

Trabalho Final

Função `bm.multiphylo`

```
bm.multiphylo <- function(trees, matrix, subsample = NULL, stype = NULL,
delta, criterion, Barplot = FALSE) {

  ## Testa se os pacotes requeridos estão instalados (código modificado de
  https://stackoverflow.com/questions/9341635/check-for-installed-packages-before-running-install-packages)
  for (i in c("ape", "geiger")) { # Cria um ciclo que itera sobre o vetor
    com os nomes dos pacotes
    if (i %in% installed.packages()) { # Procura cada um dos pacotes na
    lista de pacotes instalados no computador
      cat (i, "is already installed in this computer\n") # Se encontrar o
      pacote procurado, imprime na tela uma mensagem
    } else {
      stop (i, "is not installed\n") # Se não encontra o pacote, para e
      imprime na tela uma mensagem
    }
  }

  ## Carrega os pacotes requeridos
  library(ape)
  library(geiger)

  ## Leia os dados morfológicos (o objeto `matrix`) e extraí o número de
  dimensões
  if (ncol(matrix) > 2) { # Testa se o objeto `matrix` tem mais de dois
  colunas
    stop ("The object `matrix` must contain only two columns, or you must
    to specify the column to be analyzed\n") # Se o objeto `matrix` tem
    mais de dois colunas, para e imprime uma mensagem na tela
  } else {
    chtaxa <- as.character(matrix[,1]) # Cria um vetor com os nomes dos
    táxons inclusos no objeto `matrix`
  }

  ## Leia o arquivo multiphylo contendo as árvores filogenéticas (o objeto
  `trees`)
  if (class(trees) == "multiPhylo") { # Testa se o objeto `trees` é de classe
  multiPhylo
    trtaxa <- trees$TipLabel$tip.label # Cria um vetor com os nomes dos
    táxons inclusos no objeto `trees`
  } else {
    stop ("The object `trees` must be of class multiphylo, with a sample
    of trees
    in parenthetical notation\n") # Para a função se o objeto
```

```
`trees` não é de classe multiPhylo
}

## Testa se as árvores filogenéticas no objeto `trees` estão enraizadas
if (min(is.rooted(trees)) == 0) { # Testa se as árvores filogenéticas
estão enraizadas
  stop ("The phylogenetic trees must be rooted\n") # Para a função se pelo
menos uma das árvores filogenéticas não está enraizada
}

## Amostras de árvores filogenéticas
if (!(is.null(subsample))) { # Testa se o usuário deu um valor para o arg
`subsample`
  if (subsample >= 2 & subsample < length(trees)) { # Testa se o valor do
argumento subsample está entre 2 e o número total de árvores
    stype <- match.arg(arg = stype, choices = c("random", "first",
"last")) # Estabelece os valores possíveis do argumento `stype`
    if (stype == "random") {
      trees <- sample(x = trees, size = subsample) # Se stype = "random" o
subsample é ao acaso
    }
    if (stype == "first") {
      trees <- trees[1:subsample] # Se stype = "first" o subsample extrai
as n primeiras árvores
    }
    if (stype == "last") {
      trees <- trees[(length(trees) - subsample):(length(trees) - 1)] # Se
stype = "last" o subsample extrai as n últimas árvores
    }

  } else {
    stop ("subsample must be numeric between 2 and the total of trees in
the object trees -1 \n") # Se o valor do argumento `subsample` está errado
imprime na tela uma mensagem
  }
}

## Compara os nomes dos táxons que estão na matriz morfológica (`matrix`)
e nas árvores filogenéticas (`trees`)
if (sum(sort(ntaxa) != sort(trtaxa)) > 0){ # Testa se os táxons nos
objetos `matrix` e `trees` são iguais, para isso primeiro ordena os nomes
alfabeticamente

  cat ("The following taxa in `matrix` were not found in the object
`trees`.
  They will be removed for the analysis:\n",
    ntaxa[ntaxa %in% trtaxa == FALSE], "\n") # Imprime na tela os
nomes dos táxons que estão no objeto `matrix` mas não no objeto `trees`

  cat ("The following taxa in `trees` were not found in the object
```

```
`matrix`.  
  They will be removed for the analysis:\n",  
  trtaxa[trtaxa %in% chtaxa == FALSE], "\n") # Imprime na tela os  
nomes dos táxons que estão no objeto `trees` mas não no objeto `matrix`  
  
## Remove os táxons incompatíveis da `matrix`  
chtaxa.remove <- chtaxa[chtaxa %in% trtaxa == FALSE] # Cria um vetor com  
os nomes dos táxons que estão no objeto `matrix` mas não no objeto `trees`  
  
for (i in 1:length(chtaxa.remove)){ # Cria um contador desde 1 até o  
número de elementos no vetor `chtaxa.remove`  
  matrix <- matrix[-which(matrix[, 1] == chtaxa.remove[i]), ] # Remove  
do objeto `matrix` cada um dos táxons que não estão no objeto `trees`  
}  
  
## Remove os táxons incompatíveis do objeto `trees` (Código modificado  
de http://blog.phytools.org/)  
trees <- lapply (X = trees, FUN = drop.tip, tip = c(trtaxa[trtaxa %in%  
chtaxa == FALSE])) # Aplica a função `drop.tip` sobre cada uma das árvores  
do objeto `trees`  
class(trees) <- "multiPhylo" # Muda a classe do novo objeto `trees` de  
lista para multiPhylo  
  
cat ("trees:", length(row.names(summary(trees))), "phylogenetic trees  
with",  
    length(trees[[1]]$tip.label), "taxa\n") # Imprime na tela o número  
de árvores no objeto `trees` e o novo número de táxons que contem cada uma  
das árvores  
} else {  
  ## Sumário dos dados que serão analisados  
  # Árvores filogenéticas  
  cat ("trees:", length(row.names(summary(trees))), "phylogenetic trees  
with",  
      length(trees$TipLabel$tip.label), "taxa\n") # Imprime na tela o  
número de árvores no objeto `trees` e o número de táxons que contem cada uma  
das árvores  
}  
  
## Sumário dos dados que serão analisados  
# Matriz de dados morfológicos  
matrix[, 2] <- as.factor(matrix[, 2]) # Muda a classe do carater analisado  
cat ("matrix: 1 character and", dim(matrix)[[1]], "coded taxa\n") #  
ch <- setNames(object = matrix[, 2], nm = matrix[, 1]) # Cria um objeto  
contendo só os estados do carater  
cat ("The character has the following states:\n", levels(ch), "\n") #  
Extrai a lista de estados do carater e os imprime na tela  
  
## Use a função `fitDiscrete` para testar o melhor modelo de evolução de  
caracteres para cada uma das árvores do objecto `trees`  
models <- c("ER", "ARD", "SYM") # Cria um objeto com os nomes dos modelos  
de evolução que vão ser testados
```

```
fitmodels <- data.frame(Tree = rep(1:length(trees), each = 3), # Cria um
data frame para inserir o resultado que sai do for
                        Model = rep(c("ER", "ARD", "SYM"), times =
length(trees)),
                        AIC = rep(NA, times = (length(trees))*3),
                        AICc = rep(NA, times = (length(trees))*3))

iter <- 1 # Cria um objeto que aumenta em 1 com cada ciclo, permite
inserir resultados nas colunas do data frame
for (i in 1:length(trees)) { # Cria um contador de 1 até o número de
árvores no objeto `trees`
  cat("Running", i, "trees out of", length(trees), "\n") # Imprime na tela
uma mensagem com o número de ciclos por vez
  for(j in models) { # Cria um contador que itera sobre o vetor dos
modelos
    tree <- trees[[i]] # Seleciona uma árvore do objeto `trees`
    testfit <- fitDiscrete(phy = tree, dat = ch, model = j) # Aplica a
função `fitDiscrete` sobre a árvore selecionada
    fitmodels[iter, "AIC"] <- testfit$opt$aic # Extrai o valor de AIC do
objeto testfit e o salva no data frame
    fitmodels[iter, "AICc"] <- testfit$opt$aicc # Extrai o valor de AICc
do objeto testfit e o salva no data frame
    iter <- iter + 1 # Aumenta em 1 o valor do objeto `iter`. Permite
inserir resultados na próxima linha do data frame
  }
}

## Calcula a diferença (delta) entre os modelos de evolução
minAIC <- aggregate(fitmodels$AIC ~ fitmodels$Tree, FUN = min) # Extrai o
mínimo valor de AIC para cada árvore
minAIC <- rep(minAIC$`fitmodels$AIC`, each = 3) # Cria um vetor repetindo
mínimo valor de AIC para cada árvore

minAICc <- aggregate(fitmodels$AICc ~ fitmodels$Tree, FUN = min) # Extrai
o mínimo valor de AICc para cada árvore
minAICc <- rep(minAICc$`fitmodels$AICc`, each = 3) # Cria um vetor
repetindo mínimo valor de AICc para cada árvore

fitmodels$delta_AIC <- fitmodels$AIC - minAIC # Calcula a diferença
(delta) entre o menor valor de AIC e os restantes; salva o resultado numa
nova coluna do data frame `firmodels`
fitmodels$delta_AICc <- fitmodels$AICc - minAICc # Calcula a diferença
(delta) entre o menor valor de AICc e os restantes; salva o resultado numa
nova coluna do data frame `firmodels`

## Seleciona o melhor modelo usando os criterios AIC e AICc
bestModel_AIC <- fitmodels[which(fitmodels$delta_AIC == 0), c("Tree",
"Model")] # Extrai o nome do modelo com o valor mais baixo de AIC (o melhor
modelo) para cada árvore
bestModel_AICc <- fitmodels[(which(fitmodels$delta_AICc == 0)), c("Tree",
```

```
"Model")]) # Extrai o nome do modelo com o valor mais baixo de AIC (o melhor
modelo) para cada árvore

## Calcula os "Akaike weights" para cada um dos modelos usando o valor de
AICc (Uma pior versão da função aic.w de `phytools`)
fitmodels$Tree <- as.factor(fitmodels$Tree) # Muda a classe da coluna Tree
do data frame `fitmodels`
b <- rep(NA, times = length(levels(fitmodels$Tree))*3) # Cria um vetor
para salvar o resultado do for
iter = 1 # Cria um objeto que aumenta em 1 com cada ciclo, permite
inserir resultados no vetor `b`
for (i in levels(fitmodels$Tree)) { # Cria um contador que itera sobre o
número de árvores
  for (j in models) { # Cria um contador que itera sobre os modelos
    a <- fitmodels[which(fitmodels$Tree == i & fitmodels$Model == j),
"AICc"] # Seleciona o valor de AICc para cada árvore e cada modelo, e o
salva no objeto `a`
    b[iter] <- (exp(1))^( - a/2) # Calcula uma parte da expressão matemática
que calcula os pesos dos modelos (ver documentação)
    iter = iter + 1 # Aumenta em 1 o valor do objeto `iter`. Permite
inserir resultados no vetor `b`
  }
}

fitmodels$b <- b # Cria uma nova coluna no data frame `fitmodels` para
salvar o conteúdo do vetor `b`
sumation <- aggregate(x = fitmodels$b, by = list(Tree = fitmodels$Tree),
FUN = sum) # Soma os valores de `b` para cada árvore
sumation <- rep(sumation$x, each = 3) # Repete os resultados da soma
anterior para criar um vetor do mesmo comprimento que as colunas no data
frame `fitmodels`
fitmodels$AICcw <- b / sumation # Calcula os pesos dos modelos (ver
documentação) e salva-los numa nova coluna do data frame `fitmodels`

## Seleciona o melhor modelo usando o criterio AICcw
max_AICcw <- aggregate(x = fitmodels$AICcw, by = list(Tree =
fitmodels$Tree), FUN = max) # Extrai o maior valor de AICcw (o melhor
modelo) para cada árvore
bestModel_AICcw <- fitmodels[which(fitmodels$AICcw %in% max_AICcw$x), 1:2]
# Extrai o nome do modelo com o maior valor AICcw (o melhor modelo) para
cada árvore

## Data frame com o melhor modelo selecionado para cada árvore
bestModels <- data.frame(Tree = levels(fitmodels$Tree), AIC =
bestModel_AIC$Model, # Cria um data frame com os nomes dos melhores modelos
para cada árvore de acordo a cada um dos criterios
AICc = bestModel_AICc$Model, AICcw =
bestModel_AICcw$Model)

## Re-organiza o data frame fitmodels
fitmodels <- data.frame(Tree = fitmodels$Tree, Model = fitmodels$Model,
```

```
AIC = fitmodels$AIC, # Reordena as colunas do data frame fitmodels
      AICc = fitmodels$AICc, AICcw = fitmodels$AICcw,
delta_AIC = fitmodels$delta_AIC,
      delta_AICc = fitmodels$delta_AICc)

## Compara os valores de AIC e AICc entre modelos e seleciona um modelo de
acordo com o valor do arg `delta`
if (class(delta) == "numeric") { # Testa se a classe do objeto `delta` é
numeric
  deltaAIC <- fitmodels[which(fitmodels$delta_AIC <= delta), c(1,2,6)] #
Seleciona o modelo que tem um valor de delta menor ou igual ao valor de
delta_AIC inserido pelo usuário
  deltaAICc <- fitmodels[which(fitmodels$delta_AICc <= delta), c(1,2,7)] #
Seleciona o modelo que tem um valor de delta menor ou igual ao valor de
delta_AICc inserido pelo usuário

  ## Troca o nome de cada modelo por o número relativo de parâmetros de
cada um deles para AIC
  deltaAIC$param <- rep(NA, times = length(deltaAIC$Model)) # Cria uma
nova coluna no data frame `deltaAIC` para salvar os resultados do for
  models <- c("ER", "SYM", "ARD") # # Cria um objeto com os nomes dos
modelos de evolução ordenados pela sua complexidade
  for (i in 1:3) { # Cria um contador de 1 até o número de modelos
    deltaAIC$param[which(deltaAIC$Model == models[i])] = i # Escreve 1, 2
ou 3 na nova coluna do `deltaAIC` para cada um dos modelos de acordo com sua
complexidade
  }

  min_AICparam <- aggregate(x = deltaAIC$param, by = list(Tree =
deltaAIC$Tree), FUN = min) # Extrai o menor valor de parâmetros (o modelo
mais ssimples) para cada árvore
  selectModel_AIC <- deltaAIC[which(deltaAIC$param %in% min_AICparam$x),
c("Tree", "Model")] # Extrai o nome do modelo mais simples de acorco com o
AIC para cada árvore

  ## Troca o nome de cada modelo por o número relativo de parâmetros de
cada um deles para AICc
  deltaAICc$param <- rep(NA, times = length(deltaAICc$Model)) # Cria uma
nova coluna no data frame `deltaAIC` para salvar os resultados do for
  for (i in 1:3) { # Cria um contador de 1 até o número de modelos
    deltaAICc$param[which(deltaAICc$Model == models[i])] = i # Escreve 1,
2 ou 3 na nova coluna do `deltaAIC` para cada um dos modelos de acordo com
sua complexidade
  }

  min_AICcparam <- aggregate(x = deltaAICc$param, by = list(Tree =
deltaAICc$Tree), FUN = min) # Extrai o menor valor de parâmetros (o modelo
mais ssimples) para cada árvore
  selectModel_AICc <- deltaAICc[which(deltaAICc$param %in%
min_AICcparam$x), c("Tree", "Model")] # Extrai o nome do modelo mais simples
```


de acordo com o AICc para cada árvore

```
} else {  
  stop ("arg `delta` must be numeric") # Se o valor do argumento `delta`  
  inserido pelo usuário não é numérico, para a função e imprime uma mensagem  
  na tela  
}  
  
## Sumário gráfico  
if (Barplot == TRUE) { # Testa se o usuário quer gerar uma saída gráfica  
  bestModels$Tree <- as.factor(bestModels$Tree) # Confere que a coluna  
  Tree seja de classe factor  
  b <- c(as.character(bestModels$AIC), as.character(bestModels$AICc),  
as.character(bestModels$AICcw)) # Cria um vetor com o melhor modelo para  
  cada árvore e cada critério  
  c <- data.frame(criterion = rep(c("AIC", "AICc", "AICcw"), each =  
length(levels(bestModels$Tree))),  
    models = b)  
  freqModels <- table(c) # Cria uma tabela para contar as vezes que cada  
  modelo foi o melhor modelo ajustado para a amostra de árvores  
  
  x11() # Abre um dispositivo gráfico  
  par(mfrow = c(2,1), mar = c(5, 6, 4, 4))  
  color.names = c("black", "grey40", "grey80") # Estabelece as cores de cada  
  categoria para o gráfico  
  barplot(t(freqModels), beside = TRUE, ylim = c(0, max(freqModels)+1),  
xlab = "Akaike criteria for model selection",  
    ylab = "Model Frequency", col = color.names, axis.lty = "solid",  
main = "Best Model using Akaike criteria") # Faz um gráfico de barplot para  
  resumir a contagem dos modelos  
  legend("topright", legend = rownames(t(freqModels)), fill = color.names,  
title = "Models", cex = 0.5) # Insere uma legenda  
  
  criterion <- match.arg(arg = criterion, choices = c("AIC", "AICc",  
"AICcw")) # Estabelece os valores possíveis do argumento `criterion`  
  if (criterion == "AIC") {  
    freqModels2 <- table(selectModel_AIC$Model)  
  }  
  
  if (criterion == "AICc") {  
    freqModels2 <- table(selectModel_AICc$Model)  
  }  
  
  if (criterion == "AICcw") {  
    freqModels2 <- table(selectModel_AICcw$Model)  
  }  
  
  barplot(freqModels2, beside = TRUE, ylim = c(0, max(freqModels2)+1),  
main = "Selected Model", xlab = "Evaluated model for character evolution",  
    ylab = "Model Frequency", col = color.names, axis.lty = "solid")  
  # Faz um gráfico de barplot para resumir a contagem dos modelos
```

```
}

## Saída
final_AIC <- list(matrix = matrix, trees = trees, fitModels = fitmodels,
bestModels = bestModels,
                selectModel = selectModel_AIC) # Cria uma lista com os
elementos que serão retornados pela função, caso o usuário use `criterion` =
AIC

final_AICc <- list(matrix = matrix, trees = trees, fitModels = fitmodels,
bestModels = bestModels,
                selectModel = selectModel_AICc) # Cria uma lista com
os elementos que serão retornados pela função, caso o usuário use
`criterion` = AICc

final_AICcw <- list(matrix = matrix, trees = trees, fitmodels = fitmodels,
bestModels = bestModels) # Cria uma lista com os elementos que serão
retornados pela função, caso o usuário use `criterion` = AICcw

if (criterion == "AIC") return(final_AIC) # Para a função e retorna uma
das lista já ditas
if (criterion == "AICc") return(final_AICc) # Para a função e retorna uma
das lista já ditas
if (criterion == "AICcw") return(final_AICcw) # Para a função e retorna
uma das lista já ditas
}
```

Função [function.r](#)

Documentação [documentation.txt](#)

Dados morfológicos [morphodata.csv](#)

Árvores filogenéticas (mudar extensão a .tre) [multiphylo.txt](#)

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

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2019:alunos:trabalho_final:spreinales!trabalho_final_funcao&rev=1600891815

Last update: 2020/09/23 17:10