

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS - CAMPUS SOROCABA
CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS E BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
BACHARELADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

VANESSA ALCANTARA CAMACHO

**Topologia de redes de interações entre aves e plantas no Brasil: nectarivoria na Mata
Atlântica e Cerrado**

SOROCABA - SP
2025

Vanessa Alcantara Camacho

Topologia de redes de interações entre aves e plantas no Brasil: nectarivoria na Mata Atlântica e Cerrado

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de bacharelado em Ciências Biológicas para obtenção do título de Bacharelado em Ciências Biológicas da Universidade Federal de São Carlos.

Área de concentração:

Orientação: Augusto João Piratelli

Sorocaba

2025

Camacho, Vanessa Alcantara

Topologia de redes de interações entre aves e plantas no Brasil:
nectarivoria na Mata Atlântica e Cerrado / Vanessa
Alcantara Camacho -- 2025.

26f.

TCC (Graduação) - Universidade Federal de São Carlos, campus
Sorocaba, Sorocaba

Orientador (a): Augusto João Piratelli

Banca Examinadora: Bárbara Nobrega Rodrigues, Fernando
Rodrigues da Silva

Bibliografia

1. Nectarivoria. 2. Hotspots. 3. Conservação de Biomas.

I. Camacho, Vanessa Alcantara. II. Título.

Ficha catalográfica desenvolvida pela Secretaria Geral de Informática (SIn)

DADOS FORNECIDOS PELO AUTOR

Bibliotecário responsável: Maria Aparecida de Lourdes Mariano - CRB

Forma de aprovação

Vanessa Alcantara Camacho

“Topologia de redes de interações entre aves e plantas no Brasil: nectarivoria na Mata Atlântica e Cerrado”.

Trabalho de Conclusão de Curso

Universidade Federal de São Carlos – *campus* Sorocaba

Sorocaba, 21 de fevereiro de 2025.

Orientador _____
Prof. Dr. Augusto João Piratelli

Membro 1 _____
Prof. Dr. Fernando Rodrigues da Silva

Membro 2 _____
Dra. Bárbara Nóbrega Rodrigues

Membro 3 _____
MSc. Enzo Coletti-Manzoli

AGRADECIMENTO

Agradeço primeiramente aos meus pais por sempre me apoiarem nos estudos, e a mudar de cidade em prol de uma educação superior pública e de qualidade. Agradeço ao meu orientador, Piratelli, pela orientação e todo aprendizado proporcionado ao longo desse estudo. Agradeço também a todas as amigas que fiz no decorrer da graduação, meus queridos amigos da 019, Fofura, Play, Piu, Yang, Léo, que estiveram comigo desde o começo e me viram crescer ao longo desta jornada, o apoio e amizade de vocês foi muito importante. Todas as vivências que temos juntos durante esses anos vão sempre render histórias boas (e muitas vezes engraçadas) a serem contadas. Agradeço, em especial a minha “roomate”, Fofura, que sempre ouviu meus desabafos e esteve presente nos melhores e piores momentos, sem você eu não estaria aqui hoje. Aos meus amigos de classe fisionomios, Giovana, Luccas, Murilo, Jonas, Caíque, Mateus, Vitor, Dota, Gláucia e Gabriel, saibam que sem nossos almoços no restaurante universitário até às 13h59, os dias não vão ser mais os mesmos. Vocês sempre me motivaram a não desistir e me fizeram sempre me tornar uma pessoa melhor, assim como trouxeram momentos de descontração nos dias mais difíceis, conhecer cada um de vocês foi um privilégio proporcionado pela universidade. Agradeço também aos meus colegas de laboratório do LECO, Enzo, Dota e Gi por me ajudarem na IC e me acompanharem no lab. Ao cursinho CEC, agradeço por me fazerem ver a educação como uma forma de mudar o mundo e pelo grande aprendizado a cada aula dada. Por fim, agradeço a UFSCar, o ensino público de qualidade deveria ser um direito de todo cidadão brasileiro, a convivência e o aprendizado da graduação é algo imensurável que vou ser sempre grata.

RESUMO

Os biomas brasileiros Cerrado e Mata Atlântica são dois dos 25 hotspots do planeta, coincidem uma alta concentração de espécies endêmicas e grande perda de habitats. Com o estudo de topologia de redes de interações, é possível identificar propriedades emergentes em nível de comunidade que não são evidentes nas interações entre somente um indivíduo e outro. Neste estudo, analisamos a hipótese de que a Mata Atlântica é mais aninhada, modular, conectada e especializada do que o Cerrado, apresentando valores mais altos para essas métricas em redes de interações mutualísticas de polinização entre plantas e beija-flores. Os dados foram levantados com a busca avançada de artigos publicados na plataforma “Web of Science”. Encontramos 10 artigos publicados de 2007 a 2023 de redes de interações planta-beija-flor, todas as interações foram agrupadas em uma matriz para cada bioma. Utilizando o RStudio (versão 4.4.2), construímos uma rede de interação para cada bioma e realizamos análises estatísticas para comparar as métricas de interesse. Identificamos que as métricas testadas apresentaram valores próximos para cada bioma, porém a maioria apontou valores um pouco mais altos para Mata Atlântica, como esperado. As redes demonstraram ser baixamente aninhadas mas com valores mais altos para Mata Atlântica (Cerrado $wNODF = 1,351$; Mata Atlântica $wNODF = 1,401$), a modularidade foi significativa somente para Mata Atlântica apresentando estrutura modular ($Q = 0,518$). A conectância foi ligeiramente maior para o Cerrado (Mata Atlântica $C = 0,130$; Cerrado $C = 0,158$), e as redes demonstraram ser muito generalistas porém a Mata Atlântica foi um pouco mais especializada (Cerrado $H2' = 0,039$; Mata Atlântica $H2' = 0,044$). Embora as diferenças entre os biomas sejam sutis, a Mata Atlântica tende a exibir maior complexidade estrutural em suas redes de interações planta-beija-flor. No entanto, são necessários mais estudos com um volume maior de dados para confirmar esses padrões e obter resultados mais robustos.

Palavras-chave: Nectarivoria; Biomas brasileiros; Hotspots; Topologia de Redes; Conservação

ABSTRACT

The Brazilian Savanna (Cerrado) and Atlantic Forest are two of the 25 global biodiversity hotspots, characterized by a high concentration of endemic species and significant habitat loss. Through the study of interaction network topology, it is possible to identify emergent properties at the community level that are not evident in interactions between individual organisms. In this study, we tested the hypothesis that the Atlantic Forest is more nested, modular, connected, and specialized than the Cerrado, exhibiting higher values for these metrics in mutualistic plant-hummingbird pollination networks. Data were collected through an advanced search of articles published on the Web of Science platform. We found 10 articles published between 2007 and 2023 on plant-hummingbird interaction networks, and all interactions were grouped into a matrix for each biome. Using RStudio (version 4.4.2), we constructed an interaction network for each biome and performed statistical analyses to compare the metrics of interest. We found that the tested metrics showed similar values for both biomes, although most were slightly higher for the Atlantic Forest, as expected. The networks exhibited low nesting but higher values for the Atlantic Forest (Cerrado $wNODF = 1.351$; Atlantic Forest $wNODF = 1.401$). Modularity was significant only for the Atlantic Forest, indicating a modular structure ($Q = 0.518$). Connectance was slightly higher for the Cerrado (Atlantic Forest $C = 0.130$; Cerrado $C = 0.158$), and the networks were highly generalist, though the Atlantic Forest was slightly more specialized (Cerrado $H2' = 0.039$; Atlantic Forest $H2' = 0.044$). Although the differences between the biomes are subtle, the Atlantic Forest tends to exhibit greater structural complexity in its plant-hummingbird interaction networks. However, further studies with larger datasets are needed to confirm these patterns and obtain more robust results.

Keywords: Nectarivory; Brazilian biomes; Hotspots; Network Topology; Conservation.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	8
2 MÉTODOS	10
2.1 COLETA DE DADOS.....	11
2.2 ANÁLISE DOS DADOS.....	12
3 RESULTADOS	13
4 DISCUSSÃO	18
5 CONCLUSÃO	21
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	23
7 APÊNDICES	28

1. INTRODUÇÃO

O uso dos recursos naturais pela humanidade tornou-se um tema cada vez mais relevante ao longo das décadas, tendo a revolução industrial como o marco temporal das mudanças nas relações de produção na sociedade, provocando também transformações na relação do homem com a natureza sentidas até os dias de hoje (FRIEDE, 2020). Com o aumento populacional humano, surgimento de novas tecnologias industriais e o aumento do consumo da sociedade, o cenário de degradação ambiental foi se intensificando, pois com o uso indiscriminado de recursos naturais, como a água, houve impactos ambientais e mudanças, levando o planeta ao estado atual de desequilíbrio das espécies (FRIEDE, 2020).

Hotspots são definidos em regiões que coincidem uma alta concentração de espécies endêmicas e grande perda de habitats, a Mata Atlântica e o Cerrado são considerados dois dos 25 hotspots do planeta (MYERS *et al.*, 2000). A Mata Atlântica abriga cerca de mais de 2% da biodiversidade de plantas e vertebrados do mundo (MYERS *et al.*, 2000). Sua distribuição original era de aproximadamente 1,3 milhões de km² e atualmente restam somente cerca de 11,7% (RIBEIRO *et al.*, 2009). Já no Cerrado, restam apenas cerca de 20% de sua distribuição original (MYERS *et al.*, 2000), sendo um importante hotspot pois possui a maior extensão de savana tropical do planeta, ocupando uma área de aproximadamente 1,8 milhões de km² do território brasileiro (ICMBIO, 2025), e cerca de 44% de 10.000 espécies de plantas aproximadamente, são endêmicas desse bioma (ŞEKERCIOĞLU; PRIMACK; WORMWORTH, 2012).

Com o desmatamento dessas áreas importantes para a biodiversidade do planeta, as interações entre as espécies de fauna e flora são afetadas negativamente, já que comunidades ecológicas que ocorrem em áreas de maior cobertura florestal são mais estáveis, possuindo maior resiliência à perturbações. O desmatamento perturba as interações interespecíficas por ser um fator que as modifica. A perda de cobertura florestal leva a um aumento da densidade populacional e a diminuição da disponibilidade de recursos, conseqüentemente a competição por esses recursos se intensifica, essas alterações na composição da comunidade levam a maior ocorrência de interações negativas e mudanças na composição e abundância de espécies (HOWES *et al.*, 2023).

As interações ecológicas podem ser antagonísticas (negativas) ou mutualísticas (positivas). Como exemplo da primeira é possível citar a herbivoria, o parasitismo, a predação e a competição; já no segundo caso é possível mencionar a polinização e a dispersão de sementes (GÓMEZ; VERDÚ, 2012). O estudo de Bascompte, Jordano e Olesen

(2006), demonstra como as interações entre plantas e seus polinizadores tiveram um papel fundamental na manutenção da biodiversidade do mundo e como as comunidades configuram interações coevolutivas ao longo do tempo e espaço, evidenciando assim a importância do estudo das interações para entender os princípios básicos de sistemas ecológicos, além de sua manutenção e conservação (VÁZQUEZ *et al.*, 2009).

As interações mutualísticas tiveram um importante papel para moldar a biodiversidade atual do planeta, sendo possível basear essa afirmação pelo fato de que mais de 90% das plantas tropicais dependem de animais para sua dispersão (BASCOMPTE; JORDANO, 2007). Dentre essas interações mutualísticas, existem as de polinização que são comumente associadas a nectarivoria, hábito alimentar à base de néctar, comum em beija-flores. Muitas vezes esse comportamento está associado a processos coevolutivos com plantas por possuírem adaptações para maior eficiência na polinização (PIRATELLI, 1992).

As aves da família Trochilidae, conhecidas como beija-flores, são os principais vertebrados polinizadores de angiospermas nas Américas (ZANATA, 2018), esse grupo de aves visita mais de 1.300 espécies de plantas pertencentes a 108 famílias (ARIZMENDI; RODRÍGUEZ-FLORES, 2012). Devido ao elevado número de espécies de plantas que dependem desses animais para realizar sua polinização, destaca-se a importância do grupo na manutenção dos processos ecossistêmicos (ZANATA, 2018). Nas últimas décadas as aves e os mamíferos polinizadores estão aumentando sua vulnerabilidade à extinção, tendo em média 2,5 espécies por ano avançando uma categoria mais próxima à extinção na lista vermelha da IUCN; isso se deve a diversos fatores como a expansão agrícola, o aumento de espécies invasoras, a caça e o fogo (RATTO *et al.*, 2018).

O estudo de topologia de redes de interações permite identificar propriedades emergentes em nível de comunidade que não são evidentes nas interações entre somente uma ave e uma planta (BASCOMPTE; JORDANO, 2007). Entre as principais métricas de rede que medem a especialização das interações na comunidade, estão o aninhamento e a modularidade, que descrevem a distribuição do grau da quantidade de conexões da rede (BLÜTHGEN, 2010). O aninhamento significa, mais especificamente, se as espécies que possuem muitas interações estão conectadas com outras que pouco interagem (FAUSTINO *et al.*, 2024). A modularidade mede a tendência de espécies interagirem frequentemente entre si, quase que exclusivamente, em comparação a outros grupos de espécies (FAUSTINO *et al.*, 2024). Há também a conectância que diz sobre a proporção entre potenciais conexões e as que realmente são realizadas (VÁZQUEZ *et al.*, 2009).

O objetivo deste estudo é comparar os padrões nas redes de interação entre dois biomas brasileiros, a Mata Atlântica e o Cerrado, e verificar se há diferenças significativas das métricas de aninhamento, modularidade, conectividade e especialização a partir de um compilado de dados provenientes de artigos já publicados. Essas diferenças foram pressupostas porque esses biomas foram sujeitos ao desmatamento em diferentes proporções, conforme mencionado anteriormente, havendo portanto distribuições que diferem do original atualmente, além de divergirem quanto à fitofisionomia e biodiversidade. A hipótese é que a Mata Atlântica é mais aninhada, modular, conectada e especializada do que o Cerrado, apresentando valores mais altos para essas métricas. Essa diferença pode ser atribuída pela maior diversidade de habitats presentes na Mata Atlântica, resultante da ampla variação climática associada às diferenças de altitude e às formações vegetais, que variam do tropical ao subtropical. Além disso, a Mata Atlântica possui formações associadas, como manguezais, restingas, campos rupestres e brejos, e também conta com um histórico evolutivo de épocas de conectividade com outras florestas sul-americanas aumentando o fluxo gênico seguido por períodos de isolamento, favorecendo a especiação local (TABARELLI *et al.*, 2005).

2. MÉTODOS

2.1. COLETA DE DADOS

Os dados utilizados foram coletados de trabalhos já realizados anteriormente, e publicados em literatura científica, em regiões de Cerrado e de Mata Atlântica. Para encontrar os artigos, foi utilizado a base de dados Web of Science a partir das buscas avançadas: “ALL=(interactions network AND pollination AND bird)” e “ALL=(interactions network AND pollination AND hummingbird)”. Com as buscas e os filtros de “Document Types: Articles” e “Countries/Region: Brazil”, foi realizada a seleção de artigos conforme os critérios escolhidos, os que possuíam redes de interações somente entre aves e beija-flores (Figura 1). Não houve filtro temporal.

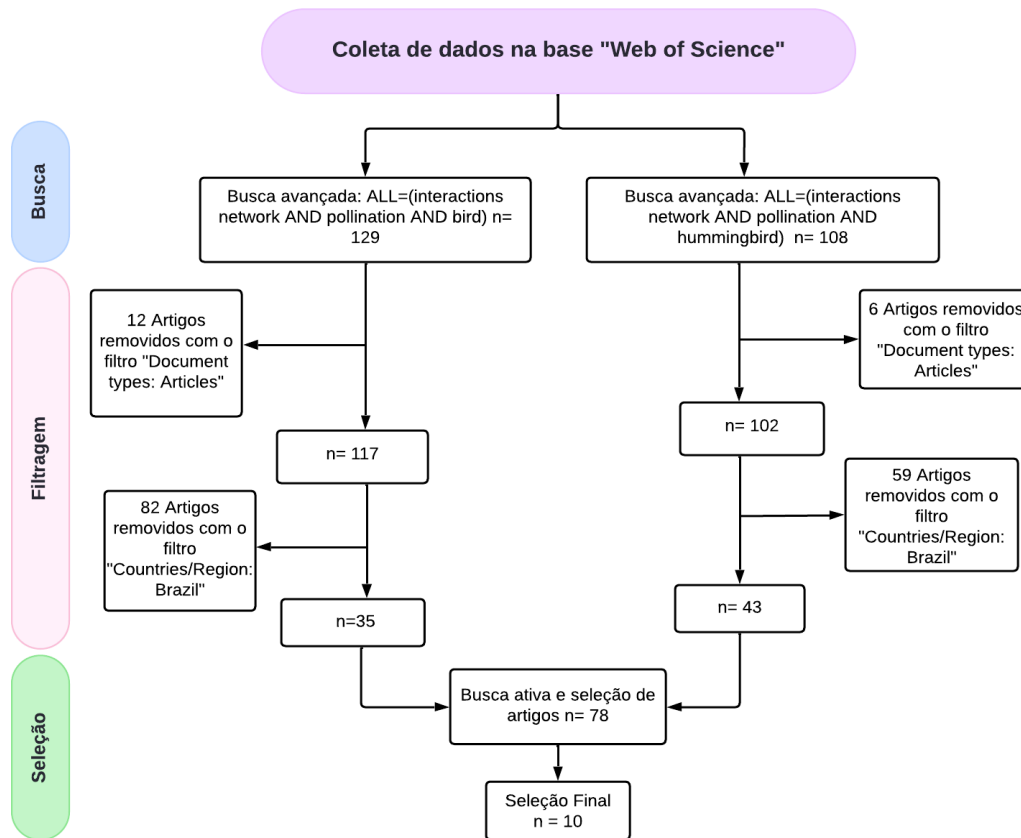


Figura 1. Fluxograma da coleta de dados na base “Web of Science”, onde utilizaram-se dois filtros para encontrar somente artigos publicados no Brasil e, com esses resultados, foi feita a busca ativa e seleção dos que eram em áreas de Cerrado e Mata Atlântica, e possuíam descrito somente redes de interação planta-beija-flor.

Com o levantamento dos dados, as interações de cada rede foram reunidas em duas planilhas formando uma matriz para cada bioma, utilizando a plataforma Google Sheets (Google LLC, 2024). Assim, todas as interações foram agrupadas em duas matrizes do tipo quantitativa (ou ponderada) onde não há somente presença/ausência das interações, mas se houvesse mais de uma interação entre a mesma ave e planta essa interação era somada com as anteriores, portanto esse tipo de rede, ponderada, é a mais informativa por não informar somente se houve ou não interação (Dormann; Strauss, 2013). As colunas representam as espécies de aves e as linhas representam as espécies de plantas, cada célula da matriz é utilizada para indicar se existem interações ou não, podendo ser mais de uma, entre a espécie de animal e planta intersectados (Anexo 1).

As interações inseridas nas matrizes foram tanto as legítimas quanto as ilegítimas, pois haviam artigos que registravam as interações que não resultaram em polinização e

também as que ocorriam polinização de fato, sendo essa quando há deposição dos grãos de pólen no estigma da mesma ou outra flor (ALVES-DOS-SANTOS *et al.*, 2016).

2.2 ANÁLISE DOS DADOS

A partir dos dados provenientes dos artigos, foram criadas duas matrizes quantitativas divididas por bioma, uma com os dados de Mata Atlântica e outra com os dados de Cerrado.

Foi utilizada a versão 4.4.2 do software Rstudio (Rstudio Team, 2023) para gerar as redes de interações resultantes, calcular os valores das métricas das redes e realizar os testes de significância (Ver anexo 2 para acessar o script).

Nas redes do tipo mutualísticas, as interações podem ser representadas por grafos bipartidos, que são caracterizados por dividirem objetos em duas categorias, chamados de “nós”, “vértices” ou “nodos”. Nesse tipo de representação, de redes bipartidas, há os pontos (ou “nós”) que se ligam por linhas a cada interação, sendo cada ligação obrigatoriamente entre categorias diferentes formando pares de espécies. Os grafos bipartidos demonstram o conjunto de interações entre duas colunas, uma em frente à outra, em que uma coluna representa as espécies de animais e a outra coluna as de plantas (Lewinsohn *et al.*, 2006). As redes de interações podem ser do tipo ponderada, indicando a intensidade ou o peso das interações (BASCOMPTE; JORDANO, 2007).

Para cada matriz foram calculadas diferentes métricas no Rstudio, utilizando a função “networklevel” do pacote “bipartite” (Dormann *et al.*, 2008). Essas métricas informam sobre alguns aspectos das redes: 1) Modularidade (Q), diz sobre o quanto as conexões observadas na rede podem ser agrupadas em módulos em redes do tipo quantitativas (GARCÍA, 2016), seu valor vai de 0 a 1 e o cálculo é feito pelo algoritmo QuaBiMo (Dormann; Strauss, 2013); 2) Aninhamento ponderado (wNODF), o valor é estimado como a versão ponderada do aninhamento fornecido por Almeida-Neto *et al.* (2008), varia de 0 a 100, quanto maior o valor, maior o aninhamento; 3) Conectância ponderada, informa sobre a densidade global das interações (GARCÍA, 2016), é a densidade de conexões dividido pelo número de espécies na rede (Bersier *et al.*, 2002); 4) Nível de especialização (H2') que mede o quanto as espécies são especializadas em suas interações, com valores que variam de 0 a 1. Indica também como espécies diferentes se complementam ou desempenham funções semelhantes na rede de interações (GARCÍA, 2016). As métricas calculadas foram as versões ponderadas por ser uma rede quantitativa.

Os valores observados para as métricas foram comparados com 1.000 redes aleatórias para verificar sua significância utilizando o teste Z. Foi considerado um valor de significância

de 0,05. Essas redes aleatórias foram geradas utilizando o algoritmo Patefield (Patefield, 1981) (método *r2dtable* do pacote “bipartite”), sendo calculado também o Z-score para cada métrica (para conferir o script, ver Anexo 3). O algoritmo de Patefield gera matrizes similares à original, com os mesmos totais marginais e assim, as espécies que interagem mais frequentemente nas matrizes observadas são as mesmas nas simulações.

3. RESULTADOS

Com a busca avançada na base de dados, os filtros e a seleção, totalizam-se 10 artigos no total, sendo 6 de Mata Atlântica e 4 de Cerrado (Figura 2, Tabela 1). Quanto ao local de estudo de cada artigo selecionado, no total estão localizados em 7 estados brasileiros: Espírito Santo; Goiás; Minas Gerais; Mato Grosso do Sul; Paraná; Rio de Janeiro e São Paulo (Figura 2). Os tipos de locais amostrados foram majoritariamente áreas de reserva ou unidades de conservação, os anos de publicação vão de 2007 a 2023 (Tabela 1).

Tabela 1. Artigos selecionados com informações sobre o Título, Ano de publicação, Local de amostragem, Bioma, Autores e DOI. Para informações mais detalhadas sobre cada artigo, acessar Apêndice 1.

Artigos utilizados para compor as redes					
Título	Ano de Publicação	Local de Estudo	Bioma	Autor/Autores	DOI
Bird-epiphyte interactions in three Atlantic Forest environments in southeastern Brazil	2007	Cachoeiras de Macacu, Rio de Janeiro	Mata Atlântica	Boechat, R.F.; da Silva, B.F. & Nunes-Freitas, A.F.	https://doi.org/10.1007/BF03544454
Non-native plants and illegitimate interactions are highly relevant for supporting hummingbird pollinators in the urban environment	2014	Belo Horizonte, Minas Gerais	Mata Atlântica	Anselmo, P. A. <i>et al.</i>	https://doi.org/10.1016/j.ufug.2023.128025
Niche partitioning between hummingbirds and well-matched flowers is independent of hummingbird traits	2016	Campo Mourão e Luiziana, Paraná	Mata Atlântica	Bueno, R., Zanata, T., & Varassin, I.	https://doi.org/10.1017/S026646742100033X

Plant-hummingbird interaction networks in urban areas: Generalization and the importance of trees with specialized flowers as a nectar resource for pollinator conservation	2016	Uberlândia, Minas Gerais	Cerrado	Maruyama, P. <i>et al.</i>	https://doi.org/10.1016/j.biocon.2018.12.012
Hummingbird-plant networks in rupestrian fields and riparian forests in altitudinal areas of the Serra da Canastra National Park, Minas Gerais, Brazil	2019	Minas Gerais, Brasil	Cerrado	MAIANNE, M. <i>et al.</i>	https://doi.org/10.1590/1676-0611-BN-2021-1284
A non-hermit hummingbird as main pollinator for ornithophilous plants in two isolated forest fragments of the Cerrados	2019	Catalão, Goiás	Cerrado	Matias, R., Maruyama, P.K. & Consolaro, H.	https://doi.org/10.1007/s00606-016-1327-1
Interaction network and the relationships between bromeliads and hummingbirds in an area of secondary Atlantic rain forest in southern Brazil	2021	Guaraqueçaba, Paraná	Mata Atlântica	Piacentini, V. Q.; Varassin, I. G.	https://doi.org/10.1017/S026646740700449X
The effect of species role and trait-matching on plant fitness in a plant-hummingbird interaction network	2022	Santa Teresa, Espírito Santo	Mata Atlântica	Bustos, A. <i>et al.</i>	https://doi.org/10.1016/j.flora.2023.152348
Mass-flowering native species are key in the structure of an urban plant-hummingbird network	2023	Campo Grande, Mato Grosso do Sul	Cerrado	Nakamura, V.A., Souza, C.S. & Araujo, A.C.	https://doi.org/10.1007/s11252-023-01346-8
Processes entangling interactions in communities: forbidden links are more important than abundance in a hummingbird-plant network	2023	São Luíz do Paraitinga, São Paulo	Mata Atlântica	Vizentin-Bugoni, J., Maruyama, P. & Sazima, M.	http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2013.2397

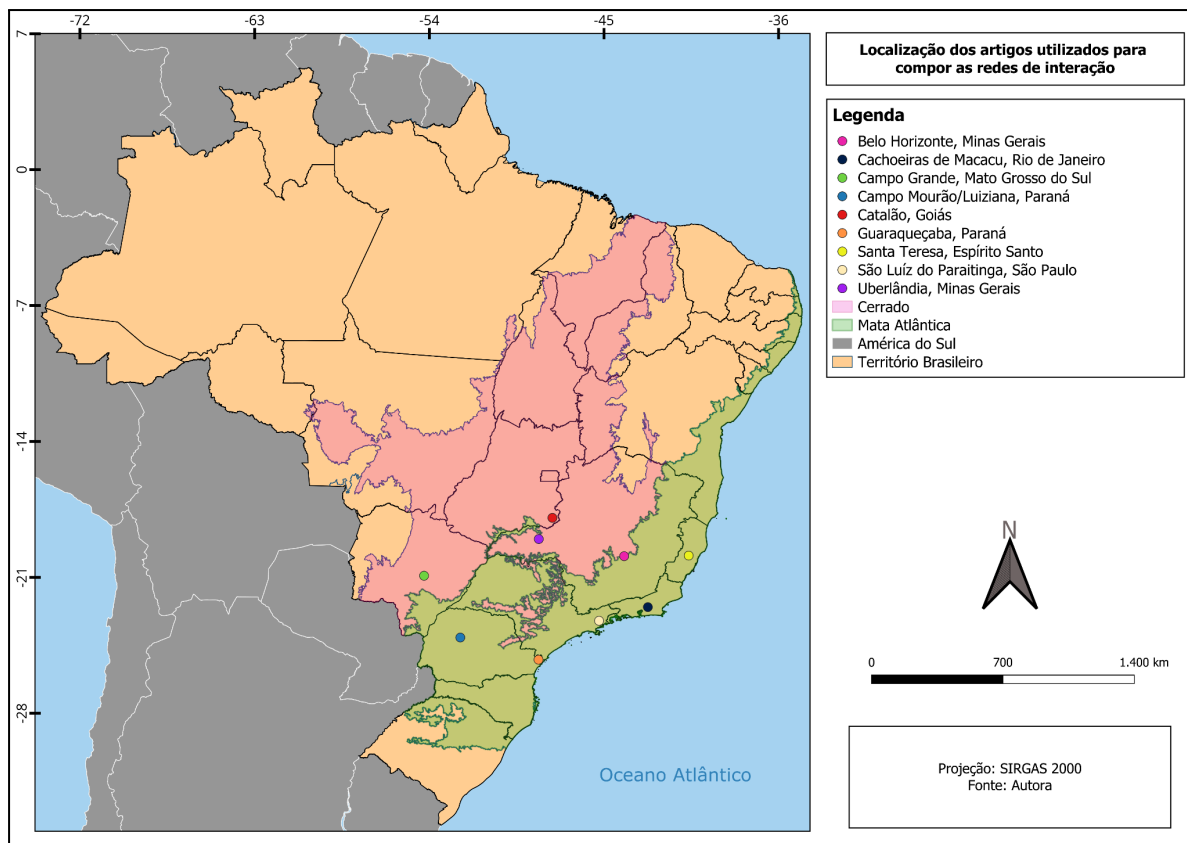


Figura 2. Mapa dos artigos utilizados para compor as redes de interações geradas. Cada ponto é um lugar onde foram coletados dados, divididos por bioma.

Como as matrizes eram do tipo quantitativa, na soma de interações entre a mesma espécie de ave e planta, houve no máximo duas interações somadas. Sendo encontradas 10 vezes na matriz Mata Atlântica e seis vezes na matriz Cerrado.

Na rede de interação Mata Atlântica houve no total 209 interações, na rede Cerrado 193 interações, totalizando 402 interações entre aves e plantas nas duas redes (Figura 3).

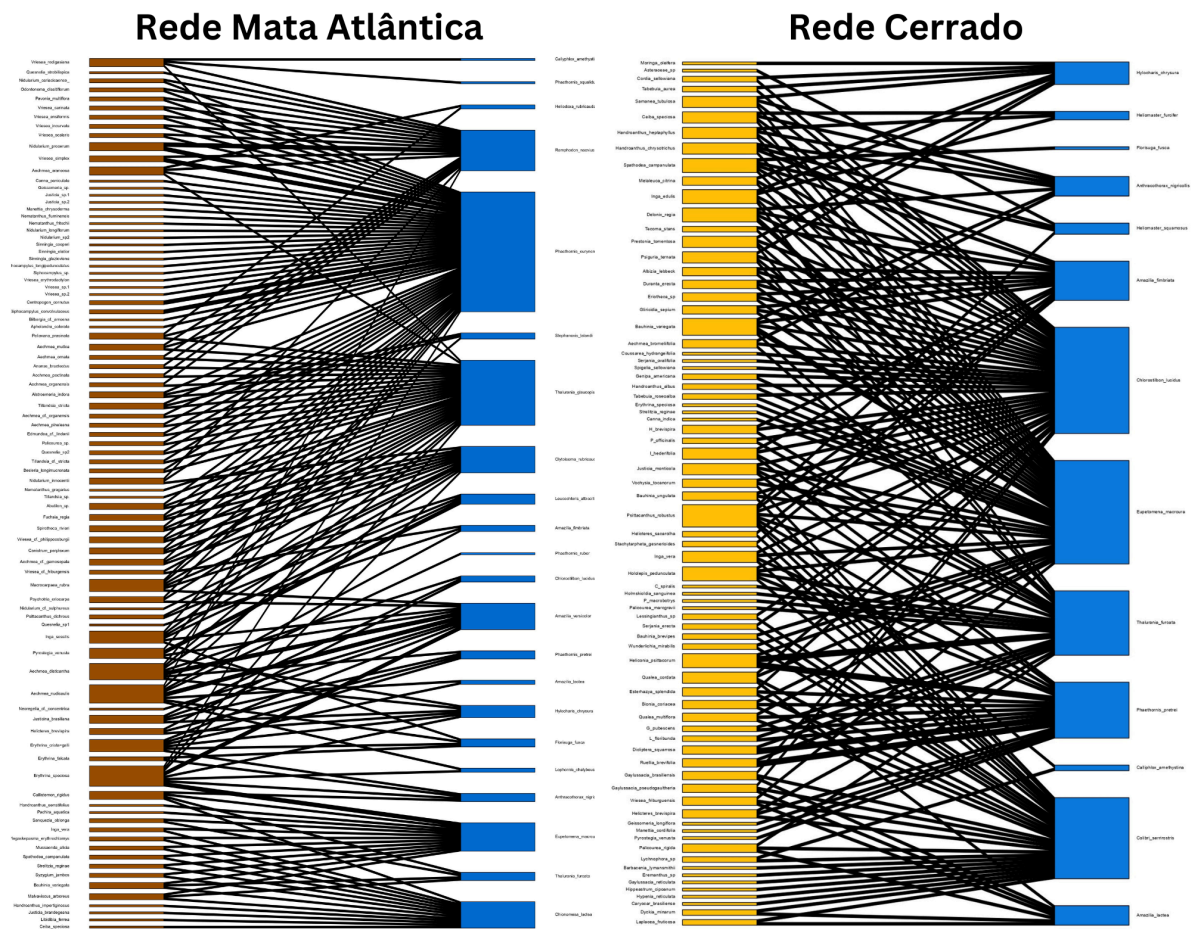


Figura 3. Redes de interação bipartidas dos biomas Mata Atlântica e Cerrado, geradas pelo software Rstudio versão 4.4.2. As colunas da esquerda representam as espécies de plantas (marrom e amarelo), as colunas da direita (azul) representam as espécies de aves e as linhas representam cada interação. Para melhor visualização das espécies e cada interação, acessar o Anexo 1.

Os valores das métricas foram semelhantes entre as redes (Tabela 1), porém a rede de interação Mata Atlântica demonstrou ser um pouco mais aninhada e especializada ($wNODF = 1,401$; $H2' = 0,044$) do que a rede Cerrado ($wNODF = 1,351$; $H2' = 0,039$), entretanto ambas apresentaram baixo aninhamento pois os valores dessa métrica estão próximos de 0, e indicaram também ser altamente generalistas, a especialização está próxima de 0 também. Além disso, a rede da Mata Atlântica apresentou conectância mais baixa ($C = 0,130$) em relação ao Cerrado ($C = 0,158$), e valor de modularidade $Q = 0,518$ com $p < 0,05$, indicando uma rede modular e significativa para esse bioma.

Tabela 2. Valores das métricas das redes, “z-score” e P (significância) para cada métrica. Os valores de Z-score e P foram calculados com as 1000 redes aleatórias geradas e os dados das redes dos biomas. *Valores com $p < 0,05$

Métricas	Rede Cerrado			Rede Mata Atlântica		
	métrica	z-score	valor P	métrica	z-score	valor P
Modularidade Q (valores de 0 a 1)	0,404	-0,58	$p > 0,05$	0,518	4,15	$p < 0,05^*$
Aninhamento Ponderado (wNODE, valores de 0 a 100)	1,351	-4,23	$p < 0,05^*$	1,401	-4,67	$p < 0,05^*$
Conectância Ponderada (C)	0,158	6,15	$p < 0,05^*$	0,130	5,79	$p < 0,05^*$
Especialização H2' (valores de 0 a 1)	0,039	-5,33	$p < 0,05^*$	0,044	-4,75	$p < 0,05^*$

As matrizes das interações apresentaram ambas maior diversidade de plantas do que de aves. Na rede Mata Atlântica foram quantificadas 22 espécies de aves e 92 espécies de plantas, a espécie de ave com mais interações observadas foi o rabo-branco-de-garganta-rajada (*Phaethornis eurynome*) com 59 interações, correspondente a 30,5% do total de interações, seguido da espécie beija-flor-de-fronte-violeta (*Thalurania glaucopis*) com 16,5% das interações (Anexo 1 e Figura 3).

A rede Cerrado contou com 13 espécies de aves e 77 espécies de plantas, as aves beija-flor-tesoura (*Eupetomena macroura*) e besourinho-de-bico-vermelho (*Chlorostilbon lucidus*) foram as que interagiram mais vezes na rede, diferem em somente uma interação, a primeira espécie com o correspondente a 19,6% das interações e a segunda com 19,1%. A terceira espécie com mais interações na rede Cerrado foi o beija-flor-de-orelha-violeta (*Colibri Serrirostris*) com 15% das interações. Nove espécies de aves foram observadas nas duas redes: *Amazilia fimbriata*, *Amazilia lactea*, *Anthracothorax nigricollis*, *Chlorostilbon*

lucidus, *Eupetomena macroura*, *Florisuga fusca*, *Hylocharis chrysura*, *Phaethornis pretrei* e *Thalurania furcata*.

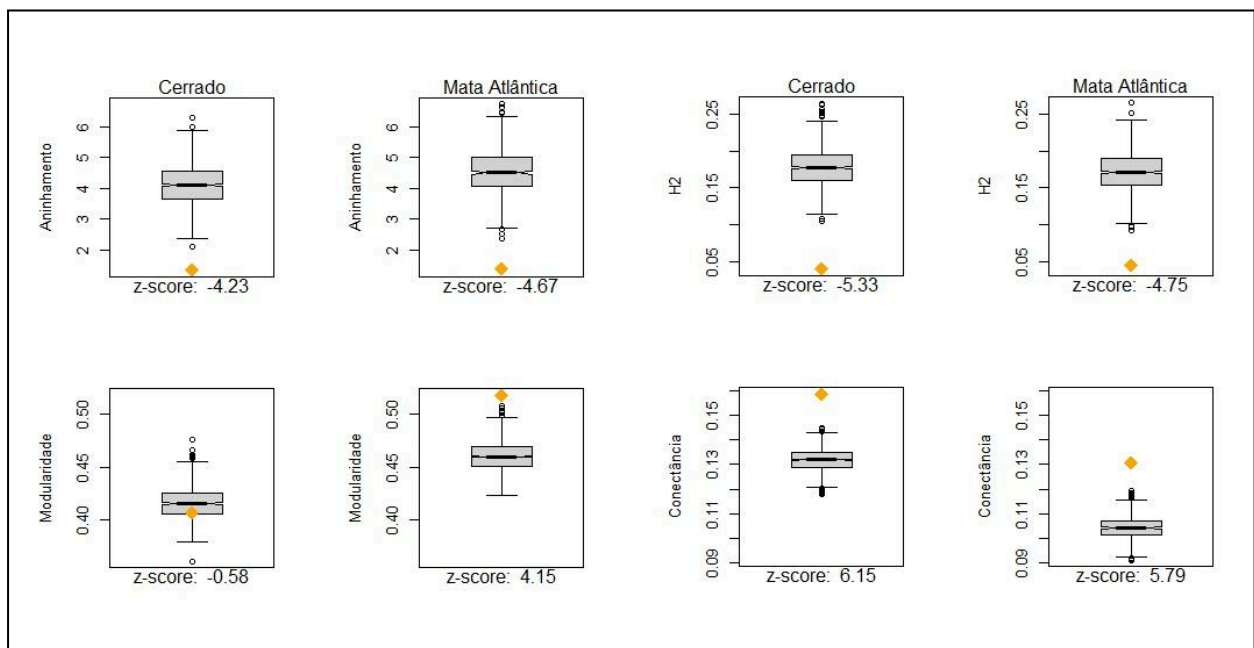


Figura 4. Boxplots das métricas utilizadas em cada rede comparando o valor de cada métrica dos biomas com as redes aleatórias geradas. Os pontos laranjas são os valores das métricas nas redes não aleatórias de cada bioma.

Os valores das métricas quando comparados às médias das 1000 redes aleatórias, apresentaram o desvio padrão e valor de p diferente do acaso, conforme é possível observar na Figura 4. Demonstrando assim que diferem da aleatoriedade, portanto os dados das redes são significativos com exceção da Modularidade Q na rede Cerrado, que não deferiu significativamente das matrizes aleatórias ($p > 0,05$) (Tabela 1, Figura 4).

4. DISCUSSÃO

Foi demonstrado que a Mata Atlântica possui valores relativamente mais altos para aninhamento e especialização, confirmando nossa hipótese inicial para essas métricas. Contrariamente ao esperado, a conectância apresentou valores mais altos para o Cerrado, refutando a hipótese para essa métrica. A modularidade não apresentou valores significativos para o Cerrado pois os resultados foram próximos da aleatoriedade.

A quantidade relativamente baixa de artigos publicados na base de dados e em quantidades diferentes para cada bioma, podem ser algumas das limitações encontradas na realização do trabalho, pois não foi possível encontrar uma grande quantidade de dados

disponíveis para serem abordados na pesquisa conforme os requisitos utilizados. Além disso, há variações no esforço amostral dos estudos (Anexo 1), sendo esse um fator já relatado em estudos anteriores como limitante à quantidade de conexões e espécies da rede (NIELSEN; BASCOMPTE, 2007). Foram encontrados somente 10 artigos no total, revelando a necessidade de mais estudos sobre redes de interações planta-beija-flor no território brasileiro, especialmente no Cerrado. Portanto, os dados resultantes podem possuir limitações e não refletem a realidade dos respectivos biomas.

A diferença dos valores de Conectância foi de 0,028 ($C = 0,158$; $C = 0,130$) para o Cerrado. A versão ponderada para essa métrica informa sobre a magnitude, diversidade e a distribuição de fluxo de energia, portanto esse dado pode informar sobre a funcionalidade e a estabilidade do sistema (KORTSCH *et al.*, 2021). Como esse valor é relativamente maior para o Cerrado, isso pode indicar uma maior estabilidade nesse bioma, já que a diminuição de extinções secundárias de consumidores devido à falta de recursos tem sido justificada como uma consequência ao aumento da Conectância na comunidade (BLÜTHGEN *et al.*, 2008). Essa maior conectância da rede pode ser uma consequência da complexidade desse sistema, pois o Cerrado é um ecossistema complexo possuindo um mosaico de habitats distintos, a vegetação dominante é a Savana, mas há regiões de florestas mais secas com arbustos e gramíneas e regiões de mistura dos dois. Todo esse mosaico é conectado pelo movimento das espécies, especialmente de aves (SILVA; BATES, 2002). Em um estudo (MARUYAMA *et al.*, 2014), é demonstrado como a sobreposição espaço-temporal e a morfologia das espécies determina a frequência das interações em uma rede planta-beija-flor no Cerrado brasileiro, sugerindo que essas características são mais importantes na organização de interações desse tipo do que a abundância de espécies.

As características florais de cada bioma podem influenciar as comunidades que são mais especializadas em polinização por beija-flores e o Cerrado possui comunidades de plantas que sugerem menor especialização para polinização por nectarivoria (MARUYAMA *et al.*, 2014), o que foi possível observar na rede desse bioma. O valor de especialização para o Cerrado foi relativamente menor e mais significativo ($H2' = 0,039$, $Z\text{-score} = -5,33$) em comparação à Mata Atlântica ($H2' = 0,044$, $Z\text{-score} = -4,75$). A maioria das redes de interações mutualísticas demonstram maior especialização do que o esperado das interações aleatórias (BLÜTHGEN *et al.*, 2008), entretanto, os valores para essa métrica nos dois biomas apresentaram o $Z\text{-score}$ negativo, sendo portanto um valor menor do que o esperado ao acaso e apontando sistemas altamente generalizados pois seus valores estão próximos de 0, Valores mais próximos de 1 indicam especialização, podendo ser justificado por fortes

correspondências de traços funcionais importantes na comunidade como o tamanho do corpo, morfologia, composição química, habilidades fisiológicas, padrões de atividade temporal, preferências e comportamento (BLÜTHGEN et al., 2008).

Aves da subfamília Phaethornithinae são comumente associadas a flores especialistas (FEINSINGER; COLWELL, 1978; SAZIMA; BUZATO; SAZIMA, 1995; MARUYAMA et al., 2014) podendo levar a formação de subunidades distintas nas redes de planta-beija-flores. Na rede Cerrado encontramos somente uma espécie dessa subfamília: *Phaethornis pretrei*, já a rede Mata Atlântica possui 5 espécies desse grupo: *Phaethornis eurynome*, *Phaethornis pretrei*, *Phaethornis ruber*, *Phaethornis squalidus* e *Ramphodon naevius*. Evidenciando assim, o caráter mais generalista das comunidades de plantas do Cerrado quanto à polinização assim como o caráter modular de Mata Atlântica devido às características morfológicas dos Phaethornithinae, como bicos mais longos especializados em polinizar flores que possuem corola maior (MARUYAMA et al., 2014).

O aninhamento apresentou maior diferença de valor entre os biomas (Cerrado wNODF = 1,351; Mata Atlântica wNODF = 1,401), sendo o valor mais alto para Mata Atlântica. Essa métrica se refere a um padrão não aleatório na distribuição das interações entre os pares de espécies, em que as plantas que interagem com espécies de aves especialistas também interagem frequentemente com aves generalistas (GARCÍA, 2016). Outros estudos de redes planta-beija-flor relataram padrões estruturais como o baixo aninhamento (Vizentin-Bugoni et al. 2014; MAIANNE, M. et al., 2022), sendo possível observar tal padrão nas redes estudadas. Ambas redes testadas, apesar de apresentarem maior diferença de valor entre todas as métricas calculadas, demonstraram ser pouco aninhadas, com resultados significativos ($p < 0,05$) e menores do que ao acaso (Z-score Cerrado = -4,23; Z-score Mata Atlântica = -4,67).

A Mata Atlântica possui um alto nível de endemismo por seu clima característico e pelas diferentes condições geográficas de seu território (altitudinal e latitudinal), que favoreceram as condições evolutivas das espécies desse bioma. A família das Orchidaceae, por exemplo, possui a maior diversidade de espécies e mais alto nível de endemismo na Mata Atlântica, seguido por Fabaceae, Asteraceae, e Bromeliaceae (WOLOWSKI; ASHMAN; FREITAS, 2014). Essas condições indicam a maior diversidade de habitats disponíveis nesse bioma em relação ao Cerrado, em que aproximadamente 80% das espécies de aves dependem dos habitats florestais em algum nível, sendo que as florestas ocupam somente algumas partes do bioma (SILVA; BATES, 2002). Foi possível observar essa maior diversidade de plantas na

rede Mata Atlântica que apresentou uma quantidade maior de espécies desse grupo, com quase 20% a mais de espécies do que o Cerrado.

Entretanto, a Mata Atlântica pode ter sofrido mudanças na diversidade de habitats e endemismo devido ao histórico de desmatamento. As florestas de Mata Atlântica em estágio sucessional avançado, possuem proporção de espécies endêmicas de aproximadamente 40%. De acordo com o estudo de Liebsch, Marques e Goldenberg (2008), essas florestas necessitam de quase dois mil anos depois de um distúrbio para alcançar novamente essa proporção de endemismo. Mudanças na temperatura, umidade e disponibilidade de luz, causadas pelo desmatamento, criam novos habitats que são ocupados por espécies que diferem dos recursos exigidos localmente, mudando a composição da comunidade de plantas (LIEBSCH; MARQUES; GOLDENBERG, 2008). O aumento da luz nas florestas tropicais, favorece espécies intolerantes à sombra e diminui a quantidade de espécies de sub-bosque nas florestas secundárias. Dessa maneira, esses impactos mudam o estágio sucessional das florestas, que começam a ser caracterizadas como em sucessão secundária. Todos esses fatores afetam as interações entre plantas e animais, como as interações mutualísticas de polinização, a dinâmica das populações, a biodiversidade e a abundância de espécies (LIEBSCH; MARQUES; GOLDENBERG, 2008).

Portanto, as interações interespecíficas na Mata Atlântica e no Cerrado podem ter sido afetadas de diferentes formas, mudando a composição das espécies de animais e plantas assim como suas dinâmicas, visto o histórico alto de degradação que sofreram ao longo das décadas. Atualmente restam apenas cerca de 11,7% da Mata Atlântica (RIBEIRO *et al.*, 2009) de aproximadamente 1,3 milhões de km² (MYERS *et al.*, 2000), distribuído em pequenos fragmentos, e 20% do Cerrado que possuía aproximadamente 1,8 milhões de km² (SILVA; BATES, 2002). Levando em conta todos os fatores discutidos e as características de perda florestal com histórico semelhante nos dois biomas, é possível que essas similaridades estejam refletidas nas métricas calculadas, que apresentaram valores relativamente próximos.

5. CONCLUSÃO

Conforme os dados apresentados, podemos concluir que a topologia de redes de interações ave-beija-flor dos dois hotspots brasileiros analisados não apresentaram diferenças muito altas para as métricas calculadas de aninhamento, modularidade, conectância e especialização, sendo necessário mais estudos dessas redes nos dois biomas para aumentar o esforço amostral e obter resultados mais robustos. No entanto, a maioria dos valores foi

ligeiramente maior na Mata Atlântica, conforme o esperado. O Cerrado demonstrou ter conectância um pouco maior e ser mais generalista. Outras métricas podem ser calculadas futuramente para análises mais completas em nível espécie, como força de interação e especialização de cada uma. É possível notar também o quanto a degradação desses biomas pode ter afetado a integridade das interações entre espécies, destacando a importância de ações de conservação para preservar essas relações ecológicas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA-NETO, Mário *et al.* A consistent metric for nestedness analysis in ecological systems: reconciling concept and measurement. **Oikos**, v. 117, n. 8, p. 1227-1239, ago. 2008.

ARIZMENDI, C.; RODRÍGUEZ-FLORES, C. I. How many plant species do hummingbirds visit? **Ornitologia Neotropical**. v. 23, p. 71–77, 2012.

BASCOMPTE, J.; JORDANO, P. Plant-Animal Mutualistic Networks: the architecture of biodiversity. **Annual Review Of Ecology, Evolution, And Systematics**, v. 38, n. 1, p. 567-593, 1 dez. 2007.

Bascompte, J., Jordano, P. & Olesen, J. M. Asymmetric coevolutionary networks facilitate biodiversity maintenance. **Science** 312, 431-433

Bersier, L. F., Banasek-Richter, C. and Cattin, M. F. (2002) Quantitative descriptors of food-web matrices. **Ecology** 83, 2394–2407

BLÜTHGEN, N. Why network analysis is often disconnected from community ecology: a critique and an ecologist's guide. **Basic And Applied Ecology**, v. 11, n. 3, p. 185-195, maio 2010.

BLÜTHGEN, N. *et al.* What do interaction network metrics tell us about specialization and biological traits. **Ecology**, v. 89, n. 12, p. 3387-3399, dez. 2008. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19137945/>. Acesso em: 04 fev. 2025.

DORMANN, C. F.; GRUBER, B.; J. FRÜND. Introducing the bipartite Package: Analysing Ecological Networks. **R News**, v. 8, n. 2, 2008. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/228861770_Introducing_the_bipartite_Package_Analysing_Ecological_Networks>.

DORMANN, Carsten F.; STRAUSS, Rouven. A method for detecting modules in quantitative bipartite networks. **Methods In Ecology And Evolution**, v. 5, n. 1, p. 90-98, 5 dez. 2013.

FAUSTINO, Issaac A. T. *et al.* Disentangling the complexity of plant-bird relationships: from monolayer to multilayer network perspectives. **Food Webs**, v. 40, p. 359, set. 2024.

FEINSINGER, Peter; COLWELL, Robert K.. Community Organization Among Neotropical Nectar-Feeding Birds. **American Zoologist**, v. 18, n. 4, p. 779-795, nov. 1978. Disponível

em:

https://www.researchgate.net/publication/236733841_Community_Organization_Among_Neotropical_Nectar-Feeding_Birds?enrichId=rgreq-653e50dc38bde545d7e797ac22aecdcbb-XX&enrichSource=Y292ZXJQYWdlOzIzNjczMzg0MTtBUzoxNDM0ODE3MzMzOTAzMzZAMTQxMTIyMDExOTE0OQ%3D%3D&el=1_x_2&_esc=publicationCoverPdf. Acesso em: 06 fev. 2025.

FRIEDE, R. Aumento populacional e degradação ambiental: a conta que não quer fechar. **Revista Augustus**, v. 25, n. 52, p. 82-93, 15 out. 2020.

GARCÍA, D. Birds in Ecological Networks: insights from bird-plant mutualistic interactions. **Ardeola**, v. 63, n. 1, p. 151-180, jun. 2016.

GÓMEZ, J. M.; VERDÚ, M. Mutualism with Plants Drives Primate Diversification. **Systematic Biology**, v. 61, n. 4, p. 567-577, 5 jan. 2012. Disponível em: <https://academic.oup.com/sysbio/article-abstract/61/4/567/1637132?redirectedFrom=PDF>. Acesso em: 15 jan. 2025.

GOOGLE LLC. **Google Sheets**. Disponível em: <https://www.google.com/sheets/about/>. Acesso em: 12 out. 2024.

HOWES, Benjamin *et al.* Deforestation alters species interactions. **Natural Sciences**, v. 3, n. 2, p. 1-12, 24 mar. 2023.

ICMBIO. **Conservação da Biodiversidade**. Disponível em: <https://www.icmbio.gov.br/cbc/conservacao-da-biodiversidade/biodiversidade.html#:~:text=O%20Cerrado%20%C3%A9%20um%20dos,oeste%20do%20Piau%C3%AD%20e%20por%C3%A7%C3%B5es>. Acesso em: 27 jan. 2025.

KORTSCH, S. *et al.* Disentangling temporal food web dynamics facilitates understanding of ecosystem functioning. **Journal Of Animal Ecology**, v. 90, n. 5, p. 1205-1216, 9 mar. 2021. Disponível em: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/1365-2656.13447>. Acesso em: 14 jan. 2025.

Lewinsohn, T. M.; Loyola, R. D. & Prado, I. P. 2006. Matrizes, redes e ordenações: a detecção de estruturas em comunidades interativas. **Oecologia Brasiliensis** 10: 90-104.

LIEBSCH, D.; MARQUES, Marcia C.M.; GOLDENBERG, R. How long does the Atlantic Rain Forest take to recover after a disturbance? Changes in species composition and ecological features during secondary succession. **Biological Conservation**, v. 141, n. 6, p. 1717-1725, jun. 2008. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0006320708001456?pes=vor&utm_source=scopus&getft_integrator=scopus. Acesso em: 09 fev. 2025.

MAIANNE, M. *et al.*, Hummingbird-plant networks in rupestrian fields and riparian forests in altitudinal areas of the Serra da Canastra National Park, Minas Gerais, Brazil. **Biota Neotropica**, v. 22, n. 2, p. e20211284, 2022.

MARUYAMA, Pietro K. *et al.* Morphological and Spatio-Temporal Mismatches Shape a Neotropical Savanna Plant-Hummingbird Network. **Biotropica**, v. 46, n. 6, p. 740-747, 24 out. 2014. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/267396094_Morphological_and_Spatio-Temporal_Mismatches_Shape_a_Neotropical_Savanna_Plant-Hummingbird_Network?enrichId=rgreq-009745c9882cc57b75e495719a37eac2-XXX&enrichSource=Y292ZXJQYWdlOzI2NzM5NjA5NDtBUzo4MzA2NDM2NzYxMTkwNDBAMTU3NTA1MjI5MzE1Mg%3D%3D&el=1_x_2&_esc=publicationCoverPdf. Acesso em: 01 fev. 2025.

MYERS, N. *et al.* Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853-858, fev. 2000.

NIELSEN, A.; BASCOMPTE, J. Ecological networks, nestedness and sampling effort. **Journal Of Ecology**, v. 95, n. 5, p. 1134-1141, 21 jul. 2007. Disponível em: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1365-2745.2007.01271.x>. Acesso em: 09 fev. 2025.

Patefield, W. M. "Algorithm AS 159: An Efficient Method of Generating Random $R \times C$ Tables with Given Row and Column Totals." **Journal of the Royal Statistical Society. Series C (Applied Statistics)**, vol. 30, no. 1, 1981, pp. 91–97. JSTOR, <https://doi.org/10.2307/2346669>. Accessed 6 Jan. 2025.

PIRATELLI, A. J. **Ecologia comportamental de beija-flores em duas espécies de *Hippeastrum herb.*(Amaryllidaceae) na região de Atibaia, Estado de São Paulo.** 1992. 128 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Ecologia, Unicamp, Campinas, 1992. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/278026751_Ecologia_comportamental_de_beija-flores_em_duas_especies_de_Hippeastrum_herbAmaryllidaceae_na_regiao_de_Atibaia_Estado_de_Sao_Paulo. Acesso em: 21 jan. 2025.

PONZONI, F. J. *et al.* Qual é a área de cobertura da Mata Atlântica? 2019. **SOS Mata Atlântica**. Disponível em: <https://www.sosma.org.br/artigos/qual-e-area-de-cobertura-da-mata-atlantica/>. Acesso em: 10 fev. 2025.

RATTO, F. *et al.* Global importance of vertebrate pollinators for plant reproductive success: a meta-analysis. **Frontiers In Ecology And The Environment**, v. 16, n. 2, p. 82-90, 6 fev. 2018.

RIBEIRO, M. C. *et al.* The Brazilian Atlantic Forest: how much is left, and how is the remaining forest distributed? implications for conservation. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1141-1153, jun. 2009. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0006320709000974>. Acesso em: 25 jan. 2025.

RSTUDIO TEAM. RStudio: Integrated Development Environment for R. Version 4.4.2. Boston, MA: RStudio, PBC, 2023. Disponível em: <https://www.rstudio.com/>. Acesso em: 11 fev. 2025.

SAZIMA, I.; BUZATO, S.; SAZIMA, M. The Saw-billed Hermit *Ramphodon naevius* and its flowers in southeastern Brazil. **Journal Für Ornithologie**, v. 136, n. 2, p. 195-206, abr. 1995. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF01651241#citeas>. Acesso em: 06 fev. 2025.

ŞEKERCIOĞLU, Çağan H.; PRIMACK, Richard B.; WORMWORTH, Janice. The effects of climate change on tropical birds. **Biological Conservation**, v. 148, n. 1, p. 1-18, abr. 2012. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.biocon.2011.10.019>. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0006320711003880?casa_token=yHCQSu mGdOIAAAAAA:v8qpMWUU1v7siYOP8eBUvpEi1NDoQ8IVF4WQn1ZKcLMLAPzj7e09UmOjmy_3ZenRvXNrS8UQJpEu. Acesso em: 12 out. 2024.

SILVA, José M. C.; BATES, John M.. Biogeographic Patterns and Conservation in the South American Cerrado: a tropical savanna hotspot. **Bioscience**, v. 52, n. 3, p. 225, 2002.

Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/289527700_Biogeographic_patterns_and_conservation_in_the_South_American_Cerrado_A_tropical_Savanna_hotspot. Acesso em: 06 fev. 2025.

TABARELLI, M. *et al.* Challenges and Opportunities for Biodiversity Conservation in the Brazilian Atlantic Forest. **Conservation Biology**, v. 19, n. 3, p. 695-700, jun. 2005. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/227792968_Challenges_and_Opportunities_for_Biodiversity_Conservation_in_the_Brazilian_Atlantic_Forest. Acesso em: 27 fev. 2025.

VÁZQUEZ, Diego P.; BLÜTHGEN, N.; CAGNOLO, L.; CHACOFF, Natacha P. Uniting pattern and process in plant–animal mutualistic networks: a review. **Annals Of Botany**, v. 103, n. 9, p. 1445-1457, 22 mar. 2009. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/aob/mcp057>. Disponível em:
<https://academic.oup.com/aob/article/103/9/1445/146155>. Acesso em: 04 nov. 2024.

VIZENTIN-BUGONI, J.; MARUYAMA, Pietro K.; SAZIMA, M. Processes entangling interactions in communities: forbidden links are more important than abundance in a hummingbird-plant network. **Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences**, v. 281, n. 1780, p. 20132397, 7 abr. 2014.

WOLOWSKI, Marina; ASHMAN, Tia-Lynn; FREITAS, Leandro. Meta-Analysis of Pollen Limitation Reveals the Relevance of Pollination Generalization in the Atlantic Forest of Brazil. **Plos One**, v. 9, n. 2, p. 89498, 21 fev. 2014. Disponível em:
<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0089498>. Acesso em: 07 fev. 2025.

ZANATA, T. B. **Beija-flores e Suas Fontes de Néctar : interações raras, espécies chave e vulnerabilidade à extinção**. 2018. Universidade Federal do Paraná, 2018. Disponível em: <<https://hdl.handle.net/1884/56025>>.

APÊNDICES

Apêndice 1. Artigos, matrizes quantitativas e espécies de plantas e aves em cada bioma

https://docs.google.com/spreadsheets/d/1seFGMQJWEuUNTI6C1b1s6nGF80sC26awbPMco_5ecZQ/edit?usp=sharing

Apêndice 2. Script redes de interação dos biomas

```
#Loading packages
library(gridGraphics)
library(bipartite) #para montar as redes
#
# definindo o diretório
setwd("C:/Users/jhcam/Documents/UFSCar/TCC")
#
TCC <- getwd()
#
#Creating dataframes da rede de cerrado
dados_ce2 <- read.csv("compilado_final_cerrado2.csv", sep=';',h=T)
rownames(dados_ce2) <- dados_ce2$X
dados_ce2 <- dados_ce2[, -1]
dados_ce2 <- as.matrix(dados_ce2)
summary(dados_ce2)
#
#Plotting our data
#
plotweb(dados_ce2)
grafico_cerrado <- plotweb(dados_ce2, method="cca", text.rot="90", labsize=0.7,
  col.low="#FFC20A", col.high="#0C7BDC", col.interaction="black",#)
  high.lab.dis=0.02,low.lab.dis=0.02)

#Creating dataframes da rede de mata at
dados_mata <- read.csv("compilado_final_mata_atlantica.csv", sep=';',h=T)
rownames(dados_mata) <- dados_mata$especie_planta.ave
dados_mata <- dados_mata[, -1]
#
#Plotting our data
#
plotweb(dados_mata)
grafico_mata_a <- plotweb(dados_mata, method="cca", text.rot="90", labsize=1,
  col.low="#994F00", col.high="#006CD1", col.interaction="black")

#metricas da rede
networklevel(dados_mata)
View(networklevel(dados_mata))

#metricas da rede
networklevel(dados_ce2)
View(networklevel(dados_ce2))
```

Apêndice 3. Script testes Patefield, Z-score e valores de p

```
# MATRIZES ALEATÓRIAS GERADAS PARA COMPARAR COM OS DADOS REAIS DE INTERAÇÕES DE
NECTARIVORIA

# definindo o diretório
setwd("C:/Users/jhcam/Documents/UFSCar/TCC")

# carregando o pacote
library (bipartite)

##### MATRIZ DADOS CERRADO #####
#####
dados_ce <- read.csv("compilado_final_cerrado2.csv", sep=";",h=T)
rownames(dados_ce) <- dados_ce$X
dados_ce <- dados_ce[, -1] # remove a 1a col
exemplo_matriz1 <- as.matrix(dados_ce)

# num interacoes
n_Int_ce <- sum(exemplo_matriz1)

# numero de matrizes aleatorias geradas
n_mt_aleatoria <- 1000

# gera matriz aleatoria pelo metodo Patefield
conj_mt_Patefield_ce <- r2dtable(n_mt_aleatoria,
                                apply(exemplo_matriz1, 1, sum), # total de interacoes por linha (ttl marginal da
                                linha)
                                apply(exemplo_matriz1, 2, sum)) # total de interacoes por coluna (ttl marginal da
                                coluna)

# calcula a metrica de rede para cada matriz aleatoria pelo metodo Patefield
# a funcao sapply aplica uma determinada funcao para todos os elementos da lista fornecida
# aninhamento
vt_aninha_Patefield_ce <- sapply(conj_mt_Patefield_ce, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) networklevel(x, index="weighted NODF"))

# modularidade
vt_modula_Patefield_ce <- sapply(conj_mt_Patefield_ce, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) computeModules(x, method= "Beckett")@likelihood)

# especializacao
vt_especi_Patefield_ce <- sapply(conj_mt_Patefield_ce, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) networklevel(x, index="H2"))

# conectancia
vt_conect_Patefield_ce <- sapply(conj_mt_Patefield_ce, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) networklevel(x, index="weighted connectance"))

# Calcula metricas para a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
mt_Ce_aninha <- networklevel(exemplo_matriz1, index="weighted NODF")
mt_Ce_modula <- metaComputeModules(exemplo_matriz1, method= "Beckett")@likelihood
mt_Ce_especi <- networklevel(exemplo_matriz1, index = "H2")
mt_Ce_conect <- networklevel(exemplo_matriz1, index= "weighted connectance")
```

```

# calcula o z-score usando o Patefield e as metricas da rede original
z_score_aninha_Pate_ce <- (mt_Ce_aninha - mean(vt_aninha_Patefield_ce))/sd(vt_aninha_Patefield_ce)
z_score_modula_Pate_ce <- (mt_Ce_modula -
mean(vt_modula_Patefield_ce))/sd(vt_modula_Patefield_ce)
z_score_especi_Pate_ce <- (mt_Ce_especi - mean(vt_especi_Patefield_ce))/sd(vt_especi_Patefield_ce)
z_score_conect_Pate_ce <- (mt_Ce_conect - mean(vt_conect_Patefield_ce))/sd(vt_conect_Patefield_ce)

##### MATRIZ DADOS MATA ATLÂNTICA #####
#####

dados_ma <- read.csv("compilado_final_mata_atlantica.csv", sep=';',h=T)
rownames(dados_ma) <- dados_ma$X
dados_ma <- dados_ma[, -1] # remove a 1a col
exemplo_matriz2 <- as.matrix(dados_ma)

# num interacoes
n_Int_ma <- sum(exemplo_matriz2)

# numero de matrizes aleatorias geradas
n_mt_aleatoria <- 1000

# gera matriz aleatoria pelo metodo Patefield
conj_mt_Patefield_ma <- r2dtable(n_mt_aleatoria,
                                apply(exemplo_matriz2, 1, sum), # total de interacoes por linha (ttl marginal da
                                linha)
                                apply(exemplo_matriz2, 2, sum)) # total de interacoes por coluna (ttl marginal da
                                coluna)

# calcula a metrica de rede para cada matriz aleatoria pelo metodo Patefield
# a funcao sapply aplica uma determinada funcao para todos os elementos da lista fornecida
# aninhamento
vt_aninha_Patefield_ma <- sapply(conj_mt_Patefield_ma, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) networklevel(x, index="weighted NODF"))

# modularidade
vt_modula_Patefield_ma <- sapply(conj_mt_Patefield_ma, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) computeModules(x, method= "Beckett")@likelihood)

# especializacao
vt_especi_Patefield_ma <- sapply(conj_mt_Patefield_ma, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) networklevel(x, index="H2"))

# conectancia
vt_conect_Patefield_ma <- sapply(conj_mt_Patefield_ma, # lista fornecida
                                # funcao em que "x" eh substituido por cada elemento da lista
                                function(x) networklevel(x, index="weighted connectance"))

# Calcula metricas para a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
mt_ma_aninha <- networklevel(exemplo_matriz2, index="weighted NODF")
mt_ma_modula <- metaComputeModules(exemplo_matriz2, method= "Beckett")@likelihood
mt_ma_especi <- networklevel(exemplo_matriz2, index = "H2")
mt_ma_conect <- networklevel(exemplo_matriz2, index= "weighted connectance")

# calcula o z-score usando o Patefield e as metricas da rede original
z_score_aninha_Pate_ma <- (mt_ma_aninha -
mean(vt_aninha_Patefield_ma))/sd(vt_aninha_Patefield_ma)

```

```

z_score_modula_Pate_ma <- (mt_ma_modula -
mean(vt_modula_Patefield_ma))/sd(vt_modula_Patefield_ma)
z_score_especi_Pate_ma <- (mt_ma_especi - mean(vt_especi_Patefield_ma))/sd(vt_especi_Patefield_ma)
z_score_conect_Pate_ma <- (mt_ma_conect - mean(vt_conect_Patefield_ma))/sd(vt_conect_Patefield_ma)

save.image(file = "cerrado-mata_2025-01-08.RData")

#####
#####
# Graficos para representar os resultados

# coloca quantas linhas e colunas no grafico
par(mfrow = c(2,2), mai= c(0.5,0.8,0.5,0.5))

## ANINHAMENTO
# valor min que o aninhamento obteve nas redes construidas
tmp_min_aninha <- min(vt_aninha_Patefield_ce, vt_aninha_Patefield_ma,
                    mt_Ce_aninha, mt_ma_aninha)
# valor max que o aninhamento obteve nas redes construidas
tmp_max_aninha <- max(vt_aninha_Patefield_ce, vt_aninha_Patefield_ma,
                    mt_Ce_aninha, mt_ma_aninha)

# boxplot com patefield
boxplot(vt_aninha_Patefield_ce, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_aninha,
                tmp_max_aninha), ylab= "Aninhamento", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_Ce_aninha, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_aninha_Pate_ce, digits = 3)),
      side = 1)
mtext("Cerrado") # coloca um titulo sem formatacao

# boxplot com patefield
boxplot(vt_aninha_Patefield_ma, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_aninha,
                tmp_max_aninha), ylab= "Aninhamento", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_ma_aninha, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_aninha_Pate_ma, digits = 3)),
      side = 1)
mtext("Mata Atlântica") # coloca um titulo sem formatacao

## MODULARIDADE
# para manter a mesma escala para os graficos e permitir uma interpretacao mais
# direta, os valores maximos e minimos para a metricas serao encontradas
tmp_min_modula <- min(vt_modula_Patefield_ce, vt_modula_Patefield_ma,
                    mt_Ce_modula, mt_ma_modula)
tmp_max_modula <- max(vt_modula_Patefield_ce, vt_modula_Patefield_ma,
                    mt_Ce_modula, mt_ma_modula)
# boxplot
boxplot(vt_modula_Patefield_ce, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_modula,
                tmp_max_modula), ylab= "Modularidade", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)

```

```

# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_Ce_modula, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_modula_Pate_ce, digits = 3)),
      side = 1)

boxplot(vt_modula_Patefield_ma, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_modula,
                 tmp_max_modula), ylab= "Modularidade", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_ma_modula, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_modula_Pate_ma, digits = 3)),
      side = 1)

## especializacao
# valor min que obteve nas redes construidas
tmp_min_especi <- min(vt_especi_Patefield_ce, vt_especi_Patefield_ma,
                    mt_Ce_especi, mt_ma_especi)
# valor max que o aninhamento obteve nas redes construidas
tmp_max_especi <- max(vt_especi_Patefield_ce, vt_especi_Patefield_ma,
                    mt_Ce_especi, mt_ma_especi)

# boxplot com patefield
boxplot(vt_especi_Patefield_ce, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_especi,
                 tmp_max_especi), ylab= "H2", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_Ce_especi, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_especi_Pate_ce, digits = 3)),
      side = 1)
mtext("Cerrado") # coloca um titulo sem formatacao

# boxplot com patefield
boxplot(vt_especi_Patefield_ma, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_especi,
                 tmp_max_especi), ylab= "H2", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_ma_especi, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_especi_Pate_ma, digits = 3)),
      side = 1)
mtext("Mata Atlântica") # coloca um titulo sem formatacao

## conectancia
# para manter a mesma escala para os graficos e permitir uma interpretacao mais
# direta, os valores maximos e minimos para a metricas serao encontradas
tmp_min_conect <- min(vt_conect_Patefield_ce, vt_conect_Patefield_ma,
                    mt_Ce_conect, mt_ma_conect)
tmp_max_conect <- max(vt_conect_Patefield_ce, vt_conect_Patefield_ma,
                    mt_Ce_conect, mt_ma_conect)

```

```

# boxplot
boxplot(vt_conect_Patefield_ce, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_conect,
                  tmp_max_conect), ylab= "Conectância", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_Ce_conect, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_conect_Pate_ce, digits = 3)),
      side = 1)

boxplot(vt_conect_Patefield_ma, notch = T,
        ylim = c(tmp_min_conect,
                  tmp_max_conect), ylab= "Conectância", whisklty = 1, whisklwd = 1.5, staplelwd = 1.5)
# plota o pto correspondente a rede original (fornecida para gerar as aleatorias)
points(mt_ma_conect, col = "orange", pch = 18, cex = 2)
# z-score usando a matriz Totalmente por Patefield
mtext(paste("z-score: ",
            format(z_score_conect_Pate_ma, digits = 3)),
      side = 1)

par(mfrow = c(1,1)) # volta a configuracao das figuras para um grafico por fig

#-----

# valores de p
p_valor_aninha_ce <- pnorm(-abs(z_score_aninha_Pate_ce))
p_valor_aninha_ma <- pnorm(-abs(z_score_aninha_Pate_ma))
p_valor_conect_ce <- pnorm(-abs(z_score_conect_Pate_ce))
p_valor_conect_ma <- pnorm(-abs(z_score_conect_Pate_ma))
p_valor_especi_ce <- pnorm(-abs(z_score_especi_Pate_ce))
p_valor_especi_ma <- pnorm(-abs(z_score_especi_Pate_ma))
p_valor_modula_ce <- pnorm(-abs(z_score_modula_Pate_ce))
p_valor_modula_ma <- pnorm(-abs(z_score_modula_Pate_ma))

# salvar os dados (os dados que ficam na aba "Enviroment")
save(list = ls(all.names = TRUE),file = "dados_p_ma_ce.RData")

```