

Guilherme Gainett



Mestrando em Zoologia, Departamento de Zoologia, IB-USP.

O título de minha tese é: Morfologia interna das potenciais cerdas olfativas do opilião *Heteromitobates discolor* (Arachnida, Opiliones, Laniatores), sob orientação do Prof. Rodrigo Willemart¹.

[Exercício do Guilherme Gainett](#) (abre em outra janela)

Proposta de trabalho final

Proposta A

Visualizando áreas de ocorrência de clados

Os padrões de congruência entre clados e áreas fornecem informações importantes sobre como a terra e as linhagens se modificaram ao longo do tempo. Com os grandes avanços no poder de análise e amostragem de dados na Sistemática Filogenética, as análises produzem árvores cada vez maiores, como as que implementam abordagem de [supermatrix](#). Veja um exemplo (abaixo) de um trabalho que utilizou mais de 2800 terminais! ([Link](#))



A idéia é criar uma função em R que permita ao usuário selecionar clados de forma interativa em filogenias (clicando nos ramos) e obtenha ao lado um mapa de ocorrência dos terminais do clado escolhido. Isso seria interessante como um mecanismo de análise exploratória de padrões biogeográficos.

Pensei em utilizar funções do pacote Analysis of Phylogenetics and Evolution ([APE](#)) para plotar filogenias (`plot.phylo()`), extrair e representar clados (`zoom()`) e o que mais for necessário. A parte interativa provavelmente envolveria a função `locator()` ou algo similar. Os objetos de entrada seriam arquivos da classe phylo (para as árvores) e uma matriz (n, 2) com terminais e localidades. Argumentos envolveriam parâmetros estéticos, como cor de destaque de clado. O objeto de saída seria uma imagem com duas partes: (1) A filogenia com o clado destacado na esquerda; (2) O mapa geográfico com as distribuições dos terminais.

Algo como esse site poderia me ajudar na plotagem de mapas ([link.](#))

Proposta B

Função que cheque o cardápio dos bandejões

O objetivo da função é automatizar o processo diário de todos os estudantes de consultar o cardápio do bandejão. Por default, a função retornaria o cardápio de todos os bandejões, da refeição do período em que o usuário está executando a função. Ex: O usuário executa a função as 11:00am, a função automaticamente retornaria o cardápio do almoço.

Com argumentos (b=todos,quimica,fisica/central; p=almoço,jantar), será possível: -Checar o cardápio de bandejão selecionado -Checar o cardápio da semana -Checar o cardápio de ambos os períodos

Além disso, a função forneceria o tempo restante até o fechamento do bandejão. Não há nessa proposta um objeto de entrada direto. O objeto de saída é uma lista, formada pelo código html "trimado" da página do Coseas([cardápio](#)). Seria necessário o acesso ao relógio do computador. A função utilizaria outras funções que leem páginas html.

Proposta C

Lei de Cope simulada por random walk

A [lei de Cope](#) postula que há uma tendência de aumento do tamanho corpóreo nas linhagens, ao longo do tempo evolutivo. Apesar de muito popular e defendida por argumentos adaptacionistas, há algumas críticas a essa "Lei". No livro *Full House* (Gould, 1996), Gould discorre sobre foraminíferos, que são um exemplo tradicional da lei de Cope. Depois de cada uma de duas extinções em massa, a diversidade restante de foraminíferos sempre mostrou um aumento na média de tamanhos corpóreos. No entanto, Gould defende que essa aparente tendência nada mais é do que um artefato de sistemas com distribuições enviesadas (longa cauda à direita), com barreiras (left wall, tamanho mínimo de um foraminífero limitado a 150um), de início próximo a barreira, possuindo apenas uma direção possível de expansão (ou seja, o aumento). Mais ainda, que essa tendência nada mais é do que o resultado de random walk ("caminhada do bêbado), que inevitavelmente leva os tamanhos corpóreos maiores a surgirem ao acaso.

E se pudermos simular trajetórias evolutivas ao longo do tempo (t=), movimentando essa barreira mínima de tamanho(leftwall=), mudando o tamanho inicial dos foraminíferos após uma extinção (lsize=), para simular a mudança de tamanho ao longo do tempo evolutivo para várias linhagens (nlin=), seguindo um modelo de random walk?

A proposta dessa função é gerar uma simulação para brincar com esse cenário e fornecer gráficos (Com média, moda) que permitam visualizar a tendência ou não de aumento de tamanho.

Ola, Guilherme! A proposta que me parece mais interessante é a A, mas tenho algumas dúvidas quanto à sua implementação. Primeiro desafio será interagir com a filogenia. Não conheço os objetos da classe 'phylo' e como você poderia identificar e selecionar os ramos. Certamente vc não conseguirá fazer isso com a função 'locator', porque ela só vai te informar as "coordenadas" do gráfico. Outro

problema é que o usuário sempre vai ter que ter uma matriz com as posições geográficas de cada terminal. Com relação às plotagens isso é relativamente simples no R. Caso queira prosseguir com esse plano você terá que investir nessas tarefas que não abordamos durante a disciplina, o que talvez não seja uma estratégia boa para o trabalho final.

Com relação à proposta B, tem dois desafios: (1) fazer o R interagir com a página html (que também não vimos em aula) e (2) extrair as informações do cardápio. Não recomendo ir por esse caminho...

Finalmente, acho que a proposta C é interessante. Acho legal a ideia de simular por random walks e parece que constitui um desafio interessante para uma função, apesar de não ser uma função muito genérica.

Alternativas: adaptar a função A ou C, tendo mais claro como você irá executar cada um dos passos para chegar no resultado final, ou pensar em uma plano D.

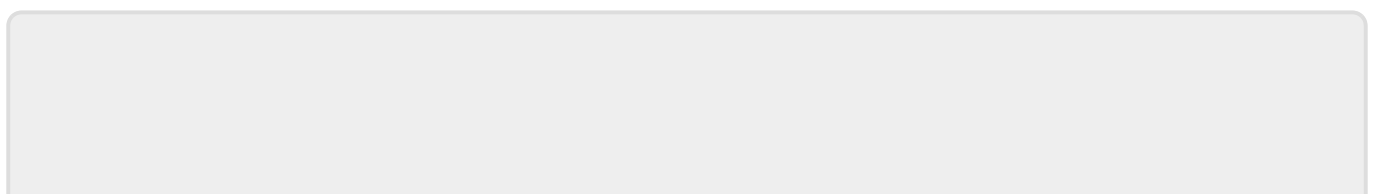
—[Leo](#)

Gostei de todas as propostas. A primeira (proposta A) me parece a mais interessante, mas tem os problemas apontados pelo Leo e acho que precisaria de muita experiência no R para fazê-la. A proposta B é interessante e envolve baixar o html dos cardápios (isso é simples) e depois acessar a informação a partir desse html, um desafio interessante e que irá te instrumentar a usar essas ferramentas. A última é interessante tb. e como colocada pelo Leo, a mais segura para implementar. Acho que vc. pode decidir entre qq uma delas, mas lembre-se que terá que entregar no prazo... Se for fazer a A sugiro que restrinja a apenas parte dela, assim não se compromete e gera menos estresse.

Decidi fazer a função da Proposta C. [Clique aqui](#) para ver um comentário, script e página de ajuda.

1)

[Site do laboratório](#)



From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2015:alunos:trabalho_final:guilherme.florez:start



Last update: **2020/08/12 06:04**