

Conteúdo

1 Resumo	1
2 Modularidade de Newman e Girvan	2
3 Método Louvain para otimização de modularidade	4
4 Modularidade multicamada	7
5 Parâmetros de acoplamento (ω) e resolução (γ) na prática	8
6 Variável G e G_{norm}	14
6.1 Variável G	14
6.2 Variável G_{norm}	15
7 Visão geral da rede Morcegos-plantas	17
8 Resultados da rede Morcegos-plantas	18
8.1 Distribuição de G_{norm}	18
8.2 Variação de \bar{G} por ω	19
8.3 Seleção das espécies com maior G_{norm}	23
9 Visão geral da rede Formigas-planta	24
10 Resultados da rede Formigas-planta	25
10.1 Distribuição de G_{norm}	25
10.2 Variação de \bar{G} por ω	26
10.3 Seleção das espécies com maior G_{norm}	30
11 Distribuição de G_{norm} para redes aleatórias	31
12 Comparação entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede agregada	35
12.1 Comparação entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede Morcegos-Plantas	36
12.2 Comparação G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede Formigas-Plantas	40
12.3 Comparação entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para as redes aleatórias	43

13 Discussão **46**

14 Referências **49**

1 Resumo

Análises de modularidade e centralidade oriundas da ciência de redes têm sido usadas na Ecologia para operacionalizar conceitos como guilda, grupo funcional e papel funcional. Contudo, essas análises têm sido feitas apenas para redes monocamada, ou seja, que contém só um tipo de interação e portanto, apenas uma classe de arestas. No caso do algoritmo de modularidade Louvain, uma das grandes diferenças entre a tradicional versão monocamada e a versão multicamada é a constante de acoplamento. Essa constante, implementada no algoritmo multicamada, torna possível que um mesmo nó pertença a dois módulos diferentes em camadas diferentes. Neste projeto, queremos identificar os nós que resistem ao aumento dessa força de acoplamento entre camadas, permanecendo em mais de um módulo em diferentes camadas ao aumentarmos essa força. Em redes de interações ecológicas, esses nós resistentes devem representar espécies que desempenham papéis funcionais importantes. Por exemplo, animais que são importantes tanto para a polinização, quanto para a dispersão de sementes de duas ou mais famílias de plantas. Para classificar as espécies com relação à sua importância, comparamos curvas da variação no número de módulos aos quais cada nó pertence em função da variação na constante de acoplamento e do parâmetro de resolução. Assim, selecionamos os nós que apresentam menor decaimento de módulos, ou seja, que permanecem em mais de um módulo mesmo que seja alta a força de acoplamento entre camadas, considerando diferentes cenários de resolução. Criamos uma nova métrica de centralidade chamada de G_{norm} para quantificar essa relação entre quantidade de módulos e força de acoplamento entre camadas. Para testar essa nova métrica, analisamos redes de interações multicamada baseadas em dados de campo: uma entre morcegos e plantas e outra entre formigas e plantas. Os nós com alto G_{norm} possuem uma boa intersecção com os nós mais centrais da rede, porém o seu ranking de importância diferiu. Alguns nós que não possuíam altos valores de centralidade monocamada apresentaram altos valores de G_{norm} , mostrando que pode haver ganho de informação na abordagem multicamada em comparação à monocamada. Isso pode ajudar a encontrar espécies que sejam mais importantes do que outras para manter funções e serviços ecossistêmicos vitais em sistemas naturais.

2 Modularidade de Newman e Girvan

A ciência de redes tem sido usada para investigar sistemas ecológicos desde o século XIX (Ings & Hawes, 2018). Dentre vários avanços, essa abordagem nos permitiu entender melhor como diferentes espécies afetam umas às outras por meio de interações diretas e indiretas (Guimarães et al., 2017). Esse entendimento levou a importantes *insights* sobre a estrutura, função e dinâmica de redes de interações (Pilosof et al., 2017).

Uma forma de obtermos estes *insights* é olharmos para a estrutura modular da rede, que pode revelar alguns padrões escondidos em meio ao emaranhado de nós e conexões. Estes módulos são compostos por nós mais conectados entre si do que com outros nós de fora do módulo. A capacidade de encontrar e analisar esses módulos pode ser muito útil para entendermos mais a fundo a estrutura e a dinâmica das redes complexas (Newman & Girvan, 2004), incluindo as redes de interações.

É relativamente fácil identificar módulos em redes pequenas e pouco conectadas, como a grande maioria das redes de interações estudadas até o momento (Dormann et al., 2017). Porém, essa tarefa se torna muito difícil quando analisamos redes mais complexas, com milhares, ou até mesmo milhões, de nós distribuídos em várias camadas. Então como podemos identificar módulos nessas redes maiores e mais complexas? Existem muitas formas, como por exemplo métodos aglomerativos, divisivos, baseados em cliques e de otimização da modularidade. Aqui focamos na otimização da modularidade.

Para otimizarmos a modularidade, precisamos de uma métrica que indique se uma dada divisão da rede em módulos é melhor do que outra, para então buscarmos qual seria a melhor divisão de módulos possível. Uma métrica para medir a qualidade da modularidade de redes foi definida pela primeira vez por Newman e Girvan (Newman & Girvan, 2004) como:

$$Q = \sum_{i=1}^k (e_{ii} - a_i^2) \quad (1)$$

Onde e_{ii} representa a fração das conexões observadas dentro do módulo i em relação ao total de conexões dentro da rede e a_i^2 representa a quantidade esperada de conexões no módulo i .

Essa equação tem servido de base para a maioria das métricas de modularidade desenvolvidas neste então (Fortunato & Hric, 2016). Para determinarmos a proporção de conexões dentro dos módulos, suponha que tenhamos uma possível divisão de módulos dentro da rede representada pela matriz de adjacência A_{ij} . Sendo C_i o módulo que o nó i está contido,

então a fração de conexões que conectam os vértices que estão dentro de um mesmo módulo é:

$$\frac{\sum_{ij} A_{ij} \delta(c_i, c_j)}{\sum_{ij} A_{ij}} = \frac{1}{2m} \sum_{ij} A_{ij} \delta(c_i, c_j) \quad (2)$$

Onde δ é o delta de Kronecker, que retorna o valor 1 caso $c_i = c_j$ e zero caso contrário; a variável m representa o número total de conexões da rede. Falta agora definirmos uma forma de medir a quantidade esperada de nós dentro do módulo. Se conectarmos os vértices de forma aleatória, preservando os graus de cada nó, representados pela variável k , temos que a probabilidade de existir uma conexão entre os nós i e j é $k_i k_j / 2m$. Dessa forma, temos que a modularidade descrita acima pode ser rescrita de uma forma mais operacional (Blondel et al., 2008) como:

$$Q = \frac{1}{2m} \sum_{ij} (A_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m}) \delta(c_i c_j) \quad (3)$$

Os valores da modularidade descrita acima variam entre 0 (zero) e 1 (um).

3 Método Louvain para otimização de modularidade

Se dividirmos a rede em módulos e o valor de modularidade definido por Newman e Girvan for alto, temos que a divisão de módulos escolhida é boa. Dessa forma, basta dividirmos a rede em diferentes módulos visando maximizar o valor da modularidade Newman-Girvan. Porém, esta não é uma tarefa fácil, já que a otimização de modularidade é um problema NP-difícil (Brandes et al., 2008). Um problema NP-difícil (Non Deterministic Polynomial Time) é um problema que leva um tempo exponencial para ser resolvido, por exemplo $O(2^N)$. Um problema NP demora muito para serem computados, caso ele possua uma complexidade exponencial $O(2^N)$ e N (tamanho da entrada) seja igual a 100. Sob essas condições, o programa demoraria um tempo maior do que a idade do universo para ser resolvido. Um problema NP-difícil é um problema que é ao menos tão difícil quanto um problema NP-completo.

Esta dificuldade computacional em dividir redes em módulos significativos motivou a procura por métodos heurísticos para encontrar agrupamentos que apresentem um alto valor de modularidade com uma complexidade razoável. Este é o caso do método Louvain (Blondel et al., 2008), que parece funcionar em um tempo $O(M)$, onde M representa o número total de conexões da rede, ou seja, é resolvido em tempo polinomial, neste caso, linear com relação ao número de nós da rede. Essa complexidade computacional permite que redes de grande escala possam ser analisadas em tempo razoável, além de ser simples e de fácil implementação.

A implementação do algoritmo Louvain consiste em dois passos básicos (Blondel et al., 2008). O primeiro passo agrupa os nós em módulos de forma individual, favorecendo otimizações locais de modularidade. O segundo passo transforma a rede original em uma nova rede simplificada, cujo os novos nós são os módulos do passo anterior. As conexões entre estes novos nós correspondem à soma das conexões entre os módulos e cada nó agora tem um laço (conexão que liga um nó a si mesmo) cujo peso é a soma das conexões dentro do módulo correspondente. Esses dois passos são repetidos até que não exista mais aumento no valor da modularidade. A figura 1 ilustra o algoritmo.

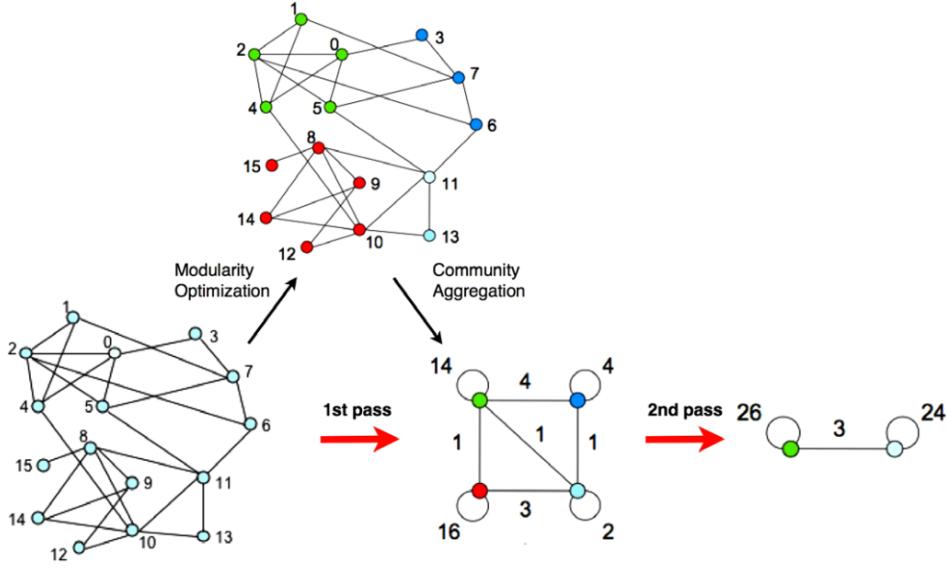


Figura 1: Extraído de Blondel et al. (2008). Visualização dos passos do algoritmo Louvain. Cada passo é feito em duas fases: uma onde a modularidade é otimizada permitindo somente mudanças locais de módulo e uma onde os módulos encontradas são agregadas e uma nova rede de módulos é construída.

Apesar de este ser um algoritmo ganancioso (*greedy*), ele apresenta boa detecção de módulos que possuem sentido quando aplicados em redes reais (Blondel et al., 2008; Meunier, 2009; Zhang et al., 2010) e é mais rápido que outros algoritmos similares, como mostrado na tabela 1 (extraída de Blondel et al. (2008)). Outra vantagem do método é que não precisamos saber previamente o número de módulos em que a rede deve ser dividida.

Tabela 1: Extraído de Blondel et al. (2008). Comparação entre os tempos computacionais dos algoritmos Clauset et al (CNM), Pons e Latapy (PL), Wakita e Tsurumi (WT) e Louvain (LV). Os resultados mostram a modularidade obtida e o tempo computacional para cada rede/método. Células em branco representam tempos computacionais maiores que 24 horas.

	Karate	Arxiv	Internet	Web nd.edu	Telefone	Web uk2005	WebBase 2001
Nós / Conexões	34/77	9k/24k	70k/351k	325k/1M	2.04M/5.4M	39M/783M	118M/1B
CNM	0.38/0s	0.772/3.6s	0.692/799s	0.927/5034s	-	-	-
PL	0.42/0s	0.752/3.3s	0.729/575s	0.895/6666s	-	-	-
WT	0.42/0s	0.761/0.7s	0.667/62s	0.898/248s	0.553/367s	-	-
LV	0.42/0s	0.813/0s	0.781/1s	0.935/3s	0.76/44s	0.935/3s	0.984/152min

Por outro lado, o método Louvain também apresenta limitações (Good et al., 2010). Dentre as mais expressivas estão o limite de resolução, o problema de degeneração e o fato de o algoritmo não ser determinístico. O problema de limite de resolução ocorre pois o algoritmo pode não parar nos módulos “intuitivos” devido a uma segunda passagem pela modificação dos módulos. Já o problema de degeneração ocorre, pois podem existir muitas

soluções com valor de modularidade próximos do máximo global, nesses casos é muito difícil encontrar o máximo global e realmente afirmar se ele possui significância científica maior do que a dos máximos locais com valores de modularidade similares.

Uma característica interessante do método é que não é possível, pela própria natureza do algoritmo, que um mesmo nó esteja presente em diferentes módulos. Essa sobreposição de módulos é chamada dentro da área de modularidade de redes de *overlapping communities*. Porém, ao adaptarmos a forma de calcular a modularidade para multicamada (Mucha et al., 2010), existe a possibilidade de que um mesmo nó pertença a diferentes módulos em diferentes camadas ao ajustarmos um parâmetro de entrada. Esta diferença é interessante e será usada para tentar encontrar espécies-chave que são boas conectoras entre grupos diferentes em camadas diferentes.

4 Modularidade multicamada

Apesar do amplo estudo de redes para compreensão de sistemas e tomada de decisão, redes do mundo real são normalmente estudadas de forma desconexa de outras redes ou então agregando-se várias redes em uma única rede (Pilosof et al., 2017). Uma maneira de aumentarmos as informações usadas no estudo de redes é usar redes multicamada. Quando usadas para representar sistemas ecológicos, as redes multicamada podem ter suas camadas definidas através de interações de diferentes tipos, ou que acontecem em diferentes localidades ou estações do ano, por exemplo (Pilosof et al., 2017).

No presente estudo, focamos redes multicamada onde as camadas são definidas pelo tipo de interação, ou seja, onde todos os nós estão presentes em todas as camadas e apenas o tipo de conexão (interações) entre os nós é que muda entre camadas. Assim, nesse tipo de rede há duas classes maiores de arestas: intracamada, que conectam nós dentro de uma camada, e intercamada, que conectam um mesmo nó entre duas camadas. Este tipo de rede é chamada de *multiplex* (Mucha et al., 2010), que é uma subdivisão da grande categoria definida como redes multicamada.

Redes multiplex também podem ter sua modularidade analisada pelo método Louvain (Mucha et al., 2010). Essa adaptação consiste basicamente na mudança da forma como a função da modularidade é calculada, incluindo um parâmetro ω que controla o acoplamento entre as diferentes camadas da rede. Há também o parâmetro de resolução ω , que pode enviesar a tendência do algoritmo em encontrar módulos de escalas menores ou maiores. A generalização da equação de modularidade (Mucha et al., 2010) é dada por:

$$Q^M = \frac{1}{\mu} \sum_{ij\alpha\beta} \left[\left(A_{i\alpha,j\alpha} - \gamma_\alpha \frac{k_{i\alpha}k_{j\alpha}}{2m_\alpha} \right) \delta_{\alpha,\beta} + \omega A_{i\alpha,j\beta} \delta_{ij} \right] \delta(c_{i\alpha}, c_{j\beta}) \quad (4)$$

Onde δ é o delta de kronecker, que retorna o valor 1 caso $c_{i\alpha} = c_{j\beta}$ e zero caso contrário; a variável m representa a soma do grau de cada nó na camada α ; $A_{i\alpha,j\alpha}$ é a matriz de adjacência na camada α ; $A_{i\alpha,j\beta}$ é a matriz de adjacência entre camadas; $k_{i\alpha}$ representa o grau do nó i na camada α e $\mu = \sum_{i,j,\alpha} A_{i\alpha,j\alpha} + \omega \sum_{i,\alpha,\beta} A_{i\alpha,j\beta}$. Note que se utilizarmos $\omega = 0$ e $\gamma = 1$, a equação de modularidade generalizada (eq. 4) é proporcional à média da modularidade monocamada (Newman, 2004; Newman & Girvan, 2004) de cada camada. Isto também está descrito em Bianconi (2018), pg. 147-148:

$$Q^M = \frac{1}{\mu} \sum_{\alpha} \frac{1}{2m_\alpha} \sum_{ij} \left(A_{i\alpha,j\alpha} - \gamma_\alpha \frac{k_{i\alpha}k_{j\alpha}}{2m_\alpha} \right) \delta(c_{i\alpha}, c_{j\alpha}) \quad (5)$$

5 Parâmetros de acoplamento (ω) e resolução (γ) na prática

Como a escolha dos parâmetros de resolução e acoplamento é arbitrária, surgem as perguntas: qual seria o melhor valor para aplicar em uma dada rede? Existe apenas um único valor adequado ou o valor a ser escolhido depende da pergunta que se pretende responder? Quais são os efeitos na prática quando variamos γ e ω ? Com o objetivo de responder essas perguntas e auxiliar outros cientistas na escolha dos valores de γ e ω , analisamos essas questões em detalhes.

O parâmetro ω está contido no intervalo (0,1). Zero (0) representa o desacoplamento total das camadas (cada camada é tratada como uma rede independente) e a modularidade final é a média da modularidade de cada camada. Um (1) representa o acoplamento máximo, que faz com que a rede multiplex se comporte como uma rede monocamada. Na prática, isso significa que, quando aumentamos os valores da constante de acoplamento ω , aumentamos o peso das arestas intercamada (Mucha et al., 2010). Isso faz com que as camadas tenham maior influência umas sobre as outras, favorecendo a formação de módulos multicamada. Quando diminuímos ω , o contrário ocorre, o que favorece a formação de módulos monocamada.

O parâmetro de resolução foi introduzido por Reichardt & Bornholdt (2006) para avaliar redes monocamada e depois estendido para a modularidade generalizada multicamada (Mucha et al., 2010). De uma forma geral, se $\gamma_2 > \gamma_1$, os módulos encontrados com γ_2 possuem menos nós (módulos menores) e são mais numerosos (maior quantidade de módulos). Os módulos encontrados com γ_2 podem ser submódulos dos obtidos usando γ_1 , mas nem sempre é o caso (Reichardt & Bornholdt, 2006). Lembrando que $0 \leq \gamma \leq \infty$. Porém, não faz sentido aumentarmos γ para valores muito altos, já que existe um limite a partir do qual os módulos se tornam tão pequenos que cada módulo passa a ter apenas um nó.

Vamos usar uma rede multiplex clássica na literatura, Famílias de Florença (Kent, 1978), para ilustrar graficamente o que ocorre quando variamos os parâmetros ω e γ . Essa rede foi escolhida por ser pequena, o que facilita sua visualização. A figura 2 mostra a distribuição dos módulos sobre as duas camadas da rede para diferentes valores de ω e γ .

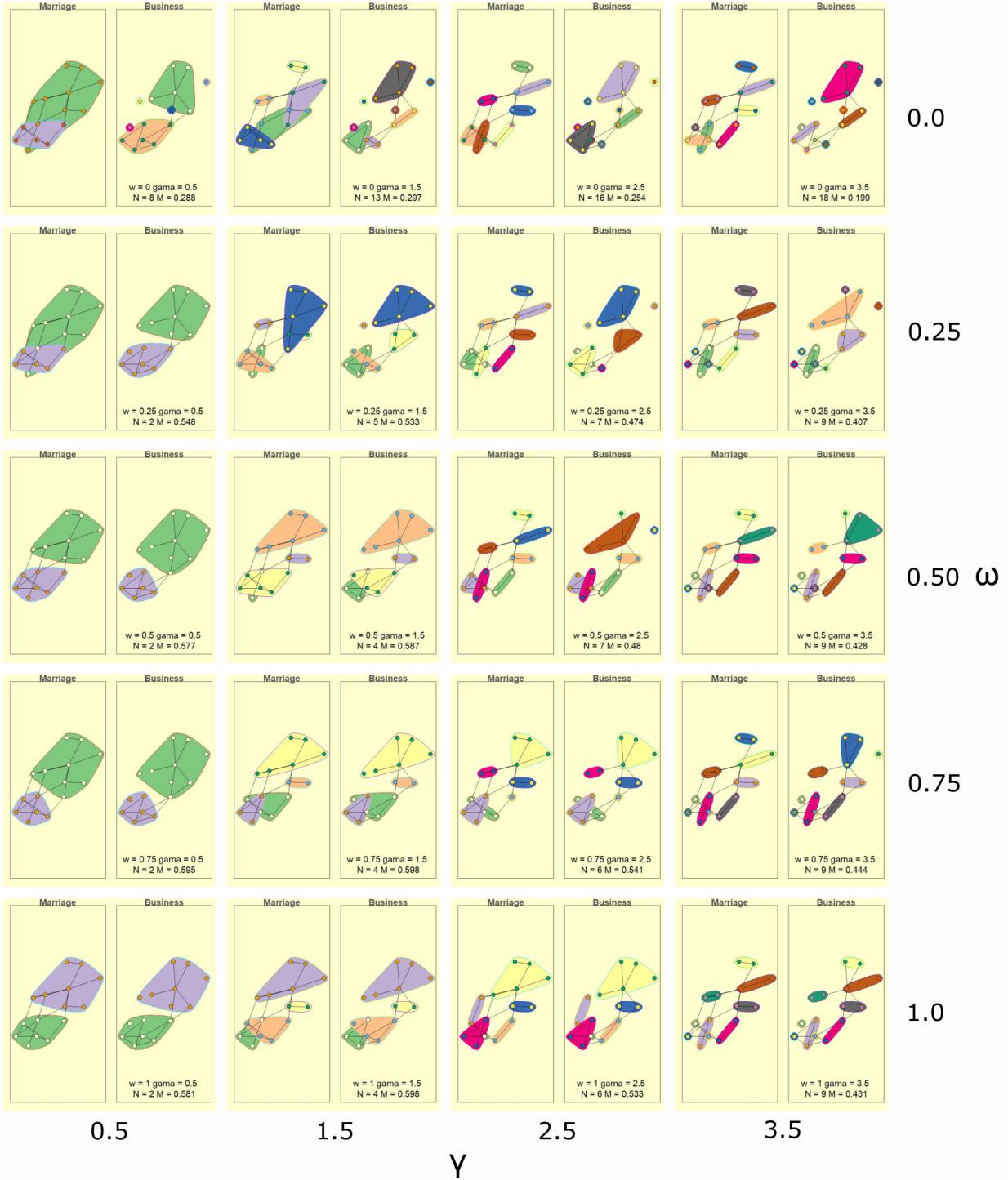


Figura 2: Módulos formados usando diferentes valores de acoplamento ω e resolução γ . Valores de ω variam no eixo y e valores de γ variam no eixo x.

Quanto maiores os valores de γ e menores os valores de ω , menores e mais numerosos são os módulos e vice-versa. A figura 3 mostra o número de módulos para a rede Famílias

de Florença, onde podemos ver que ocorre o previsto na teoria.

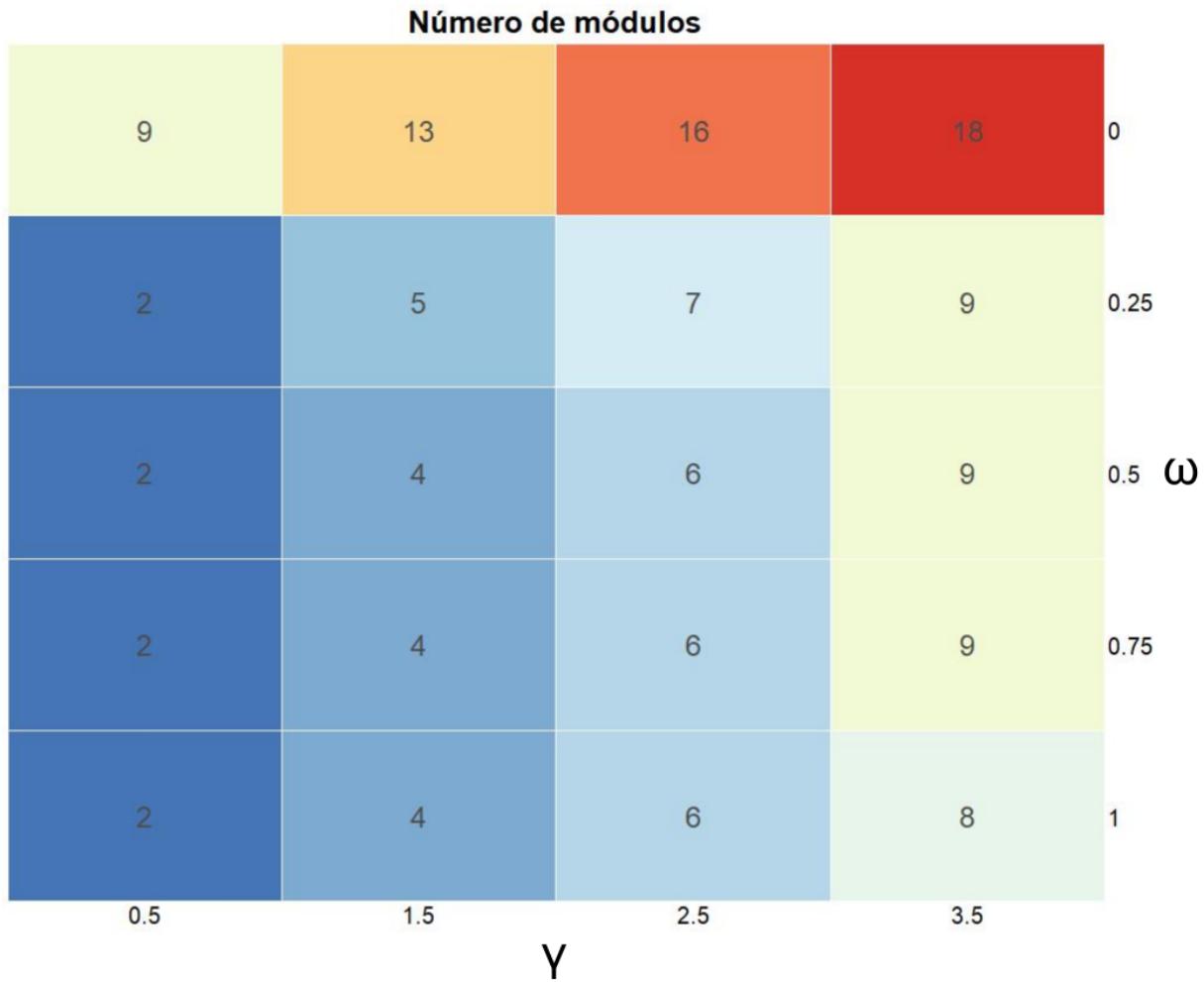


Figura 3: Número de módulos totais da rede para diferentes valores de acoplamento ω e resolução γ . Valores de ω variam no eixo y e valores de γ variam no eixo x.

Mas, afinal, quais valores deveriam ser escolhidos para esses dois parâmetros? A resposta mais correta é: depende. Depende de qual propriedade da rede queremos enfocar e qual pergunta queremos responder com esse enfoque. Por exemplo, se quisermos verificar quais são os “grandes módulos” da rede, devemos usar um valor de γ mais baixo, mas se quisermos olhar para os módulos menores (mais “íntimos”) ou submódulos dos “grandes módulos” obtidos com um γ mais baixo, um γ maior seria mais indicado.

Se quisermos que as conexões de uma camada influenciem mais a outra camada, devemos usar um ω mais alto, caso contrário, melhor seria usar um ω mais baixo. Vamos usar agora como exemplo uma de rede interações entre morcegos e plantas (“rede morcego-planta,” Marco A. R. Mello et al. (2019)), onde existem duas camadas: uma de nectarivoria (consumo de néctar) e outra de frugivoria (consumo de frutos).

Se quisermos encontrar módulos onde existam morcegos com dietas mais similares entre si, um ω mais alto é recomendado, pois a frugivoria e a nectarivoria ficam com alta influência uma sobre a outra no cálculo dos módulos. Já se quisermos separar os morcegos com uma preferência maior por flores, por frutos ou que tenham uma dieta equilibrada, podemos usar um ω menor. Assim aumenta a tendência de os módulos se formarem pesando mais as interações dentro de cada camada da rede. Isso faz com que os morcegos estejam em grupos que priorizam mais a nectarivoria ou a frugivoria ou até mesmo que possuem interações equilibradas entre camadas (estão em dois grupos em camadas diferentes).

Estudando a formação desses módulos de morcegos com diferentes dietas, podemos jogar luz sobre vários fenômenos ecológicos e evolutivos. Por exemplo, podemos dar mais um passo no entendimento sobre como a morfologia funcional do crânio de um morcego afeta a sua dieta (Rossoni et al., 2017) e, consequentemente, o papel funcional que ele desempenha em seu habitat (Marco Aurelio Ribeiro Mello et al., 2014). Até o momento, tem-se estudado papéis funcionais quase exclusivamente no contexto de um único tipo de interação (García-Callejas et al., 2017). Contudo, na natureza, observamos que as espécies de animais vivem entre mundos, alternando entre interações mutualistas e antagonistas em cada um deles. E a definição desses mundos em si depende muito da escala espaço-temporal estudada.

Outra rede do mundo real que usaremos aqui descreve interações entre formigas e plantas (“rede formiga-planta,” Costa et al. (2016)). Nessa outra rede multcamada, as formigas se relacionam com as plantas através de quatro tipos de consumo de recursos diferentes: néctar extrafloral, pólen/néctar, frutos e melado de trofobiontes. Além disso, também fazem visitas simples, sem consequências mensuráveis para a planta. Essas interações geram então cinco camadas na rede e têm diferentes consequências para a vida das plantas e sua aptidão (Rico-

Gray & Oliveira, 2007).

Como no caso dos morcegos, essa rede formiga-planta também representa um emaranhado de diferentes mundos, com diferentes pressões seletivas para as formigas. Para consumir os diferentes tipos de recursos que as plantas oferecem, elas precisam de adaptações morfológicas e fisiológicas específicas. Ter ou não ter uma ou mais dessas adaptações leva diferentes espécies de formigas a ocuparem diferentes módulos na rede (Costa et al., 2016). Uma análise de modularidade multicamada tem o potencial de entender melhor as relações entre esses módulos em diferentes escalas de organização da rede.

Independente da história natural do sistema de estudo, caso queiramos apenas obter uma distribuição de módulos confiável sem a necessidade de interpretação, podemos escolher um valor de ω e γ que maximiza a modularidade. Os valores de ω e γ que maximizam a modularidade diferem para cada rede. A figura 4 mostra os valores da modularidade para diferentes valores de ω e γ da rede exemplo Famílias de Florença.

Com a resolução do ensaio feito, os valores mais indicados para a rede Famílias de Florença seriam $\omega = 0.75$ e $\gamma = 1.5$. Para valores mais precisos, basta aumentar as partições de γ e ω ou refinar os valores de γ e ω em torno dos máximos obtidos no ensaio anterior.

Também existe a possibilidade de que os valores de modularidade fiquem muito próximos uns dos outros. Nesse caso, é comum que os módulos fiquem muito similares entre si, então, é possível escolher qualquer um dos valores de ω e γ . Caso os módulos fiquem muito diferentes entre si (um caso mais raro), uma interpretação de um especialista na área que a rede está retratando é fundamental.

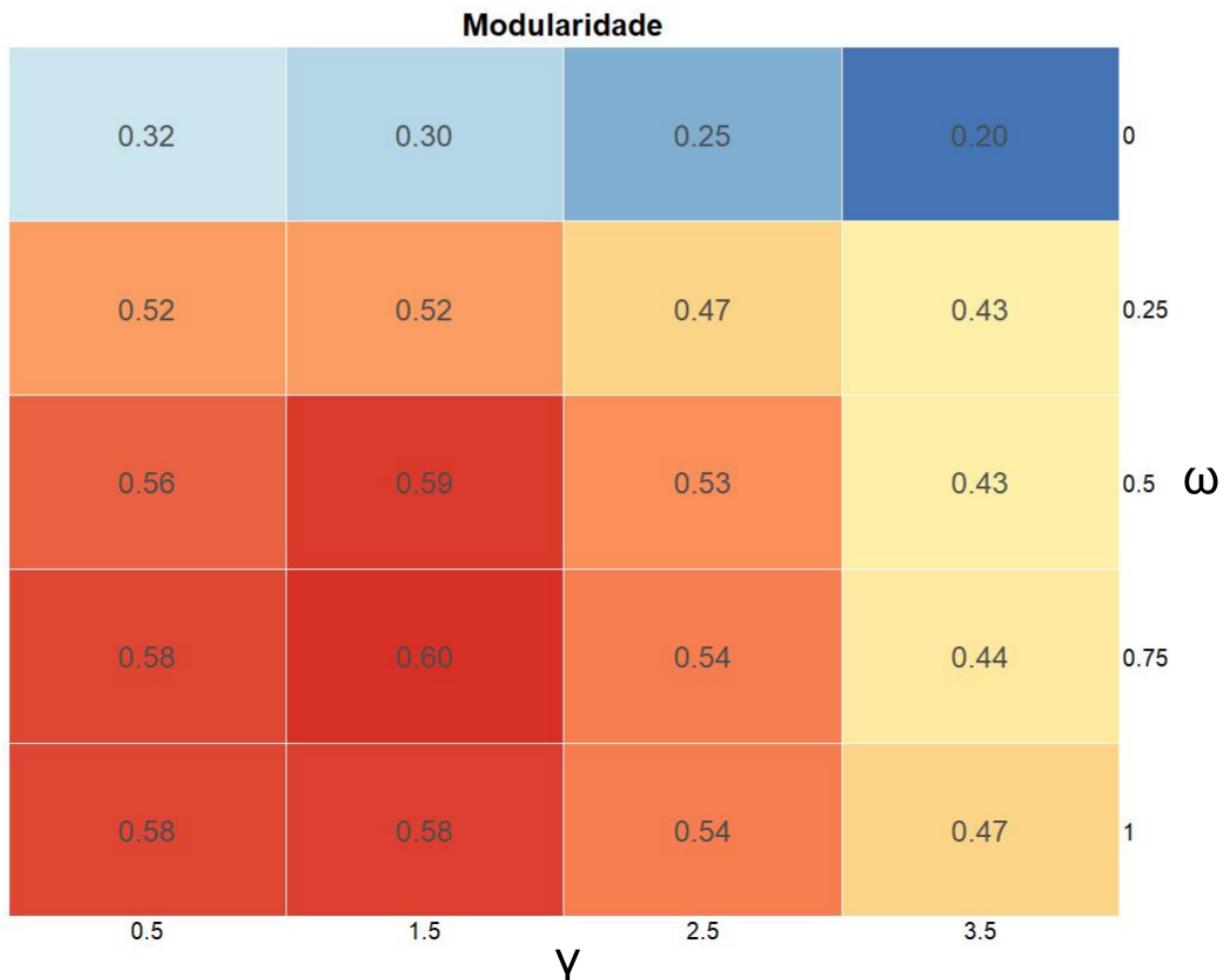


Figura 4: Valor da modularidade para diferentes valores de acoplamento ω e resolução γ . Valores de ω variam no eixo y e valores de γ variam no eixo x.

6 Variável G e G_{norm}

6.1 Variável G

A variável G representa o número de módulos a que um determinado nó pertence. Como o algoritmo Louvain não permite que um mesmo nó participe de mais de um módulo dentro de uma mesma camada, G é uma variável discreta inteira que possui o mínimo de 1 e o máximo igual ao número de camadas da rede estudada. G possui valores bem definidos nos extremos, se $\omega = 0 \Rightarrow G = 1$ e se $\omega = 0 \Rightarrow G =$ número total de camadas da rede. Entre estes valores de ω o comportamento de G é variado, mas tende a cair conforme a força de acoplamento ω aumenta. O comportamento do decaimento de G em relação a ω é diferente para cada nó da rede, alguns nós resistem e permanecem em mais de um módulo ao aumentarmos ω , já outros rapidamente passam a pertencer a apenas um módulo ao aumentarmos ω . A figura 5 ilustra o comportamento de diferentes nós ao aumentarmos ω . A figura 6 mostra um exemplo de curva de decaimento de G em relação a ω .

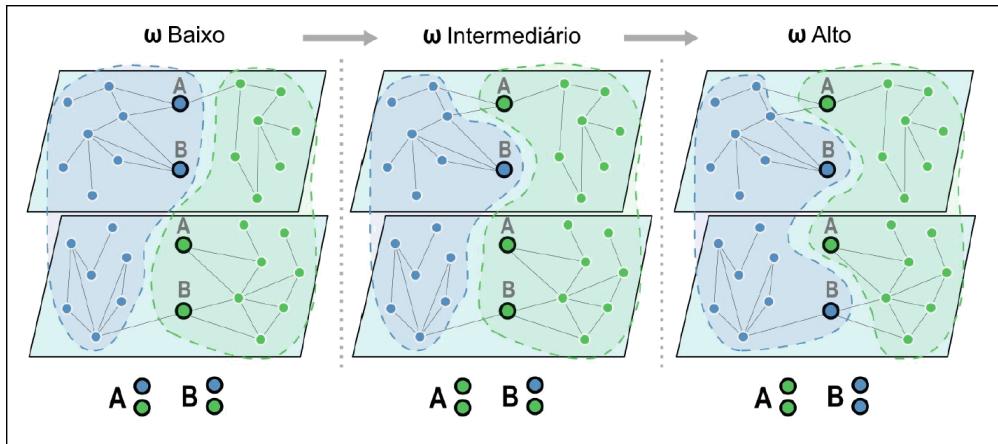


Figura 5: Esquema ilustrativo do que ocorre com alguns nós ao aumentarmos o parâmetro ω . Para valores de ω baixos, vemos que os nós A e B estão em módulos diferentes em camadas diferentes. Ao aumentarmos a força de acoplamento ω , o nó A passa a pertencer ao módulo verde tanto na camada superior como na camada inferior, já o nó B resiste e permanece no módulo azul na camada superior e no módulo verde na camada inferior. Se aumentarmos ainda mais a força de acoplamento ω , em algum momento o nó B acaba cedendo e passa a pertencer a apenas um módulo nas duas camadas.

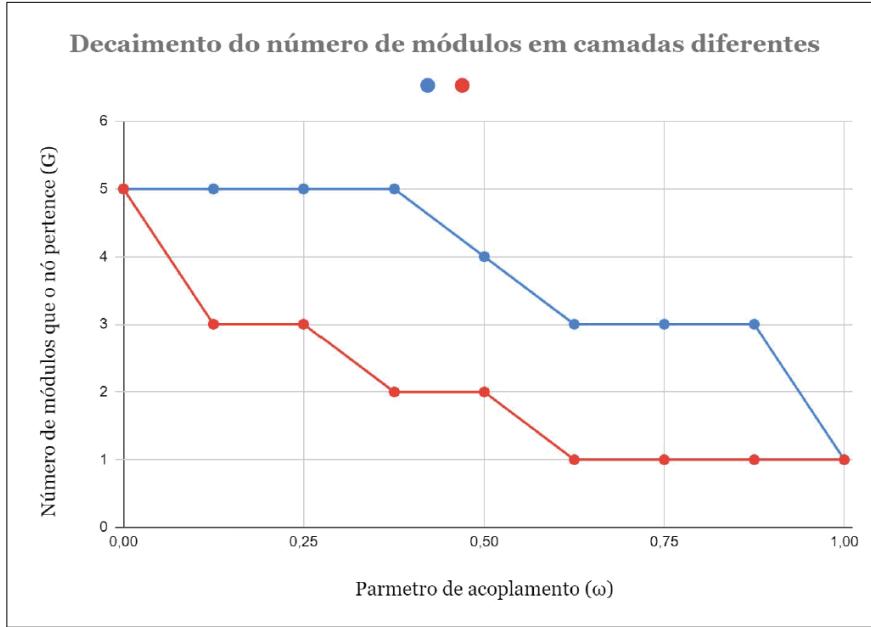


Figura 6: Exemplo hipotético de decaimentos de G (módulos que o nó pertence em diferentes camadas) em relação ao parâmetro ω (constante de acoplamento) esperados. O nó representado pela cor vermelha possui um decaimento rápido de G , portanto, representa uma espécie pouco conectiva do ponto de vista da rede multicamada como um todo. O contrário ocorre com a espécie representada pelo nó azul.

Como o algoritmo Louvain não é determinístico (pode retornar diferentes resultados a cada compilação) e a variável G é inteira e discreta, para termos uma maior confiabilidade precisamos repetir o processo várias vezes para cada valor de ω e extrair uma média de G para cada nó. Assim o valor médio de G é dado por:

$$\overline{G}_\omega = \frac{1}{I} \sum_{i=1}^I G_i \quad (6)$$

Onde I se refere ao número de iterações.

Repetindo isso para diferentes valores de ω , teremos uma curva de decaimento \overline{G} por ω .

Podemos agora repetir esse processo para diferentes valores de γ , assim vamos obter diferentes curvas \overline{G} por ω para cada valor de γ .

6.2 Variável G_{norm}

Para facilitar a classificação dos nós de acordo com sua curva \overline{G} por ω por γ , toda a família de curvas será resumida em uma única variável para cada nó, normalizada pela média.

Chamaremos essa variável de G_{norm} , definida na equação 7.

$$G_{norm} = \frac{\sum_{j=1}^{P_2} \sum_{i=1}^{P_1} \bar{G}_{i,j}}{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \sum_{j=1}^{P_2} \sum_{i=1}^{P_1} \bar{G}_{i,j,k}} \quad (7)$$

Onde P_1, P_2 são o número de partições de ω e γ ; N é o número de nós na rede; i, j são os índices de \bar{G} dentro de ω, γ ; e k é o índice do nó na rede (número de identificação do nó).

7 Visão geral da rede Morcegos-plantas

A rede Morcegos-plantas [@Mello2019] possui 2 camadas (Nectarivoria e Frugivoria), 512 nós e 1248 conexões. A tabela 2 mostra o resumo das propriedades da rede. A figura 7 apresenta uma visão geral da rede.

Tabela 2: Propriedades da rede Morcegos-plantas

Propriedade	Valor
Número de Camadas	2
Tipo de conexões	Nectarivoria e Frugivoria
Número de nós	512
Número de conexões	1248

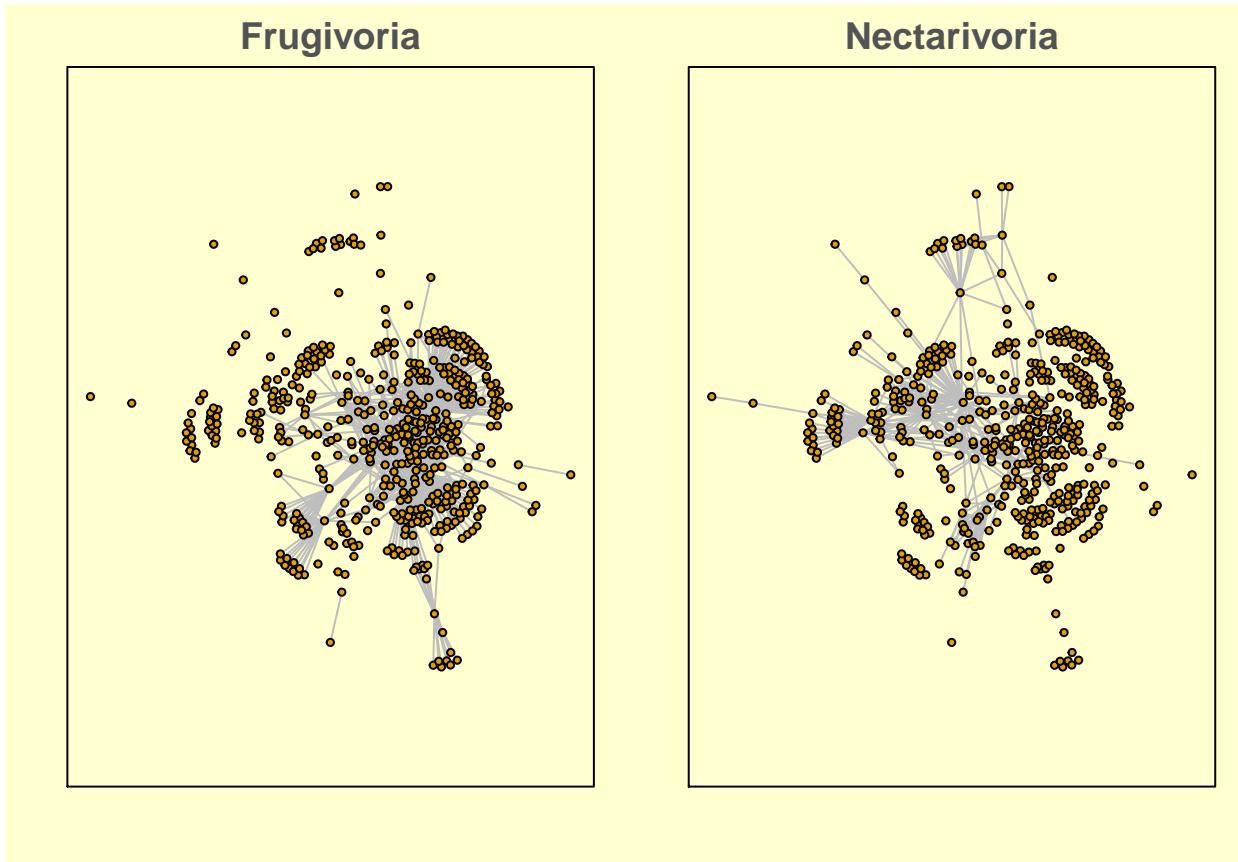


Figura 7: Visão geral da rede Morcegos-plantas .

8 Resultados da rede Morcegos-plantas

8.1 Distribuição de G_{norm}

A variável G foi calculada para 10 partições de ω , ou seja, o tamanho do passo dado dentro de ω foi de 0.1. O processo foi repetido para 16 partições de γ , com γ começando em 0.25, com passos de 0.25 até um γ máximo de 4. O cálculo de \bar{G} foi feito usando 100 iterações. A tabela 3 resume os parâmetros de execução do código e a figura 8 mostra a distribuição dos valores de G_{norm} obtidos.

Tabela 3: Parâmetros de execução

Parâmetro	Valor
Iterações	100
Partições de omega	10

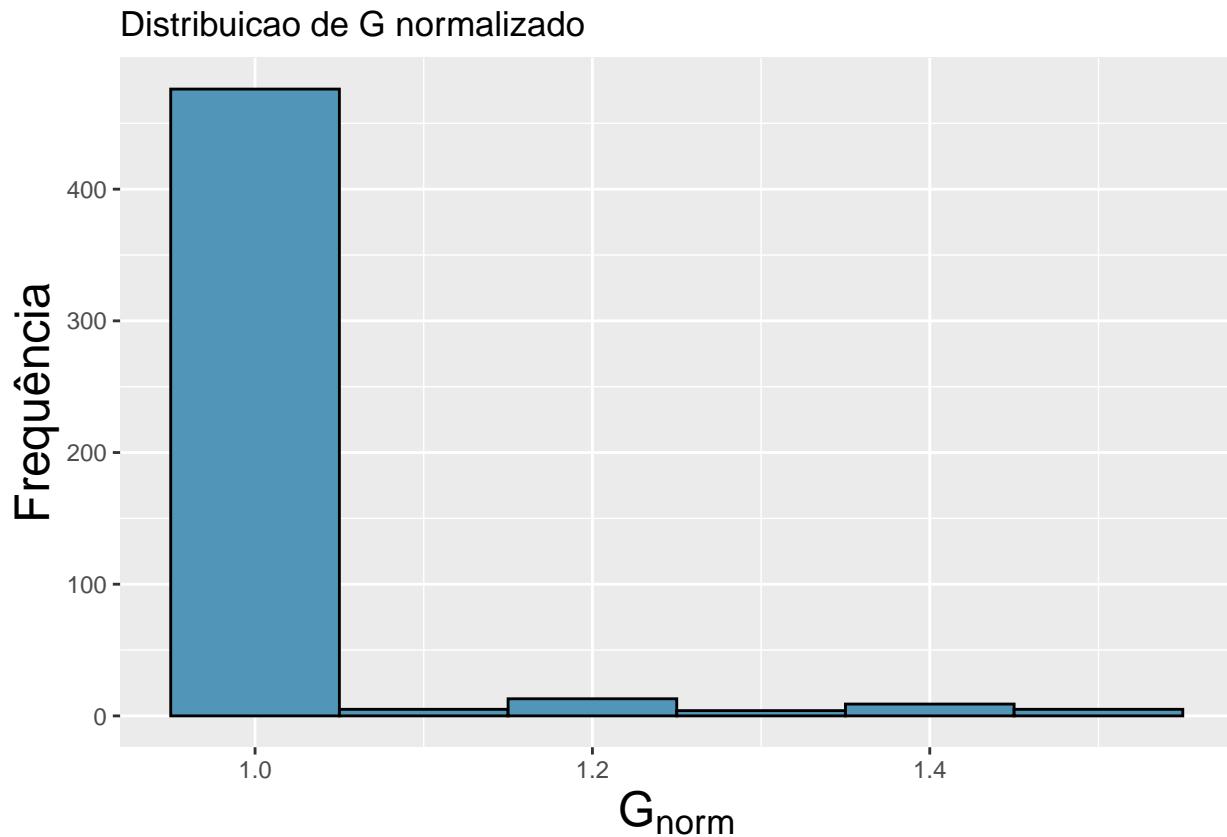


Figura 8: Distribuição de G_{norm} médio da rede Morcegos-plantas .

8.2 Variação de \bar{G} por ω

Como temos dados em 3 dimensões (\bar{G} , ω , γ) temos diferentes possibilidades para apresentar os valores de \bar{G} em relação a ω e γ . A figura 9 mostra curvas de decaimento de \bar{G} por ω para diferentes nós com diferentes valores de G_{norm} e para diferentes valores de γ . A figura 10 mostra a superfície 3D formada por \bar{G} em relação a ω e γ . A figura 11 mostra a mesma superfície da figura 10 mas no formato de mapa de calor.

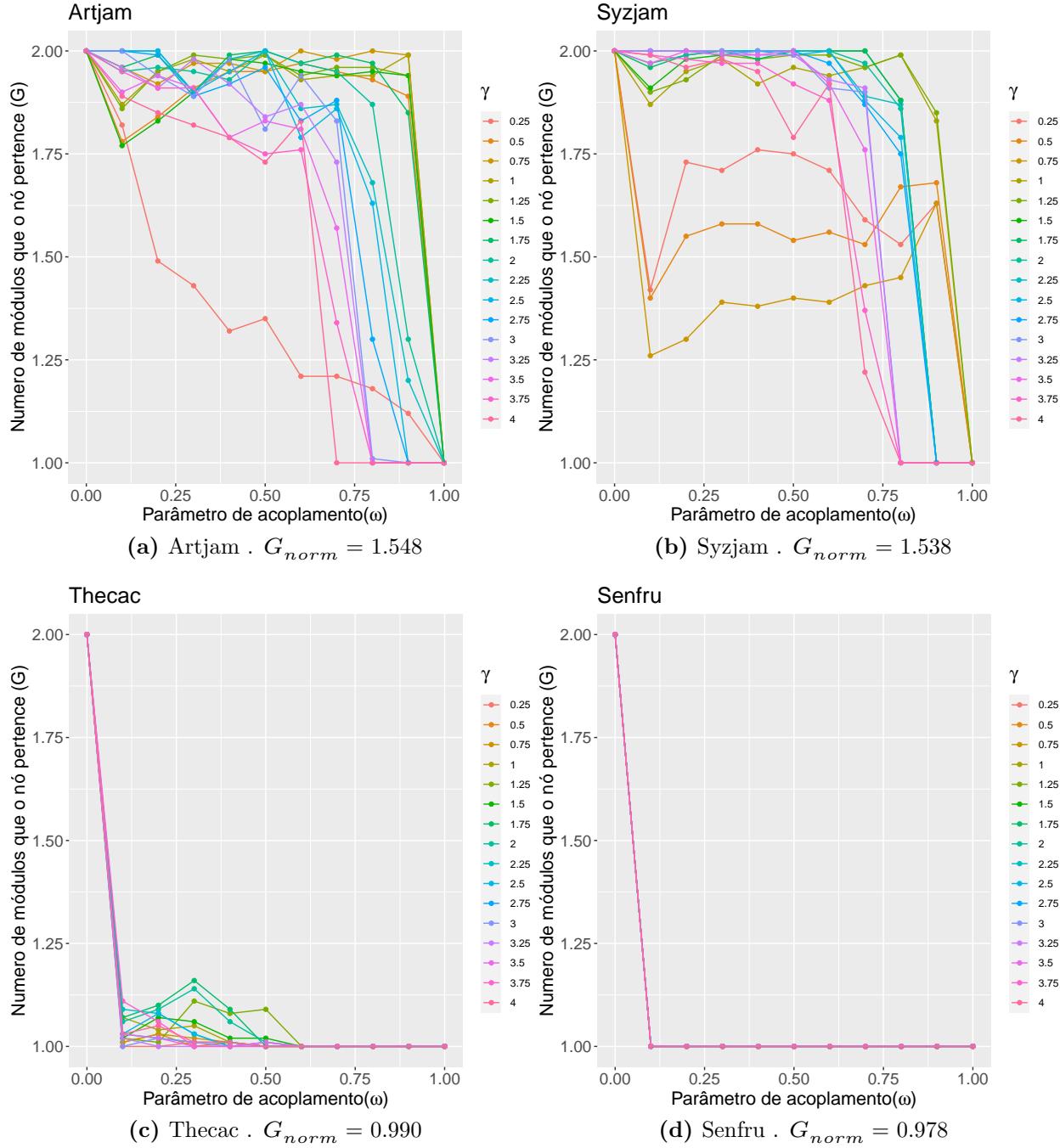


Figura 9: Exemplos de curvas do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Curvas de \bar{G} da espécie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais próximo da média geral da rede. (d) Curvas de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.

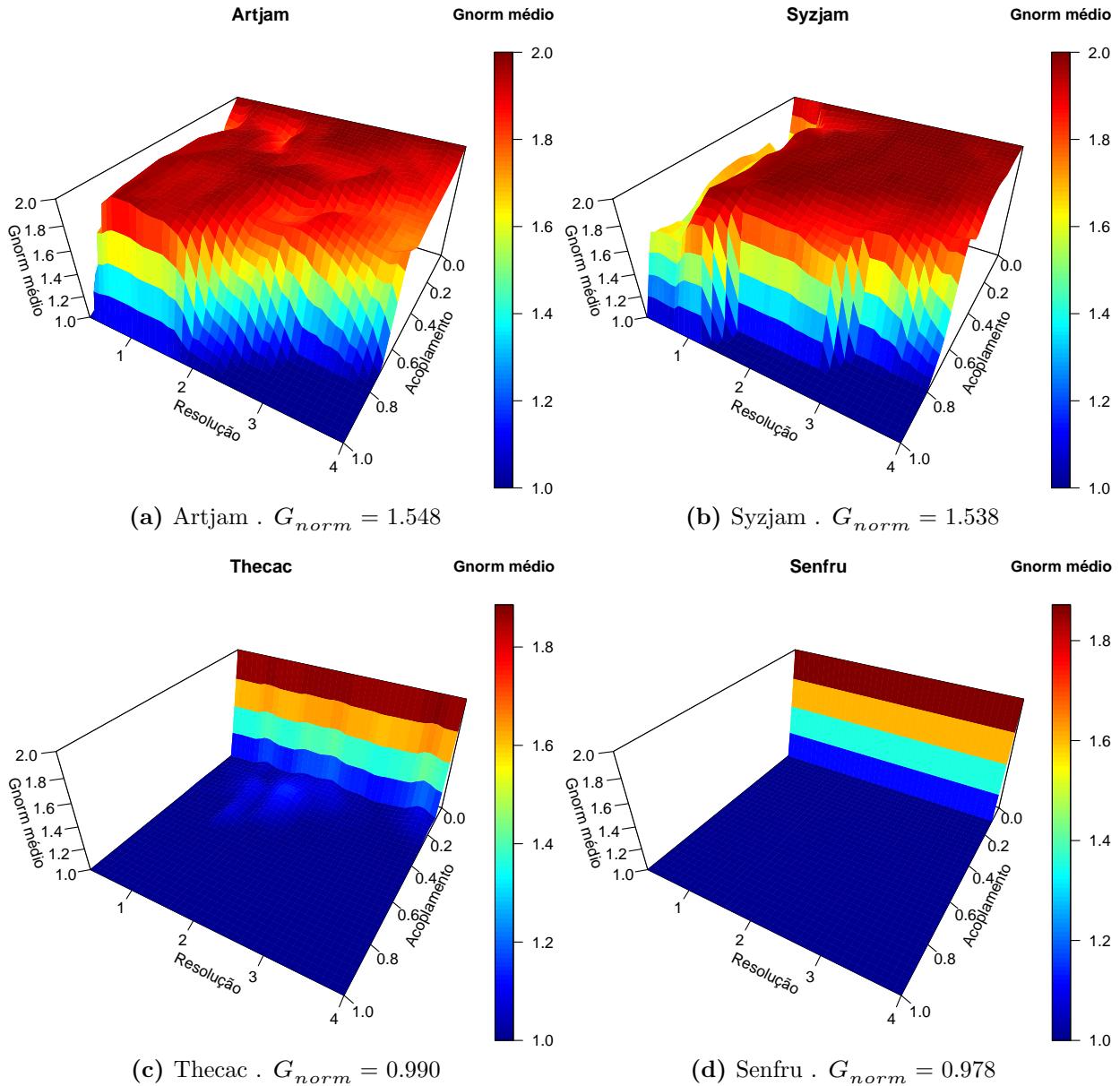


Figura 10: Exemplos de superfícies do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Superfície de \bar{G} da espécie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais próximo da média geral da rede. (d) Superfície de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.

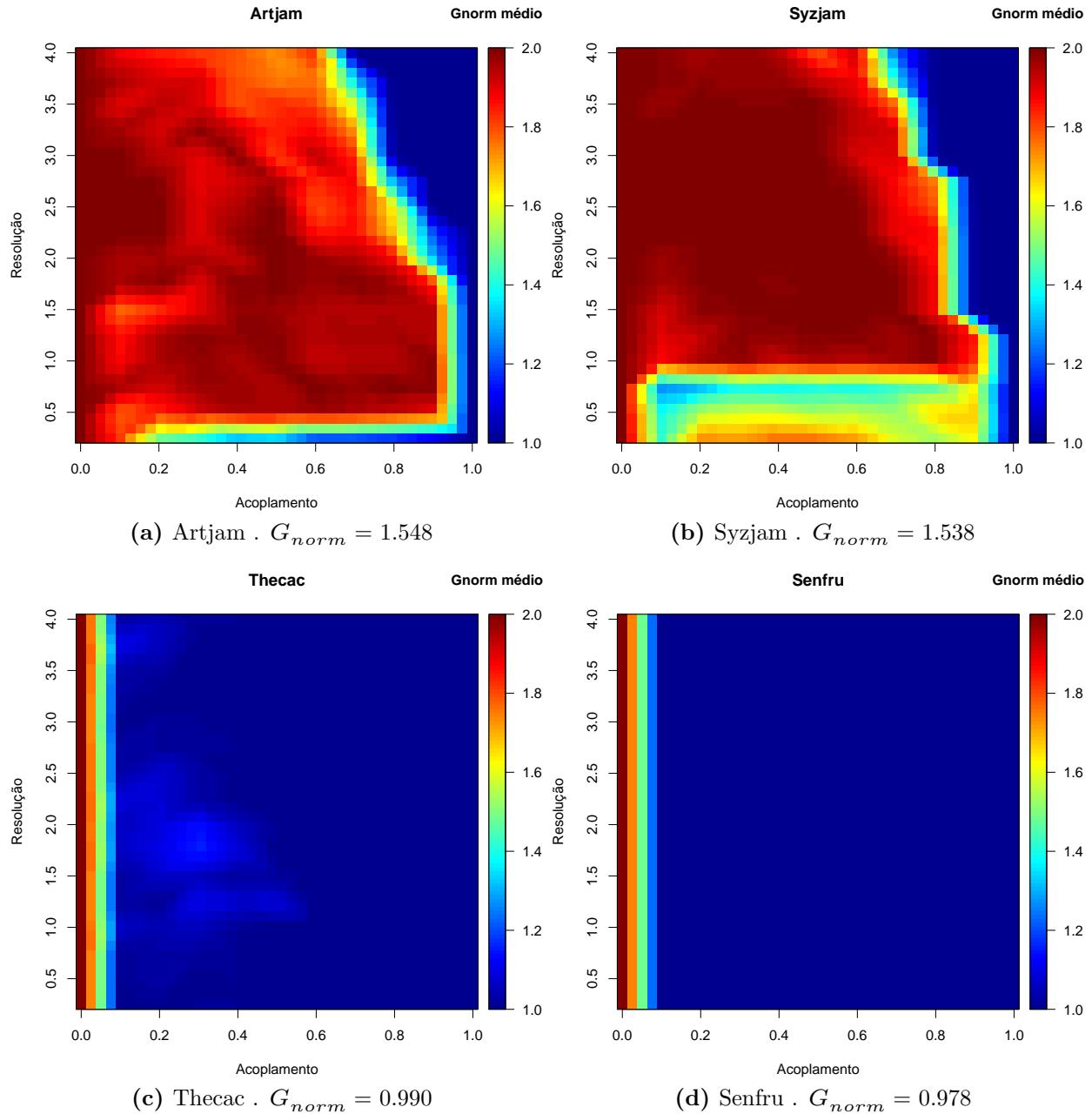


Figura 11: Exemplos de mapas de calor do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Mapa de calor de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Mapa de calor de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.

8.3 Seleção das espécies com maior G_{norm} .

A figura 12 e a tabela 4 mostram as espécies com valor de G_{norm} acima de 1.35, ou seja, aquelas com decaimento de G mais lento da rede Morcegos-plantas.

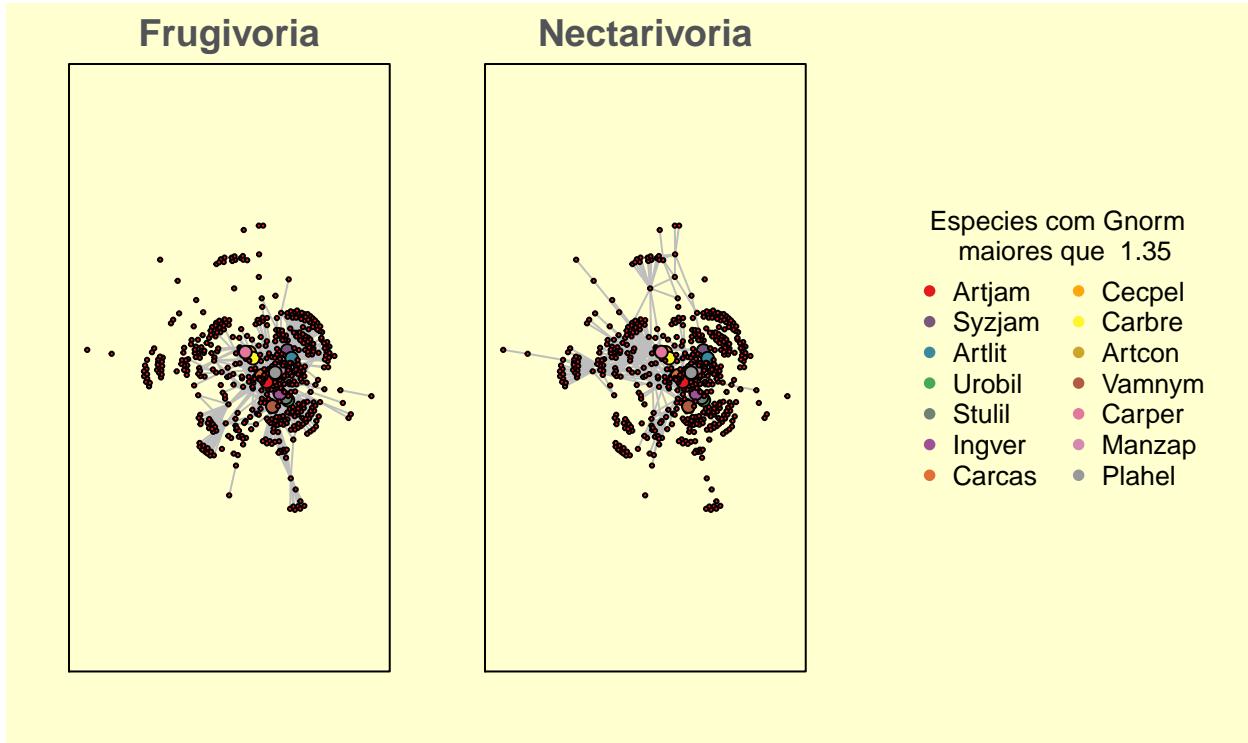


Figura 12: Espécies com G_{norm} maiores que 1.35 em destaque de tamanho e cor.

Tabela 4: Espécies com valores de G_{norm} maiores que 1.35

Espécie	G_{norm}
Artjam	1.548
Syzjam	1.538
Artlit	1.509
Urobil	1.488
Stulil	1.469
Ingver	1.432
Carcas	1.401
Cecpel	1.401
Carbre	1.392
Artcon	1.391
Vamnym	1.365
Carper	1.364
Manzap	1.360
Plahel	1.359

9 Visão geral da rede Formigas-planta

A rede Formigas-planta [@Costa2016] possui 5 camadas (Visita , EFN , Fruta , Flor e Tropho), 108 nós e 370 conexões. A tabela 5 mostra o resumo das propriedades da rede. A figura 13 apresenta uma visão geral da rede.

Tabela 5: Propriedades da rede Formigas-planta

Propriedade	Valor
Número de Camadas	5
Tipo de conexões	Visita , EFN , Fruta , Flor e Tropho
Número de nós	108
Número de conexões	370

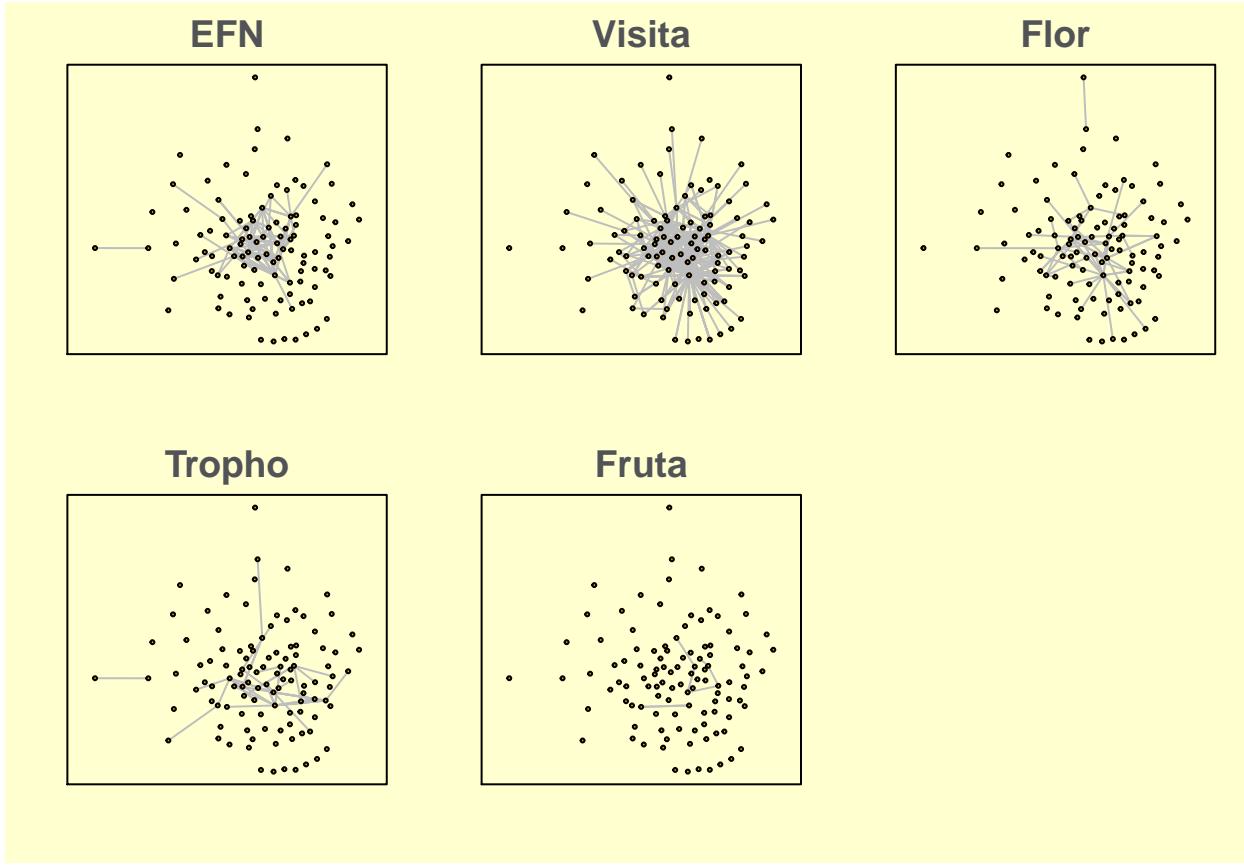


Figura 13: Visão geral da rede Formigas-planta .

10 Resultados da rede Formigas-planta

10.1 Distribuição de G_{norm}

A variável G foi calculada para 10 partições de ω , ou seja, o tamanho do passo dado dentro de ω foi de 0.1. O processo foi repetido para 16 partições de γ , com γ começando em 0.25, com passos de -0.25 até um γ máximo de 4. O cálculo de \bar{G} foi feito usando 100 iterações. A tabela 6 resume os parâmetros de execução do código e a figura 14 mostra a distribuição dos valores de G_{norm} médio obtidos.

Tabela 6: Parâmetros de execução

Parâmetro	Valor
Iterações	100
Partições de omega	10

Distribuição de G_{norm}

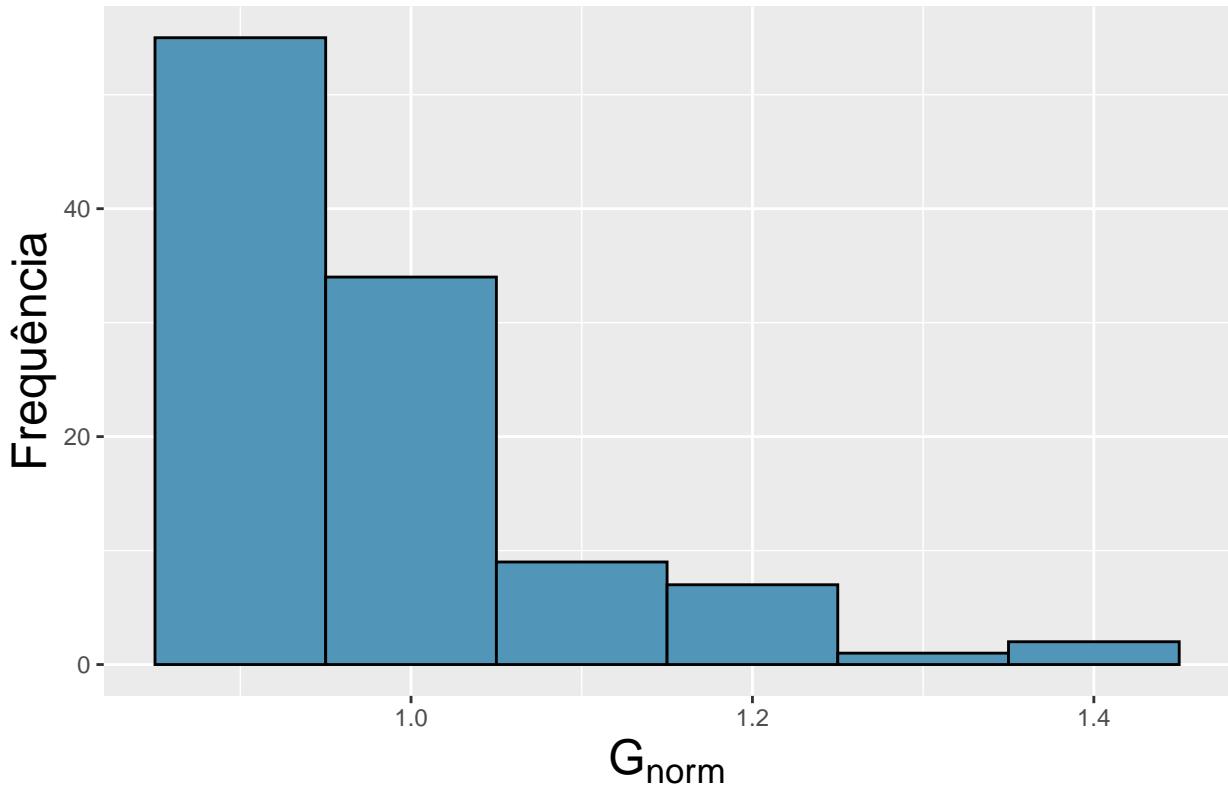


Figura 14: Distribuição de G_{norm} médio da rede Formigas-planta .

10.2 Variação de \bar{G} por ω

Como temos dados em 3 dimensões (\bar{G} , ω , γ) temos algumas formas diferentes para apresentar os valores de \bar{G} em relação a ω e γ , não sei dizer se devemos usar uma delas, as três ou alguma outra. A figura 15 mostra curvas de decaimento de \bar{G} por ω para diferentes nós com diferentes valores de G_{norm} e para diferentes valores de γ . A figura 16 mostra a superfície 3D formada por \bar{G} em relação a ω e γ . A figura 17 mostra a mesma superfície da figura 16 mas no formato de mapa de calor.

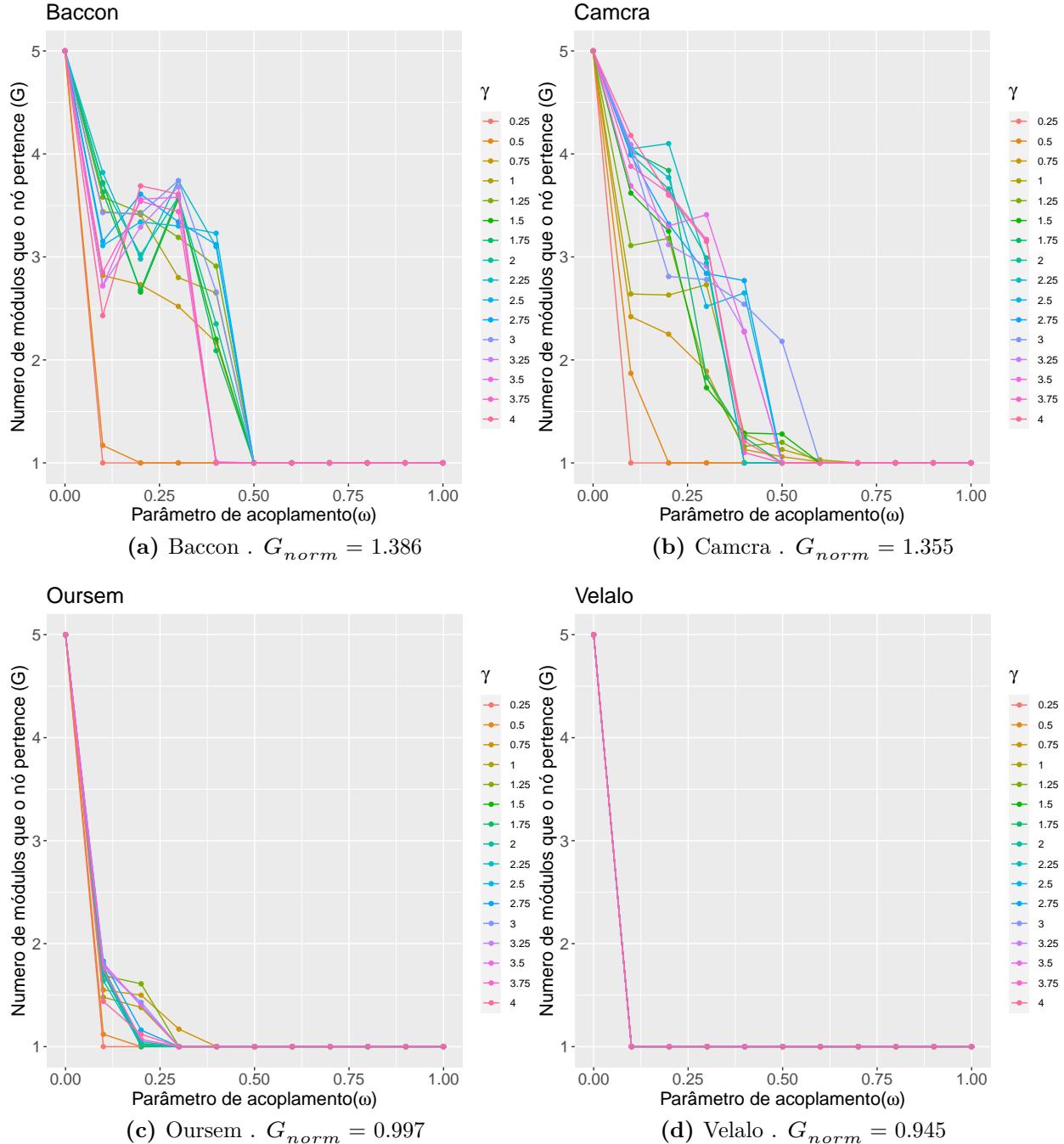


Figura 15: Exemplos de curvas do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Curvas de \bar{G} da espécie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais próximo da média geral da rede. (d) Curvas de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.

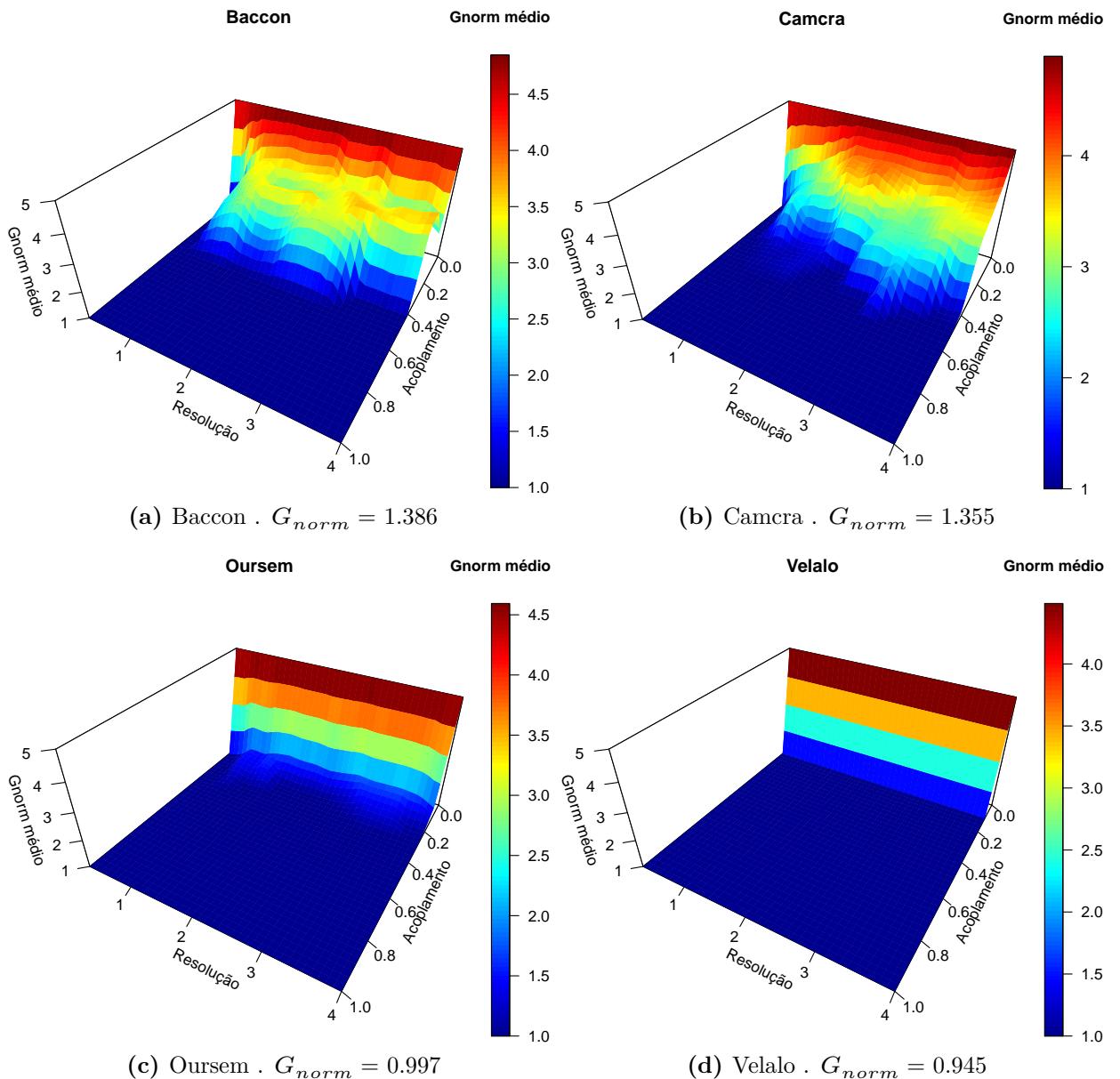


Figura 16: Exemplos de superfícies do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Superfície de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Superfície de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.

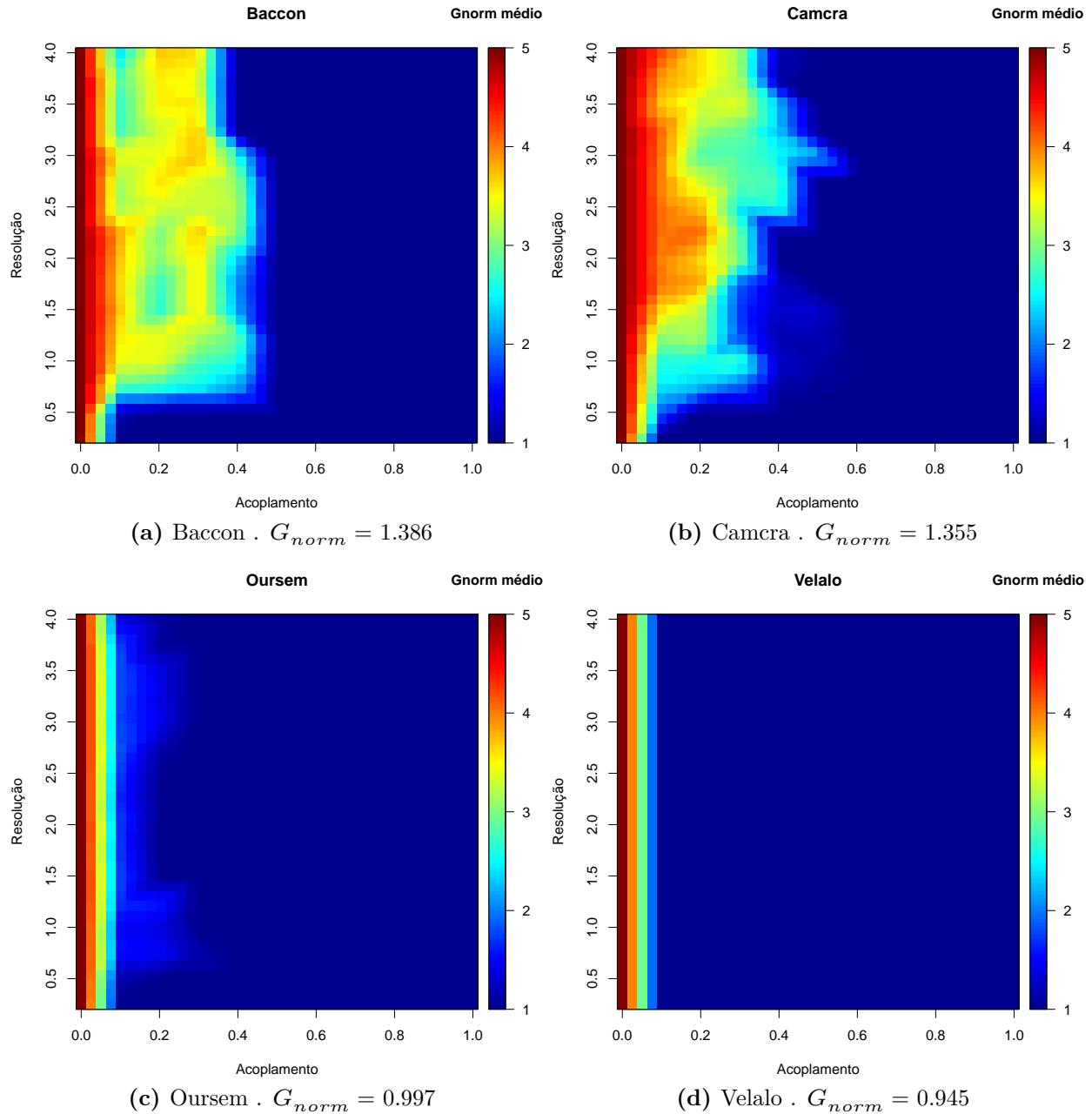


Figura 17: Exemplos de mapas de calor do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Mapa de calor de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Mapa de calor de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.

10.3 Seleção das espécies com maior G_{norm} .

A figura 18 e a tabela 7 mostram as espécies com valor de G_{norm} acima de 1.21, ou seja, aquelas com decaimento de G mais lento da rede Formigas-planta.

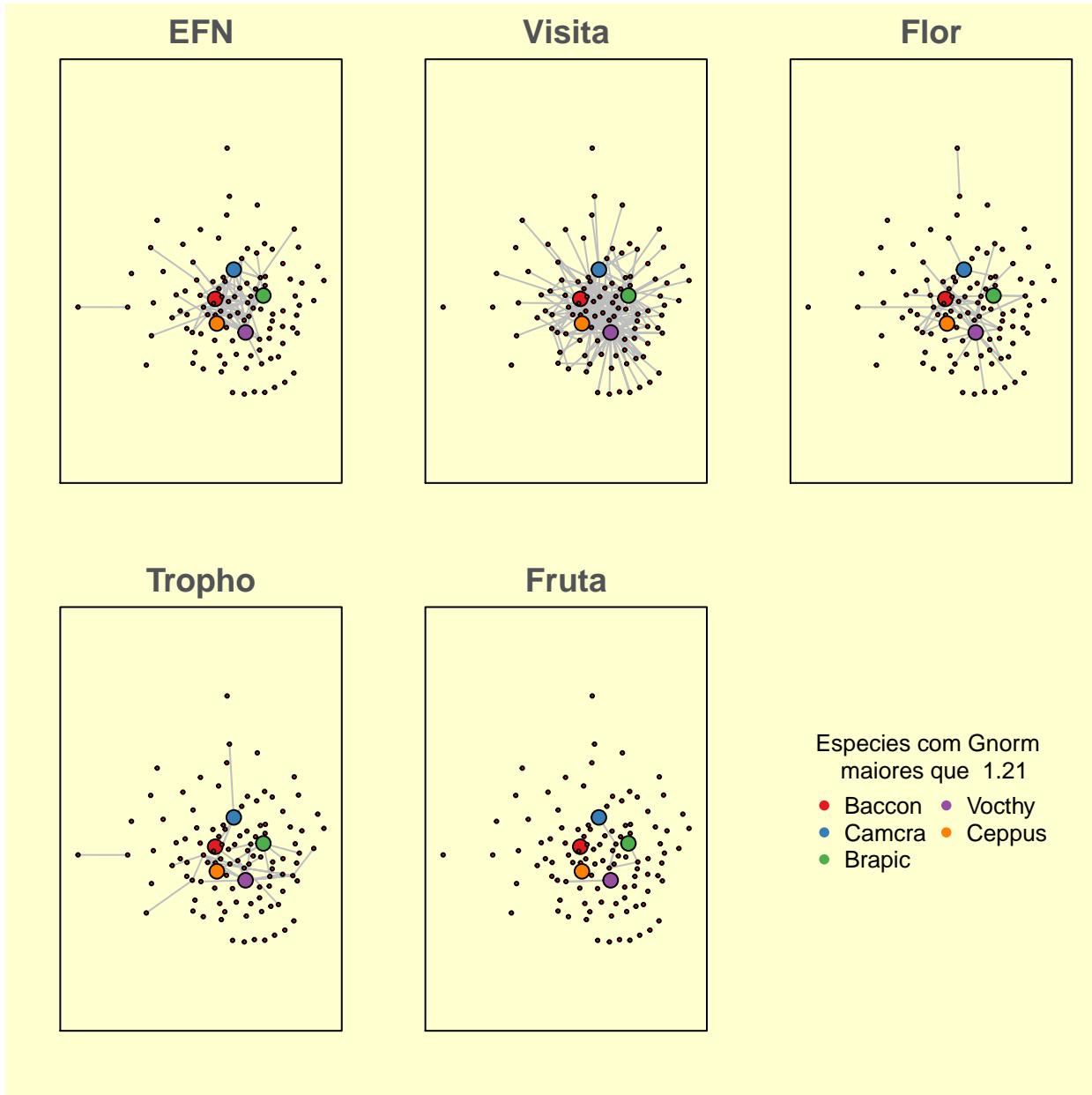


Figura 18: Espécies com G_{norm} maiores que 1.21 em destaque de tamanho e cor.

Tabela 7: Espécies com valores de G_{norm} maiores que 1.21

Espécie	G_{norm}
Baccon	1.386
Camcra	1.355
Braptic	1.341
Vochty	1.235
Ceppus	1.222

11 Distribuição de G_{norm} para redes aleatórias

A distribuição dos valores de G_{norm} também foi testada para algumas redes binárias puramente aleatórias, variando o número de camadas, conexões totais e nós. O universo de redes analisadas é apresentado na tabela 8. Foram geradas 10 redes aleatórias para cada combinação de camadas, conexões e nós, um total de 180 redes aleatórias foram analisadas.

Tabela 8: Universo de redes aleatórias analisadas. Foram geradas e analisadas dez amostras de cada uma das combinações de camada, conexões e nós.

Camadas	Conexões	Nós
2	100	20 (20% das conexões)
2	100	30 (30% das conexões)
2	100	50 (50% das conexões)
2	250	50 (20% das conexões)
2	250	75 (30% das conexões)
2	250	125 (50% das conexões)
3	100	20 (20% das conexões)
3	100	30 (30% das conexões)
3	100	50 (50% das conexões)
3	250	50 (20% das conexões)
3	250	75 (30% das conexões)
3	250	125 (50% das conexões)
5	100	20 (20% das conexões)
5	100	30 (30% das conexões)
5	100	50 (50% das conexões)
5	250	50 (20% das conexões)
5	250	75 (30% das conexões)
5	250	125 (50% das conexões)

As figuras 19, 20 e 21 mostram as distribuições de G_{norm} obtidas.

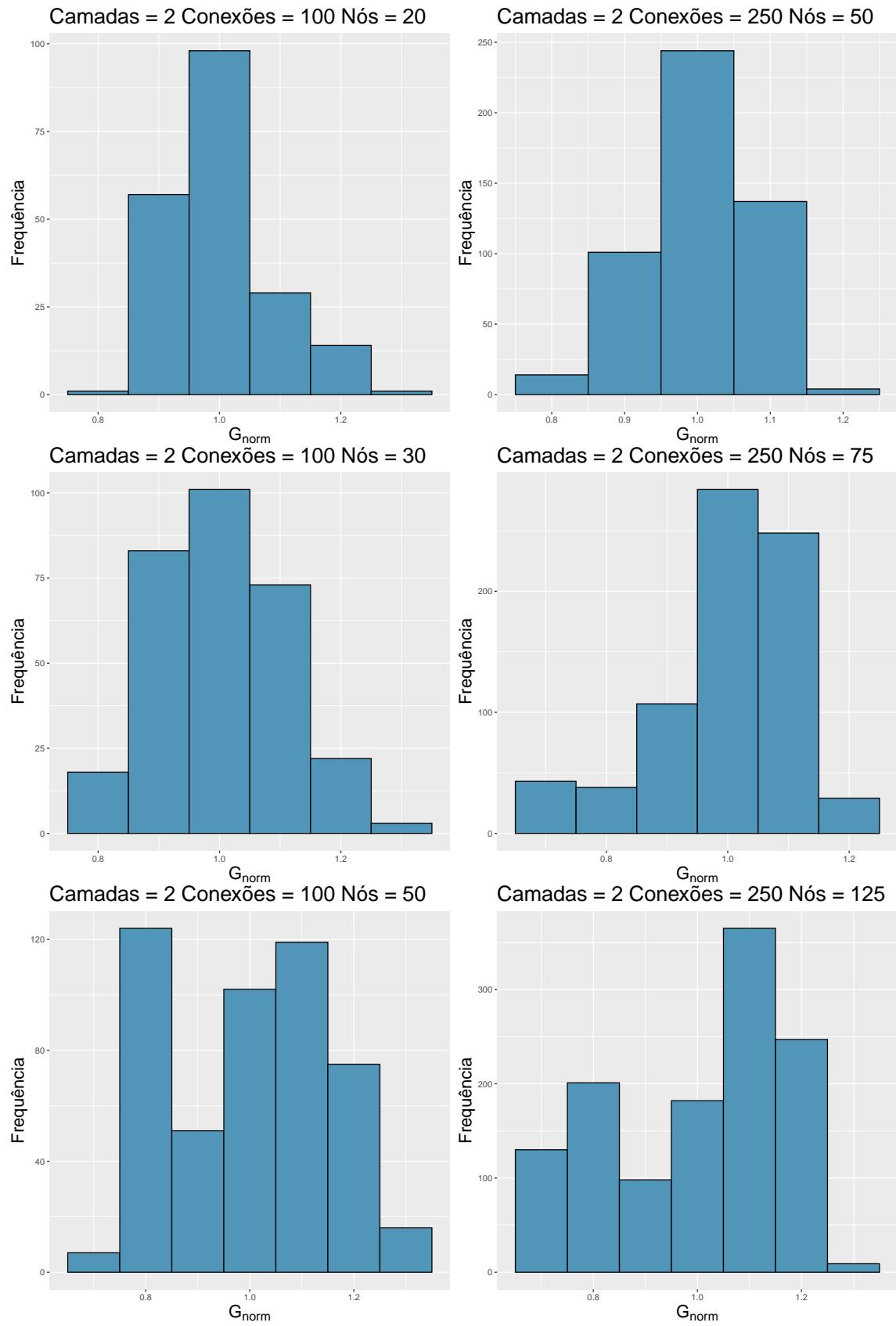


Figura 19: Distribuição de G_{norm} para o grupo de redes de duas camadas.

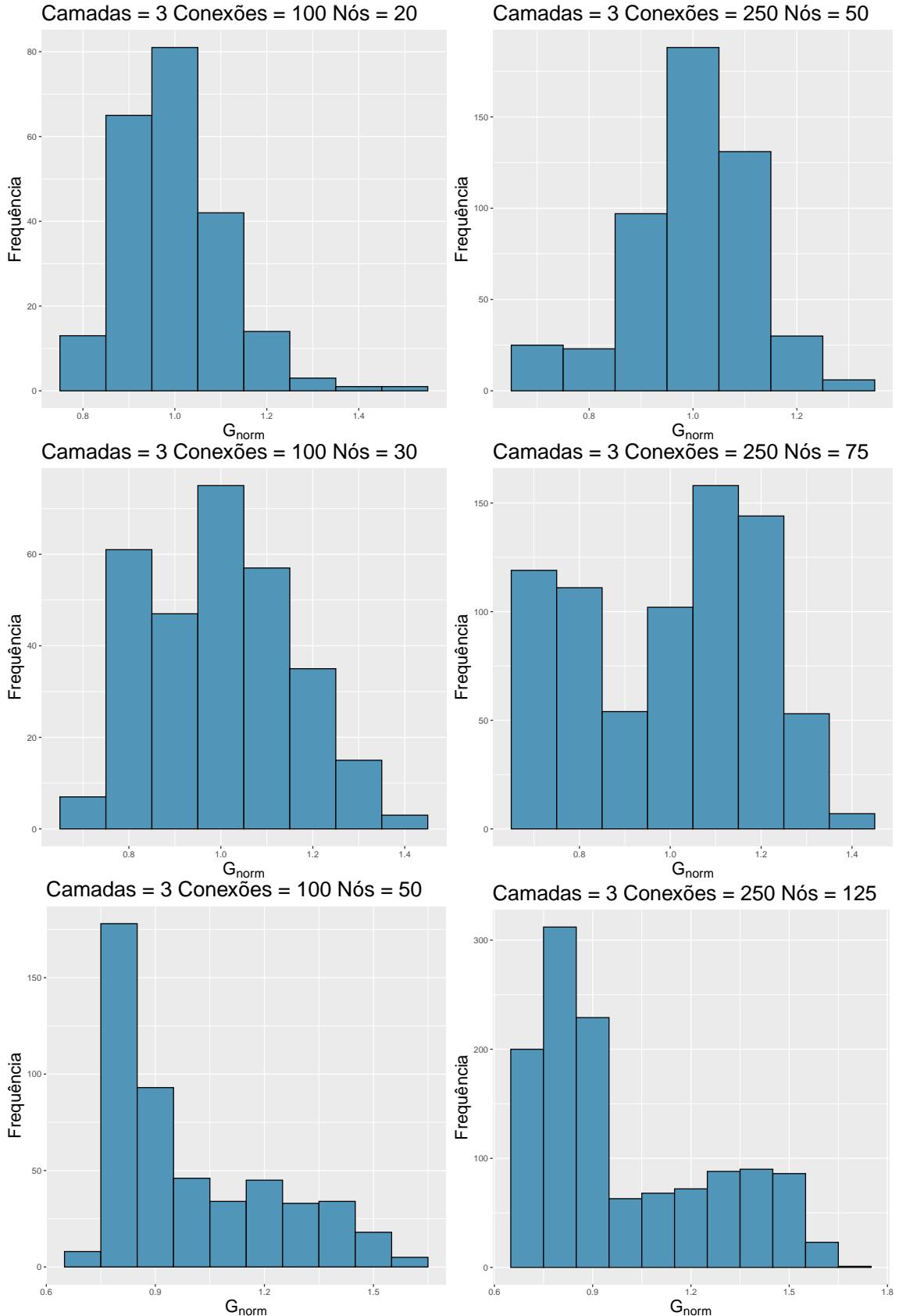


Figura 20: Distribuição de G_{norm} para o grupo de redes de três camadas.

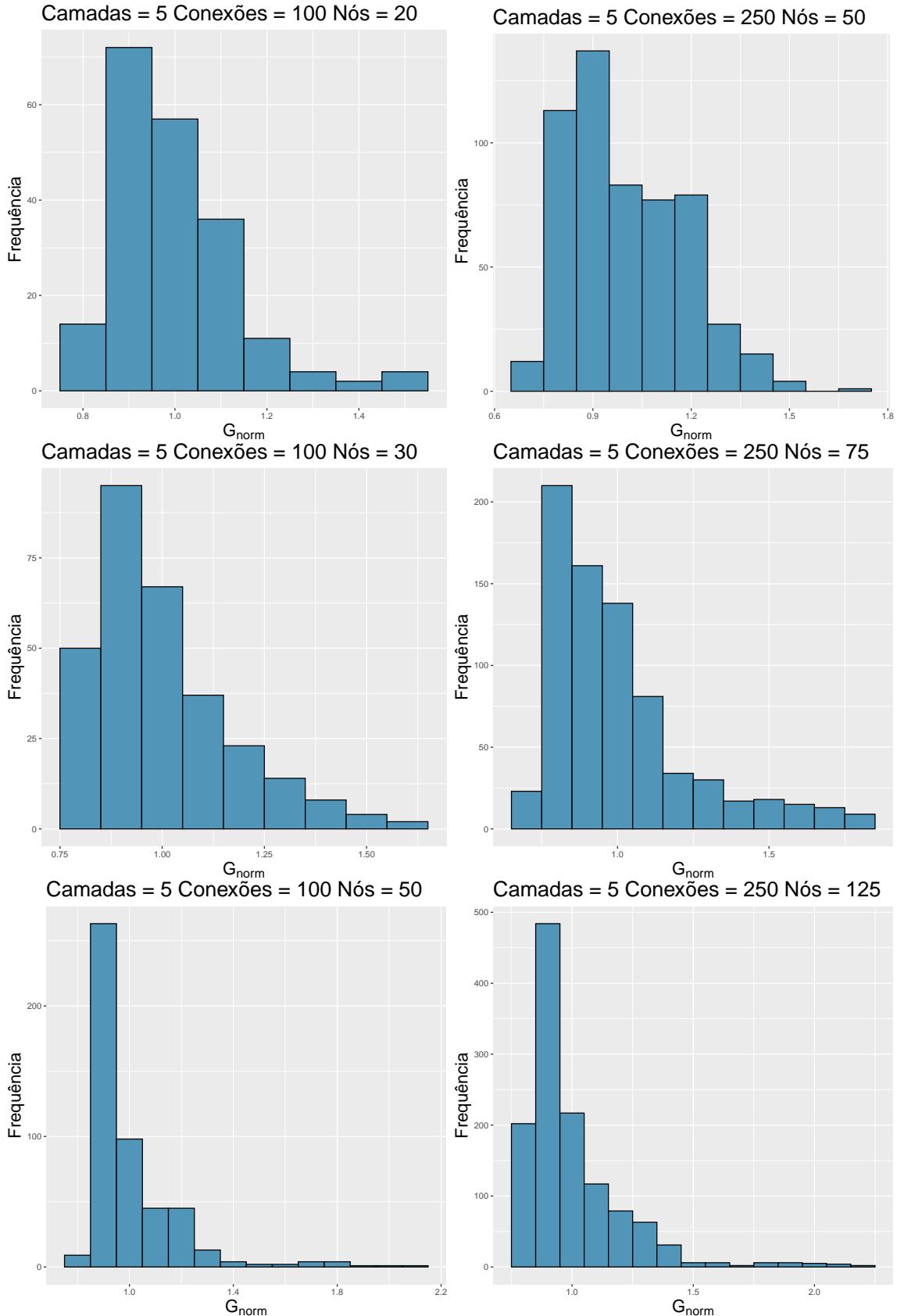


Figura 21: Distribuição de G_{norm} para o grupo de redes de cinco camadas.

12 Comparação entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede agregada

Os nós que possuem maiores valores de G_{norm} parecem ser os mais importantes dentro da rede. Isso porque, o fato de permanecerem em diferentes módulos em diferentes camadas, mesmo após o aumento do acoplamento, indica que eles se relacionam de maneira mais equilibrada com diferentes camadas. Assim, pode-se dizer que eles têm alto potencial como conectores entre diferentes módulos em diferentes camadas.

Esses nós mais importantes podem ser considerados como centrais, podendo ser conectores ou hubs (Rodrigues, 2018). Se compararmos os nós mais centrais de uma rede, identificados por outras métricas, com os nós que apresentaram maiores valores de G_{norm} , podemos examinar a relação entre diferentes métricas de centralidade.

Existem vários tipos de centralidade, calculadas usando-se diferentes parâmetros como base. Neste trabalho vamos comparar quatro dessas centralidades com os nós que possuem alto G_{norm} . São elas: *Closeness* (Sabidussi, 1966), *Betweeness* (Freeman, 1977), *Eigen Vector* (Bonacich, 1972) e *Degree*. Estas centralidades são calculadas para a rede multicamada agregada.

Duas formas de comparação foram usadas. Uma se trata apenas de uma comparação binária, levando em conta apenas o número de nós em comum no topo dos rankings de G_{norm} e das quatro outras centralidades. Outra leva em conta a distância entre os rankings dos nós mais centrais para cada métrica.

A similaridade binária é bastante trivial e seu índice pode ser calculado da seguinte forma:

$$Sim_{bin} = \frac{\sum_j^N \sum_i^N \delta(c_j, g_i)}{N} \quad (8)$$

Onde $\delta(c_j, g_i)$ é o delta de Kronecker; N é o ranking de corte escolhido (e.g $N = 5$ no caso de escolhermos avaliar os cinco nós melhores ranqueados de cada métrica); c_j e g_i são os vetores ordenadas por ranking dos nós mais centrais e com maiores valores de G_{norm} respectivamente. Os valores da similaridade variam entre 0 (nenhum nó em comum) e 1 (todos os nós em comum).

Além da comparação binária, podemos avaliar a similaridade levando em conta ranking do nó dentro do conjunto de corte escolhido. Para isso, adicionamos um fator de peso que é

proporcional ao inverso da distância entre nós dentro da equação 8.

$$Sim_{dist} = \frac{\sum_j^N \sum_i^N \frac{1}{1+|i-j|} \delta(c_j, g_i)}{N} \quad (9)$$

Onde o valor absoluto de $i - j$ é equivalente a distância entre os rankings dos nós g_i e c_j . Os valores de Sim_{dist} variam entre 0 e 1, onde 0 corresponde a nenhum nó em comum entre os métodos e 1 corresponde a todos os nós em comum e com o mesmo ranking.

Para comparar G_{norm} com as centralidades de forma mais ampla, vamos analisar também os correlogramas entre G_{norm} e das centralidades utilizando os métodos de Pearson e de Spearman.

12.1 Comparação entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede Morcegos-Plantas

Comparando as 10 espécies de morcego mais bem ranqueadas pelas centralidades *Closeness*, *Betweeness*, *Eigen Vector* e *Degree* com as 10 mais bem ranqueadas segundo por G_{norm} , vemos que existem 7 espécies que também estão presentes em ao menos uma das quatro outras centralidades avaliadas.

Três espécies que estão entre as 10 mais bem ranqueadas pelos valores de G_{norm} não estão presentes em nenhuma das centralidades avaliadas. A tabela 9 mostra as 10 espécies melhores ranqueadas pelas centralidades e pelos valores G_{norm} , destacando as espécies em comum (negrito) e únicas do G_{norm} (itálico).

A similaridade binária entre os 10 morcegos melhores ranqueados pelos valores de G_{norm} e os 10 morcegos melhores ranqueados pelas centralidades avaliadas ficou entre 40% e 70%, ficando menos similar à centralidade *Betweeness* e mais similar a centralidade *Eigen Vector* (tabela 10).

Levando em conta a distância entre os rankings para calcular a similaridade tivemos menor similaridade entre G_{norm} e a centralidade *Betweeness*, e uma maior similaridade às centralidades *Eigen Vector* e *Degree*, mas a similaridade nesse caso caiu bastante, mostrando que o ranqueamento entre G_{norm} e as outras similaridades é diferente quando avaliamos os nós mais bem colocados (tabela 11).

Usando os correlogramas de Spearman e Pearson apenas para os morcegos (figuras 22 e 23) e para a totalidade da rede (figuras 24 e 25), vemos que quando avaliamos apenas os morcegos, a correlação entre as centralidades e G_{norm} é média (entre 0.58 e 0.71) e

Tabela 9: Nós ordenados de forma decrescente de acordo com seus valores de centralidade e G_{norm} para os morcegos da rede de Morcegos-plantas. Em negrito as espécies que alto valor de G_{norm} e que também foram selecionadas por pelo menos uma métrica de centralidade. Em itálico as espécies que possuem alto valor de G_{norm} mas não foram selecionadas em nenhuma outra centralidade.

Closeness										
Artjam	Carper	Artlit	Glosor	Stulil	Phyhas	Phydis	Lepcur	Glocom	Carcas	
0.00082	0.00079	0.00076	0.00071	0.00070	0.00067	0.00066	0.00065	0.00064	0.00064	
Betweenness										
Artjam	Carper	Artlit	Glosor	Stulil	Lepcur	Anocau	Stulud	Monred	Phyhas	
0.30347	0.26423	0.15230	0.14406	0.13341	0.08033	0.06970	0.05518	0.04970	0.04302	
Eigen Vector										
Artjam	Carper	Artlit	Stulil	Glosor	Carcas	Phyhas	Urobil	Artpha	Carbre	
1.00000	0.86257	0.80165	0.39613	0.31185	0.27444	0.25856	0.25543	0.22331	0.19272	
Degree										
Artjam	Carper	Artlit	Stulil	Glosor	Carcas	Lepcur	Phyhas	Anocau	Carbre	
149	138	112	72	65	44	43	40	30	29	
Gnorm										
Artjam	Artlit	Urobil	Stulil	Carcas	Carbre	Artcon	Vamnym	Carper	Plahel	
1.54825	1.50918	1.48774	1.46916	1.40143	1.39168	1.39080	1.36506	1.36363	1.35870	

Tabela 10: Similaridade binária entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para os morcegos da rede de Morcegos-Plantas.

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.5	0.4	0.7	0.6

Tabela 11: Similaridade ponderada pela distância dos rankings entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para os morcegos da rede de Morcegos-Plantas.

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.229	0.212	0.349	0.332

homogênea entre as centralidades, ficando um pouco mais alta para o *eigen vector* (0.71) no caso do método de Pearson (figura 22). Já quando avaliamos a rede como um todo (plantas e morcegos), temos uma queda na correlação, especialmente quando utilizamos o método de Spearman, onde as correlações entre G_{norm} e *closeness* e G_{norm} e *eigen vector* caem para 0.23.

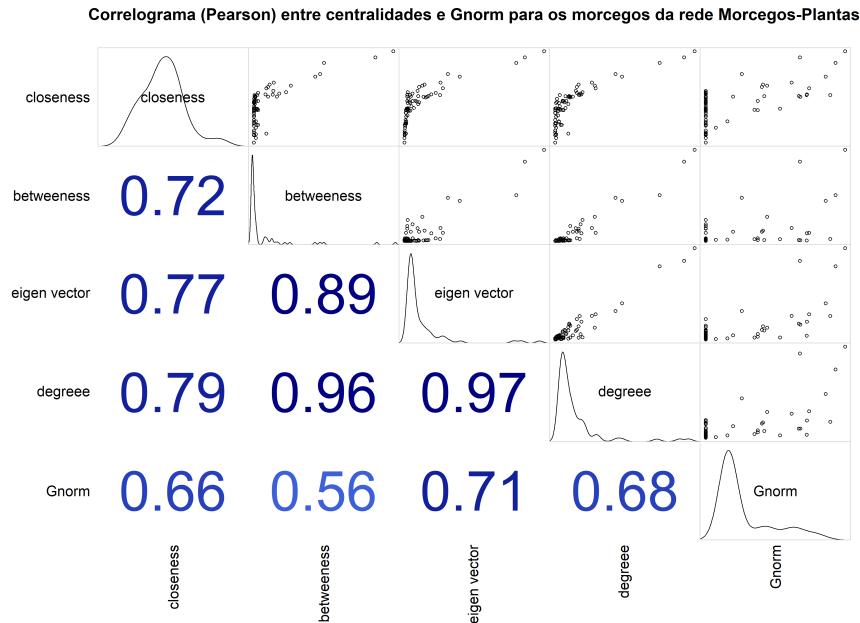


Figura 22: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Pearson para os morcegos da rede Morcegos-Plantas

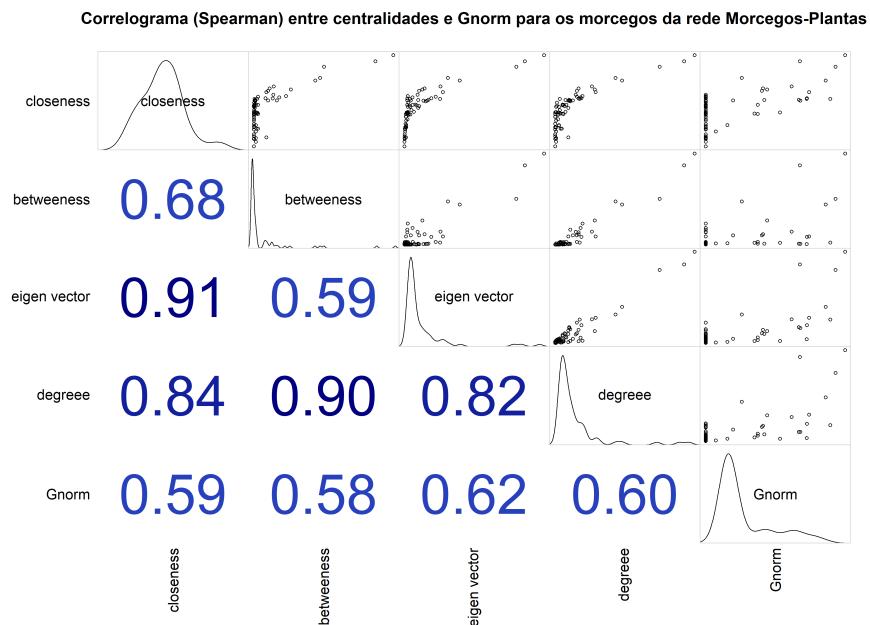


Figura 23: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Spearman para os morcegos da rede Morcegos-Plantas

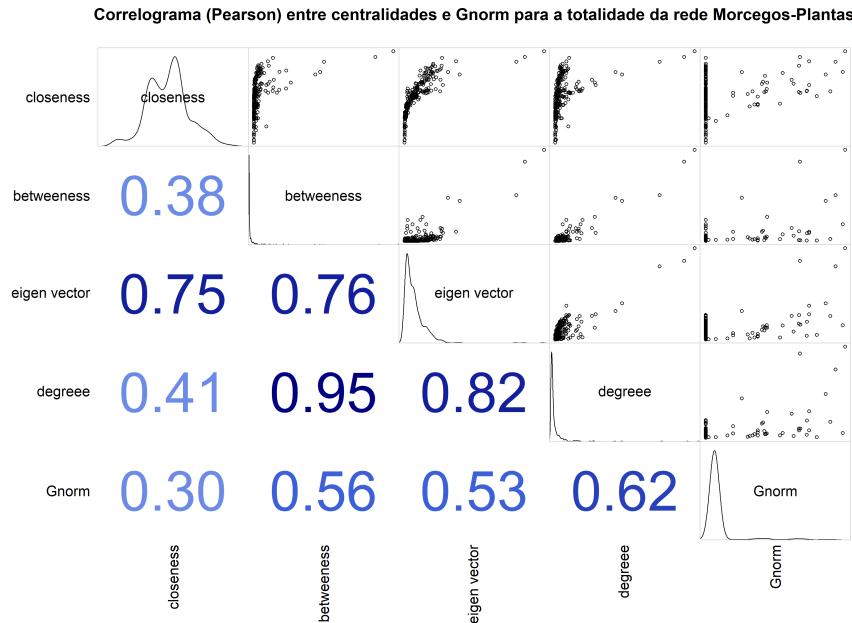


Figura 24: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Pearson para a totalidade da rede Morcegos-Plantas

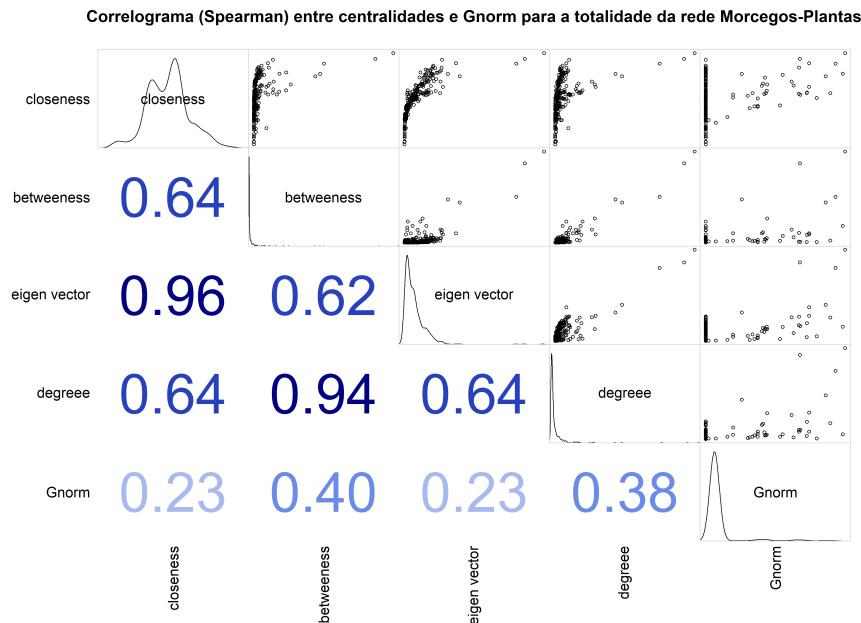


Figura 25: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Spearman para a totalidade da rede Morcegos-Plantas

12.2 Comparação G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede Formigas-Plantas

Comparando as 10 espécies de formigas mais bem ranqueadas pelas centralidades *Closeness*, *Betweeness*, *Eigen Vector* e *Degree* com as 10 mais bem ranqueadas por G_{norm} vemos que existem 8 espécies que também estão presentes em ao menos uma das centralidades avaliadas.

Duas espécies que estão entre as 10 melhores ranqueadas pelos valores de G_{norm} não estão presentes em nenhuma das centralidades avaliadas. A tabela 12 mostra as 10 espécies melhores ranqueadas pelas centralidades e pelos valores G_{norm} , destacando as espécies em comum (negrito) e únicas do G_{norm} (itálico).

Tabela 12: Nós ordenados de forma decrescente de acordo com seus valores de centralidade e G_{norm} para a rede de Formigas-plantas. Em negrito as espécies que alto valor de G_{norm} e que também foram selecionadas por pelo menos uma métrica de centralidade. Em itálico as espécies que possuem alto valor de G_{norm} mas não foram selecionadas em nenhuma outra centralidade.

Closeness										
Cepus	Camruf	Bracor	Camcra	Brapic	Psepal	Camtra	Camwes	Linmic	Camley	
0.00520	0.00446	0.00423	0.00409	0.00390	0.00387	0.00378	0.00347	0.00344	0.00340	
Betweeness										
Cepus	Bracor	Camcra	Brapic	Camruf	Psepal	Camtra	Cambla	Camley	Ecttub	
0.53495	0.12861	0.12211	0.08311	0.07750	0.04944	0.03318	0.01987	0.01921	0.01908	
Eigen Vector										
Cepus	Bracor	Camruf	Camcra	Brapic	Psepal	Camtra	Camwes	Phetri	Camley	
1.00000	0.31935	0.22994	0.22196	0.14228	0.12515	0.12494	0.10575	0.05029	0.04375	
Degree										
Cepus	Bracor	Camruf	Camcra	Brapic	Psepal	Camtra	Camwes	Phetri	Camley	
294	94	81	80	45	41	38	23	15	12	
G_{norm}										
Camcra	Brapic	Cepus	Camley	<i>Dorgoe</i>	<i>Brasp1</i>	Phetri	Bracor	Linmic	Psepal	
1.35486	1.34081	1.22185	1.20006	1.19244	1.15256	1.13723	1.13674	1.09468	1.08898	

A similaridade binária entre as 10 melhores formigas ranqueadas pelos valores de G_{norm} e as 10 melhores ranqueadas pelas centralidades avaliadas ficaram muito próximas para todas as centralidades estudadas, entre 60% e 70% (tabela 10).

Levando em conta a distância entre os rankings para calcular a similaridade, podemos ver que houve uma diminuição dos valores e uma maior diferenciação das similaridades entre G_{norm} e as centralidades, o que mostra que G_{norm} ranqueia os nós de forma diferente das

outras centralidades para essa rede (tabela 11).

Tabela 13: Similaridade binária entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede de Formigas-Plantas.

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.7	0.6	0.7	0.7

Tabela 14: Similaridade ponderada pela distância dos rankings entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para a rede de Formigas-Plantas.

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.220	0.175	0.153	0.225

Usando os correlogramas de Spearman e Pearson apenas para as formigas (figuras 26 e 27) e para a totalidade da rede (figuras 28 e 29), vemos que quando avaliamos apenas as formigas, a correlação entre as centralidades e G_{norm} é média (entre 0.48 e 0.66) quando usamos o método de Pearson, ficando um pouco mais alta e homogênea (entre 0.78 e 0.82) para o método de Spearman. Já quando avaliamos a rede como um todo (plantas e formigas), temos uma queda na correlação, ficando entre 0.43 e 0.48 no método de Pearson e entre 0.49 e 0.66 quando utilizamos o método de Spearman.

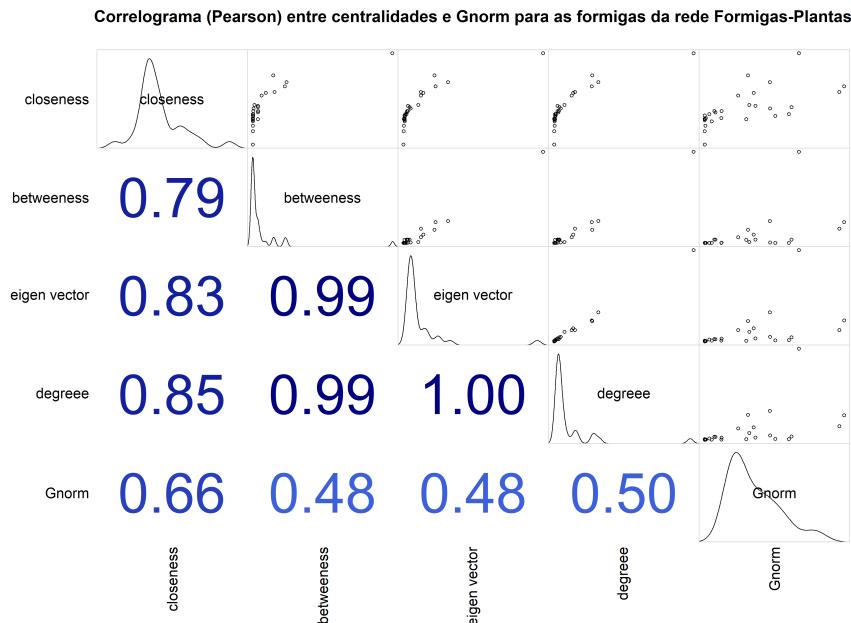


Figura 26: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Pearson para as formigas da rede Formigas-Plantas

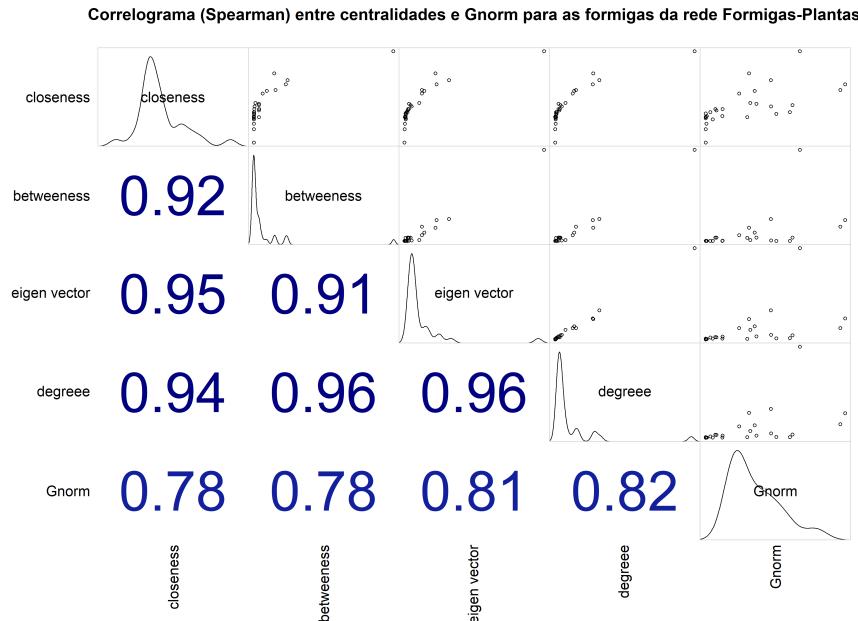


Figura 27: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Spearman para as formigas da rede Formigas-Plantas

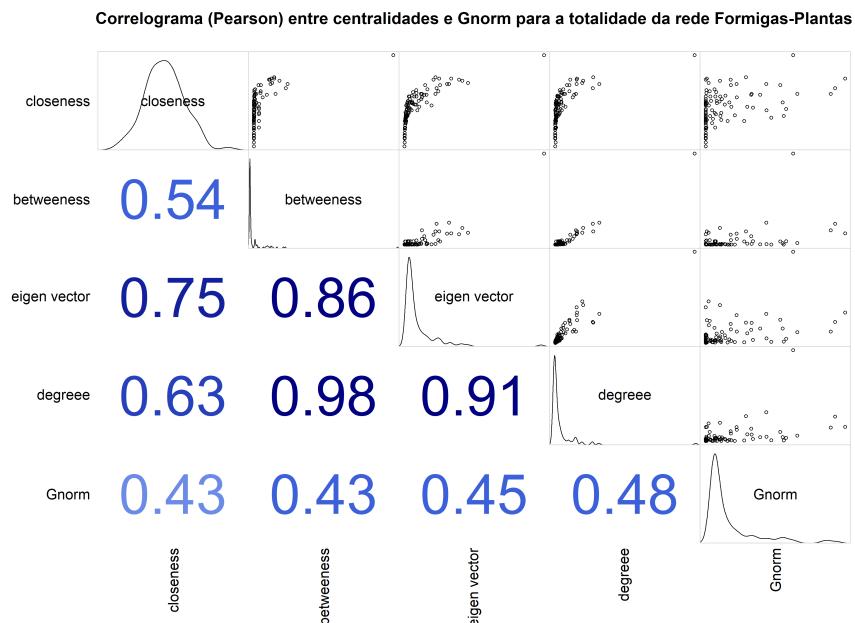


Figura 28: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Pearson para a totalidade da rede Formigas-Plantas

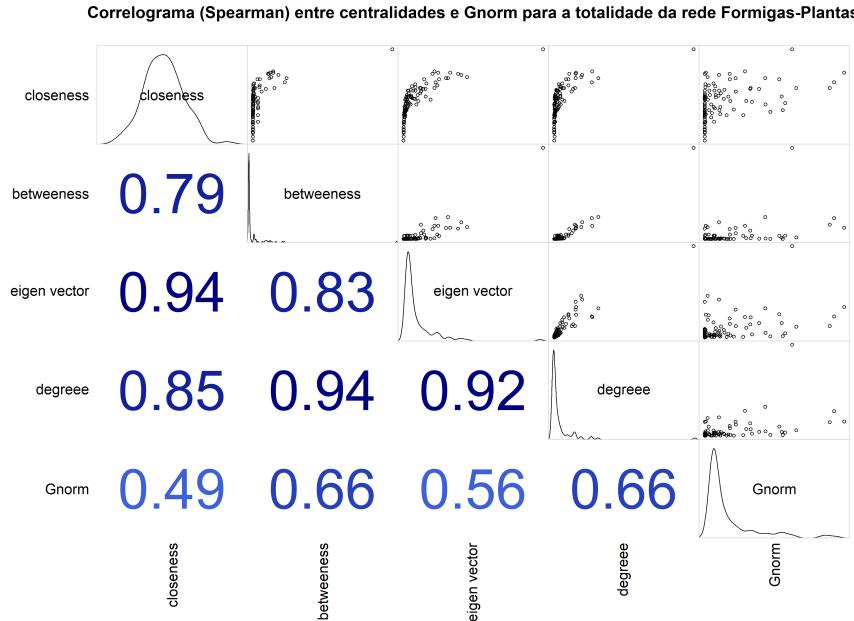


Figura 29: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Spearman para a totalidade da rede Formigas-Plantas

12.3 Comparação entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para as redes aleatórias

As tabelas 15 e 16 mostram a comparação de similaridade binária e de distância entre os nós centrais e com alto G_{norm} para todo o grupo de redes aleatórias estudadas (tabela 8), considerando os 10 nós mais bem ranqueados. As figuras 30 e 30 mostram os correlogramas utilizando o método de Pearson e Spearman para as redes aleatórias.

Vemos que mesmo as redes sendo aleatórias, ainda existe uma certa similiaridade e correlação entre nós com alto G_{norm} e as centralidades, apesar de haver variação. As similaridades e correlações não ficaram na mesma ordem que as avaliadas nas redes de Morcegos-Plantas e Formigas-Plantas, diminuindo de valor.

Tabela 15: Similaridade binária entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para as redes aleatórias.

	Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
Média	0.327	0.327	0.290	0.309
sd	0.203	0.209	0.208	0.207

Tabela 16: Similaridade ponderada pela distância dos rankings entre G_{norm} e outras métricas de centralidade para as redes aleatórias.

	Closeness	Betweeness	Eigen Vector	Degree
Média	0.109	0.110	0.104	0.108
sd	0.082	0.086	0.088	0.083

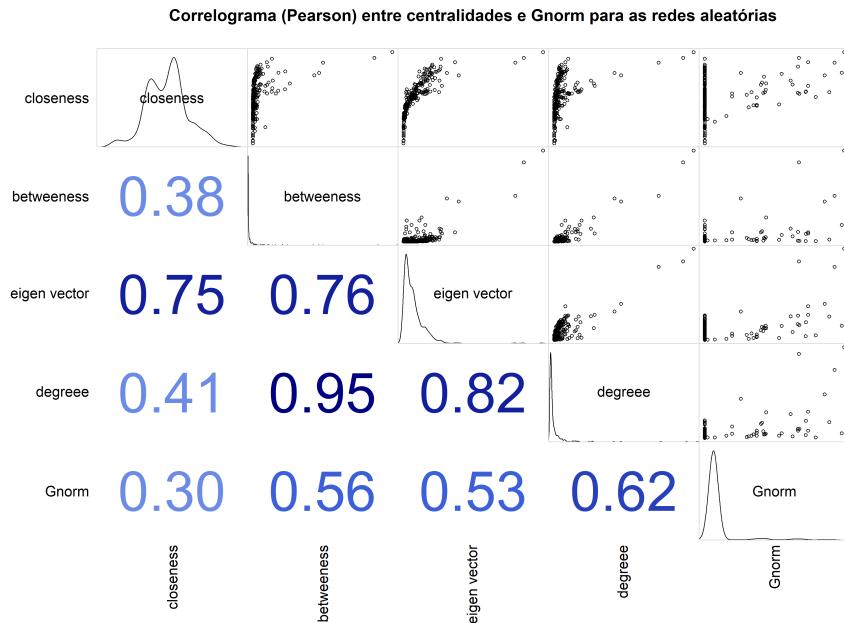


Figura 30: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Pearson para a totalidade da rede Formigas-Plantas

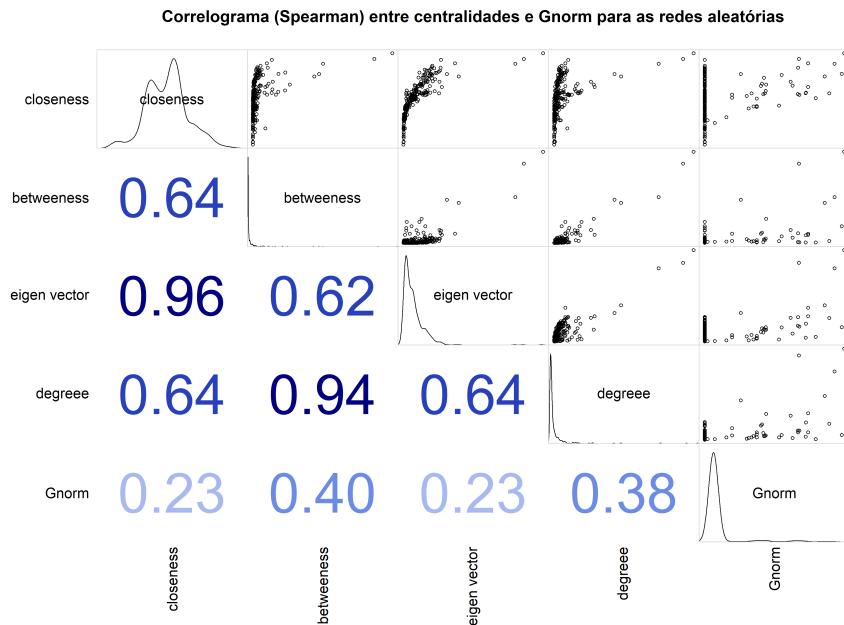


Figura 31: Correlograma comparando as centralidades com G_{norm} utilizando o método de Spearman para a totalidade da rede Formigas-Plantas

13 Discussão

Os parâmetros ω e γ para calcular a modularidade usando o método Louvain em redes multiplex abre novas possibilidades para o estudo de redes de interações. Isso porque, ao variarmos esses parâmetros, podemos identificar módulos diferentes, que variam de acordo com o quanto queremos que as camadas estejam acopladas e qual a resolução dos módulos queremos enfocar. Usando essas novas variáveis, podemos também identificar alguns nós especiais que permanecem em módulos diferentes em camadas diferentes, resistindo ao alto acoplamento entre as camadas. Neste estudo, criamos uma nova métrica que operacionaliza essa resistência: G_{norm} .

Nas duas redes reais estudadas, a distribuição dos valores de G_{norm} ficou de acordo com o usual para métricas de centralidade. Isto é, poucas espécies ficaram acima da média da rede e a maioria ficou próxima ou abaixo da média. Isso demonstra que são poucas as espécies que atingem alta centralidade G_{norm} . Além disso, o ranking das espécies com maior G_{norm} difere dos rankings observados para outras métricas de centralidade muito usadas na literatura.

Além dessa diferença entre rankings, G_{norm} apresentou outro comportamento peculiar. A distribuição de G_{norm} para redes aleatórias não apresentou a mesma forma observada para as redes Morcego-Planta e Formiga-Planta, especialmente no caso das redes com duas camadas. Já as redes aleatórias com de três a cinco camadas apresentaram uma distribuição de G_{norm} mais parecida com a observada entre as redes ecológicas. Isso pode ser atribuído ao fato de que, quanto mais camadas uma rede possuir, maior é o valor máximo possível de G_{norm} , mas os valores baixos não mudam muito, fazendo com que a cauda fique mais alongada para o lado direito.

Outra diferença digna de nota é entre os parâmetros usados para analisar a modularidade multicamada e calcular G_{norm} . A variação da resolução γ não parece influenciar G de forma tão intensa quanto a variação no acoplamento ω , mas ela também mostrou ter um efeito sobre essa nova métrica. Portanto, é robusto selecionar nós com alto G_{norm} como candidatos a hubs e conectores, considerando também a variação em γ . Assim, diminuimos a probabilidade de estarmos observando uma exceção dentro de um grande universo de parâmetros de resolução, além de identificar as espécies importantes de uma forma mais generalizada.

Nos casos em que porventura existir uma variação significativa de G_{norm} em relação a γ , podemos concluir que as espécies com alto G_{norm} podem ter sua importância aumentada ou diminuída, caso estejamos interessados em grupos maiores ou menores. Isto pode ocorrer, já que a importância do nó operacionalizada por G_{norm} se baseia na distribuição dos módulos.

Nesse caso, um especialista na área temática da rede estudada poderia interpretar qual a resolução deveria ser utilizada, com base nas propriedades do sistema.

Outro ponto em que o olhar de um especialista pode enxergar grande valor na métrica G_{norm} é o ranking de centralidade dos nós. Quando avaliamos as 10 espécies mais bem ranqueadas das redes ecológicas reais, vimos que as espécies com altos valores de G_{norm} possuem alguma sobreposição com as espécies tidas como centrais por outras métricas nas redes Formiga-Planta (60% - 70% dependendo da métrica) e Morcego-Planta (40% - 70% dependendo da métrica). Isso é interessante, já que o ranqueamento das espécies foi feito levando-se em conta a resistência de cada uma delas ao parâmetro de acoplamento entre camadas ω . Esse é um critério muito diferente dos adotados pelas outras métricas de centralidade avaliados. As correlações de Spearman e Pearson também retornaram valores positivos, porém não muito altos, reforçando que as outras métricas e G_{norm} se sobrepõe de diferentes formas, mas contam histórias diferentes. Já para as redes aleatórias, a correlação entre os rankings obtidos com G_{norm} e com as outras métricas de centralidade monocamada foi menor e variou ainda mais, como esperado.

Algo ainda mais interessante que a similaridade entre as espécies entre os rankings de centralidade, são as diferenças finas em termos de quais nós figuram nesses rankings. As espécies mais bem ranqueadas apenas pelos valores de G_{norm} e que não foram bem ranqueadas pelas outras centralidades estudadas talvez possuam uma importância diferenciada dentro da rede multicamada. Essa importância escapa à identificação por métricas monocamada, o que reforça o valor de estudarmos redes multicamadas usando análises que respeitem sua estrutura original, sem agregar as interações de diferentes tipos.

Por exemplo, no caso das interações entre morcegos e plantas, já foi apontado, com base em análises de redes monocamada (Marco Aurelio Ribeiro Mello et al., 2014) e também de redes multicamada (Marco A. R. Mello et al., 2019), que espécies de morcegos como *Artibeus jamaicensis* (Artjam) e *Anoura caudifer* (Anocau) seriam hubs ou conectores. Trata-se de morcegos que focam mais em frutos ou flores, respectivamente, mas que são capaz de consumir ambos os recursos. Por isso, além de atingirem altos valores de centralidade monocamada, elas também atingem altos valores de centralidade multicamada. Contudo, no presente estudo, vimos que, levando-se em conta o acoplamento e a resolução da estrutura modular da rede multicamada, outras espécies, como *Artibeus concolor* (Artcon) e *Platyrrhinus helleri* (Plahel) podem ser ainda mais importantes como pontes entre mundos diferentes, devido à sua alta resistência à variação no parâmetro de acoplamento, traduzida como permanência nos módulos. O mesmo ocorre com formigas como *Dorymyrmex goeldii* (Dorgoe) e *Brachymyrmex* sp1 (Brasp1), que são identificadas como muito centrais apenas pela nova

métrica. Estudar essas espécies bem ranqueadas apenas por G_{norm} pode levar a novos insights sobre como o papel funcional de mutualistas e antagonistas é determinado por sua ecologia e evolução.

Essas peculiaridades nos levam a sugerir também que a nova métrica de centralidade G_{norm} poderia ser usada para identificar espécies-chave em redes de interações ecológicas. Espécies identificadas por essa métrica, mesmo que identificadas também por outras métricas multicamada, são muito importantes para a transferência de informação por vias diretas e indiretas em sistemas ecológicos. Essas vias unem diferentes grupos de plantas, de diferentes famílias e que produzem diferentes tipos de recursos essenciais para manter populações de animais.

14 Referências

- Bianconi, G. (2018). *Multilayer networks: Structure and function*. Oxford University Press.
- Blondel, V. D., Guillaume, J.-L., Lambiotte, R., & Lefebvre, E. (2008). Fast unfolding of communities in large networks. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment*, 2008(10), P10008. <https://doi.org/10.1088/1742-5468/2008/10/p10008>
- Bonacich, P. (1972). Factoring and weighting approaches to status scores and clique identification. *The Journal of Mathematical Sociology*, 2(1), 113–120. <https://doi.org/10.1080/0022250x.1972.9989806>
- Brandes, U., Delling, D., Gaertler, M., Gorke, R., Hoefer, M., Nikoloski, Z., & Wagner, D. (2008). On modularity clustering. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 20(2), 172–188. <https://doi.org/10.1109/tkde.2007.190689>
- Costa, F. V., Mello, M. A. R., Bronstein, J. L., Guerra, T. J., Muylaert, R. L., Leite, A. C., & Neves, F. S. (2016). Few ant species play a central role linking different plant resources in a network in rupestrian grasslands. *PLOS ONE*, 11(12), e0167161. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0167161>
- Dormann, C. F., Fründ, J., & Schaefer, H. M. (2017). Identifying Causes of Patterns in Ecological Networks: Opportunities and Limitations. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 48(1), 559–584. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022928>
- Fortunato, S., & Hric, D. (2016). Community detection in networks: A user guide. *Physics Reports*, 659, 1–44. <https://doi.org/10.1016/j.physrep.2016.09.002>
- Freeman, L. C. (1977). A set of measures of centrality based on betweenness. *Sociometry*, 40(1), 35. <https://doi.org/10.2307/3033543>
- García-Callejas, D., Molowny-Horas, R., & Araújo, M. B. (2017). Multiple interactions networks: towards more realistic descriptions of the web of life. *Oikos*, 127(1), 5–22. <https://doi.org/10.1111/oik.04428>
- Good, B. H., Montjoye, Y.-A. de, & Clauset, A. (2010). Performance of modularity maximization in practical contexts. *Physical Review E*, 81(4). <https://doi.org/10.1103/physreve.81.046106>
- Guimarães, P. R., Pires, M. M., Jordano, P., Bascompte, J., & Thompson, J. N. (2017). Indirect effects drive coevolution in mutualistic networks. *Nature*, 550(7677), 511–514.

<https://doi.org/10.1038/nature24273>

Ings, T. C., & Hawes, J. E. (2018). The history of ecological networks. In *Ecological networks in the tropics* (pp. 15–28). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-68228-0_2

Kent, D. V. (1978). *The rise of the medici : Faction in florence 1426-1434*. Oxford university press. <http://lib.ugent.be/catalog/rug01:000703415>

Mello, Marco A. R., Felix, G. M., Pinheiro, R. B. P., Muylaert, R. L., Geiselman, C., Santana, S. E., Tschapka, M., Lotfi, N., Rodrigues, F. A., & Stevens, R. D. (2019). Insights into the assembly rules of a continent-wide multilayer network. *Nature Ecology & Evolution*, 3(11), 1525–1532. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-1002-3>

Mello, Marco Aurelio Ribeiro, Rodrigues, F. A., Costa, L. da F., Kissling, W. D., Şekercioğlu, Ç. H., Marquitti, F. M. D., & Kalko, E. K. V. (2014). Keystone species in seed dispersal networks are mainly determined by dietary specialization. *Oikos*, 124(8), 1031–1039. <https://doi.org/10.1111/oik.01613>

Meunier, D. (2009). Hierarchical modularity in human brain functional networks. *Frontiers in Neuroinformatics*, 3. <https://doi.org/10.3389/neuro.11.037.2009>

Mucha, P. J., Richardson, T., Macon, K., Porter, M. A., & Onnela, J.-P. (2010). Community structure in time-dependent, multiscale, and multiplex networks. *Science*, 328(5980), 876–878. <https://doi.org/10.1126/science.1184819>

Newman, M. E. J. (2004). Analysis of weighted networks. *Physical Review E*, 70(5). <https://doi.org/10.1103/physreve.70.056131>

Newman, M. E. J., & Girvan, M. (2004). Finding and evaluating community structure in networks. *Physical Review E*, 69(2). <https://doi.org/10.1103/physreve.69.026113>

Pilosof, S., Porter, M. A., Pascual, M., & Kéfi, S. (2017). The multilayer nature of ecological networks. *Nature Ecology & Evolution*, 1(4). <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0101>

Reichardt, J., & Bornholdt, S. (2006). Statistical mechanics of community detection. *Physical Review E*, 74(1). <https://doi.org/10.1103/physreve.74.016110>

Rico-Gray, V., & Oliveira, P. S. (2007). *The ecology and evolution of ant-plant interactions*. <https://doi.org/10.7208/chicago/9780226713540.001.0001>

Rodrigues, F. A. (2018). Network centrality: An introduction. In *A mathematical modeling approach from nonlinear dynamics to complex systems* (pp. 177–196). Springer

International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-78512-7_10

Rossoni, D. M., Assis, A. P. A., Giannini, N. P., & Marroig, G. (2017). Intense natural selection preceded the invasion of new adaptive zones during the radiation of New World leaf-nosed bats. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-08989-6>

Sabidussi, G. (1966). The centrality index of a graph. *Psychometrika*, 31(4), 581–603. <https://doi.org/10.1007/bf02289527>

Zhang, L., Liu, X., Janssens, F., Liang, L., & Glänzel, W. (2010). Subject clustering analysis based on ISI category classification. *Journal of Informetrics*, 4(2), 185–193. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2009.11.005>