

Introduction

Le travail qui vous est demandé dans ce contrôle continu est un travail préliminaire à une étude morphométrique d'un ensemble de sangliers en or mis au jour sur le site d'Arzhan 2 en République de Touva en Sibérie, datant du 7^{ème} s. BC.

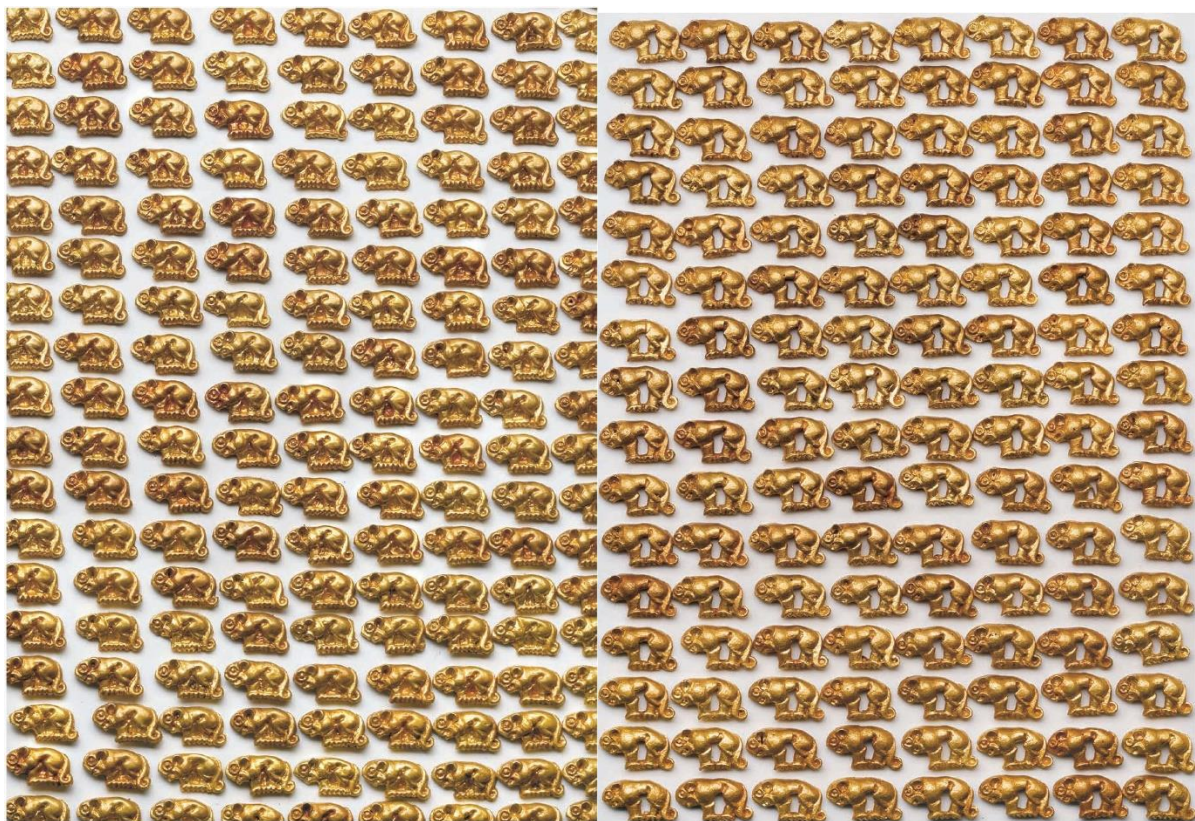
La tombe princière du kourgane d'Arzhan 2 contenait entre autres une multitude d'objets en or dont environ 2500 appliques aux formes de félins. Les sangliers eux étaient placés sur un carquois présent dans la sépulture.

On a affaire ici à une production en série ayant donné plusieurs centaines d'objets identiques, sangliers comme panthères des neiges. La technique utilisée est celle de la cire perdue. Il a été estimé que pour un même type d'objet différentes matrices ont été utilisées.

L'étude a pour objectif de démontrer si les méthodes d'analyses morphométriques permettent de séparer les sangliers en plusieurs groupes morphologiques distincts qui pourront par la suite être interprétés comme des séries correspondant à une matrice.

[Siberian Times](#)

<https://rpsctyva.ru/arzhan-2-zoloto-skifov/>



Acquisition des points homologues

Initialisation

Avant de commencer, définissez le répertoire de travail 'CC_morphometrie', c'est à dire le dossier où se trouvent les fichiers dont on aura besoin

```
setwd("C:/Users/xxx/Desktop/CC_morphometrie")
```

Nous allons travailler avec le package 'Stereomorph'.

```
install.packages("Stereomorph")  
library(Stereomorph)
```

Acquisition des points homologues

Au total, 27 points homologues par image de sanglier seront pris. L'emplacement ainsi que l'ordre dans lequel ils devront être pris est montré dans la figure ci-dessous que vous pourrez retrouver dans le dossier fournit pour plus de détails.

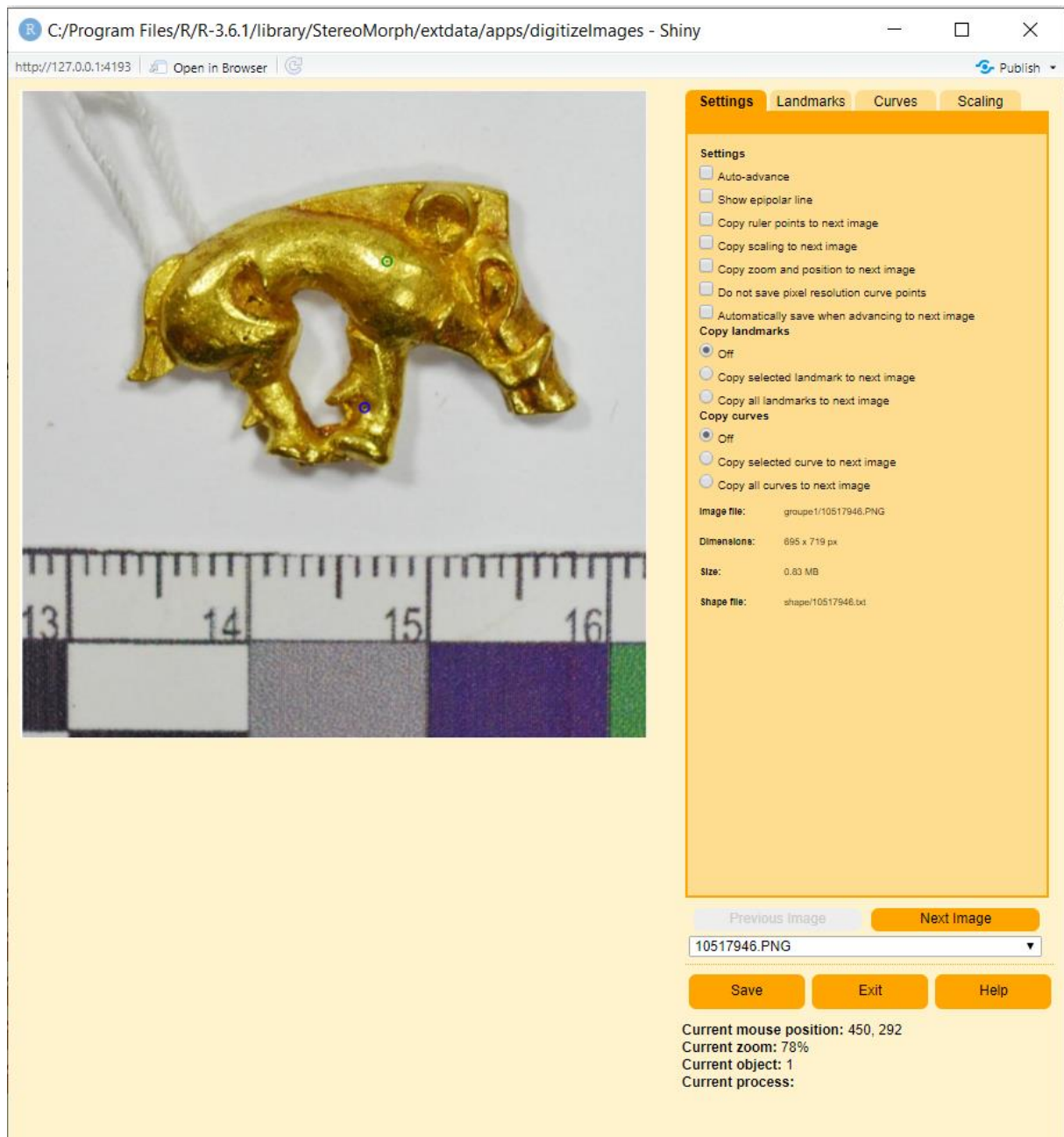


Protocole

Lancez la digitalisation avec :

```
>digitizeImage(image.file='NomDuGroupe',landmarks.ref=as.character(1:27),shapes.file = "shape")
```

Une page telle que celle-ci devrait apparaitre



Dans l'onglet *Settings* cochez « **Automatically save when advancing to next image** »

Définissez l'échelle en allant dans l'onglet *Scaling*, sélectionnez « Ruler point 1 », double-cliquez pour placer un point sur l'échelle en bas de l'image. Sélectionnez le « Ruler point 2 » ou appuyez sur *n* et placez un second point à 2cm du premier. Enfin dans la case **Ruler interval (units):** rentrez « 2 cm »

Pour placer les points homologues, allez dans l'onglet *Landmarks*.

Sélectionnez les points et placez-les comme pour les *ruler points* précédemment.

Une fois tous les points placés passez à l'image suivante avec le bouton « next image » en bas à droite de la fenêtre.

Après avoir acquis tous les points de toutes les images vous pouvez fermer cette fenêtre. Pour plus de détails sur l'acquisition des points vous pouvez lire le tutorial fournit dans le dossier avec les images.

Vérifiez que dans le dossier *shape* se trouve un fichier texte pour chaque image que vous aviez dans votre dossier groupe.

Une fois l'acquisition réalisée pour chacun d'entre vous, mettez en commun tous les fichiers textes contenant les points homologues dans un dossier que vous m'enverrez. Vous travaillerez tous sur les 98 individus pour la suite du CC.

L'importation dans R des coordonnées des points homologues se fait grâce au code suivant :

```
> read_shapes <- readShapes("shape")
```

Les coordonnées mises à l'échelle se trouve dans « `read_shapes$landmarks.scaled` » qui vous renvoie un *array* ayant la même structure que `xy.pts` du TP.

Question

A partir des données mises en commun, appliquez une analyse de Procruste (GPA) puis visualisez le résultat en ajoutant la forme moyenne.

Appliquez une analyse en composante principale (ACP), visualisez, et interpréter le résultat de l'ACP. Vous rajouterez au début du document quelques ligne expliquant le principe des méthodes que vous aurez utilisées (ACP, GPA).