

Relatório de atividades do trabalho de formatura - Julho

Henrique S Requejo

24/07/2020

Conteúdo

1	Resumo	1
2	O que é o R Markdown e como foi meu workflow para gerar esse documento	2
2.1	Sobre o R Markdown e onde começar	2
2.2	Workflow	2
3	Relembrando sobre a modularidade multicamada e entendendo a variável G	4
3.1	Modularidade multicamada	4
3.2	Variável G	5
3.3	Variável G_{norm}	7
4	Visão geral da rede Morcegos-plantas	7
5	Resultados da rede Morcegos-plantas	8
5.1	Distribuição de G_{norm}	8
5.2	Variação de \bar{G} por ω	9
5.3	Seleção das espécies com maior G_{norm}	13
6	Visão geral da rede Formigas-planta	14
7	Resultados da rede Formigas-planta	15
7.1	Distribuição de G_{norm}	15
7.2	Variação de \bar{G} por ω	16
7.3	Seleção das espécies com maior G_{norm}	20
8	Discussão	21
9	Próximas etapas	21
9.1	Agosto	21
9.2	Setembro	21

1 Resumo

Os principais objetivos deste mês eram entender como o R Markdown funciona, avaliar a rede de formigas-plantas, entender como o parâmetro de resolução γ da modularidade multicamada afeta as curvas de decaimento de \bar{G} por ω e tentar visualizar o motivo de os valores de G estarem aumentando com ω para alguns nós. O último objetivo não foi cumprido ainda, pois foquei em aprender R Markdown, o que foi muito bom, pois esta é uma ferramenta que gostei muito e acredito que irei escrever meu TF inteiro nela. Este documento foi todo feito no R Markdown usando as redes morcego-planta e a rede de formigas-plantas. Acredito que este documento e seus códigos possam servir como exemplo e ajudar outras pessoas a entender o funcionamento do R Markdown e como gerar um relatório automatizado das suas análises em PDF, pois aqui estão contidos formulas matemáticas no estilo Latex, figuras simples, figuras múltiplas, tabelas e citações. As curvas de decaimento de \bar{G} por ω foram extraídas para diferentes valores de γ , gerando agora uma família de curvas para cada espécie da rede. Isso faz com que a forma de calcular o valor de G_{norm} seja levemente alterada para considerar as variações de G_{norm} em relação a γ . Apesar de algumas variações, como esperado, a maioria das espécies que haviam sido selecionadas como boas conectoras entre camadas (permanecem em mais de um módulo mesmo aumentando a força do acoplamento entre camadas) com γ constante também foram selecionadas quando variamos γ . Neste documento também estão algumas formas diferentes de visualizar as famílias de curvas geradas, pois não tenho certeza qual a melhor forma de apresentar a família de curvas.

2 O que é o R Markdown e como foi meu workflow para gerar esse documento

2.1 Sobre o R Markdown e onde começar

R Markdown é um formato de arquivo para gerar documentos dinâmicos com o R. Um documento R Markdown é escrito em Markdown e contém pedaços de códigos do R (Grolemund, 2014), ou seja, é um editor de texto em que você pode rodar pedaços de códigos R e usar suas saídas para produzir figuras, tabelas ou mesmo mostrar variáveis dentro do próprio texto, muito prático! O R Markdown suporta vários formatos estáticos de saída, como HTML, MS Word, ODT, PDF, entre outros. Para o caso de PDF, o R Markdown utiliza o motor Latex para gerar os documentos. Isso é muito bom, pois podemos utilizar quase todas (talvez todas?) as funcionalidades e praticidades da escrita em Latex. Utilizei sempre o R Studio para realizar as compilações. O [site oficial do R Markdown](https://rmarkdown.rstudio.com/)¹ e o livro R Markdown: The Definitive Guide (Xie et al., 2019), que é gratuito para [ler online](https://bookdown.org/yihui/rmarkdown/)² são muito bons para aprender e foram as fontes que mais consultei durante a elaboração deste relatório.

Um pequeno problema que tive foi que não consegui compilar o documento RMarkdown utilizando diretamente um diretório sincronizado na nuvem (google drive). Ocorre um problema quando o R Studio tenta acessar um arquivo que está sendo sincronizado, impedindo o documento de ser gerado. Tive que trabalhar em um diretório local.

2.2 Workflow

Fui aprendendo com tentativa e erro a melhor forma de gerar o documento. Primeiro, comecei como sugerido na maioria das minhas buscas, usando o código diretamente dentro do documento R Markdown. Isso funcionou perfeitamente, e a grande vantagem de utilizar essa arquitetura de código diretamente dentro do R Markdown é que o documento fica 100% reprodutível, basta fazer o “knit” (como é conhecida a compilação do documento R Markdown) do documento e os resultados vão ser idênticos em todas as compilações. A grande desvantagem disso é que se o código levar muito tempo para ser executado, o documento também levará muito tempo para ser gerado, pois teremos que rodar todo o código R novamente para gerar o documento. Isso é um problema quando o código demora para rodar e precisamos ver o resultado da edição do documento rapidamente (ex: verificar como ficou disposta uma figura ou se o código Latex que usamos está correto).

Para contornar esse problema, usei uma arquitetura para apenas acessar as variáveis globais da ses-

¹<https://rmarkdown.rstudio.com/>

²<https://bookdown.org/yihui/rmarkdown/>

são R. As variáveis globais usadas no documento são geradas pelo script fonte, dessa forma podemos separar a parte “pesada” do código, e depois acessá-las pelo documento R Markdown apenas para gerar gráficos, tabela e texto. A vantagem dessa arquitetura é que podemos rodar o código “pesado” apenas uma vez para obtermos os dados necessários para construção do documento, depois editar o documento com boa agilidade de compilação, já que “o grosso” do processamento já está feito. Encontrei duas desvantagens nessa arquitetura, a menor delas é que não podemos compilar o documento via o botão “knit”, apenas por linha de comando, o que na verdade as vezes é mais prático e, até mesmo, preferível. A segunda, e maior, desvantagem é que as variáveis globais são sobrescritas toda vez que rodamos o script fonte, isso impede que rodemos o script duas vezes para duas entradas diferentes. Por exemplo, no meu caso tenho um script que faz a análise e gera gráficos da curva de decaimento \bar{G} em relação a ω e γ para uma dada rede multicamada. Se precisar gerar um documento com a análise de duas ou mais redes, terei que rodar o código novamente toda vez que precisar editar o documento, já que as variáveis globais serão sobrescritas para a última rede de entrada utilizada.

Finalmente, mudei para uma arquitetura onde salvamos as variáveis em um arquivo tipo .RData e depois carregamos este arquivo no documento R Markdown. Esta foi a melhor arquitetura que utilizei neste documento, pois podemos rodar o R Markdown pelo botão “Knit” ou linha de comando, precisamos rodar as análises apenas uma vez para cada entrada, salvando os dados de saída em seus respectivos arquivos .RData e depois carregando os mesmos no documento R Markdown, e, principalmente, o documento é gerado rapidamente pois o carregamento do arquivo .RData é rápido, possibilitando uma edição mais ágil, o que faz muita diferença.

Portanto, o workflow utilizado para gerar esse documento no R Markdown foi:

1. Rodar o script R para gerar as análises necessárias para a primeira rede, no caso morcego-plantas.
2. Salvar as variáveis que pretendo usar no documento R Markdown em uma arquivo .RData (ex: bats-plants.RData). Também é possível salvar a imagem inteira da sessão se optar por praticidade.
3. Rodar novamente o script R para gerar as análises necessárias para a segunda rede, no caso formigas-plantas.
4. Salvar as variáveis que pretendo usar no documento R Markdown em uma arquivo .RData (ex: ants-plants.RData).
5. Proceder com a edição normal do documento R Markdown, lembrando de adicionar uma linha de comando para carregar o arquivo .RData (ex: `load("bats.RData")`) antes das respectivas sessões em que os dados serão usados.

Para este documento gerado em PDF e com referências bibliográficas, foram precisos dois arquivos de texto, um chamado `preamble.tex` para definir pacotes e preferências do Latex, e um arquivo `references.bib`, com as referências no estilo `bibtex`. Estes arquivos devem estar referenciados no YAML (cabeçalho) do documento R markdown.

Algo que senti bastante falta é que o RStudio não faz o “autocomplete” para comandos e códigos Latex. Para escrever intensamente em Latex, sugiro usar um editor Latex para uma maior praticidade e depois colar o texto no documento R Markdown. Ele irá rodar normalmente caso os pacotes e configurações presentes no `preamble.tex` sejam os mesmos que foram usados no editor Latex.

3 Relembrando sobre a modularidade multicamada e entendendo a variável G

3.1 Modularidade multicamada

Os dois parâmetros que são variáveis nesse relatório são o parâmetro de acoplamento ω e o parâmetro de resolução γ . Estes parâmetros fazem parte da generalização multicamada da modularidade (Mucha et al., 2010):

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

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 de 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. 1) é proporcional a média da modularidade monocamada (Newman, 2004; Newman & Girvan, 2004) de cada camada. Isto também está descrito em Bianconi (2018), pg. 147-148:

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

O parâmetro ω está contido no intervalo (0,1), onde zero representa o desacoplamento total das camadas, onde cada camada é tratada como uma rede individual (desacoplamento total) e a modularidade final é a média da modularidade de cada camada (eq. 2), e 1 representa o acoplamento máximo (funciona como uma rede monocamada agregada de todas as camadas).

A consequência para os nós da rede é que com $\omega = 0$ temos que todos os nós pertencem a diferentes módulos em diferentes camadas, já que as camadas estão sendo analisadas individualmente. Ao aumentarmos o parâmetro ω , os nós tendem a se tornar parte de apenas um módulo em camadas diferentes, sobrando cada vez menos nós que pertencem a diferentes módulos em diferentes camadas. Finalmente, se atingirmos o valor de $\omega = 1$, nenhum nó estará presente em mais de um módulo, exatamente como ocorre ao utilizarmos o algoritmo Louvain em redes monocamada.

O parâmetro de resolução foi introduzido por Reichardt & Bornholdt (2006) para avaliar redes monocamada e foi propagado para a modularidade generalizada multicamada (Mucha et al., 2010), funcionando da mesma forma. 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).

Preciso explorar um pouco mais esse parâmetro de resolução γ para entendê-lo melhor. Entender bem o Reichardt & Bornholdt (2006) será fundamental.

3.2 Variável G

A variável G representa o número de módulos 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 $\omega = 1 \Rightarrow G = \text{número total de camadas da rede}$. 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 1 ilustra o comportamento de diferentes nós ao aumentarmos ω . A figura 2 mostra um exemplo de curva de decaimento de G em relação a ω .

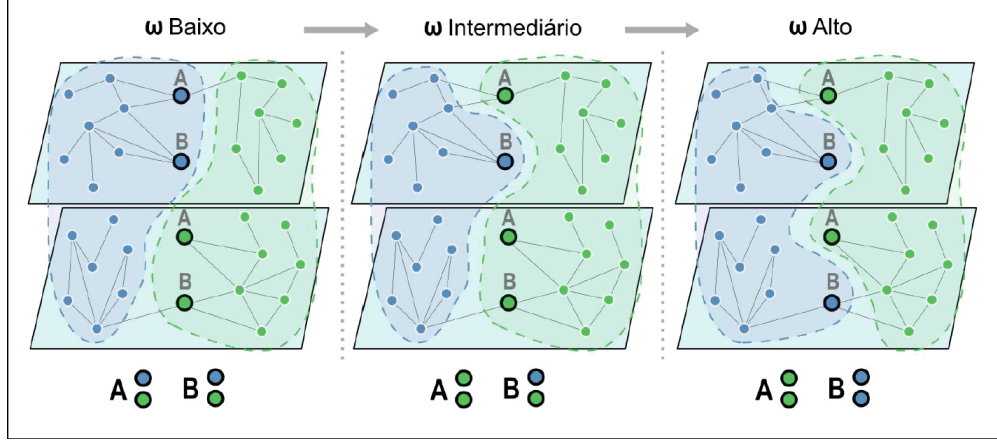


Figura 1: Esquema ilustrativo do que ocorre com alguns nós ao aumentarmos o parâmetro ω . Para valores de ω baixos, vemos que os nós A e B estão em módulos diferentes em camadas diferentes. Ao aumentarmos a força de acoplamento ω , o nó A passa a pertencer ao módulo verde tanto na camada superior como 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.

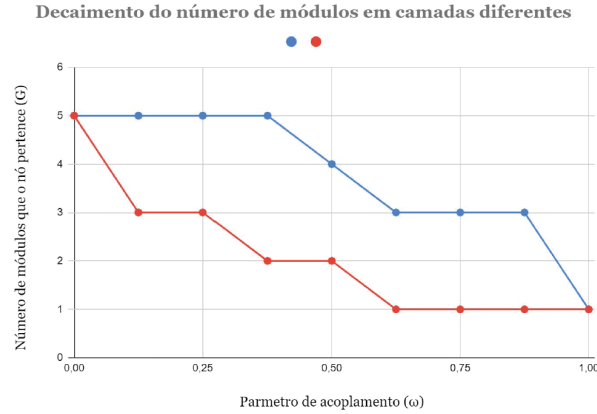


Figura 2: Exemplo hipotético de decaimentos de G (módulos que o nó pertence em diferentes camadas) em relação ao parâmetro ω (constante de acoplamento) esperados. O nó representado pela cor vermelha possui um decaimento rápido de G , portanto, representa uma espécie pouco conectiva do ponto de vista da rede multicaada 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:

$$\overline{G_\omega} = \frac{1}{I} \sum_{i=1}^I G_i \quad (3)$$

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 .

3.3 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 4.

$$G_{norm} = \frac{\sum_{j=1}^{P_2} \sum_{i=1}^{P_1} \overline{G}_{i,j}}{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \sum_{j=1}^{P_2} \sum_{i=1}^{P_1} \overline{G}_{i,j,k}} \quad (4)$$

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 \overline{G} dentro de ω, γ ; e k é o índice do nó na rede (número de identificação do nó).

4 Visão geral da rede Morcegos-plantas

A rede Morcegos-plantas (Mello et al., 2019) possui 2 camadas (Nectarivoria e Frugivoria), 512 nós e 1248 conexões. A tabela 1 mostra o resumo das propriedades da rede. A figura 3 apresenta uma visão geral da rede.

Tabela 1: 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

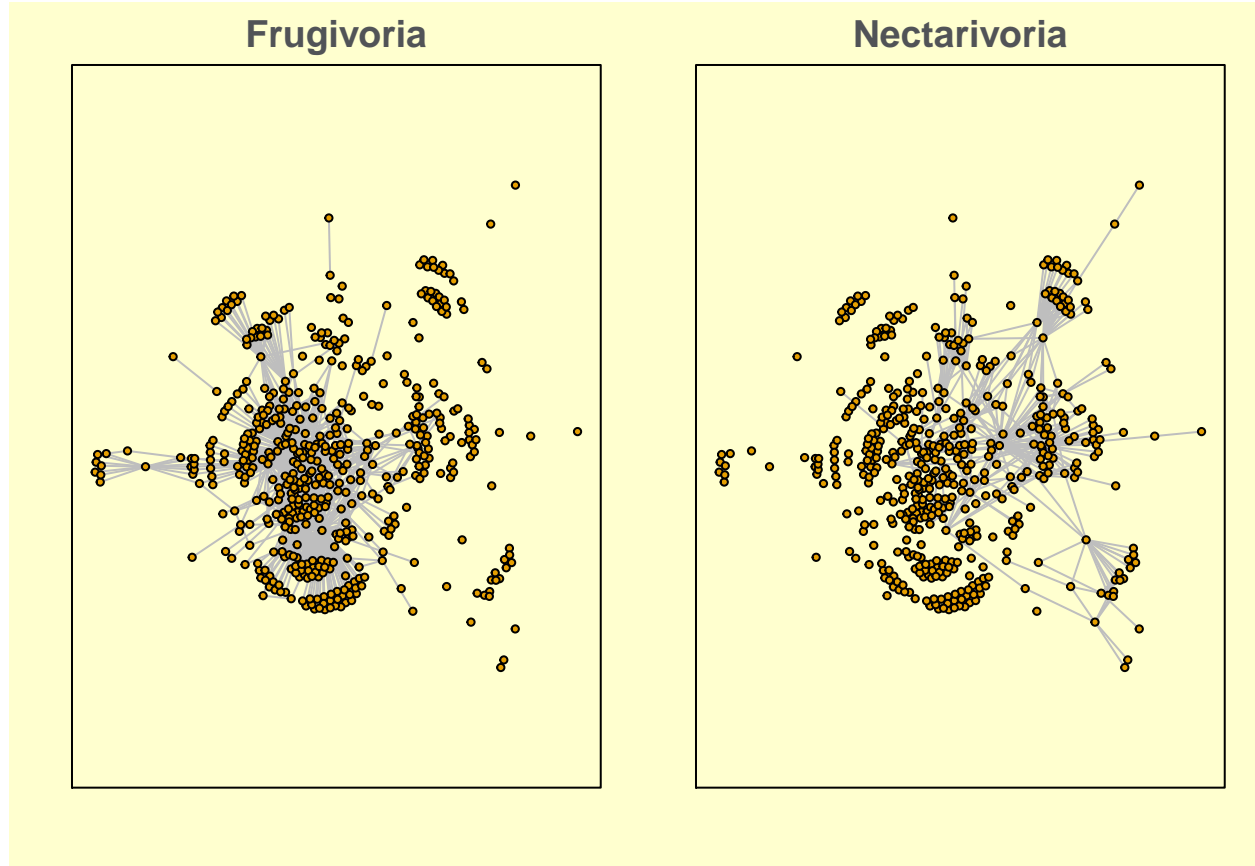


Figura 3: Visão geral da rede Morcegos-plantas .

5 Resultados da rede Morcegos-plantas

5.1 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 50 iterações. A tabela 2 resume os parâmetros de execução do código e a figura 4 mostra a distribuição dos valores de G_{norm} médio obtidos.

Tabela 2: Parâmetros de execucao

Parâmetro	Valor
Iterações	50
Partições de omega	10

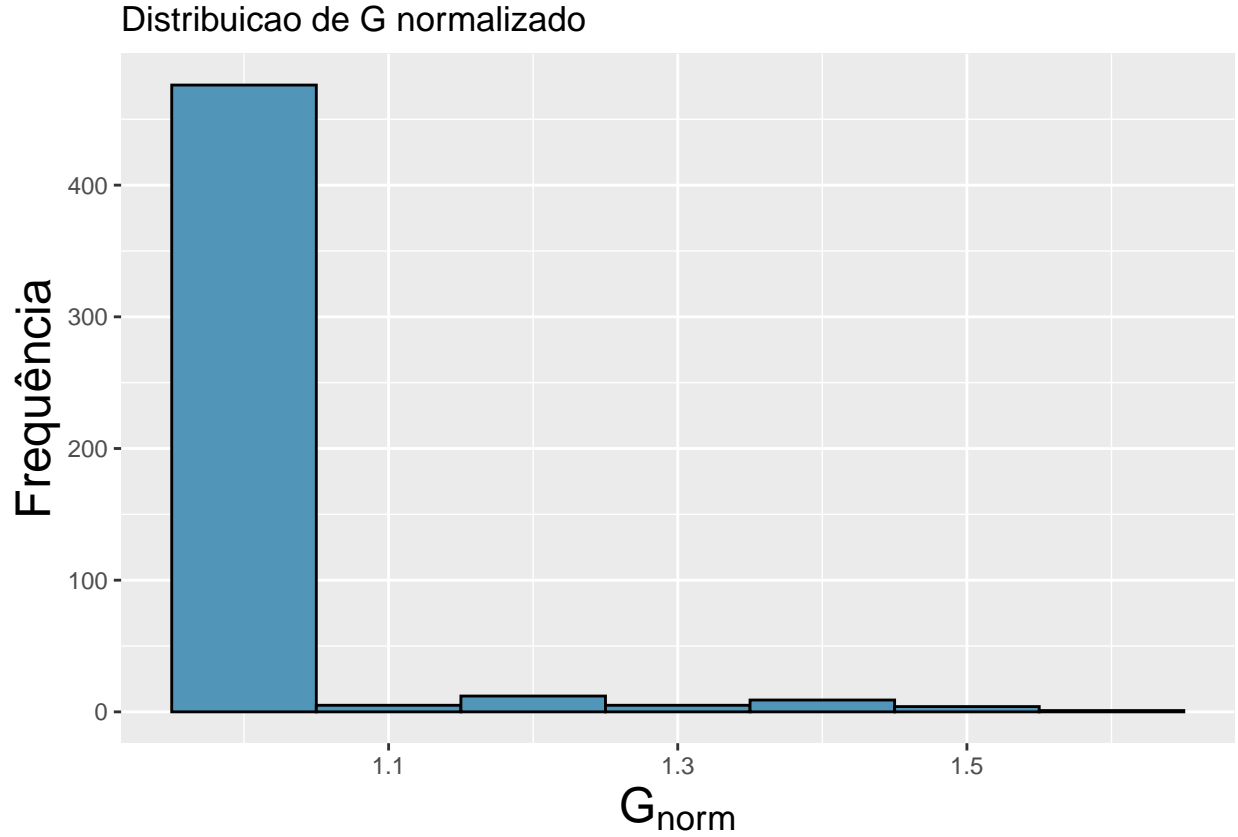
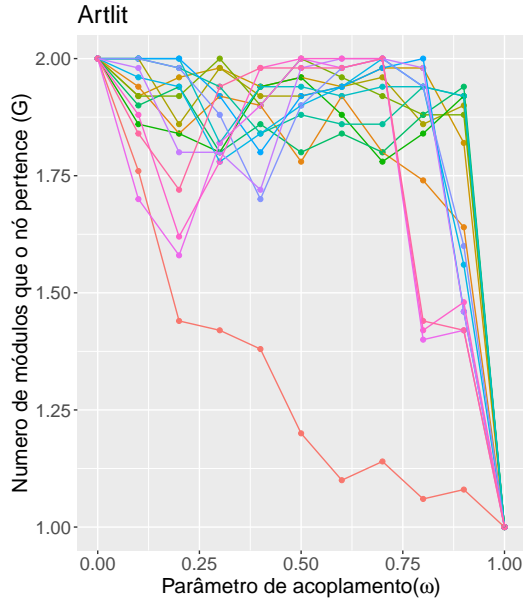


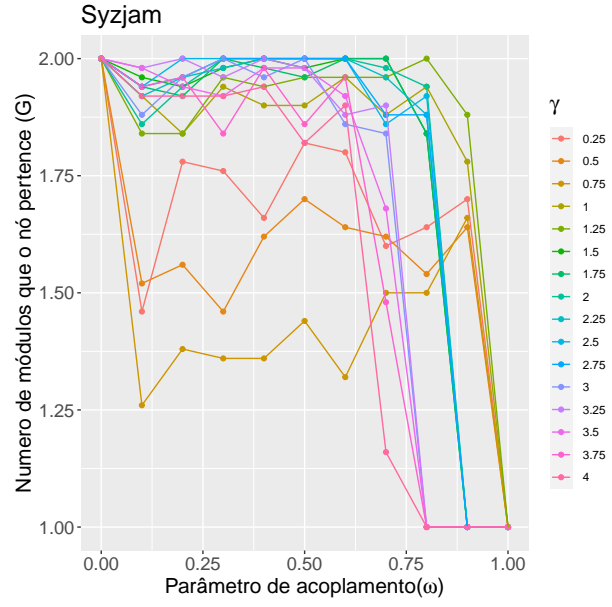
Figura 4: Distribuição de G_{norm} médio da rede Morcegos-plantas .

5.2 Variação de \bar{G} por ω

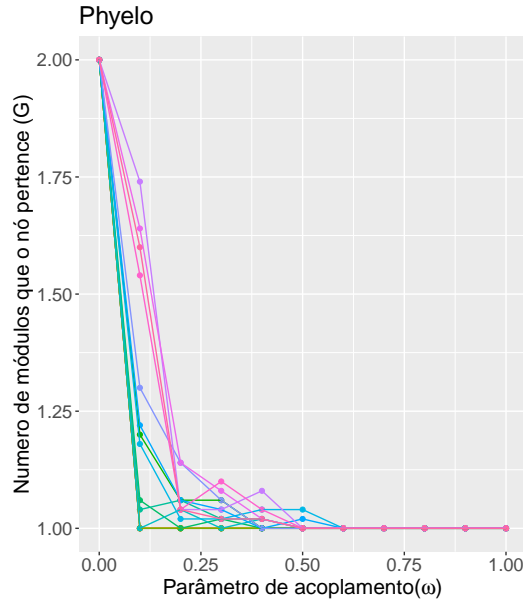
Como temos dados em 3 dimensões $(\bar{G}, \omega, \gamma)$ temos algumas formas diferentes para apresentar os valores de \bar{G} em relação a ω e γ , não sei dizer se devemos usar uma delas, as três ou alguma outra. A figura 5 mostra curvas de decaimento de \bar{G} por ω para diferentes nós com diferentes valores de G_{norm} e para diferentes valores de γ . A figura 6 mostra a superfície 3D formada por \bar{G} em relação a ω e γ . A figura 7 mostra a mesma superfície da figura 6 mas no formato de mapa de calor.



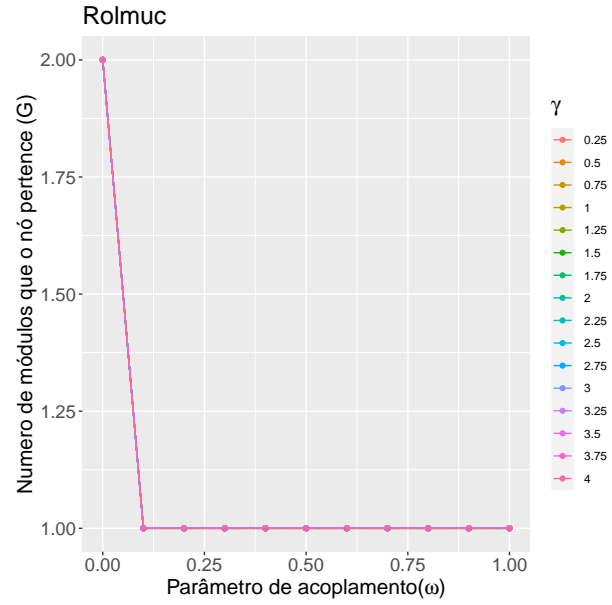
(a) Artlit . $G_{norm} = 1.591$



(b) Syzjam . $G_{norm} = 1.533$

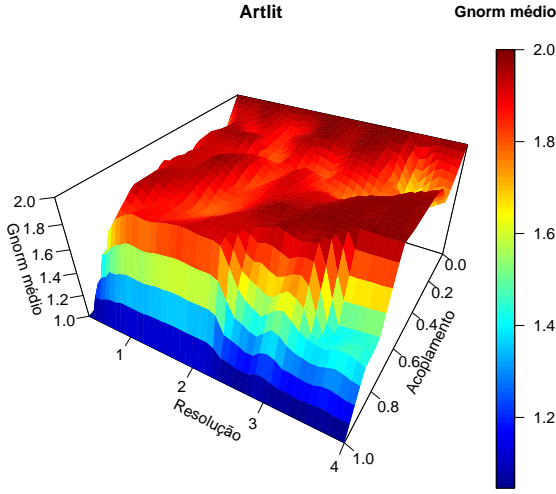


(c) Phyelo . $G_{norm} = 1.003$

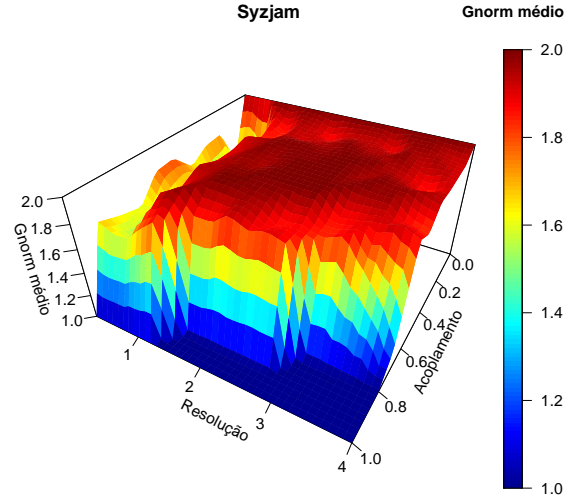


(d) Rolmuc . $G_{norm} = 0.978$

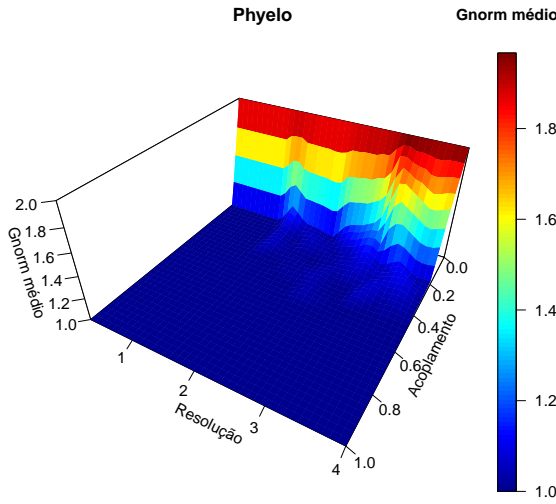
Figura 5: Exemplos de curvas do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Curvas de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Curvas de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.



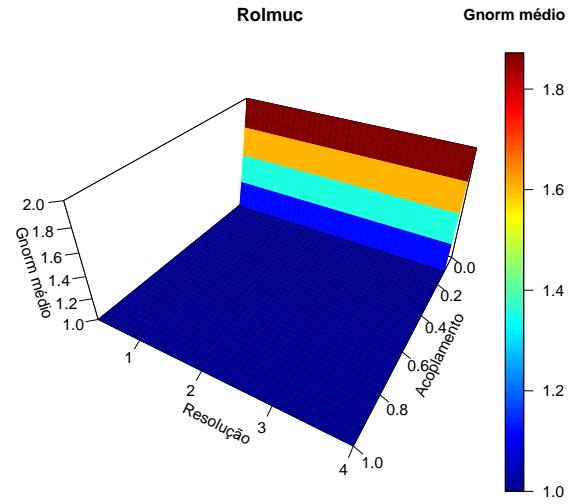
(a) Artlit . $G_{norm} = 1.591$



(b) Syzjam . $G_{norm} = 1.533$

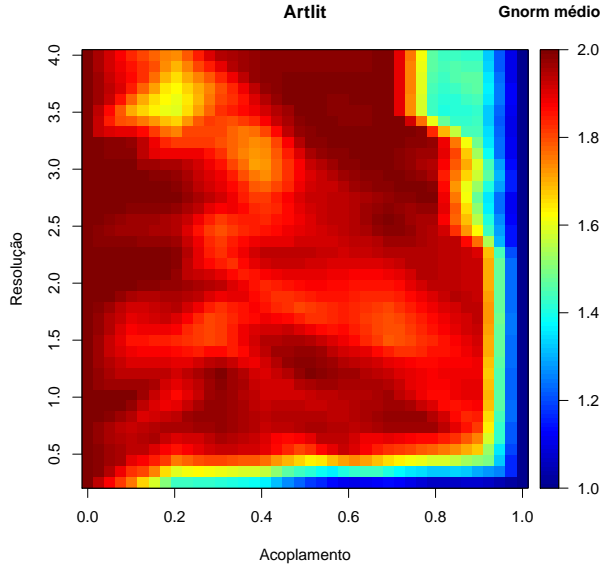


(c) Phielo . $G_{norm} = 1.003$

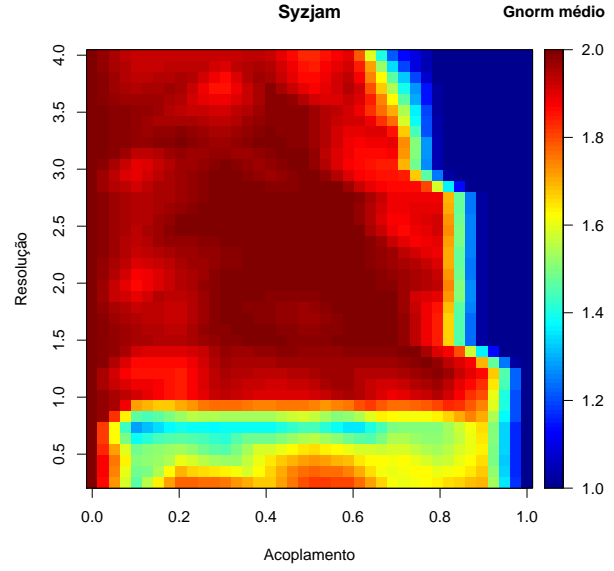


(d) Rolmuc . $G_{norm} = 0.978$

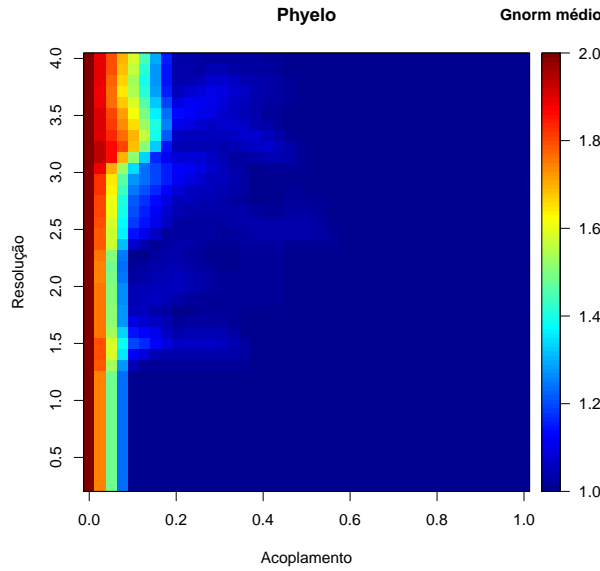
Figura 6: Exemplos de superfícies do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Superfície de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Superfície de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.



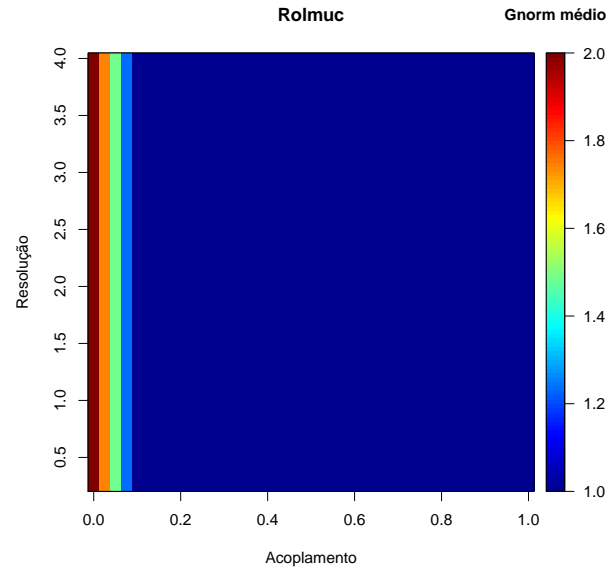
(a) Artlit . $G_{norm} = 1.591$



(b) Syzjam . $G_{norm} = 1.533$



(c) Phyelo . $G_{norm} = 1.003$



(d) Rolmuc . $G_{norm} = 0.978$

Figura 7: 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.

5.3 Seleção das espécies com maior G_{norm} .

A figura 8 e a tabela 3 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.

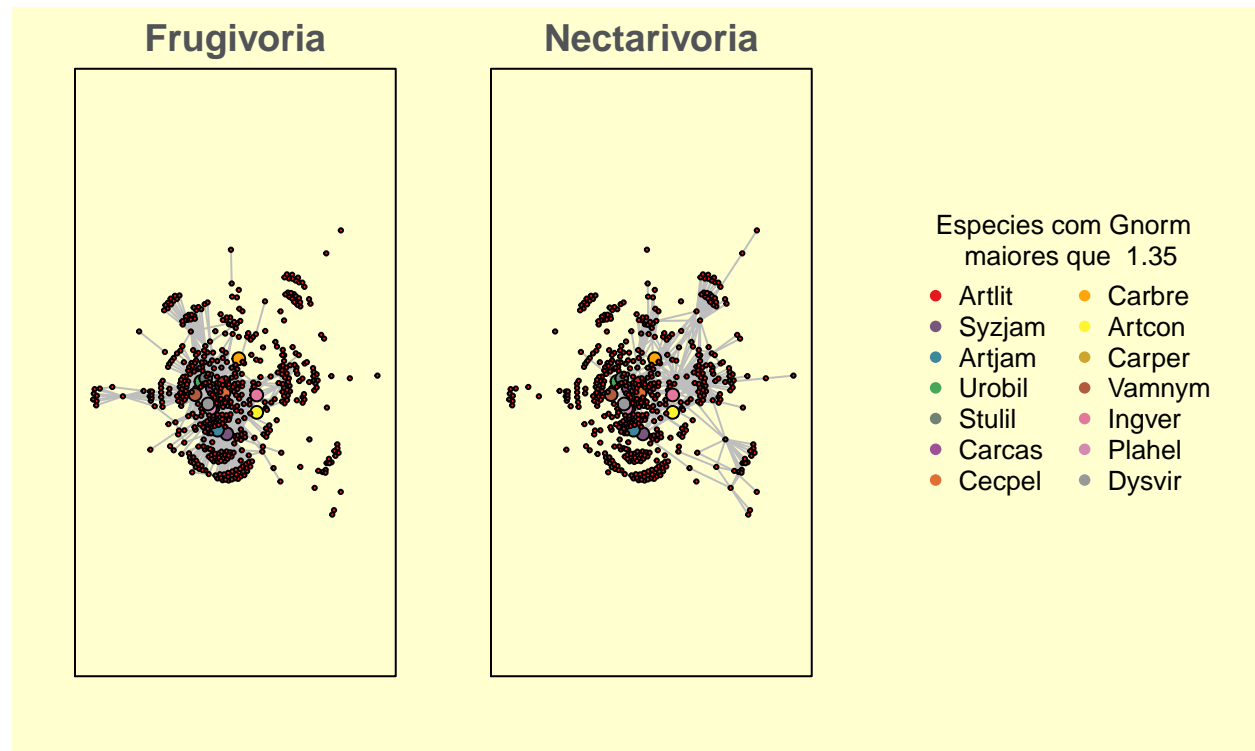


Figura 8: Espécies com G_{norm} maiores que 1.35 em destaque de tamanho e cor.

Tabela 3: Espécies com valores de G_{norm} maiores que 1.35

Espécie	G_{norm}
Artlit	1.591
Syzjam	1.533
Artjam	1.491
Urobil	1.491
Stulil	1.472
Carcas	1.400
Cecpel	1.390
Carbre	1.388
Artcon	1.381
Carper	1.363
Vamnym	1.362
Ingver	1.361
Plahel	1.357
Dysvir	1.351

6 Visão geral da rede Formigas-planta

A rede Formigas-planta (Costa et al., 2016) possui 5 camadas (Flor , Visita , Fruta , Tropho e EFN), 108 nós e 370 conexões. A tabela 4 mostra o resumo das propriedades da rede. A figura 9 apresenta uma visão geral da rede.

Tabela 4: Propriedades da rede Formigas-planta

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

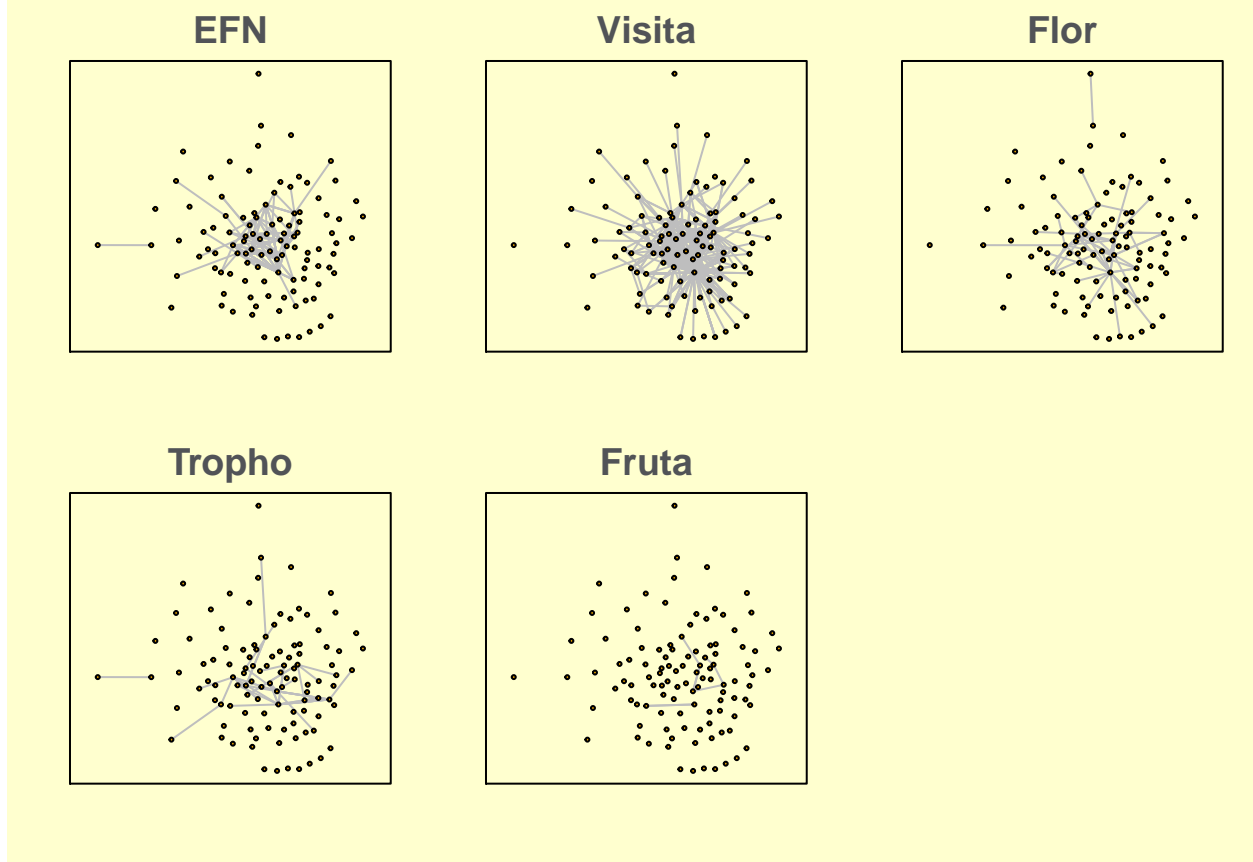


Figura 9: Visão geral da rede Formigas-planta .

7 Resultados da rede Formigas-planta

7.1 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 5 resume os parâmetros de execução do código e a figura 10 mostra a distribuição dos valores de G_{norm} médio obtidos.

Tabela 5: Parâmetros de execucao

Parâmetro	Valor
Iterações	100
Partições de omega	10

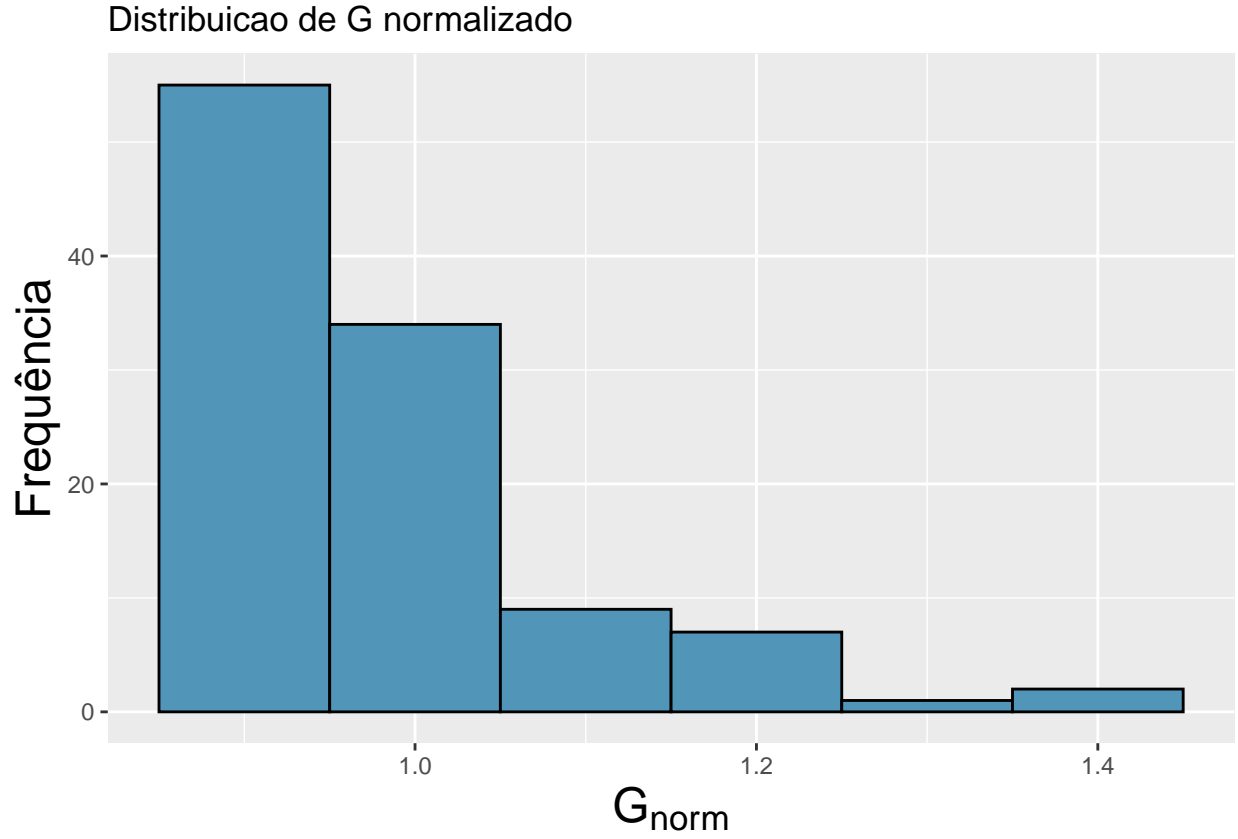
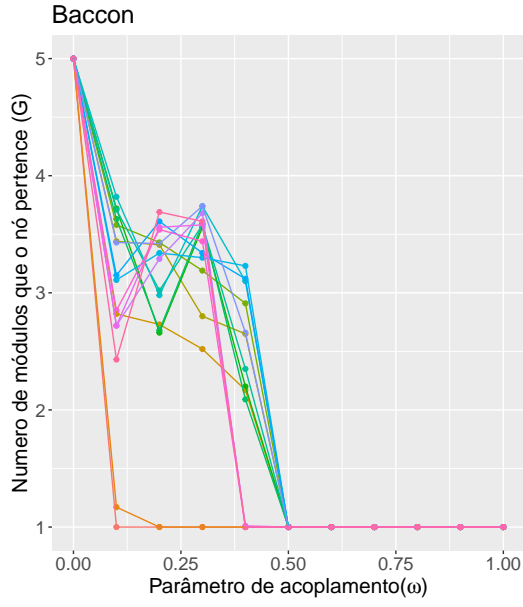


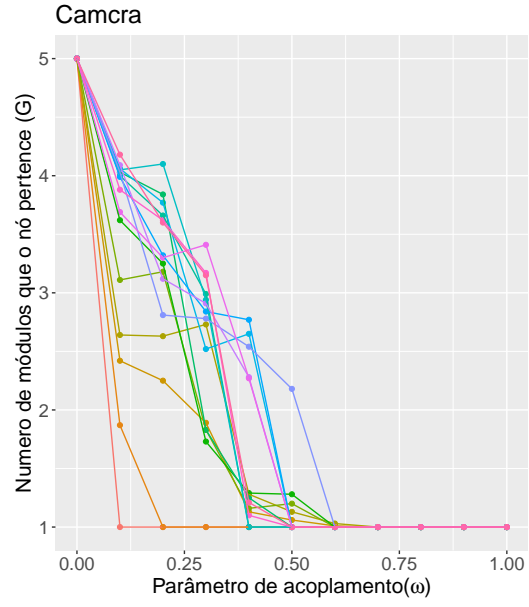
Figura 10: Distribuição de G_{norm} médio da rede Formigas-planta .

7.2 Variação de \bar{G} por ω

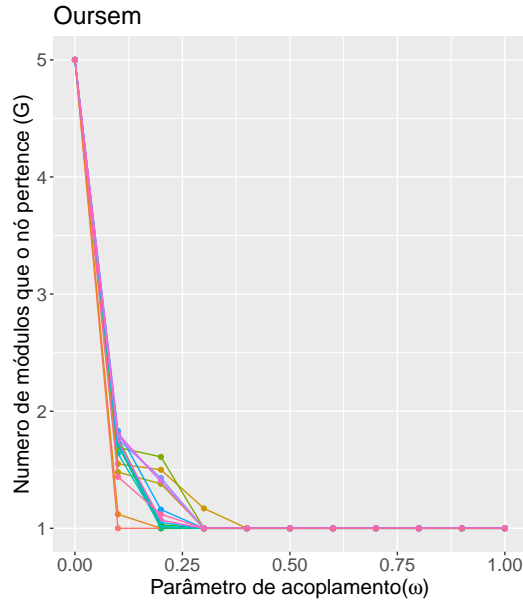
Como temos dados em 3 dimensões $(\bar{G}, \omega, \gamma)$ temos algumas formas diferentes para apresentar os valores de \bar{G} em relação a ω e γ , não sei dizer se devemos usar uma delas, as três ou alguma outra. A figura 11 mostra curvas de decaimento de \bar{G} por ω para diferentes nós com diferentes valores de G_{norm} e para diferentes valores de γ . A figura 12 mostra a superfície 3D formada por \bar{G} em relação a ω e γ . A figura 13 mostra a mesma superfície da figura 12 mas no formato de mapa de calor.



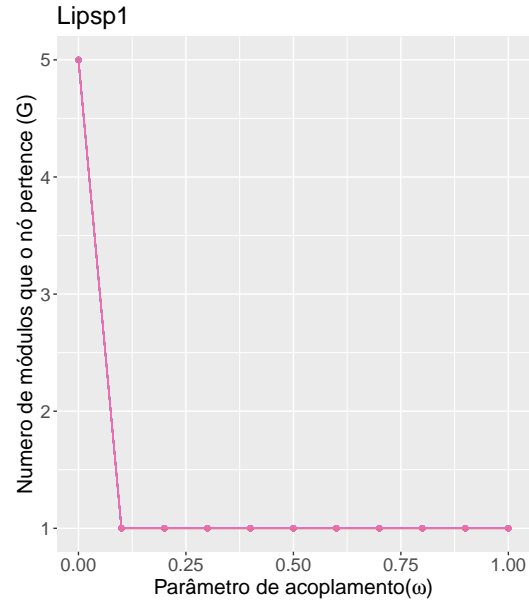
(a) Baccon . $G_{norm} = 1.386$



(b) Camcra . $G_{norm} = 1.355$

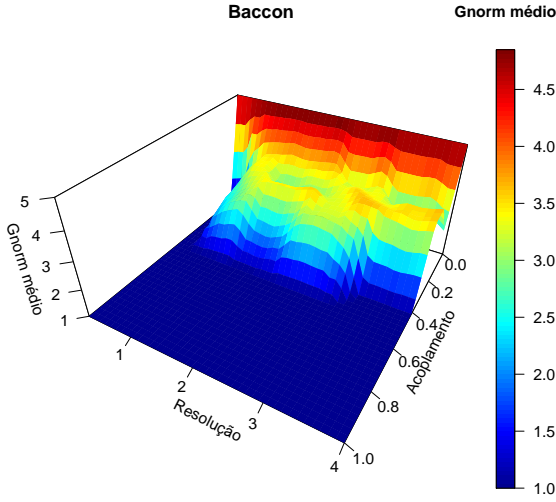


(c) Oursem . $G_{norm} = 0.997$

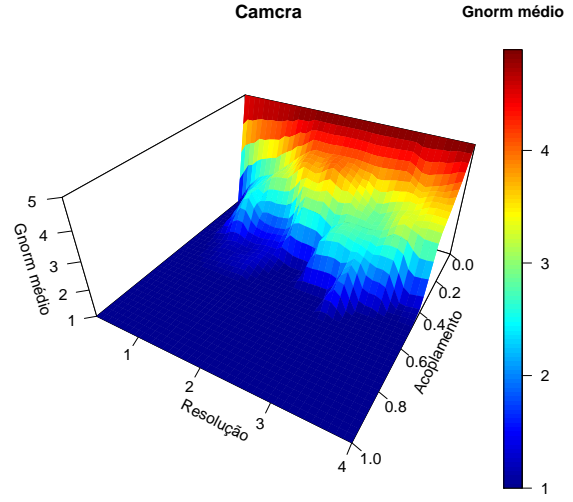


(d) Lipsp1 . $G_{norm} = 0.945$

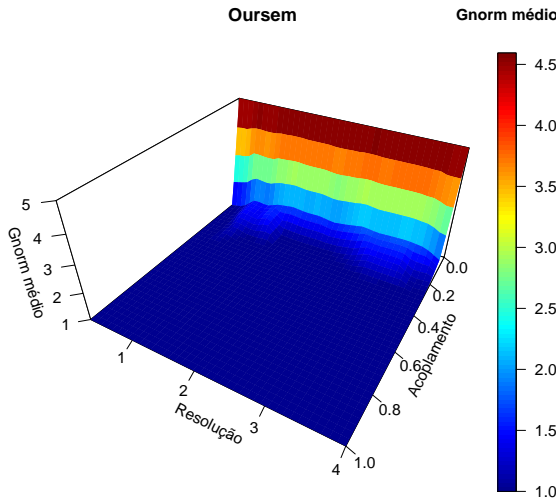
Figura 11: Exemplos de curvas do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Curvas de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Curvas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



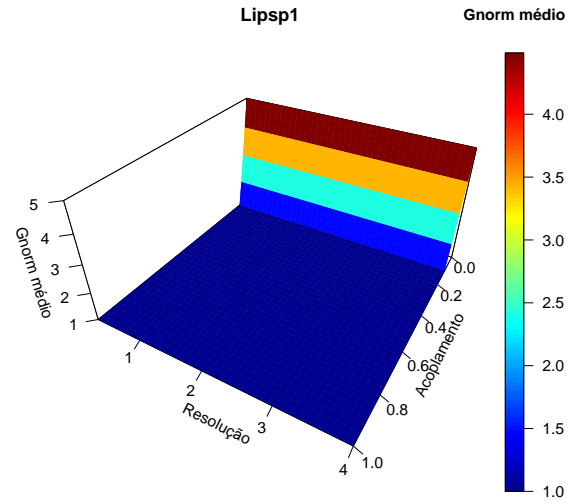
(a) Baccon . $G_{norm} = 1.386$



(b) Camcra . $G_{norm} = 1.355$

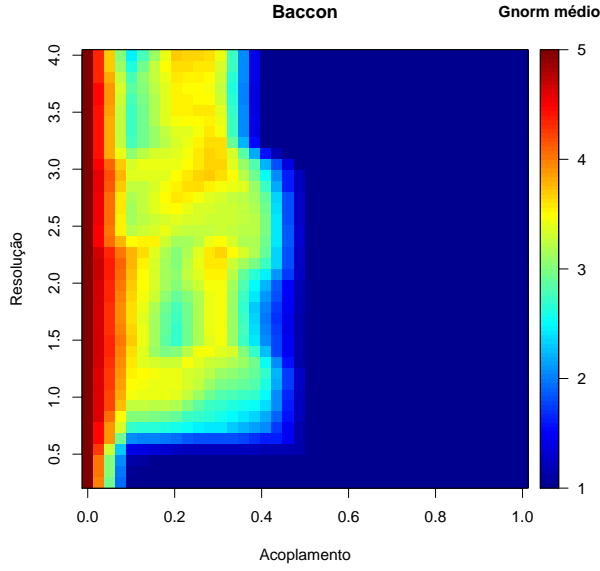


(c) Oursem . $G_{norm} = 0.997$

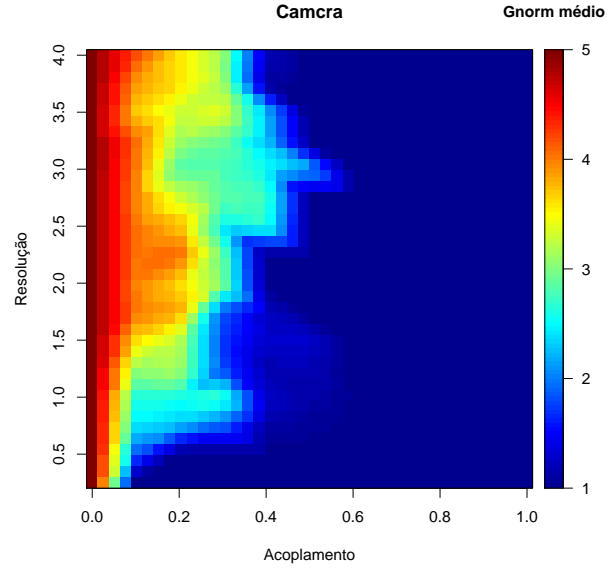


(d) Lipsp1 . $G_{norm} = 0.945$

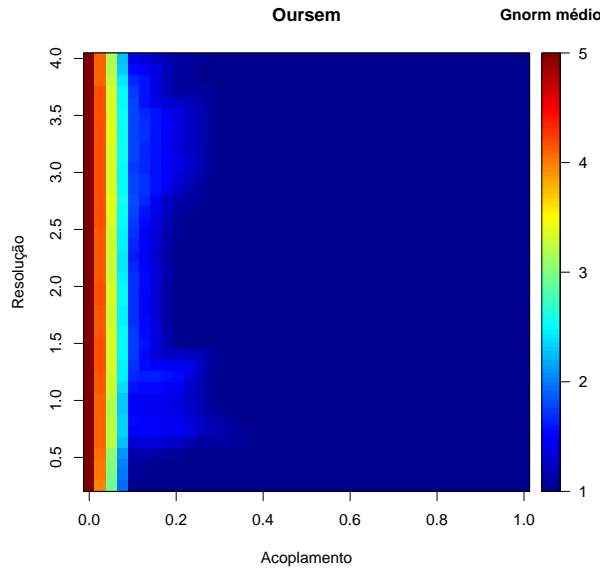
Figura 12: Exemplos de superfícies do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Superfície de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Superfície de \bar{G} referente a uma espécie com valor de G_{norm} abaixo da média da rede.



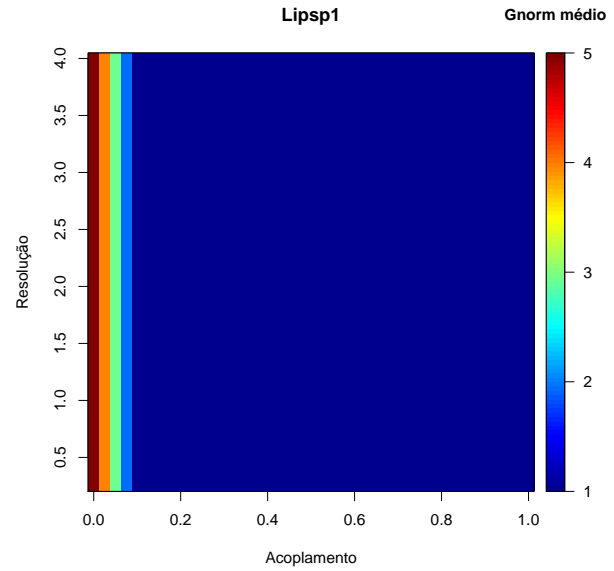
(a) Baccon . $G_{norm} = 1.386$



(b) Camcra . $G_{norm} = 1.355$



(c) Oursem . $G_{norm} = 0.997$



(d) Lips1 . $G_{norm} = 0.945$

Figura 13: 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.

7.3 Seleção das espécies com maior G_{norm} .

A figura 14 e a tabela 6 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.

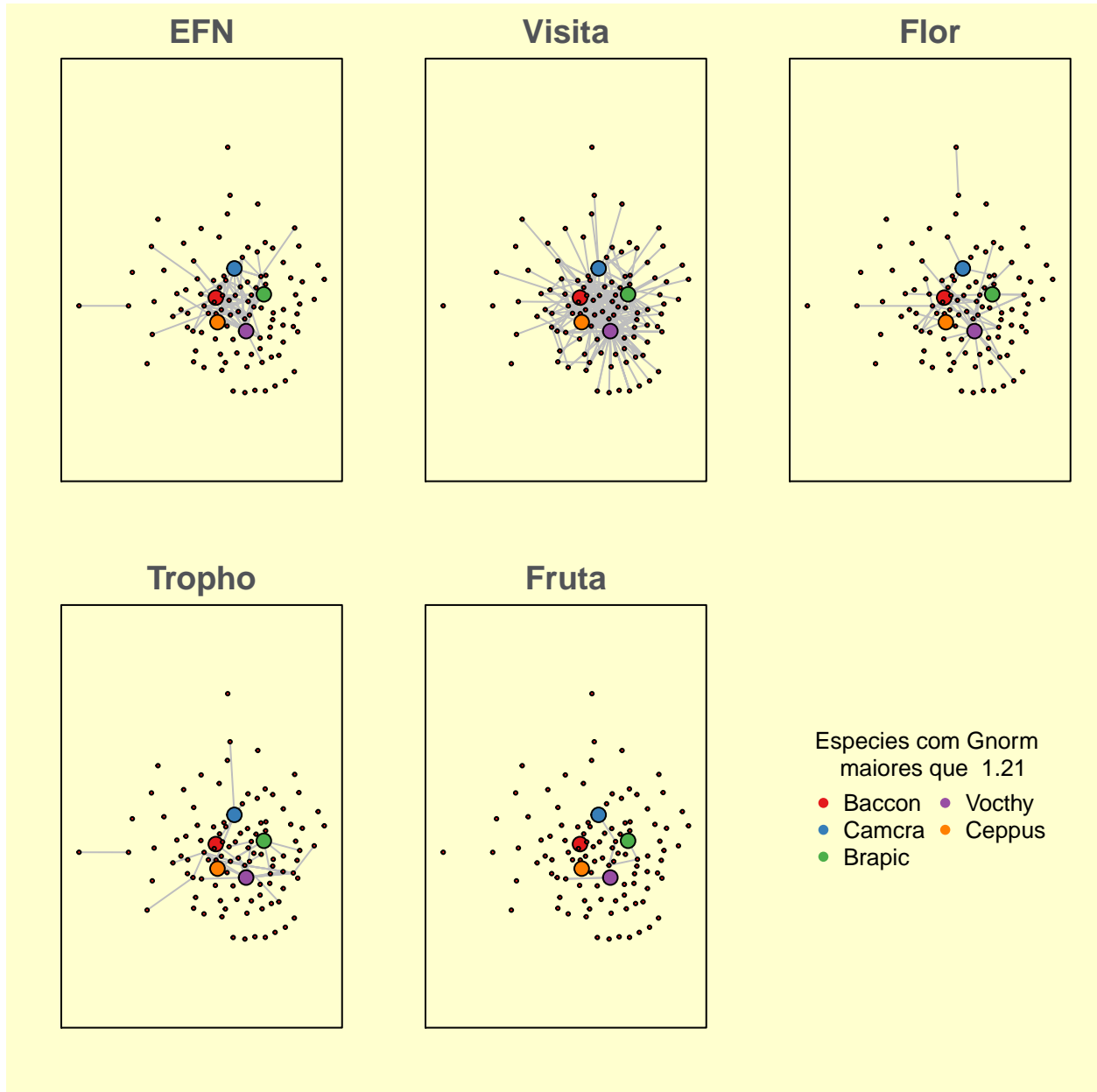


Figura 14: Espécies com G_{norm} maiores que 1.21 em destaque de tamanho e cor.

Tabela 6: Espécies com valores de G_{norm} maiores que 1.21

Espécie	G_{norm}
Baccon	1.386
Camcra	1.355
Brapic	1.341
Vochy	1.235
Ceppus	1.222

8 Discussão

A variação de resolução γ não parece influenciar G de forma tão intensa quanto a variação no acoplamento ω , mas ela existe e com certeza é mais robustos selecionar nós com alto G_{norm} como candidatos a centrais considerando a variação em γ também, pois assim minimizamos a probabilidade de estarmos observando uma exceção.

Devido a essa variação de G_{norm} em relação a γ , podemos tentar identificar espécies que sejam boas conectoras entre camadas dentro de módulos menores (submódulos?) que fazem parte de módulos maiores, sendo importantes para a manutenção deste módulo maior de que fazem parte.

9 Próximas etapas

9.1 Agosto

- Compreender melhor o parâmetro de acoplamento γ com visualização.
- Buscar uma boa forma de visualizar os módulos para rastrear a situação de um nó. Acredito que assim será possível entender melhor como estão posicionados os nós de maior G_{norm} em relação aos módulos ao variarmos ω e γ . Acredito que isso ajudará no insight do que significa na prática essa variável G_{norm} alta que apenas alguns nós possuem.

9.2 Setembro

- Validar ou desvalidar G_{norm} como forma de localizar espécies que são boas conectoras entre camadas usando diversas redes sintéticas (usar simulação do Rafael Pinheiro) para verificar se o comportamento de G_{norm} é consistente, e compará-lo com outras métricas.
- Começar a escrita oficial do TCC.

(Nakagawa et al., 2019)

10 Referências

- Bianconi, G. (2018). *Multilayer networks: Structure and function*. Oxford University Press.
- 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>
- Grolemund, G. (2014). *Introduction to r markdown*. https://rmarkdown.rstudio.com/articles_intro.html
- Mello, M. 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>
- 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>
- Nakagawa, S., Samarasinghe, G., Haddaway, N. R., Westgate, M. J., O’Dea, R. E., Noble, D. W., & Lagisz, M. (2019). Research weaving: Visualizing the future of research synthesis. *Trends in Ecology & Evolution*, 34(3), 224–238. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.11.007>
- 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>
- Reichardt, J., & Bornholdt, S. (2006). Statistical mechanics of community detection. *Physical Review E*, 74(1). <https://doi.org/10.1103/physreve.74.016110>
- Xie, Y., Allaire, J. J., & Grolemund, G. (2019). *R markdown the definitive guide*. CRC Press.