

Função para testar a existência de dimorfismo intrassexual a partir de medidas morfométricas.

Description:

Investigação inicial sobre a possível existência de dimorfismo intrassexual dentro de uma mesma população ou espécie. A função baseia-se na aplicação de três modelos. O Modelo 1 testa se a relação entre as variáveis morfométricas de interesse é linear. Caso isto ocorra, o modelo conclui que não há dimorfismo intrassexual e a investigação é interrompida. No entanto, caso a relação não seja linear, serão testados outros dois modelos para averiguar a existência de um *switchpoint*, ou seja, um valor específico a partir do qual a relação torna-se não-linear. O Modelo 2 testa se a relação entre as variáveis torna-se descontínua a partir do *switchpoint*, enquanto que o Modelo 3 testa se a relação entre as variáveis é alterada, mas sem descontinuidade.

A função retorna ao usuário o sumário dos modelos aplicados e o valor de *switchpoint*, caso este exista, que melhor se adequa aos modelos. A função retorna também, em sua janela gráfica, gráficos de dispersão e os gráficos padrão resultantes dos modelos lineares.

Usage:

```
isd.analysis (dados, switchpoint = 100, eixo.x = "Variável x", eixo.y = "Variável y", plot = "todos")
```

Arguments:

- | | |
|--------------------------|---|
| <code>dados</code> | Conjunto de dados. Deve ser matriz ou <code>data.frame</code> com duas colunas. Cada linha deve representar um indivíduo. A primeira coluna deve representar a variável preditora (<i>e.g.</i> , tamanho corporal dos espécimes); a segunda coluna deve representar a variável resposta (característica de interesse, <i>e.g.</i> , peso gonadal, tamanho de espinhos, tamanho de armamentos). |
| <code>switchpoint</code> | Valor numérico. Número de <i>switchpoints</i> que serão simulados no modelo. No modo <i>default</i> , equivale a 100. |
| <code>eixo.x</code> | Título para o eixo x. Nome que será inserido no argumento <code>xlab</code> da função <code>plot</code> . No modo <i>default</i> , equivale a "Variável x". |

<code>eixo.y</code>	Título para o eixo y. Nome que será inserido no argumento <code>xlab</code> da função <code>plot</code> . No modo <i>default</i> , equivale a "Variável y".
<code>plot</code>	Tipos de gráficos gerados pela função. Para <code>plot="todos"</code> (<i>default</i>), serão plotados gráfico de dispersão da variável y em função da variável x e os quatro gráficos padrão gerados em modelos lineares pela inserção do comando <code>plot(lm())</code> .
<code>...</code>	Argumentos opcionais para <code>plot</code> : ver seção <i>Note</i> .

Details:

Nos processos de seleção sexual, a forte competição entre machos pode resultar em dimorfismo intrasexual, caracterizado pela descontinuidade de traços morfológicos, fisiológicos e de ciclo de vida entre indivíduos do mesmo sexo. O objetivo da função `isd.analysis` é fazer uma investigação inicial sobre a possível existência de dimorfismo intrasexual dentro da população ou espécie de interesse, partindo-se da premissa de que uma das formas de se detectar este tipo de dimorfismo ocorre através da identificação de descontinuidade nos traços morfológicos.

A análise realizada pela função é composta pela aplicação de três modelos lineares.

A primeira parte da análise tem como objetivo testar se a relação entre as variáveis morfométricas de interesse apresenta-se de forma linear. Para isso, testa-se um modelo linear (Modelo 1), cuja equação é representada por: $\ln(Y) = \alpha_0 + \alpha_1 \ln(X) + \alpha_2 \ln(X)^2 + \varepsilon$, na qual $\ln = \log$ natural, $\alpha =$ coeficientes de regressão e $\varepsilon =$ erro associado. Caso a relação entre as variáveis seja linear, o modelo conclui que não há dimorfismo intrasexual e a investigação é interrompida, sem a aplicação dos demais modelos.

Caso o coeficiente α_2 seja significativamente diferente de zero (*i.e.*, a relação entre as variáveis não seja linear), serão testados dois novos modelos para averiguar a existência de um *switchpoint*, ou seja, um valor a partir do qual a relação entre as variáveis torna-se não-linear.

No Modelo 2, a equação utilizada é: $Y = \beta_0 + \beta_1 X + \beta_2 (X - X_0) D + \beta_3 D + \varepsilon$, na qual $\beta =$ coeficientes de regressão, $X_0 =$ *switchpoint* testado, $\varepsilon =$ erro associado e $D =$ constante condicional. Neste modelo, testa-se se, a partir do *switchpoint* (X_0) a relação entre as variáveis torna-se descontínua (ver figura 1a para detalhes). Caso o coeficiente β_3 seja significativamente diferente de zero, conclui-se que o dimorfismo ocorre – de forma descontínua – a partir do *switchpoint* selecionado. Neste caso, a investigação é interrompida, sem a aplicação do último modelo.

Caso o coeficiente β_3 não seja significativamente diferente de zero, será aplicado o Modelo 3, cuja equação é: $Y = \beta_0 + \beta_1 X + \beta_2 (X - X_0) D + \varepsilon$. Neste modelo, testa-se se, a partir do *switchpoint* (X_0), a

relação linear entre as variáveis é alterada (evidenciada por alteração na inclinação da reta), mas sem descontinuidade (ver figura 1b para detalhes).

Em ambos os Modelos 2 e 3, os valores de X_0 testados dependem do número inserido pelo usuário no argumento `switchpoint`. A partir da amplitude de valores da variável x e do número de `switchpoints` que o usuário deseja testar, serão calculados os intervalos que a variável X_0 irá assumir. Por exemplo, se os valores de x variam entre 50mm (mínimo) e 150mm (máximo), e o usuário deseja testar intervalos de 5 a 5mm, deve ser inserido `switchpoint = 20`.

Para determinar qual valor de `switchpoint` mais se adequa ao modelo, valores de X_0 são simulados na equação do Modelo 2 e seleciona-se aquele que apresenta maior valor de R^2 ajustado.

Para mais detalhes a respeito do modelo proposto por Eberhard & Gutiérrez (1991), ver referências e arquivo anexo.

Value:

A função `isd.analysis` retorna ao usuário, na forma de mensagem no console, um resumo da função, contendo quais modelos foram aplicados e as principais conclusões baseadas nos valores de p associados aos coeficientes dos modelos.

Caso os Modelos 2 e 3 sejam aplicados, serão retornados no console também o valor do `switchpoint` selecionado e o valor do R^2 ajustado para o melhor `switchpoint`.

A função também retorna no console o `summary` dos modelos aplicados, na forma de lista.

Se somente o Modelo 1 for aplicado, a lista retorna como:

```
[[1]] : summary do Modelo 1
[[2]] : summary do Modelo 0 ( $\ln(Y) = \alpha_0 + \alpha_1 * \ln(X) + \varepsilon$ )
```

Se os Modelos 1 e 2 forem aplicados, a lista retorna como:

```
[[1]] : summary do Modelo 1
[[2]] : summary do Modelo 2
```

Se os Modelos 1, 2 e 3 forem aplicados, a lista retorna como:

```
[[1]] : summary do Modelo 1
[[2]] : summary do Modelo 2
[[3]] : summary do Modelo 3
```

Na janela gráfica, a função retorna 5 gráficos: (I) um gráfico de dispersão de x e y com retas ajustadas de acordo com o melhor modelo que descrever o conjunto de dados e (II) os quatro gráficos padrão gerados a partir de modelos lineares.

Para saber quais gráficos são retornados ao usuário, dependendo do valor inserido no argumento `plot`, ver seção *Note*.

Warning:

A função é interrompida e mensagens de erro são retornadas ao usuário caso seja inserido, no argumento `dados`: (1) algum objeto que seja diferente de uma matriz ou um dataframe ou (2) a matriz ou `data.frame` não contenha exatamente duas colunas.

A função é executada, mas retorna mensagem de atenção, caso o conjunto de dados (inserido no argumento `dados`) apresente valores faltantes, valores iguais a zero ou `NA`s. Neste caso, a função elimina as linhas que contenham estes dados e é executada normalmente.

Note:

Detalhes sobre argumento `plot`:

<code>plot == "todos"</code>	Saída gráfica com cinco gráficos: gráfico de dispersão de x e y com retas ajustadas de acordo com o melhor modelo que descrever o conjunto de dados e quatro gráficos padrão gerados a partir de modelos lineares
<code>plot == "resultado"</code>	Saída gráfica com apenas o gráfico de dispersão de x e y com retas ajustadas de acordo com o melhor modelo que descrever o conjunto de dados
<code>plot == "modelo"</code>	Saída gráfica com quatro gráficos padrão gerados a partir de modelos lineares (gráfico de dispersão resíduo versus valor ajustado, gráfico quantil-quantil normal dos resíduos, gráfico de dispersão da raiz quadrada do valor absoluto do resíduo padronizado versus valor ajustado e gráfico de dispersão do resíduo padronizado versus leverage, com a distância de Cook)
<code>plot == "nenhum"</code>	Nenhum gráfico será gerado na função

Author(s):

Lígia Haselmann Apostólico
ligia.haselmann@ib.usp.br

References:

Eberhard, W.G. & Gutiérrez, E.E. Male dimorphisms in beetles and earwings and the question of developmental constrains. *Evolution*, v.45, n.1, p.18-28, 1991.
Iwata, Y. & Sakurai, Y. Threshold dimorphism in ejaculate characteristics in the squid *Loligo bleekeri*. *Mar Ecol Prog Ser*, v.345, p.141-146, 2007.

See Also:

Arquivo "Modelos de Eberhard & Gutiérrez.pdf", anexado
Figura 1, retirada de Eberhard & Gutiérrez, 1991

Examples:

```
#####
```

```
### Exemplo 1 ###
```

```
#comprimento do manto (mm) e peso do sistema reprodutor (g) de 494 lulas  
exemplo1 <- read.table ("exemplo1.cmanto.prep.txt",header=TRUE,as.is=TRUE)
```

```
isd.analysis (dados=exemplo1, switchpoint=100, eixo.x="Comprimento do manto  
(mm)", eixo.y="Peso do sistema reprodutor (g)", plot="todos")
```

```
#####
```

```
### Exemplo 2 ###
```

```
#comprimento do manto (mm) e peso úmido total (g) de 293 lulas  
exemplo2 <- read.table ("exemplo2.cmanto.ptotal.txt",header=TRUE,as.is=TRUE)
```

```
isd.analysis(dados=exemplo2, switchpoint=100, eixo.x="Comprimento do manto  
(mm)", eixo.y="Peso úmido total (g)", plot="resultado")
```

```
#####
```

```
### Exemplo 3 ###
```

```
#comprimento do manto (mm) e peso úmido total (g) de 486 lulas
exemplo3 <- read.table ("exemplo3.cmanto.ptotal.txt",header=TRUE,as.is=TRUE)

isd.analysis(dados=exemplo3, switchpoint=100, eixo.x="Comprimento do manto
(mm)", eixo.y="Peso úmido total (g)", plot="resultado")
```