - um plano nada biológico

Desenvolver uma função que calcule, dada a velocidade média para as diferentes modalidades do triathlon (natação, ciclismo e corrida) e as distâncias a serem percorridas em cada modalidade, o tempo total de prova e os tempos parciais (para cada modalidade).

## Comentários PI

Ótimo plano A. Dá para ficar com ele, que é bem mais interessante e útil para vc que o B.

## Tópicos específicos

- Pontos homólogos ou os mesmos pontos em cada crânio?
- Além de deixar o usuário escolher o limite de tolerância, vc pode deixar algumas rotinas automáticas, como o critério de identificação de outliers suado pela função `boxplot`. Esta função retorna uma lista com várias informações, inclusive quem são os outliers, e vc pode aproveitá-la para identificá-los.
- De toda forma, pense que este critério de tolerância deve levar em conta não necessariamente a magnitude absoluta do desvio, e sim a relativa ao tamanho total do crânio (erro de 1cm em um crânio rato é bem mais grave do que num de anta), ou à variação que há na medida (de onde se aplicaria o critério de outlier acima).

## Trabalho final

### Código da função

```
difD=function(x,dimD,lim,outlier=TRUE)
{
  collength=dim(x)[2]
  rowlength=dim(x)[1]
  distt=(matrix(NA,ncol=(collength-1)/dimD,nrow=rowlength/2)) # matriz vazia
  para ser preenchida com o cálculo das distâncias
  colnames(distt)=paste("Variavel",1:((collength-1)/dimD))
  a=0
  b=0
  if (dimD==2)
  {
    for (i in seq(1,rowlength, by=2))
    {
      a=a+1
      for (j in seq(2,collength, by=dimD))
      {
        b=b+1
        distt[a,b]=(((x[i,j]-x[i+1,j])^2)+((x[i,j+1]-x[i+1,j+1])^2))^(1/2) #
cálculo efetivo das distâncias
      }
      b=0
    }
  }
  if (dimD==3)
  {
    for (i in seq(1,rowlength, by=2))
    {
      a=a+1
      for (j in seq(2,collength, by=dimD))
      {
        b=b+1
        distt[a,b]=(((x[i,j]-x[i+1,j])^2)+((x[i,j+1]-
x[i+1,j+1])^2)+((x[i,j+2]-x[i+1,j+2])^2))^(1/2) # cálculo efetivo das
distâncias
      }
      b=0
    }
  }
  {
    resultado=list()
    especimes=(seq(1,(dim(x)[1]), by=2))
    r=1
    for (i in 1:(dim(distt)[1]))
    {
```

```

especime=c(x[especimes[i],1],x[(especimes[i])+1,1])
maiorquedif= t(as.data.frame(which(as.numeric(distt[i,])>lim)))
rownames(maiorquedif)="Variavel"
colnames(maiorquedif)=rep("",length((which(as.numeric(distt[i,])>lim))))
if (outlier==TRUE)
{
  out=(boxplot.stats(distt[i,]))
  out=out$out
  out=t(as.data.frame(out))
}
else
{
  out=numeric(0)
}
if (length(out)==0 & length(maiorquedif)==0)
{
  temp=list(especime,cat("não"),cat("não"))
}
else
{
  if (length(out)==0)
  {
    temp=list(especime, maiorquedif,cat("não"))
  }
  if (length(maiorquedif)==0)
  {
    temp=list(especime, cat("não"),out)
  }
  if (length(out)!=0 & length(maiorquedif)!=0)
  {
    temp=list(especime,maiorquedif, out)
  }
}
resultado[[r]]=temp
r=r+1
}
return(resultado)
}
}

```

### Help da função

difD

package:unknown

R

Documentation

#### Description

Explicita os pares de amostras de morfometria geométrica no espaço da forma sem os efeitos do tamanho, da translação e da rotação ("shape space") para os quais há distâncias euclidianas entre cada ponto homólogo maiores que um

limite pré-determinado pelo usuário (apresenta inclusive quais são estes pontos).

## Usage

```
difD = function(x, dimD, lim, outlier=TRUE)
```

## Arguments

x data.frame. Na primeira coluna deve constar o nome das amostras. Nas demais colunas seguem as coordenadas dos pontos.

dimD informa se os dados coletados foram em duas ou três dimensões (aceita dados 2D e 3D).

lim valor limite utilizado pela função para determinar quais pares de amostra apresentam distâncias entre os pontos homólogos superiores ao valor determinado pelo usuário.

outlier variável lógica. Se TRUE, apresenta as distâncias atípicas de acordo com o critério para valores atípicos adotado nas análises de Box Plot.

## Details:

Função utilizada para comparar, par a par, amostras de morfometria geométrica obtidas tanto em duas (x,y) quanto em três dimensões (x,y,z). Opcionalmente pode apresentar as distâncias atípicas de acordo com o critério para valores atípicos adotado nas análises de Box Plot.

## Value:

A função retorna uma lista composta de listas minoritárias:

Para cada lista minoritária são apresentadas: 1) as amostras comparadas; 2) os pontos (variáveis) com valores para as distâncias superiores ao limite imposto; e 3) quando solicitado, os pontos com distâncias atípicas.

## Warning:

No presente momento esta função só é eficaz para observações em que os efeitos do tamanho, da rotação e da translação já tenham sido removidos previamente à análise.

## Note:

A função compara as amostras do primeiro par do data.frame, em seguida do segundo par e assim sucessivamente. Ou seja, esta função confronta os pontos das amostras das linhas 1 e 2 do data.frame, depois das linhas 3 e 4, 5 e 6, etc.

Em breve uma nova versão desta função (difDplus) lidará também com as questões do tamanho, da rotação e da translação nas observações.

## Author(s):

Alex Hubbe, com sugestões de Paulo Inácio.

## References:

## See Also:

### Examples:

```
#criando dados fictícios de uma amostra de 4 observações com 11 pontos em  
#três dimensões
```

```
nomes=paste("amostra",1:4,sep="")
```

```
am1=c(0,0,0.009,-0.007)
```

```
am2=c(0,0,0.068,0.042)
```

```
am3=c(0,0,-0.015,0.018)
```

```
am4=c(0,0,0.003,0.006)
```

```
am5=c(0,0,0.076,0.073)
```

```
am6=c(0,0,-0.008,0.003)
```

```
am7=c(0,0,-0.037,-0.038)
```

```
am8=c(0,0,0.038,0.037)
```

```
am9=c(0,0,0.082,0.083)
```

```
am10=c(0,0,0.009,0.009)
```

```
am11=c(0,0,5.068,0.068)
```

```
am12=c(0,0,-5.015,-0.015)
```

```
exemplo=data.frame(nomes,am1,am2,am3,am4,am5,am6,am7,am8,am9,am7,am8,am9,am7  
,am8,am9,am7,am8,am9,am7,am8,am9,am7,am8,am9,am7,am8,am9,am10,am  
11,am12, stringsAsFactors = FALSE)
```

```
### execução da função com a apresentação dos valores atípicos (primeiro  
caso)e sem eles (segundo caso)
```

```
difD(exemplo,3,0.01)
```

```
difD(exemplo,3,0.0099, outlier=FALSE)
```

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:r2010:alunos:trabalho\\_final:alexhubbe:start](http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:r2010:alunos:trabalho_final:alexhubbe:start)



Last update: **2020/07/27 18:46**