

Digitalizace v programu *tpsDig2*

1. Stáhněte si obrázky, které jsem vám uložil do ISU. Jde o soubory **tif** soubory distálního konce pažní kosti. Názvy obrázků odpovídají číslu hrobu (H000), straně těla (dx, sin) a pohledu fotografie (a – anterior, p – posterior), například soubor **H005dxa.tif** představuje kost z hrobu 5 z pravé strany těla na snímku zepředu. Pro zjednodušení vaší práce jsem upravil soubor fotografií za vás následovně: NEbudete pracovat s opačným pohledem z dorzální strany, pouze zepředu, obrázky jsem ořezal na nejnutnější oblast, otočil stejným směrem (přibližně jako v anatomické pozici distálním koncem kosti směrem dolů) a kosti levé strany jsem zrcadlově převrátil, tj. všechny kosti vypadají jako kosti strany pravé (stranu poznáte jednak podle názvu obrázku a jednak podle zrcadlově otočených popisů na kostech u levých). Pro další zjednodušení zanedbáme strany a budeme každou kost brát jako samostatného jedince (což by se správně rozhodně (!) nemělo, pokud jsou tam dvě od jednoho člověka, což v některých našich případech jsou ... Ale my to máme jen na procvičení, takže to pro tentokrát zanedbáme.).
2. Vaším hlavním úkolem je **prostudovat mezipohlavní rozdíly ve tvaru distálního okraje pažní kosti**.
3. Jako první si obrázky prohlédněte a vymyslete definice bodů, které můžete umístit na co největší počet případů. Většinou to asi budou nejzazší konce nějakých výběžků nebo maxima zakřivení na nějaké kontuře. Vzhledem k odřeni a nekompletnosti kostí to bude vždy kompromis mezi počtem bodů a počtem možných případů: čím menší počet bodů (nejméně je 3 – trojúhelník), tím více případů můžete zařadit, ale méně dokonalý popis tvaru to bude (a naopak). Ukázka možných poloh bodů:



Buďte kreativní, ale důslední.

4. Všechny vámi definované a aplikované body si vypíšete do seznamu, vč. jejich definic. To je součást řešení.
5. Na základě definovaných bodů si z celého seznamu obrázků vypíšete, které obrázky můžete použít.
6. Otevřete program **tpsUtil** a v „select operation“ vyberte **Build tps file from images**. Klikněte na **Input** a otevřete složku s obrázky. Klikněte na jeden z obrázků a dále **Otevřít**. Pak klikněte na **Output** a napíšete název souboru, nejlépe z **hum** a vašeho jména, například: **hum_kralik.tps** a zajistíte, aby byl uložen ve stejné složce, jako obrázky. Pak klikněte na **Setup** a odfajfkujete všechny obrázky, které chcete to digitalizace zařadit. Naopak NEodfajfknete **Include path?** A kliknete na **Create**. Ve složce s obrázky se vám vytvořil soubor **tps**, který je zatím bez dat a obsahuje jen LM=0 pro každý obrázek a prázdné názvy zařazených obrázků (IMAGE=...), tj.

vazbu, podle které bude **tpsDig2** otevírat obrázky při digitalizaci. Můžete si **tps** soubor otevřít v **NotePad** a podívat se na jeho strukturu.

7. Otevřete **tpsUtil** a vyberete operaci **Randomly order specimens**. Jako **Imput** zadáte právě vytvořený soubor (např: **hum_kralik.tps**) a jako **Output** zadáte tentýž název obohacený o „_ran“ (např: **hum_kralik_ran.tps**). Pořadí obrázků se vám změní na náhodné, takže vám nebudou vznikat nenáhodné efekty měření (spojené např. s tím, že první půlku souboru nadigitalizujete přesněji, protože ještě nejste unavení).
8. Otevřete si program **tpsDig** (čti: týpiesdydž) (nebo novější **tpsDig2**) a zadáte **Imput source – File** a zvolíte **tps** soubor, který jste vytvořili (např.: **hum_kralik_ran.tps**). Otevře se vám první obrázek a můžete začít digitalizovat body. Na horní liště ikon (když najedete myší, ukáže se vám, co která znamená) vyberete takový terčik (kříž a kolečko) s označením **Digitize landmarks**, umístíte ho do polohy příslušného význačného bodu a kliknete myší. Na každém snímku dodržujte přesně pořadí bodů, jaké je uvedeno v definicích od prvního k poslednímu. Až nadigitalizujete všechny body na prvním snímku, kliknete na **červenou šipku** (v levé části lišty a směřuje doprava) a posunete se k dalšímu obrázku. Pokud se spletete v digitalizaci (umístíte bod trochu špatně nebo spletete pořadí, vyberete **bílou šipku** (**Edit landmarks and curves**), bod s ní chytne a buď posunete nebo vymažete normálně **Delete**m. Až uděláte všechny snímky, uložíte soubor (to můžete i průběžně) jako **Save data – Uložit – Overwrite**, čímž přepíšete prázdný soubor (např.: **hum_kralik_ran.tps**) na soubor stejného názvu, ale již plný vašich x,y souřadnic landmarků.
9. Volitelný bod pro ty, kteří chtějí mít i absolutní rozměry, a tedy kalibrovat velikost pomocí měřítka (mm papírku) na snímcích. Souřadnice bez kalibrace jsou v pixelech a kvůli vždy mírně odlišné vzdálenosti fotoaparátu, neodpovídá počet pixelů na jednom snímku rozměrům na jiném snímku. Pokud chcete kalibrovat velikost, kliknete na **Image edit tool** (ikona s kladívkem), vyberete záložku **Measure**, kliknete na **Set scale**, dvěma kliky na měřítko vyznačíte úsečku např. 10 mm, vypíšete, že jde o 10 mm, a kliknete na **OK**. Tím je obrázek nakalibrován podle měřítka a do **tps** souboru se přidá položka **SCALE= ...**
10. Otevřete **tpsUtil** a vyberete operaci **Restore original order** a obdobným způsobem jako poprvé uložíte váš **tps** soubor (např.: **hum_kralik_ran.tps**) jako soubor s přidaným „_re“ místo „_ran“ (např.: **hum_kralik_re.tps**). To vám vrátí náhodné pořadí do původního. Podívejte se v **NotePad**, co se v nich změnilo.
11. Soubor **hum_kralik_re.tps** načtete do programu **R** a dále s ním budete pracovat tam. Skript pro načtení v **R** následuje. Ukládám vám ho také v souboru **R** pro program **Tinn-R**, tam je skript lépe vidět.

```
#####
```

```
## nacteni tps souboru do R
```

```
## nainstalujete balicek geomorph
```

```
install.packages("geomorph", dependencies = TRUE)
```

```
## dalsi volby instalace zde:
```

```
https://github.com/geomorphR/geomorph/wiki/Installing-geomorph
```

```
## nactete balicek geomorph
```

```
library("geomorph")
```

```
## zvolite si jako pracovni adresar slozku s obrazky a tps souborem a
```

```

## pomoci funkce readland.tps nactete vytvoreny tps soubor
setwd("C:/Users/Kralik/Documents/HUMERUS2/humerus_anterior")
pole.dat <- readland.tps("hum_kralik_re.tps", specID = "imageID")

## prohlidnete si data ve forme pole (vypada stejne, jako v tps souboru)
pole.dat

## pomoci funkce two.d.array si prevedete pole dat na matici dat souradnic, kterou uz znate
matice.dat <- two.d.array(pole.dat)
## prohlednete si matici dat, tu uz znate a muzete pouzivat, jako ve cviceni
## to jsou vase data :-)
matice.dat
## user guide pro pripadne dalsi operace s daty
https://github.com/geomorphR/geomorph/wiki

## No a jeste potrebujete ten faktor - zde je to pohlavi
## Nejjednoduseji ho vypisete z dodaneho Excelu s pohlavim
## radu hodnot pohlavi (m,f nebo 0,1) presne podle poradi kosti ve vami
## vybranem souboru

sex <- factor(c(0,0,1,1,1)) # specimens assigned in order to group 0 or 1
## assign specimen names from 3D array of data to the group classifier
names(sex) <- dimnames(pole.dat)[[3]]
sex

## Pokud nebudete vedet dale, napiste mi.

## zobrazeni surovych dat v grafu
plotAllSpecimens(pole.dat, mean=FALSE)
## Prokrustovska superpozice (GPA)
data.gpa <- gpagen(pole.dat, print.progress = FALSE)
summary(data.gpa)
## zobrazeni superponovanych dat
plotAllSpecimens(data.gpa$coords)

```