Estructura de Base de datos para el estudio de interacciones abeja planta

Katherine Collao, Joaquin Riquelme, Maureen Murúa

## Base de datos 1.

Organización y creación de base de datos, a partir de las matrices de interacción de redes agregadas.

base\_datos<- list()

### especies

La tabla especies contiene:

* especie: corresponde al nombre cientifico de todas las especies presentes en cada matriz de intracción. Los espacios entre el “género y especie” está separados por un punto. Los nombres cientificos de las abejas, tienen un ID asociado a cada matriz.
* genero: se escribre en minuscula
* familia: se escribre sólo con la 1° letra en mayuscula
* Orden: se escribe sólo la 1° letra en mayuscula

base\_datos$especies<-data.frame(especie=c("Genero especie"),  
 genero=c("Genero"),  
 familia=c("Familia"),  
 orden=c("Orden"))

### DIT

* especie: corresponde al nombre cientifico. Los espacios entre “género y especie” están separados por un punto.
* DIT: se escribe siempre con mayuscula, corresponde la distancia intertegular de las abejas. Es una medida en mm.
* fuente: corresponde a la referencia del paper desde donde obtuve el tamaño corporal.

base\_datos$DIT<-data.frame(especie=c("Genero especie"),  
 DIT=c(3.5),  
 fuente=c("Fuente\_000"))

### G

* especie\_A: corresponde al nombre cientifico de las especie presentes en la matriz de interacción. Para las abejas, el nombre tiene un ID asociado a la matriz de origen.
* G: corresponde al grado o número de links entre abejas y plantas
* G\_rel: corresponde al grado relativo de cada abeja dentro de una matriz (hasta el momneto el G\_rel se ha calculado sólo en función de las abejas)
* G\_z: corresponde a la normalización por z\_score del grado (G)

base\_datos$G<-data.frame(especie\_A=c("Genero especie"),  
 G=c(3.5),  
 G\_re=c(5),  
 G\_z=c(0.4),  
 ID=c("M\_000"))

### matrices (formato largo)

* ID : corresponde a la identificación de la matriz, se escribe M\_001. Es un código único.
* plantas: corresponde al nombre científico de las plantas presente en cada matriz de interacción.
* especie: corresponde al nombre científico de todas las especie de polinizadoras presentes en cada matriz de interacción. Los espacios entre el “género y especie” está separados por un punto. Los nombres científicos de las abejas, tienen un ID asociado a cada matriz.
* interacción: el valor de la interacción corresponde a una tasa de visita o a la presencia/ausencia de la interacción en una red cualitativa.

base\_datos$matrices<-data.frame(ID=c("M\_000"),  
 plantas=c("Generop especiep"),  
 especie=c("Genero especie"),  
 interaccion=c(1))

### matrices\_bipartitas (en formato ancho)

* plantas: corresponde al nombre cientifico de las plantas presente en cada matriz de interacción.
* especie\_A: corresponde al nombre cientifico de la 1° especie de abeja que ineractúa con una planta.
* espeices\_B: corresponde al nombre cientifico de a 2° especie de abeja que interactúa con una planta

base\_datos$matrices\_bipartitas<-data.frame(ID=c("M\_000"),  
 plantas=c("Genero especie"),  
 especie\_A=c(1),  
 especie\_B=c(1))

### Ubicacion geografica

ID: corresponde a la identificación de la matriz, se escribe M\_001. Es un código único.

Latitud: se encuentra en formato grados decimales (DD), signo negativo indica hemisferio sur

Longitud: se encuentra en formato grados decimales (DD), signo negativo indica Oeste

País: nombre del país en inglés

Localidad: identificación de la zona de muestreo (dato colectado desde paper)

base\_datos$ubicacion\_geografica<-data.frame(ID=c("M\_000"),  
 Latitud=c(-33),  
 Longitud=c(-71),  
 Pais=c("Chile"),  
 Localidad =c("Localidad 1"))

## Guardar estructura de base de datos

base\_datos

$especies  
 especie genero familia orden  
1 Genero especie Genero Familia Orden  
  
$DIT  
 especie DIT fuente  
1 Genero especie 3.5 Fuente\_000  
  
$G  
 especie\_A G G\_re G\_z ID  
1 Genero especie 3.5 5 0.4 M\_000  
  
$matrices  
 ID plantas especie interaccion  
1 M\_000 Generop especiep Genero especie 1  
  
$matrices\_bipartitas  
 ID plantas especie\_A especie\_B  
1 M\_000 Genero especie 1 1  
  
$ubicacion\_geografica  
 ID Latitud Longitud Pais Localidad  
1 M\_000 -33 -71 Chile Localidad 1

writexl::write\_xlsx(x = base\_datos, path = "base\_datos.xlsx")  
saveRDS(object = base\_datos, file = "base\_datos.RDS")   
rm(base\_datos)