

Talitha Pires



Nome: Talitha da Cunha Pires

Doutoranda pelo Departamento de Zoologia, Instituto de Biociências, USP

Projeto: Efeito da fragmentação sobre a estrutura e dinâmica das redes de interação mutualísticas entre plantas e aves frugívoras na Floresta Amazônica e suas implicações para a conservação ambiental

email: talitha@usp.br

Meus Exercícios

[exercicio1](#) [exercicio2](#) [exercicio3](#) [exercicio4](#) [exercicio5](#) [exercicio6](#)[exercicio7](#) [exercicio9](#)

Proposta de Trabalho Final

Principal

Gerar redes teóricas por meio de matrizes de probabilidade de interação a partir das abundâncias relativas das espécies, da compatibilidade fenotípica (GAPE bico/ tamanho da semente) e da “acessibilidade” (comportamento de forrageio/ frutificação) e comparar com a rede de interação real.

Plano B

Fazer um teste lógico para verificar a congruência entre a matriz de interação planta-animal e uma matriz de distância filogenética (teria que gerar esta matriz a partir de grau de parentesco e inferir quanto a probabilidade de interação, uma vez que espécies de aves mais relacionadas tendem a se alimentar de plantas também mais relacionadas filogeneticamente). Poderia verificar se há uma correlação entre as matrizes.

Comentários das propostas (Leo)

As propostas parecem interessantes e factíveis. Senti falta de uma formalização melhor de como a função pode se aplicar a uma gama maior de análises ecológicas (generalidade). Sugiro que você explique melhor quais são as tarefas necessárias dentro da função, por exemplo: como as matrizes serão comparadas? Algum teste ou índice específico? Defina claramente também os dados de entrada e saída da função, por exemplo: a função retornará algum índice de similaridade, ou o resultado de algum teste de hipótese? Isto facilitará o entendimento sobre a complexidade da função e te ajudará a organizar a construção da mesma.

Proposta Final

Conversando com o professor Leo, resolvi alterar um pouco minha proposta principal e focar em um dos meus objetivos da proposta A: o de gerar matrizes binárias de interação mutualísticas segundo a compatibilidade fenotípica, fornecendo um índice de similaridade entre a matriz esperada e observada.

Input: -tabelas com medidas de dois conjuntos de espécies a serem comparados -matriz de interação observada na natureza

Output: -matriz de interações esperadas a partir de compatibilidade entre as características do conjunto de espécies -Índice de similaridade entre matriz observada e esperada a partir da compatibilidade fenotípica -Grafos bipartidos das matrizes para melhor visualização das interações

Atualmente, existe um conjunto de teorias que visa compreender como os processos evolutivos influenciam e são influenciados pelas interações ecológicas. Para tal, é importante entender como características das espécies envolvidas se relacionam com a estrutura da rede de interação. Vários mecanismos foram propostos com esta finalidade, entre eles, as chamadas, interações proibidas, nas quais, restrições a interações por compatibilidade de características fenotípicas entre as espécies influenciariam no padrão de redes de interações encontrado. O índice de similaridade entre as matrizes observadas e as esperadas por compatibilidade, nos fornece uma medida da contribuição de certas características fenotípicas das espécies no padrão de interação encontrado.

Quanto a generalidade desta proposta ela se aplica a qualquer tipo de interação desde que os dados de entrada tenham uma resposta biologicamente relevante quando comparados pela relação de $< =$ e $> =$ (como largura do bico de aves e comprimento da semente das plantas, tamanho da probóscide de abelhas e comprimento da corola das flores)

Página de Ajuda

<code>makematrix</code>	<code>package: bipartite</code>	R
Documentation		
Gera uma matriz binária de interações com base na compatibilidade fenotípica entre dois conjunto de espécies e a compara com a matriz de interações proveniente de observação empírica		
Description:		
Gera uma matriz binária de interações esperadas a partir da compatibilidade entre medidas morfológicas de dois grupos de espécies e compara com a matriz de interação observada na natureza por meio de um índice de similaridade.		
A função também retorna uma representação gráfica (grafos bipartidos) para visualização das		

interações observadas, esperadas e as interações geradas pela combinação consensual de ambas.

Usage:

```
makematrix = function(dfx,dfy,z,FUN=">=")
```

Arguments:

dfx: tabela com valores de medidas morfológicas atribuídas a um grupo de espécies

(primeira coluna com o nome das espécies e segunda coluna com medidas morfométricas)

dfy: arquivo csv com valores de medidas morfológicas atribuídas a outro grupo de

espécies (segundo mesmo padrão de mesmo de dfx)

z: matriz de interação entre o primeiro grupo de espécies e o outro com base em observações na natureza

FUN: Relação entre os valores das medidas morfológicas de dfx e dfy.

Details:**FUN:**

>=se a hipótese é de que há interação se os valores de dfx são maiores ou iguais aos de dfy

< =se a hipótese é de que há interação se os valores de dfx são menores ou iguais aos de dfy

As medidas morfométricas atribuídas a um grupo de espécies (dfx) serão comparadas as do outro grupo de espécies (dfy) gerando uma matriz binária de possíveis interações que será comparada a uma matriz de interação observada

para as mesmas espécies, gerando um índice de similaridade

Value:

A função retorna:

m: matriz binária de interações esperadas segundo compatibilidade de medidas

n: matriz lógica resultante da combinação consensual das interações encontradas

na natureza e nas interações esperadas

mm: matriz lógica da similaridade entre a matriz esperada e observada

IS: índice da similaridade entre m e z

Grafos da matriz observada, esperada e matriz de consenso

Warning:

A função não lê matrizes com NA devolvendo uma mensagem de erro.

Será necessário baixar o pacote bipartite:

```
library("bipartite")
```

Author:

Talitha Pires Middleton, IB-USP, São Paulo-SP

talithapires@gmail.com

Michel Bieleveld-

Agradeço também a Daniel Caetano pela conversa!

References:

Jordano, P., J. Bascompte and J.M. Olesen. 2003. Invariant properties in coevolutionary networks of plant-animal interactions. *Ecology Letters* 6: 69-81.

See Also:

Para outras propriedades de redes de interação veja o pacote bipartite

Example:

Por favor carregue os arquivos x.csv e y.csv

```
obs=matrix(c(1,1,0,1,0,1,1,0,1,1,0,1,1,0,1,0),4,4) #matriz observada empírica
```

```
bico = read.csv("x.csv", sep=";", header=TRUE) #medidas dos bicos de sp de aves
```

```
semente = read.csv("y.csv", sep=";", header=TRUE) #medidas de sementes de sp de plantas
```

```
makematrix(bico,semente,obs,FUN=">")
```

OU para um exemplo direto use:

```
bicocsv <- "  
NAME;BICO (mm)  
AVE1;13  
AVE2;54  
AVE3;22  
AVE4;90"
```

```
sementecsv <- "  
NAME;SEMENTE (mm)  
PLANTA 1;2  
PLANTA2;30  
PLANTA3;50  
PLANTA4;20"
```

```
con <- textConnection(bicocsv)  
bico <- read.csv(con, sep=";", header=TRUE)  
close(con)
```

```
con <- textConnection(sementecsv)  
semente <- read.csv(con, sep=";", header=TRUE)  
close(con)
```

```
obs=matrix(c(1,1,0,1,0,1,1,0,1,1,0,1,1,0,1,0),4,4)
```

```
makematrix(bico,semente,obs,FUN=">")
```

Código da Função

```
makematrix = function(dfx,dfy,z,FUN=">=")
{
  x = dfx[,2]
  y = dfy[,2]
  mfrow.backup = par()$mfrow
  par(mfrow=c(1,3))
  f = match.fun(FUN)
  if (sum(is.na(x))>0) {stop("Vector x contains NA, please check your
data")}
  if (sum(is.na(y))>0) {stop("Vector y contains NA, please check your
data")}
  m = matrix(rep(0,length(x) * length(y)),length(x),length(y))
  for(r in 1:length(x))
  {
    for(c in 1:length(y))
    {
      if ( f(x[r],y[c]) )
      {
        m[r,c] <- 1
      }
    }
  }
  mm = !(xor(m, z))
  is = sum(mm)/length(mm)
  n = m & z
  a = as.data.frame(z)
  colnames(a) <- dfy[,1]
  rownames(a) <- dfx[,1]
  plotweb(a,method="cca",text.rot="90",labsize=1.5,col.low="green",col.high="y
ellow",col.interaction="blue")
  title(main="Interações observadas")
  b = as.data.frame(m)
  colnames(b) <- dfy[,1]
  rownames(b) <- dfx[,1]
  plotweb(b,method="cca",text.rot="90",labsize=1.5,col.low="green",col.high="y
ellow",col.interaction="blue")
  title(main="Interações esperadas")
  c = as.data.frame(n)
  colnames(c) <- dfy[,1]
  rownames(c) <- dfx[,1]
  plotweb(c,method="cca",text.rot="90",labsize=1.5,col.low="green",col.high="y
ellow",col.interaction="blue")
  title(main="Interações em comum")
  par(mfrow=mfrow.backup)
  return(list(m,n,mm,is))
}
```

Arquivo da Função

[makematrix.r](#)

Arquivos de dados

[x.csv](#) [y.csv](#)

From:

<http://labtrop.ib.usp.br/> - **Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais**

Permanent link:

http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:r2013:alunos:trabalho_final:talitha:start 

Last update: **2020/07/27 18:46**