



FORENZNÍ ANTROPOLOGIE CVIČENÍ  
Bi7352c

PROTOKOL



Jméno:

Ročník:

Datum: 23.10.2012

Číslo a název cvičení: **Odhad pohlaví a etnické příslušnosti za pomoci softwaru Fordisc**

A) Odhad pohlaví a etnické příslušnosti na základě naměřených kranio-metrických rozměrů

i. naměřte níže uvedené rozměry

lebka číslo:

<b>GOL</b>	Maximum cranial length	g-op		<b>UFBR*</b>	Upper Facial Breadth	fmt-fmt	
<b>XCB</b>	Maximum Cranial Breadth	eu-eu		<b>NLH</b>	Nasal Height	n-ns	
<b>ZYB</b>	Bizygomatic Breadth	zy-zy		<b>NLB</b>	Nasal Breadth	al-al	
<b>BBH</b>	Basion Bregma Height	ba-b		<b>OBH</b>	Orbital Height		
<b>BNL</b>	Cranial Base Length	ba-na		<b>DKB</b>	Interorbital Breadth	d-d	
<b>BPL</b>	Basion Prosthion Length	ba-pr		<b>FRC</b>	Frontal Chord	n-b	
<b>MAB</b>	Maxillo-Alveolar Breadth	ecm-ecm		<b>PAC</b>	Parietal Chord	b-l	
<b>MAL</b>	Maxillo-Alveolar Length	pr-alv		<b>OCC</b>	Occipital Chord	l-o	
<b>AUB</b>	Biauricular Breadth	au-au		<b>FOL</b>	Foramen Magnum Length	ba-o	
<b>UFHT/NPH</b>	Upper Facial Height	n-pr		<b>FOB</b>	Foramen Magnum Breadth		
<b>WFB</b>	Minimum Frontal Breadth	ft-ft		<b>MDH</b>	Mastoid Length		

- ii. odhadněte pohlaví a populační afinitu změřené lebky v programu Fordisc 3.0 na základě porovnání s FDB referenčním souborem podle postupu uvedeného na konci protokolu
- iii. zaznamenejte populaci s největší afinitou, včetně uvedených statistik

Probabilities		
Group	Posterior	Typ F (Typicality)

- iv. odhadněte pohlaví a populační afinitu změřené lebky v programu Fordisc 3.0 na základě porovnání s Howellsovým referenčním souborem zaznamenejte populaci s největší afinitou, včetně uvedených statistik

Probabilities		
Group	Posterior	Typ F (Typicality)

- v. interpretujte získané výsledky

---

---

---

Jméno:

Datum:

B) Odhad pohlaví a etnické příslušnosti na kraniometrických rozměrech získaných z virtuálního modelu

- i. Podle níže uvedeného návodu vypočtete rozměry potřebné pro odhad pohlaví a populační příslušnosti (viz tabulka) programem Fordisc 2.0. Pokud nejste schopni odhadnout polohu některého z kraniometrických bodů, rozměry jím definované vynechejte.

lebka číslo:

<b>GOL</b>	Maximum cranial length	g-op		<b>UFBR*</b>	Upper Facial Breadth	fmt-fmt	
<b>XCB</b>	Maximum Cranial Breadth	eu-eu		<b>NLH</b>	Nasal Height	n-ns	
<b>ZYB</b>	Bizygomatic Breadth	zy-zy		<b>NLB</b>	Nasal Breadth	al-al	
<b>BBH</b>	Basion Bregma Height	ba-b		<b>OBH</b>	Orbital Height		
<b>BNL</b>	Cranial Base Length	ba-na		<b>DKB</b>	Interorbital Breadth	d-d	
<b>BPL</b>	Basion Prosthion Length	ba-pr		<b>FRC</b>	Frontal Chord	n-b	
<b>MAB</b>	Maxillo-Alveolar Breadth	ecm-ecm		<b>PAC</b>	Parietal Chord	b-l	
<b>MAL</b>	Maxillo-Alveolar Length	pr-alv		<b>OCC</b>	Occipital Chord	l-o	
<b>AUB</b>	Biauricular Breadth	au-au		<b>FOL</b>	Foramen Magnum Length	ba-o	
<b>UFHT/NPH</b>	Upper Facial Height	n-pr		<b>FOB</b>	Foramen Magnum Breadth		
<b>WFB</b>	Minimum Frontal Breadth	ft-ft		<b>MDH</b>	Mastoid Length		

- ii. odhadněte pohlaví a populační afinitu změřené lebky v programu Fordisc 2.0 na základě porovnání s FDB referenčním souborem podle postupu uvedeného na konci protokolu
- iii. zaznamenejte populaci s největší afinitou, včetně uvedených statistik

Probabilities		
Group	Posterior	Typ F (Typicality)

- iv. odhadněte pohlaví a populační afinitu změřené lebky v programu Fordisc 2.0 na základě porovnání s Howellsovým referenčním souborem zaznamenejte populaci s největší afinitou, včetně uvedených statistik

Probabilities		
Group	Posterior	Typ F (Typicality)

- v. interpretujte získané výsledky

---

---

---

## Postup virtuálního měření 3D modelu lebky za pomoci programu Landmark

### Import modelu ve formátu ply

- Otevřete program *Landmark* a vytvořte nový projekt: *File > New*. Do projektu importujte 3D model lebky uložený jako soubor „cviceni 6\_lebka.ply“: *File > Import > Into project*.
- V levém panelu klikněte pravým tlačítkem na importovaný model a zvolte možnost „Load into A“, model by se měl zobrazit v podokně A. Kliknutím na lištu s označením A se toto podokno zvětší. Pro hbitější odezvu programu můžete zrušit průhlednost modelu *View > Surface > Transparent*.

### Editace bodů

- Zvolte *Edit > Add single point* (nebo na horní liště klikněte na ikonu s červeným bodem se žlutou šípkou) a pomocí Shift + levé tlačítko myši postupně přidávejte na povrch modelu význačné body v místech jejich definic.
- Body jsou postupně zaznamenány a očíslovány (od s0), pro přehlednost si pořadí můžete zapsat do vedlejší tabulky.

S umístěným bodem můžete případně dále hýbat pomocí *Edit – Select single point* (ikona ruky držící červený bod) a opět přes Shift + levé tlačítko myši pohybuje bodem. Aktivní bod je žlutě zbarven.

označení	bod
s0	
S1	
s2	
s3	
s4	
s5	
s6	
s7	
s8	
s9	
s10	
s11	
s12	
s13	
s14	
s15	
s16	
s17	
s18	
s19	
s20	

### Export souřadnic bodů

Po umístění všech potřebných bodů exportujte souřadnice.

- Klikněte pravým tlačítkem myši na název modelu v levém panelu > *Export* a zvolte „(\*.pts) Raw landmarks points“.

### Převod dat do programu PAST

- Otevřete exportovaný soubor (měl by se automaticky otevřít v poznámkovém bloku) a smažte jeho hlavičku (údaje nad souřadnicemi). Upravený soubor otevřete v programu PAST: *File > Import text file > zaškrtněte „Includes“ a „First column of row labels a Whitespace“*.
- Přetransformujte souřadnice jednotlivých bodů tak, aby byly vedle sebe v jednom řádku: označte všechny tři sloupce pomocí Shift+levé tlačítko myši > *Edit > Group columns to Multivar*, zvolte „3“. Data budou zapsána v jednom řádku, vždy tři souřadnice jednoho bodu vedle sebe a navazující další bod.

Pro lepší orientaci je dobré si sloupce pojmenovat podle bodů: na liště zatrhněte „Edit labels“ a přepište písmena označující sloupce (tj. místo A napište název prvního bodu, místo D název druhého atd.).

### Výpočet rozměrů

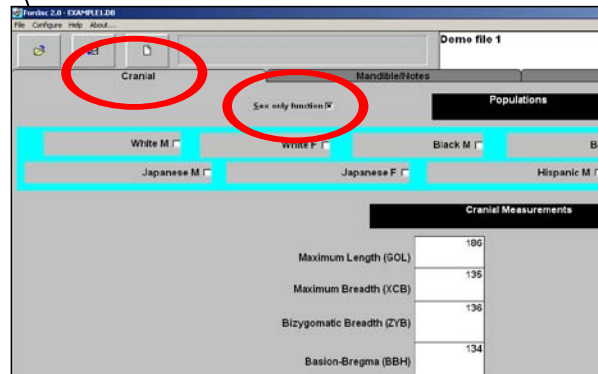
- Označte řádek obsahující data, zvolte *Geomet > Distance from landmarks (2D/3D) > Dimensions: 3D* a pomocí šipek měřte body, mezi kterými program počítá vzdálenost. Potřebné vzdálenosti (rozměry) si zapište do tabulky.

## Postup odhadu pohlaví a populační afinity v Programu Fordisc 2.0

### 1) Odhad pohlaví

Při analýze ve Fordiscu 2.0 se doporučuje nejdříve odhadnout pohlaví nezávisle na populační příslušnosti. Volba „Sex only“ není přítomná ve Fordiscu 3.0, ten tak umožňuje určit afinitu pouze ke konkrétnímu pohlaví konkrétní etnické skupiny.

- Zadejte všechny naměřené/vypočtené hodnoty do příslušných polí v záložce „Crania!“. Použitý referenční soubor odpovídá souboru FDB ve Fordiscu 3.
- Zaškrtněte volbu „Sex only“. Tato volba sloučí všechny muže a všechny ženy z referenčních populací do dvou celků a umožní odhadnout pohlaví nezávisle na populační příslušnosti.
- Proveďte analýzu zmáčknutím „Process“.



### 2) Výsledek diskriminační analýzy

Výsledek diskriminační analýzy je uveden ve druhé tabulce výsledků, včetně statistických hodnot „typicality“ a „posterior probabilities“, popisujících vlastnosti odhadu. Levou ikonou panelu ikon můžete zobrazit histogram diskriminačního skóre analýzy.

Group	Classified into	Distance from	Posterior Probabilities	Typicality
M	** M **	8,6	,976	,739
F		16,0	,024	,191

Two Group Discriminant Function Coefficients					
Demo file 1	M	F	D.F.	Relative Weight	
	297	242			
GOL	186	187,36	178,10	,114	13,5 %
XCB	135	139,36	134,88	-,001	0,1 %
ZYB	136	130,74	121,67	,404	46,9 %
BBH	134	138,37	130,86	,144	13,8 %
SNR	102	104,38	97,78	,004	0,4 %

### 3) Odhad etnické příslušnosti s využitím forezní databáze

- Volbou „Back to the data entry“ se vraťte zpět do zadávacího okna.
- Zrušte volbu „Sex only“ a z nabízených referenčních skupin zvolte všechny daného pohlaví.
- Opakujte analýzu – „Process“

### 4) Výsledek

- Součástí výsledků je populační afinita analyzované lebky, opět včetně hodnot „typicality“ a „posterior probabilities“. Bodový graf kanonického skóre můžete zobrazit volbou „Show canonical plot“.

Group	Classified into	Distance from	Posterior Probabilities	Typicality
WN		9,7	,145	,640
SN		11,3	,067	,507
AM	** AM **	8,5	,272	,748
HM		10,0	,123	,699
CRM		9,4	,167	,666

Demo file 1 is closest to AMs

### 5) Odhad etnické příslušnosti s využitím Howellsovy ref. populace

- Volbou „Back to the data entry“ se vraťte zpět do zadávacího okna.
- Aktivujte záložku Howells, zaškrtněte referenční skupiny odpovídající pohlaví zjištěnému v kroku 1.
- Získané výsledky odpovídají strukturou výsledkům z předchozího kroku.

## Postup odhadu pohlaví a populační afinity v Programu Fordisc 3.0

### 1) Počáteční analýza

- V záložce „Options“ zvolte volbu "Individual scores"
- Proveďte analýzu se všemi zadanými mírami a všemi referenčními populacemi z vybraného referenčního souboru (pro všechny body analýzy používejte jen jeden ze souborů – FDB nebo Howells).

### 2) Kontrola zadaných hodnot

- Na konci výsledků je tabulka, porovnávající vámi naměřené hodnoty s průměrnou hodnotou referenčního souboru a s hodnotami jednotlivých populací. Počet plusů, resp. mínusů u každé z měr označuje odchylku vámi naměřené hodnoty od průměru referenčního souboru. Pokud je počet znamének vyšší než 2, zkontrolujte, jestli je daný rozměr naměřen a zadán správně.

		Group Means				
Example 3	Chk	BF 66	BM 98	WF 171	WM 286	
AUB	124	+	115.6	120.7	116.7	123.2
BBH	137		131.6	137.7	134.2	141.7
BNL	103		98.7	104.6	99.1	106.2
BFL	94		99.1	104.3	92.2	98.2
DKB	26	+	22.4	23.6	19.9	21.2
RKB	102	+	95.2	100.0	93.5	97.7

### 3) Kontrola odlehlých případů

Pro správný průběh analýzy je nejprve potřeba odstranit z referenčního souboru odlehlé případy, tj. případy, které jsou příliš vzdálené zbytku své referenční skupiny.

- V rozšířených výsledcích Results > Extended, najdete tabulku „CROSSVALIDATED Distances to Reference Group Centroids“, ID případů označených červeně, запиšte v záložce „OPTIONS“ do pole „Exclude IDs: tyto případy budou vyloučeny z dalších analýz.

Coordinates of Example 3										
CW1	CW2	CW3	CW4	CW5	CW6	CW7	CW8	CW9	CW10	
CROSSVALIDATED Distances to Reference Group Centroids, #From, Typ F, Typ Chk, Typ R										
ID	From	Info	DZ	#From	Typ F	Typ Chk	Typ R	DZ	#From	
MI131	ALMP	SMCO *	23.13	0.058	0.878	0.284	0.179	21.56	0.227	0.802
MI132	ALMP	ALMP *	19.52	0.048	0.948	0.822	0.333	14.98	0.224	0.804
MI133	ALMP	WALP *	11.89	0.037	0.994	0.833	0.718	23.43	0.000	0.722
MI134	ALMP	ALMP *	10.25	0.214	0.956	0.876	0.749	28.28	0.000	0.283
MI135	ALMP	WALP *	7.71	0.109	1.000	0.983	0.846	25.42	0.000	0.474
MI136	ALMP	ALMP *	6.46	0.315	0.990	0.940	0.821	27.72	0.000	0.465
MI137	ALMP	WALP *	10.94	0.049	0.974	0.937	0.385	16.58	0.000	0.346
MI138	ALMP	WALP *	23.02	0.020	0.877	0.853	0.154	19.78	0.007	0.415
MI139	ALMP	WALP *	18.71	0.015	0.935	0.623	0.410	43.04	0.000	0.213
MI140	ALMP	WALP *	15.02	0.023	0.942	0.590	0.282	39.44	0.000	0.405
MI141	ALMP	WALP *	28.09	0.011	0.776	0.041	0.024	39.83	0.000	0.274
MI142	ALMP	ALMP *	13.43	0.749	0.909	0.744	0.500	24.40	0.000	0.254
MI143	ALMP	WALP *	6.74	0.133	1.000	0.992	0.897	14.44	0.003	0.393
MI144	ALMP	WALP *	23.23	0.007	0.878	0.850	0.159	28.02	0.001	0.254
MI145	ALMP	ALMP *	6.17	0.130	1.000	0.995	0.949	23.99	0.000	0.462
MI146	ALMP	ALMP *	6.48	0.879	1.000	0.994	0.923	12.32	0.000	0.382
MI147	ALMP	WALP *	24.27	0.012	0.816	0.094	0.103	32.43	0.001	0.433
MI148	ALMP	ALMP *	7.43	0.872	1.000	0.984	0.872	11.39	0.000	0.386
MI149	ALMP	ALMP *	14.24	0.109	0.971	0.575	0.359	24.93	0.002	0.497
MI150	ALMP	WALP *	18.04	0.057	0.944	0.602	0.308	23.72	0.000	0.423
MI151	ALMP	ALMP *	11.13	0.094	0.993	0.840	0.467	12.44	0.196	0.375
MI152	ALMP	WALP *	11.22	0.099	0.994	0.881	0.744	22.90	0.000	0.340
MI153	ALMP	ALMP *	4.44	0.332	0.898	0.948	0.785	13.90	0.016	0.364
MI154	ALMP	ALMP *	12.14	0.077	0.993	0.840	0.641	24.98	0.001	0.427

### 4) Kontrola velikosti referenčních populací a počtu proměnných

Pro zvýšení spolehlivosti analýzy by velikost jednotlivých referenčních populací měla dosahovat minimálně **trojnásobku** počtu proměnných (rozměrů).

- V první tabulce výsledků je uveden počet proměnných, které byly analyzovány (mění se v závislosti na zvolených populacích) a také počet jedinců v jednotlivých referenčních populacích. Pokud je v některém případě velikost populace nižší než trojnásobek počtu použitých měr, zredukujte počet proměnných (odznačte je v zadávacím panelu), například podle přesnosti měření nebo redundance jimi nesené informace.

Druhou možností je redukce populací na základě předběžných znalostí o analyzované lebce – pokud např. víte, že to určitě nebyl Asiat.

### 5) Analýza

Proveďte novou analýzu. V tabulce výsledků, shrnující afinitu vámi analyzované lebky k jednotlivým referenčním skupinám zjistíte, která populace je nejvzdálenější. Tuto populaci odznačte v zadávacím okně a analýzu opakujte od bodu 4.

**Před dalším postupem nezapomeňte znovu aktivovat všechny zadané proměnné** – odznačením populace jste totiž mohli ovlivnit počet proměnných vstupujících do analýzy a také mohlo jít o malou populaci, kvůli které jste v předchozím kroku omezili počet proměnných. Můžete odznačovat i více nepodobných populací současně, na konečném výsledku se to neprojevív.

Group	Classified into	Distance from	Probabilities Posterior	Typ F
JM	**JM**	19.9	0.561	0.462
JF		22.2	0.176	0.471
JM		23.4	0.097	0.467
GM		24.3	0.060	0.306
HM		24.7	0.049	0.137
EM		25.8	0.029	0.183
VM		26.5	0.021	0.392
WM		29.0	0.006	<b>0.043</b>
AF		31.7	0.001	0.626
HF		34.6	0.000	0.192
BF		38.3	0.000	<b>0.048</b>
WF		40.9	0.000	<b>0.004</b>

### 6) Výsledek

- Kroky 3 a 4 opakujte, dokud nezredukujete počet referenčních populací na 2-4. Vždy zkontrolujte velikost populací k počtu proměnných. Zaznamenejte výsledek, včetně hodnot pravděpodobností.