

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/307940803>

Guia para análise de redes ecológicas

Book · September 2016

CITATIONS

2

READS

3,568

4 authors:



Marco Aurelio Ribeiro Mello

University of São Paulo

102 PUBLICATIONS 1,823 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Renata Lara Muylaert

Massey University

82 PUBLICATIONS 416 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Rafael Pinheiro

University of Campinas

17 PUBLICATIONS 207 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Gabriel Moreira Félix

University of Campinas

17 PUBLICATIONS 197 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)

Some of the authors of this publication are also working on these related projects:



Ecology of hantavirus and ectoparasites among wild small mammals [View project](#)



Sobrevivendo na Ciéncia [View project](#)

Guia para Análise de Redes Ecológicas

Marco Aurelio Ribeiro de Mello

Renata de Lara Muylaert

Rafael Barros Pereira Pinheiro

Gabriel Moreira Felix Ferreira



MARCO AURELIO RIBEIRO DE MELLO

RENATA DE LARA MUylaert

RAFAEL BARROS PEREIRA PINHEIRO

GABRIEL MOREIRA FELIX FERREIRA

Guia para análise de redes ecológicas

1^a EDIÇÃO

Belo Horizonte

2016

AGRADECIMENTOS

Este guia foi elaborado originalmente em 2008 com a ajuda de diversos colegas do Brasil, Alemanha, Espanha e outros países, especialmente Paulo Guimarães Jr., Pedro Jordano, Flávia Marquitti, Márcio Araújo, Mário Almeida-Neto, Carsten Dormann, Nico Blüthgen, Pavel Dodonov, Andrej Mrvar e Vladimir Batagelj. De 2013 em diante, o guia passou a ser amplamente revisto e atualizado por Renata Muylaert e mais recentemente, desde 2015, por Rafael Pinheiro e Gabriel Felix, que entraram como coautores. Agora, em 2016, resolvemos transformá-lo em um livro.

AVISO

O conteúdo deste guia, incluindo textos e imagens, pode ser reproduzido à vontade, gratuitamente, desde que não seja modificado, não seja usado para fins comerciais e sejam sempre citados os nomes dos autores e o site do nosso laboratório <https://marcomellolab.wordpress.com>. Se este guia ajudar você na análise dos dados da sua monografia, dissertação, tese, artigo, livro, relatório, pôster, palestra, aula ou qualquer outro tipo de trabalho acadêmico, por favor, mencione isso nos agradecimentos.

© 2016 Os autores. Alguns direitos reservados.



<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

ISBN-13: 978-85-921757-0-2

Agência Brasileira do ISBN

ISBN 978-85-921757-0-2



Sumário

Agradecimentos.....	2
Aviso.....	2
Introdução.....	5
Artigos de divulgação científica.....	5
Livros de divulgação científica.....	5
Livros técnicos.....	6
Revisões técnicas.....	6
1. Primeiro passo: preparando as matrizes e os arquivos.....	8
Programas para análise de redes complexas:.....	8
1.1. Ordenamento e transformação da matriz.....	10
1. Prepare sua matriz no <i>Excel</i> , <i>Numbers</i> , <i>Calc</i> ou equivalente:.....	10
2. Transformação de matriz ponderada em binária:.....	12
3. Ordenamento da matriz:.....	13
1.2. Matriz para o <i>Aninhado</i> , NTC e Ataque.....	15
1.3. Matriz para o <i>Pajek</i> e o <i>Gephi</i>	16
1.3.1. Como preparar uma rede multicamada para o <i>Pajek</i>	18
1.4. Matriz para o <i>Dieta</i>	20
1.5. Matriz para o <i>Netcarto</i>	21
1.6. Matriz para o pacote bipartite do R.....	23
1.7. Matriz para o <i>Modular</i>	24
1.8. Criando uma projeção unipartida de uma rede bipartida.....	24
1.9. Sumário dos formatos usados em cada programa.....	26
2. Segundo passo: visualizando as redes como grafos.....	27
2.1. Desenhando grafos no <i>Pajek</i>	27
2.1.1. Grafos circulares ou energizados.....	27
2.1.2. Grafos bipartidos.....	30
2.1.3. Grafos 3D.....	31
Grafos 2D com um <i>look</i> 3D.....	31
Grafos verdadeiramente 3D.....	32
2.1.4. Personalizações adicionais dos grafos.....	35
Trocando os símbolos dos vértices.....	35
Criando partições arbitrárias.....	38
2.1.5. Desenhando uma rede multicamada.....	44
2.2. Desenhando grafos no pacote bipartite do R.....	46
Desenhando grafos no R.....	46
2.3. Desenhando grafos no <i>Gephi</i>	50
3. Distribuição do grau.....	51
4. Aninhamento.....	54
4.1. Aninhamento pela métrica <i>T</i>	54
No programa Nestedness Temperature Calculator (NTC):.....	54
No programa <i>Aninhado</i> :.....	56
4.2. Aninhamento pela métrica <i>NODF</i>	58
5. Conectividade.....	60
5.1. Conectância.....	60
5.2. Caminhos.....	61
6. Dependência.....	63

6.1. Dependência.....	63
6.2. Assimetria de dependência.....	66
7. Especialização.....	73
1. Especialização no nível dos indivíduos de uma população.....	73
2. Especialização no nível da população.....	73
3. Especialização na comunidade.....	75
8. Subgrupos coesos.....	76
8.1. Componentes.....	76
8.2. w-cliques.....	77
8.3. Módulos.....	83
Modularidade binária.....	83
Modularidade ponderada.....	88
Algoritmo Louvain.....	89
9. Robustez.....	91
9.1. Simulações de remoção de vértices no Ataque.....	91
Preparação da matriz:.....	91
flavia-tli.....	92
flavia-tl2.....	93
clustersex2.....	93
9.2. Simulações de remoção de vértices no pacote bipartite do R.....	94
Método de Memmott et al. (2004) - inclinação da curva de extinção (β):.....	94
Método de Burgos et al. (2007) - área debaixo da curva de extinção (R):.....	96
10. Centralidade.....	97
10.1. Centralidade por grau.....	97
10.2. Centralidade por proximidade.....	98
10.3. Centralidade por intermédio.....	98
11. Sinal filogenético, taxonômico e geográfico.....	99
11.1. Análises de sinal.....	99
11.2. Matrizes de dissimilaridade.....	100
11.2. Teste de Mantel.....	103
12. Leituras adicionais sobre redes.....	104
Artigos sobre teoria de redes:.....	104
Artigos teóricos sobre redes ecológicas:.....	104
Artigos sobre redes mutualistas:.....	105
13. Pequeno dicionário de redes.....	107

INTRODUÇÃO

1. Este guia foi feito para ajudar iniciantes na análise de redes ecológicas. Muitas destas dicas servem para qualquer tipo de rede, mas a maioria tem um viés para Ecologia, especialmente para o estudo de redes bipartidas animal-planta. Esperamos ajudar também os colegas mais experientes, criando um compêndio dos programas e métricas mais usados.
2. **Importante: não rode as análises sem primeiro estudar a lógica, premissas e aplicações delas!**
Como estamos falando aqui da aplicação da teoria de redes à Ecologia, números mágicos sem um contexto biológico claro não significam nada. Para entender a teoria que está por trás desses cálculos é necessário ler pelo menos o básico dos quase 300 anos¹ da literatura de grafos e redes. Além disso, a teoria de grafos é aplicada à Ecologia pelo menos desde 1880² e, portanto, a literatura específica também é vasta. Veja também o blog do Prof. Marco Mello com dicas para cientistas iniciantes, incluindo conselhos para o uso correto de análises quantitativas na Ecologia: <http://marcoarmello.wordpress.com/>.
3. O foco deste guia são as análises e não a teoria. Para entender os conceitos envolvidos em cada métrica de redes, consulte a bibliografia básica recomendada nesta seção e também os outros trabalhos listados no final do guia. Ou participe do Curso de Redes Ecológicas, oferecido no PPG Ecologia da USP (veja informações no site do nosso laboratório).
4. No site do nosso laboratório, seção “Software”, você encontrará vários scripts e tutoriais complementares às análises descritas neste guia.
5. Se tiver dúvidas sobre o significado dos termos usados neste guia, consulte o “[Pequeno Dicionário de Redes](#)” na última seção.
6. Entre no maravilhoso mundo das redes complexas, lendo os seguintes trabalhos introdutórios:

Artigos de divulgação científica

Costa LF. 2005. Redes complexas: modelagem simples da natureza. [Ciência Hoje 36\(213\)](#):34-39.

Mello MAR. 2010. Redes mutualistas: pequenos mundos de interações entre animais e plantas. [Ciência Hoje 47\(277\)](#):32-37.

Livros de divulgação científica

Barabasi AL. 2003. *Linked: How everything is connected to everything else and what it means for science, business and everyday life*. New York: Plume. 304 p.

Christakis NA, Fowler JH. 2009. *Connected: the surprising power of our social networks and how they shape our lives*. New York: Little, Brown and Company. 338 p.

Watts DJ. 2003. *Six degrees: the science of a connected age*. New York: W.W. Norton & Company Ltd. 374 p.

¹Euler L. 1741. Solutio problematis ad geometriam situs pertinentis. Commentarii Academiae Scientiarum Petropolitanae 8:128-140.

²Camerano L. 1880. On the equilibrium of living beings by means of reciprocal destruction. Atti della Reale Accademia delle Scienze di Torino 15(8):393-414.

Livros técnicos

- Barabasi A-L. 2016. Network science. Cambridge: Cambridge University Press. 498 p.
- Bascompte J & Jordano P. 2014. Mutualistic networks. Princeton: Princeton University Press. 206 p.
- Chartmand G. 1977. Introductory graph theory. New York: Dover Publications. 294 p.
- Dunne J, Pascual M. 2006. Ecological networks: linking structure to dynamics in food webs: Oxford University Press. 416 p.
- Feofiloff P, Kohayakawa Y, Wakabayashi Y. 2011. Uma introdução sucinta à teoria dos grafos. São Paulo: Authors. 61 p.
- Jurkiewicz S. 2009. Grafos – uma introdução. Rio de Janeiro: Author. 111 p.
- Newman M, Barabasi AL, Watts DJ. 2006. The structure and dynamics of networks. Princeton: Princeton University Press. 624 p.
- Pimm SL. 2002. Food webs. Chicago: The University of Chicago Press.
- Tscharntke T, Hawkins BA. 2008. Multitrophic level interactions. Cambridge: Cambridge University Press. 288 p.

Revisões técnicas

- Barabasi A-L. 2009. Scale-free networks: a decade and beyond. *Science* 325(5939):412-413.
- Bascompte J. 2007. Networks in ecology. *Basic and Applied Ecology* 8(6):485-490
- Bascompte J, Jordano P. 2007. Plant-animal mutualistic networks: the architecture of biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 38:567-593.
- Bascompte J. 2009. Disentangling the web of life. *Science* 325(5939):416-419.
- Bascompte J. 2010. Structure and dynamics of ecological networks. *Science* 329(5993):765-766.
- Blüthgen N, Menzel F, Hovestadt T, Fiala B, Bluthgen N. 2007. Specialization, constraints, and conflicting interests in mutualistic networks. *Current Biology* 17(4):341-346.
- Costa LD, Rodrigues FA, Travieso G, Boas PRV. 2007. Characterization of complex networks: a survey of measurements. *Advances in Physics* 56(1): 167-242.
- Fründ J, McCann KS, Williams NM. 2016. Sampling bias is a challenge for quantifying specialization and network structure: lessons from a quantitative niche model. *Oikos* 125:502–513.
- Ings TC, Montoya JM, Bascompte J, et al. 2009. Ecological networks - beyond food webs. *Journal of Animal Ecology* 78:253–269.
- Kivela M, Arenas A, Barthelemy M, et al. 2014. Multilayer networks. *Journal of Complex Networks* 2:203–271.
- Olesen JM, Dupont YL, O'Gorman E, Ings TC, Layer K, Meli-n CJ, Trojelsgaard K, Pichler DE, Rasmussen C, Woodward G, Guy W. 2010. From Broadstone to Zackenberg: Space, Time and Hierarchies in Ecological Networks. *Advances in Ecological Research*: Academic Press. p 1-69.

Ulrich W, Almeida-Neto M, Gotelli NJ. 2009. A consumer's guide to nestedness analysis. Oikos 118:3-17.

1. PRIMEIRO PASSO: PREPARANDO AS MATRIZES E OS ARQUIVOS

Para analisar redes ecológicas você utilizará diversos programas, cada um deles com formatos de input diferentes. Assim, é essencial que você faça uma boa organização dos arquivos gerados e programas instalados no seu computador para que você não se perca. Algumas dicas para te ajudar nisso: (i) memorize os caminhos até o arquivo no qual você salvou o que precisa, pois isso pode te salvar um tempo precioso;(ii) configure o Windows, MacOS ou Linux para sempre mostrar todas as extensões dos arquivos;(iii) além disso, nomeie os arquivos de maneira que os mesmos te informem o que contém de forma clara e direta. Por exemplo, se eu preparei uma matriz contendo interações entre morcegos e frutos para o programa Pajek, posso nomeá-la no bloco de notas como “dispersao1_pajek.txt”.

Na seção “Software” do site do nosso laboratório você encontrará um script em linguagem R, para transformar uma lista de interação nos arquivos de input para a maioria dos programas usados nas análises descritas neste guia. Outra opção é montar separadamente cada um destes arquivos como descrito nas sessões abaixo.

Aviso: Não adianta apenas ler as dicas dadas neste livro, se você quiser ir realmente a fundo na análise de redes complexas. É fundamental ler também os manuais de cada programa (a.k.a. *readme*) e os artigos em que cada um deles foi oficialmente apresentado à Academia.

Programas para análise de redes complexas:

1. *Aninhado* (<http://www.guimaraes.bio.br/sof.html>): faz os cálculos do aninhamento (T ou $NODF$) e da sua significância (P) com base em um procedimento de Monte Carlo, usando quatro modelos nulos.
2. *Ataque*: roda simulações de extinções para análises de sensibilidade. Peça este programa diretamente à criadora, Flávia Marquitti: <http://lattes.cnpq.br/7508893984768914>.
3. *Pacote bipartite para R* (<http://cran.r-project.org/web/packages/bipartite/index.html>): permite fazer várias análises de redes bipartidas. O R é um ambiente e uma linguagem de programação orientada ao objeto, ao estilo do S e do MatLab. Para saber mais sobre o R, visite o site oficial: <http://www.r-project.org/>. Através do instalador embutido no menu do R, baixe via Internet e instale todos os pacotes “dependencies”. **Aviso:** evite instalar os pacotes localmente através de arquivos ZIP, procure usar sempre as versões mais atualizadas do R e dos pacotes e, por via das dúvidas, não mantenha duas versões do R instaladas no mesmo computador. Há bons cursos sobre estatística, análise de dados e modelagem matemática em R para biólogos sendo oferecidos no Brasil, incluindo pelo menos três cursos da Ecologia da UFMG (<https://www.ufmg.br/pos/ecologia/index.php/disciplinas>) e outro da Ecologia da USP (<http://ecologia.ib.usp.br/bie5782/doku.php?id=start>).
4. *Dieta* (<https://webspace.utexas.edu/ma4775/index.html>): faz análises de especialização individual e subgrupos coesos em redes ponderadas, com base na sobreposição de nicho entre os vértices (índices $EeCws$).

5. *Gephi* (<http://gephi.github.io>): desenha grafos elegantes e calcula diversas métricas de redes complexas. Destaca-se pela excelente qualidade como ferramenta de desenho e pela estrutura *open source* e modular, que permite a criação de suplementos com análises adicionais.
6. *Modular* (<http://sourceforge.net/projects/programmodular/files/>): programa usado para fazer análises de modularidade em redes bipartidas e unipartidas, além de trabalhar tanto com redes binárias quanto ponderadas, e usar diferentes algoritmos para detecção de módulos. Inclui a estimativa de significância por Monte Carlo.
7. *Nestedness Temperature Calculator* (<http://aics-research.com/nestedness/tempcalc.html>): também conhecido como *NTC*, calcula o aninhamento, utilizando apenas a métrica T e o modelo nulo Erdős-Rényi. Porém, o programa é muito didático, já que desenha a matriz compactada, roda o teste Monte Carlo com acompanhamento do histograma em tempo real e fornece informações adicionais sobre presenças e ausências inesperadas, sendo muito útil em aulas práticas. **Aviso:** programas antigos como o NTC podem precisar de ajustes para rodar em versões mais novas do Windows; veja dicas sobre isso: <https://support.microsoft.com/pt-br/kb/975478>.
8. *Netcarto*: faz cálculos de modularidade e papel funcional em redes binárias com base em um procedimento de arrefecimento simulado. Recomendamos usar este programa em um computador com processador de 2.0 GHz e 4 MB de memória RAM, no mínimo). Peça este programa diretamente a Roger Guimerà: <http://www.etseq.urv.cat/seeslab//people/guimera/>.
9. *Pajek* (<http://pajek.imfm.si/doku.php?id=pajek>): é o melhor e mais completo programa para análise de redes complexas, pois combina vários tipos de métricas com ricas ferramentas de desenho. Para usar esse programa de maneira mais eficiente, recomendo comprar um livro, que funciona como seu manual: Nooy W, Mrvar A, Batagelj V. 2005. Exploratory social network analysis with Pajek. New York: Cambridge University Press. 334 p. Há também uma edição mais recente, de 2011, sendo vendida pela Amazon. **Aviso:** as instruções dadas aqui baseiam-se nas versões de 3.15 para cima. **Aviso:** instale o Pajek na raiz do HD em uma pasta chamada “C:\Pajek” e não na pasta “Arquivos de Programa” (default do Windows).
10. *UCINET* (<http://www.analytictech.com/downloaduc6.htm>): serve para fazer diversos cálculos de estrutura, sendo usado em conjunto com o *Dieta* para identificar cliques.

Programas auxiliares:

11. *Cortona3D* (<http://www.cortona3d.com>): usado para visualizar grafos 3D criados no Pajek em formato de realidade virtual (VRML). Baixe a versão “viewer”, que é um plugin para navegadores.
12. *GIMP* (<http://www.gimp.org/>): usado para ler e editar arquivos SVG (imagens vetoriais) criados no Pajek e outros programas. Arquivos SVG criados no Pajek também podem ser visualizados, porém não editados, em navegadores comuns, como Safari, Explorer, Firefox ou Chrome.
13. *Mage3D* (<http://kinemage.biochem.duke.edu/software/mage.php>): usado para visualizar grafos 3D em formato KIN. Uma versão antiga era distribuída junto com o *UCINET*.
14. *Instant Player* (<http://www.instantreality.org>): usado para visualizar grafos 3D em formatos VRML e X3D. Funciona em Windows, MacOS e Linux.

1.1. Ordenamento e transformação da matriz

1. Prepare sua matriz no *Excel*, *Numbers*, *Calc* ou equivalente:

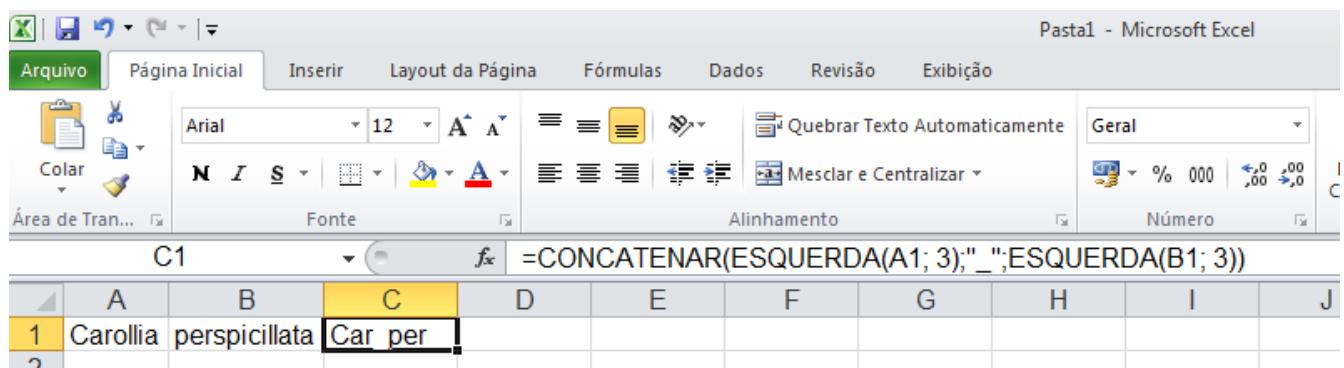
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1		Planta 1	Planta 2	Planta 3	Planta 4	Planta 5	Planta 6	Planta 7	Planta 8	Planta 9	Planta 10	Planta 11
2	Animal 1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	
3	Animal 2	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1
4	Animal 3	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0
5	Animal 4	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0
6	Animal 5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	Animal 6	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
8	Animal 7	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0
9												

Dica sobre posições: no caso de uma matriz de interação animal-planta, tanto faz colocar os animais nas linhas e as plantas nas colunas ou vice-versa; o importante é se lembrar da organização depois, quando estiver trabalhando só com os números, sem os rótulos de linhas e colunas. Este formato serve para qualquer rede bipartida, ou seja, que tem dois grupos de vértices e nas quais só pode haver conexões entre vértices de grupos diferentes (polinizadores x plantas, empresas x produtos, cientistas x artigos, atores x filmes, etc.). Cada “0” (zero) representa ausência de interação e cada “1” (um) representa presença de interação (matriz binária). Cuidado para não escrever “O” (letra “o” maiúscula) no lugar de “0” (zero numeral). Sua matriz pode ser também ponderada, ou seja, com algum tipo de peso para as interações, por exemplo, número de visitas observadas de uma espécie de polinizador a uma espécie planta.

Dica sobre duplicatas: para evitar erros nas análises e para que a sua rede possa ser usada no pacote bipartite do R, ela não pode ter rótulos de linhas e nem de colunas duplicados. No caso de matrizes grandes, é fácil esse erro passar despercebido. Para checar duplicatas ainda no Excel, use a função disponível em “Página inicial > Formatação condicional > Realçar regras das células > Valores duplicados”. Assim, os rótulos duplicados ficarão destacados.

Dica sobre rótulos: evite rótulos complicados para os vértices (espécies, na maioria dos casos) na sua matriz. Crie nomes curtos, com **no máximo oito caracteres, sem espaços ou caracteres especiais** (cedilha, acentos, til, etc.). Você pode separar o gênero da espécie em duas colunas e usar a função “concatenar” do Excel para simplificar os rótulos, por exemplo, para transformar o nome *Carollia perspicillata* em Car_per. Primeiro você precisa copiar, por exemplo, a coluna com os rótulos das linhas (e depois repetir o procedimento para colunas) em outra coluna fora da matriz. Depois você pode mandar separar os gêneros das espécies com a função do Excel que separa colunas para texto, indicando qual é o separador usado (e.g., espaço ou underline). Por fim, você aplica uma função de concatenar na coluna em branco à direita da coluna que ficar com as espécies, juntando quantos caracteres de cada palavra você gostaria de juntar (i.e., três caracteres da célula A1 com três da célula B1).

Um exemplo básico de função: =CONCATENAR(ESQUERDA(A1;3);"_";ESQUERDA(B1;3)).



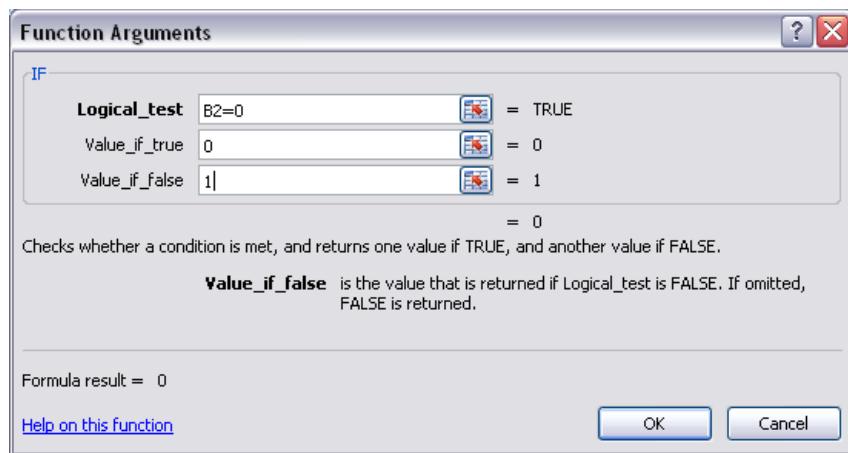
A screenshot of Microsoft Excel showing a formula being entered into cell C1. The formula is =CONCATENAR(ESQUERDA(A1; 3);"_";ESQUERDA(B1; 3)). The cell A1 contains the text "Carollia" and cell B1 contains the text "perspicillata". The formula is intended to concatenate the first three characters of both words with a underscore between them.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Carollia	perspicillata	Car_per							
2										

Dica sobre nome de arquivos: Mantenha seus arquivos organizados no computador. Algo que pode facilitar em muito a organização é nomeá-los de forma simples e informativa. Por exemplo, estou trabalhando com a rede “flores de óleo”, que contem interações entre abelhas e flores. Suponha que a preparei para utilizar no programa aninhado e R. Logo, meus arquivos do bloco de notas podem ser nomeados como “flores_aninhado.txt” e “flores_R.txt”.

2. Transformação de matriz ponderada em binária:

Se a sua matriz original for ponderada, você pode facilmente transformá-la em binária no *Excel*, para que ela possa ser usada em programas como *Aninhado* e *NTC*. Basta usar a função lógica “se” (*if*). Clique numa célula logo abaixo da matriz, fora dela. Insira a função nessa célula. Basta mandar a fórmula ver se a célula equivalente na matriz original é igual a zero; se for, peça para a função deixá-la como zero (0); senão, ela deve ser substituída por um (1). Arraste a fórmula depois, até fazer uma matriz binária com o mesmo tamanho da original. Copie essa nova matriz e cole apenas os valores em outro lugar, para ter sua matriz binária pronta para as análises. Você pode utilizar a função digitando diretamente o teste lógico: =SE(A1=0;0; 1).



Transformação no R: você também pode transformar a sua matriz de ponderada para binária no R, usando o pacote “vegan” e o comando abaixo:

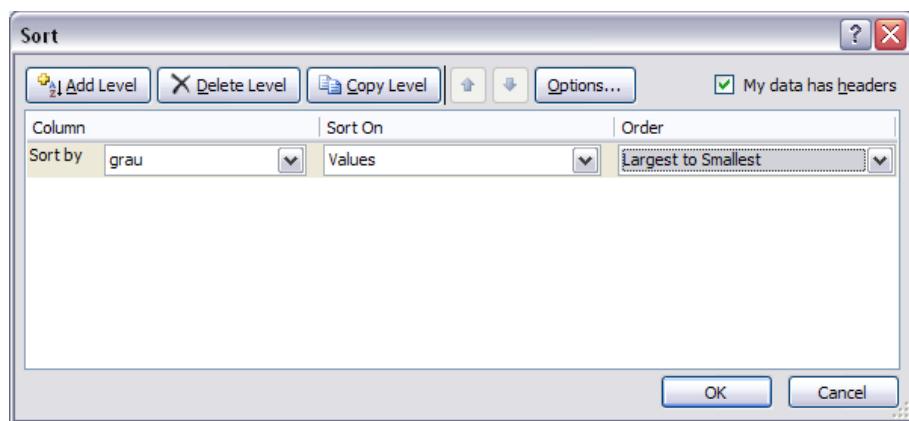
```
data = ifelse(data==0, 0, 1)
```

Esse comando é também uma função lógica do tipo “se”.

3. Ordenamento da matriz:

Para facilitar vários outros procedimentos e desenhar os grafos bipartidos padrão da literatura, convém ordenar sua matriz. Isso significa colocar as linhas e as colunas em ordem decrescente de grau (i.e., número de conexões de cada vértice). Se sua matriz já for binária, basta pedir para calcular os totais marginais de linhas e colunas com a função <soma>. Se a sua matriz for ponderada, você pode usar a função do Excel <cont.se> (count.if) para contar apenas o número de células maiores do que zero em cada linha e coluna. Coloque o resultado da função em um espaço novo para manter a rede ponderada original. Caso queira contar quantas interações existem em um dado intervalo de células, como por exemplo os totais de cada linha ou coluna, use=CONT.SE(A1:AN;">0"). Depois, selecione tudo menos a última linha, e mande o Excel classificar a matriz de acordo com a última coluna em ordem decrescente.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1												
2												
3												
4												
5												
6												
7												
8												
9												
10												
11												
12												
13												
14	grau	8	4	2	1	3	2	3	3	2	2	2
15												



Faça o mesmo para as colunas agora, selecionando tudo, menos a última coluna, que contem os totais das linhas. Mande o Excel classificar a matriz de acordo com a última linha em ordem decrescente. Para ele entender isso, clique em “Classificar e filtrar > Personalizar classificação > Opções” e mande ele ler os valores da esquerda para a direita:

The screenshot shows a Microsoft Excel spreadsheet with data from row 1 to 15 and columns A to L. A red box highlights the main data area (A1:L14), and a yellow box highlights the last column (L1:L14) which contains the totals for each row. Below the spreadsheet, the 'Sort' dialog box is open. In the 'Sort Options' sub-dialog, the 'Orientation' section is set to 'Sort left to right'. The main 'Sort' dialog shows 'My data has headers' checked and 'Order' set to 'A to Z'.

1.2. Matriz para o Aninhado, NTC e Ataque

1. Abra o Bloco de Notas do Windows e escreva o nome da matriz na primeira linha. Dê um nome simples para a sua matriz. Novamente, evite nomes maiores do que oito caracteres e não use caracteres especiais. Copie a sua matriz (sem rótulos de linhas e colunas) do Excel e cole diretamente no Bloco de Notas, logo abaixo da linha com o nome e sem pular linhas.

plantadispersor_ani.txt - Bloco de notas											
Arquivo Editar Formatar Exibir Ajuda											
plantadispersor											
1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0

2. Se quiser usar a matriz no NTC, você precisará remover os caracteres de tabulação entre as células. Para isso, use a função “substituir” no Bloco de Notas (CTRL+H): copie uma das tabulações (espaço entre números) e cole-a no campo “localizar”; no espaço “substituir por”, não escreva nada. A matriz ficará assim:

3. Para usar a mesma matriz no *Ataque*, use a versão salva para o *Aninhado*, removendo a primeira linha com o nome da matriz. Mantenha as tabulações entre as células:

1.3. Matriz para o Pajek e o Gephi

1. Primeiro, você terá que preparar a matriz para ser aberta e lida no Pajek. No Excel, conte o número de linhas e de colunas na matriz. Cuidado para não incluir a coluna e a linha dos rótulos. Você pode fazer essa contagem simplesmente selecionando a área dos dados na matriz e vendo o que é indicado no próprio cursor. 14R significa 14 “rows”, que em português quer dizer linhas.

0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	1	0
14R x 65C					
0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0

2. Muito cuidado agora para não colocar espaços a mais ou pular linhas sem querer: No bloco de notas, escreva nas duas primeiras linhas:

*Vertices X Y

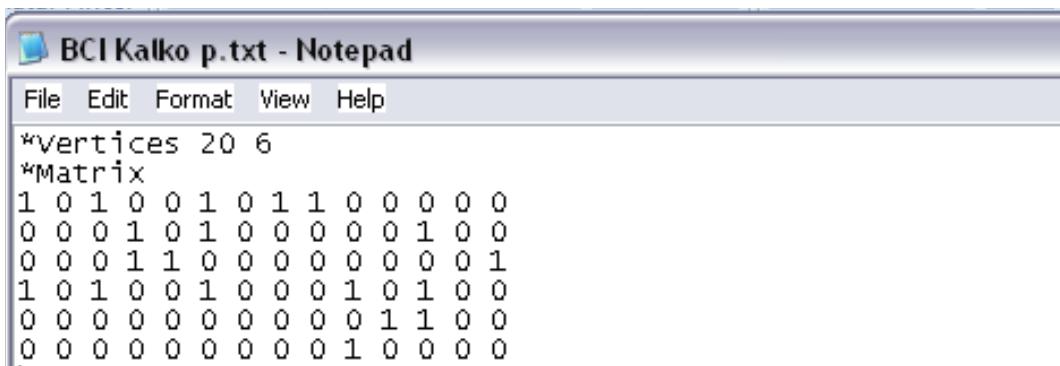
*Matrix

Onde: X = tamanho da matriz (nº linhas+colunas)

Y = número de linhas

3. Logo abaixo, copie só os valores da matriz.

4. Exemplo de formato para uma matriz com 20 espécies no total e 6 linhas:



The screenshot shows a Notepad window titled "BCI Kalko p.txt - Notepad". The menu bar includes File, Edit, Format, View, and Help. The main content area contains the following text:

```
*Vertices 20 6
*Matrix
1 0 1 0 0 1 0 1 1 0 0 0 0 0 0
0 0 0 1 0 1 0 0 0 0 0 1 0 0
0 0 0 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 1
1 0 1 0 0 1 0 0 0 1 0 1 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0
```

5. Abra a matriz no Pajek e salve-a no formato NET, clicando no símbolo do disquete na guia “Networks”.

6. Esse arquivo NET poderá ser aberto diretamente no Gephi.

Dica: o Pajek e o Gephi são capazes de trabalhar com matrizes ponderadas, então você não precisa binarizar sua matriz para usá-la nesses programas. As versões mais novas do Pajek aceitam tabulações para separação de caracteres; logo, não é mais preciso trocá-las por espaços no TXT original.

1.3.1. Como preparar uma rede multicamada para o Pajek

1. O Pajek permite que você trabalhe também com redes que têm mais de um tipo de aresta: ou seja, redes de múltiplas relações (*multiple relation networks*), também conhecidas como redes multicamada ou *multilayer networks*. Isso permite, por exemplo, representar interações de polinização e pilhagem de néctar em um mesmo grafo, sem precisar criar dois grafos separados.

2. Para usar esse recurso, primeiro crie versões idênticas da mesma matriz no Excel, que tenham exatamente o mesmo número de linhas e colunas na mesma ordem. Por exemplo:

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	Matrix :1 polinizacao										
2		Animal01	Animal02	Animal03	Animal04	Animal05	Animal06	Animal07	Animal08	Animal09	Animal10
3	Planta01	100	20	3	1	1	1	1	1	1	1
4	Planta02	50	5	2	1	0	0	0	0	0	0
5	Planta03	10	1	1	1	0	0	0	0	0	0
6	Planta04	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0
7	Planta05	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
8	Planta06	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
9	Planta07	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	Planta08	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	Planta09	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12	Planta10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13											
14	Matrix :2 pilhagem										
15		Animal01	Animal02	Animal03	Animal04	Animal05	Animal06	Animal07	Animal08	Animal09	Animal10
16	Planta01	10	5	3	1	1	1	1	1	1	1
17	Planta02	3	3	2	1	0	0	0	0	0	0
18	Planta03	3	1	1	1	0	0	0	0	5	0
19	Planta04	0	0	1	0	0	0	3	0	0	0
20	Planta05	0	0	30	0	0	0	0	0	0	0
21	Planta06	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
22	Planta07	1	0	0	0	0	0	20	0	0	0
23	Planta08	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24	Planta09	1	0	0	100	0	0	0	0	0	0
25	Planta10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	30

3. Note que as duas matrizes têm o mesmo número de espécies de animais e plantas, e que elas estão na mesma ordem. A diferença entre elas é apenas o **tipo de interação** que foi registrada nas células.

4. Você deve preparar o cabeçalho da mesma maneira que numa rede comum, precisando apenas especificar que cada matriz representa um tipo de aresta direferente.

```
*Vertices 20 10
Matrix :1 polinizacao
100 20 3 1 1 1 1 1 1 1
50 5 2 1 0 0 0 0 0 0
10 1 1 1 0 0 0 0 0 0
2 1 1 0 0 0 0 0 0 0
2 1 0 0 0 0 0 0 0 0
2 1 0 0 0 0 0 0 0 0
1 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 0 0 0 0 0 0 0 0 0
Matrix :2 pilhagem
10 5 3 1 1 1 1 1 1
3 3 2 1 0 0 0 0 0 0
3 1 1 1 0 0 0 0 5 0
0 0 1 0 0 0 3 0 0 0
0 0 30 0 0 0 0 0 0 0
2 1 0 0 0 0 0 0 0 0
1 0 0 0 0 0 20 0 0 0
1 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 0 0 100 0 0 0 0 0 0
1 0 0 0 0 0 0 0 0 30
```

5. Para desenhar o grafo da sua rede multicamada, veja instruções na [seção 2.1.5](#).

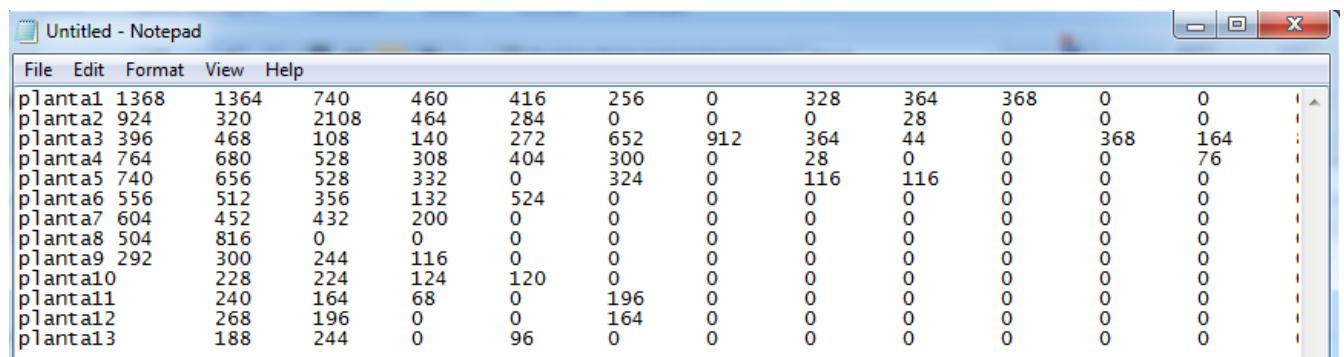
1.4. Matriz para o Dieta

1. Use a sua matriz do Excel. Troque os nomes das espécies por rótulos simples (veja [como fazer isso](#)).

2. Selecione e copie a matriz, excluindo apenas a primeira linha (rótulos das colunas). Lembre-se de manter a primeira coluna (rótulos das linhas):

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
	bicho1	bicho2	bicho3	bicho4	bicho5	bicho6	bicho7	bicho8	bicho9	bicho10	bicho11	bicho12	bicho13
planta1	1368	1364	740	460	416	256	0	328	364	368	0	0	0
planta2	924	320	2108	464	284	0	0	0	28	0	0	0	0
planta3	396	468	108	140	272	652	912	364	44	0	368	164	84
planta4	764	680	528	308	404	300	0	28	0	0	0	76	0
planta5	740	656	528	332	0	324	0	116	116	0	0	0	0
planta6	556	512	356	132	524	0	0	0	0	0	0	0	0
planta7	604	452	432	200	0	0	0	0	0	0	0	0	0
planta8	504	816	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
planta9	292	300	244	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0
planta10	228	224	124	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0
planta11	240	164	68	0	196	0	0	0	0	0	0	0	0
planta12	268	196	0	0	164	0	0	0	0	0	0	0	0
planta13	188	244	0	96	0	0	0	0	0	0	0	0	0

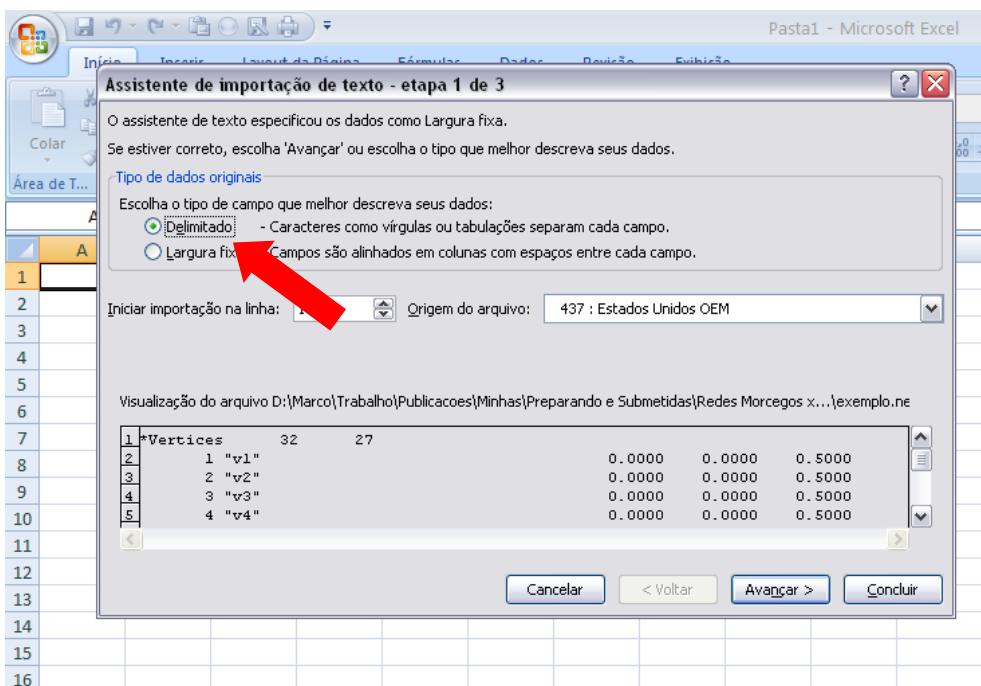
3. Cole em um arquivo TXT do Bloco de Notas:



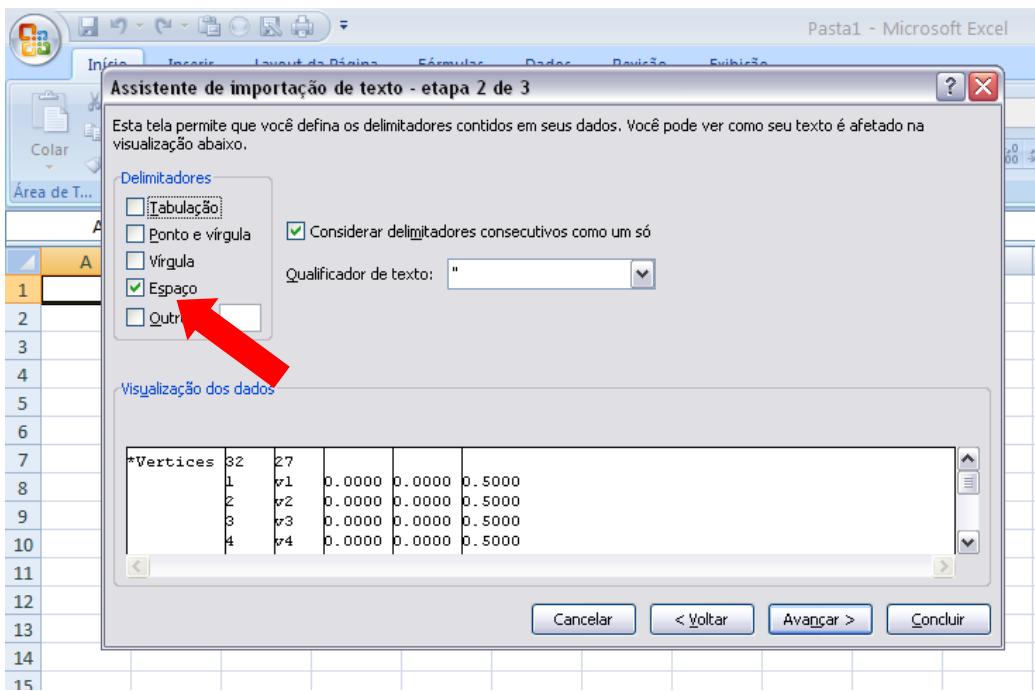
```
Untitled - Notepad
File Edit Format View Help
planta1 1368 1364 740 460 416 256 0 328 364 368 0 0 0
planta2 924 320 2108 464 284 0 0 0 28 0 0 0 0 0
planta3 396 468 108 140 272 652 912 364 44 0 368 164 84
planta4 764 680 528 308 404 300 0 28 0 0 0 0 76 0
planta5 740 656 528 332 0 324 0 116 116 0 0 0 0 0
planta6 556 512 356 132 524 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta7 604 452 432 200 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta8 504 816 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta9 292 300 244 116 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta10 228 224 124 120 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta11 240 164 68 0 196 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta12 268 196 0 0 164 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
planta13 188 244 0 96 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
```

1.5. Matriz para o Netcarto

1. Use a matriz formatada para o *Pajek*. Abra-a no *Pajek* seguindo o caminho “File>Network>Read”.
2. Clique em “File>Network>Save”.
3. Salve a matriz no formato NET(Pajek Arcs/Edges), digitando primeiro um nome para ela.
4. Para ser usado no *Netcarto*, o arquivo deve ser editado. Abra no Excel (Arquivo> Abrir) o arquivo NET criado no Pajek. Informe que o arquivo é delimitado por espaços.



5. Na próxima janela, escolha “espaço” na seção “delimitadores”, e clique em “concluir”:



6. Copie as duas colunas em que está a lista de interações e cole-as no Bloco de Notas.

The screenshot shows a Microsoft Excel spreadsheet with columns A through E. Rows 79 and 80 contain edge data: row 79 has '78 v78' in column B and '0 0' in columns D and E; row 80 has '79 v79' in column B and '0 0' in columns D and E. Row 81 starts with '*Edges'. To the right, a separate window titled 'plantadispersor_net.txt - Bloco de notas' is open, showing the copied edge data pasted into it. The data in the notes window consists of pairs of vertex IDs separated by a space, such as 1 15, 1 16, etc.

7. Seu arquivo está pronto para o Netcarto.

Aviso: o Netcarto foi criado para analisar redes unipartidas, em que potencialmente todos os vértices podem se conectar entre si. Caso a sua rede seja bipartida, i.e., com dois lados separados, você tem duas opções:

1. Criar uma projeção unipartida a partir de um dos lados da rede original ([veja como](#)) e trabalhar com ela no Netcarto ([veja como](#));
2. Trabalhar com a rede bipartida original no Netcarto. Assim, você poderá calcular somente o valor de M e identificar os módulos. O único problema é que você terá que estimar a significância de M de outra forma, sem usar a análise de Monte Carlo embutida no programa ([veja como](#)).

1.6. Matriz para o pacote bipartite do R

Esta é a matriz mais fácil de preparar. Basta apenas copiar sua matriz original do Excel, com os rótulos de linhas e colunas, e colá-la num arquivo do Bloco de Notas, salvando depois em formato TXT. Substitua todos os espaços nos nomes das espécies por *underlines* (e.g.,Carollia_perspicillata). Remova também pontos e caracteres especiais.

Dica: sempre coloque algum numeral depois do nome da rede (por exemplo, “suarede1.txt”), porque isso facilita selecionar, copiar e colar o nome da rede no editor de comandos do R.

	Catharus ustulatus	Machaeropterus regulus	Manacus manacus	Pipra coronata	Pipra lejona	Tachyphonus surinamus	Tangara schrankii	
Artibeus anomus	0	0	0	0	0	0	0	0
Artibeus jamaicensis	0	0	0	0	0	0	0	0
Artibeus lituratus	0	0	0	0	0	0	0	0
Artibeus obscurus	0	0	0	0	0	0	0	0
Carollia perspicillata	0	0	0	0	0	0	0	0
Phyllostomus hastatus	0	0	0	0	0	0	0	0
Rhinophylla pumilio	0	0	0	0	0	0	0	0
Sturnira lilium	0	0	0	0	0	0	0	0
Uroderma bilobatum	0	0	0	0	0	0	0	0
Alouatta trivirgata	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Amaranthaceae	0	0	0	0	0	0	1	1
Anthurium_aeque	0	0	0	0	1	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anthurium_sp.	0	0	0	0	0	2	1	0
Araceae_1	0	0	0	1	0	0	0	0
Araceae_2	0	0	0	0	0	0	0	0
Araceae_3	0	0	0	0	0	0	0	0
Cactaceae_1	0	0	0	0	0	0	0	0
Cecropia_distachya	0	0	0	0	0	0	2	6
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cecropia_ficifolia	0	0	0	0	0	3	12	18
Cecropia_membranacea	0	0	0	0	0	0	5	0
0	0	0	0	0	0	0	1	1
Cecropia_scapulophylla	0	0	0	0	0	0	1	0
Clidemia euploptica	0	0	0	1	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Clidemia_hirta_1	0	0	0	1	2	0	0	0
Clidemia_lamurensis	0	0	0	0	2	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Clusiaceae	0	0	0	0	2	0	0	0
Codonanthus_sp_1	0	0	0	0	0	0	0	0
Coussapoa_peruvifolia	0	1	0	0	1	2	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Coussapoa_sp	0	0	0	0	0	2	0	0
Coussapoa_villosa	1	0	0	0	1	0	0	0
0	0	0	0	0	1	0	0	0
Croton_schiedianus	1	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cucurbitaceae_10	0	0	0	0	0	0	0	0
Dilleniaceae_1	0	1	0	0	0	0	0	0
Ficus_circinata	0	0	0	0	1	0	0	0
Ficus_sp	0	0	0	0	1	0	0	0
Ficus_sp1	0	0	0	0	0	3	0	0
Ficus_sp2	0	0	0	0	0	0	4	2
Ficus_sp3	0	0	0	0	0	1	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	2

Não estranhe a formatação esquisita. O arquivo vai parecer bagunçado, porém o que importa são as tabulações e demais caracteres de formatação, não a aparência do arquivo aberto no Bloco de Notas.

1.7. Matriz para o Modular

Binária, separada por tabulação ou espaço, sem rótulos de linhas e colunas, e a rede pode ser bipartida ou unipartida. Lembre-se que caso a sua rede seja unipartida, necessariamente deve ser simétrica.

1	1	1	0	1	1	1
1	0	0	0	0	0	0
1	0	1	1	0	0	0
1	1	1	1	0	1	1
0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	1
0	0	0	1	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
1	1	0	0	0	1	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1	0	0	0
1	1	0	0	0	1	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
1	1	1	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
1	0	1	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
1	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0

1.8. Criando uma projeção unipartida de uma rede bipartida

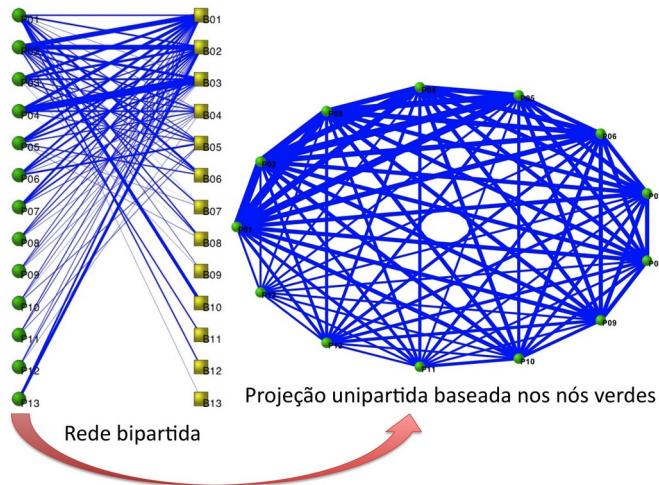
1. É bom lembrar que o *Netcarto* e a maioria dos outros programas usados para análises de modularidade foram feitos para redes unipartidas, ou seja, aquelas onde potencialmente pode haver conexões entre todos os vértices. Porém, é muito comum trabalharmos com redes bipartidas em Ecologia, nas quais há dois grupos separados de vértices, e, portanto não é possível haver conexão entre vértices de um mesmo grupo. Por exemplo: em redes de frugivoria, de um lado ficam os animais e do outro, as plantas. Tudo numa rede depende da definição dada às arestas (conexões ou links). Veja abaixo uma forma de resolver esse problema.

2. Caso você tenha uma rede bipartida e queira analisar a modularidade no Netcarto, você tem a opção de transformá-la primeiro em uma projeção unipartida. Vale lembrar que também é possível analisar a rede original bipartida no Netcarto, porém sem rodar a análise de Monte Carlo para estimar a significância de M . Porém, lembre-se que, caso vá fazer projeções unipartidas, o significado das arestas muda completamente entre a original e a projeção³.

Primeiro, escolha qual dos lados da rede será priorizado: linhas ou colunas. A projeção unipartida focará no lado escolhido, representando apenas os vértices desse lado, e definindo arestas, quando dois vértices compartilharem um mesmo vértice em comum do outro lado da rede (o que une os vértices agora é a interação da original bipartida). Por exemplo, em uma projeção

³É possível analisar redes bipartidas direto no Netcarto, mas sem estimar a significância de M . Leia: Olesen JM, Bascompte J, Dupont YL, Jordano P. 2007. The modularity of pollination networks. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 104(50):19891-19896. E também: Guimera R, Sales-Pardo M, Amaral LAN. 2007. Module identification in bipartite and directed networks. Physical Review E 76(3):036102.

unipartida de uma rede de polinização, caso sejam representadas as plantas, apenas os respectivos vértices aparecerão na projeção. E dois vértices representando plantas estarão ligados quando duas plantas compartilharem um mesopolinizador. Veja no exemplo abaixo:



3. Primeiro, formate sua rede bipartida para o Pajeke abra-a nesse programa.
4. Depois, faça a transformação no Pajek: Network>2-Mode Network>2-Mode to 1-Mode>Rows, caso queira fazer a projeção a partir das linhas, ou >Columns no caso das colunas.
5. Sua projeção já estará pronta. Basta apenas salvar o arquivo criado com um outro nome, no formato NET do Pajek.

1.9. Sumário dos formatos usados em cada programa

Programa	Matriz	Rótulos	Espaçamento	Cabeçalho
Aninhado	binária	sem rótulos	original do Excel	L1: nome da rede
Ataque	binária	sem rótulos	original do Excel	sem
NTC	binária	sem rótulos	remover Os	L1: nome da rede
Dieta	ponderada	apenas linhas	original do Excel	sem
Pajek e Gephi	ambas	sem rótulos	original do Excel	L1: *Vertices X Y (X é o tamanho da matrix; Y é número de linhas) L2: *Matrix
Netcarto	binária	sem rótulos	original do Excel	sem
bipartite (R)	ponderada	linhas e colunas	original do Excel	sem
Modular	binária	sem rótulos	original do Excel	sem

Aviso: Como você percebeu, terá que preparar várias versões de uma mesma matriz para calcular diferentes índices de redes. Por isso, **mantenha uma disciplina de organização dos seus arquivos**, especialmente os originais, senão certamente se perderá no meio do caminho. Crie um sistema lógico para dar nomes aos arquivos e sempre mantenha a salvo uma cópia da matriz original.

Dica: no site do nosso laboratório, seção “Software”, há um script para R que permite criar automaticamente arquivos TXT de uma mesma rede formatados para os programas mencionados nesta seção.

2. SEGUNDO PASSO: VISUALIZANDO AS REDES COMO GRAFOS

Recomendo fortemente analisar a sua rede de forma visual, primeiro como uma matriz e depois como um grafo, antes de fazer as análises numéricas descritas nas próximas seções. Uma análise visual permite ter um bom *feeling* sobre a estrutura da rede e suas particularidades. Assim, você não precisará confiar cegamente nos resultados das análises numéricas e criará intimidade com o “jeitão” do seu sistema.

2.1. Desenhando grafos no Pajek

2.1.1. Grafos circulares ou energizados

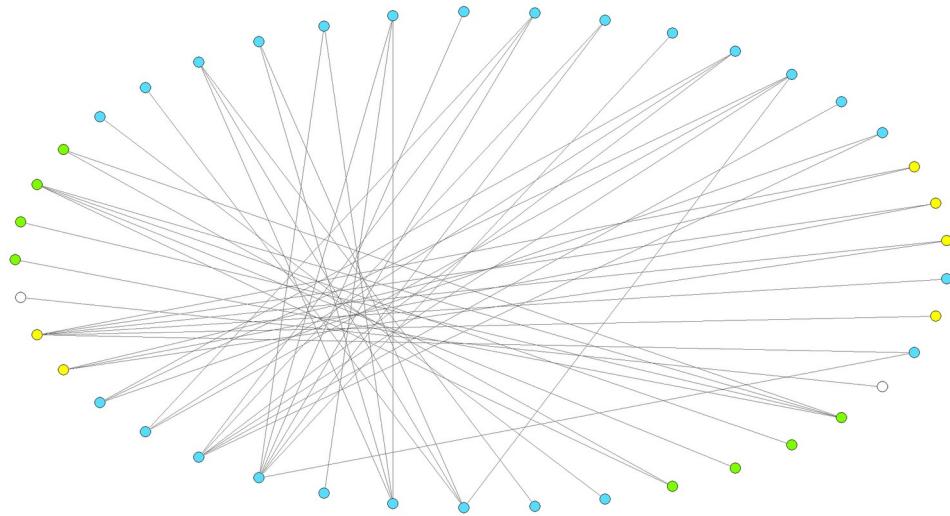
O programa mais usado no mundo para analisar redes e desenhar grafos é o *Pajek*. Há também vários outros programas disponíveis para desenho de grafos, basta fazer uma busca no Google para ver a imensa variedade. Recomendo o *Pajek* porque é de longe o mais versátil, além de contar com um excelente livro de apoio⁴ e uma lista de discussão⁵, onde os programadores respondem suas dúvidas quase que imediatamente.

1. Instale o Programa Pajek na raiz (C://) do seu computador, pois isso evitará alguns *bugs* comuns. Abra o arquivo **pajek.exe** ou o atalho Pajek, que devem estar dentro da pasta Pajek criada na raiz. Não abra o atalho PajekXXL, pois ele não tem todas as funções do atalho Pajek. Abra o programa e sua matriz preparada no Pajek pelo caminho File>Network>Read. Você também pode clicar direto no símbolo da pasta amarela.
2. Em alguns casos você precisará fazer uma transformação no Pajek caso a rede seja direcional (como as redes de saída do *Dieta*), através do caminho “Network>Create New Network>Transform>Arcs->Edges>All”:
3. Depois é só desenhar a rede pelo caminho “Draw>Network” (ou CRTL+G):
4. Será aberta uma nova janela com o grafo já desenhado de forma circular. Você pode salvar a sua rede em formato NET do Pajek e depois fazer vários tipos de edição automática ou manual.

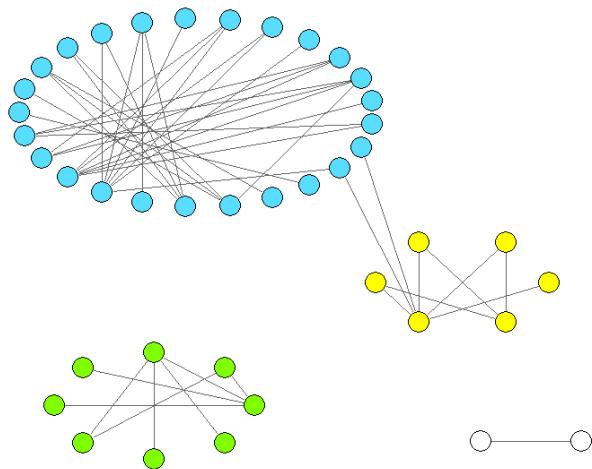
⁴Nooy W, Mrvar A. & Batagelj V. 2011. Exploratory Social Network Analysis with Pajek. Cambridge University Press, Cambridge.

⁵<http://list.fmf.uni-lj.si/cgi-bin/mailman/listinfo/pajek>

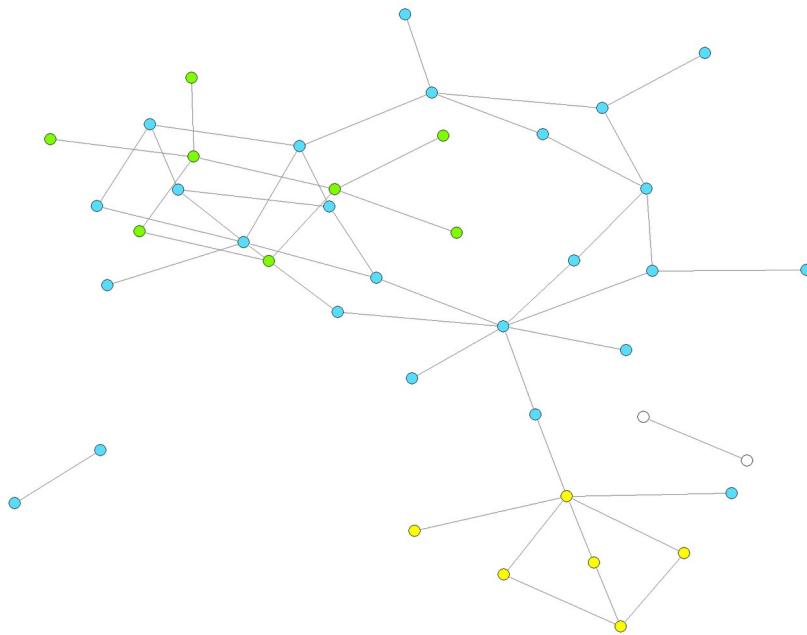
Dica: o grafo deste exemplo já está com partições indicadas. Se a sua rede for originalmente bipartida (e.g., frugívoros vs. plantas) e você quiser desenhar os grupos de vértices com cores diferentes, basta indicar isso com o comando “Network>2-Mode Network>Partition into 2 Modes”. Depois, desenhe as partições com o comando “Draw>Network + First Partition” (atälho CTRL+P). Se a sua rede for unipartida ou você quiser criar mais do que duas partições, veja [como criar partições arbitrárias](#).



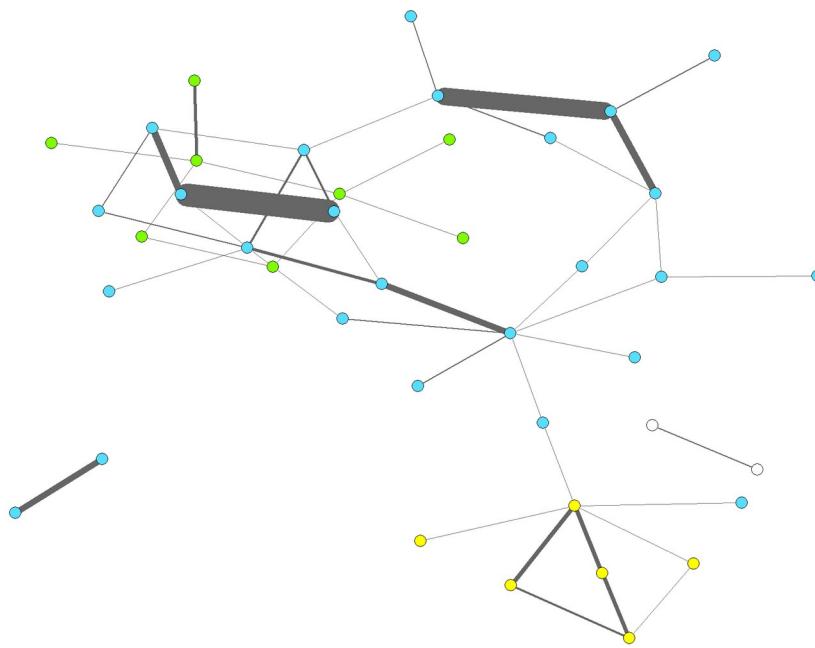
5. Nesta janela é possível fazer vários tipos de personalização no grafo. Por exemplo, podemos mover os vértices à vontade: basta clicar neles e arrastá-los. Pode-se deixar o grafo circular (*default*), ou então desenha-lo de outra forma. Você pode, por exemplo, separar as partições, escolhendo “Layout>Circular>UsingPartition”:



6. Para fazer um desenho do tipo “energy”, que deixa evidentes os subgrupos e a centralidade de cada vértice, basta seguir o caminho “Layout>Energy>Kamada-Kawai>Free” ou “Layout>Energy>Kamada-Kawai>SeparateComponents”:

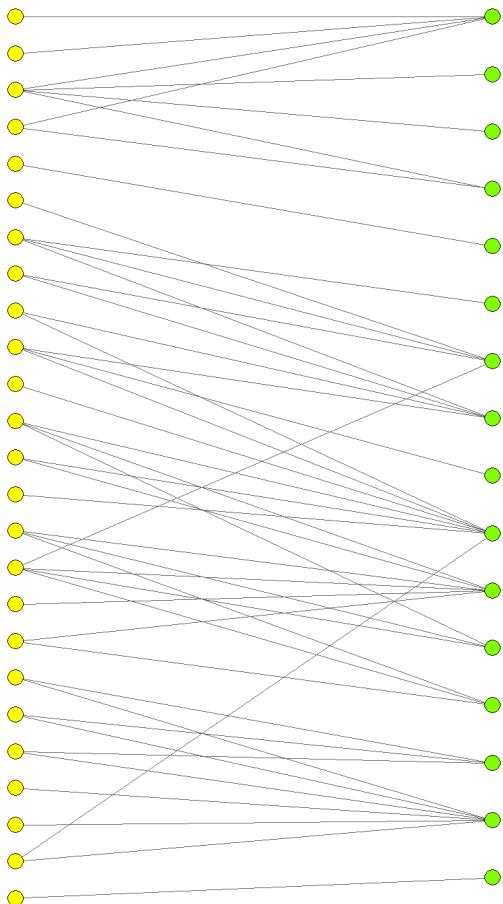


7. Caso tenha aberto uma rede ponderada, você poderá ainda deixar evidentes as diferenças de peso entre as conexões (linhas), seguindo o caminho “Options>Lines>DifferentWidths”:



2.1.2. Grafos bipartidos⁶

1. Este procedimento lhe permitirá desenhar redes bipartidas como grafos bipartidos tradicionais, ou seja, com cada grupo de vértices (e.g., animais x plantas) de um lado diferente da rede.



2. Existe um atalho para desenhar o grafo com o formato bipartido usado na literatura, porém na horizontal. Para isso, primeiro diga ao Pajek para reconhecer os lados da matriz como partições da rede (Network>2-Mode Network>Partition into 2 Modes) e mande-o desenhar as partições (CTRL+P).

3. Em seguida, na tela de desenho, dê o comando “Layers>In y direction”.

4. O grafo bipartido ficará deitado, porém ele pode ser girado no Pajek, usando o comando “Options>Transform>Rotate 2D” e dando o valor “270” ou “-90”.

⁶Se você sabe usar o R (<http://www.r-project.org/>), recomendo fortemente o pacote “bipartite” para desenhar grafos bipartidos tradicionais. Veja instruções mais a frente.

2.1.3. Grafos 3D

Se quiser, você pode fazer grafos ainda mais bonitos no Pajek, aplicando-lhes um visual 3D ou mesmo transformando-os em imagens verdadeiramente 3D.

Grafos 2D com um *look* 3D

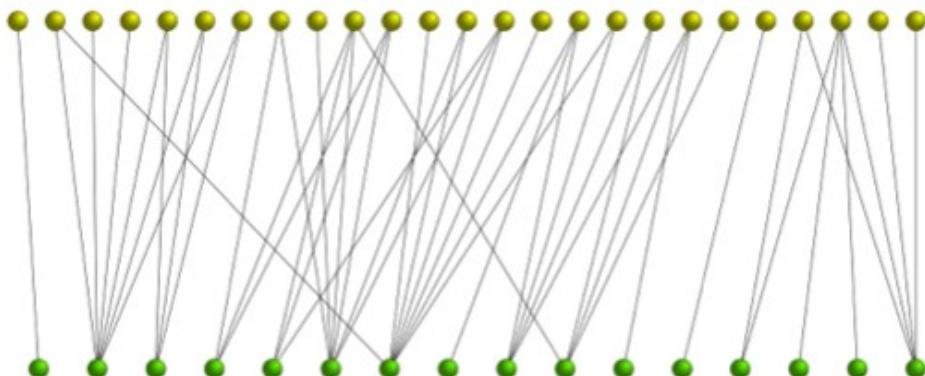
1. Primeiro, desenhe o grafo da maneira que achar melhor, seguindo as instruções dadas anteriormente.

2. Depois, na janela do grafo no Pajek, siga Export>Options.

3. Mude as cores e tamanhos como quiser. Note que essas opções não afetam o desenho na janela do Pajek, mas sim o arquivo a ser exportado em outro formato. Deixe marcada a opção “SVG: 3D Effecton Vertices”, se quiser um efeito de sombra. Lembre-se que se você estiver escolhendo cores para projeções unipartidas, deverá utilizar “Partition colors”. Outra dica é escolher bem os tamanhos de cada elemento da rede, a fim de manter as proporções adequadas na representação (linhas muito finas ou vértices muito grandes podem deixar o visual desequilibrado).

4. Agora vá em “Export>2D>SVG>General”.

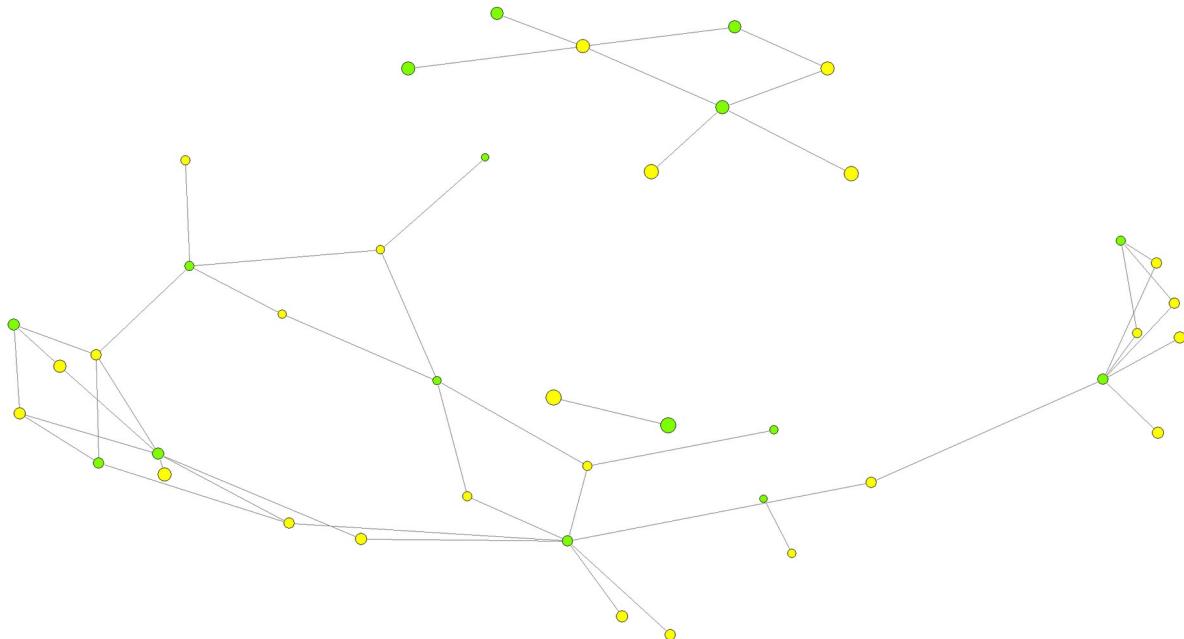
5. O Pajek irá gerar dois arquivos: um HTML e um SVG. Você pode abrir o **HTML** em um navegador de internet apenas para visualização. Ou você pode editar o SVG em um programa gráfico que entenda imagens vetoriais, como o GIMP (<http://www.gimp.org/> - muitos programas não leem SVG, nem mesmo o Photoshop). O resultado final fica como mostrado abaixo, dependendo das opções que você alterar na guia “Options”.



Grafos verdadeiramente 3D

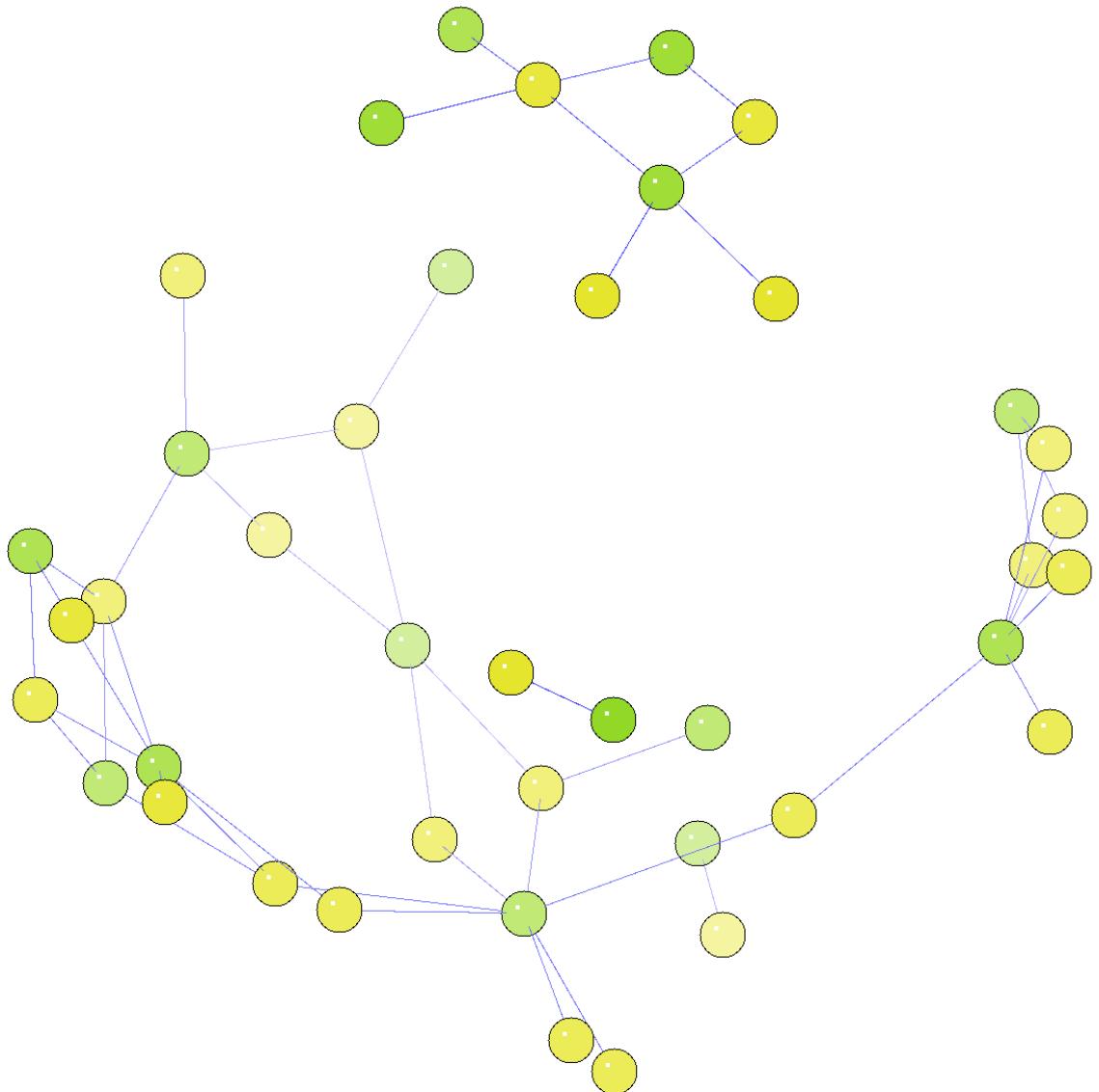
1. Você pode criar um grafo com três dimensões, usando a função de exportação como *kinemage*. Primeiro, coloque sua rede em formato 3D no Pajek: “Layout>Energy>Fruchtermann-Reingold>3D”.

2. Ele ficará com o jeitão deste grafo:



3. Agora basta exportá-lo no formato *kinemage* (.kin), deixando os valores no *default*, e seguindo o caminho “Export>3D>Kinemages>Current Network Only”.

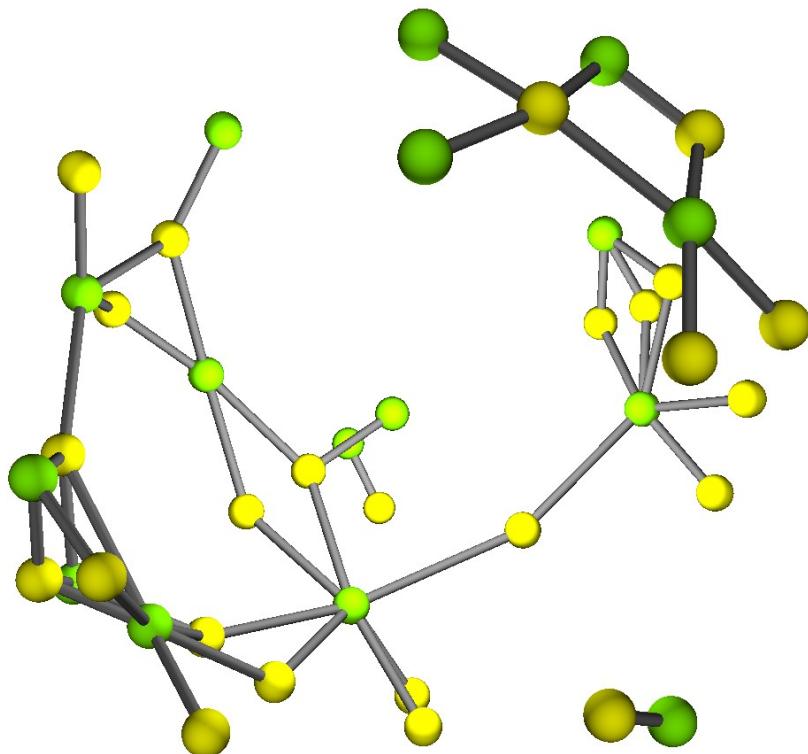
4. Você pode abrir o arquivo .kin no programa *Mage 3D*, que vem no mesmo pacote do Ucinet ou baixar o Mage [aqui](#). No Mage 3D, você poderá rodar o grafo em todas as direções à vontade e reconhecer os vértices:



5. Uma outra opção ainda mais bonita é salvar seu grafo 3D como VRML, que é um formato de arquivo de realidade virtual⁷. Isso permitirá uma representação fantástica da rede, além de tornar possível editá-la em programas de realidade virtual e *ray-tracing*, deixando luz e sombras mais realistas. Você pode usar um programa como o Instant Player (para Mac) ou Cortona 3D (para Windows) para visualizar o arquivo.

6. Para isso, selecione “Export>3D>VRML”.

7. Agora abra o arquivo no formato VRML no programa da sua preferência. Por exemplo, o *Instant Player for Mac* ou o plugin *Cortona 3D* para Explorer, Firefox e Chrome.

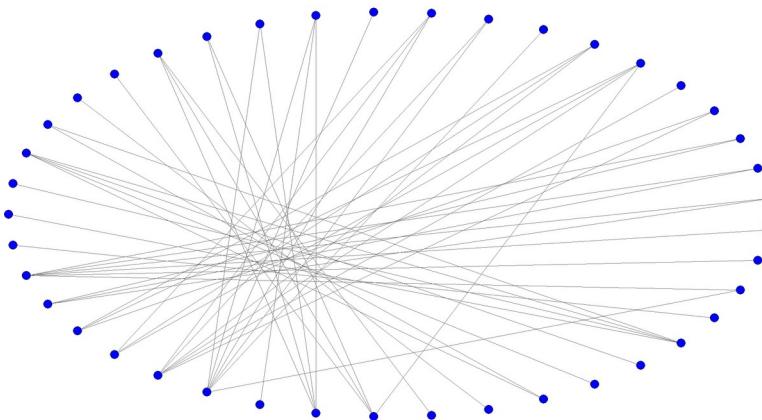


⁷Veja instruções detalhadas sobre como usar o formato vrml em: Nooy W, Mrvar A, Batagelj V. 2011. Exploratory social network analysis with Pajek. Cambridge: Cambridge University Press. 442 p.

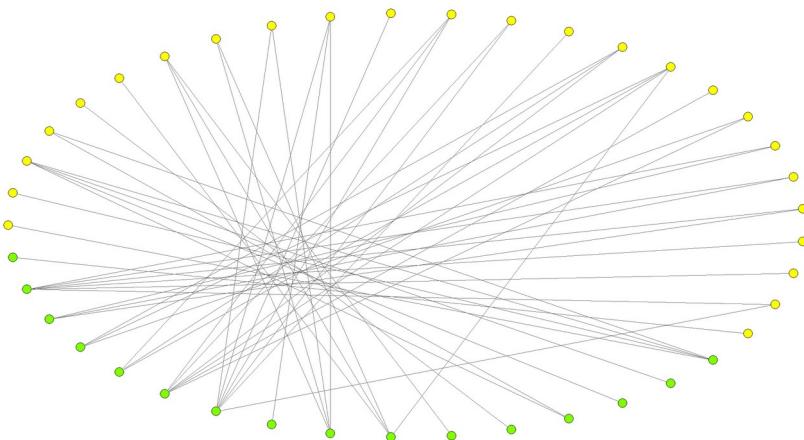
2.1.4. Personalizações adicionais dos grafos

Trocando os símbolos dos vértices

1. Você pode fazer ainda diversas personalizações nos grafos. Vamos começar mudando os símbolos de cada um dos lados de uma rede bipartida (animal-planta). Primeiro, abra uma rede bipartida no Pajek, desenhe-a como quiser e salve-a em formato NET.



2. Como já mostrado anteriormente, você pode representar os lados de uma rede bipartida usando a função “Partitions” do *Pajek*. “Partitions” são subgrupos usados para desenho no *Pajek*, que podem representar lados de uma rede bipartida, subgrupos coesos detectados através de alguma análise ou mesmo subgrupos arbitrários definidos pelo usuário. Se a sua matriz for original bipartida, use o seguinte comando para informar isso ao *Pajek*: “Network>2-Mode Network>Partition into 2 Modes”. Você pode também criar partições arbitrárias; [veja como](#).



3. Agora abra o novo arquivo no Bloco de Notas para dar uma olhada no formato dele. Note que os arquivos NET e MAT do Pajek contém informações de desenho na primeira seção (*Vertices). A primeira coluna mostra os rótulos numéricos dos vértices, designados automaticamente pelo Pajek; a segunda coluna mostra os rótulos personalizáveis entre aspas, que você pode alterar como desejar; a terceira coluna mostra a coordenada de desenho X na tela do computador; a quarta coluna mostra a coordenada de desenho Y na tela do computador; a quinta coluna mostra o tamanho do símbolo de cada vértice; a sexta coluna mostra o símbolo usado para representar cada vértice.

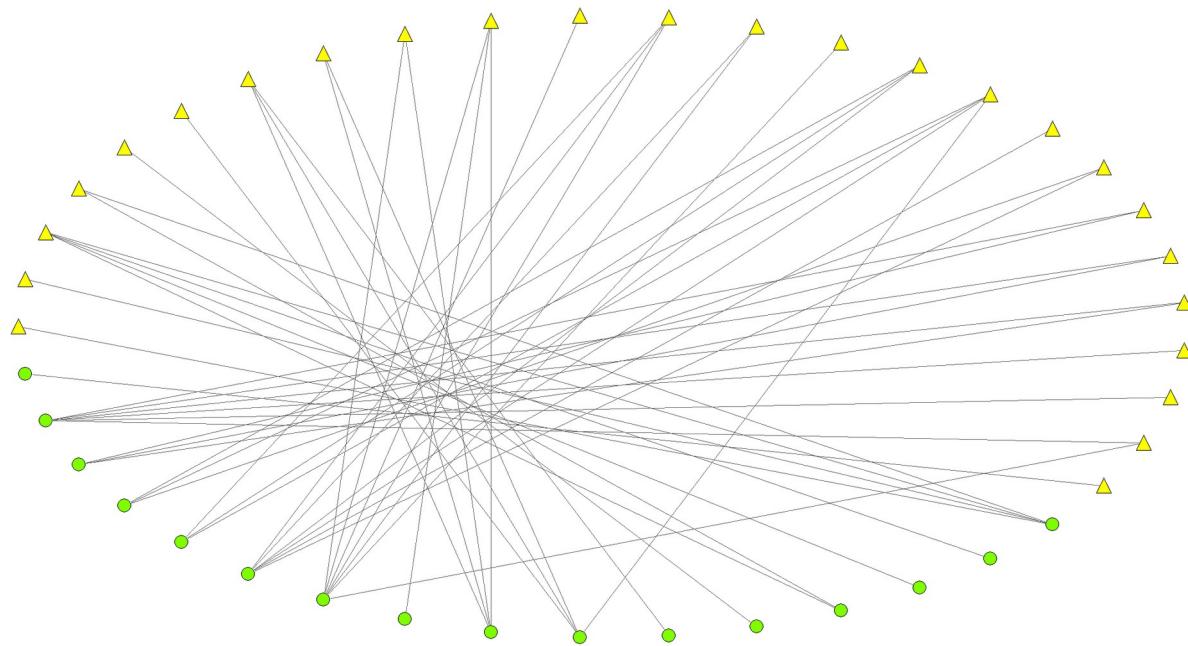
Na verdade, para editar mais facilmente os arquivos salvos no Pajek, abra-os no Excel, chamando-os pelo menu “Abrir” e escolhendo as opções “Delimitado” e depois “por espaços”.

Escreva o código do símbolo (*shape*) desejado na sexta coluna do arquivo. Pode usar um dos seguintes valores: **ellipse**, **box**, **diamond**, **triangle**. Todos os vértices dele para baixo ficarão com essa mesma forma, até o ponto em que você digitar outro código de símbolo.

```
mirmeco_bip2.net
*Vertices 41 25
1 "v1" 0.3523 0.0201 0.5000 triangle
2 "v2" 0.3523 0.0601 0.5000
3 "v3" 0.3523 0.1001 0.5000
4 "v4" 0.3523 0.1401 0.5000
5 "v5" 0.3523 0.1801 0.5000
6 "v6" 0.3523 0.2201 0.5000
7 "v7" 0.3523 0.2601 0.5000
8 "v8" 0.3523 0.3001 0.5000
9 "v9" 0.3523 0.3401 0.5000
10 "v10" 0.3523 0.3801 0.5000
11 "v11" 0.3523 0.4201 0.5000
12 "v12" 0.3523 0.4601 0.5000
13 "v13" 0.3523 0.5001 0.5000
14 "v14" 0.3523 0.5401 0.5000
15 "v15" 0.3523 0.5801 0.5000
16 "v16" 0.3523 0.6201 0.5000
17 "v17" 0.3523 0.6601 0.5000
18 "v18" 0.3523 0.7001 0.5000
19 "v19" 0.3523 0.7401 0.5000
20 "v20" 0.3523 0.7801 0.5000
21 "v21" 0.3523 0.8201 0.5000
22 "v22" 0.3523 0.8601 0.5000
23 "v23" 0.3523 0.9001 0.5000
24 "v24" 0.3523 0.9401 0.5000
25 "v25" 0.3523 0.9801 0.5000
26 "v26" 0.6238 0.0201 0.5000 ellipse
27 "v27" 0.6238 0.0826 0.5000
28 "v28" 0.6238 0.1451 0.5000
29 "v29" 0.6238 0.2076 0.5000
30 "v30" 0.6238 0.2701 0.5000
31 "v31" 0.6238 0.3326 0.5000
32 "v32" 0.6238 0.3951 0.5000
33 "v33" 0.6238 0.4576 0.5000
34 "v34" 0.6238 0.5201 0.5000
35 "v35" 0.6238 0.5826 0.5000
36 "v36" 0.6238 0.6451 0.5000
37 "v37" 0.6238 0.7076 0.5000
38 "v38" 0.6238 0.7701 0.5000
39 "v39" 0.6238 0.8326 0.5000
40 "v40" 0.6238 0.8951 0.5000
41 "v41" 0.6238 0.9576 0.5000
*Edges list
1 26
2 26
3 26 27 28 29
4 26 29
5 29
```

Para criar mais tipos de símbolos a partir desses quatro básicos, basta adicionar um parâmetro de distorção logo após o nome do símbolo, por exemplo: “ellipse x_fact 5 y_fact 3”, para fazer o círculo virar um ovo, ou “box x_fact 5 y_fact 3” para transformar um quadrado num retângulo.

4. Abra o novo arquivo editado no Pajek e dê um CTRL+P. Agora os vértices estarão com os símbolos que você determinou.



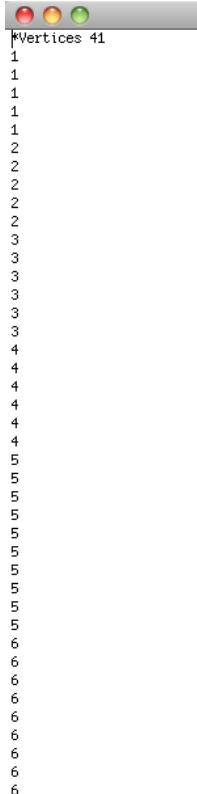
Criando partições arbitrárias

Dentro do próprio Pajek:

1. Primeiro você precisa criar uma partição qualquer a ser editada. A forma mais fácil de fazer isto é ir em “Partition>Create Constante Partition” e dar “OK” na próxima janela. Agora todos os seus vértices foram atribuídos a uma mesma partição. Para editá-la, mudar a partição de cada vértice manualmente, vá em “File>Partition>View Edit”. Você verá uma tabela com três colunas: “Vertex”, “Value”, “Label”. Como você criou uma partição constante, todas as linhas da coluna “Value” terão o mesmo valor. Basta editar este valor para criar novas partições arbitrárias, sendo que vértices com o mesmo valor na coluna “Value” irão pertencer a mesma partição. Se você quiser, pode aproveitar este comando para alterar manualmente os nomes dos vértices na coluna “Label”.
2. Outra forma de criar partições arbitrárias dentro do próprio Pajek é editar diretamente no grafo. Porém, para isto você também precisa atribuir primeiramente cada vértice a uma partição. Isto pode ser feito novamente criando uma partição constante como explicado acima. Em seguida desenhe sua rede+partição (CTRL+P). Agora você pode mudar a partição de um vértice uma classe para cima ou para baixo clicando no mesmo com o SHIFT ou ALT apertado, respectivamente. Ao se clicar fora dos vértices, todos os vértices na tela serão mudados uma partição para cima ou para baixo, dependendo se o SHIFT ou o ALT estava apertado. Uma forma de mudar a partição de apenas um conjunto de vértices é dar um zoom nos mesmos arrastando o botão direito do mouse de forma a que apenas eles apareçam na tela e então mudar a partição de todos como descrito acima.

3. Se você quiser criar partições arbitrárias, para poder editar conjuntos de vértices independente da bipartição da rede, você pode fazer o seguinte. Primeiro, abra seu arquivo NET no Pajek. Depois vá em “Network>Create Partition>Components>Weak”. Coloque o valor 1 na próxima janela.

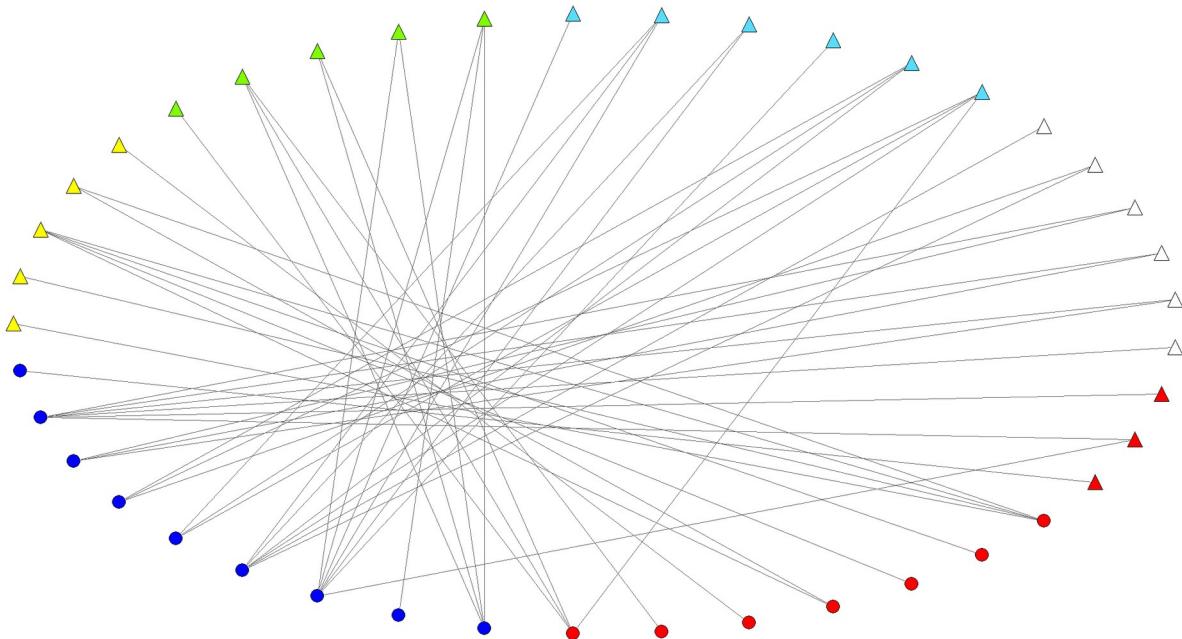
4. Salve o arquivo de partição criado (CLU). Abra-o no Bloco de Notas. Você verá uma lista de todos os vértices da rede, na ordem original. Os valores significam a partição à qual cada vértice pertence. Mude os valores, de acordo com as partições que deseja criar. Se tiver feito isso no Excel, lembre-se de trocar as tabulações por espaços, antes de voltar com o arquivo ao *Pajek*.



The screenshot shows a Windows Notepad window with the following content:

```
*Vertices 41
1
1
1
1
2
2
2
2
3
3
3
3
3
3
4
4
4
4
4
5
5
5
5
5
5
5
5
5
6
6
6
6
6
6
```

5. Abra o novo arquivo de partição CLU no *Pajek*, junto com o arquivo NET. Vá em “Draw>Network+First Partition”. O resultado é esse abaixo: os vértices serão tratados de acordo com as partições assinaladas a eles (cores diferentes de vértice). Você poderá até mesmo arrastá-los e deixar uma partição longe da outra no grafo⁸.

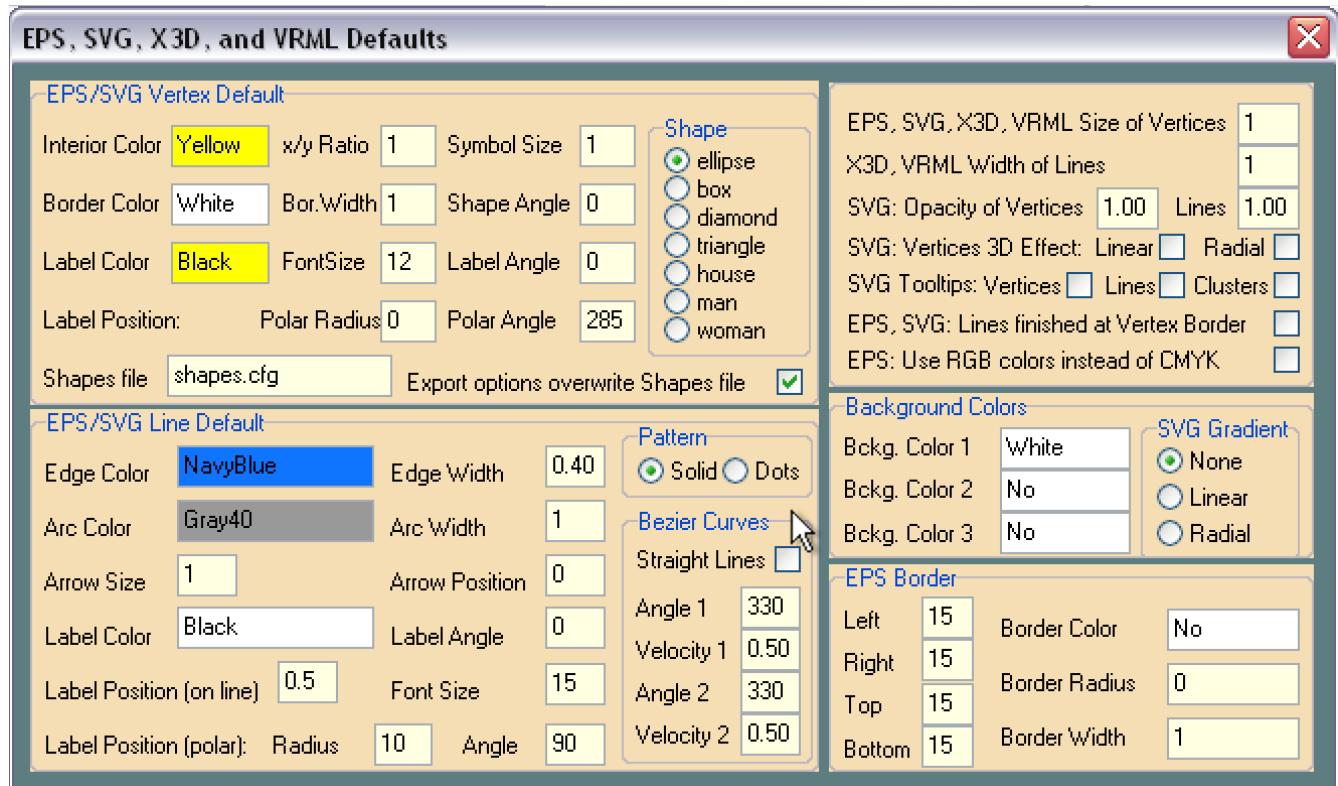


⁸Você consegue imaginar em que casos isso poderia ser útil?

Fazendo as arestas ficarem curvadas

No Pajek é possível fazer as arestas de um grafo serem desenhadas como curvas ao invés de retas, o que torna o desenho mais bonito e fácil de interpretar.

1. Uma maneira bem fácil de fazer isso é usar a função “Export > Options”, alterando os valores dos campos da seção “Bezier Curves”. Brinque com eles até chegar a um resultado que lhe agrade.



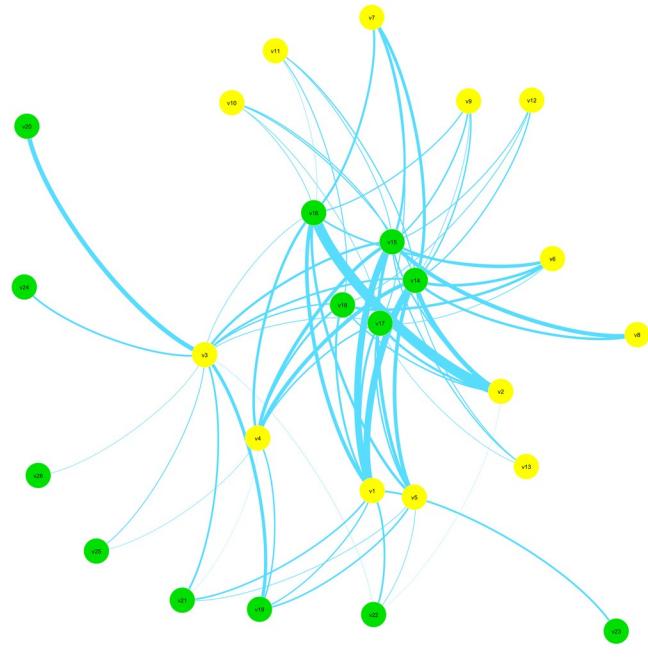
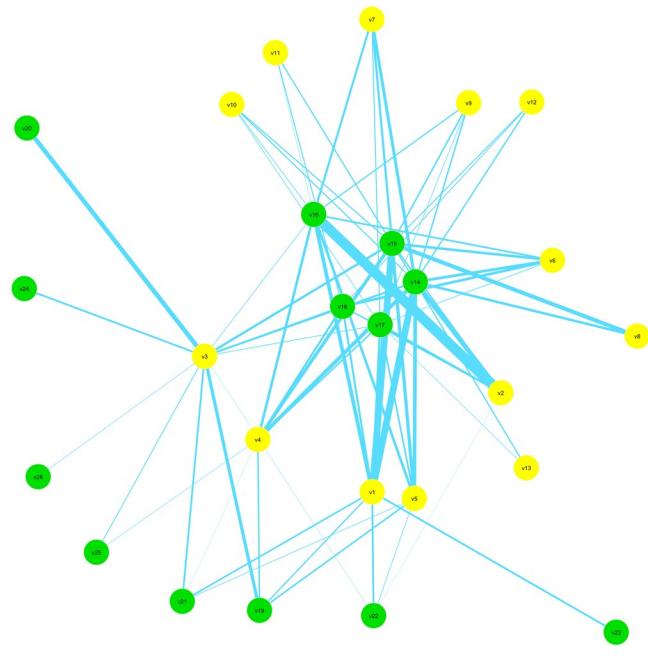
2. Contudo, se você mexer apenas nesses valores, o formato das curvas será aplicado de forma igual a todas as relações da rede. Se a rede contiver apenas um tipo de relação, tudo bem. Senão, recomendo editar manualmente o arquivo NET, alterando os valores a partir da quarta coluna na seção “Edges”, após a coluna com os pesos das interações. Em uma rede multicamada, você pode usar uma configuração de curvas diferente para cada tipo de relação (i.e., Edges:1, Edges:2 etc.).

3. No exemplo abaixo, feito com uma rede polinização de flores de óleo⁹, usei os seguintes valores: angle 1 = 330º, velocity 1 = 0.5, angle 2 = 330º, velocity 2 = 0.5. Eles se referem ao ângulo de saída do vértice 1 e chegada ao vértice 2 da aresta em questão, assim como às respectivas velocidades da curva.

```
oleo.net - Notepad
File Edit Format View Help
*vertices 26 13
1 "Dippub" 0.5056 0.6627 0.5000 ellipse
2 "Byrgar" 0.4736 0.2748 0.5000
3 "Bannur" 0.3583 0.3694 0.5000
4 "Hetsp1" 0.4139 0.4525 0.5000
5 "Hetsp2" 0.4740 0.5746 0.5000
6 "Dichbra" 0.8584 0.5035 0.5000
7 "Carcha" 0.8286 0.2024 0.5000
8 "Stipar" 0.6697 0.0740 0.5000
9 "Banste" 0.7306 0.1531 0.5000
10 "Bansch" 0.8847 0.2908 0.5000
11 "Stiaur" 0.8443 0.6049 0.5000
12 "Sticil" 0.7988 0.6962 0.5000
13 "Janani" 0.9500 0.3826 0.5000
14 "Cenaen" 0.6767 0.4268 0.5000 diamond
15 "Cenfus" 0.6732 0.3894 0.5000
16 "Cencax" 0.6090 0.4165 0.5000
17 "Centar" 0.6174 0.3281 0.5000
18 "Cenfla" 0.5896 0.5967 0.5000
19 "Centri" 0.2234 0.6295 0.5000
20 "Cenobs" 0.0626 0.4246 0.5000
21 "Episp2" 0.2816 0.6948 0.5000
22 "Apimel" 0.2333 0.5139 0.5000
23 "Censp3" 0.5504 0.9500 0.5000
24 "Censp1" 0.2921 0.0500 0.5000
25 "Xylsp" 0.2178 0.1904 0.5000
26 "Xylgri" 0.0908 0.2301 0.5000
*Edges
1 14 1368 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 15 1364 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 16 740 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 17 460 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 18 416 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 19 256 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 21 328 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 22 364 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
1 23 368 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
2 14 924 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
2 15 320 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
2 16 2108 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
2 17 464 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
2 18 284 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
2 22 28 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 14 396 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 15 468 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 16 108 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 17 140 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 18 272 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 19 652 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 20 912 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 21 364 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 22 44 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 24 368 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 25 164 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
3 26 84 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
4 14 764 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
4 15 680 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
4 16 528 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
4 17 308 a1 330 k1 0.5 a2 330 k2 0.5
```

⁹ Bezerra, E.L.S., Machado, I.C. & Mello, M.A.R. (2009) Pollination networks of oil-flowers: a tiny world within the smallest of all worlds. Journal of Animal Ecology, 78, 1096–101.

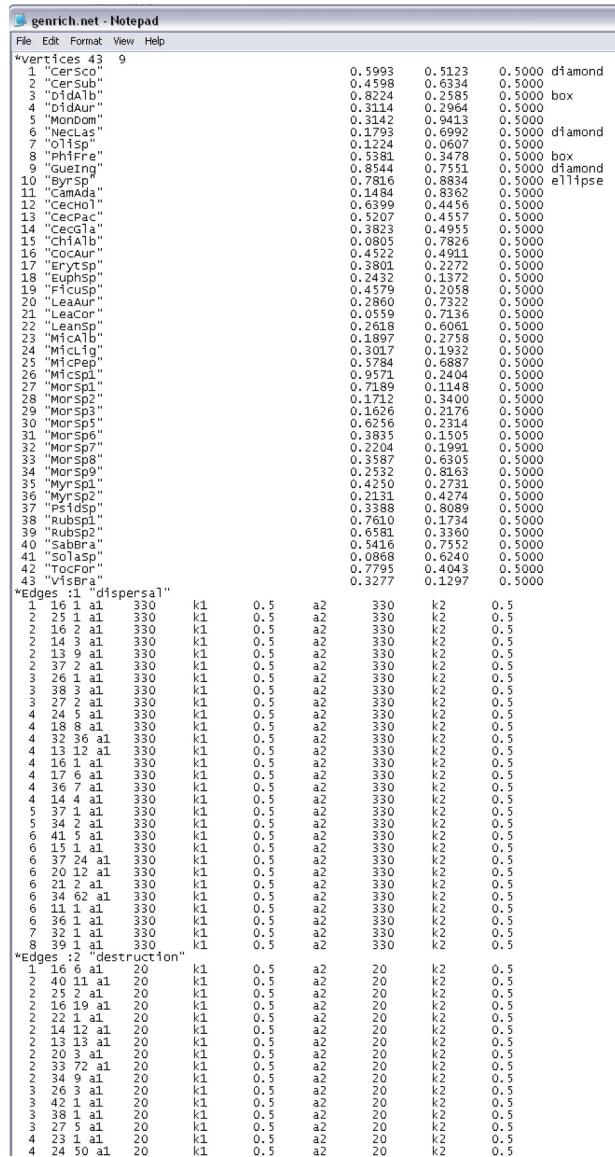
4. Note como a rede fica mais bonita e clara, quando se muda o desenho de arestas retas (rede de cima) para arestas curvas (rede de baixo). É muito mais fácil entender, por exemplo, quais vértices estão conectados entre si, especialmente no caso de redes grandes e muito emaranhadas.



2.1.5. Desenhando uma rede multicamada

O Pajek, dentre várias funções, permite desenhar redes multicamada (*multilayer networks*), que ele chama de *multiple relations network*. Ou seja, redes que contém mais de um tipo de aresta (i.e., relação). Veja como preparar o arquivo de uma rede multicamada [ao final da seção 1.3](#).

1. Aqui estamos usando como exemplo uma rede bipartida, ponderada e multicamada contendo roderores (*diamond*), marsupiais (*box*) e plantas (*ellipse*), que se relacionam entre si através de interações de dispersão (*dispersal*- azul) ou destruição de sementes¹⁰ (*destruction* - vermelho).



```

genrich.net - Notepad
File Edit Format View Help
*vertices 43 9
1 "Cersco" 0,5993 0,5123 0,5000 diamond
2 "CersSub" 0,4598 0,6334 0,5000
3 "Didalb" 0,8224 0,2585 0,5000 box
4 "Didaur" 0,3114 0,2964 0,5000
5 "Mondom" 0,3122 0,8113 0,5000
6 "Nebulas" 0,1793 0,5992 0,5000 diamond
7 "Oispe" 0,1224 0,0607 0,5000
8 "Phire" 0,5381 0,3478 0,5000 box
9 "Gueing" 0,8544 0,7551 0,5000 diamond
10 "BySp" 0,7816 0,8834 0,5000 ellipse
11 "Camada" 0,1484 0,8362 0,5000
12 "Cechol" 0,6399 0,4456 0,5000
13 "Cecpac" 0,1577 0,4157 0,5000
14 "Chib" 0,3823 0,4955 0,5000
15 "Chialb" 0,0805 0,7826 0,5000
16 "CocAur" 0,4522 0,4911 0,5000
17 "ErytSp" 0,3801 0,2272 0,5000
18 "EuphSp" 0,2432 0,1372 0,5000
19 "F1cupSp" 0,4579 0,2058 0,5000
20 "Leaaur" 0,2500 0,7322 0,5000
21 "LearSp" 0,0519 0,5836 0,5000
22 "LeanSp" 0,2618 0,6061 0,5000
23 "MicAlb" 0,1897 0,2758 0,5000
24 "MicLig" 0,3017 0,1932 0,5000
25 "MicPep" 0,5784 0,6887 0,5000
26 "MicSp1" 0,9571 0,2404 0,5000
27 "MorSp" 0,7189 0,1148 0,5000
28 "MorSp2" 0,1122 0,3100 0,5000
29 "MorSp3" 0,1626 0,2176 0,5000
30 "MorSp5" 0,6256 0,2334 0,5000
31 "MorSp6" 0,3835 0,1505 0,5000
32 "MorSp7" 0,2204 0,1991 0,5000
33 "MorSp8" 0,3587 0,6305 0,5000
34 "MorSp9" 0,2532 0,8163 0,5000
35 "MyrSp1" 0,4230 0,2131 0,5000
36 "MyrSp2" 0,2311 0,4274 0,5000
37 "PsidSp" 0,3388 0,8089 0,5000
38 "RubsSp1" 0,7610 0,1734 0,5000
39 "RubsSp2" 0,6581 0,3360 0,5000
40 "Sabbra" 0,5416 0,7552 0,5000
41 "SolaSp" 0,0868 0,6240 0,5000
42 "Tocfor" 0,7795 0,4043 0,5000
43 "Visbra" 0,3277 0,1297 0,5000

*edges 123 dispersal"
1 16 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 25 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 16 2 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 14 3 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 13 9 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 37 2 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 36 3 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 38 3 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 37 2 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 24 5 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 4 18 8 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 32 36 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 4 13 12 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 4 15 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 4 17 6 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 4 36 7 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 4 14 4 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 5 37 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 5 34 2 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 41 5 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 37 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 37 2 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 20 12 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 21 2 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 34 62 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 11 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 6 36 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 7 32 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5
2 8 39 1 a1 330 k1 0,5 a2 330 k2 0,5

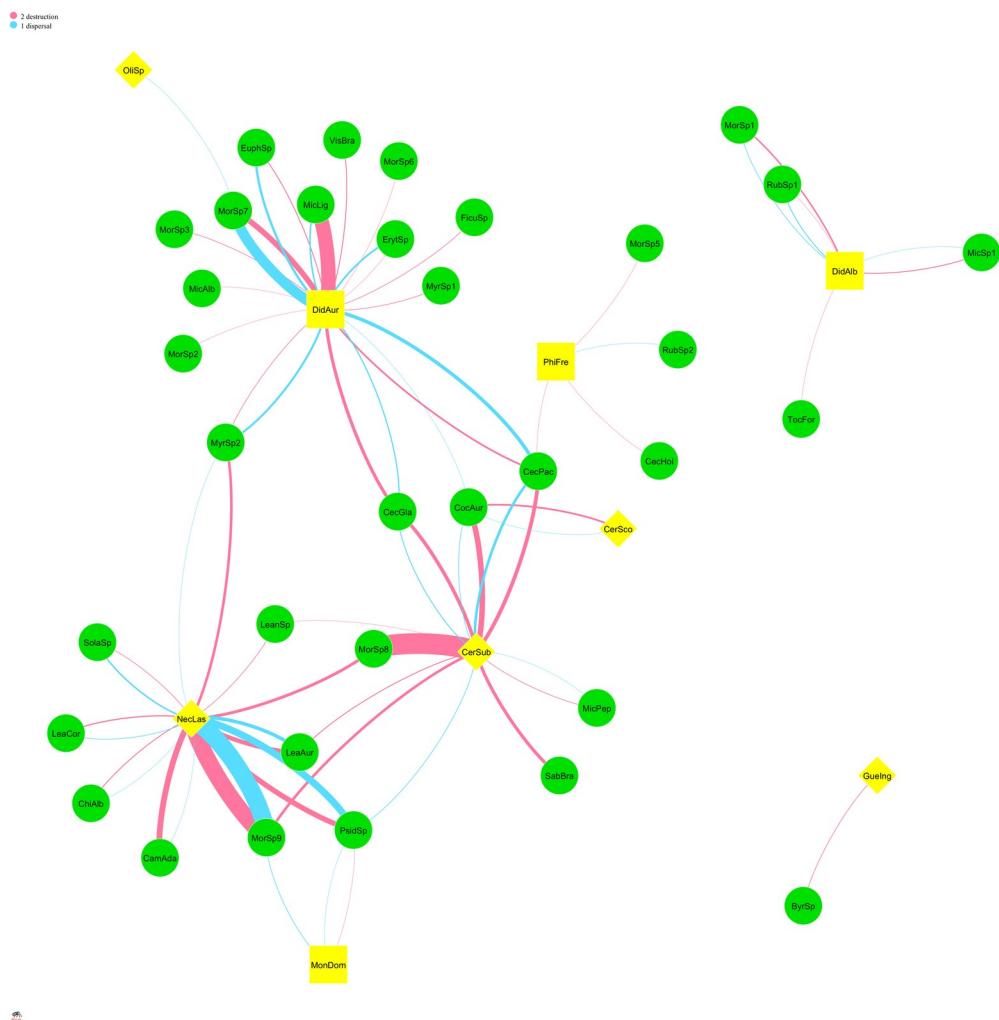
*edges 123 destruction"
1 16 6 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 40 11 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 25 2 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 16 19 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 22 1 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 42 1 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 13 13 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 20 3 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 33 72 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 34 9 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 26 3 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 38 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 29 5 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 43 11 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5
2 24 50 a1 20 k1 0,5 a2 20 k2 0,5

```

2. Na janela principal do Pajek, abra uma rede multicamada que preparou previamente: “File > Network > Read”. Dê CTRL+G para desenhar a rede e ver se está tudo OK com ela.
3. Na janela principal, vá em “Network > 2-Mode Network > Partition into 2 Modes” para informar ao Pajek que se trata de uma rede bipartida. Depois dê CTRL+P para desenhar as partições com cores diferentes.

¹⁰ Genrich C, Mello MAR, Silveira FAO, Bronstein JL, Paglia AP. (in press). Duality of interaction outcomes in a plant-frugivore multilayer network. Oikos: <http://dx.doi.org/10.1111/oik.03825>.

4. Na janela de desenho, vá em “Options > Colors > Edges > Relation Numbers” para definir que as cores das arestas corresponderão às cores das relações.
5. Na janela de desenho, vá em “Options > Colors > Relation Colors” para escolher as cores de cada relação (tipo de aresta).
6. Se quiser personalizar ainda mais o grafo, siga outras instruções dadas nos itens anteriores desta mesma seção. Não estranhe o seu grafo, pois na janela de desenho do Pajek não aparecerão direito nem os símbolos dos vértices, nem as cores das relações. Para ver o resultado final do seu trabalho, vá em “Export > 2D > SVG > Multiple Relations Network” e salve o grafo em formato SVG.
7. Abra o arquivo SVG no Gimp ou em outro programa que suporte gráficos vetoriais e salve-o no formato que preferir, como JPG, TIF, PNG etc. Veja abaixo como ficou a rede do exemplo:



2.2. Desenhando grafos no pacote bipartite do R

Desenhando grafos no R

1. Para desenhar o grafo da sua rede no pacote bipartite, use o arquivo que criou no formato desse programa. O bipartite desenha apenas grafos bipartidos e todas as personalizações são feitas através de parâmetros nas linhas de comando. Primeiro, defina o diretório onde está o arquivo:

No Mac: `setwd("C:\caminho\")`

No Windows: vá pelo menu “Arquivo>Mudar dir”.

2. Carregue o pacote bipartite. É preciso ter instalados também os pacotes adicionais mencionados anteriormente:

```
require(bipartite)
```

3. Inserindo sua rede no R. Crie um objeto a partir do arquivo TXT que você formatou para o bipartite. O R não trabalha com os arquivos TXT originais, mas sim com objetos virtuais que ele cria a partir deles, e que ficam na memória de trabalho do programa (workspace). Troque “suaredel” pelo nome do seu arquivo:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

Há pelo menos mais três maneiras de se inserir sua rede no R. Nesta, a tabela também é lida, e informamos que há rótulos de colunas:

```
suaredel= <- read.table("04_aula-R-env.txt", head=T)
```

Nesta, uma janela se abre para que você encontre sua rede clicando:

```
suaredel= read.csv(file.choose(), sep="", header= TRUE)
```

E por fim, desta forma a seguir, você pega o arquivo direto do Bloco de Notas, independente dele estar salvo ou não. Aperte **ctrl+c** (copiar) na rede que está no bloco de notas e digire o comando no R (ou aperte **ctrl+r** se estiver em script)

```
suaredel= read.table("clipboard", header=TRUE)
```

Aviso: se você tiver deixado algum rótulo duplicado nas linhas ou nas colunas, o R não conseguirá criar o objeto e te dará um aviso de erro. Veja no começo no guia como identificar e eliminar duplicatas.

4. Visualize o objeto criado (matriz), só para checar se está tudo ok:

```
suaredel
```

5. Desenhe o grafo da rede no formato padrão do bipartite:

```
plotweb(suaredel)
```

6. Se quiser alterar as propriedades do grafo, mexa nos parâmetros de desenho, como neste exemplo abaixo. Consulte a ajuda da função “plotweb” para ver as possibilidades. É possível alterar cores, tamanho, orientação, rótulos, rotação dos rótulos e muitas outras coisas. Há também uma palheta de cores no R, com os nomes de todas as centenas de cores que você pode escolher. Para chamar a ajuda sobre uma função, escreva no console o nome dela precedido por ?? (e.g., ??plotweb).

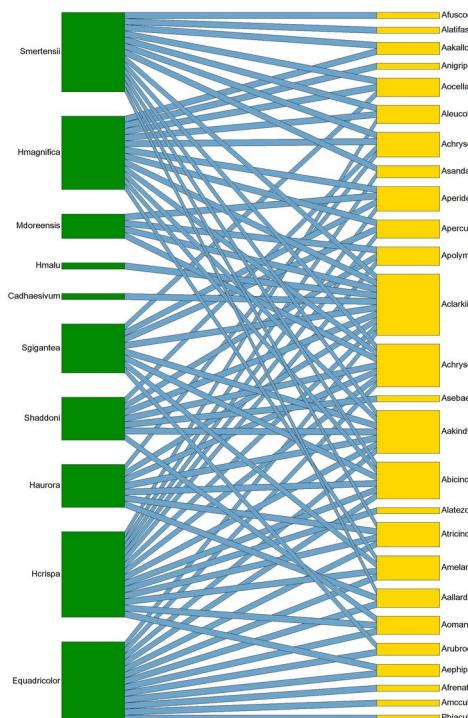
```
plotweb(suaredel, method="cca", text.rot="90", labsizes=1.5,  
col.low="green", col.high="yellow", col.interaction="blue")
```

7. Se quiser exportar o grafo como um arquivo de imagem JPG, use o comando abaixo. É possível definir as dimensões da imagem. Note que no grafo criado, o tamanho dos vértices é proporcional ao seu número de interações. Você pode também salvar o grafo como TIF, PNG ou JPG, se preferir, trocando o nome da função e da extensão do arquivo de saída.

```
jpeg(filename="suaredel.jpg", width = 24, height = 30, unit="cm")
```

```
plotweb(suaredel, method="cca", text.rot="90",
labsize=4.5,col.low="green4", col.high="gold",
col.interaction="skyblue3", bor.col.interaction ="black" )
```

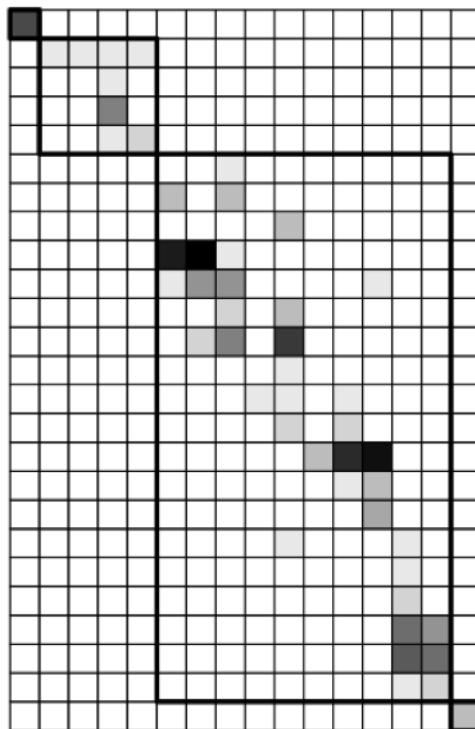
```
dev.off()
```



Se quiser ver a lista de nomes de cores disponíveis, digite o comando “colors()” no console ou veja o arquivo [Colors in R](#).

8. Se quiser desenhar sua rede como uma matriz, use o comando abaixo. Também é possível ajustar vários parâmetros desta função. Por exemplo, o parâmetro “type”, que pode ser *original* ou *none*(deixa do jeito que você organizou a matriz) ou *diagonal* (evidencia subgrupos na rede).

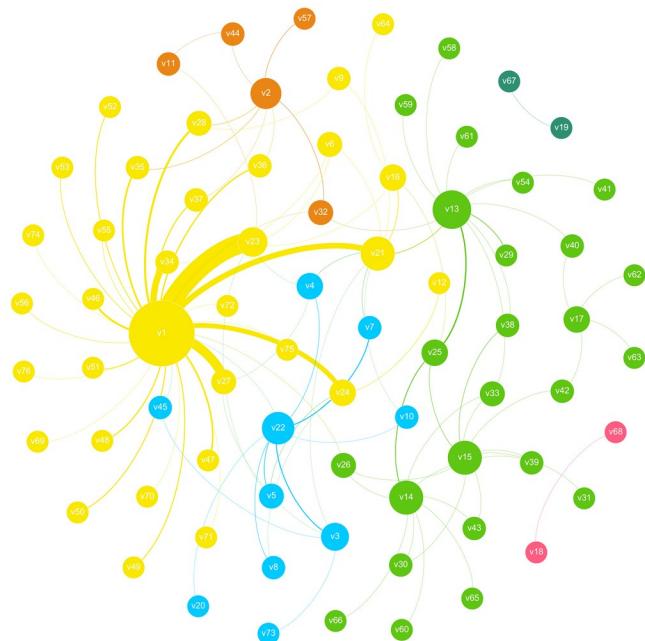
```
visweb(suaredel, type="diagonal", labszie=1)
```



Dica: visite o site do nosso laboratório, seção “Software”, e veja um script com comandos para desenhar redes em diferentes pacotes do R.

2.3. Desenhando grafos no Gephi

1. Abra a rede em formato Pajek (NET) no Gephi pelo menu “Arquivo > Abrir”.
2. Na janela de importação de arquivos que se abrirá, escolha o tipo de grafo “Não dirigido” e dê OK. A não ser, é claro, que você esteja analisando uma rede direcionada (“dirigida”).
3. Na tab “Distribuição”, escolha o modo de desenho que preferir e dê “Executar”. Eu geralmente uso o “Fruchtermann-Reingold” para a maioria das redes que estudo. Clique em “Parar” quando perceber que o desenho se estabilizou. Se você quiser desenhar o grafo exatamente como ele veio do Pajek, escolha o modo “Expansão” e repita até os vértices ficarem plenamente visíveis.
4. Na tab “Aparência”, você pode usar as guias “Cor” e “Tamanho” para alterar a aparência dos vértices de acordo com o critério que desejar. Na mesma tab você pode alterar a aparência dos rótulos.
5. O que você alterar no menu principal “Visão geral” aparecerá apenas na tela do seu computador. Já no menu principal “Vizualização”, você pode fazer várias personalizações de desenho até chegar a um resultado que lhe agrade. Depois, basta clicar em “Exportação”, no canto inferior esquerdo, e salvar o grafo em formato PNG ou SVG. Veja um exemplo abaixo, feito com uma rede de dispersão de sementes por aves e morcegos¹¹:



¹¹ Sarmento R, Alves-Costa CP, Ayub A, Mello MAR (2014) Partitioning of seed dispersal services between birds and bats in a fragment of the Brazilian Atlantic Forest. Zoologia 31:245–255.

3. DISTRIBUIÇÃO DO GRAU

A distribuição do grau de uma rede complexa é a distribuição do número de arestas que incidem sobre cada vértice. Em outras palavras, é o número de conexões que cada elemento do sistema tem. Costuma-se representá-la na forma de um histograma cumulativo, com ambos os eixos (X - categorias de grau; Y - frequência) em escala logarítmica.

Uma forma prática de representar a distribuição do grau de uma rede bipartida é usando-se o pacote *bipartite* para o R. Para isso, siga as seguintes instruções:

1. Determine o local de trabalho como a pasta onde estão os arquivos que vai analisar:

No Mac: setwd("C:\caminho\")

No Windows: vá pelo menu “File>Mudar dir”.

2. Carregue no R o pacote *bipartite*, usando o comando:

```
require(bipartite)
```

3. Carregue o arquivo que preparou para o *bipartite* como um objeto a ser analisado no R. Troque “suaredel” pelo nome da sua rede:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

4. Rode o comando para calcular a distribuição de grau:

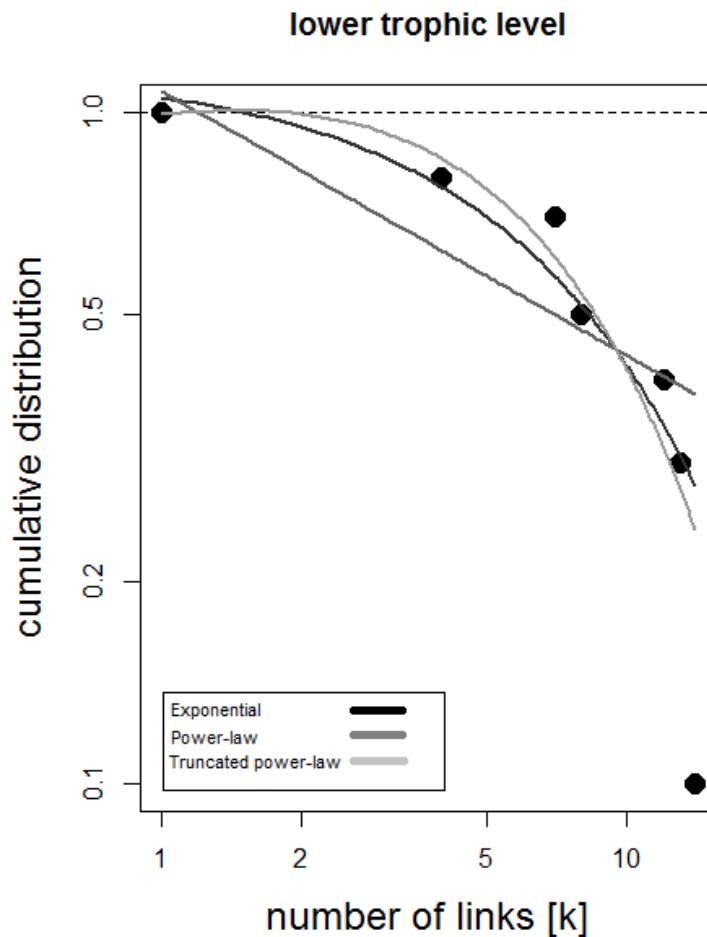
```
suaredel.dd<- degreedistr(suaredel)
```

5. Você receberá o resultado dos modelos calculados (exponencial, lei de potência e lei de potência truncada) no seguinte formato, com resultados separados para cada lado da rede (*lower* = linhas, *higher* = colunas):

```
$`degree distribution lower trophic level`  
Estimate Std. Error Pr(>|t|) R2 AIC  
exponential 0.6680443 0.09517773 0.01970048 0.9905156 -6.451789  
power law 1.1820517 0.30027769 0.05888904 0.9628054 -1.239105  
truncated power law -1.4206755 0.01521792 0.00681905 0.9999991 -41.440198  
  
$`degree distribution higher trophic level`  
Estimate Std. Error Pr(>|t|) R2 AIC  
exponential 0.3424215 0.03787303 0.0008291126 0.9871568 -13.020514  
power law 0.8028479 0.13863135 0.0044189194 0.9579416 -5.860859  
truncated power law 0.0076940 0.33995401 0.9833646445 0.9871698 -11.021645
```

6. No caso dos modelos que forem significativos ($P<0.05$), repare nos valores de AIC (AkaikeInformationCriterion). Os que têm os menores valores de AIC são os modelos mais plausíveis.

7. Além disso, serão produzidos também gráficos da distribuição de grau para cada lado da rede (*lower*trophic level= linhas, *higher* = colunas), já no formato usual (ambos como default). Aqui ilustramos um exemplo:



Cinza escuro (quase preto) se refere à curva exponencial, cinza médio médio à lei de potência e o cinza claro se refere à lei de potência truncada.

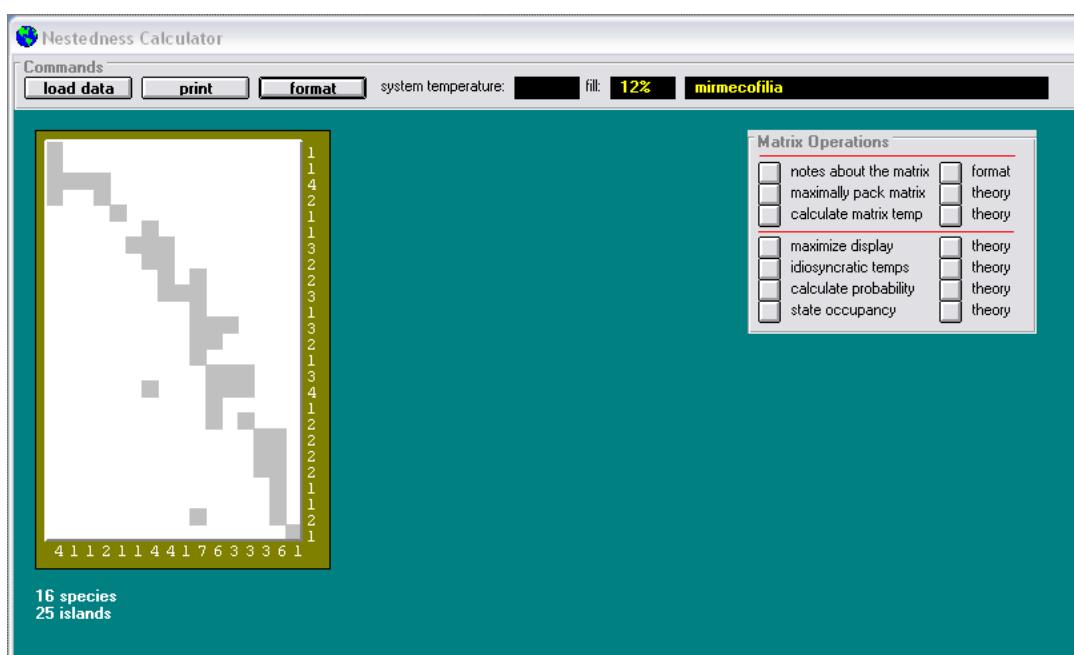
7. Note que para redes pequenas, como a do exemplo, esse tipo de análise não é muito poderoso. Ela funciona melhor para redes com centenas ou milhares de vértices.

4. ANINHAMENTO

4.1. Aninhamento pela métrica T^{12}

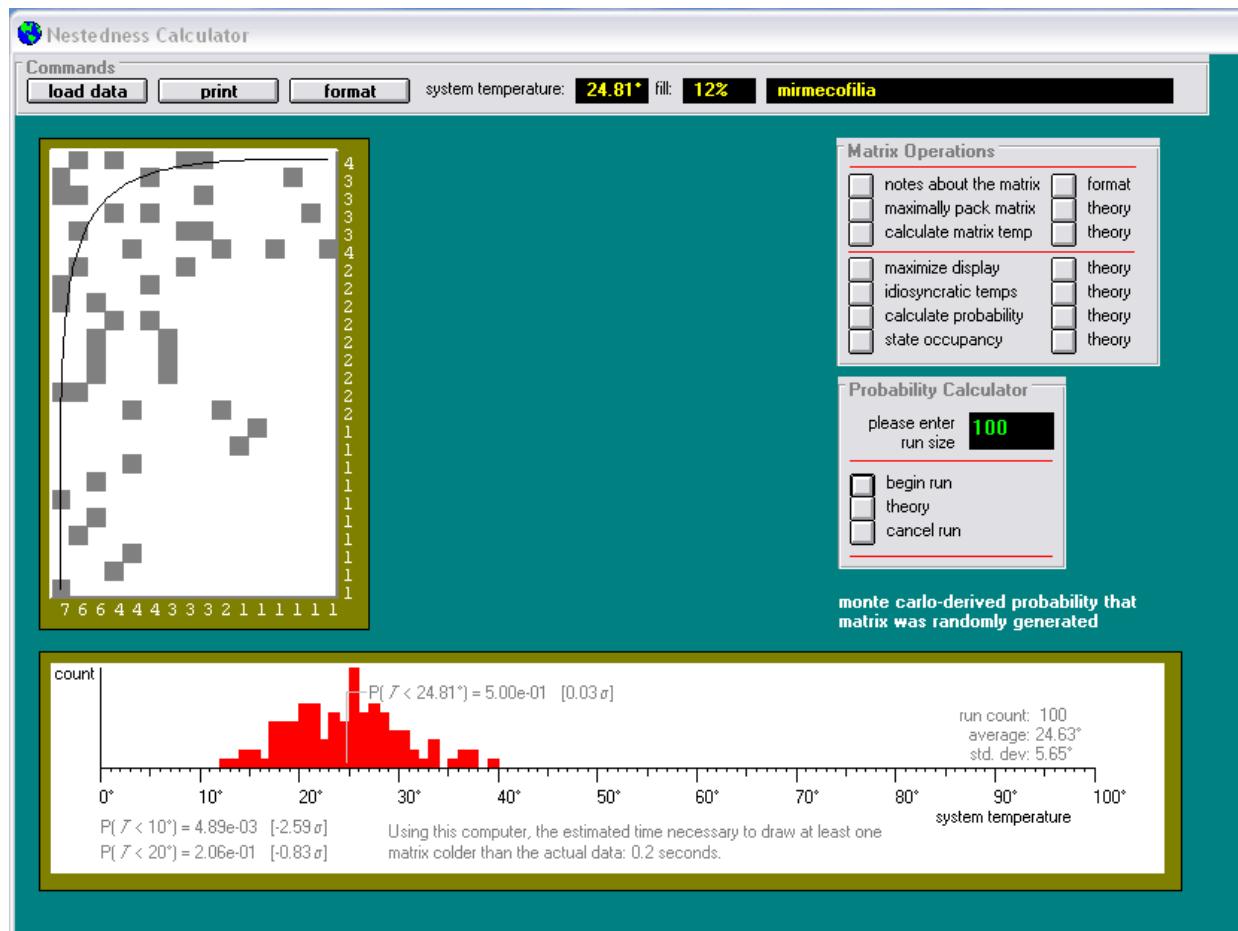
No programa Nestedness Temperature Calculator (NTC):

1. Abra no NTC o arquivo que você criou para ele.
2. No menu, escolha a opção “maximally pack matrix”. Isso empacota a matriz sem mudar sua topologia, alterando a posição das linhas e colunas, até concentrar ao máximo os espaços cheios e vazios.
3. Escolha a opção “calculatematrixtemperature”. O programa vai te informar o calor da temperatura(métrica T) e do preenchimento da matrix. A temperatura é o complemento do aninhamento, portanto calcule o aninhamento como $N = (100-T)/100$ (para ter o resultado em decimais).



4. Para estimar a significância do valor de T , escolha a opção “calculateprobability”. Depois escolha quantas aleatorizações da matriz original você que fazer para o cálculo.
5. Clique em “begin run” e observe os valores das matrizes aleatorizadas serem colocados no gráfico da distribuição de valores em tempo real. Ao final, observe onde o valor real se localizou na distribuição.

¹²Para saber mais sobre o aninhamento e a métrica T , leia: Atmar W, Patterson BD. 1993. The measure of order and disorder in the distribution of species in fragmented habitat. Oecologia 96:373-382.



No programa *Aninhado*:

1. Use o arquivo TXT que você preparou para o Aninhado.
2. Coloque esse arquivo TXT junto com o arquivo EXE do Aninhado **em uma mesma pasta**.
3. Clique duas vezes no *aninhado_bangu.exe*.
4. Escolha o índice T, digitando T:

```
ANINHADO  
_____  
Version: Bangu <3.0.0>  
Date: Jul, 11 2008  
Authors: Paulo R. Guimaraes  
        Paulo R. Guimaraes Junior  
        Mario Almeida Neto  
Obs.: Maximum: 3000 rows and columns  
  
Run matrix's NODF (press N) or Temperature (press T): T
```

5. Quando ele te perguntar *Print Packed Matrix* e *Perform Null Model Analysis?*, responda Y para ambas.

```
ANINHADO  
_____  
Version: Bangu <3.0.0>  
Date: Jul, 11 2008  
Authors: Paulo R. Guimaraes  
        Paulo R. Guimaraes Junior  
        Mario Almeida Neto  
Obs.: Maximum: 3000 rows and columns  
  
Run matrix's NODF (press N) or Temperature (press T): T  
Print Packed Matrix? (Y/N) : y  
Performe Null Model Analyses? (Y/N) : y
```

6. Quando ele te perguntar *Number of Simulations*¹³, coloque um valor de 0 a 1000.

```
ANINHADO  
_____  
Version: Bangu <3.0.0>  
Date: Jul, 11 2008  
Authors: Paulo R. Guimaraes  
        Paulo R. Guimaraes Junior  
        Mario Almeida Neto  
Obs.: Maximum: 3000 rows and columns  
  
Run matrix's NODF (press N) or Temperature (press T): T  
Print Packed Matrix? (Y/N) : y  
Performe Null Model Analyses? (Y/N) : y  
Number of simulations: (1 to 1000) : _
```

7. Ele vai te pedir para entrar com o nome do arquivo ou sua extensão. Em ambos os casos, o mais prático é entrar com a extensão, porque aí mesmo que você tenha um grupo de arquivos a analisar, ele entenderá que precisa rodar todos.

¹³Para saber mais sobre análises de aleatorização e procedimentos Monte Carlo leia: Manly BFJ. 2007. Randomization, bootstrap and Monte Carlo methods in biology. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC. 455 p.

```
ANINHADO  
Version: Bangu <3.0.0>  
Date: Jul, 11 2008  
Authors: Paulo R. Guimaraes  
         Paulo R. Guimaraes Junior  
         Mario Almeida Neto  
Obs.: Maximum: 3000 rows and columns  
  
Run matrix's NODF <press N> or Temperature <press T>: T  
Print Packed Matrix? <Y/N> : y  
Performe Null Model Analyses? <Y/N> : y  
Number of simulations: <1 to 1000> : 10  
Enter file name expression: Ex: *.TXT, *.NET, etc...  
- *.txt
```

8. Quanto mais simulações você tiver pedido, mais tempo demorará a análise.

9. O Aninhado criará **cinco** arquivos de saída:

- i. **Systemp.txt**: contém os nomes e as temperaturas de cada matriz analisada.
- ii. **[nome].pck**: contendo o nome e a temperatura de cada matriz, além dos dados da matriz original e após a compactação. Se você tiver pedido para “imprimir” a matriz final, ela estará neste arquivo também.
- iii. **[nome].null**: é o mais importante! Ele contém os valores de temperatura para cada rodada de aleatorização (mil ao todo), e para cada um dos quatro modelos nulos disponíveis (ER, CE, COL e LI).
 - iii.1. Para ter o valor de temperatura de cada modelo nulo, calcule a média aritmética de cada coluna. Para saber **qual** modelo nulo você vai usar, você precisará ler a literatura a respeito, especialmente Bascompte *et al.* (2003), Guimarães & Guimarães Jr. (2006) e o manual do programa, e ver qual modelo se aplica melhor ao seu caso.
 - iii.2. Para calcular a significância do valor de T , conte a proporção dos valores simulados por um dado modelo nulo que foram menores do que o **valor observado na sua rede**. Você pode utilizar a função CONT.SE do excel para auxiliar o cálculo. Lembre-se que o grau de aninhamento (N) é igual a $1-T$.
- iv. **[nome].col**, contando as temperaturas idiossincráticas de cada coluna da matriz analisada.
- v. **[nome].lin**, contando as temperaturas idiossincráticas de cada linha da matriz analisada.

4.2. Aninhamento pela métrica *NODF*¹⁴

1. Almeida-Neto et al. (2008) propuseram uma nova métrica, NODF, para substituir o valor N no cálculo do aninhamento. A versão 3.0. do Aninhado permite calcular também essa métrica mais recente. Um outro programa chamado *NODF* permite calcular essa métrica para matrizes binárias e também para ponderadas.
2. Na versão 3.0 do programa Aninhado, a primeira pergunta é qual métrica você deseja calcular. Neste caso, escolha o NODF digitando “N”:

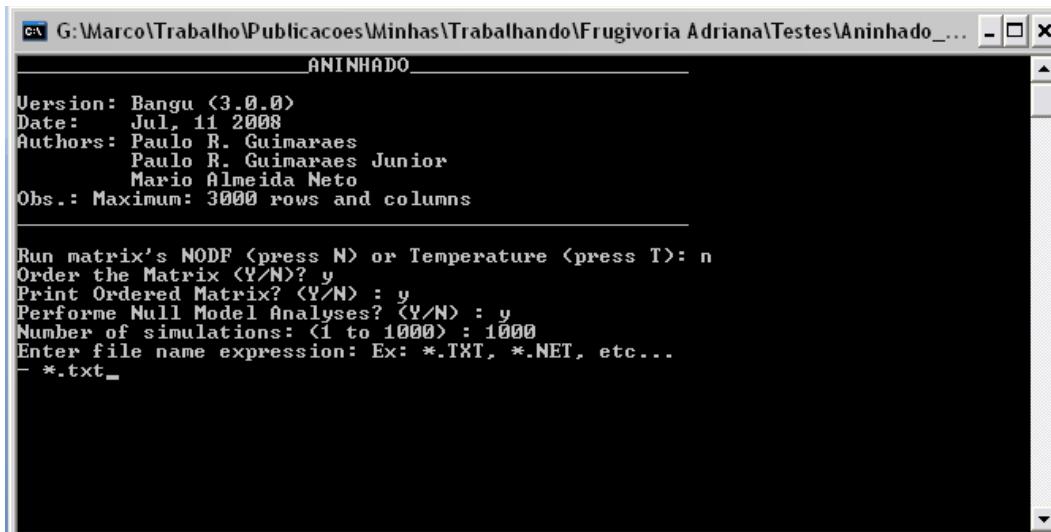
The screenshot shows a Windows command-line window titled "ANINHADO". The title bar includes the path "G:\Marco\Trabalho\Publicacoes\Minhas\Trabalhando\Frugivoria Adriana\Testes\Aninhado_..." and standard window controls. The main area displays the following text:
Version: Bangu <3.0.0>
Date: Jul, 11 2008
Authors: Paulo R. Guimaraes
Paulo R. Guimaraes Junior
Mario Almeida Neto
Obs.: Maximum: 3000 rows and columns
Run matrix's NODF <press N> or Temperature <press T>:
The window has a dark background and light-colored text.

3. Seguindo a mesma lógica usada no caso do cálculo de T, selecione quais opções quer ativar:

The screenshot shows the same Windows command-line window from the previous step. The user has typed the following commands:
Run matrix's NODF <press N> or Temperature <press T>: n
Order the Matrix <Y/N>? y
Print Ordered Matrix? <Y/N> : y
Performe Null Model Analyses? <Y/N> : y
Number of simulations: <1 to 1000> : 1000
The window shows the user's input in white text on a black background.

¹⁴Para saber mais sobre a métrica NODF para medir aninhamento leia: Almeida-Neto M, Guimarães PR, Guimarães Jr. PR, Loyola RD, Ulrich W. 2008. A consistent metric for nestedness analysis in ecological systems: reconciling concept and measurement. Oikos 117(8):1227-1239.

4. Entre com o nome do arquivo, caso seja um só, ou com a expressão (extensão), caso seja um conjunto de arquivos a serem analisados:



The screenshot shows a command-line interface window titled "ANINHADO". The window contains the following text:

```
G:\Marco\Trabalho\Publicacoes\Minhas\Trabalhando\Frugivoria Adriana\Testes\Aninhado_...
ANINHADO

Version: Bangu <3.0.0>
Date: Jul, 11 2008
Authors: Paulo R. Guimaraes
        Paulo R. Guimaraes Junior
        Mario Almeida Neto
Obs.: Maximum: 3000 rows and columns

Run matrix's NODF <press N> or Temperature <press T>: n
Order the Matrix <Y/N>? y
Print Ordered Matrix? <Y/N> : y
Performe Null Model Analyses? <Y/N> : y
Number of simulations: <1 to 1000> : 1000
Enter file name expression: Ex: *.TXT, *.NET, etc...
- *.txt_
```

5. O Aninhado calculará as métricas relacionadas e fará as simulações por Monte Carlo, caso você tenha escolhido essa opção. Ele dará os seguintes arquivos *output*:

- Systemp.txt: valores de NODF para todas as matrizes incluídas na análise, separando os resultados por linhas, colunas e matriz total.
- *nomedamatriz_ordered.txt*: a matriz ordenada de acordo com o grau de cada espécie.
- Vários arquivos com “nestedness” no final: esses arquivos contém os valores de aninhamento calculados nas simulações por Monte Carlo, separando os resultados de acordo com a matriz original (primeira parte do nome do arquivo), depois a parte da matriz (*row*, *column* ou *total*) e por fim conforme o modelo usado para as simulações (ER, CE, LI ou COL). Veja o arquivo readme do programa para saber o que significa cada modelo. Para saber a significância de cada valor de NODF, você precisará ver quantos dos valores simulados ficaram maiores do que o valor observado na matriz original.
- *Nomedamatriz_columm/row_pairwise.txt*: nesse arquivo ficam os valores de aninhamento par-a-par na matriz, considerando cada par de linhas ou colunas possíveis. Cada célula nesse arquivo diz o quanto cada linha é um subconjunto de cada coluna.

5. CONECTIVIDADE

5.1. Conectância¹⁵

1. No Excel:

- i. Vamos supor que você esteja trabalhando com uma matriz bipartida. Abra a matriz no *Excel*;
- ii. Conte o número de linhas (e.g. animais);
- iii. Conte o número de colunas (e.g. plantas);
- iv. Use a função “cont.se” para contar o número observado de interações e deixe o resultado em uma célula fora da matriz:
 - a. Inserir/Função/Estatística/CONT.SE
 - b. Clique na seta vermelha na linha “range” e selecione toda a matriz
 - c. No campo “critérios” coloque “1”.
 - d. Conectância¹⁶ = (total de interações) / (nº linhas * nº colunas)

2. No Pajek:

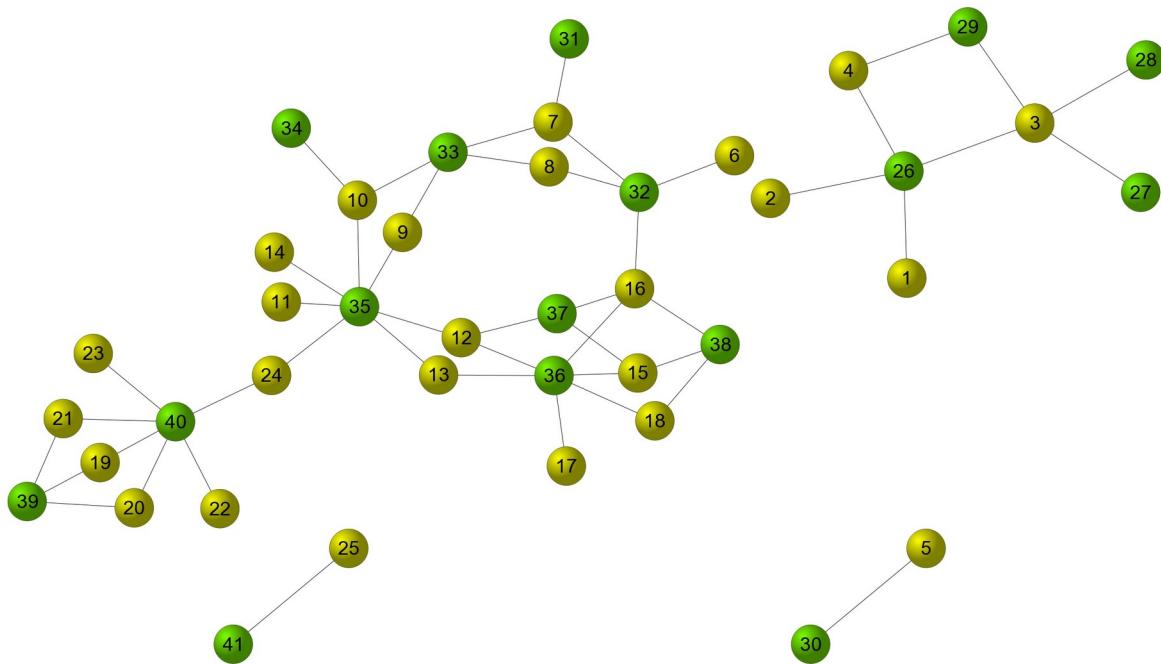
- i. Vá em “Network>Info> General”;
- ii. Na janelinha “Report” aparecerão diversos índices calculados. O Pajek chama a conectância de “density”.
- iii. “Density1” dá um valor, supondo que sua matriz seja unipartida e possa conter alças (loops);
- iv. “Density2” dá outro valor, também supondo uma matriz unipartida, porém sem alças;
- v. “Density [2-mode]” dá um terceiro valor, supondo uma matriz bipartida;
- vi. O Pajek calcula ainda um outro índice de conectividade, conhecido como “grau médio” (average degree), que é a média dos valores dos graus de todos os vértices.

¹⁵Leia mais sobre o significado ecológico da conectância: Jordano P. 1987. Patterns of mutualistic interactions in pollination and seed dispersal - connectance, dependence asymmetries, and coevolution. *The American Naturalist* 129(5):657-677.

¹⁶Lembre-se de que a fórmula para calcular a conectância depende do tipo de rede que se quer analisar.

5.2. Caminhos

1. Uma das principais informações sobre a conectividade de uma rede é sua estrutura de caminhos entre vértices, medidos como o número de arestas que separam cada dois vértices (lembre-se da história dos “[Seis Grau de Separação](#)”). Vamos usar como exemplo a rede de interações formiga-planta:

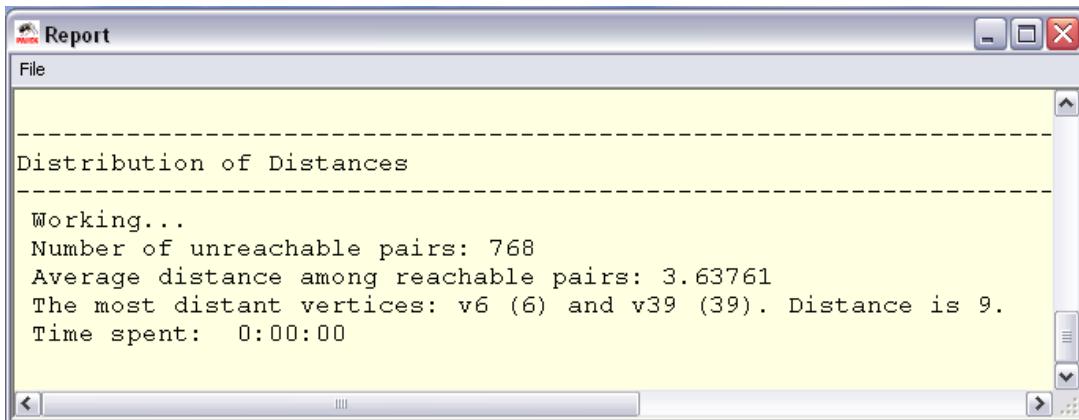


2. No Pajek, pode-se calcular o comprimento do caminho mais curto (geodésica) entre dois vértices escolhidos. Por exemplo, vamos ver o valor mínimo de “passos” separando os vértices 1 e 4. Use o comando “Network>Create New Network>SubNetwork with Paths>One Shortest Path between Two Vertices”. O valor no exemplo é 2, ou seja, 1 e 4 estão separados por apenas 2 arestas.

3. Se você quiser saber todas as possíveis geodésicas entre dois vértices, escolha “Network>Create New Network>SubNetwork with Paths>All Shortest Path between Two Vertices”.

4. É possível também calcular o diâmetro da rede, ou seja, o comprimento da maior geodésica presente nela. Use o comando “Network>Create New Network>SubNetwork with Paths>Info on Diameter”. O valor para essa rede do exemplo é 9.

4. Outra informação interessante é a distribuição de geodésicas entre todos os vértices. Use o comando “Network>Create Vector>Distribution of Distances”. O resultado aparece em uma janela:



```
Report
File
-----
Distribution of Distances
-----
Working...
Number of unreachable pairs: 768
Average distance among reachable pairs: 3.63761
The most distant vertices: v6 (6) and v39 (39). Distance is 9.
Time spent: 0:00:00
```

5. O programa te informa quantos pares de vértices estão inalcançáveis na rede (768), qual é o comprimento médio do caminho (3.64) e qual é a maior geodésica encontrada (9).

6. DEPENDÊNCIA

6.1. Dependência

Em uma rede ponderada (i.e., onde as células têm valores ponderados por algum critério, como frequência de interação), é possível calcular a dependência de um vértice i em relação a um vértice $j(d_{ij})$ como a proporção das interações de i que j representa¹⁷. Portanto:

$d_{ij} = \frac{I_{ij}}{\sum I_i}$, onde I_i são o total das interações do vértice i e I_{ij} são as interações entre os vértices i e j .

Cálculo no Excel:

1. Calcular d_{ij} é simples no Excel. Basta dividir o número de interações entre i e j (I_{ij}) pelo o somatório das interações de i ($\sum I_i$, valor obtido pela função SOMA).

2. Vamos usar como exemplo a dependência da formiga *Allomerus aff. octoarticulata*(i) em relação à planta *Hirtella physophora*(j) na matriz abaixo:

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S
		formigas / plantas																	
1		Cecropia purpureaens	Cecropia concolor	Cecropia distachya	Cecropia ficifolia	Pourouma heterophylla	Hirtella myrmecophila	Hirtella physophora	Duroia saccifera	Cordia nodosa	Cordia aff. Nodosa	Tococa bullifera	Maieta guianensis	Maieta poeppigii	Tachigali polypyilla	Tachigali myrmecophila	Anaiaea aff. Guianensis	soma	
2	Camponotus balzani	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	
3	Azteca alfare	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
4	Azteca isthmica	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	
5	Azteca aff. isthmica	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	
6	Allomerus D	0	0	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	
7	Allomerus prancei	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	
8	Allomerus aff. octoarticulata	0	0	0	0	0	3	70	27	0	0	0	0	0	0	0	0	100	
9	Solenops A	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	4	
10	Allomerus auripunctata	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0	4	
11	Crematogaster B	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	3	
12	Azteca HC	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	3	
13	Azteca G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	24	11	2	0	0	0	0	37	
14	Crematogaster D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0	0	0	5	
15	Azteca CO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	
16	Pheidolus minutula	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	93	28	0	0	0	122	
17	Crematogaster A	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	7	7	1	0	0	0	16	
18	Azteca TO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	
19	Crematogaster C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3	0	0	0	0	6	
20	Azteca schummanni	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	3	
21	Pseudomyrmex nigrescens	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	16	0	23	
22	Pseudomyrmex concolor	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	18	0	34	
23	Azteca D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	
24	Azteca polymorpha	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	
25	Crematogaster E	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	2	
26	Azteca Q	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	
27	soma	14	1	1	3	23	3	79	31	1	35	25	102	32	25	39	3		
28																			

3. $I_i = 100$, $I_{ij} = 70$, $d_{ij} = 70/100 = 0.7$.

¹⁷Leia: Bascompte J, Jordano P, Olesen JM. 2006. Asymmetric coevolutionary networks facilitate biodiversity maintenance. Science 312(5772):431-433. E também: Blüthgen N, Menzel F, Hovestadt T, Fiala B, Blüthgen N. 2007. Specialization, constraints, and conflicting interests in mutualistic networks. Current Biology 17(4):341-346.

4. Pode-se também expressar o valor em porcentagem: $d_{ij} = 70\%$.

5. E qual seria a dependência da planta *Hirtella physophora* (j) em relação à formiga *Allomerus aff. octoarticulata* (i)?

Uma dica para os cálculos: é possível fixar o valor da soma total de interações (I_j e I_i) de cada nível na posição de denominador da fórmula com o símbolo “\$” no excel.

Cálculo no bipartite

1. Determine o local de trabalho como a pasta onde estão os arquivos que vai analisar:

No Mac: `setwd ("C :\caminho \")`

No Windows: vá pelo menu “Arquivo>Mudar dir” ou utilize a função `setwd("C:\caminho\\")`.

2. Carregue no R o pacote bipartite, usando o comando:

```
require(bipartite)
```

3. Carregue o arquivo que preparou para o Bipartite como um novo objeto no R. Troque “suaredel” pelo nome da sua rede:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

4. Dê o comando para calcular dependência:

```
specieslevel(suaredel, index="dependence")
```

5. Você receberá duas matrizes de resultados, um com os valores de d_{ij} (linhas em relação a colunas, “lower”) e outra com os valores de d_{ji} (colunas em relação a linhas, “higher”).

```
> mirmeco1.dep <- specieslevel(mirmeco1, index="dependence")
> mirmeco1.dep
$`higher trophic level`
$`higher trophic level`$dependence
          Cecropia_purpurascens Cecropia_concolor Cecropia_distachya Cecropia_ficifolia
Camponotus_balzani 0.78571429           0           0       0.0000000
Azteca_alfari     0.07142857           0           0       0.0000000
Azteca_isthmica   0.07142857           1           1       0.3333333
Azteca_aff._isthmica 0.07142857           0           0       0.6666667
Allomerus_D        0.00000000           0           0       0.0000000
Allomerus_prancei  0.00000000           0           0       0.0000000
Allomerus_octoarticulata 0.00000000           0           0       0.0000000
Solenops_A         0.00000000           0           0       0.0000000
Allomerus_auripunctata 0.00000000           0           0       0.0000000
Crematogaster_B    0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_HC          0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_G           0.00000000           0           0       0.0000000
Crematogaster_D    0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_C0          0.00000000           0           0       0.0000000
Pheidole_minutula 0.00000000           0           0       0.0000000
Crematogaster_A    0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_TO          0.00000000           0           0       0.0000000
Crematogaster_C    0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_schummani  0.00000000           0           0       0.0000000
Pseudomyrmex_nigrescens 0.00000000           0           0       0.0000000
Pseudomyrmex_concolor 0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_D           0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_polymorpha 0.00000000           0           0       0.0000000
Crematogaster_E    0.00000000           0           0       0.0000000
Azteca_Q           0.00000000           0           0       0.0000000
```

6.2. Assimetria de dependência

Assim como se pode calcular d_{ij} , é possível calcular d_{ji} , a dependência no sentido inverso. Raramente duas espécies em uma rede ecológica, i e j , dependem igualmente uma da outra. Por isso, é interessante calcular também a assimetria de dependência entre elas como:

$$AS_{ij} = \frac{|d_{ij} - d_{ji}|}{\max|d_{ij} - d_{ji}|}, \text{ Onde } \max|d_{ij} - d_{ji}| \text{ é o valor absoluto máximo observado nas diferenças de dependência entre pares espécies na rede analisada.}$$

Cálculo no Excel

1. Vamos usar a mesma matriz formiga-planta como exemplo. Primeiro, devemos criar uma matriz com dependências de i em relação a j (d_{ij}), e uma outra matriz com as dependências de j em relação a i (d_{ji}).

2. Dependência das formigas em relação às plantas (d_{ij}):

3. A seguir, veja a dependência das plantas em relação às formigas (d_{ji}). Perceba a quantidade de zeros nessa tabela. O que isso quer dizer?

4. Diferenças nas dependências, com valores em módulo ($d_{ij} - d_{ji}$). Usa a função matemática “ABS” do Excel para calcular os valores em módulo. O valor máximo (destacado em amarelo) foi determinado com a função estatística “MAX” do Excel”:

formigas / plantas	<i>Cecropia purpuracens</i>	<i>Cecropia concolor</i>	<i>Cecropia distachya</i>	<i>Cecropia ficifolia</i>	<i>Pouruma heterophylla</i>	<i>Hirtella myrmecophila</i>	<i>Duroia saccifera</i>	<i>Cordia nodosa</i>	<i>Cordia aff. Nodosa</i>	<i>Tococa bullifera</i>	<i>Maieta guianensis</i>	<i>Maieta poeppigii</i>	<i>Tachigali polyphylla</i>	<i>Tachigali myrmecophila</i>	<i>Armaoua aff. Guianensis</i>
<i>Camponotus balzani</i>	0.21	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca alfari</i>	0.93	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca isthmica</i>	0.18	0.75	0.75	0.08	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca aff. isthmica</i>	0.26	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Allomerus D</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Allomerus prancei</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.94	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Allomerus aff. octoarticulata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.97	0.19	0.60	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Solenops A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.71	0.22	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Allomerus auripunctata</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.44	0.00	0.44	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Crematogaster B</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.30	0.67	0.30	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca HC</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.91	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca G</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.14	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Crematogaster D</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.51	0.32	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca CO</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.97	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Pheidole minutula</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.15	0.65	0.00	0.00	0.00
<i>Crematogaster A</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.16	0.37	0.03	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca TO</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.96	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Crematogaster C</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.38	0.00	0.41	0.00	0.00	0.00
<i>Azteca schummani</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.59	0.31	0.00
<i>Pseudomyrmex nigrescens</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.29	0.00
<i>Pseudomyrmex concolor</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.17	0.07	0.00
<i>Azteca D</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.97	0.00
<i>Azteca polymorpha</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.95	0.00
<i>Crematogaster E</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.47	0.00	0.00	0.00	0.00	0.47	0.00
<i>Azteca Q</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
max 0.97															

5. Portanto, a assimetria de dependência entre a formiga *Allomerus aff. octoarticulata* (*i*) e a planta *Hirtella physophora* (*j*) é: $AS_{ij} = 0.19/0.97 = 0.20$.

Cálculo no bipartite

1. Não é possível calcular diretamente a assimetria de dependência (AS_{ij}) para cada par de vértices como definido por Bascompte et al. (2006) usando o bipartite. Contudo, combinando-se algumas funções, é possível calcular esses valores par-a-par de forma indireta. Esse script foi desenvolvido por Pavel Dodonov (<http://lattes.cnpq.br/9008153877455949>), ex-aluno do [Curso de Redes Ecológicas](#) (Turma da Unesp de Rio Claro, 2012).

i. Determine o local de trabalho com a pasta onde estão os arquivos que vai analisar:

No Mac:

```
setwd("C:\\caminho\\")
```

No Windows: vá pelo menu “File” e selecione “Mudar dir”.

ii. Carregue no R o pacote bipartite, usando o comando:

```
require(bipartite)
```

ii. Carregue o arquivo que preparou para o biparte como um objeto a ser analisado no R. Troque “suaredel” pelo nome da sua rede:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

iv. Cole estes comandos em um editor de comandos do R (R script):

```
linhas<- linklevel(redes, index="dependence") $"LL dependence"  
#linhas  
colunas<- linklevel(redes, index="dependence") $"HL dependence"  
#colunas  
max(linhas)  
max(colunas)  
maximum <- max(max(linhas),max(colunas))  
assimetria<- abs(linhas-colunas) /maximum  
assimetria #objeto com as assimetrias
```

2. É possível também calcular outros dois índices interessantes, relacionados à assimetria de dependência. O **primeiro** é a assimetria de dependência na rede como um todo, chamada de ISA. O **segundo** é um índice no nível do vértice, chamado de “interaction push-pull”, que mede o quanto cada vértice é influenciado (valores negativos) ou influencia os outros vértices (valores positivos).

ii. Determine o local de trabalho com a pasta onde estão os arquivos que vai analisar:

No Mac:

```
setwd ("C:\caminho\")
```

No Windows: vá pelo menu “Arquivo>Mudar dir”.

ii. Carregue no R o pacote bipartite, usando o comando:

```
require(bipartite)
```

iii. Carregue o arquivo que preparou para o biparte como um objeto a ser analisado no R. Troque “suaredel” pelo nome da sua rede:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

Dica: sempre coloque algum numeral depois do nome da rede, porque isso facilita selecionar, copiar e colar no R.

iv. Dê o comando a seguir para calcular ISA (Assimetria na Força da Interação). O resultado será um valor único de ISA. Valores positivos indicam maior dependência encontrada no nível trófico mais alto.

```
networklevel(suaredel, index="ISA", ISAmethod="Bluethgen")
```

v. Dê o comando para calcular “interactionpush-pull”:

```
specieslevel(suaredel, index="interaction push pull")
```

Você receberá duas matrizes de resultados, um com os valores de d_{ij} (**linhas em relação a colunas, “lower”**) e outra com os valores de d_{ji} (**colunas em relação a linhas, “higher”**).

Valores positivos de Interaction Push-pull indicam que uma espécie influencia a mais espécie do outro nível do que é influenciada por ela (ou seja, a espécie é um “pusher” ou empurrador, com valores próximos a +1). Valores negativos indicam que a espécie está sendo mais influenciada do que de fato influencia (“pulled” ou é uma espécie “puxada”, valores próximos a -1).

7. ESPECIALIZAÇÃO

A especialização é um dos conceitos ecológicos mais controversos, pois já foi definido de diversas maneiras e calculado através de várias métricas¹⁸. Na Ecologia, costuma-se definir especialização nos níveis do indivíduo ou da população. Na Ecologia de Redes, define-se especialização nesses dois níveis, mastambém no nível da comunidade, que não tem paralelo na ecologia clássica, gerando muita discussão na literatura¹⁹.

1. Especialização no nível dos indivíduos de uma população

No nível dos indivíduos de uma mesma população, uma maneira de calcular especialização é através do método proposto por Araújo et al. (2008). Siga as instruções dadas [aqui](#) e veja os valores de E (especialização individual) e C_{ws} (*clustering* na dieta).

2. Especialização no nível da população

1. Nos níveis da população e da comunidade, o melhor método disponível foi proposto por Blüthgen et al. (2006)²⁰. O método baseia-se na Teoria da Informação e no índice H' de Shannon. Para a **população**, pode-se calcular o índice d' ; para a **comunidade**, o índice H_2' . Para calcular esses índices de especialização complementar, é preciso usar o pacote *bipartite* para o R.

2. Determine o local de trabalho como a pasta onde estão os arquivos que vai analisar:

No Mac:

```
setwd ("C:\caminho\")
```

No Windows: vá pelo menu “Arquivo>Mudar dir”.

¹⁸2.10. Veja uma revisão ótima sobre especialização: Devictor V, Clavel J, Julliard R, Lavergne S, Mouillot D, Thuiller W, Venail P, Villéger S, Mouquet N. 2009. Defining and measuring ecological specialization. Journal of Applied Ecology 47(1):15-25.

¹⁹Leia uma forte crítica à abordagem de redes: Blüthgen N. 2010. Why network analysis is often disconnected from community ecology: a critique and an ecologist's guide. Basic and Applied Ecology 11:185-195. E leia também um exemplo prático de descompasso de conceitos em redes de dispersão de sementes: Mello MAR, Marquitti FMD, Guimarães PR, Jr., Kalko EKV, Jordano P, de Aguiar MAM. 2011. The missing part of seed dispersal networks: structure and robustness of bat-fruit interactions. PLOS One 6(2):e17395.

²⁰Blüthgen N, Menzel F, Blüthgen N. 2006. Measuring specialization in species interaction networks. BMC Ecology 6(9):1-12.

3. Carregue no R o pacote bipartite, usando o comando:

```
require(bipartite)
```

3. Carregue o arquivo que preparou para o bipartite como um objeto a ser analisado no R. Troque “suaredel” pelo nome da sua rede:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

5. Dê o comando abaixo para calcular d' para todos os vértices de cada lado da rede:

```
specieslevel(suaredel, index="d")
```

6. Você receberá os valores de d' por espécie e separados para cada lado da rede (*higher* = colunas, *lower* = linhas). Este índice leva em consideração a especialização por uma interação em específico, comparada com uma situação em que a seleção seria ao acaso (random selection).

\$`higher trophic level`	
	d
Cecropia_purpuracens	0.9449330
Cecropia_concolor	0.7114304
Cecropia_distachya	0.7114304
Cecropia_ficifolia	0.8312438
Pouruma_heterophylla	1.0000000
Hirtella_myrmecophila	0.1920441
Hirtella_physophora	0.7784198
Duroia_saccifera	0.4895913
Cordia_nodosa	0.7713140
Cordia_aff._Nodosa	0.8178827
Tococa_bullifera	0.5838327
Maieta_guianensis	0.7400818
Maieta_poepiggi	0.4127452
Tachigali_polyphylla	0.6831842
Tachigali_myrmecophila	0.7846803
Amaioua_guianensis	1.0000000

\$`lower trophic level`	
	d
Camponotus_balzani	0.9318193
Azteca_alfari	0.4293897
Azteca_isthmica	0.7694693
Azteca_aff._isthmica	0.7274457
Allomerus_D	1.0000000
Allomerus_prancei	0.2987447
Allomerus_octoarticulata	0.9140128
Solenops_A	0.1829875
Allomerus_auripunctata	0.3088353
Crematogaster_B	0.4478318
Azteca_HC	0.4177423
Azteca_G	0.7064605
Crematogaster_D	0.3687879
Azteca_C0	0.2312716
Pheidole_minutula	0.8956363
Crematogaster_A	0.3090202
Azteca_T0	0.3040228
Crematogaster_C	0.4175516
Azteca_schummani	0.3115001
Pseudomyrmex_nigrescens	0.6474123
Pseudomyrmex_concolor	0.7496915
Azteca_D	0.2078739
Azteca_polymorphia	0.3394984
Crematogaster_E	0.1974014
Azteca_Q	1.0000000

3. Especialização na comunidade

1. Para calcular a especialização na comunidade como um todo, use o seguinte comando:

```
networklevel(suarede1, index="H2")
```

2. O programa lhe informará o valor do índice H_2' , que varia de 0 (ausência de especialização) a 1 (alta especialização).

3. Para estimar a significância do valor de H_2' , faça o cálculo usando a mesma matriz, mas sem os rótulos de linhas e colunas, no site dos irmãos Blüthgen: <http://rxc.sys-bio.net>.

4. Você também pode calcular a significância de H_2' (e de outras métricas) e observar seu valor real comparado a uma sequência de valores aleatorizados mil vezes com o código a seguir. Neste código, o modelo nulo considera matrizes aleatorizadas que mantém os totais marginais de linhas e colunas. Perceba que o P-valor reflete a posição do seu valor observado na distribuição de probabilidades que será plotada. Você também pode comparar se a diferença no H_2' entre duas redes é maior ou menor do que o esperado pelo acaso através do código disponível no site do nosso laboratório, seção “Software”.

```
obs=unlist(networklevel(suarede1, index="H2",
H2_integer=TRUE))

nulls=nullmodel(suarede1, N=1000, method="r2dtable")

null=unlist(sapply(nulls, networklevel,
index="H2", H2_integer=TRUE))

plot(density(null), xlim=c(min(obs, min(null)), max(obs,
max(null))), main="Comparação entre o valor real e o esperado
pelo acaso")

abline(v=obs, col="lightskyblue", lwd=4)

praw <- sum(null>obs) / length(null)

ifelse(praw > 0.5, 1-praw, praw)
```

8. SUBGRUPOS COESOS

8.1. Componentes

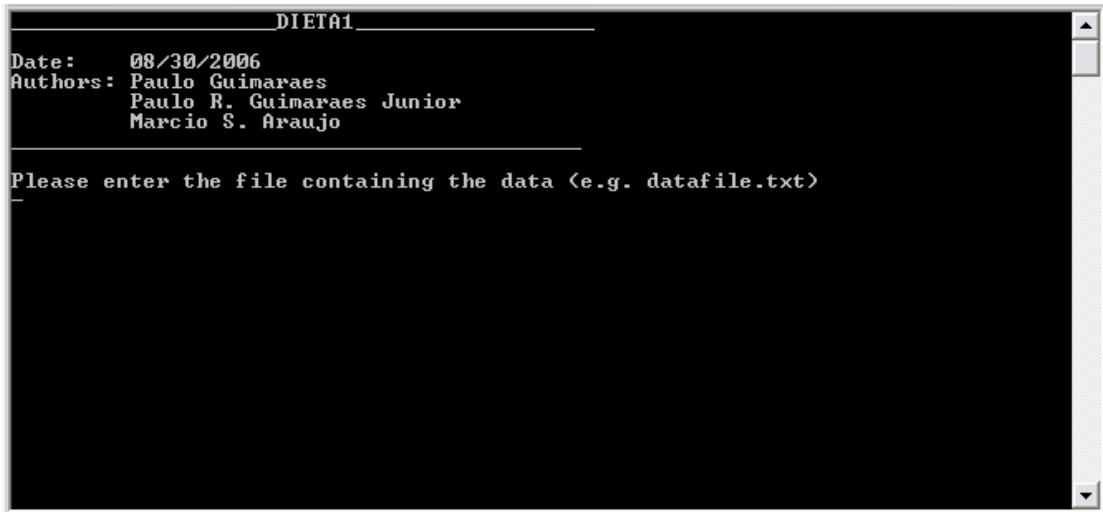
Na teoria de redes, um conceito muito importante é a “comunidade” (**totalmente diferente** do conceito ecológico, veja no [dicionário de redes](#)) ou “subgrupo coeso”: ou seja, um subconjunto de vértices que tem mais conexões entre si do que com outros vértices da mesma rede. Há várias formas de operacionalizar esse conceito. Uma definição básica de comunidade é o componente. Dois pontos pertencem ao mesmo componente se existir um caminho entre eles. Você deve registrar o número de componentes e o tamanho do maior componente (em proporção de pontos).

1. Abra o arquivo no Pajek.
2. Escolha “Network>Create Partition>Components>Weak”. Entre com 1 na próxima janela.
3. Veja a janela Report e anote o número de componentes e a proporção de pontos que fazem parte do maior componente.
4. Visualize os compartimentos dando CTRL+P (ou “Draw>Network+First Partition”).

8.2. w-cliques²¹

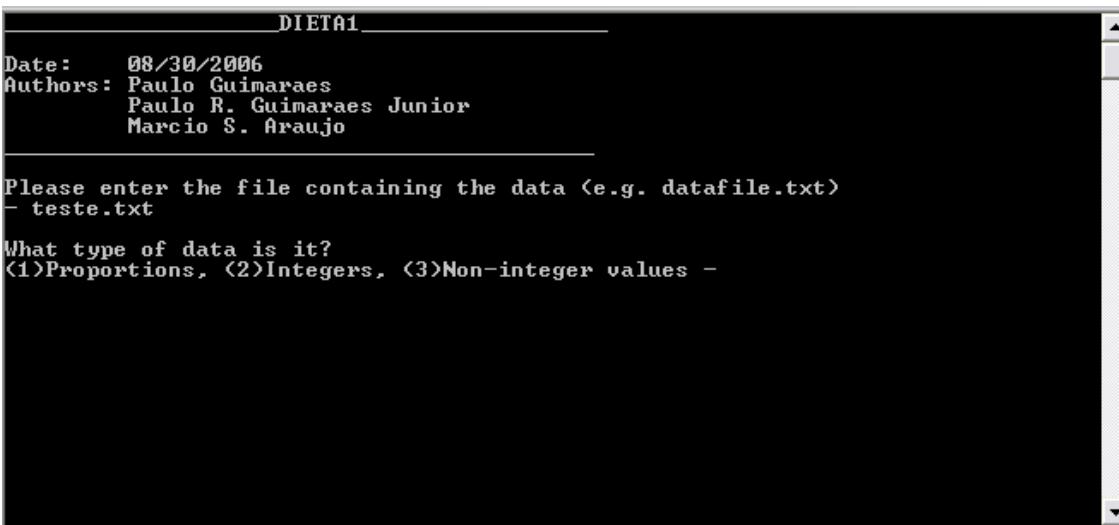
1. Aqui se trata de outro conceito de “comunidade”. Use o arquivo que você preparou para o programa Dieta.

2. Na primeira tela, digite o nome do arquivo que será usado:



The screenshot shows the initial input screen of the DIETA1 software. At the top, it displays the title "DIETA1". Below the title, there is a section for metadata: "Date: 08/30/2006" and "Authors: Paulo Guimaraes, Paulo R. Guimaraes Junior, Marcio S. Araujo". A text prompt "Please enter the file containing the data (e.g. datafile.txt)" is followed by a line starting with "-". The rest of the window is a large black area for file input.

3. Depois informe qual é natureza dos dados da matriz:



The screenshot shows the second input screen of the DIETA1 software. It includes the same metadata as the previous screen. The text prompt "Please enter the file containing the data (e.g. datafile.txt)" is followed by "- teste.txt". Below this, a question "What type of data is it?" is displayed, with options "(1) Proportions, (2) Integers, (3) Non-integer values -". The rest of the window is a large black area for file input.

²¹Para entender o que são w-cliques leia: Araújo MS, Guimarães Jr. PR, Svanbäck R, Pinheiro A, Guimarães PR, Reis SF, Bolnick DI. 2008. Network analysis reveals contrasting effects of intraspecific competition on individual vs. population diets. Ecology 89(7):1981–1993.

4. Depois diga se quer rodar simulações por Monte Carlo ou não, e quantas rodadas:

```
DIET@1  
Date: 08/30/2006  
Authors: Paulo Guimaraes  
         Paulo R. Guimaraes Junior  
         Marcio S. Araujo  
  
Please enter the file containing the data (e.g. datafile.txt)  
- teste.txt  
  
What type of data is it?  
(1)Proportions, (2)Integers, (3)Non-integer values - 2  
  
Would you like to run a Monte Carlo bootstrap? (y/n) - y  
  
How many replicates? (1 to 10000) - 1000
```

5. Depois escolha o método de cálculo das proporções da dieta e o fator de peso (recomendado usar 5):

```
DIET@1  
Date: 08/30/2006  
Authors: Paulo Guimaraes  
         Paulo R. Guimaraes Junior  
         Marcio S. Araujo  
  
Please enter the file containing the data (e.g. datafile.txt)  
- teste.txt  
  
What type of data is it?  
(1)Proportions, (2)Integers, (3)Non-integer values - 2  
  
Would you like to run a Monte Carlo bootstrap? (y/n) - y  
  
How many replicates? (1 to 10000) - 1000  
  
How would you like to calculate the population's diet proportions?  
(1) Numerical sum, (2) Average proportion - 1  
  
What is the 'weight factor'(1 to 100)? -
```

6. Por fim, diga se quer ou não imprimir a matriz com os valores de w (ela é importante para desenhar as cliques no Pajek e analisá-las no UCINET):

```
DIET@1
Date: 08/30/2006
Authors: Paulo Guimaraes
          Paulo R. Guimaraes Junior
          Marcio S. Araujo

Please enter the file containing the data (e.g. datafile.txt)
- teste.txt

What type of data is it?
<1>Proportions, <2>Integers, <3>Non-integer values - 2

Would you like to run a Monte Carlo bootstrap? (y/n) - y

How many replicates? <1 to 10000> - 1000

How would you like to calculate the population's diet proportions?
<1> Numerical sum, <2> Average proportion - 1

What is the 'weight factor'<1 to 100>? - 1

Would you like to print the file Bootstrap.txt (y/n)? -
```

7. O Dieta criará cinco arquivos de saída. Consulte o *readme* do programa para saber onde fica cada resultado dentro de cada arquivo.

- i. Um arquivo de texto chamado ‘Indices[filename].txt’ contendo o E empírico e sua variância, VarE, assim como;
- ii. Um arquivo de texto opcional chamado ‘P[filename].txt’ contendo valores não-paramétricos de P e E, gerados pelo procedimento de *bootstrapping* por Monte Carlo;
- iii. Um arquivo de texto opcional chamado ‘boot[filename].txt’ contendo os valores calculados de E para cada simulação;

iv. Um arquivo *.mat, ‘filename.mat’, que pode ser importando em outros programas de redes e facilmente editados em um programa de texto, contendo a matriz de valores w_{ij} multiplicados pelo fator de peso previamente escolhido, ficando com a seguinte organização:

*Vertices 5

```
1 "1"  
2 "2"  
3 "3"  
4 "4"  
5 "5"
```

*Matrix

```
0.000 0.899 0.120 0.113 0.050  
0.899 0.000 0.019 0.019 0.000  
0.120 0.019 0.000 0.674 0.611  
0.113 0.019 0.674 0.000 0.875  
0.050 0.000 0.611 0.875 0.000
```

O número 5 indica o número de vértices na rede; os números abaixo de “Vertices” listam os vértices; os caracteres entre aspas são rótulos que identificam indivíduos ou espécies na primeira coluna do arquivo de dados. “*Matrix” indica a matriz quadrada com os valores de sobreposição de nicho w_{ij} par-a-par multiplicados pelo fator de peso.

2.5.7.5. E finalmente um arquivo *.mat chamado ‘B[filename].mat’, representando a matriz binária de margens fortes (*strongedges*), em que as células são todas 0 ou 1, indicando presença ou ausência de margens fortes. A matriz do exemplo acima fica assim:

*Vertices 5

```
1 "1"  
2 "2"  
3 "3"  
4 "4"  
5 "5"
```

*Matrix

0	1	0	0	0
1	0	0	0	0
0	0	0	1	1
0	0	1	0	1
0	0	1	1	0

Identificação dos w-cliques.

1. Agora que você já analisou a sobreposição de nicho na sua matriz usando o Dieta, poderá fazer a identificação das w-cliques no UCINET.
2. Abra no Pajek o arquivo B[nome].mat criado no Dieta. Aplique a transformação de arcos para arestas, já que o *Dieta* salva a sua rede como se fosse direcionada: “Network>Create New Network>Transform>Arcs->Edges>All”.
3. Salve a matriz no formato NET do Pajek.
4. Abra o arquivo no *UCINET* pelo caminho “Data>Importtext file>Pajek”:
5. Por enquanto, ignore o arquivo de log criado. Vá pelo caminho “Network>Subgroups>Cliques”.
6. Escolha o arquivo em formato .##H que o UCINET criou na mesma pasta:
7. O *UCINET* lhe dará um arquivo de log com as informações sobre os cliques encontrados. Note que o conceito de clique usado pelo programa é o clássico, ou seja, um subgrupo onde todos os vértices pertencentes ao mesmo grupo estão conectados uns aos outros. Mas como você já passou essa matriz pelo Dieta, o programa terá transformado os dados de forma a deixar apenas as conexões fortes (maiores do que a média de *w* par-a-par na matriz) no arquivo de saída. Portanto, as cliques observadas são fruto de um conceito misto, incorporando o índice clássico *w* de Schoener (1971) e o coeficiente de agregação. No log é possível ver qual vértice pertence a cada clique, assim como os vértices que pertencem a mais de uma clique (hubs que conectam as cliques entre si).

OUTPUT.LOG2 - Notepad

File Edit Format View Help

CLIQUEs

Minimum Set size: 3
Input dataset: F:\Marco\Trabalho\Ensino\Especializacao Individual\Aulas e Material\Programas\Dieta\es

5 cliques found.

1: 7 10 11 18 19 21 35 42 48 58 61 62
2: 1 13 14 21 31 44 50 59
3: 17 21 22 30 43 65 66
4: 3 8 12 29 32 45 47 54 56
5: 4 11 15 23 28 36 40 51 57 63 64

Clique Proximities: Prop. of clique members that each node is adjacent to

	1	2	3	4	5
1	0.083	1.000	0.143	0.000	0.000
3	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
4	0.083	0.000	0.000	0.000	1.000
7	1.000	0.125	0.143	0.000	0.091
8	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
10	1.000	0.125	0.143	0.000	0.091
11	1.000	0.125	0.143	0.000	1.000
12	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
13	0.083	1.000	0.143	0.000	0.000
14	0.083	1.000	0.143	0.000	0.000
15	0.083	0.000	0.000	0.000	1.000
17	0.083	0.125	1.000	0.000	0.000
18	1.000	0.125	0.143	0.000	0.091
19	1.000	0.125	0.143	0.000	0.091
21	1.000	1.000	1.000	0.000	0.091
22	0.083	0.125	1.000	0.000	0.000
23	0.083	0.000	0.000	0.000	1.000
28	0.083	0.000	0.000	0.000	1.000

8.3. Módulos

Modularidade binária

Quase todos os artigos publicados até o momento em Ecologia que aplicaram o conceito de modularidade usaram apenas algoritmos baseados em dados binários. Aqui mostramos as maneiras mais comuns de se fazer esse cálculo.

1. O módulo²² é mais um conceito de “[comunidade](#)”, usado pelo programa Netcarto. Use o arquivo que preparou para o Netcarto. Apesar de o programa ter sido feito para redes unipartidas, você também pode analisar as bipartidas nele; porém, não poderá usar o procedimento Monte Carlo padrão para estimar a significância da modularidade (M). No caso de redes bipartidas, veja um [procedimento alternativo](#) explicado no final desta seção.

2. Entre com a ‘semente’ (pode ser 1):



```
# Enter random number seed <POSITIVE integer>:
```

²²Para entender o que são módulos e como podem ser usados em Ecologia, leia:

Guimerà R, Amaral LAN. 2005. Functional cartography of complex metabolic networks. *Nature* 433:895-900.

Mello MAR, Marquitti F, Guimarães P, Kalko E, Jordano P, de Aguiar M. 2011. The modularity of seed dispersal: differences in structure and robustness between bat- and bird-fruit networks. *Oecologia* 167:131-140.

Olesen JM, Bascompte J, Dupont YL, Jordano P. 2007. The modularity of pollination networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104:19891-19896.

3. Entre com o nome do arquivo, que deve estar na mesma pasta que o Netcarto, e o fator de iteração:

```
# Enter random number seed <POSITIVE integer>: 1  
# Enter the name of the network file: test.dat  
# Enter iteration factor <recommended 1.0>: _
```

4. Entre com o fator de resfriamento:

```
# Enter random number seed <POSITIVE integer>: 1  
# Enter the name of the network file: test.dat  
# Enter iteration factor <recommended 1.0>: 1  
# Enter the cooling factor <recommended 0.950-0.995>: 0.995
```

5. Entre com o número de aleatorizações para estimar a significância de M . Use pelo menos 1.000, pois mais aleatorizações costumam gerar resultados mais confiáveis. Contudo, observe que quanto mais aleatorizações, mais demorada será a análise. Este programa, como dito anteriormente, sobrecarrega muito o processador e a memória RAM. Se você não tiver um computador realmente potente (no mínimo, com 2.0 GHz e 4 GB de RAM), recomendo que rode a análise em outro computador que não precisará usar no momento. Por exemplo, se a rede for grande (e.g., mais de 100 vértices) e você pedir 1.000 aleatorizações, mesmo em um computador bom, a análise pode demorar mais de um dia!

```
# Enter random number seed <POSITIVE integer>: 1
# Enter the name of the network file: test.dat
# Enter iteration factor <recommended 1.0>: 1
# Enter the cooling factor <recommended 0.950-0.995>: 0.995
# Enter the number of randomizations: 100
```

6. O programa te dará 7 arquivos de saída. Consulte o *readme* do programa para saber onde fica cada resultado dentro de cada arquivo.

- i. network.net, com o componente gigante da rede.
- ii. modules.clu, com uma partição de Pajek com os módulos identificados.
- iii. roles.clu, com uma partição de Pajek com os papéis funcionais identificados. Caso queira plotar os papéis funcionais juntamente com a rede e módulos, faça uma cópia deste arquivo e mude a extensão de roles.clu para roles.vec. Então abra roles.clu como um vetor no Pajek.
- iv. modules.dat, um arquivo de texto com informações básicas sobre os módulos.
- v. roles.dat, um arquivo de texto com informações básicas sobre os papéis funcionais.
- vi. node_prop.dat, com informações sobre cada vértice da rede. Suas colunas trazem as seguintes informações: Número do vértice, Grau, Coeficiente de participação e grau relativo dentro do módulo.
- vii. randomized_mod.dat, caso tenha escolhido rodar aleatorizações, informando a modularidade original, a probabilidade da modularidade original, e a média e o desvio-padrão das probabilidades simuladas. Com os valores de $M_{\text{observado}}$, número de randomizações, média e desvio-padrão de $M_{\text{randomizado}}$, faça um [teste Z](#) (teste t para uma amostra) para estimar a significância de $M_{\text{observado}}$.

Procedimento alternativo: estimativa da significância de M para redes bipartidas

Segundo Olesen et al. (2007)²³ e Guimerà et al. (2007)²⁴, você pode usar o valor de M calculado no Netcarto tanto para redes unipartidas quanto para bipartidas. Contudo, o valor de P calculado a partir dos resultados das aleatorizações feitas no Netcarto serve apenas para redes unipartidas. Por isso, é preciso estimar a significância de outra forma, caso a sua rede original seja bipartida.

Alternativa 1:

Use o programa Modular, também criado pela Flávia Marquitti: <http://sourceforge.net/projects/programmodular/files/>. Ele tem versões para Mac-OS, Windows e Linux. As instruções estão disponíveis no site clicando no arquivo Modular_Guide.

Alternativa 2:

1. Calcule o M da matriz real no Netcarto, mas sem rodar a análise de Monte Carlo para estimar o valor de P (significância de M).
2. Crie pelo menos 1.000 matrizes aleatorizadas a partir da matriz real, usando o modelo nulo 2 de Bascompte et al.(2003)²⁵. Este modelo mantém, probabilisticamente, a distribuição de grau das linhas e colunas da matrix original nas matrizes aleatorizadas e é, no geral, o mais adequado. Isso é possível de ser feito com scripts para programas como o R, o MatLab, o SciLab ou o Mathematica. No R, há uma função para isso no pacote vegan, além de um script criado por Pavel Dodonov (<http://lattes.cnpq.br/9008153877455949>). Você pode encontrar scripts para rodar estas análises no site do nosso laboratório, seção “Software”.
3. Calcule o M de cada uma das matrizes aleatorizadas. Tendo o número de matrizes aleatorizadas, a média e o desvio-padrão dos valores de M delas, você pode rodar um teste Z (também conhecido como teste t para uma amostra), a fim de estimar o valor de P.

²³Olesen JM, Bascompte J, Dupont YL, Jordano P. 2007. The modularity of pollination networks. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 104:19891-19896.

²⁴Guimerà R, Sales-Pardo M, Amaral LAN. 2007. Module identification in bipartite and directed networks. Physical Review E 76:036102.

²⁵Bascompte J, Jordano P, Melian CJ, Olesen JM. 2003. The nested assembly of plant-animal mutualistic networks. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 100:9383-9387.

Modularidade ponderada

Apesar de os algoritmos binários dominarem a literatura, é possível calcular modularidade considerando os pesos das arestas da sua rede, com base em algoritmos ponderados.

Algoritmo QuanBiMo

A modularidade ponderada pode ser calculada utilizando o QuanBiMo, um algoritmo proposto em 2014 por Dorman & Strauss. Esse algoritmo recente, mais sensível do que o M criado por Newman, consegue calcular a modularidade para **redes ponderadas e bipartidas** utilizando verossimilhança e utilizando o procedimento de Monte Carlo. O nível de modularidade neste caso é medido por Q, que varia de zero (nada modular) a 1 (altamente modular). A significância de Q pode ser calculada por Monte Carlo, confrontando o valor real de Q com valores de Q provindo de redes aleatorizadas. Um atributo importante de Q é que sua relevância ecológica deve ser intepretado com cautela, pois é um índice bastante dependente do tamanho da rede: redes muito grandes, com muitas interações e espécies poderão ter maiores valores de Q simplesmente por permitirem mais combinações de espécies em módulos. Para entender mais sobre a interpretabilidade de Q, leia Dorman & Strauss (2014)²⁶. O algoritmo QuanBiMo já está implementado no pacote bipartite para R, então siga o seguinte *script* para observar os valores de módulos, calcular a verossimilhança e exportar uma figura em alta resolução mostrando os módulos. Além disso, para verificar se as diferenças entre modularidades de duas redes diferem do esperado ao acaso, há um script disponível no nosso site (<http://www.marcomello.org/>).

```
modulos <- computeModules(squaredel, steps=1E8, deep=T)
mod@likelihood
file_name= paste("figura_modulos_v01.png", sep="")
png(filename=filename, res= 600, height= 26, width=30, unit="cm")
plotModuleWeb(modulos)
dev.off()
```

²⁶ Dorman CF & Strauss R. (2014). A method for detecting modules in quantitative bipartite networks. Methods Ecol. Evol., 5, 90–98.

Algoritmo Louvain

O método para cálculo de modularidade em redes grandes ou gigantes mais popular entre físicos e matemáticos ainda é pouco conhecido entre ecólogos. Trata-se do algoritmo Louvain, proposto original por Blondel et al. (2008)²⁷ e melhorado depois por Lambiotte et al. (2014)²⁸, que se baseia em heurística e otimização. Esse algoritmo está implementado no Pajek e no Gephi.

Cálculo de modularidade Louvain no Pajek

1. Abra a sua rede no Pajek e vá em “Network > Create Partition > Communities > Louvain Method”.
2. Escolha entre as duas opções dadas. Eu geralmente fico com a mais simples, “Multi-level Coarsening + Single Refinement”, que é suficiente para as redes que costume estudar.
3. Deixe os campos a seguir nos valores padrão ou mude-os de acordo com o nível de refinamento que deseja. Por exemplo, “Resolution Parameter” determina a quantidade de módulos que serão detectados na sua rede: valores maiores do que 1 levam à detecção de menos módulos maiores, enquanto valores menores do que 1 levam à detecção de mais módulos menores. Esse parâmetro é fundamental, pois permite escolher em que nível hierárquico de diferenciação os módulos serão determinados.
4. Veja os resultados detalhados na janela “Report”.

Cálculo de modularidade Louvain no Gephi

1. Abra a rede em formato Pajek (NET) no Gephi pelo menu “Arquivo > Abrir”.
2. Na janela de importação de arquivos que se abrirá, escolha o tipo de grafo “Não dirigido” e dê OK.
3. Na tab “Distribuição”, escolha o modo de desenho que preferir e dê “Executar”. Eu geralmente uso o “Fruchterman-Reingold” para a maioria das redes que estudo. Clique em “Parar” quando perceber que o desenho se estabilizou.
4. Na tab “Estatísticas”, vá em “Modularidade” e clique em “Executar”.
5. Escolha ativar ou desativar as opções disponíveis. Note que você pode optar por considerar ou não os pesos das arestas. Dê Ok.
6. Veja os resultados detalhados na janela “Report”. Clique em fechar.
7. Se quiser desenhar os módulos, vá para a tab “Aparência”, mantenha escolhida a guia “Cor”(símbolo da palheta), clique em “Nós > Atributo” e escolha “Modularity Class”. Altere as cores clicando nos quadrados, se quiser, e depois clique em “Aplicar”.

²⁷ Blondel VD, Guillaume J-L, Lambiotte R, Lefebvre E (2008) Fast unfolding of communities in large networks. *J Stat Mech Theory Exp* 2008:P10008. doi: 10.1088/1742-5468/2008/10/P10008

²⁸ Lambiotte R, Delvenne J-C, Barahona M (2014) Random Walks, Markov Processes and the Multiscale Modular Organization of Complex Networks. *IEEE Trans Netw Sci Eng* 1:76–90. doi: 10.1109/TNSE.2015.2391998

8. Veja a representação dos módulos em cores. Note que o Gephi desenha as arestas com as mesmas cores dos módulos, o que dá um efeito muito bonito. Apenas as arestas sem módulo definido ficam em cinza.

9. Você pode também desenhar cada vértice com tamanho proporcional a uma métrica de centralidade, como o grau, por exemplo. Basta continuar na tab “Aparência”, trocar para a guia “Tamanho” (símbolo dos círculos concêntricos), clicar em “Nós > Atributo”, escolher “Grau” e clicar em “Aplicar”. No menu principal “Vizualização”, você pode fazer várias personalizações de desenho até chegar a um resultado que lhe agrade. Veja um exemplo feito com uma rede de polinização de flores de óleo²⁹, usando arestas curvas:



9. ROBUSTEZ

Uma ferramenta excelente na teoria de redes são as análises de robustez(também conhecida como fragilidade ou sensibilidade). Com elas é possível estimar como uma rede responde à remoção de vértices. Isso é especialmente útil em estudos sobre extinção de espécies em comunidades ecológicas.

9.1. Simulações de remoção de vértices no Ataque³⁰

O Ataque simula extinções de espécies (remoção de vértices da rede) de diferentes formas: iterativamente, uma a uma e cumulativamente. Por isso são 3 programas diferentes para cada caso. Eles geram matrizes em arquivos texto após cada simulação.

Preparação da matriz:

1. Use a matriz que já preparou para o Ataque, sem nome na primeira linha e com valores separados por tabulações:

1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	
0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	
0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	
0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	

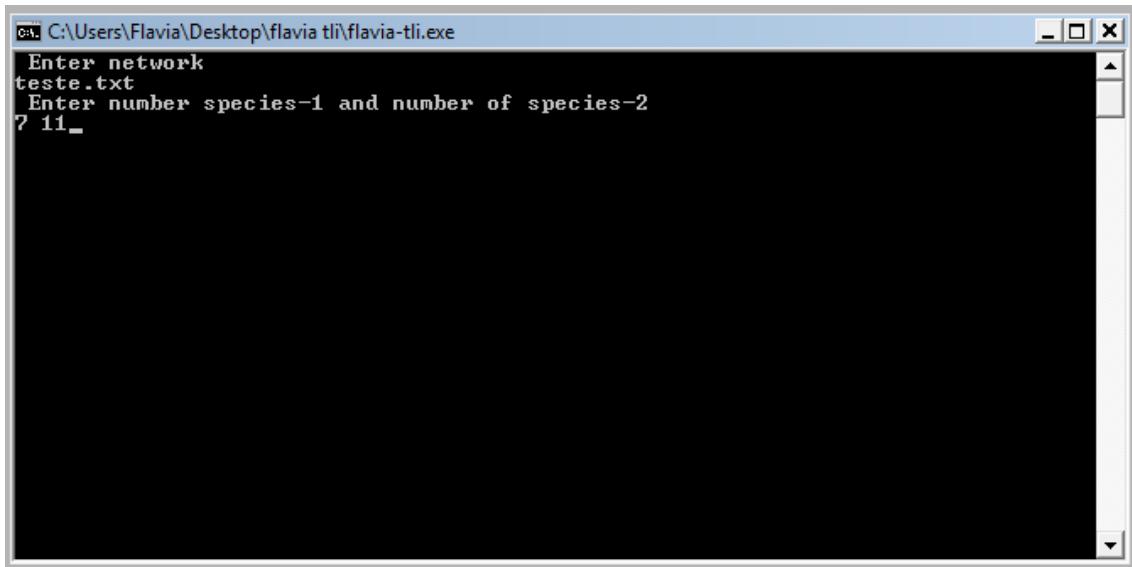
O programa Ataque é dividido em três: *flavia-tli* (remoção de um vértice por vez), *flavia-tl2* (remoção única com reposição de cada linha ou cada coluna), *clustersex2* (remoção cumulativa de linhas ou colunas).

Para todos, é necessário saber o número de linhas e de colunas da matriz binária. Também é necessário que o arquivo da matriz esteja na mesma pasta que o executável e seu respectivo arquivo de saída (o arquivo texto "... -out ")

³⁰Para aprender os conceitos de erro e ataque em redes complexas leia: Albert R, Jeong H, Barabasi AL. 2000. Errorandattacktoleranceofcomplex networks. Nature 406:378-382. No caso de redes ecológicas leia: Memmott J, Waser NM, Price MV. 2004. Tolerance of pollination networks to species extinctions. Proceedings of the Royal Society London B 271:2605–2611. Leia também um artigo que propõe um método novo, comentado mais a fente: Burgos E, Ceva H, Perazzo RPJ, Devoto M, Medan D, Zimmermann M, MarlaDelbue A. 2007. Why nestedness in mutualistic networks? Journal of Theoretical Biology 249(2):307-313.

flavia-tli

Coloque o nome do arquivo texto de sua matriz e dê enter. Não se esqueça de colocar “.txt” no fim. Coloque o número de linhas e de colunas (nessa ordem), separados por espaço e dê enter.



O programa apresentará sua matriz, o numero de clusters (**numbclus**), a porcentagem (0-1) de espécies no maior cluster (**largestclus**), o número de espécies da matriz (**net size**).

Então o programa pergunta que tipo de espécies você que remover. A sua resposta deve ser 1 se quiser remover espécies das linhas, ou sua resposta deve ser 2 se quiser remover espécie das colunas.

Após ter respondido isso, você deve dar o número da coluna ou linha na qual sua espécie a ser removida se encontra.

O programa apresentará a matriz antes do “cleaning”, pois após o cleaning, ele elimina as espécies sem interações da matriz. Da mesma forma, ele apresentará o número de clusters (**numbclus**), a porcentagem (0-1) de espécies no maior cluster (**largestclus**), o número de espécies da matriz (**net size**), o tipo de espécie removida (**ispt**, que pode ser 1 ou 2) e a espécie removida (**ips**). Em seguida a esse numero, virá o nome do arquivo texto gerado com a matriz apresentada após o cleaning, que estará na sua pasta.

O arquivo tli-out apresentará as seguintes colunas: número de clusters, porcentagem de espécies no maior cluster, número de espécies, tipo de espécie removida, espécie removida e o nome do arquivo texto da matriz. A matriz mat-tli-000.txt é igual à sua matriz original.

As remoções seguintes serão de acordo com a última matriz apresentada.

flavia-tl2

Coloque o nome do arquivo e extensão (.txt) de sua matriz e dê enter.

Coloque o número de linhas e de colunas (nessa ordem), separados por espaço e dê enter.

Escolha se quer remover as espécies que se encontram nas linhas (responda 1 e dê enter) ou nas colunas (responda 2 e dê enter). A remoção será na ordem que as espécies se encontram no arquivo original e sempre será removida em relação à original (remoção com reposição).

O programa apresentará o numero de clusters (numbclus), a porcentagem (0-1) de espécies no maior cluster (largestclus), o número de espécies da matriz (net size) e o nome do arquivo de texto gerado após a remoção da espécie, que estará na sua pasta.

O arquivo tl-out apresentará as seguintes colunas: número de clusters, porcentagem de espécies no maior cluster, número de espécies e o nome do arquivo texto da matriz.

Você poderá fazer novas simulações de extinção, mas não é recomendável que faça isso se for utilizar os arquivos de saída “mat-tl-00XX.txt”, pois a cada simulação o programa sobrepõe as matrizes. Faça pastas separadas para cada simulação.

clustersex2

Coloque o nome do arquivo texto de sua matriz e dê enter. Não se esqueça de colocar “.txt” no fim. Coloque o número de linhas e de colunas (nessa ordem), separados por espaço e dê enter.

Escolha se você quer remover do mais conectado para o menos conectado (responda 1 e dê enter) ou do menos conectado para o mais conectado (responda 0 e dê enter)

Escolha se quer remover as espécies que se encontram nas linhas (responda 1 e dê enter) ou nas colunas (responda 2 e dê enter). A remoção será na ordem escolhida e sempre será removida sem reposição (remoção cumulativa).

O programa apresentará o numero de clusters (numbclus), a porcentagem (0-1) de espécies no maior cluster (largestclus), o número de espécies da matriz (net size). Os arquivos texto após a remoção das espécies estarão na sua pasta

O arquivo sex2-out apresentará as seguintes colunas: número de clusters, porcentagem de espécies no maior cluster e número de espécies.

Você poderá fazer novas simulações de extinção, mas não é recomendável que faça isso se for utilizar os arquivos de saída “mat-sex2-00XX.txt”, pois a cada simulação o programa sobrepõe as matrizes. Faça pastas separadas para cada simulação.

9.2. Simulações de remoção de vértices no pacote bipartite do R

Como dito anteriormente, o pacote *bipartite* do R tem várias ferramentas excelentes para a análise de redes bipartidas. Uma delas são as simulações de remoção cumulativa de vértices, baseadas no método de Memmott et al. (2004)³¹, que foi modificado por Burgos et al. (2007)³². Neste tipo de procedimento, escolhe-se um dos lados da rede bipartida e retira-se um vértice de cada vez, sem reposição. Vértices do outro lado da rede que estejam conectados apenas a um dos vértices eliminados são também removidos (“coextinção”). Enquanto isso vai-se registrando quantos vértices sobram do outro lado da rede. No final, acaba-se com todos os vértices de um lado. Isso permite plotar em uma curva o número cumulativo de vértices removidos de um lado (X) contra o número de vértices remanescentes do outro lado da rede (Y).

Método de Memmott et al. (2004) - inclinação da curva de extinção (β):

Supõe-se que quanto maior for β , maior é a fragilidade da rede, pois isso significa que a curva cai muito rapidamente (removendo-se espécies de um lado, perde-se rapidamente as espécies do outro lado da rede). Esse método não é muito preciso, pois a inclinação varia com o formato da curva.

1. Determine o local de trabalho como a pasta onde estão os arquivos que vai analisar:

No Mac: `setwd ("C:\caminho\")`

No Windows: vá pelo menu “Arquivo>Mudar dir”.

2. Carregue no R o pacote *bipartite*, usando o comando:

```
require(bipartite)
```

3. Carregue o arquivo que preparou para o Bipartite como um objeto a ser analisado no R. Troque “suaredel” pelo nome da sua rede:

```
suaredel <- read.delim("suaredel.txt", row.names=1)
```

³¹Memmott J, Waser NM, Price MV. 2004. Tolerance of pollination networks to species extinctions. Proceedings of the Royal Society London B 271:2605–2611.

³²Burgos E, Ceva H, Perazzo RPJ, Devoto M, Medan D, Zimmermann M, MarlaDelbue A. 2007. Why nestedness in mutualistic networks? Journal of Theoretical Biology 249(2):307-313.

4. Use os dois comandos abaixo combinados para simular as remoções, calcular a inclinação e plotar a curva em um gráfico:

```
suarede1.sec <- second.extinct(suarede1)
slope.bipartite(suarede1.sec)
```

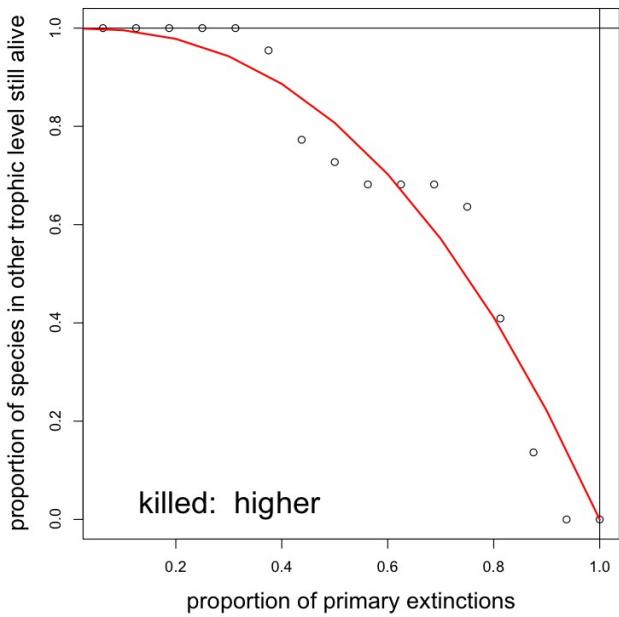
5. Confira o valor do índice e o formato da curva, como neste exemplo do default abaixo. Repare nos métodos de remoção disponíveis.

```
> slope.bipartite(mirmeco1.sec)
```

```
exponent
```

```
2.374127
```

```
>
```



Método de Burgos et al. (2007) - área debaixo da curva de extinção (R):

Supõe-se que quanto maior for R , mais robusta é a rede, pois isso significa que a curva cai devagar. Este método considera a área abaixo da curva, porém não é sensível ao seu formato.

1. Dê o comando para calcular R , o índice de robustez da rede a remoções cumulativas de vértices. O procedimento é feito separadamente para cada lado da rede. Os resultados serão salvos no objeto que você mandou criar (suarede1.rob).

```
networklevel(suarede1, index="robustness")
```

2. O programa te dá dois valores de R : um para as linhas (*lower*) e outro para as colunas (*higher*):

```
robustness lower exterminated robustness higher exterminated  
0.4793610 0.5962357
```

>

10. CENTRALIDADE

A centralidade é uma família de métricas relacionadas à importância relativa de cada vértice para a estrutura da rede como um todo, sendo as métricas definidas de diferentes formas, mas sempre usando como base o número e o padrão de conexões do vértice.

10.1. Centralidade por grau

a. Conceito:

- i. O grau do vértice i é o seu número de conexões;
- ii. O grau máximo é igual a $k_m = R - 1$, onde R é número total de vértices da rede (exclui-se o próprio vértice cujo k_m se quer calcular);
- iii. Centralidade do vértice i : $C_i = k_i / k_m$, ou seja, a centralidade por grau é igual ao grau relativo do vértice (grau/grau máximo possível).

b. Cálculo:

i. No Excel:

1. Conte o número de interações de cada vértice.
2. Calcule a centralidade por grau com a fórmula acima.

ii. No Pajek:

1. Carregue o arquivo que preparou para o Pajek;
2. Escolha “Network>Create Vector>Centrality>Degree>All”;
3. Isso criará um arquivo do tipo “Vector” com os valores dos graus de cada vértice;
4. Para calcular a centralidade por grau em relação ao maior valor, vá em “Vector>Transform>Normalize>Max”. Os valores serão normalizados com base no maior valor de grau medido na rede.

10.2. Centralidade por proximidade

a. Conceito:

- i. A proximidade é a menor distância em número de arestas entre dois vértices;
- ii. A proximidade máxima acontece quando dois vértices estão diretamente ligados (distância = 1);
- iii. A soma das proximidades do vértice i com todos os outros vértices indica quanto próximo o vértice i está dos outros vértices;
- iv. Se o vértice i apresenta proximidade máxima com todos os outros vértices da rede, então a soma das proximidades é igual ao número de vértices na rede menos ele mesmo, ou seja, $N-1$;
- v. A centralidade por proximidade do vértice i é igual a: $(N-1)/(soma\ das\ proximidades\ do\ vértice\ i)$

b. Cálculo

- i. Abra o arquivo preparado para o Pajek;
- ii. Selecione “Network/Create Vector/Centrality/Closeness/All”;
- iii. O programa gera um arquivo do tipo “Vector” que contém a centralidade por proximidade de todos os vértices.

10.3. Centralidade por intermédio

a. Conceito

- i. Geodésica é a menor distância entre dois vértices em uma rede
- ii. O vértice i intermedia a interação entre outros dois vértices j e k se o vértice i compõe a geodésica entre os vértices j e k .
- iii. A centralidade por intermédio do vértice i é igual a: $(número\ de\ geodésicas\ que\ o\ vértice\ i\ intermedia)/(número\ de\ geodésicas\ da\ rede)$.

b. Cálculo

- i. Abra o arquivo preparado para o Pajek;
- ii. Selecione “Network/Create Vector/Centrality/Betweenness”;
- iii. O programa gera um arquivo do tipo “Vector” que contém a centralidade por intermédio de todos os vértices.

11. SINAL FILOGENÉTICO, TAXONÔMICO E GEOGRÁFICO

11.1. Análises de sinal

Para as análises de sinais vamos usar o teste de Mantel. O teste de Mantel serve para testar correlações entre matrizes de dissimilaridade. Diversos testes de sinal são possíveis de ser realizados através desse procedimento e exigem diferentes tabelas de dissimilaridade. Alguns exemplos são apresentados na tabela abaixo:

Tabelas de dissimilaridade par-a-par	Sinal testado
Dissimilaridade no padrão de interações	Dissimilaridade taxonômica
Dissimilaridade no padrão de interações	Distância filogenética
Dissimilaridade de ocorrência nos módulos	Dissimilaridade taxonômica
Dissimilaridade de ocorrência nos módulos	Distância filogenética
Dissimilaridade de ocorrência nos módulos	Dissimilaridade de ocorrência nos locais

É possível testar a existência de sinal filogenético, taxonômico ou geográfico em outros tipos de partições dentro da rede. Exemplo: para testar algum tipo de sinal nos grupos funcionais basta substituir a tabela de dissimilaridade de ocorrência nos módulos por uma tabela de dissimilaridade de ocorrência nos grupos funcionais.

11.2. Matrizes de dissimilaridade

11.2.1. Dissimilaridade no padrão de interações, dissimilaridade de ocorrência nos módulos e dissimilaridade de ocorrência nos locais geográficos

i. A única diferenciação entre essas análises é a planilha inicial.

Para dissimilaridade no padrão de interações será utilizada uma matriz de adjacência. Em redes bipartidas, a partição a ser analisada deverá ser representada como **linhas** na tabela. Essa matriz pode ser binária ou ponderada.

Para dissimilaridade de ocorrência nos módulos será utilizada uma tabela binária (presença/ausência) com os **vértices da rede (linhas)** e os **módulos (colunas)**, sendo 1 a ocorrência daquele vértice naquele módulo. Lembre-se que cada vértice só pode pertencer a um módulo, de acordo com nossa abordagem. Portanto, cada linha da planilha terá apenas um valor 1.

Para dissimilaridade de ocorrência nos locais será utilizada uma tabela binária (presença/ausência) com os **vértices da rede (linhas)** e os **locais amostrados (colunas)**, sendo 1 a ocorrência daquele vértice naquele local. Como cada vértice pode ocorrer em mais de um local, pode haver vários 1's em cada linha da planilha.

ii. Prepare a planilha para carregar no programa R (instruções no tópico “1.6. Matriz para o pacote bipartite do R”). Utilize a função `read.table` para carregar a planilha no ambiente do R, conforme script abaixo:

```
matrizmodulo = read.table ("modulos.txt", h=T, row.names=1, sep="\t", dec=".")
```

iii. Para fazer a matriz de dissimilaridade e o teste de Mantel é necessário ter o pacote “vegan” instalado. Usaremos a função `vegdist`:

```
require (vegan)
distmodulo = vegdist (matrizmodulo, diag=TRUE, upper=T,
method="jaccard", binary=T)
```

Esse é o ponto crucial da análise. No argumento “method” da função é apresentado o índice de dissimilaridade a ser utilizado. Para análises com matrizes binárias, um índice muito utilizado é o de Jaccard. Nesse caso ainda é apropriada a inclusão do argumento “binary=T” na função. Mas em outras situações, outros índices podem ser mais apropriados, assim antes de se decidir é recomendável estudar sobre as propriedades dos índices de dissimilaridade (encontrado em livros sobre estatística multivariada³³).

³³ Legendre P, Legendre LFJ (1998) Numerical Ecology. Elsevier, Philadelphia.

11.2.2. Distância filogenética

i.Para calcular a distância filogenética par-a-par entre as espécies é necessária uma árvore filogenética com comprimento de ramos no formato Newick (também conhecido como New Hampshire). Para essa análise será preciso ter instalados os pacotes “ape” e “vegan”. Para carregar a árvore no R pode ser usada a função “read.tree”.

```
require(ape)
require(vegan)
arvore<- read.tree("filogenia.nwk")
```

Para visualizar a árvore e conferir eventuais erros, use a função plot. O argumento “cex” permite mudar o tamanho da letra.

```
plot (arvore, cex=0.5)
```

ii. Agora usamos a função “cophenetic.phylo” para calcular as distâncias filogenéticas entre todas as espécies par-a-par.

```
distfilo<-cophenetic.phylo (arvore)
```

11.2.3. Distância taxonômica

i. O primeiro passo para essa análise é a preparação de uma tabela com a classificação das espécies em diferentes níveis hierárquicos. Nessa tabela de exemplo, cada linha representa uma espécie e cada coluna um nível taxonômico:

Espécie	Gênero	Família	Subordem	Ordem	Classe
Anfu	Anabazenops	Furnariidae	Tyranii	Passeriforme	Ave
Bafl	Basileuterus	Parulidae	Passerii	Passeriforme	Ave
Caob	Campstostoma	Tyrannidae	Tyranii	Passeriforme	Ave
Calo	Cantorchilus	Troglodytidae	Passerii	Passeriforme	Ave
Clpr	Claravis	Columbidae	Columbii	Columbiforme	Ave

É importante que todas as espécies estejam classificadas em **todos os níveis hierárquicos**.

ii. Prepare a planilha para carregar no programa R (instruções no tópico “1.6. Matriz para o pacote bipartite do R”). Utilize a função `read.table` para carregar a planilha no ambiente do R, conforme script abaixo:

```
classtaxo = read.table ("classtaxo.txt", h=T, row.names=1, sep="\t")
```

iii. A função “`taxa2dist`” do pacote “`vegan`” permite a transformação da tabela de classificação em uma matriz de distância taxonômica par-a-par. A função converte a maior distância taxonômica em 100 e divide igualmente por nível hierárquico:

```
require (vegan)
disttaxo = taxa2dist (classtaxo)
```

11.2. Teste de Mantel

O teste de Mantel calcula a correlação entre as matrizes reais, depois cria matrizes aleatorizadas, calcula a correlação para estas, e por fim compara a correlação real com a das permutações.

O script para o teste de mantel implementado no pacote “vegan” é extremamente simples, porém existem alguns detalhes muito importantes que, se não observados, resultam em erros graves na análise:

1- A função não apresenta qualquer tipo de controle do nome de coluna e linhas, somente correlaciona os valores das células da matriz na ordem apresentada. Logo as duas matrizes de dissimilaridade que serão correlacionadas precisam estar exatamente na **mesma ordem**.

Geralmente, basta organizar as duas planilhas iniciais em ordem alfabética ou qualquer outra ordem padrão, assim as matrizes de dissimilaridade já serão produzidas nessa ordem.

A situação mais complicada é quando se pretende correlacionar uma matriz de distância filogenética. A função `cophenetic.phylo` gera uma matriz na mesma ordem das espécies na árvore filogenética inicial, assim é necessário organizar as outras matrizes a serem correlacionadas também nessa ordem. Utilizando o script abaixo, o R retorna as legendas da árvore em ordem, o que pode ser utilizado para organizar as outras planilhas.

```
arvore$tip.label
```

2 – O teste que apresentaremos é “one-tail”, ou seja, só considera correlações positivas. Assim, a troca de uma matriz de dissimilaridade por uma de similaridade, pode resultar em falso negativo. Por outro lado, essa pode ser uma estratégia caso se busque correlações negativas.

Abaixo o Script para o teste:

```
mantel1<- mantel (distmodulo, distfilo, method="spearman",
permutations=5000)
mantel1
densityplot (permustats (mantel1))
```

Os primeiros argumentos são as duas matrizes a serem correlacionadas. O argumento “method” indica o tipo de teste de correlação, e o argumento “permutations” indica o número de permutações a ser realizadas no teste.

Por fim, a função “densityplot” permite montar um gráfico com a distribuição dos valores nas permutações e o valor encontrado na correlação real.

12. LEITURAS ADICIONAIS SOBRE REDES

Artigos sobre teoria de redes:

- Albert R, Jeong H, Barabasi AL. 2000. Error and attack tolerance of complex networks. *Nature* 406:378-382.
- Barabasi AL, Albert R, Jeong H. 2000. Scale-free characteristics of random networks: the topology of the World-Wide Web. *Physica A* 281(1-4):69-77.
- Barabasi AL. 2005. Network theory - The emergence of the creative enterprise. *Science* 308(5722):639-641.
- Barabasi A-L. 2009. Scale-free networks: a decade and beyond. *Science* 325: 412-413.
- Boccaletti S, Bianconi G, Criado R. 2014. The structure and dynamics of multilayer networks. *Phys Rep* 544:1–122.
- Butts CT. 2009. Revisiting the foundations of network analysis. *Science* 325: 414-416.
- Costa LD, Rodrigues FA, Travieso G, Boas PRV. 2007. Characterization of complex networks: A survey of measurements. *Advances in Physics* 56(1):167-242.
- Guimerà R, Amaral LAN. 2005. Cartography of complex networks: modules and universal roles. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment* P02001.
- Watts DJ, Strogatz SH. 1998. Collective dynamics of small-world networks. *Nature* 393: 440-442.

Artigos teóricos sobre redes ecológicas:

- Almeida-Neto M, Guimarães PR, Guimarães Jr. PR, Loyola RD, Ulrich W. 2008. A consistent metric for nestedness analysis in ecological systems: reconciling concept and measurement. *Oikos* 117(8):1227-1239.
- Bascompte J, Jordano P. 2007. Plant-animal mutualistic networks: the architecture of biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 38:567-593.
- Bascompte J. 2009. Disentangling the web of life. *Science* 325: 416-419.
- Blüthgen N, Fründ J, Vazquez DP, Menzel F. 2008. What do interaction network metrics tell us about specialization and biological traits? *Ecology* 89, 3387-3399.
- Guimarães Jr PR, Jordano P & Thompson JN. 2011. Evolution and coevolution in mutualistic networks. *Ecology Letters* 14, 877–885.
- Ings TC, Montoya JM, Bascompte J, Bluthgen N, Brown L, et al. 2009. Ecological networks - beyond food webs. *Journal of Animal Ecology* 78: 253-269.
- Pilosof S, Porter MA, Kéfi S. 2015. Ecological Multilayer Networks: A New Frontier for Network Ecology. *ArKiv*: 1511.04453.
- Pinheiro RBP, Félix GMF, Chaves A V, Lacorte GA, Santos FR, Braga EM, Mello MAR. 2016. Trade-offs and resource breadth processes as drivers of performance and specificity in a host-parasite system: a new integrative hypothesis. *Int J Parasitol* 46:115–121.

- Romanuk TN, Zhou Y, Brose U, Berlow EL, Williams RJ, et al. 2009. Predicting invasion success in complex ecological networks. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences* 364: 1743-1754.
- Thebault E, Fontaine C. 2010. Stability of ecological communities and the architecture of mutualistic and trophic networks. *Science* 329: 853-856.
- Ulrich W, Almeida-Neto M, Gotelli NJ. 2009. A consumer's guide to nestedness analysis. *Oikos*: 118: 3-17.
- Urban D, Keitt T. 2001. Landscape connectivity: a graph-theoretic perspective. *Ecology* 82: 1205-1218.
- Vazquez DP, Bluthgen N, Cagnolo L, Chacoff NP. 2009. Uniting pattern and process in plant-animal mutualistic networks: a review. *Annals of Botany* 103: 1445-1457.

Artigos sobre redes mutualistas:

- Aizen MA, Morales CL, Morales JM. 2008. Invasive mutualists erode native pollination webs. *PLoS Biology* 6: e31.
- Araújo MS, Guimarães Jr. PR, Svanbäck R, Pinheiro A, Guimarães PR, Reis SF, Bolnick DI. 2008. Network analysis reveals contrasting effects of intraspecific competition on individual vs. population diets. *Ecology* 89(7):1981–1993.
- Bellay S, Oliveira EF, Almeida-Neto M, et al. 2015. Ectoparasites and endoparasites of fish form networks with different structures. *Parasitology* 142: 1–9.
- Bezerra ELS, Machado ICS, Mello MAR. 2009. Pollination networks of oil-flowers: a tiny world within the smallest of all worlds. *Journal of Animal Ecology* 78, 1096–1101. DOI: [10.1111/j.1365-2656.2009.01567.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2009.01567.x).
- Genrich CM, Mello MAR, Silveira FAO, Bronstein JL & Paglia AP. 2016. Duality of interaction outcomes in a plant-frugivore multilayer network. *Oikos*, in press, DOI: [10.1111/oik.03825](https://doi.org/10.1111/oik.03825).
- Gómez JM, Perfectti F, Jordano P. 2011. The functional consequences of mutualistic network architecture. *PLOS One* 6 (1):e16143. doi: [10.1371/journal.pone.0016143](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016143).
- Gonzalez AMM, Dalsgaard B, Olesen JM. 2010. Centrality measures and the importance of generalist species in pollination networks. *Ecological Complexity* 7: 36-43.
- Guimarães Jr. PR, Rico-Gray V, Oliveira PS, Izquierdo TJ, Reis SF, Thompson JN. 2007. Interaction intimacy affects structure and coevolutionary dynamics in mutualistic networks. *Current Biology* 17(20):1-7.
- Guimarães Jr PR, Jordano P & Thompson JN. 2011. Evolution and coevolution in mutualistic networks. *Ecol. Lett.* 14: 877–885.
- Mello MAR, Santos GMM, Mechi MR, Hermes MG. 2010. High generalization in flower-visiting networks of social wasps. *Acta Oecologica* 37: 37-42. DOI: [10.1016/j.actao.2010.11.004](https://doi.org/10.1016/j.actao.2010.11.004).
- Mello MAR, Marquitti FMD, Guimarães Jr. PR, Kalko EKV, Jordano P, Aguiar MAM. 2011. The missing part of seed dispersal networks: structure and robustness of bat-fruit interactions. *PLoS One* 6(2): e17395. DOI: [10.1371/journal.pone.0017395](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0017395).

- Mello MAR, Marquitti F, Guimarães P, Kalko E, Jordano P, de Aguiar M. 2011. The modularity of seed dispersal: differences in structure and robustness between bat– and bird–fruit networks. *Oecologia* 167:131–140. DOI: [10.1007/s00442-011-1984-2](https://doi.org/10.1007/s00442-011-1984-2).
- Mello MAR, Bezerra ELS, Machado IC. 2012. Functional roles of Centridini oil bees and Malpighiaceae oil flowers in biome-wide pollination networks. *Biotropica* Early view. DOI: [10.1111/j.1744-7429.2012.00899.x](https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2012.00899.x).
- Mello MAR, Rodrigues FA, Costa LF, Kissling WD, Şekercioğlu ÇH, Marquitti FMD & Kalko EKV. 2015. Keystone species in seed dispersal networks are mainly determined by dietary specialization. *Oikos* 124: 1031–1039.
- Memmott J, Waser NM, Price MV. 2004. Tolerance of pollination networks to species extinctions. *Proceedings of the Royal Society London B* 271:2605–2611.
- Olesen JM, Bascompte J, Dupont YL, Jordano P. 2007. The modularity of pollination networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104(50):19891-19896.
- Olesen JM, Dupont YL, O'Gorman E, Ings TC, Layer K, et al. 2010. From Broadstone to Zackenberg: Space, Time and Hierarchies in Ecological Networks. *Advances in Ecological Research*: Academic Press. pp. 1-69.
- Pinheiro RBP, Félix GMF, Chaves A V, et al. 2016. Trade-offs and resource breadth processes as drivers of performance and specificity in a host–parasite system: a new integrative hypothesis. *International Journal for Parasitology* 46:115–121.
- Santos GMM, Aguiar CML, Mello MAR. 2010. Flower-visiting guild associated with the Caatinga flora: trophic interaction networks formed by social bees and social wasps with plants. *Apidologie* 41: 466-475. DOI: [10.1051/apido/2009081](https://doi.org/10.1051/apido/2009081).
- Santos GMM, Aguiar CML, Genini J, Martins CF, Zanella FCV, Mello MAR. 2012. Invasive Africanized honeybees change the structure of native pollination networks in Brazil. *Biological Invasions* online first. DOI: [10.1007/s10530-012-0235-8](https://doi.org/10.1007/s10530-012-0235-8).
- Sarmento R, Alves-Costa CP, Ayub A, Mello MAR. 2014. Partitioning of seed dispersal services between birds and bats in a fragment of the Brazilian Atlantic Forest. *Zoologia* (31): 245-255.

13. PEQUENO DICIONÁRIO DE REDES

Criamos um dicionário com os termos usados mais frequentemente na literatura de redes complexas. Esperamos que ele ajude a transpor as barreiras do jargão, que é particularmente hermético na área. Incluímos também os termos originais em inglês. **Não confunda o jargão de redes com o jargão próprio de cada área da ciência.** Há termos idênticos na teoria de grafos e na teoria ecológica, como por exemplo “comunidade”, mas eles são usados com conotações totalmente diferentes.

Acessibilidade: *accessibility*; uma métrica de centralidade do vértice relacionada à facilidade com que ele pode ser acessado ou acessar outros vértices na mesma rede; está relacionada aos conceitos de transmissão de informações e de *centralidade*.

Adjacente: *adjacent*; dois vértices são adjacentes, se estão conectados por uma aresta.

Agregação: *clustering*; o quanto os vértices de uma rede estão próximos uns dos outros em termos de caminhos possíveis entre eles (conexões diretas e indiretas); pode ser medida para um vértice específico ou para a rede como um todo.

Alça: *loop*; conexão de um vértice consigo mesmo em um grafo; ex: canibalismo em uma teia trófica, auto-citação em redes de publicações.

Aninhado: *nested*; ver *aninhamento*; programa para cálculo do aninhamento.

Aninhamento: *nestedness*; tipo de *topologia* em uma rede bipartida, na qual as conexões dos vértices de menor grau representam um subconjunto das conexões dos vértices de maior grau; por exemplo, quando em uma rede mutualista os frugívoros com dieta mais restrita se alimentam de um subconjunto dos frutos consumidos pelos frugívoros com dieta mais ampla.

Arco: *arc*; uma linha direcionada em um grafo; formalmente, um arco é um par de vértices direcionado.

Aresta: *edge*; uma linha não-direcionada em um grafo; formalmente, uma aresta é um par de vértices não-direcionado; conexão, *link*, interação, elo; uma hiper-aresta é uma aresta que pode conectar mais de dois vértices em um *hipergrafo*.

Árvore geradora: *spanning tree*; subconjunto que contém todos os vértices de um grafo, porém mantém apenas o mínimo de arestas para que todos os vértices ainda tenham um caminho possível entre si, mantendo o grafo conectado; um grafo pode ter mais de uma árvore geradora possível; no caso de grafos em que há mais de um componente (i.e., desconectados), diz-se “floresta geradora” (i.e., há mais de uma árvore); a árvore geradora com a estrutura menos custosa de arestas se chama *árvore econômica*.

Assimetria de dependência: *dependence asymmetry*; quando um vértice *i* e um vértice *j* estão conectados entre si, diz-se que há assimetria de dependência, quando a dependência de *i* em relação a *j* não for igual à dependência de *j* em relação a *i*.

Assimetria de interação: *interaction asymmetry*; quando as interações numa rede não são perfeitamente homogêneas (i.e., todos os vértices com o mesmo grau), diz-se que há assimetria de interação; o *aninhamento* é um tipo de assimetria de interação.

Ataque: *attack*; remoção de vértices numa rede com base na sua centralidade; por exemplo, dos vértices com maior *grau* para os vértices com menor grau.

Bipartido: *bipartite, two-mode*; grafo onde há dois grupos de vértices e pode haver arestas apenas entre vértices de grupos diferentes; ex: polinizadores x plantas, atores x filmes, cientistas x artigos.

Caminho: *path*; distância entre dois vértices numa rede, contando-se o número de vértices ou o número de arestas (mais usado); costuma ser definido como o menor caminho possível (geodésica); ex: se dois vértices i e j estão diretamente conectados, o caminho entre eles é igual a 1; se dois vértices i e j não estão diretamente conectados, porém se ligam a um mesmo vértice k em comum, o caminho entre eles é igual a 2; costuma-se trabalhar com o caminho mais curto entre dois vértices, considerando-se todos os caminhos possíveis entre eles (geodésica); ver *ciclo* e *trilha*.

Centralidade: *centrality*; propriedade do vértice relacionada à posição que ele ocupa na rede; pode ser definida de várias formas: centralidade por grau (*degree*), por proximidade (*closeness*), por intermédio (*betweenness*), por papel funcional (*functional role*), por acessibilidade (*accessibility*), por força de interação (*interaction strength*) e várias outras; a centralidade costuma ser interpretada como uma medida da importância de um vértice para a estrutura do grafo como um todo.

Centralização: *centralization*; propriedade da rede relacionada à variabilidade na centralidade dos seus vértices.

Ciclo: *cycle*; caminho entre três ou mais vértices dentro de um grafo, que termina na origem.

Clique: *clique*; subconjunto de vértices dentro de uma rede, com tamanho mínimo de três (tríade), onde todos os vértices estão conectados entre si; relacionado ao conceito de comunidade; um clique pode ser definido com base em uma determinada métrica extraída da rede original; por exemplo, w -clique, onde w é um índice de sobreposição de nicho ecológico.

Comunidade: *community*; subgrupo coeso (*cohesive subgroup*); subgrupo de vértices de uma mesma rede que são mais densamente conectados entre si do que com outros vértices; relacionado aos conceitos de módulo, componente e clique; não confundir com o conceito ecológico de comunidade (i.e., grupo de populações de diferentes espécies que habitam uma mesma área ao mesmo tempo).

Componente: *component*; subgrupo de vértices dentro de um grafo, no qual há um caminho possível entre todos os vértices; relacionado ao conceito de *comunidade*.

Conectância: *connectance*; proporção de interações estabelecidas na rede em relação ao número de interações que seriam possíveis; a fórmula da conectância depende do tipo da rede (unipartida ou bipartida) e da natureza das conexões (direcionadas, não-direcionadas, com ou sem alças etc.).

Conectado: *connected*; diz-se que um grafo é conectado, quando existe um caminho possível entre todos os seus vértices; grafo com apenas um componente.

Conexão: *connection*; ver aresta.

Dependência: *dependence*; quando um vértice i e um vértice j estão conectados, a dependência de i em relação a j é definida como a proporção que j representa dentre o conjunto de interações de i ; pode-se usar dados binários ou quantitativos para o cálculo da dependência.

Desconectado: *disconnected*; um grafo é desconectado, quando não há um caminho possível entre todos os seus vértices; grafo que dois ou mais componentes.

Díade: *dyad*; dois vértices conectados por uma aresta.

Diâmetro: *diameter*; maior caminho (geodésica) presente entre dois vértices na rede.

Digrafo: *digraph* ou *directed graph*; grafo direcionado; grafo que contém arcos (i.e., arestas direcionadas); por exemplo, uma rede de ruas em uma cidade, com mão e contra-mão, ou uma teia trófica indicando o sentido do fluxo de matéria e energia.

Distribuição de grau: *degree distribution*; é a distribuição do número de conexões (grau, k) que cada vértice tem na rede, na forma de um histograma; costuma ser representada cumulativamente como a probabilidade de um vértice ter k ou mais conexões; costuma seguir uma lei de potência (livre de escala), ou lei de potência truncada (ampla escala) em muitas redes complexas.

Elemento: *element*; ver *vértice*.

Elo: *link*; ver *aresta*.

Erro: *error*; remoção aleatória de vértices numa rede.

Especialização: *specialization*; para Bascompte et al. (2006) o nível de especialização de um vértice i em uma rede ecológica *bipartida* é dado pelo seu grau ou grau relativo, comparado ao de outros vértices da mesma rede – quanto menor o grau, maior a especialização; para Blüthgen et al. (2007), o nível de especialização de um vértice i (e.g., polinizador) em uma rede ecológica *bipartida* é dado pela combinação entre a frequência com que ele interage com diferentes vértices j (e.g., plantas) em relação à frequência de interação desses vértices j com outros vértices i ; a especialização também pode ser medida para a rede como um todo, representando o quanto os conjuntos de interações dos vértices são diferentes entre si; não se deve confundir estes conceitos de redes com os vários conceitos ecológicos de especialização, que envolvem amplitude de nicho e associações filogenéticas, dentre outras características.

Força de interação: *interaction strength*; para um dado vértice, é a soma das dependências de todos os outros vértices em relação a ele; trata-se de um tipo de medida ponderada de centralidade.

Grafo: *graph*; um conjunto de vértices e arestas que os conectam; conjunto de pontos e linhas numa figura matemática.

Grau: *degree*; número de arestas que incidem sobre um vértice em um grafo. Em um grafo direcionado, pode ser dividido em grau de entrada (*in-degree*; conexões que chegam ao vértice) e grau de saída (*out-degree*; conexões que saem do vértice); para um grafo, o *grau* é o seu número de vértices.

Grau normalizado: *normalized degree*; proporção do valor do grau de um determinado vértice em relação ao valor do grau do vértice de maior grau na rede; o vértice de maior grau fica com valor igualado a 1 e os demais ficam com proporções desse valor.

Grau relativo: *relative degree*; proporção de arestas que incidem sobre um vértice, considerando-se o total de arestas no grafo que poderiam incidir sobre ele; calculado de forma diferente para redes unipartidas e bipartidas.

Hipergrafo: *hypergraph*; grafo onde uma aresta pode conectar mais de dois vértices; no fundo, todos os grafos são subconjuntos de algum hipergrafo; exemplo: rede de interação entre proteínas, em que complexos representam hiper-arestas (artigo sobre hipergrafos em Biologia: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pcbi.1000385>); diagramas de Venn podem ser representados como hipergrafos.

Interação: *interaction*; ver *aresta*.

Isomorfismo: *isomorphism*; quando dois grafos tem exatamente o mesmo *grau*, o mesmo *tamanho* e a mesma *topologia*, porém são representados de forma diferente.

Lista de arestas: *edgelist*; uma outra forma de representar um *grafo*; trata-se de uma matriz com duas colunas e n linhas, na qual se lista em cada linha dois vértices que são adjacentes.

Matriz de adjacência: *adjacency matrix*; uma outra forma de representar um *grafo*; uma matriz que representa um grafo, listando seus vértices como linhas e colunas, e suas arestas como valores nas células; dois vértices são ditos adjacentes, se houver uma aresta os conectando.

Modularidade: *modularity*; propriedade da rede relacionada ao número de subconjuntos coesos de vértices ou arestas e à conectividade entre eles; um módulo é um subconjunto de vértices, onde a densidade de conexões é maior entre vértices do módulo do que entre estes e outros vértices (relacionado ao conceito de comunidade).

Módulo: *module*; ver *modularidade*.

Monte Carlo: classe de análises estatísticas baseadas em criar uma distribuição de valores de uma métrica de interesse medidos em matrizes aleatorizadas a partir de uma matriz original com base em um modelo nulo ou neutro de interesse. O objetivo é estimar a significância da métrica em questão, ou seja, a probabilidade de encontrar valores maiores ou menores do que o valor real observado, considerando a topologia da rede analisada.

Multigrafo: *multigraph*; grafo em que dois vértices podem estar conectados por mais de um tipo de aresta; ex: redes sociais com conexões entre pessoas do tipo “parentesco” e “amizade” ao mesmo tempo; (http://en.wikipedia.org/wiki/Seven_Bridges_of_K%C3%B6nigsberg).

Nó: *node*; ver *vértice*.

Objeto: *object*; ver *vértice*.

Papel funcional: *functional role*; propriedade do vértice relacionada ao seu número de conexões e à distribuição das suas conexões entre os diferentes módulos da rede.

Peso: *weight*; valor que se atribui a cada aresta de uma *rede ponderada*.

Ponte: *bridge*; aresta que, caso seja removida do grafo, faz com que ele se divida em dois componentes e se torne *desconectado*.

Ponto: *dot*; ver *vértice*.

Rede: *network*; um grafo com informações adicionais sobre a natureza dos vértices e arestas; definição matemática: grafo sobre o qual incide uma função que dá valores às arestas.

Rede binária: *binary network*; uma rede é binária, quando contém apenas informações sobre quais vértices estão conectados uns aos outros; também chamada de rede qualitativa.

Rede multicamada: *multilayer network*; uma rede é multicamada, quando contém mais de um tipo de aresta. Um exemplo seria uma rede de interação, onde são incluídas ao mesmo tempo arestas que representam relações ecológicas de dispersão e destruição de sementes, podendo as espécies estar ligadasumas às outras por mais de um desses tipos de interação.

Rede ponderada: *weighted network*; uma rede é ponderada, quando ela contém não apenas informações sobre quais vértices estão ligados uns aos outros, mas também atribui um peso a cada uma dessas arestas; o peso das arestas numa rede mutualista pode ser definido, por exemplo, como o número de vezes em que uma espécie de abelha foi observada visitando uma espécie de planta; também chamada de rede quantitativa.

Sistema complexo: *complex system*; sistema composto de partes interconectadas, que no todo exibem uma ou mais propriedades que não são observáveis apenas com base nas propriedades dos elementos que constituem o sistema; *redes complexas* são um tipo de sistema complexo.

Tamanho: *size*; número de vértices de uma rede; pode também ser definido pelo diâmetro da rede (maior geodésica entre dois vértices); definição na teoria de grafos: o *tamanho* de um grafo é seu número de arestas; *ograu* de um grafo é definido pelo seu número de vértices.

Teia trófica: *food web*; rede ecológica definida por interações alimentares; tradicionalmente, uma teia trófica é definida por predação, é unipartida, mas tem vários níveis (produtores, consumidores primários, predadores de topo etc.); contudo, uma rede mutualista bipartida também pode ser chamada de teia trófica em um sentido amplo.

Topologia: *topology*; estrutura geral de um grafo, considerando seu *tamanho*, seu *grau* e a disposição de suas *arestas*.

Tríade: *triad*; grupo de três vértices em que todos estão conectados entre si; clique mínimo com tamanho igual a três.

Trilha: *trail*; caminho entre três ou mais vértices dentro de um grafo, que não termina na origem.

Unipartido: *unipartite, one-mode*; grafo onde há um único grupo de vértices e todos podem potencialmente estar conectados entre si; ex: pessoas em uma rede de amizade, computadores em uma *lan-house*.

Vértice: *vertex (pl. vertices), node, point*; menor unidade em uma rede; sinônimos: nó, ponto, elemento, objeto.

Vértice de corte: *cut-vertex*; vértice que, caso seja removido do grafo, faz com que ele se divida em dois componentes e se torne *desconectado*.