Mathias M. Pires

Doutorado em Ecologia na USP. Título da tese: “Redes tróficas do Pleistoceno: estrutura e fragilidade”. Orientado por Paulo Roberto Guimarães Jr.

Meus Exercícios

mathias_01_f

mathias_02_f

mathias_03_f

mathias_04_f

mathias_05_f

mathias_06_f

mathias_07_f

mathias_08_f

mathias_09_f

Proposta de Trabalho Final

Principal

O padrão encaixado ou aninhado (“nestedness”) está entre os padrões mais reportados para a distribuição de espécies em metacomunidades e para a redes de interações entre espécies. Entretanto as métricas que quantificam o grau de aninhamento de matrizes de ocorrência ou interações foram pensadas para matrizes binárias. O objetivo é gerar uma função capaz de calcular o grau de aninhamento em matrizes quantitativas. Essa função lê matrizes quantitativas em um diretório, calcula o índice de interesse e calcula sua significância comparando o valor empírico com uma distribuição do mesmo índice gerada a partir de matrizes simuladas por modelos teóricos.

Comentário

O plano principal é interessante e desafiador. A principio não disponibilize nenhuma alternativa para o usuário. Isso facilita seu trabalho, já que a função é ambiciosa. Seria interessante em um outro momento incluir opções em argumentos para, por exemplo, diferentes cenários nulos (diferentes simulaçÕes para as matrizes). Boa sorte!

— *Alexandre Adalardo de Oliveira 2010/03/31 11:51*

Plano B

As interações entre os elementos de um sistema, como entre as espécies de uma comunidade, pode se representada por uma matriz de adjacência *A* onde os elementos são representados por linhas e colunas. Cada célula *aij* dessa matriz é preenchida por 1 se o elemento *i* interage com *j* e por 0 em caso contrário. Existe uma grande diversidade de medidas e índices que permitem descrever a estrutura dessas matrizes e, portanto, a estrutura do sistema. No entanto, é necessário avaliar se essa estrutura é de fato gerada pelos processos de interesse ou se poderia surgir devido somente ao acaso. Nesse sentido meu objetivo é definir uma função capaz de gerar matrizes teóricas a partir dos parametros (i.e, número de elementos e de interações) de uma matriz empírica. A função gera o número de matrizes determinada pelo usuário e de acordo com o modelo selecionado. São quatro modelos distintos: 1)interações equiprováveis; 2)interações equiprováveis nas linhas; 3)interações equiprováveis nas colunas; 4)probabilidade de interações dependentes o número de interações original. Com um conjunto de matrizes teóricas é posivel então gerar uma distribuição de valores de qualquer estatística de interesse e comparar com o valor empírico.

Página de Ajuda

```
ANODF                package:none                R Documentation

             ANODF: Aninhamento pra matrizes quantitativas



Description:

Calcula o grau de aninhamento de uma matriz quantitativa (quadrada ou não) e
retorna o valor da estatística ANODF (Abundance Nestedness metric based on
overlap and decreasing fill), os valores médios de ANODF calculados a partir
de uma coleção de matrizes teóricas e o intervalo de confiança ao nível de
significância de 5%.

Usage:

ANODF(mat=NULL, nam="matrix.txt", read=TRUE, sort=TRUE, nsim=1000,
nullmodel=TRUE, write.r=TRUE)

Arguments:

mat          objeto que armazena matriz já definida a ser analisada (deve ser
usada com read=FALSE; ler sobre argumento
             read abaixo)
nam          nome de um arquivo txt contendo a matriz de interesse
read         se verdadeiro le matriz indicada por argumento nam; se falso,
função considera a matriz definida no
```

```
            argumento mat.
sort        se verdadeiro ordena matriz de entrada para maximizar
aninhamento. Só usar sort=FALSE caso haja uma razão
            para usar a matriz no formato original
nsim        número de matrizes teóricas geradas
nullmodel   gera matrizes teóricas para teste de significância de ANODF.
(detalhes dos modelos Details)
write.r     se verdadeiro gera arquivo txt contendo resultados.  Cada linha
é o resultado de uma análise


Details:

A métrica ANODF permite avaliar o grau de aninhamento em uma matriz
quantitiva. Para isso são verificadas todos os pares de linhas e colunas na
matriz.  Para cada par de linhas li e lj onde j>i é calculada a porcentagem
de células em lj cujo valor é menor que do que o das células em li na mesmas
posições de colunas. Somente os valores maiores que zero são considerados. A
somatória dessas porcentagens multiplicada por 100 é o grau de aninhamento
das linhas.  O procedimento é o mesmo para colunas.  O aninhamento total é
dado então por:

ANODF = 2*(ANODF(linhas)+ANODF(colunas))/m*(m-1)+n*(n-1),

onde m é número de linhas e n o número de colunas na matriz.  ANODF vai de
0, não aninhada, até 100, completamente aninhada.

O primeiro modelo teórico incluído na função corresponde a uma aleatorização
de cada registro presente na matriz, mantendo portanto o número de
registros.
O segundo modelo corresponde a uma aleatorização da posição dos valores
entre as células da matrize portanto mantém as relações de grandeza entre as
observações.

Value:

Se nullmodel=FALSE, retorna somente o valor empírico

Se nullmodel=TRUE, retorna uma lista de valores

comp1 : valor empírico

comp2 : intervalo de confiança (5%) para modelo 1
comp3 : média para modelo 1

comp4 : média para modelo 2
comp5 : intervalo de confiança (5%) para modelo 2

Warning:

Se não é definida uma matriz usando o argumento mat e o argumento read é
```

```
determinado como falso função não retorna nenhum valor é é retornada
mensagem de erro.

Note:

Se não for especificado o nome da matriz procurada no diretório é
matriz.txt. Caso deseje analisar matrizes com outros nomes use o argumento
nam ou siga as orientações no parágrafo abaixo.

A função pode rodar com dataframe (desde que esteja no formato de uma
matriz) ou matrizes pré-definidas como um objeto que não estão no diretorio.
Nesse caso o nome do objeto deve ser especificado no argumento mat e o
argumento read como FALSE.  Caso read não seja definido a matriz usada será
lida do diretório.

Se argumento write.r=TRUE, também gera um arquivo txt aonde são impressos os
resultados de cada análise em sequência no seguinte formato:
nome da matriz: valor empírico; média para modelo 1, intervalo de confiança
(5%) para modelo 1; média para modelo 2, intervalo de confiança (5%) para
modelo 2;


Author(s):

Mathias Mistretta Pires - Programa de pós-graduação em ecologia,
Universidade de São Paulo.

References:

Almeida-Neto M., Guimaraes, P., Guimaraes, P.R., Loyola, R.D. and Ulrich, W.
(2008). A consistent metric for nestedness analysis in ecological systems:
reconciling concept and measurement. Oikos,117,1227-1239.


Examples:

vec.1=c(5:1)
vec.2=c(4:0)
vec.3=c(3:0,0)
vec.4=c(2:0,rep(0,2))
vec.5=c(1,rep(0,4))
mat=data.frame(vec.1,vec.2,vec.3,vec.4,vec.5)
ANODF(mat=mat,read=false)
#Essa é uma matriz completamente aninhada e, portanto ANODF deve ser igual a
100.

vec.1=rep(5,5)
vec.2=c(rep(4,4),0)
vec.3=c(rep(3,3),0,0)
vec.4=c(rep(2,2),0,0,0)
```

```
vec.5=c(1,rep(0,4))
nested.c=data.frame(vec.1,vec.2,vec.3,vec.4,vec.5)
ANODF(mat=nested.c,read=false)
#Essa é uma matriz com colunas completamente aninhadas, sem aninhamento nas
linhas e, portanto ANODF deve ser igual a 50.
```

Código da Função

```
ANODF=function(mat=NULL, nam="matrix.txt", read=TRUE, sort=TRUE, nsim=1000,
nullmodel=TRUE, write.r=TRUE)
{
  #puxa matriz
  if (read==TRUE)
  {
  mat=read.table(nam,sep="\t",header=FALSE)  #Lê matrix no diretorio
  }
  mat=as.matrix(mat)
  dim=dim(mat)
  m=dim[1]      #numero de linhas
  n=dim[2]      #número de colunas

  #ordenação da matriz a partir dos totais marginais (default)
  if (sort==TRUE)
  {
   rmarg=apply(mat,1,sum)
   cmarg=apply(mat,2,sum)
   rmarg[m+1]=NA
   mat=rbind(mat,cmarg)
   mat=cbind(mat,rmarg)
   mat=mat[,order(mat[m+1,],decreasing=TRUE)]
   mat=mat[order(mat[,n+1],decreasing=TRUE),]
   mat=mat[-(m+1),]
   mat=mat[,-(n+1)]
   }
  #Cálculo do ANODF
  Nc= (n*(n-1))/2      #numero de comparações par a par entre colunas
  Nr= (m*(m-1))/2      #número de comparações par a par entre linhas
  kc=matrix(rep(NA,Nc),nrow=m,ncol=Nc)       #matriz que armazena resultado
de teste lógico das colunas
  kr=matrix(rep(NA,Nr),nrow=Nr,ncol=n)       #matriz que armazena resultado
de teste lógico das linhas
  mat[which(mat==0)]=NA         #substitui 0 por NA para facilitar cálculos

  #Por colunas
  #Qual o número de células com valores menores em colunas à esquerda do que
à direita?
  u=1
  for (i in 1:(n-1))
```

```
  {
   for (l in (i+1):n)
    {
    kc[,u]=mat[,l]<mat[,i]
    u=u+1

    }
  }
  #número de células comparadas
  nij=matrix(NA,nrow=m,ncol=Nc)
  u=1
  for (i in 1:(n-1))
  {
   for (l in (i+1):n)
    {
    nij[,u]=mat[,i]+mat[,l]
    u=u+1

    }
    }
  n.c=apply(nij>0,2,sum,na.rm=TRUE)    #número de células comparadas em cada
par de linhas
  soma.c=apply(kc,2,sum,na.rm=TRUE)    #número de células na coluna a
direita com valores menores que os da coluna a esquerda
  prop.c=soma.c/n.c                    #porcentagem de valores menores dado
o total de comparações
  anodfc=100*sum(prop.c,na.rm=TRUE)    #aninhamento nas colunas

  #Por linhas
  #Qual o número de células com valores menores nas linhas abaixo do que nas
linhas acima?
  u=1
  for (i in 1:(m-1))
  {
   for (l in (i+1):m)
    {
    kr[u,]=mat[l,]<mat[i,]
    u=u+1
    }
   }

  #número de células comparadas
  nji=matrix(NA,nrow=Nr,ncol=n)
  u=1
  for (i in 1:(m-1))
  {
   for (l in (i+1):m)
    {
    nji[u,]=mat[i,]+mat[l,]
    u=u+1
```

```
    }
  }

  n.r=apply(nji>0,1,sum, na.rm=TRUE)    #numero de células comparadas entre
pares de linhas (cada posição um par)
  soma.r=apply(kr,1,sum,na.rm=TRUE)
  prop.r=soma.r/n.r                     #proporção dos valores comparados
que são menores nas linhas mais abaixo
  anodfr=100*sum(prop.r,na.rm=TRUE)     #aninhamento nas linhas


  anodft=(2*(anodfc+anodfr))/((m*(m-1))+(n*(n-1)))   #calcula métrica ANODF

  if (nullmodel==FALSE & write.r==TRUE)       #quando usuário não deseja
rodar modelos teoricos retorna resultado
  {
      write.table (paste(nam,":","ANODF =",anodft),"result.txt",
append=TRUE, col.names=FALSE,row.names=FALSE)
      return (anodft)
  }
  if (nullmodel==FALSE &  write.r==FALSE)
  {
      return (anodft)
  }
  if (nullmodel==TRUE)
  {
     anodft.emp=anodft             #armazena o valor empírico
   #============================================================
   #Modelos teóricos
   #=====================================
   #nullmodel1: aleatorização dos registros
   #=====================================
    mat.bin=mat
    mat.bin[which(mat>0)]=1
    C=sum(mat.bin,na.rm=TRUE)/(m*n)
    N=sum(mat, na.rm=TRUE)
    mod.1=rep(NA,nsim)
     for(l in 1:nsim)
    {
      y=1
      mat.temp=matrix(0,nrow=m,ncol=n)
       while (y<=N)
      {
        i=round(runif(1,1,m))
        j=round(runif(1,1,n))
        p=runif(1,0,1)
        if   (p<C)
        {
         mat.temp[i,j]= mat.temp[i,j]+1
         y=y+1
        }
```

```
      }
       #calcula ANODF para matrizes teoricas
      mod.1[l]=ANODF (mat=mat.temp, read=FALSE,nsim=1, nullmodel=FALSE,
write.r=FALSE)
     }
    mean.1=mean(mod.1)
    quant.1=quantile(mod.1,c(0.025,0.975))
     #====================================
     #nullmodel2: aleatorização dos valores
     #====================================
     mat2=as.numeric(mat)
     mat2=mat2[is.na(mat2)==FALSE]
     lg=length(mat2)
     mod.2=rep(NA,nsim)
    for(u in 1:nsim)
    {
      mat3=mat2
      mat.temp2=matrix(NA,nrow=m,ncol=n)
      y=0
    while (y<lg)
    {
        i=round(runif(1,1,m))
        j=round(runif(1,1,n))
        if (is.na(mat.temp2[i,j])==TRUE)
         {
          v=round(runif(1,1,(lg-y)))     #sorteia um valor da matriz
original
          p=runif(1,0,1)
          if   (p<C)
          {
            mat.temp2[i,j]= mat3[v]
            mat3=mat3[-v]              #Exclui valor já atribuido
            y=y+1
          }
         }
        }
      #calcula ANODF para matrizes teoricas
      mod.2[u]=ANODF
(mat=mat.temp2,read=FALSE,nsim=1,nullmodel=FALSE,write.r=FALSE)
     }
    mean.2=mean(mod.2)
    quant.2=quantile(mod.2,c(0.025,0.975))

    results=list(anodft.emp,mean.1,quant.1, mean.2, quant.2)
    names(results)=c("ANODF","Avg null 1", "IC null 1 (5%)","Avg null 2",
"IC null 2 (5%)")
    if (write.r==FALSE)
    {
    return(results)
    }
```

```
    if (write.r==TRUE)
    {
     write.table(paste(nam,":","ANODF =",round(anodft.emp,2),";","Avg_null
1_ANODF =", round(mean.1,2),",", "IC =", round(quant.1[1],2),"--",
round(quant.1[2],2),";","Avg_null 2_ANODF =", round(mean.2,2),",", "IC =",
round(quant.2[1],2),"--", round(quant.2[2],2)),"result.txt",
sep="\t",col.names=FALSE,row.names=FALSE, append=TRUE)
     return(results)
    }
    }
}
```

Arquivo da Função

ANODF