

```
#L. Beauguitte, groupe fmr (flux, matrices, réseaux), juillet 2012
#Principales fonctions du module R bipartite
#Ce script ne prétend pas épuiser les possibilités du package

#chargement des packages

library(bipartite)
library(sna)

#citation

citation("bipartite")

#liste des jeux de données disponibles

data(package = "bipartite")

#liste des fonctions disponibles

library(help="bipartite")

#chargement d'un jeu de données
#classe et structure

data(Safariland)
class(Safariland) #matrix
edit(Safariland) #graphe bipartite valué

#mesures des caractéristiques d'ensemble

networklevel(Safariland)

#mesures des caractéristiques des sommets
#nécessite le package sna

specieslevel(Safariland)

#graphique degrés - fréquence cumulée

#noter le message d'avertissement
#la droite de régression placée par défaut n'est
#pas pertinente vu le nombre de sommets

degreedistr(Safariland)

#comparaison du graphe avec des graphes bipartites aléatoires
#fonction qui peut être très lente selon l'ordre du graphe

#tous les indicateurs ne peuvent être testés selon les caractéristiques
#du graphe de départ

#ici, sont testés le nombre de proie(s) par prédateur ("generality")
```

```
#le nombre de prédateur(s) par proie ("vulnerability")
#une mesure de spécialisation du graphe ("H2")
#la force des interactions ("ISA") et le niveau d'asymétrie ("SA")
#voir la documentation pour plus de détails sur les mesures disponibles

null.t.test(Safariland, index=c("generality", "vulnerability", "H2",
    "ISA", "SA"), nrep=2, N=10)

#visualisation de la matrice d'adjacence

visweb(Safariland)

#avec des cercles proportionnels et de la couleur...

visweb(Safariland, circles=TRUE, boxes=TRUE, outerbox.col="green",
    labsize=1, circle.max=1.8, text="no", box.border="red")

#autre possibilité de présentation

visweb(Safariland, square="b", box.col="green", box.border="red")

#visualisation du graphe

plotweb(Safariland)

#en colorant liens et sommets et en orientant les étiquettes

plotweb(Safariland, text.rot=90, col.high="blue",
    col.low="green", col.interaction="orange")

#pour connaître toutes les options disponibles

?plotweb

#visualisation des interactions entre espèces
#les lignes symbolisent les pollinisateurs/prédateurs

plotPAC(Safariland)

#recherche des clusters à l'aide de la modularité
#liste des appartenances aux clusters
#et visualisation

cW <- computeModules(Safariland, deep = FALSE, deleteOriginalFiles = TRUE,
    steps = 1000000)
listModuleInformation(cW)
plotModuleWeb(cW)

#étudier les conséquences de la disparition d'une espèce
#par défaut, l'espèce la moins nombreuse est éliminée en premier

second.extinct(Safariland, participant="low", method="r", nrep=50,
```

```
details=TRUE)
```

```
#transformation en graphe valué de coappartenance  
#les objets créés sont de type "matrix"
```

```
transL <- as.one.mode(Safariland, project="lower") #origine - origine  
transH <- as.one.mode(Safariland, project="higher")#destination - destination
```

```
#transformation en liste de liens valués pour une utilisation  
#avec un autre logiciel (ex. Pajek)  
#la fonction écrit par défaut deux fichiers sans extension sur le disque dur  
#l'un avec les noms, l'autre avec les liens (origine, destination, poids)
```

```
web2edges(Safariland, out.files=c("edges", "names", "groups")[1:2])
```

```
#générer un graphe bipartite aléatoire  
#Nx : nombre de sommets dans le groupe x  
#dens : nombre de liens moyen pour chaque espèce (2 par défaut)
```

```
g <- genweb(N1 = 10, N2 = 30, dens=1)
```

```
#la documentation du package est bien faite même si  
#certaines fonctions manquent de scripts d'exemples  
#http://cran.r-project.org/web/packages/bipartite/index.html
```