

TESTES DE PERMUTAÇÃO E *BOOTSTRAP* EM ANÁLISE ESTATÍSTICA DE FORMAS: APLICAÇÕES À ZOOLOGIA

Fábio Veríssimo Jaques da SILVEIRA¹
Getúlio José Amorim do AMARAL¹
Diego ASTÚA²

- RESUMO: Neste artigo são revistos conceitos básicos de análise estatística de formas, que é um tópico relativamente recente. Além disto, métodos como testes de permutação e de *bootstrap* no contexto de análise de formas são abordados. Uma aplicação na área de zoologia, com dados de animais brasileiros recentemente coletados, é apresentada.
- PALAVRAS-CHAVE: Morfometria geométrica; marcos anatômicos; *bootstrap*; análise estatística de formas.

1 Introdução

O interesse no estudo de formas de objetos é muito antigo. Por exemplo, Galton (1907) utilizou *landmarks* (marcos anatômicos) para executar análises básicas. A formulação da teoria estatística de formas de objeto ocorreu bem mais tarde com os trabalhos de Kendall (1977) e Kendall (1984). Posteriormente, na década de 90, este tópico recebeu mais atenção na literatura estatística com a publicação dos livros de Small (1996), Dryden and Mardia (1998) e Kendall et al (1999). O estudo da forma de objetos aleatórios tem recebido crescente atenção em várias disciplinas. Avanços na tecnologia de computadores tem tornado mais fácil a captura e manipulação de imagens de objetos. Essa informação pode ser usada para responder questões relevantes em muitas disciplinas incluindo biologia, medicina, arqueologia e computação visual. Alguns exemplos de objetos que têm sido estudados são vértebras de rato, crânios de gorila e exames de ressonância magnética em cérebros.

¹Departamento de Estatística, CCEN, Universidade Federal de Pernambuco – UFPE, CEP:50740-540, Recife, Pernambuco, Brasil. E-mail: verissimo83@yahoo.com.br / gjaa@de.ufpe.br

²Departamento de Zoologia, CCB, Universidade Federal de Pernambuco – UFPE, CEP: 50670-420, Recife, Pernambuco, Brasil, E-mail: diegoastua@ufpe.br

O conceito de forma de um objeto tem um papel essencial nesse estudo. Análise estatística de forma (AEF) está relacionada com características e comparações de formas de objetos.

Algumas etapas devem ser realizadas com o intuito de representar a forma de um objeto de uma maneira matematicamente conveniente. Uma aproximação conveniente é colocar marcos anatômicos (marcos anatômicos) no objeto, que são pontos para identificar posições especiais no objeto. As coordenadas numéricas dos marcos anatômicos são então usadas para representar um objeto. Essas coordenadas pertencem a um espaço que é chamado espaço de marcos anatômicos. A informação sobre forma de um objeto é o que é deixado após retirar os efeitos de translação, escala e rotação.

Um novo conjunto de coordenadas de um objeto, que será chamado coordenadas de pré-formas, pode ser obtido a partir das coordenadas de um objeto no espaço de marcos anatômicos. Transformações apropriadas são usadas para remover os efeitos de escala e translação. O novo sistema de coordenadas também representa um mapeamento do espaço de marcos anatômicos no novo espaço. Este recebe o nome de espaço das pré-formas.

Vamos nos concentrar em formas de objetos com duas dimensões, isto é, formas planas. Maiores informações sobre novos avanços em análise estatística de formas são apresentados por Kent (1997).

O artigo é organizado da seguinte forma: os conceitos básicos de AEF são revistos na seção 2, 4 testes estatísticos de AEF são abordados na Seção 3, a Seção 4 é um resumo sobre métodos de bootstrap e testes de permutação apropriados para a aplicação considerada neste artigo e a Seção 5 descreve uma aplicação na área de zoologia sobre a comparação da forma de grupos de marsupiais de sexo diferentes. Na última seção são apresentadas algumas conclusões e observações finais.

2 Conceitos básicos de AEF

Seja Y uma matriz $k \times m$ de coordenadas Cartesianas de k marcos anatômicos em m dimensões, dada por

$$Y = \begin{pmatrix} y_{1,1} & \cdots & y_{1,m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ y_{k,1} & \cdots & y_{k,m} \end{pmatrix}. \quad (1)$$

Uma configuração é um conjunto de marcos anatômicos em um determinado objeto e a matriz Y é comumente chamada *matriz de configuração*.

A forma de uma matriz de configuração é obtida removendo-se a informação sobre escala, locação e rotação. O espaço de formas é o conjunto de todas as possíveis formas. A dimensão do espaço de formas associado a objetos com k marcos

anatômicos em m dimensões é:

$$km - m - 1 - \frac{m(m-1)}{2}.$$

O termo km é a dimensão total da matriz de configuração Y e se subtrai m , 1 e $m(m-1)/2$ como consequência da remoção de locação, escala e rotação respectivamente (Dryden e Mardia, 1998, p. 56).

O espaço de marcos anatômicos é um espaço real \mathbb{R}^m onde são representadas as coordenadas Cartesianas de cada landmark. Por exemplo, para objetos bidimensionais ($m = 2$), o espaço de marcos anatômicos é \mathbb{R}^2 . Neste artigo, só será tratado o caso $m = 2$.

Algumas transformações precisam ser desenvolvidas na matriz Y com o intuito de remover os efeitos de locação, escala e rotação. Quando $m = 2$, a matriz de configuração pode ser escrita como um vetor complexo. Defina um vetor complexo $k \times 1$

$$z^0 = (y_{1,1} + iy_{1,2}, \dots, y_{k,1} + iy_{k,2})^T = (z_{(1)}^0, \dots, z_{(k)}^0)^T, \quad (2)$$

que correspondem às coordenadas complexas dos marcos anatômicos. O superescrito 0 é usado para indicar que a configuração conserva os efeitos de locação, escala e rotação. Os detalhes de cada transformação para o caso $m = 2$ serão dados a seguir.

O primeiro passo é remover a locação. Isso pode ser feito de várias maneiras dependendo do sistema de coordenadas. Aqui serão usadas as coordenadas de Kendall. Para o sistema de coordenadas de Kendall, serão necessários detalhes sobre a matriz de Helmert e a sub-matriz de Helmert. A sub-matriz de Helmert fornece uma transformação linear particular que remove a locação pré-multiplicando z^0 (veja Small, 1996, p.130, e Dryden e Mardia, 1998, p.34).

A matriz de Helmert completa H^F é uma matriz ortogonal $k \times k$, cuja primeira linha tem todos os elementos iguais a $1/\sqrt{k}$, e tem a $(j+1)$ -ésima linha, para $j \geq 1$ dada por

$$(h_j, \dots, h_j, -jh_j, 0, \dots, 0), \quad h_j = -\{j(j+1)\}^{-1/2},$$

com $j = 1, \dots, k-1$, onde o número de zeros na $(j+1)$ -ésima linha é igual a $k-j-1$.

A escala pode ser removida da configuração Helmertizada ω usando

$$z = \frac{\omega}{\sqrt{\omega^* \omega}} = \frac{Hz^0}{\sqrt{(Hz^0)^* Hz^0}}, \quad (3)$$

onde ω^* é o transposto conjugado complexo de ω . O vetor z é chamado de pré-forma da configuração complexa z^0 . Este nome foi usado por Kendall (1984). Note que uma pré-forma é uma forma com a informação de rotação conservada.

Será dado o conceito de espaço de pré-formas, pois tem um papel muito importante (veja Dryden e Mardia, 1998, p.59 e Small, 1996, p.9). O espaço de pré-formas é o espaço de todos os possíveis vetores complexos $(k-1) \times 1$ que não possuem informação de translação nem escala. Desse modo, o espaço das pré-formas

consiste em uma hipersfera unitária complexa em $(k - 1)$ dimensões complexas; isto é

$$CS^{k-1} = \{z \in \mathbb{C}^{k-1} : z^* z = 1\}, \quad (4)$$

onde \mathbb{C}^{k-1} é o espaço complexo $(k - 1)$ -dimensional.

O espaço de formas pode ser pensado como o espaço de pré-formas com a informação de rotação removida. A informação de rotação no vetor pré-forma z pode ser eliminada definindo a seguinte classe de equivalência

$$[z] = \{e^{i\theta} z : \theta \in [0, 2\pi)\}, \quad (5)$$

onde por $[z]$ se identifica qualquer uma de suas versões rotacionadas. Kendall (1984) resalta que o espaço de formas quando $m = 2$ é o espaço complexo projetado $\mathbb{C}P^{k-2}$, o espaço de linhas complexas passando pela origem.

Um problema importante na análise de formas é estimar a forma média de uma amostra aleatória de configurações. Considere z_1^0, \dots, z_n^0 uma amostra aleatória de configurações complexas oriunda de uma população de objetos Π , onde cada z_i^0 está definido em (2).

Sejam z_1, \dots, z_n as pré-formas de z_1^0, \dots, z_n^0 , onde z_i está definido em (3) e $z_i \in CS^{k-1}$. A forma média Procrustes completa

$$\hat{\mu} \quad (6)$$

consiste no autovetor correspondente ao maior autovalor da matriz complexa de somas de quadrados e produtos (*SSP*), definida por (veja Dryden e Mardia, 1998, p.45)

$$\hat{S} = \sum_{i=1}^n z_i z_i^*. \quad (7)$$

Em análise estatística de formas, existem vários sistemas de coordenadas para serem usados. Cada sistema de coordenadas é útil para alguns aspectos da análise. Dois sistemas de coordenadas serão considerados aqui: coordenadas Procrustes completas e coordenadas tangentes.

Análise de Procrustes é uma técnica usada para *casar* dois objetos. Quando dois ou mais objetos são considerados, eles podem ter diferentes rotações, translações e escalas. Então a técnica de análise de Procrustes é usada para *casar* um objeto com outro. Isto é feito usando as pré-formas desses objetos, uma vez que as pré-formas têm a mesma translação e escala.

Para uma dada amostra de pré-formas, a análise de Procrustes é desenvolvida ajustando a pré-forma de cada objeto à forma média. As novas coordenadas são chamadas *ajustes Procrustes* ou coordenadas Procrustes e serão definidas abaixo.

Seja z_1, \dots, z_n uma amostra aleatória de pré-formas, e $\omega_1, \dots, \omega_n$ as correspondentes configurações Helmertizadas.

As configurações têm uma rotação arbitrária (veja Dryden e Mardia, 1998, p. 44-45). Assim, antes de proceder com a análise estatística de formas, é necessário

rotacionar todas as configurações de tal maneira que estejam o mais próximo possível da forma média amostral. Isto é feito calculando

$$\omega_i^P = \frac{\omega_i^* \widehat{\mu} \omega_i}{\omega_i^* \omega_i}, \quad i = 1, \dots, n. \quad (8)$$

Chama-se $\omega_1^P, \dots, \omega_n^P$ de ajustes Procrustes completas ou coordenadas Procrustes completas.

Uma vez que as pré-formas podem ser escritas como $z_i = \omega_i / \|\omega_i\|$, onde cada z_i está definida em (3) e $\|\omega_i\| = \sqrt{\omega_i^* \omega_i}$, as coordenadas Procrustes também podem ser calculadas de

$$\omega_i^P = z_i^* \widehat{\mu} z_i, \quad i = 1, \dots, n.$$

Outro sistema de coordenadas útil é o sistema de coordenadas tangentes. Os conceitos de vetores tangentes e espaço tangente precisam ser apresentados antes da definição de coordenadas tangentes (veja Small, 1996, p. 42-46). O espaço tangente do espaço de formas $\mathbb{C}P^{k-2}$ no ponto z é o espaço vetorial de todos os vetores tangentes a $\mathbb{C}P^{k-2}$ no ponto z . Quando fazemos inferência no espaço tangente, é comumente usado o espaço tangente da pré-forma média amostral.

A variabilidade da análise de forma pode ser tratada no espaço tangente. Esse espaço é uma versão linearizada do espaço de formas. Uma das maiores vantagens do espaço tangente é que técnicas padrão de análise multivariada podem ser usadas diretamente.

Existem diferentes tipos de coordenadas no espaço tangente. Aqui, usaremos as coordenadas tangentes Procrustes parciais, que são dadas por

$$t_i = e^{i\hat{\theta}} [I_{k-1} - \widehat{\mu} \widehat{\mu}^*] z_i, \quad i = 1, \dots, n, \quad (9)$$

onde z_i é um vetor pré-forma definido em (3) e $\hat{\theta}$ minimiza $\|\widehat{\mu} - ze^{i\hat{\theta}}\|^2$ e $\|z\| = \sqrt{z^* z}$. Suponha que z_1, \dots, z_n é uma amostra aleatória de pré-formas e t_1, \dots, t_n suas coordenadas tangentes, onde cada z_i e t_i são calculados usando (3) e (9), respectivamente. Seja v_i um vetor de tamanho $(2k-2) \times 1$ obtido empilhando as partes real e imaginária das coordenadas de cada t_i . Se $t_i = x_i + iy_i$, essa operação é representada por *cvec* onde

$$v_i = \text{cvec}(t_i) = (x_i^T, y_i^T)^T, \quad (10)$$

onde $x_i = \Re(t_i)$ é a parte real de t_i e $y_i = \Im(t_i)$ é a parte imaginária de t_i . Se o número de marcos anatômicos é k , um vetor pré-forma z_i tem dimensão $(k-1)$ e seu correspondente vetor de coordenadas tangentes v_i , onde v_i é dado em (10), tem dimensão $(2k-2)$.

Métodos multivariados padrão podem ser aplicados à coordenadas tangentes reais v_i . Quando os dados são altamente concentrados, métodos baseados na distribuição normal multivariada podem ser aplicados às coordenadas reais tangentes v_i (veja Dryden e Mardia, p. 151)

3 Testes tradicionais de AEF

Nós consideramos dois métodos para testar se a forma média é igual a um valor particular. Um é o teste T^2 de Hotelling para uma amostra e o outro é o teste Goodall para uma amostra. O primeiro é menos restrito que o segundo, porém mais complexo. O teste Goodall supõe que a distribuição conjunta no espaço de marcos anatômicos é normal complexa e isotrópica (veja Dryden e Mardia, 1998, p. 160), o que significa que a variância para cada landmark é a mesma. Por outro lado, o teste T^2 de Hotelling supõe normalidade para as observações no espaço tangente e a isotropia não é assumida.

Testes de hipótese em análise estatística de formas podem ser úteis não somente na detecção de dimorfismo sexual, mas também na definição de novas espécies. Alguns critérios de identificação de espécies na prática podem ser considerados válidos, mas um teste indicando a igualdade de formas entre espécies, pode invalidar tais critérios. Por exemplo, as espécies de peixe-agulha *Hemiramphus brasiliensis* e *Hemiramphus balao* (veja Araujo, 2008).

Os testes de Goodall e Hotelling são formulados para coordenadas tangentes de pré-formas, que são dadas por v_1, \dots, v_n , onde v_i é obtida de (10).

É relevante discutir testes para o caso de duas populações. O Teste T^2 de Hotelling e o Teste com a Estatística de James são duas boas opções para comparar formas médias de duas populações. Para realizar o teste de hipótese utilizando a estatística T^2 de Hotelling, deve-se supor a igualdade entre as matrizes de covariância de das duas populações. Porém, existem casos onde esta suposição não adequada. James (1954) propôs uma estatística de teste que leva em consideração a possível diferença entre as matrizes de covariância.

Maiores detalhes sobre os testes desta seção são fornecidos por Dryden e Mardia (1998, pp. 151-167)

4 Teste de hipóteses de Amaral, Dryden e Wood (2007) para comparar formas médias de duas populações

Seja z_1, \dots, z_n uma amostra aleatória de pré-formas, onde cada z_i é dado em (3). Para $i = 1, \dots, n$, z_i pertence a hipersfera unitária CS^d , com $d = k-1$, definida em (4). Seja $\hat{\mu}$ a forma média amostral (6). Escolha uma matriz \widehat{M} , de tal maneira que suas linhas sejam vetores unitários mutuamente ortogonais e $\widehat{M}\hat{\mu} = \mathbf{0}_{d-1}$, onde $\mathbf{0}_{d-1}$ é um vetor de zeros, com tamanho $(d-1) \times 1$. \widehat{M} representa uma projeção no espaço tangente de $\hat{\mu}$.

Considere a estatística

$$T(\mu) = 2n\mu^* \widehat{M}^* \widehat{G}^{-1} \widehat{M} \mu \quad (11)$$

onde μ é um vetor unitário complexo ($\mu^* \mu = 1$) de tamanho $d \times 1$; $\widehat{M}_{(d-1) \times d}$ é uma matriz complexa tal que $\widehat{M}\hat{\mu} = \mathbf{0}_{d-1}$, $\widehat{M}\widehat{M}^* = I_{d-1}$ e $\widehat{M}^* \widehat{M} = I_d - \mu\mu^*$; e \widehat{G} é uma matriz complexa positiva definida Hermitiana, que é um estimador consistente da

matriz de covariância assintótica de $n^{1/2}\widehat{M}\mu_0$, sob a hipótese $H : \mu = e^{i\theta}\mu_0$, onde θ está definido em (5) e μ_0 é um valor especificado.

Para escolher o \widehat{G} , considere que se construa uma matriz \widehat{S} como em (7), baseando-se na amostra de pré-formas z_1, \dots, z_n dada. Esta matriz tem d autovalores e d autovetores, cujo autovetor associado ao maior autovalor foi definido em (6) como a forma média amostral. Dados os autovalores $\widehat{\lambda}_1 > \widehat{\lambda}_2 > \dots > \widehat{\lambda}_d$, exclua $\widehat{\lambda}_1$ e tome os autovetores correspondentes aos autovalores remanescentes, isto é, $\widehat{\mu}_2, \widehat{\mu}_3, \dots, \widehat{\mu}_d$. Escreva $\widehat{M} = [\widehat{\mu}_2, \dots, \widehat{\mu}_d]^*$. Designe \widehat{G}_{uv} como o elemento da u -ésima linha e v -ésima coluna de \widehat{G} , para $u, v = 1, \dots, d-1$. Então,

$$\widehat{G}_{uv} = \frac{1}{n}(\widehat{\lambda}_1 - \widehat{\lambda}_u)^{-1}(\widehat{\lambda}_1 - \widehat{\lambda}_v)^{-1} \times \sum_{j=1}^n (\widehat{\mu}_u^* z_j)(z_j^* \widehat{\mu}_v)(z_j^* \widehat{\mu})(\widehat{\mu}^* z_j), \quad (12)$$

em que $\widehat{\mu}$ é a forma média amostral dada em (6). Esta construção de \widehat{G} (12) é usada em Amaral et al. (2007).

Considere agora duas amostras aleatórias $z_{11}, \dots, z_{n_1 1}$ (oriunda de Π_1) e $z_{12}, \dots, z_{n_2 2}$ (oriunda de Π_2), onde $z_{ij} \in CS^d$ para $i = 1, \dots, n_j$ e $j = 1, 2$, e seja $\widehat{\mu}_j$ o estimador de μ_0 baseado na amostra j . Tem-se também que $n_j = n_j(n)$ denota uma função de n , o índice do tamanho da amostra. Suponha que $n_j(n) = n\psi_j(n)$, onde

$$\liminf_{n \rightarrow \infty} \min_{j=1,2} \psi_j(n) > 0, \quad (13)$$

$$\limsup_{n \rightarrow \infty} \max_{j=1,2} \psi_j(n) < \infty. \quad (14)$$

Para mais detalhes, veja Amaral et al. (2007).

Para $j = 1, 2$, é requerido que

$$n^{1/2}\widehat{M}\mu_0 \xrightarrow{D} CN_{d-1}(0, G_j), \quad (15)$$

onde G_j tem posto completo e $CN_{d-1}(0, G_j)$ designa a distribuição normal complexa $(d-1)$ -variada (veja Dryden e Mardia, 1998, p. 112). Seja \widehat{G}_j um estimador consistente para G_j , em que \widehat{G}_j é calculada da mesma maneira que \widehat{G} , isto é, usando (12) baseando-se na amostra oriunda da população Π_j para $j = 1, 2$. Defina

$$\widehat{\mathbf{A}}_0 = n \sum_{j=1}^2 \widehat{M}_j^* \widehat{G}_j^{-1} \widehat{M}_j \quad \text{e} \quad T_0(\mu) = 2\mu^* \widehat{\mathbf{A}}_0 \mu. \quad (16)$$

A estatística λ é dada por

$$\lambda \equiv \min_{\mu: \|\mu\|=1} T_0(\mu), \quad (17)$$

onde $T_0(\mu)$ é dado em (16).

Em Amaral et al. (2007) é apresentado o seguinte teorema que fornece a distribuição assintótica da estatística λ :

Teorema 4.1. *Suponha que (15) valha para $j = 1, 2$. Suponha também que \hat{G}_j seja um estimador consistente de G_j e que (13) e (14) sejam verdade. Tem-se*

$$\lambda \xrightarrow{D} \chi_{2(d-1)}^2, \quad n \rightarrow \infty.$$

5 Métodos de permutação e *bootstrap* em AEF

Considere $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)$ e $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_m)$ duas amostras aleatórias independentes em que \mathbf{x} consiste em n realizações independentes de uma variável aleatória X com distribuição de probabilidade F_X e \mathbf{y} representa m realizações independentes de uma variável aleatória Y distribuída segundo F_Y . Deseja-se testar:

$$H_0 : F_X = F_Y \quad \text{vs.} \quad H_1 : F_X \neq F_Y, \quad (18)$$

onde por $F_X = F_Y$, entende-se que $Prob_X\{A\} = Prob_Y\{A\}$, para qualquer que seja o subconjunto A do espaço amostral comum de X e Y . Se H_0 é verdadeira, não existe diferença entre os comportamentos probabilísticos das variáveis aleatórias X e Y .

Para se testar hipóteses, é necessário dispor de uma estatística de teste. Suponha que tenhamos à disposição a estatística de teste $T(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = T$, que é uma função das amostras dadas. Sem perda de generalidade, considere que H_0 em (18) é rejeitada para valores grandes de T . Uma vez observado T , defina o *nível descritivo* ou *nível de significância alcançado* (*ASL*), a menor probabilidade possível acima da qual H_0 não é rejeitada. Em outras palavras:

$$ASL = Prob_{H_0}\{T^* \geq T\}. \quad (19)$$

O termo T em (19) é fixado como um valor observado e T^* designa uma variável aleatória distribuída sob H_0 , isto é, a distribuição de T se H_0 é verdade. Quanto menor for o *ASL*, mais forte é a evidência contra a veracidade de H_0 .

Testar a hipótese H_0 consiste em calcular o *ASL*, verificar se este é pequeno (ou grande) e, baseado nesta informação, tomar uma decisão. Por exemplo, se adotarmos um nível de significância $\alpha = 0.1$ para o teste e calcularmos um $ASL < 0.1$, rejeitamos H_0 . No entanto, existem algumas dificuldades para o cálculo do *ASL*, como o fato de a hipótese H_0 em (18) estar associada a uma família de hipóteses nulas e não somente a uma (veja Efron e Tibshirani, 1998, p. 205).

O teste de permutação de Fisher é uma maneira hábil de se calcular um *ASL* para uma hipótese nula como em (18). A idéia do teste é a seguinte: combinar as duas amostras \mathbf{x} e \mathbf{y} obtendo uma amostra de tamanho $n + m$; a partir da amostra combinada, tomar uma amostra, sem reposição, de tamanho n para designar o primeiro grupo e os m elementos restantes para designar o segundo grupo; calcula-se a estatística T para as duas novas amostras, fazendo isso um grande número de vezes. Se o valor da estatística T aplicada às amostras \mathbf{x} e \mathbf{y} originais não figurar

entre os 95% valores calculados centrais, o teste de permutação rejeita H_0 ao nível 5%.

Formalizando, seja $\mathbf{u}_0 = (\mathbf{x}, \mathbf{y})$ uma amostra formada combinando as amostras \mathbf{x} e \mathbf{y} . Por conveniência, ordene os elementos de \mathbf{u}_0 e obtenha $\mathbf{u} = (u_1, u_2, \dots, u_r)$, em que $r = n + m$. Uma vez ordenados os elementos de \mathbf{u}_0 , defina um vetor $\mathbf{p} = (p_1, p_2, \dots, p_r)$ que designa a qual população o i -ésimo elemento de \mathbf{u} pertence. Isto é, se o elemento u_i pertencente a \mathbf{u} foi obtido da amostra \mathbf{x} , tem-se que $p_i = x$, caso contrário, $p_i = y$. Dessa forma, temos que o vetor \mathbf{p} é formado por n x 's e m y 's. Por exemplo, se $n = 2$ e $m = 3$, uma possível observação do vetor \mathbf{p} seria $\mathbf{p} = (x, y, y, x, y)$. Existem 10 vetores diferentes \mathbf{p} formados por dois x 's e três y 's. Assim como, no caso geral, existem $r!/(n!m!) = P_r^{n,m}$ (permutação de r elementos com repetição de n e m elementos) maneiras de se obter o vetor \mathbf{p} .

Considere agora uma estatística T que possa ser escrita como uma função dos vetores \mathbf{u} e \mathbf{p} , digamos $T = f(\mathbf{u}, \mathbf{p})$ e de tal maneira que, para valores grandes de T , rejeite-se a hipótese nula.

Por exemplo, se estivéssemos interessados em avaliar se as médias de duas populações são iguais (como é o nosso caso), poderíamos pensar na estatística T como a diferença entre as médias das duas populações, isto é, $T = \bar{x} - \bar{y}$. Escrevendo T como função de \mathbf{u} e \mathbf{p} , teríamos:

$$T = \frac{1}{n} \sum_{p_i=x} u_i - \frac{1}{m} \sum_{p_i=y} u_i,$$

em que $\sum_{p_i=x} u_i$ indica a soma de todos os u_i 's para os quais $p_i = x$.

Seja \mathbf{p}^* um vetor indicando qualquer uma das possíveis $P_r^{n,m}$ permutações dos elementos do vetor \mathbf{p} e defina *réplica de permutação* de T como

$$T^* = T(\mathbf{p}^*) = f(\mathbf{p}^*, \mathbf{u}).$$

Existem $P_r^{n,m}$ réplicas de permutação, cada uma com a mesma probabilidade de ocorrência.

Define-se *nível descritivo de permutação* (ASL_{perm}) como a probabilidade de T^* exceder T , ou seja,

$$ASL_{\text{perm}} = Prob\{T^* \geq T\} = \frac{\#\{T^* \geq T\}}{P_r^{n,m}}, \quad (20)$$

onde $\#\{T^* \geq T\}$ indica o número de vezes em que $T^* \geq T$.

Há casos em que é mais conveniente aproximar o ASL_{perm} via simulação de Monte Carlo, devido à grande quantidade de indivíduos de determinados grupos em estudo. Veja, por exemplo, os tamanhos amostrais dos grupos macho e fêmea da espécie *Caluromys philander* na Tabela 1. Se fôssemos calcular o ASL_{perm} pelo modo direto, seria necessário calcular $(50 + 52)! = 102!$.

Tabela 1 - Tamanho das amostras por grupo

Espécie	N_m	N_f	N_T
<i>D. albiventris</i>	29	31	60
<i>D. aurita</i>	28	27	57
<i>D. marsupialis</i>	27	33	65
<i>C. philander</i>	52	50	104
<i>C. derbianus</i>	30	32	68
<i>M. incanus</i>	34	30	64

Em Efron e Tibshirani (1998), encontra-se o seguinte algoritmo para aproximar o ASL_{perm} .

Algoritmo 5.1. Cálculo do $\widehat{ASL}_{\text{perm}}$.

1. Selecione aleatoriamente B permutações entre as $P_r^{n,m}$ permutações do vetor \mathbf{p} , digamos $\mathbf{p}^*(1), \mathbf{p}^*(2), \dots, \mathbf{p}^*(B)$.
2. Calcule as réplicas de permutação de T em cada um dos B vetores obtidos no passo 1:

$$T^*(b) = f(\mathbf{p}^*(b), \mathbf{u}), \quad b = 1, \dots, B.$$

3. Estima-se o ASL_{perm} por:

$$\widehat{ASL}_{\text{perm}} = \frac{\#\{T^*(b) \geq T\}}{B}.$$

Para o teste bootstrap com duas populações, considere suposições similares àquelas referentes ao teste de permutação, isto é, deseja-se testar as mesmas hipóteses que em (18) e se dispõe das amostras aleatórias independentes $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)$ e $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_m)$. Segundo Efron e Tibshirani (1998, p.218), os testes bootstrap e os testes de permutação apresentam resultados similares, porém isto pode não ser verdade em situações complexas com análise estatística de formas.

Um teste de hipótese bootstrap, assim como um teste de permutação, baseia-se numa estatística de teste. Podemos pensar novamente em uma estatística T designando a diferença entre as médias de duas populações em estudo. Semelhante ao caso de permutação, defina $T = T_{obs} = \bar{x} - \bar{y}$. O nível de significância alcançado é definido como em (19).

Defina

$$\mathbf{u} = (\mathbf{x}, \mathbf{y}) \tag{21}$$

uma amostra combinada de \mathbf{x} e \mathbf{y} , mas dessa vez, não é necessário que seus elementos estejam ordenados. Para calcular o $\widehat{ASL}_{\text{boot}}$, segue o algoritmo.

Algoritmo 5.2. Cálculo do \widehat{ASL}_{boot} .

1. Retire B amostras de tamanho $r = n + m$ com reposição de \mathbf{u} : $\mathbf{u}^*(1), \mathbf{u}^*(2), \dots, \mathbf{u}^*(B)$. Seja $\mathbf{x}^*(b)$ o vetor formado pelos primeiros n elementos de $\mathbf{u}^*(b)$ e $\mathbf{y}^*(b)$ o vetor formado pelos demais m elementos de $\mathbf{u}^*(b)$, com $b = 1, 2, \dots, B$.
2. Calcule T em cada amostra,

$$T(\mathbf{u}^*(b)) = \bar{\mathbf{x}}^*(b) - \bar{\mathbf{y}}^*(b), \quad b = 1, 2, \dots, B.$$

3. O \widehat{ASL}_{boot} é dado por

$$\widehat{ASL}_{boot} = \frac{\#\{T(\mathbf{u}^*(b)) \geq T_{obs}\}}{B}, \quad (22)$$

onde T_{obs} é o valor observado da estatística T .

Quando se faz o teste de permutação, as duas amostras aleatórias retiradas da amostra combinada, como em (21), são feitas sem reposição. Neste caso, podemos interpretar o ASL exato como a probabilidade do evento $\{T^* \geq T\}$ ocorrer, calculada em todo o espaço amostral (20). A cardinalidade do espaço amostral é finita e igual a $P_r^{n,m}$. Por ser difícil de calcular, este ASL é estimado.

No caso do teste bootstrap, o procedimento equivale a retirar duas amostras aleatórias independentes (uma com n e outra com m elementos) de \mathbf{u} , mas agora com reposição. O \widehat{ASL}_{boot} é uma aproximação para o ASL_{boot} , mas não tem interpretação como uma probabilidade exata.

Agora, serão apresentados os passos para se realizar testes de permutação e bootstrap utilizando a estatística λ descrita na seção 4. Para o teste bootstrap será necessário *transformar* a hipótese nula, uma vez que, tipicamente, os dados não a satisfarão (Amaral et al., 2007).

5.1 Teste de permutação com a estatística λ

Dadas as amostras aleatórias de pré-formas $z_{11}, \dots, z_{n_1 1}$ (oriunda de Π_1) e $z_{12}, \dots, z_{n_2 2}$ (oriunda de Π_2), deseja-se testar:

$$H_0 : [\mu_1] = [\mu_2] \quad vs. \quad H_1 : [\mu_1] \neq [\mu_2], \quad (23)$$

onde $[\mu_1]$ e $[\mu_2]$ são as formas médias das populações Π_1 e Π_2 respectivamente.

Agora será apresentado o algoritmo para realizar um teste de permutação utilizando a estatística λ para verificar a igualdade entre as formas médias das duas populações.

Algoritmo 5.3. Teste de Permutação com a estatística λ .

1. Para ambas amostras ($j = 1, 2$), obtenha $\hat{\mu}_j, \hat{M}_j, \hat{G}_j$.

2. Determine o menor autovalor, λ , e o autovetor correspondente, $\widehat{\mu}_0$, da seguinte matriz Hermitiana:

$$n \sum_{j=1}^2 \widehat{M}_j^* \widehat{G}_j^{-1} \widehat{M}_j. \quad (24)$$

3. Para cada ciclo de permutação b ($b = 1, \dots, B$), amostre aleatoriamente a partir da amostra combinada $z_{11}, \dots, z_{n_1 1}, z_{12}, \dots, z_{n_2 2}$, sem reposição, para formar duas novas amostras de tamanhos n_1 e n_2 ; calcule $\widehat{\mu}_j^{(b)}$, $\widehat{M}_j^{(b)}$ e $\widehat{G}_j^{(b)}$; determine o menor autovalor, $\lambda^{(b)}$, da matriz

$$n \sum_{j=1}^2 (\widehat{M}_j^{(b)})^* (\widehat{G}_j^{(b)})^{-1} \widehat{M}_j^{(b)},$$

isto é, uma matriz como em (24), substituindo \widehat{M}_j e \widehat{G}_j por $\widehat{M}_j^{(b)}$ e $\widehat{G}_j^{(b)}$.

4. O p -valor de permutação é dado por

$$\widehat{ASL}_{\text{perm}} = \frac{(1 + \#\{b : \lambda^{(b)} \geq \lambda\})}{(B + 1)},$$

onde λ é obtido no passo 2.

Note que no passo 4, seguiu-se Davison e Hinkley (1997) adicionando 1 ao numerador e ao denominador na determinação do $\widehat{ASL}_{\text{perm}}$.

5.2 Teste *bootstrap* com a estatística λ

Um ponto importante no teste de hipótese *bootstrap* é que a reamostragem deve ser feita sob a hipótese nula. Tipicamente, os dados não satisfarão tal hipótese exatamente, por isso, é preciso que seja feita uma transformação preliminar nos dados.

No primeiro passo do algoritmo *bootstrap*, é necessário calcular a matriz \widehat{G}_j , para $j = 1, 2$. Amaral et al. (2007) cita que a escolha de \widehat{G}_j pode depender se é suposta estrutura de dispersão comum entre as populações. Supondo que não haja estrutura de dispersão comum, calcula-se \widehat{G}_j baseada na amostra j , $j = 1, 2$, como em (12). Caso contrário, se é considerada esta estrutura comum, uma versão combinada de (12) pode ser usada para obter \widehat{G} e definir $\widehat{G}_j = \rho_j \widehat{G}$, em que ρ_j é um multiplicador escalar (um "peso") que leva em conta os diferentes tamanhos amostrais. Ainda em Amaral et al. (2007), são feitas considerações sobre a escolha de \widehat{G} baseada na existência ou não de simetria rotacional.

Dadas as amostras aleatórias de pré-formas $z_{11}, \dots, z_{n_1 1}$ (oriunda de Π_1) e $z_{12}, \dots, z_{n_2 2}$ (oriunda de Π_2), deseja-se testar:

$$H_0 : [\mu_1] = [\mu_2] \quad \text{vs.} \quad H_1 : [\mu_1] \neq [\mu_2], \quad (25)$$

onde $[\mu_1]$ e $[\mu_2]$ são as formas médias das populações Π_1 e Π_2 respectivamente.

Agora será apresentado o algoritmo para realizar um teste bootstrap utilizando a estatística λ , para verificar a igualdade entre as formas médias de Π_1 e Π_2 .

Algoritmo 5.4. Teste Bootstrap com a estatística λ .

1. Para ambas amostras ($j = 1, 2$), obtenha $\widehat{\mu}_j, \widehat{M}_j, \widehat{G}_j$.
2. Determine o menor autovalor, λ , e o autovetor correspondente, $\widehat{\mu}_0$, da seguinte matriz Hermitiana:

$$n \sum_{j=1}^2 \widehat{M}_j^* \widehat{G}_j^{-1} \widehat{M}_j. \quad (26)$$

3. Transforme ambas amostras ($j = 1, 2$) usando a matriz unitária \mathbf{U}_j obtida no Lema 1 de Amaral et al. (2007), que move $\widehat{\mu}_j$ a $\widehat{\mu}_0$ ($j = 1, 2$).
4. Para cada ciclo bootstrap b ($b = 1, \dots, B$), a partir da amostra j transformada usando \mathbf{U}_j , retire uma nova amostra, com reposição, de tamanho n_j ($j = 1, 2$); calcule $\widehat{\mu}_j^{(b)}, \widehat{M}_j^{(b)}$ e $\widehat{G}_j^{(b)}$; determine o menor autovalor, $\lambda^{(b)}$, da matriz

$$n \sum_{j=1}^2 (\widehat{M}_j^{(b)})^* (\widehat{G}_j^{(b)})^{-1} \widehat{M}_j^{(b)},$$

isto é, uma matriz como em (26), substituindo \widehat{M}_j e \widehat{G}_j por $\widehat{M}_j^{(b)}$ e $\widehat{G}_j^{(b)}$.

5. O p -valor bootstrap é dado por

$$\widehat{ASL}_{\text{boot}} = \frac{(1 + \#\{b : \lambda^{(b)} \geq \lambda\})}{(B + 1)},$$

onde λ é obtido no passo 2.

Note que no passo 5, seguiu-se Davison e Hinkley (1997) adicionando 1 ao numerador e ao denominador na determinação do $\widehat{ASL}_{\text{boot}}$.

6 Análise de dados de zoologia

A análise estatística de formas de objetos, ou morfometria geométrica, é uma ferramenta muito útil em algumas áreas da ciência, como por exemplo, na Zoologia (veja Adams et al. (2004), Temeles et al. (2005), Oliveira et al. (2005) e Zelditch et al. (2004)). Nesta seção, discutiremos uma de suas aplicações ao estudo de algumas espécies de marsupiais americanos.

Tradicionalmente visto como um grupo morfológicamente conservador, estes animais apresentam, no entanto, diversas modificações morfológicas relacionadas às suas características ecológicas. Através de técnicas de análise estatística de formas,

pode-se avaliar e quantificar a diversidade e diferenciação morfológica existente nos marsupiais americanos atuais, no intuito de poder relacionar esta diversidade aos seus hábitos alimentares, locomotores e seu relacionamento filogenético (veja Astúa, 2004).

O objeto de estudo aqui são as mandíbulas de algumas espécies de marsupiais. Segundo Astúa (2004), a forma do crânio, e sobretudo da mandíbula, apresenta correlação com hábitos alimentares, indicando que a diferenciação sutil na especialização alimentar entre espécies de dietas qualitativamente similares se reflete em modificações sutis de um plano morfológico básico, que se mantêm ao longo da história evolutiva do grupo.

O objetivo principal desta análise é identificar dimorfismo sexual, baseando-se nas formas médias das mandíbulas de machos e fêmeas de cada espécie. A análise de dimorfismo sexual significa quantificar as diferenças no tamanho e forma de alguma parte do corpo (como crânio, mandíbula, escápula, etc.) entre machos e fêmeas de determinada espécie.

As seis espécies de marsupiais americanos consideradas neste estudo pertencem à família Didelphidae. São elas: *Didelphis albiventris*, *Didelphis aurita*, *Didelphis marsupialis*, *Caluromys philander*, *Caluromys derbianus* e *Marmosops incanus*.

O banco de dados utilizado neste trabalho é proveniente de Astúa (2004) e é apresentado nas Tabelas 1 e 2 e representado na Figura 1. Os dados correspondem a coordenadas Cartesianas bidimensionais referentes a mandíbulas de 418 indivíduos (marsupiais da família Didelphidae). Para cada indivíduo, dispõe-se de um conjunto de coordenadas referentes a 19 marcos anatômicos na mandíbula do marsupial. Os dados foram tratados para ficarem dispostos na forma de matrizes de configuração, como descrito em (1). Tem-se, portanto, 418 matrizes de dimensão 19×2 , onde cada linha de uma matriz corresponde à coordenada no plano de um marco anatômico e cada matriz representa o conjunto de coordenadas de marcos na mandíbula de um indivíduo.

Para obter esses dados foram tiradas fotografias das mandíbulas dos espécimes, alinhando o plano do processo coronóide paralelo à base e à lente da câmera (lado labial direcionado para a lente). Quando os dois ramos mandibulares encontravam-se fundidos, a mandíbula foi apoiada em uma caixa furada, de modo que um ramo ficasse paralelo à base e à lente da câmera e o outro suspenso, no interior da caixa. Os marcos anatômicos foram digitalizados nas imagens com o software TPSDig. Este software foi desenvolvido por F. James Rohlf da State University of New York at Stone Brook e pode ser obtido através do site <<http://life.bio.sunysb.edu/morph/soft-dataacq.html>>. Para mais detalhes técnicos relacionados à aquisição das imagens, (Astúa, 2004, p.56-59).

Foram realizados testes de hipótese para verificar se as formas médias das mandíbulas de machos e fêmeas são iguais. Os testes foram T^2 de Hotelling, de Goodall, teste com a estatística de James e o teste com a estatística λ , obtendo-se os p -valores tabelados apresentados na Tabela 3. Para cada uma das quatro estatísticas envolvidas nos testes mencionados, ainda foram realizados testes de permutação e testes bootstrap (com 200 réplicas de permutação e 200 réplicas bootstrap para cada

Tabela 2 - Descrição dos marcos anatômicos

Marcos anatômicos	Descrição
(1)	Base do primeiro incisivo inferior.
(2)	Base do quarto incisivo inferior.
(3)	Extremidade posterior do alvéolo do canino inferior.
(4)	Base do terceiro premolar e do primeiro molar inferior direito, no ponto onde os dentes se encontram com o dentário.
(5)	Base posterior do quarto molar inferior direito, no ponto onde o dente se encontra com o dentário.
(6)	Ponto de encontro entre o ramo horizontal da mandíbula e o início do processo coronóide (ponto de maior inflexão e base do processo coronóide).
(7)	Ponto de maior inflexão (extremidade dorsal) da borda anterior do processo coronóide.
(8)	Ponto mais alto (mais dorsal) do processo coronóide.
(9)	Extremidade posterior do processo coronóide (início da borda posterior do processo coronóide).
(10)	Ponto de maior inflexão da curvatura entre o processo articular e a borda posterior do processo coronóide (base da borda posterior).
(11)	Extremidade lateral ou labial do côndilo articular.
(12)	Base posterior do processo angular.
(13)	Extremidade do processo angular.
(14)	Base anterior do processo angular.
(15)	Projeção do marco anatômico 5 na borda ventral da mandíbula, perpendicularmente à linha formada pelos marcos 4 e 5.
(16)	Projeção do marco anatômico 4 na borda ventral da mandíbula, perpendicularmente à linha formada pelos marcos 4 e 5.
(17)	Projeção do marco anatômico 3 na borda ventral da mandíbula, perpendicularmente à linha formada pelos marcos 3 e 4.
(18)	Extremidade antero-ventral da fossa massetérica.
(19)	Forâmen mental anterior.

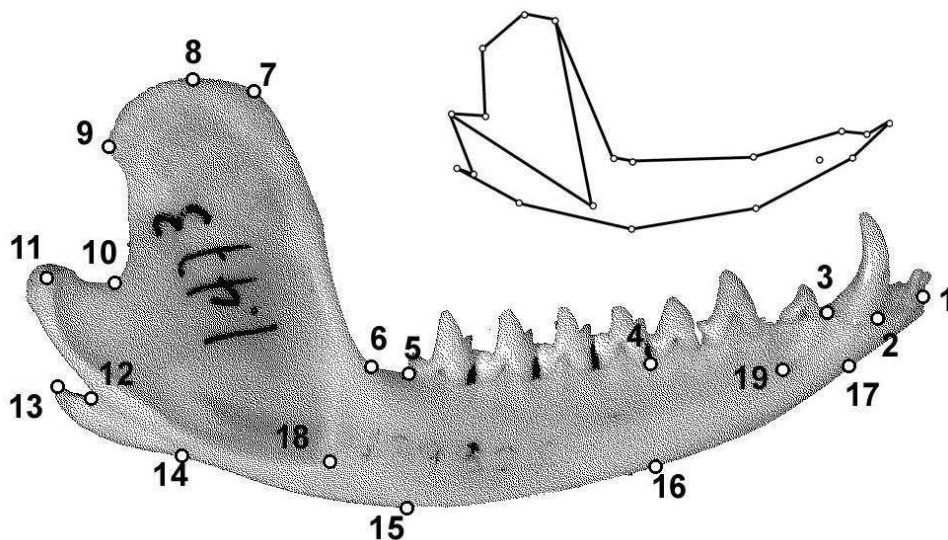


Figura 1 - Marcos anatômicos na mandíbula do *Lutreolina crassicaudata*.

teste). Todos os testes foram realizados utilizando a função `resampletest`, presente no pacote `shapes` do R, versão 2.6.0. Esta função recebe os dados, que devem estar dispostos como matrizes de tamanho $k \times m$ (onde k é o número de marcos anatômicos e m é a dimensão em que a forma está sendo estudada) e retorna os p -valores referentes aos quatro testes citados. Para mais detalhes sobre o pacote `shapes`, consulte <http://www.maths.nott.ac.uk/~ild/shapes>.

A primeira coluna da Tabela (3) contém abreviaturas dos nomes científicos das espécies estudadas; são elas: ALB (*D. albiventris*), AUR (*D. aurita*), MAR (*D. marsupialis*), PHI (*C. philander*), DER (*C. derbianus*) e INC (*M. incanus*). Na Tabela 1, N_m e N_f remetem ao número de indivíduos dos grupos macho e fêmea, respectivamente, para cada espécie; N_T significa o número de indivíduos em cada amostra de espécie. Note que somente para as espécies *D. albiventris* e *M. incanus*, $N_T = N_m + N_f$. Isto porque no banco de dados, não havia informação do sexo de alguns indivíduos; por exemplo, 6 dos 68 indivíduos do grupo *C. derbianus*, foram excluídos das amostras para os testes de dimorfismo sexual.

Pode ser visto na Tabela 3, que os testes T^2 de Hotelling e James com bootstrap foram muito diferentes daqueles respectivos tabelados e de permutação. Por exemplo, o teste de James na forma tabelada forneceu p -valor 0 para a espécie *D. aurita*, enquanto o teste com bootstrap da mesma estatística forneceu p -valor 0.8407; esta grande diferença deve-se ao fato de os tamanhos amostrais terem sido muito pequenos, $N_m = 28$ e $N_f = 27$ (veja a Tabela 1). Por outro lado, os testes de permutação e os testes na forma tabelada, para estas duas estatísticas, apresentaram p -valores próximos, como é o caso da espécie *C. derbianus* que, no teste T^2 de

Hotelling, apresentou p -valor tabelado 0.0945 e p -valor de permutação 0.1094.

Observou-se que os testes de Goodall de permutação e com bootstrap apresentaram p -valores muito próximos, e em alguns casos, iguais até a quarta casa decimal; a espécie *M. incanus*, por exemplo, apresentou p -valores de permutação e bootstrap ambos iguais a 0.0049. Os p -valores tabelados da estatística do teste de Goodall foram muito diferentes dos p -valores de permutação e bootstrap no caso das espécies *C. philander* e *C. derbianus*.

Os testes com a estatística λ foram os que apresentaram os menores p -valores. Se adotássemos um nível de significância 0.01, os testes na forma tabelada rejeitariam a hipótese de igualdade entre as formas médias das mandíbulas de macho e fêmea para todas as espécies. Comparando os testes de permutação e bootstrap com a estatística λ , vê-se que os p -valores diferiram para algumas espécies, como por exemplo *C. derbianus*, para a qual observou-se p -valores de permutação e de bootstrap iguais a 0.0597 e 0.1293, respectivamente; no entanto, para a espécie *D. aurita*, tais p -valores foram iguais até a quarta casa decimal (0.0049).

É bastante notável na Tabela 3 a diferença entre os p -valores associados aos testes relacionados à espécie *C. philander* e às demais espécies. Os p -valores, principalmente os de permutação e bootstrap, referentes aos testes com *C. philander* distaram razoavelmente pouco entre si e bastante, se comparados à maior parte dos p -valores associados a testes com outras espécies. Isto pode ser devido ao tamanho das amostras dos grupos macho e fêmea da espécie *C. philander* (52 e 50, respectivamente) serem bem maiores que os referentes às demais espécies; por exemplo, para *D. aurita*, $N_m = 28$ e $N_f = 27$ (Tabela 1). O teste bootstrap pode ser utilizados para qualquer tamanho de amostra, porém funciona melhor para tamanhos de amostras grandes; os resultados são mais confiáveis à medida que o tamanho da amostra aumenta.

De um certo modo, os resultados dos testes refletem o fato que dados reais estão sendo utilizados. Comparações destes testes devem ser feitas com estudos de simulação. Ao se trabalhar com dados reais, algumas suposições impostas em casos de simulação não podem ser fixadas.

Conclusões

Um profissional interessado no uso destes testes pode perguntar: Qual é o melhor teste? Que teste devo usar para que situação?

Os melhores testes são os de bootstrap e de permutação e a melhor estatística é a λ (vide Amaral et al. (2007)).

Os teste de bootstrap e de permutação são não paramétricos e, portanto, fornecem melhores resultados do aqueles relativos aos testes de Goodall e T^2 de Hotelling (Vide Amaral et al. (2007)). Os testes de Goodall e T^2 de Hotelling são baseados na normalidade das coordenadas tangentes. Esta propriedade só se verifica na prática quando a variabilidade das formas em relação à forma média é pequena. Por outro lado, os testes de permutação e de bootstrap solucionam este problema.

Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio da FACEPE (Proc. APQ-0351-2.04/06 (D.A.) e APQ-0461-1.02/06 (G.J.A.A.)), CNPQ, FAPESP, American Society of Mammalogists, Ministério da Saúde e aos revisores do artigo.

SILVEIRA, F. V. J.; AMARAL, G. J. A.; ASTÚA, D. Permutation and bootstrap tests in statistical shape analysis: a zoology study. *Rev. Bras. Biom.*, São Paulo, v.26, n.3, p.91-xx, 2008.

- **ABSTRACT:** *This paper reviews basic concepts of statistical shape analysis. Bootstrap and permutation tests are also considered. All these concepts are applied to a real problem of zoology.*
- **KEYWORDS:** *Morphometrics; landmarks; bootstrap; statistical shape analysis.*

Referências

- ADAMS, D. C.; ROHLF, F. J.; Slice, D. E. Geometric morphometrics: ten years of progress following the 'revolution'. *Ital. J. Zool.*, Modena, v.71, n.1, p.5-16, 2004.
- AMARAL, G. J. A.; DRYDEN, I. L.; WOOD, A. T. A. *Pivotal bootstrap methods for k-sample problems in directional statistics and shape analysis*, J. Am. Stat. Assoc., Washington, v.102, n.478, p.695-708, 2007.
- ARAÚJO, L. H. G. D. *Agrupamento em análise de formas*. 2008. Thesis (Ms.C.) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2008.
- ASTÚA, D. M. *Evolução morfológica do crânio e elementos pós-cranianos dos marsupiais americanos*. 2004. 462f. Thesis (Ph.D.) – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2004.
- DAVISON, A. C.; HINKLEY, D. V. *Bootstrap methods and their application*. Cambridge: Cambridge University Press, 1997. 582p.
- DRYDEN, I. L.; MARDIA, K. V. *Statistical shape analysis*. Chichester: Wiley and Sons, 1998. 347p.
- EFRON, B.; TIBSHIRANI, R. J. *An introduction to the bootstrap*. New York: Chapman & Hall/CRC, 1998. 436p.
- GALTON, F. Classification of portraits. *Nature*, London, v.76, n.1981, p.617-8, 1907.
- JAMES, G. S. Tests of linear hypotheses in univariate and multivariate analysis when the ratios of the population variances are unknown. *Biometrika*, Washington, v.41, n.1-2, p.19-43, 1954.
- OLIVEIRA, L. R. D.; HINGST-ZAHER, E.; MORGANTE, J. S. Size and shape sexual dimorphism in the skull of the south american fur seal, *Arctocephalus*

- Australis* (Zimmermann, 1783) (Carnivora: Otariidae). *Lat. Am. J. Aquat. Mamm.*, Rio de Janeiro, v.4, n.1, p.27-40, 2005.
- KENDALL, D. G. The diffusion of shape. *Adv. Appl. Probab.*, Sheffield, v.9, n.3, p.428-430, 1977.
- KENDALL, D. G. Shape manifolds, procrustean metric and complex projective spaces. *Bull. Lond. Math. Soc.*, London, v.16, n.2, p.81-121, 1984.
- KENDALL, D. G.; BARDEN, D.; CARNE, T. K.; LE, H. *Shape and shape theory*, London: John Wiley & Sons, 1999. 306p.
- KENT, J. T. Data analysis for shapes and images. *J. Stat. Plann. Infer.*, Amsterdam, v.57, n.2, p.181-193, 1997.
- SMALL, C. G. *The statistical theory of shape*. New York: Springer-Verlag, 1996. 227p.
- TEMELES, E. J.; PAN, I. L.; BRENNAN, J. L.; HORWITT, J. N. Evidence for ecological causation of sexual dimorphism in a hummingbird. *Science*, London, v.289, n.5478, p.441-443, 2000.
- ZELDITCH, M. L.; SWIDERSKI, D. L.; SHEETS, H. D.; FINK, W. L. *Geometric morphometrics for biologists: a primer*. Boston: Elsevier Academic Press, 2004. 443p.

Received in 07.02.2008.

Approved after revised in 04.10.2008.

Tabela 3 - P-valores dos testes para verificar dimorfismo sexual

Espécie	Tabelado				Permutação				Bootstrap			
	H	G	J	λ	H	G	J	λ	H	G	J	λ
ALB	0.0105	0	0	1.66×10^{-15}	0.0099	0.0049	0.0099	0.0049	0.7661	0.0049	0.7661	0.0248
AUR	0.0028	0	0	0	0.0099	0.0049	0.0099	0.0049	0.8407	0.0049	0.8407	0.0049
MAR	0.0170	0.0064	0	0	0.0149	0.1144	0.0248	0.0049	0.6616	0.0746	0.6865	0.0049
PHI	0.2194	0.4123	0.088	0.0003	0.2388	0.3333	0.2288	0.0447	0.5273	0.3681	0.5223	0.0895
DER	0.0945	0.1037	0	2.14×10^{-5}	0.1094	0.2189	0.1094	0.0597	0.8457	0.2835	0.8457	0.1293
INC	3.03×10^{-7}	0	0	0	0.0049	0.0049	0.0049	0.0049	0.1791	0.0049	0.1791	0.0049