1. Introdução

Os dados utilizados são referentes a moscas chamadas, em inglês, de "bitting fly". Eles se referem a duas espécies, Leptoconops carteri e Leptoconops torrens, as quais iremos tratar a partir de agora por Carteri e Torrens, respectivamente.

Foram consideradas ao todo, 70 moscas sendo 35 moscas para cada espécie e para cada uma das espécies foram medidas 7 variáveis. Ou seja, para cada unidade amostral, foram medidas oito variáveis, sendo elas: espécie (0 – Torrens e 1 – Carteri), comprimento da asa (CA), largura da asa(LA), comprimento do 3º palpo (CP3), largura do 3º palpo (LP3), comprimento do 4º palpo (CP4), comprimento do 12º e comprimento do 13º segmento da antena (SA13).

Como as duas espécies são semelhantes no aspecto morfológico (Johson e Wichern (2007)), o objetivo desta análise é realizar a comparação das médias das duas espécies em relação a todas as variáveis medidas, no intuito de verificar se as variáveis que diferem entre as espécies e quais são as variáveis que diferem.

Primeiramente será realizada uma Análise de Variância Multivariada (MANOVA) (veja mais em Johnson e Wichern (2007)) para identificar as possíveis diferenças entre as médias. Posteriormente, caso a hipótese de igualdade das médias seja rejeitada, serão realizados testes do tipo $CBU = M$ (veja mais em Azevedo (2017)), com o intuito de descobrir onde se encontram essas diferenças detectadas.

Todas as análises serão realizadas com o suporte dos softwares R versão 3.4.2 e R studio versão 1.1.383.

\newpage

2. Análise descritiva

```{r}

#matriz de dispersão

```

```{r}

#boxplots

```

```{r}

dadosmoscas2 = dadosmoscas[, c("Comp\_Asa","Larg\_Asa","Comp\_3\_palpo","Larg\_3\_palpo", "Comp\_4\_palpo", "Comp\_12\_seg\_ant", "Comp\_13\_seg\_ant")]

pairs(dadosmoscas2, labels = colnames(dadosmoscas2), main = "Pairs matrix", pch = 21,

bg = c("navyblue","aquamarine4"), upper.panel = NULL)

ggscatmat(dadosmoscas, columns = 2:8, color="Species", alpha=0.8)

```

Como as duas espécies são bastante semelhantes morfologicamente (Johson e Wichern (2007)), o objetivo desta análise é a comparação das médias das duas espécies em relação a todas as variáveis consideradas, com o intuito de verificar se

(e quais) as variáveis diferem entre os grupos. Primeiramente, será feita uma abordagem utilizando-se a metodologia de

Análise de Variância Multivariada (MANOVA) (veja mais em Johnson e Wichern (2007)) a fim de identificar possíveis

diferenças entre as médias. Posteriormente, serão realizados testes do tipo (veja mais em Azevedo (2015)), com o

intuito de descobrir onde residem essas diferenças (se forem de fato detectadas). Todas as análises que serão realizadas

contarão com o suporte do software R versão 3.1.3 (R Core Team (2015)).