

Universidade de São Paulo
Campus Butantã
Instituto de Matemática e Estatística

UM TESTE DO ALGORITMO DE MODULARIDADE LOUVAIN
COMO UMA FERRAMENTA PARA DETECTAR ESPÉCIES-CHAVE
EM REDES DE INTERAÇÕES MULTICAMADA

Aluno: Henrique Suzuki Requejo
Orientador: Prof. Dr. Marco A. R. Mello
Curso: Matemática Aplicada e Computacional
Habilitação: Ciências Biológicas

São Paulo, 2020

Um teste do algoritmo de modularidade Louvain como uma ferramenta para detectar espécies-chave em redes de interações multicamada

Trabalho de Conclusão de Curso submetido
à Universidade de São Paulo, como requisito
necessário para obtenção do grau de Bacharel
em Matemática Aplicada e Computacional

São Paulo, 2020

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}	13
6.1	Variável G	13
6.2	Variável G_{norm}	14
7	Visão geral da rede Morcegos-plantas	16
8	Resultados da rede Morcegos-plantas	17
8.1	Distribuição de G_{norm}	17
8.2	Variação de \overline{G} por ω	18
8.3	Seleção das espécies com maior G_{norm}	22
9	Visão geral da rede Formigas-planta	23
10	Resultados da rede Formigas-planta	24
10.1	Distribuição de G_{norm}	24
10.2	Variação de \overline{G} por ω	25
10.3	Seleção das espécies com maior G_{norm}	29
11	Distribuição de G_{norm} para redes aleatórias	30
12	Comparação entre nós com alto G_{norm} com nós centrais da rede agregada	34
12.1	Comparação das centralidades com alto G_{norm} para a rede Morcegos-Plantas	35
12.2	Comparação das centralidades com alto G_{norm} para a rede Formigas-Plantas	36
13	Discussão preliminar	38
14	Próximas etapas	40
15	Referências	41

1 Resumo

Análises de modularidade 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, portanto, apenas uma classe de arestas. No caso do algoritmo de modularidade Louvain, uma das grandes diferenças entre a tradicional versão monocamada e a nova 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 de acoplamento. 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 a sua importância, comparamos a curva do número de módulos aos quais cada nó pertence em função da variação na constante de acoplamento e do parâmetro de resolução. Assim, selecionaremos os nós que apresentam menor decaimento de módulos, ou seja, que permanecem um mais de um módulo mesmo com força de acoplamento entre camadas, considerando diferentes cenários de resolução. Até o momento foram analisadas as redes de interações entre morcegos e plantas e de formigas e plantas. A próxima etapa é avaliar se ganhamos informação relevante, tanto no nível do nó como no nível dos módulos, na abordagem multicamada em comparação à monocamada. Em seguida, repetiremos essas mesmas análises para redes sintéticas, dessa maneira, poderemos verificar se o método é eficaz em várias redes diferentes. Isso nos permitirá entender melhor o que faz as espécies que eles representam serem mais importantes do que outras para manter funções e serviços ecossistêmicos vitais.

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 várias espécies afetam umas às outras por meio de interações diretas e indiretas. 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 olhar para a estrutura de módulos da rede, o que pode revelar alguns padrões escondidos em meio à complexidade 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 fornecer ajuda inestimável para entender mais a fundo a estrutura das redes (Newman & Girvan, 2004).

É relativamente fácil identificar módulos em redes pequenas e pouco conectadas. 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 em redes complexas? Existem muitas formas, como por exemplo métodos aglomerativos, divisivos, baseados em cliques e de otimização de modularidade. Neste projeto vamos focar na otimização de modularidade.

Para otimizarmos a modularidade, precisamos de uma métrica que indique se uma específica divisão da rede em módulos é melhor do que outra, para então buscar 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 .

Para determinar a proporção de conexões dentro dos módulos, suponha que temos uma possível divisão de módulos dentro da rede representada pela matriz de adjacência A_{ij} , seja 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 reescrita 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 podem variar entre zero e 1.

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 (Non Deterministic Polynomial Time) é um problema que leva um tempo exponencial para ser resolvido, por exemplo $O(2^N)$. Estes problemas NP demoram muito para serem computados, por exemplo, caso o problema possua uma complexidade exponencial $O(2^N)$ e N (tamanho da entrada) seja igual a 100, o programa demoraria um tempo maior 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 apresentam 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 de dois passos básicos, descritos em detalhe por 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 ele mesmo) cujo o 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.

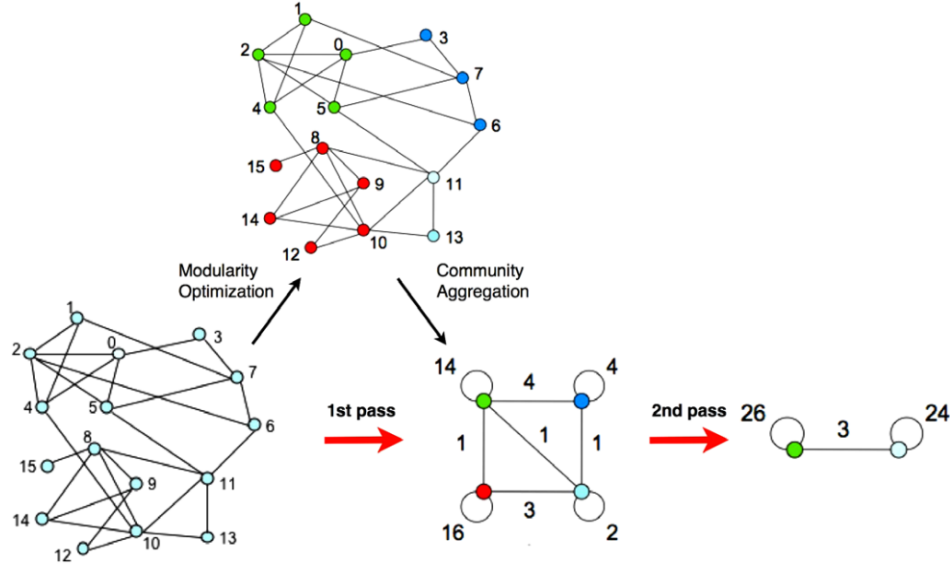


Figura 1: Extraído de Blondel et al. (2008). Visualização dos passos do algoritmo Louvain. Cada passo é feito em duas fases: uma onde a modularidade é otimizada permitindo somente mudanças locais de módulo e uma onde os módulos encontrados são agregados e uma nova rede de módulos é construída.

Apesar deste ser um algoritmo ganancioso, 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 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 de realmente afirmar se o máximo global possui significância científica maior que os 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, estas redes são normalmente estudadas de forma desconexa de outras redes ou então agregando-se várias redes em uma única rede (Piloso et al., 2017). Uma maneira de aumentarmos as informações usadas no estudo de redes é usar redes multicamada (Piloso et al., 2017). 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 (Piloso et al., 2017).

No caso deste projeto, a rede em foco é a rede multicamada onde as camadas são definidas pelo tipo de interação, ou seja, todos os nós estão presentes em todas as camadas e apenas o tipo de ligação (interações) entre os nós é o que muda em cada camada. Assim, nesse tipo de rede há duas classes maiores de arestas: intracamada, que conecta nós dentro de uma camada, e intercamada, que conecta 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:

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

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

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

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

Como a escolha dos parâmetros de resolução e acoplamento é arbitrária, ficam 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 do da pergunta que pretendo 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 , vamos analisar 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 individual) 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 diminuimos 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 a rede multiplex 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 o 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 exemplo

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

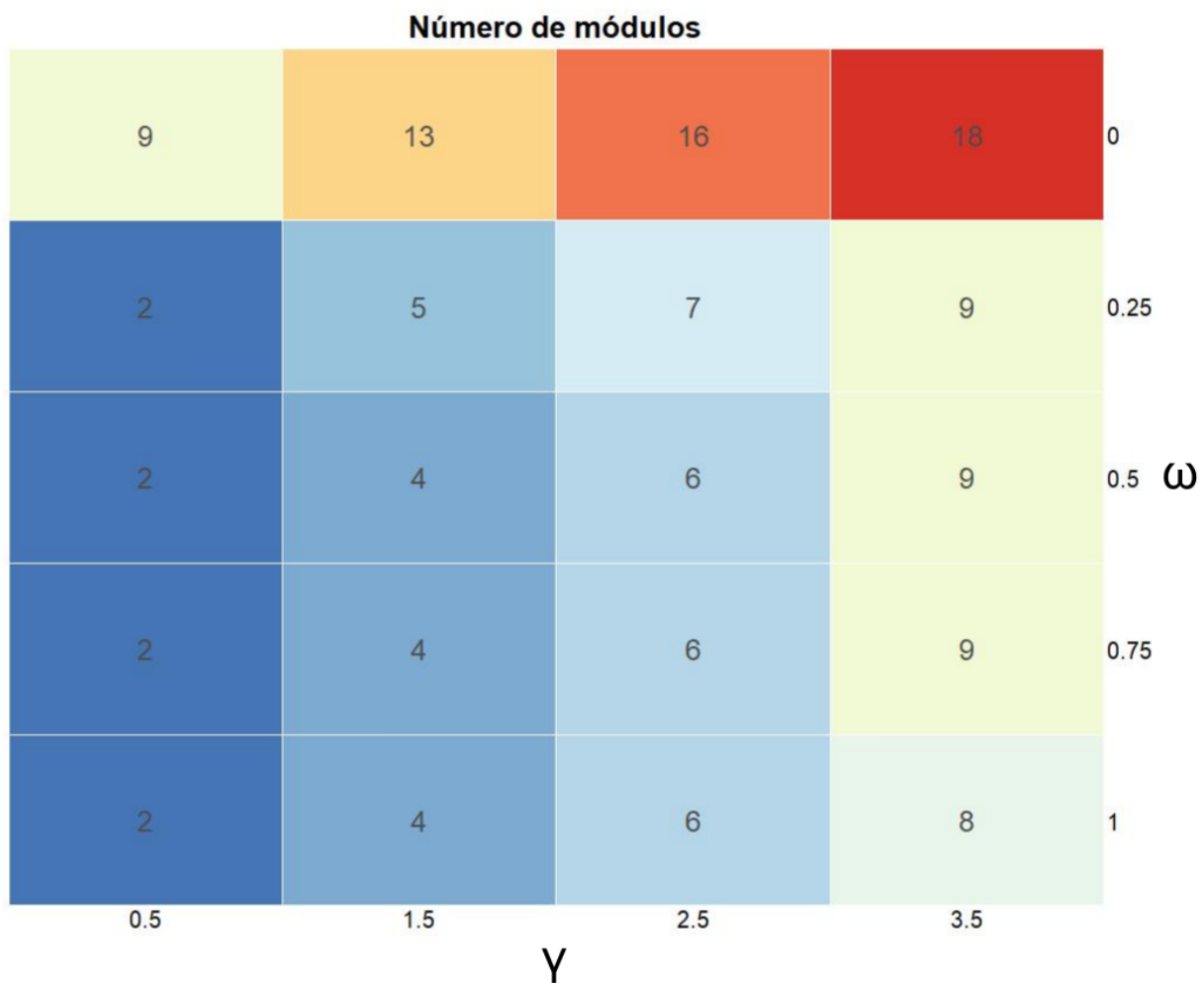


Figura 3: Número de módulos totais da rede para diferentes valores de acoplamento ω e resolução γ . Valores de ω variam no eixo y e valores de γ variam no eixo x.

Mas, afinal, quais valores devo escolher para esses dois parâmetros? A resposta mais correta é: depende. Depende de qual propriedade da rede queremos focar 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 usar um ω mais baixo. Vamos usar agora como exemplo a rede morcego-planta (Mello et al., 2019), onde existem duas camadas: uma de nectarívoria e outra de frugivoria. Se quisermos encontrar módulos onde existam morcegos com dietas mais similares entre si, um ω mais alto é recomendado, pois a frugivoria e a nectarívoria ficaram 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, porque assim aumenta a tendência dos 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 nectarívoria ou a frugivoria ou até mesmo que possuem interações equilibradas entre camadas (estão em dois grupos em camadas diferentes).

Interpretação, conhecimento específico da área que a rede representa e saber o que queremos enxergar são os fatores principais para a escolha dos valores de ω e γ .

Caso quisermos 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.

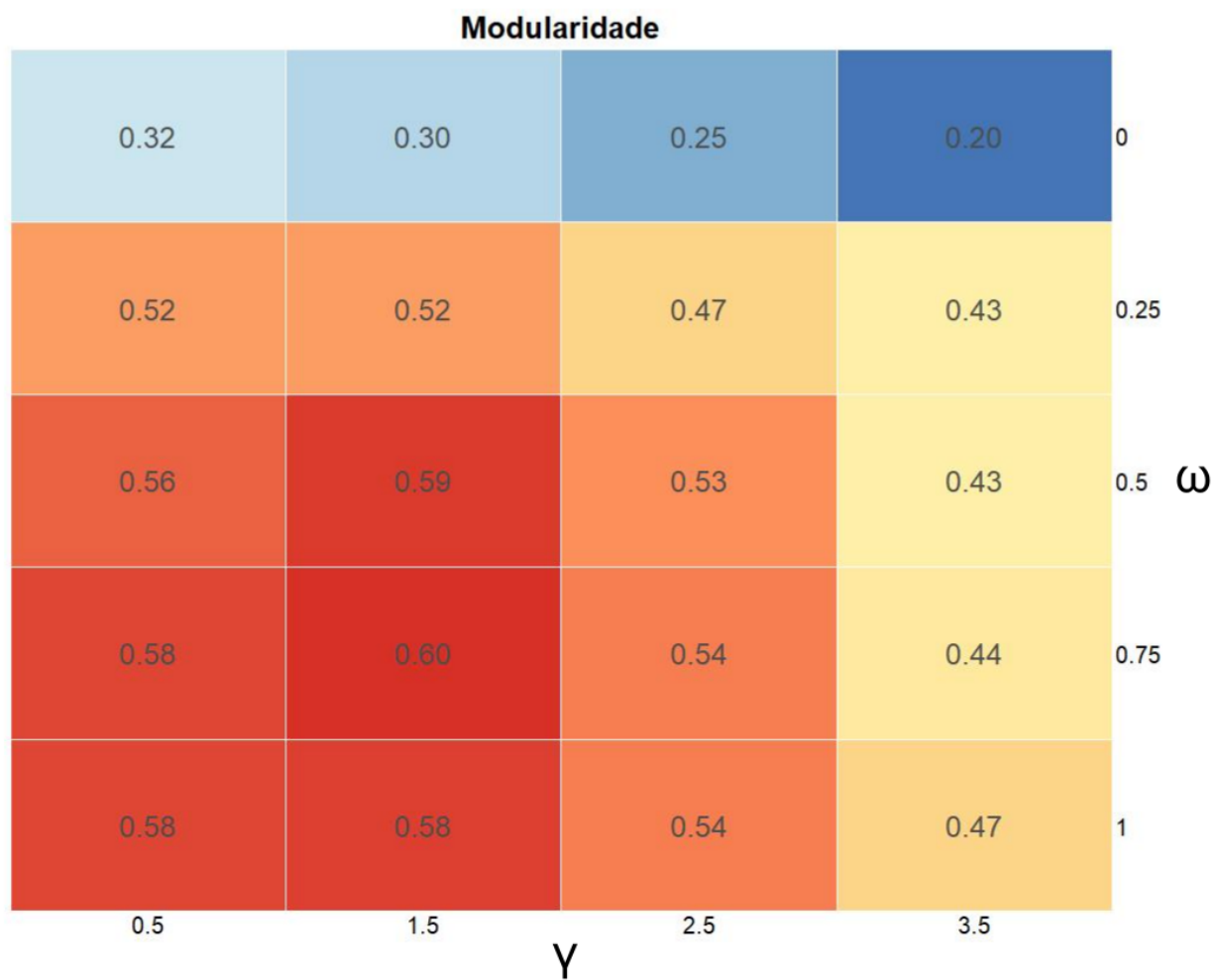


Figura 4: Valor da modularidade para diferentes valores de acoplamento ω e resolução γ . Valores de ω variam no eixo y e valores de γ variam no eixo x.

6 Variável G e G_{norm}

6.1 Variável G

A variável G representa o número de módulos 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 $\omega = 0 \Rightarrow G = \text{número total de camadas da rede}$. 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 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 .

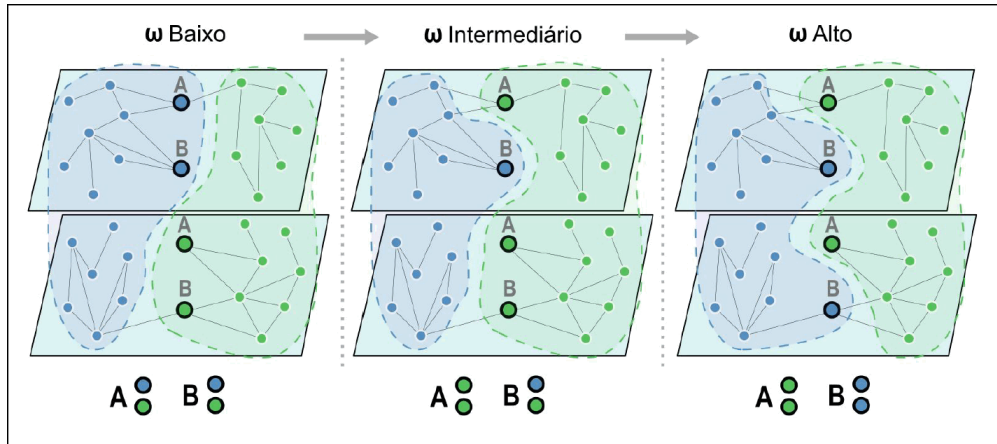


Figura 5: Esquema ilustrativo do que ocorre com alguns nós ao aumentarmos o parâmetro ω . Para valores de ω baixos, vemos que os nós A e B estão em módulos diferentes em camadas diferentes. Ao aumentarmos a força de acoplamento ω , o nó A passa a pertencer ao módulo verde tanto na camada superior como 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.

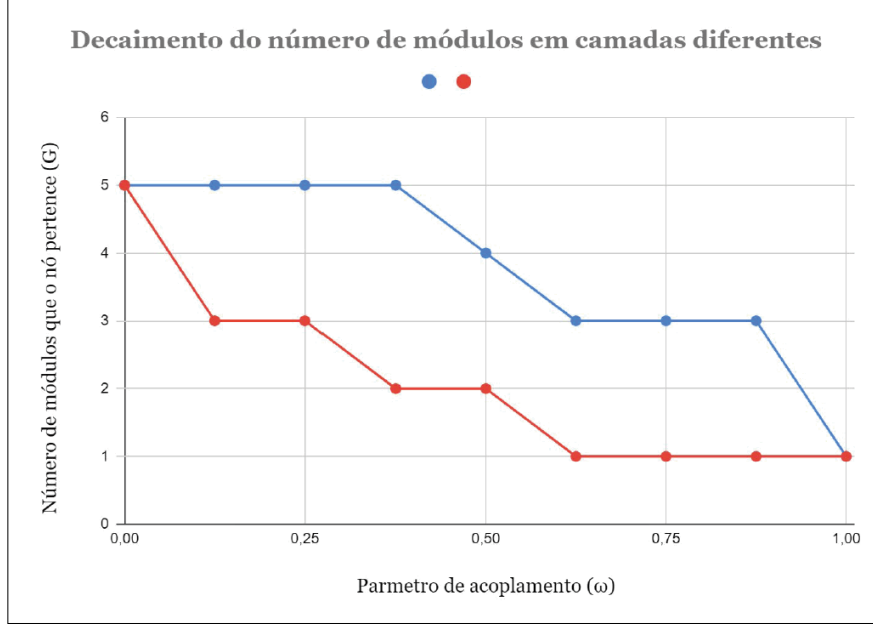


Figura 6: Exemplo hipotético de decaimentos de G (módulos que o nó pertence em diferentes camadas) em relação ao parâmetro ω (constante de acoplamento) esperados. O nó representado pela cor vermelha possui um decaimento rápido de G , portanto, representa uma espécie pouco conectiva do ponto de vista 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.

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

Onde P_1 , P_2 são o número de partições de ω e γ ; N é u 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).

7 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 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

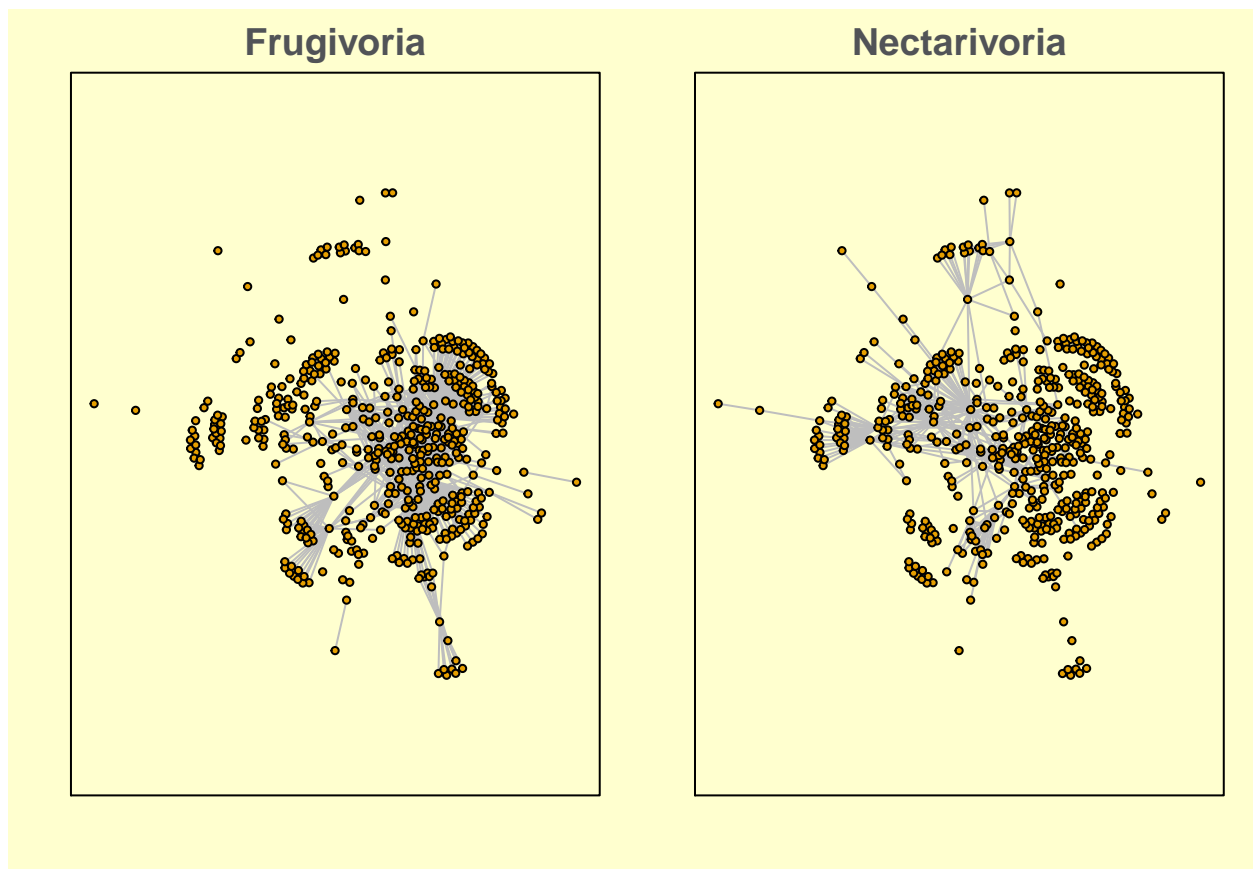


Figura 7: Visão geral da rede Morcegos-plantas .

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 \overline{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} médio obtidos.

Tabela 3: Parâmetros de execucao

Parâmetro	Valor
Iterações	100
Partições de omega	10

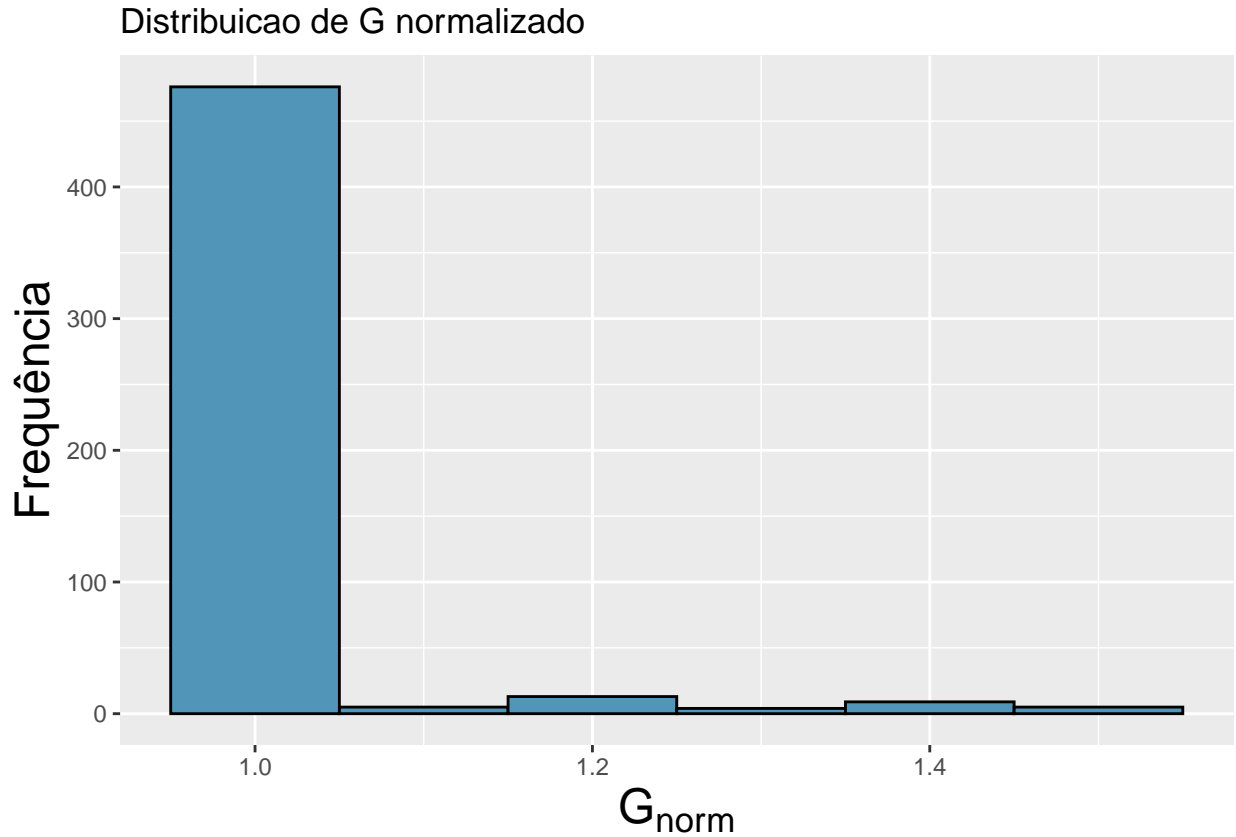
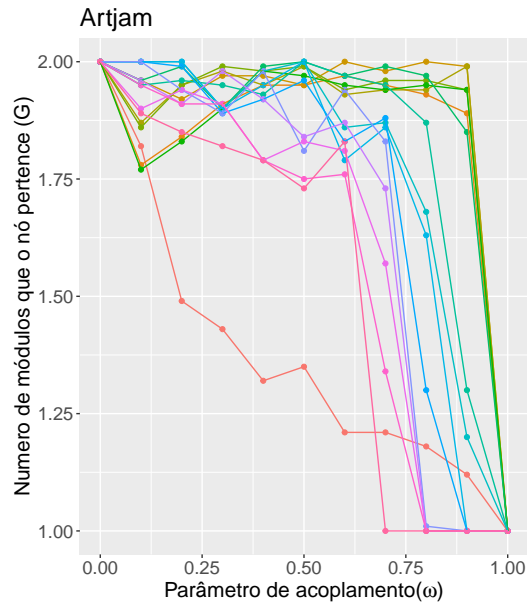


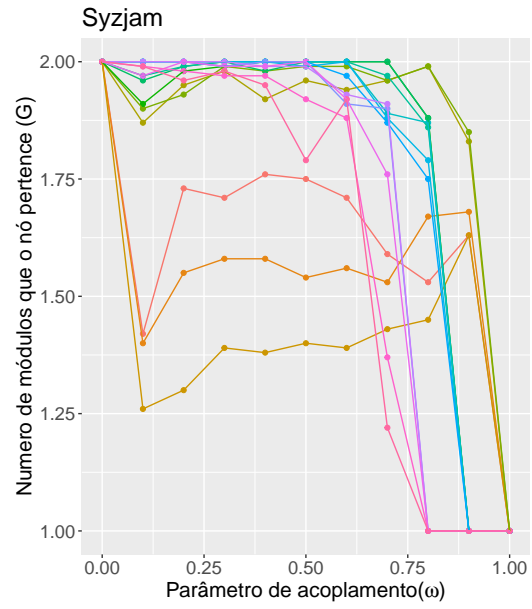
Figura 8: Distribuição de G_{norm} médio da rede Morcegos-plantas .

8.2 Variação de \overline{G} por ω

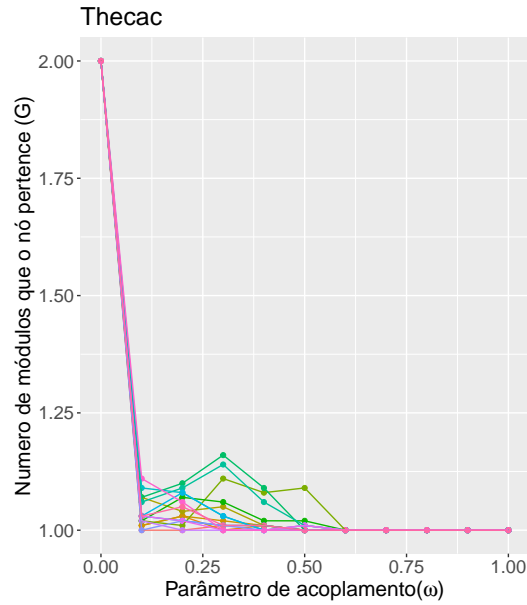
Como temos dados em 3 dimensões $(\overline{G}, \omega, \gamma)$ temos algumas formas diferentes para apresentar os valores de \overline{G} em relação a ω e γ , não sei dizer se devemos usar uma delas, as três ou alguma outra. A figura 9 mostra curvas de decaimento de \overline{G} por ω para diferentes nós com diferentes valores de G_{norm} e para diferentes valores de γ . A figura 10 mostra a superfície 3D formada por \overline{G} em relação a ω e γ . A figura 11 mostra a mesma superfície da figura 10 mas no formato de mapa de calor.



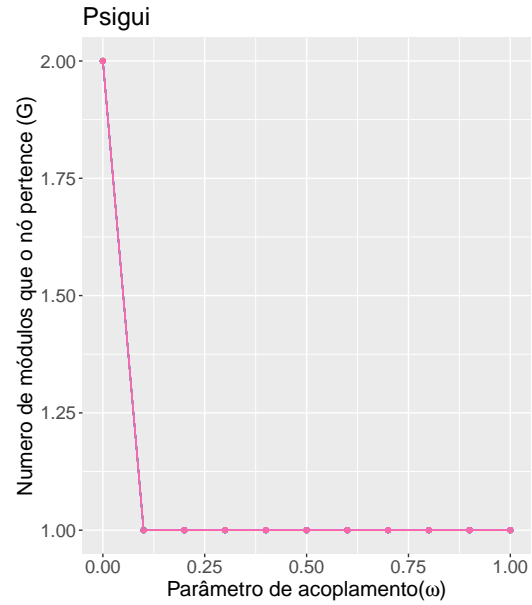
(a) Artjam . $G_{norm} = 1.548$



(b) Syzjam . $G_{norm} = 1.538$

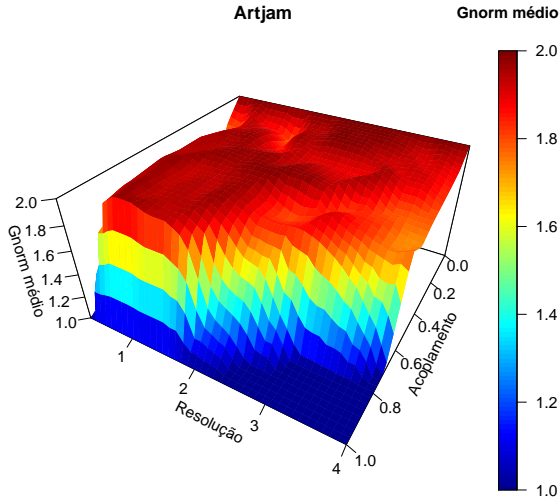


(c) Thecac . $G_{norm} = 0.990$

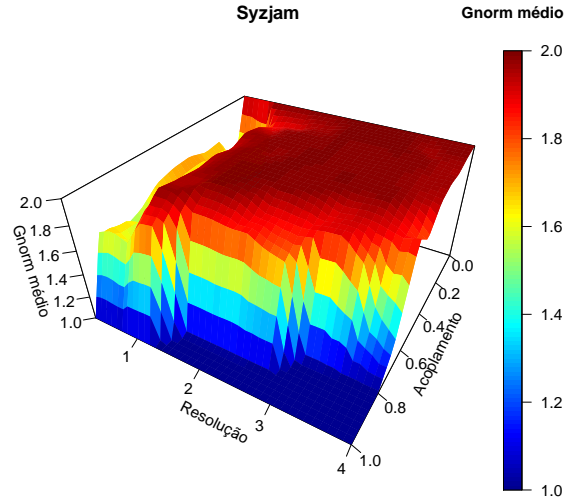


(d) Psigui . $G_{norm} = 0.978$

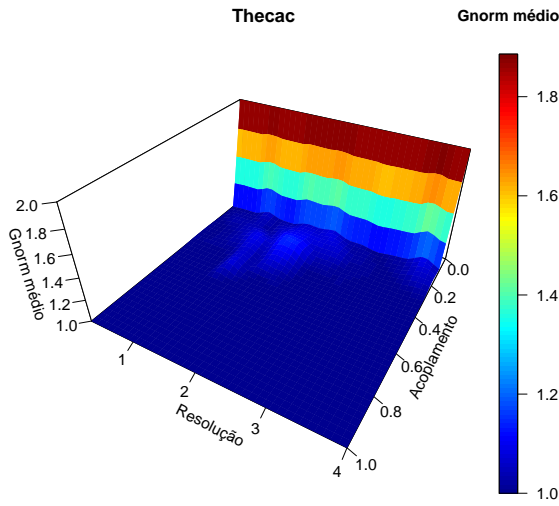
Figura 9: Exemplos de curvas do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Curvas de \bar{G} da espécie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Curvas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



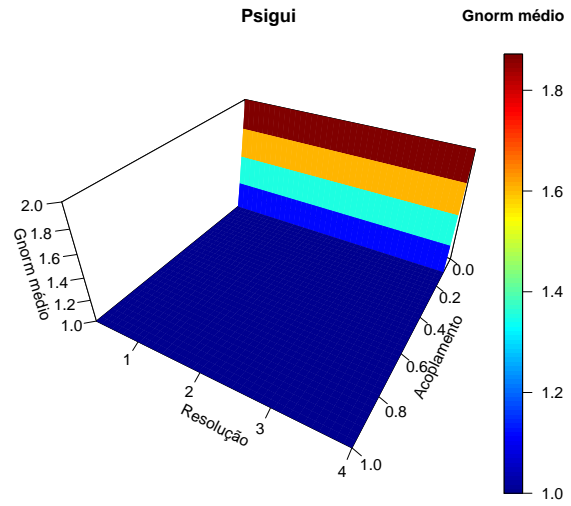
(a) Artjam . $G_{norm} = 1.548$



(b) Syzjam . $G_{norm} = 1.538$

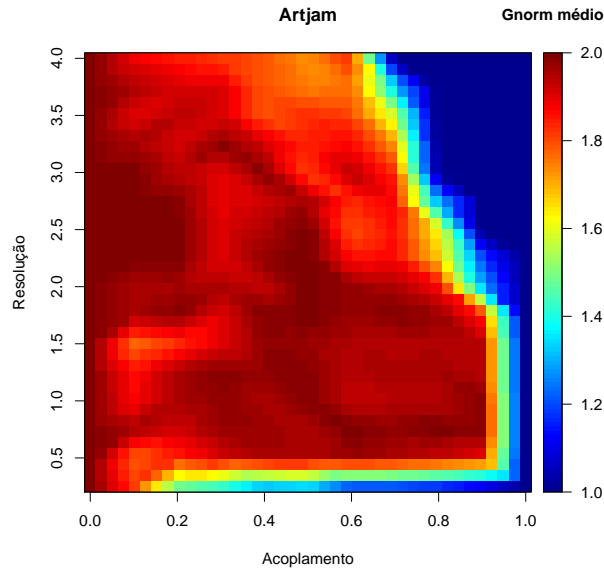


(c) Thecac . $G_{norm} = 0.990$

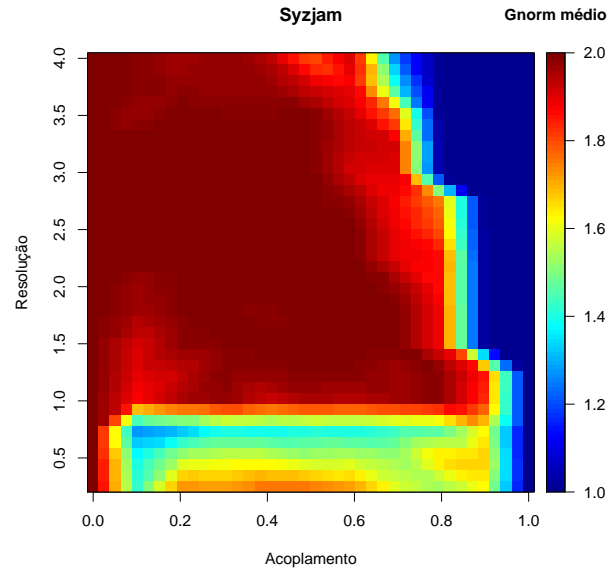


(d) Psigui . $G_{norm} = 0.978$

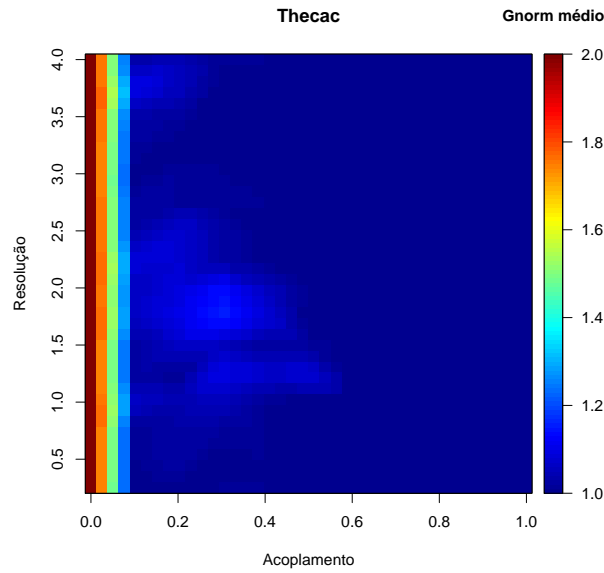
Figura 10: Exemplos de superfícies do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Morcegos-plantas . (a) Superfície de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede.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



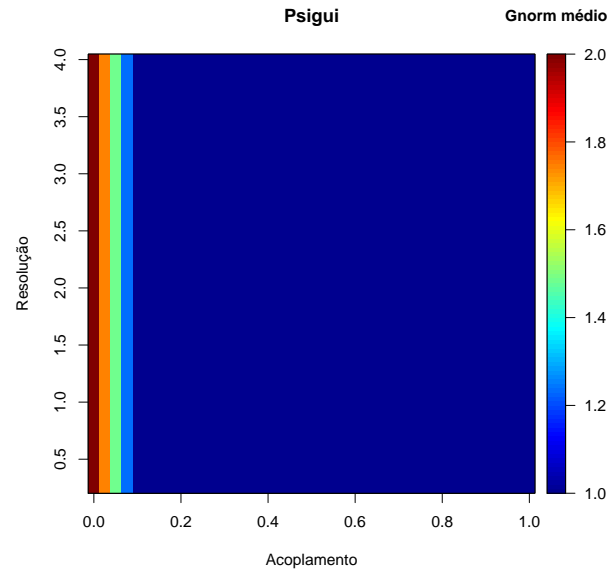
(a) Artjam . $G_{norm} = 1.548$



(b) Syzjam . $G_{norm} = 1.538$



(c) Thecac . $G_{norm} = 0.990$



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

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 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) 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.

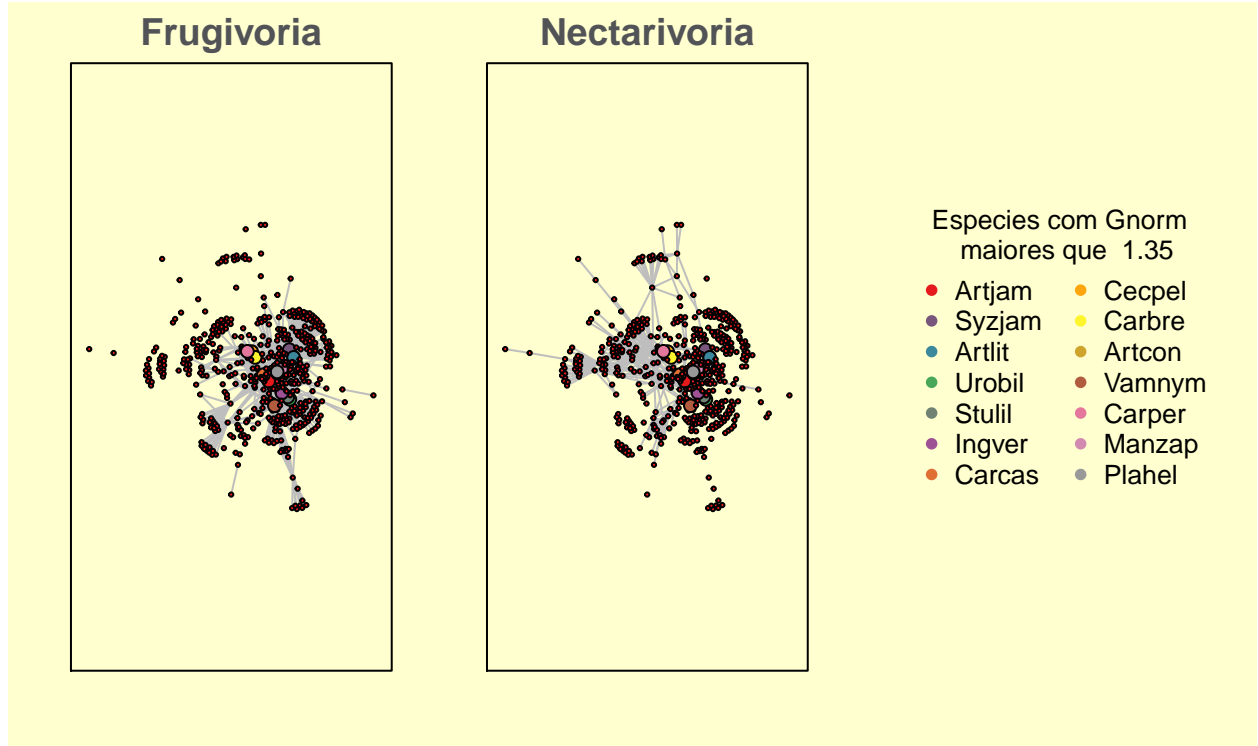


Figura 12: Espécies com G_{norm} maiores que 1.35 em destaque de tamanho e cor.

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 (Costa et al., 2016) possui 5 camadas (Fruta , Flor , EFN , Tropho e Visita), 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	Fruta , Flor , EFN , Tropho e Visita
Número de nós	108
Número de conexões	370

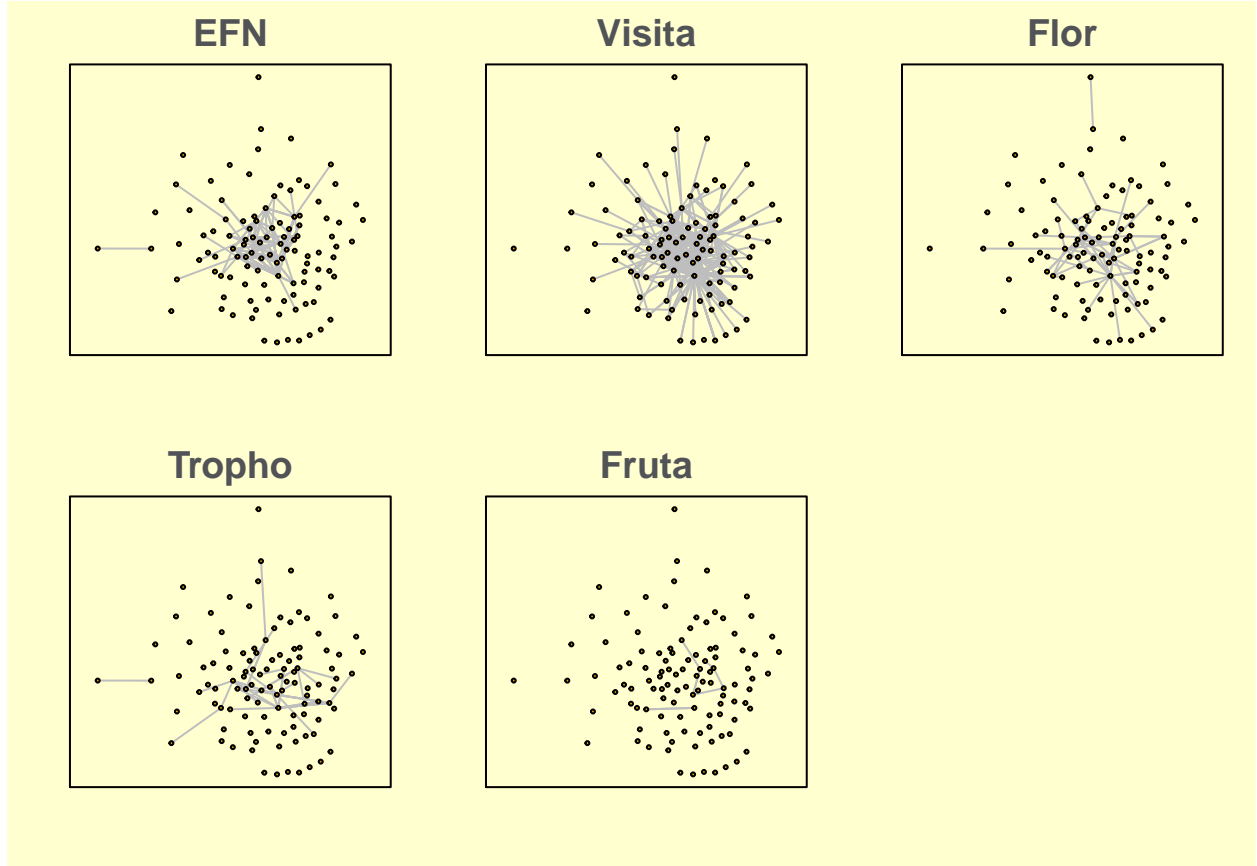


Figura 13: Visão geral da rede Formigas-planta .

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 execucao

Parâmetro	Valor
Iterações	100
Partições de omega	10

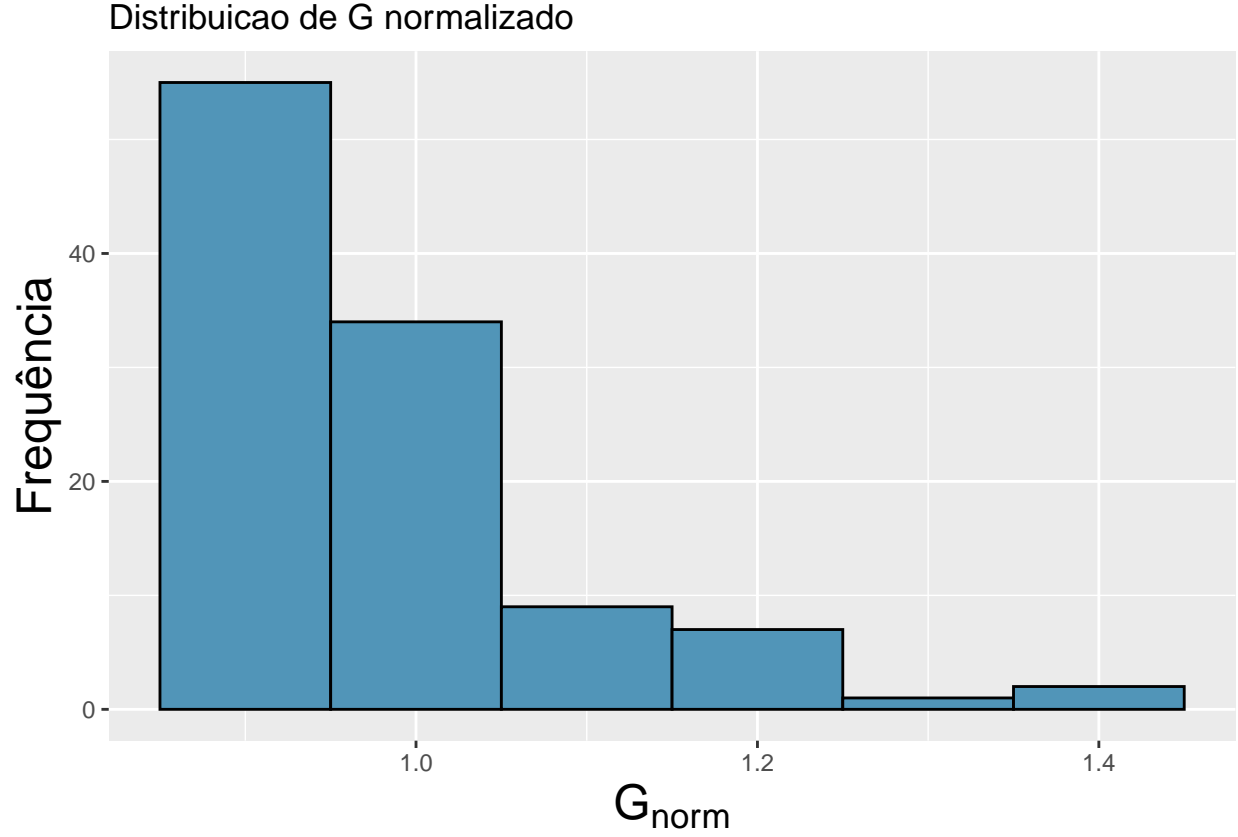
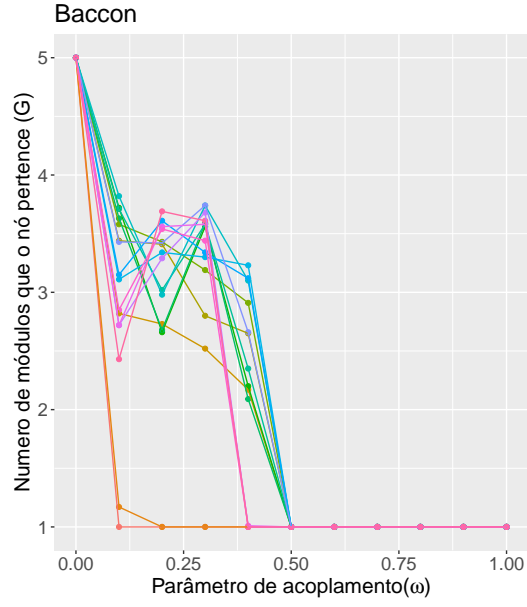


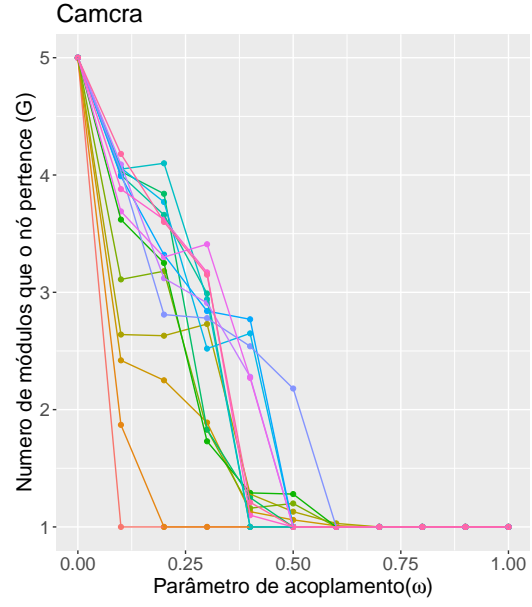
Figura 14: Distribuição de G_{norm} médio da rede Formigas-planta .

10.2 Variação de \overline{G} por ω

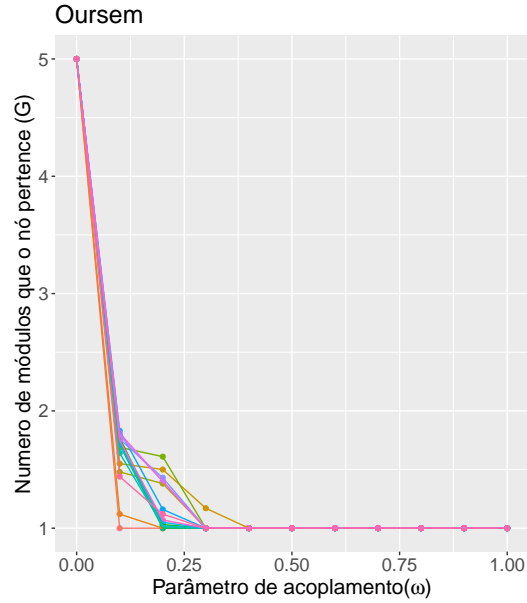
Como temos dados em 3 dimensões $(\overline{G}, \omega, \gamma)$ temos algumas formas diferentes para apresentar os valores de \overline{G} em relação a ω e γ , não sei dizer se devemos usar uma delas, as três ou alguma outra. A figura 15 mostra curvas de decaimento de \overline{G} por ω para diferentes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



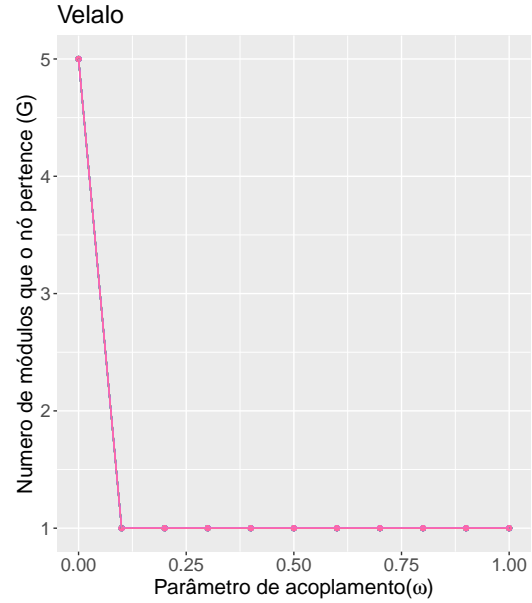
(a) Baccon . $G_{norm} = 1.386$



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

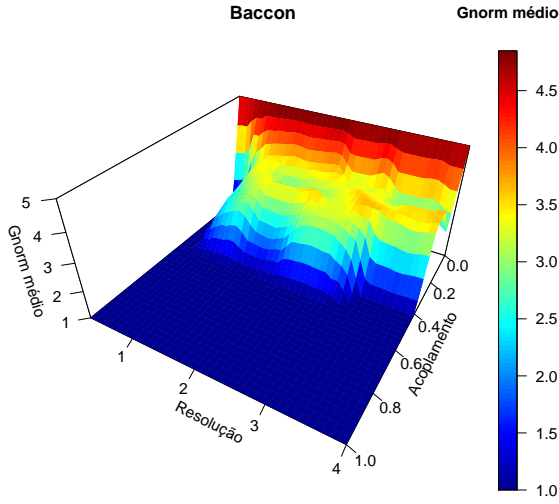


(c) Oursem . $G_{norm} = 0.997$

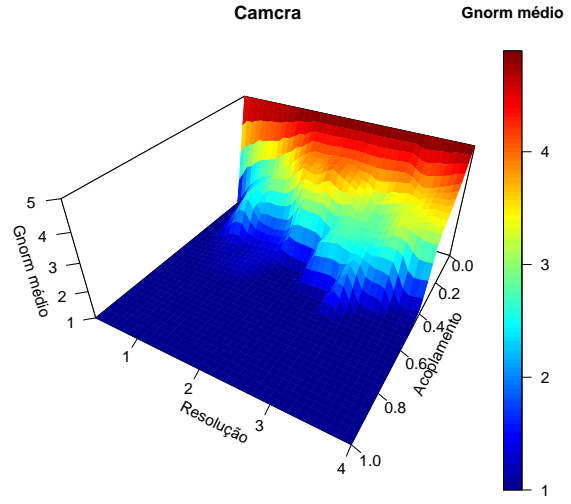


(d) Velalo . $G_{norm} = 0.945$

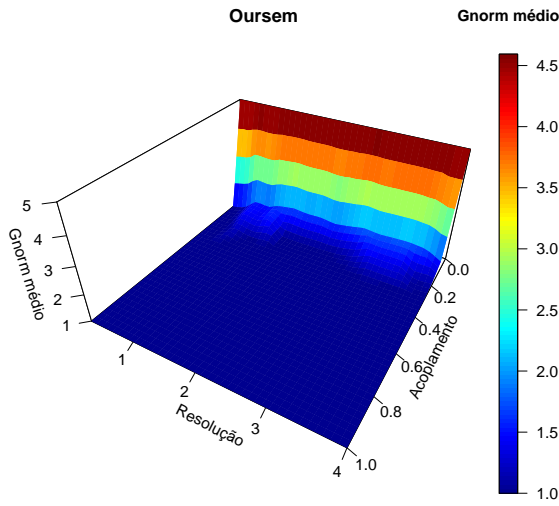
Figura 15: Exemplos de curvas do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Curvas de \bar{G} da espécie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede. (d) Curvas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



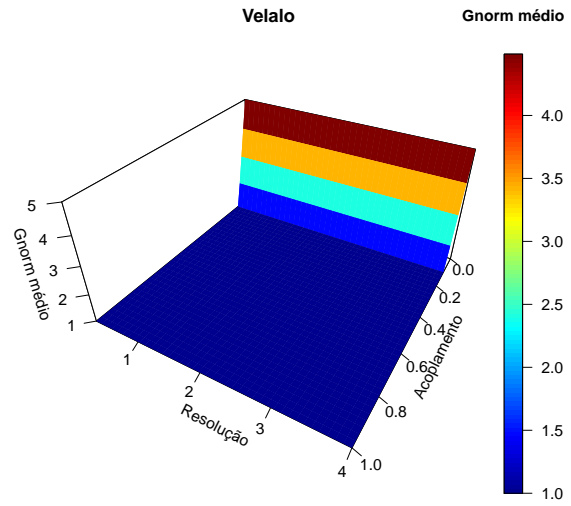
(a) Baccon . $G_{norm} = 1.386$



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

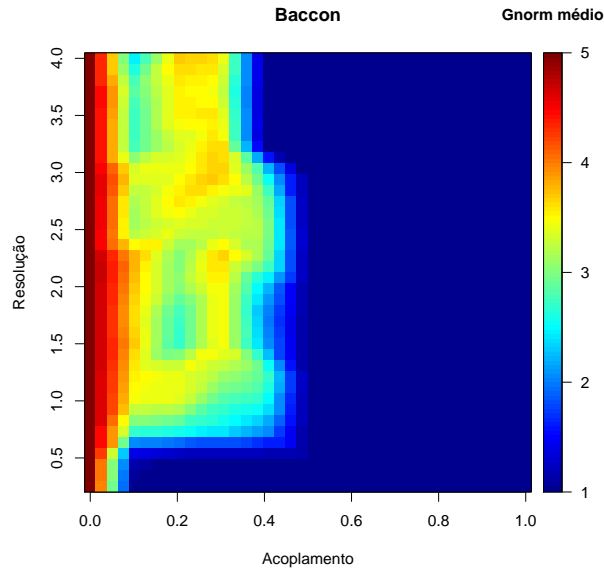


(c) Oursem . $G_{norm} = 0.997$

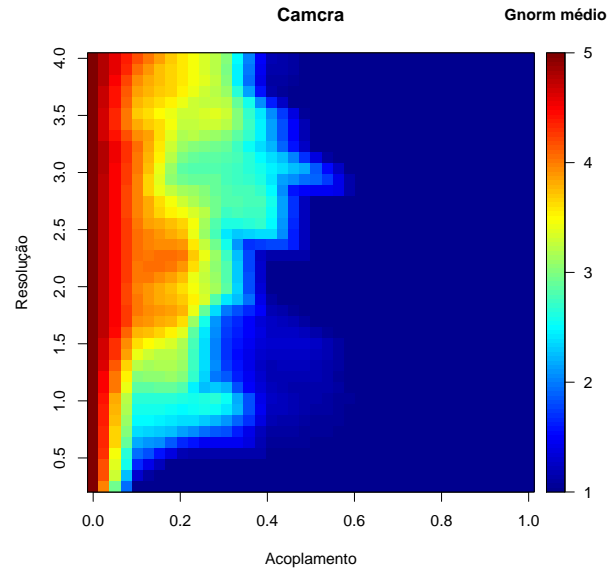


(d) Velalo . $G_{norm} = 0.945$

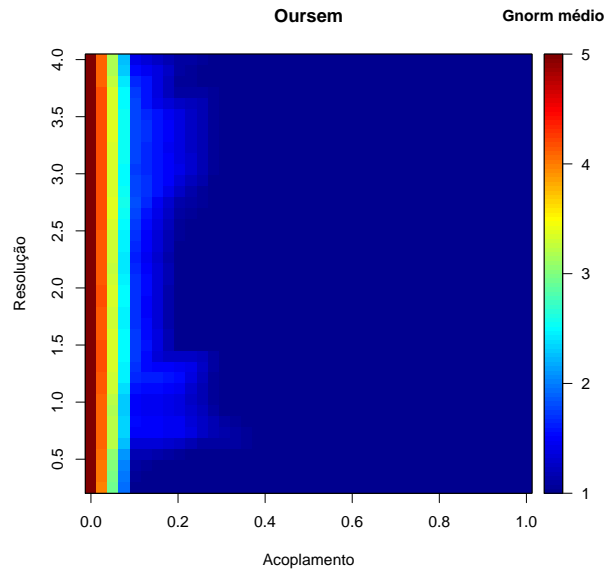
Figura 16: Exemplos de superfícies do decaimento de \bar{G} em relação a ω e γ para diferentes valores de γ da rede Formigas-planta . (a) Superfície de \bar{G} da especie com maior valor de G_{norm} da rede. (b) Segundo maior valor de G_{norm} . (c) Valor de G_{norm} mais proximo da média geral da rede.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



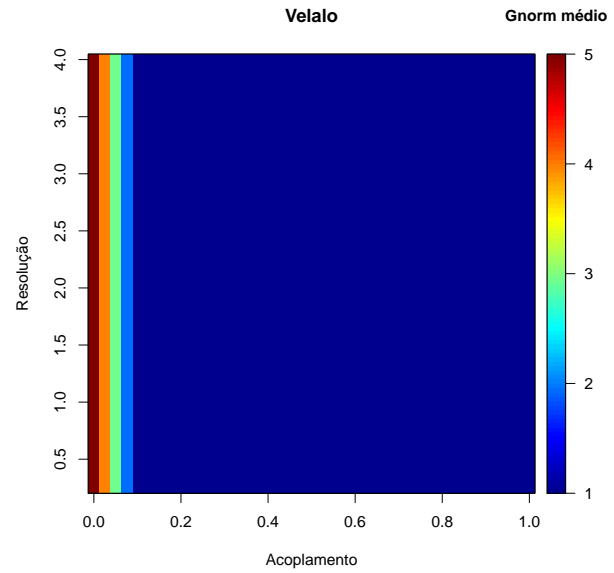
(a) Baccon . $G_{norm} = 1.386$



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



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



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

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 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) 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.

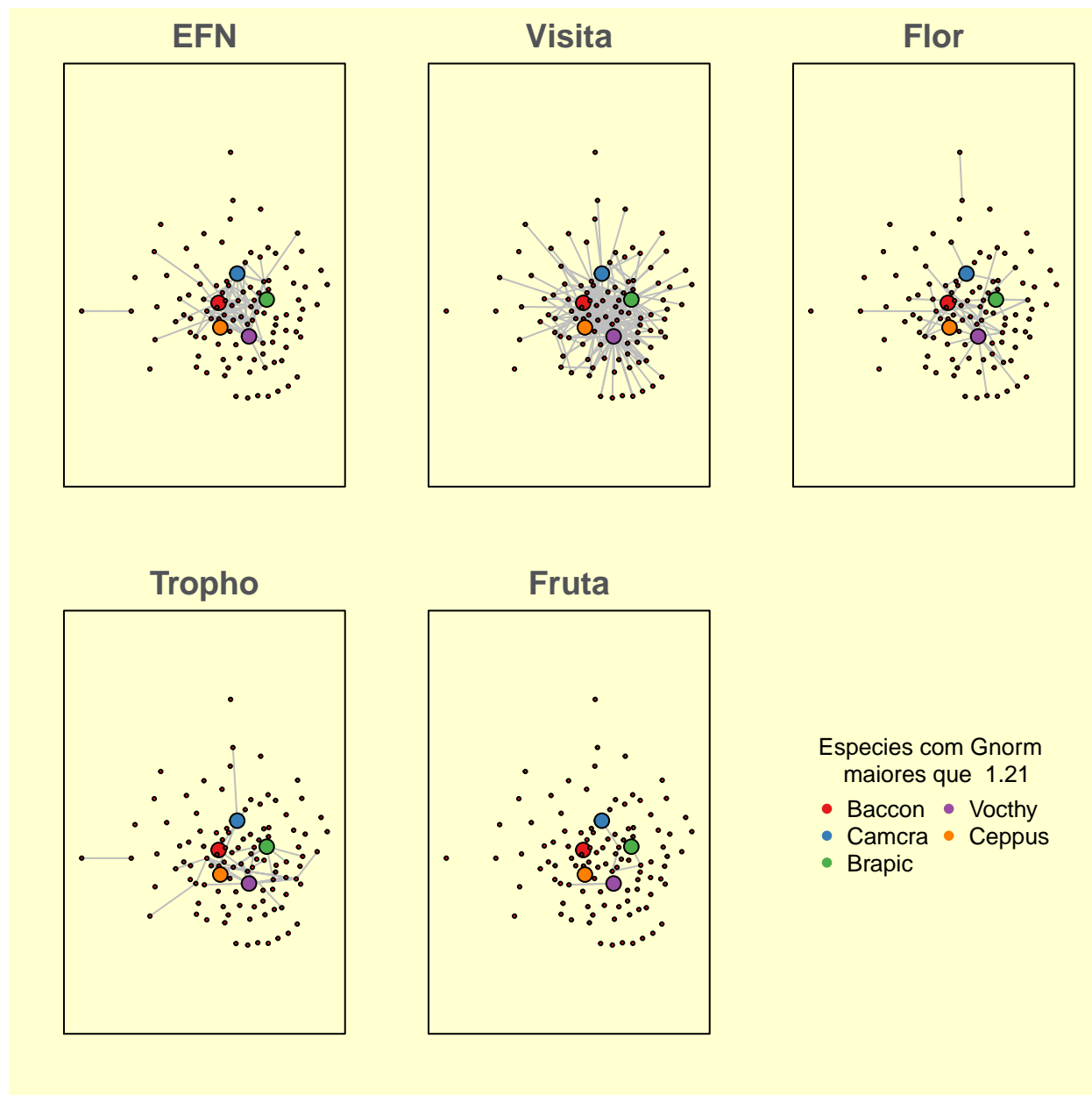


Figura 18: Espécies com G_{norm} maiores que 1.21 em destaque de tamanho e cor.

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

Espécie	G_{norm}
Baccon	1.386
Camcra	1.355
Brpic	1.341
Vochy	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 número de 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[*Aumentar o número de redes analisadas para dar mais robustez para o resultado quando fizer o texto final, caso essas análises sejam realmente incluídas no texto final, este é apenas um teste].

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.

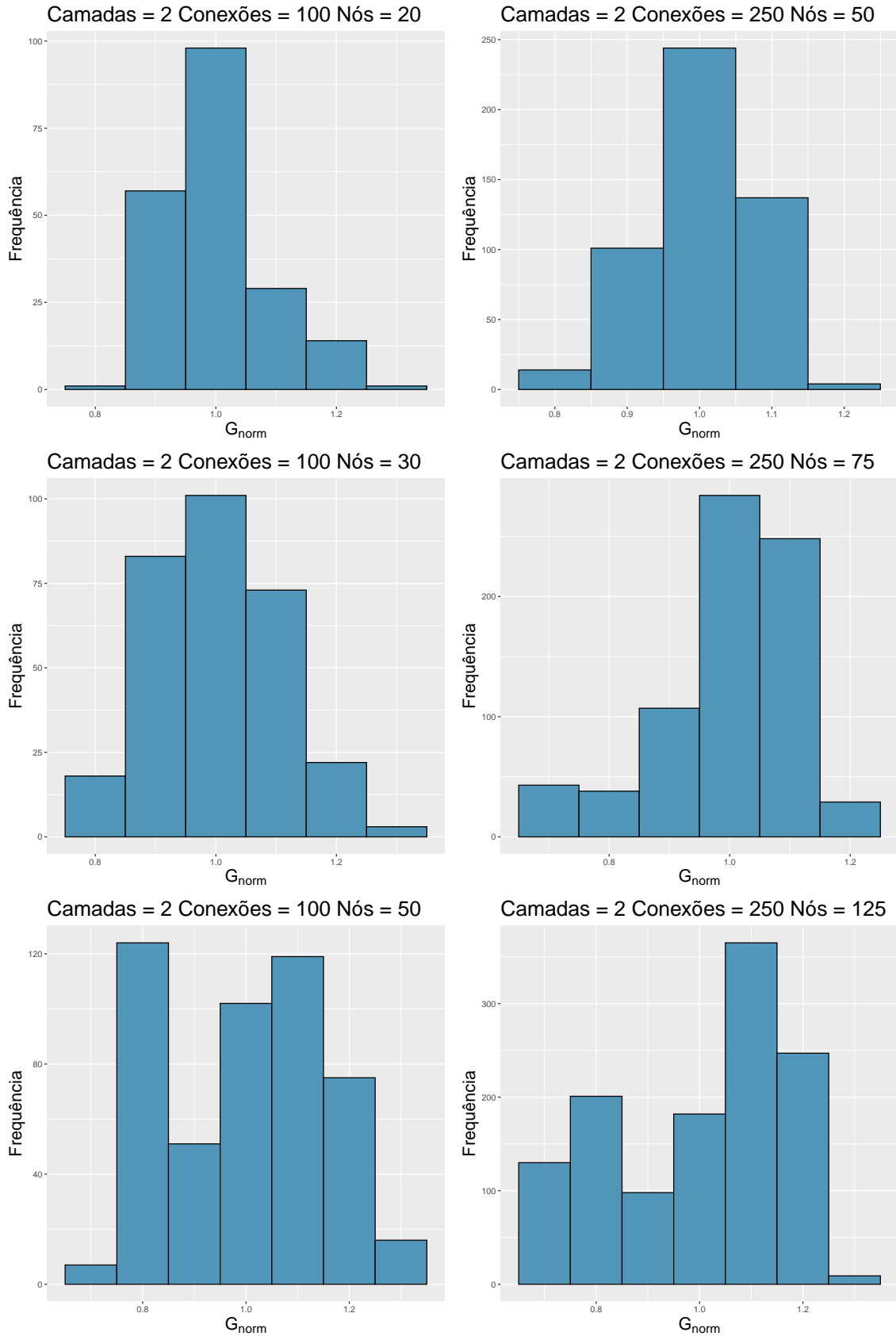


Figura 19: Distribuição de G_{norm} para o grupo de redes de duas camadas.

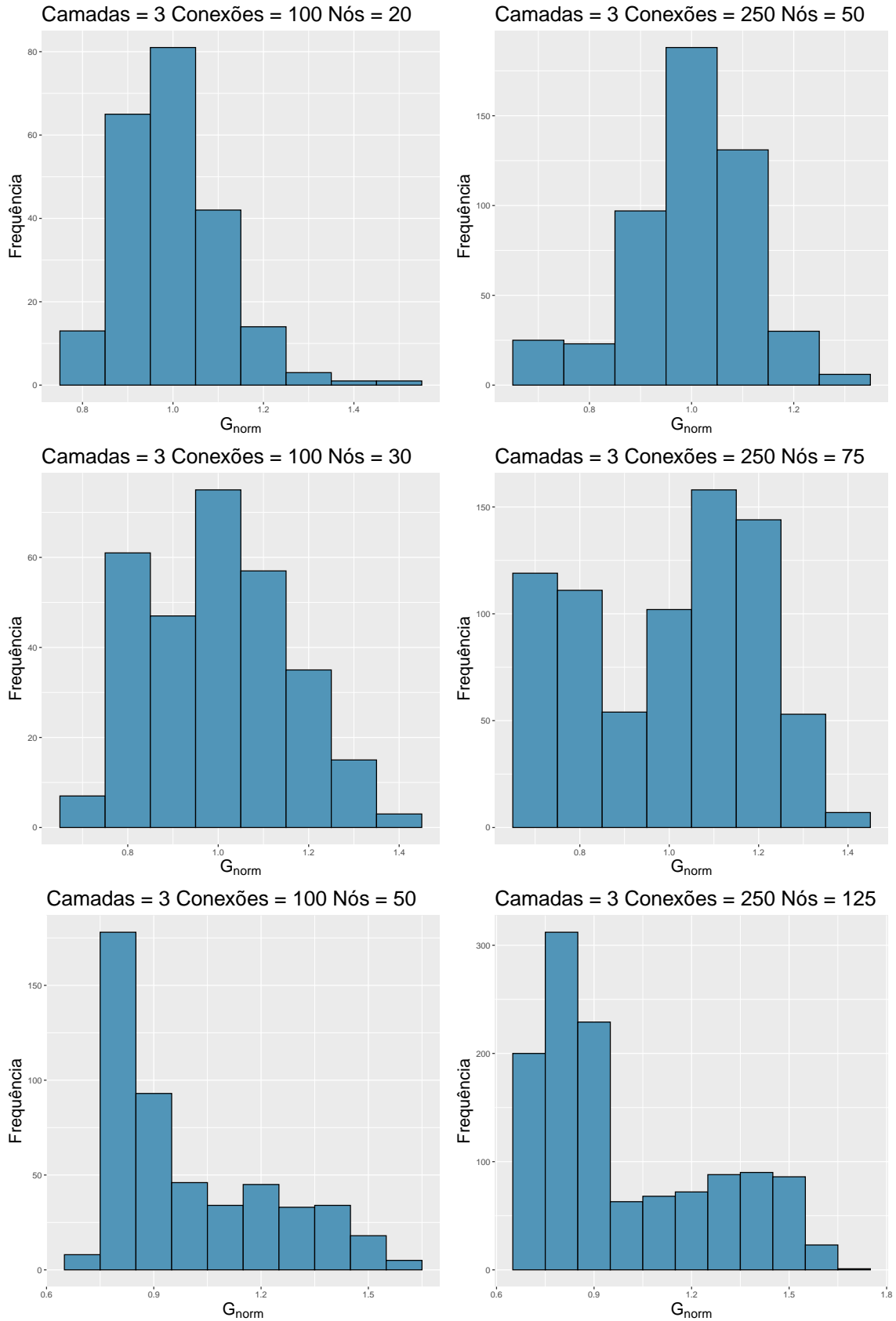


Figura 20: Distribuição de G_{norm} para o grupo de redes de três camadas.

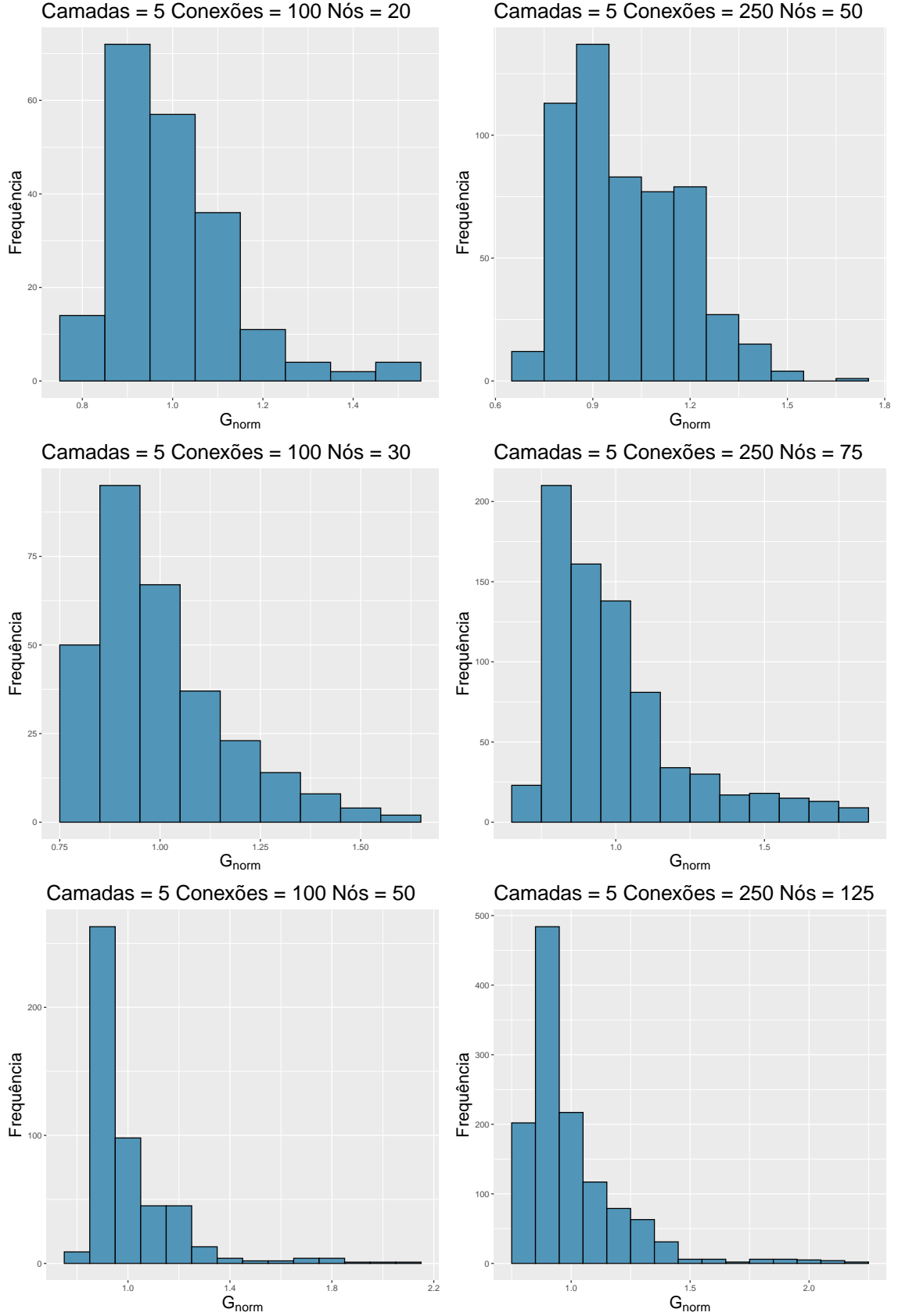


Figura 21: Distribuição de G_{norm} para o grupo de redes de cinco camadas.

12 Comparação entre nós com alto G_{norm} com nós centrais da rede agregada

Os nós que possuem maiores valores de G_{norm} parecem ser nós que possuem uma importância diferenciada dentro da rede, pois, ao permanecerem em diferentes grupos em diferentes camadas, mesmo após o aumento do acoplamento, mostra que os nós possuem uma relação mais igualitária entre diferentes grupos em camadas diferentes, o que os tornam nós com potencial de bons conectores entre diferentes grupos em camadas diferentes da rede.

Uma outra métrica que busca classificar as espécies mais importantes dentro de uma rede é a centralidade [ref?]. Se compararmos os nós mais centrais de uma rede com os nós com maior G_{norm} , podemos verificar a relação entre as métricas.

Existem vários tipos de centralidade diferentes, calculadas usando diferentes parâmetros como base. Neste trabalho vamos comparar quatro delas com os nós que possuem alto G_{norm} . São elas: *Closeness* [ref?], *Betweenness* [ref?], *Eigen Vector* [ref?] e *Degree* [ref?]. Estas centralidades são calculadas sobre a rede multicamada agregada mantendo os links duplos, caso existam.

Duas formas de comparação foram usadas. Uma que se trata apenas de uma comparação binária, levando em conta apenas o número de nós em comum entre as centralidades e alto G_{norm} . Outra que leva em conta a distância entre rankings (posições) dos nós selecionados entre os mais centrais e altos valores de G_{norm} .

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 ordenados 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 basta adicionarmos 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.

12.1 Comparação das centralidades com alto G_{norm} para a rede Morcegos-Plantas

Comparando as 10 espécies melhores ranqueadas pelas centralidades *Closeness*, *Betweenness*, *Eigen Vector* e *Degree* com as 10 melhores ranqueadas segundo os valores de G_{norm} vimos que existem 7 espécies que também estão presentes em ao menos uma das centralidades avaliadas. Três espécies que estão entre as 10 melhores ranqueadas pelos valores de G_{norm} e não estavam 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 e únicas.

Tabela 9: Nós ordenados de forma decrescente de acordo com seus valores de centralidade e G_{norm} para a 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	Cecobt	Cecpel	Artlit	Mactin	Manind	Manzap	Piparb	Carpap
0.000822	0.000792	0.000787	0.000767	0.000765	0.000755	0.000746	0.000743	0.000740	0.000737
Betweenness									
Artjam	Carper	Artlit	Glosor	Stulil	Lepcur	Ceipen	Anocau	Syzjam	Stulud
0.3035	0.2642	0.1523	0.1441	0.1334	0.0803	0.0700	0.0697	0.0555	0.0552
Eigen Vector									
Artjam	Carper	Artlit	Stulil	Cecpel	Glosor	Carcas	Cecobt	Manzap	Ficins
1.0000	0.8626	0.8017	0.3961	0.3685	0.3119	0.2744	0.2690	0.2664	0.2603
Degree									
Artjam	Carper	Artlit	Stulil	Glosor	Carcas	Lepcur	Phyhas	Anocau	Carbre
149	138	112	72	65	44	43	40	30	29
Gnorm									
Artjam	Syzjam	Artlit	<i>Urobil</i>	Stulil	<i>Ingver</i>	Carcas	Cecpel	Carbre	<i>Artcon</i>
1.5483	1.5385	1.5092	1.4877	1.4692	1.4321	1.4014	1.4010	1.3917	1.3908

A similaridade binária entre as 10 melhores ranqueadas pelos valores de G_{norm} e as

10 melhores ranqueadas pelas centralidades avaliadas ficou entre 30% e 50%, ficando menos similar à centralidade *Closeness* e mais similar às centralidades *Eigen Vector* e *Degree* (tabela 10).

Levando em conta a distância entre os rankings para calcular a similaridade, tivemos resultados parecidos, com menor similaridade entre G_{norm} e à centralidade *Closeness* ($Sim_{dist} = 0.153$), e mais similar às centralidades *Eigen Vector* ($Sim_{dist} = 0.375$) e *Degree* ($Sim_{dist} = 0.350$) (tabela 11).

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

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.3	0.4	0.5	0.5

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

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.153	0.313	0.375	0.350

12.2 Comparação das centralidades com alto G norm para a rede Formigas-Plantas

Comparando as 10 espécies melhores ranqueadas pelas centralidades *Closeness*, *Betweenness*, *Eigen Vector* e *Degree* com as 10 melhores ranqueadas segundo os valores de G_{norm} vimos que existem 4 espécies que também estão presentes em ao menos uma das centralidades avaliadas. Seis espécies que estão entre as 10 melhores ranqueadas pelos valores de G_{norm} e não estavam 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 e únicas.

A similaridade binária entre as 10 melhores ranqueadas pelos valores de G_{norm} e as 10 melhores ranqueadas pelas centralidades avaliadas ficou entre 20% e 40%, ficando menos similar à centralidade *Closeness* e mais similar à centralidade *Betweenness* (tabela 10).

Levando em conta a distância entre os rankings para calcular a similaridade, tivemos resultados parecidos, com menor similaridade entre G_{norm} e à centralidade *Closeness* ($Sim_{dist} = 0.053$), e mais similar à centralidade *Betweenness* ($Sim_{dist} = 0.114$) (tabela 11).

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									
Ceppus	Camruf	Baccon	Velniv	Barfla	Velcor	Symret	Chapap	Bracor	Myrmon
0.005208	0.004464	0.004425	0.004425	0.004386	0.004386	0.004348	0.004274	0.004237	0.004237
Betweenness									
Ceppus	Bracor	Camcra	Symret	Brapic	Camruf	Velniv	Chapap	Baccon	Myrmon
0.534950	0.128619	0.122119	0.097949	0.083113	0.077501	0.077331	0.070075	0.065702	0.063788
Eigen Vector									
Ceppus	Chapap	Symret	Barfla	Baccon	Bracor	Myrmon	Byrsp1	Velniv	Crosp1
1.000000	0.455778	0.414024	0.390773	0.334106	0.319351	0.305372	0.254429	0.248246	0.242607
Degree									
Ceppus	Bracor	Camruf	Camcra	Symret	Chapap	Baccon	Velniv	Barfla	Myrmon
294	94	81	80	60	58	47	47	46	46
Gnorm									
Baccon	Camcra	<i>Brapic</i>	<i>Vocthy</i>	Ceppus	<i>Camley</i>	<i>Dorgoe</i>	<i>Remfer</i>	Byrsp1	<i>Brasp1</i>
1.386172	1.354869	1.340810	1.235132	1.221853	1.200063	1.192447	1.189014	1.180905	1.152569

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

Closeness	Betweenness	Eigen Vector	Degree
0.2	0.4	0.3	0.3

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
0.053	0.114	0.090	0.068

13 Discussão preliminar

Nas duas redes reais estudadas, a distribuição dos valores de G_{norm} está como esperado, poucas espécies acima da média da rede e muitas espécies próximas da média ou abaixo dela. Isso mostra que apenas poucas espécies atingem valores altos de G_{norm} , sendo essa uma característica não comum entre nós das redes ecológicas estudadas, assim como altos valores de centralidade.

A distribuição de G_{norm} para redes puramente aleatórias não apresentou a mesma forma de distribuição que a observada para as redes Morcegos-Plantas e Formigas-Plantas, especialmente para redes de duas camadas (figura 19). [*Obs: Suspeito que seja devido a alguma propriedade das redes ecológicas, já que uma rede puramente aleatória não reflete necessariamente a estrutura de uma rede ecológica*] Mas parece existir uma tendência de a distribuição de G_{norm} convergir para uma distribuição mais similar a distribuição vista nas redes ecológicas estudadas ao aumentarmos o número de camadas e nós. [*Suspeito que isto ocorra devido ao fato de que quando aumentamos o número de camadas, naturalmente os valores de G_{norm} aumentem, pois existe a possibilidade de um nó conectar mais camadas ao mesmo tempo, porém, esses valores mais altos possíveis também se tornam raros, fazendo com que a distribuição tenda para um número pequeno de altos valores de G_{norm}*]

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 robusto 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 dentro de um grande universo de parâmetros de resolução, além de obter as espécies importantes de uma forma mais generalizada.

Caso exista uma variação significativa de G_{norm} em relação a γ , podemos concluir que as espécies com alto G_{norm} possuem importância relativa a resolução, ou seja, espécies podem ter sua centralidade aumentada ou diminuída caso estejamos interessados em grupos maiores ou menores.

Quando avaliamos as 10 espécies mais bem ranqueadas das redes Morcegos-Planta e Formigas-Planta, vimos que as espécies com altos valores de G_{norm} possuem uma intersecção razoável com as espécies centrais das redes de Formigas-Plantas (20% - 40%) e Morcegos-Plantas (30% - 50%). Isto é interessante, já que o ranqueamento das espécies foi feito levando em conta a resistência de cada espécie ao parâmetro de acoplamento entre camadas ω , algo muito diferente dos métodos de centralidade tradicionais. Apesar das diferenças, era

esperado de certa forma que os parâmetros que regem as métricas de centralidade, como grau, caminho mais curtos entre dois nós, entre outros, também influenciassem o ranqueamento dos nós pelos valores de G_{norm} , pois nós com atributos centrais possuem mais chances de serem bons conectores entre camadas naturalmente.

Algo ainda mais interessante que a similaridade entre as melhores ranqueadas entre centralidades e G_{norm} , são as diferenças. As espécies selecionadas apenas pelos valores de G_{norm} e que não foram selecionadas pelas centralidades estudadas podem ser espécies que possuem certo tipo de importância dentro da rede e não foram detectadas pelas métricas de centralidades avaliadas nesse trabalho. Caso essas espécies sejam realmente importantes, isso pode reforçar a importância de usarmos redes multicamadas, pois essa métrica só existe avaliando a rede multicamada. *[As espécies que são unicamente selecionadas pelo G_{norm} possuem características especiais/únicas? Possuem importância significativa na rede? Espécies ponte?]*

14 Próximas etapas

- Avaliar redes geradas pelo código do Rafael Pinheiro, pois elas refletem melhor a estrutura de uma rede ecológica real.
- Quais camadas o nó conecta.
- Interpretar se as espécies com alto G_{norm} mas não detectadas nas outras centralidades possuem alguma característica que seja importante na área de conexão entre camadas (é esperado que essas espécies tenham uma relação mais equilibrada entre as duas camadas, para que a configuração de conexões permita a permanência em grupos diferentes em camadas diferentes)

15 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>
- 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>
- 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>
- 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, 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>
- 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>

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>