

B

Beispiel-2 'Füchsen-Skelettkörper' für PCA

- Das untersuchte Datensmaterial stammt von einer umfangreichen morphometrischen Analyse des Skelettkörpers ($m = 44$ Merkmalsvariablen) über 44 Füchsenvogelarten mit insgesamt $n = 208$ Individuen.
- Aus den Gründen allometrischer Zusammenhänge zw. den Merkmalsvariablen werden die Medzette der Rohvariablen logarithmisch (1/verLog, d.h. Log zur Basis 10) transformiert, um LINEARISIERUNG der Daten zu erreichen.
- Der PCA wurde eine Produkt-Moment-Korrelationsmatrix zw. allen logarithmierten Merkmalsvariablen zugrunde gelegt. Alle vermessenen Merkmalsvariablen zeichnen zwar identische physikalische Dimensionen, u.z.B. [mm], auf. Da jedoch darin auszugehen war, dass Variablen unterschiedlicher Körperteile (z.B. Brust-Schulter-Apparat versus Hinterextremitäten) mit unterschiedlichen VARIANZANTEILEN (\cong Merkmalsvarianzanteilen) zu Buche stehen, wurde mittels Korrelationskoeffizient des Varianzanteil jedes einzelnen Merkmals zur Gesamtvarianz mit '1' normiert. Im Vordergrund der Analyse standen die INTERKORRELATIONEN zw. den Merkmalsvariablen.
- Die STÄRKE der Interkorrelationen zwischen den R-ANALYSE Einzelvariablen und die HIERARCHIE der Zusammen-CLUSTER-ANALYSE hingegen ist in Form eines R-CLUSTER-DIAGRAMMS.

dargestellt [siehe Abb.: Fig. 1: Dendrogram of Character Correlation (R-Analyse) between 44 skeletal measurements...]

- e) Der allgemeine Verlauf einer PCA ist im Blatt 'WorkflowPCA' dargestellt.
- f) Im vorliegenden Beispiel sollte das Hauptanwendung erneut auf die Koeffizienten der PC_I gerichtet werden. Die Koeffizienten sind allesamt mit positivem Vorzeichen versehen und zeigen den Wert nach ähnliche Mächtigkeit. Die PC_I kann als sog. 'Size axis' bezeichnet werden. Sie erklärt den größten Teil an der Gesamtvarianz, nämlich mit über 80% Var. tv. Das bedeutet, dass das größte Mass am Unterschied zw. den untersuchten Arten (es handelt sich ja um eine interspezifische Analyse!) durch VARIATION der Größen der Merkmale in hoch koordinierte Form stattfand.
- g) Außerdem zeigt die PC_{II} Merkmalsgruppen mit unterschiedlichen Koeffizienten vorzeichen und teilweise auch beträchtlich unterschiedlichen Ausmaß. Die Merkmalsgruppen lassen sich funktional und teilweise morphologisch-anatomisch-biologisch bedingt erklären. Die Erklärung an der Gesamtvarianz durch diese Komponente ist deut geringer, verglichen mit d. Vorigen Komponente, nämlich mit einem Bruch von ~ 4%.

PC_I

PC_{II}

PCAs

h) Schließlich werden die Individualdaten der 44 Arten mit $n=218$ Individuen im neuen Koordinaten-
SYSTEM der Hauptachsen in Form einer
ORDINATION dargestellt.

Der Übersichtlichkeit halber sind in den vorliegenden Abbildungen nicht die einzelnen Datenpunkt der 218 Individuen abgebildet, sondern die Charakterumrisse von höheren taxonomischen Einheiten.