

Função assoc

Autora: Lucia Neco

Obs: O código completo não está funcionando no meu computador como deveria. Como não consegui achar o erro até o final do tempo para postar, coloco o código com opções alternativas.

Arquivos da função

[Help da função assoc .txt](#)

[Help da função assoc .docx](#)

[Função assoc](#)

[Função assoc - Retorno índices de associação e histograma apenas](#)

[Função assoc - Retorno resultado do teste de significância e histograma apenas](#)

Help da função

assoc {Disciplina ecoR} Lucia Carvalho Neco

Teste de significância da associação de indivíduos

Descrição

A função “assoc” executa o teste da significância das associações de indivíduos em um grupo social. A função utiliza o teste de Monte Carlo (desenvolvida por Manly) adaptada por Bejder (1998) para verificar essa significância usando um dos três tipos de índices de associação: simple ratio index, half weight index e twice weight index.

Uso

assoc(file, INDEX)

Argumentos

file objeto do tipo dataframe em que as linhas representam grupos identificados nas amostras e as colunas representam indivíduos do grupo social estudado (1 se presente neste grupo, 0 se não presentes). A primeira coluna do dataframe deve conter as repetições/observações do respondente aos dados.

INDEX escolha entre os três tipos de índice de associação presentes na literatura – “sri”(simple ratio index), “hwi” (half weight index), “twi”(twice weighted index): cheque “Detalhes”.

Detalhes

A função exclui Nas dos dados antes de começar as análises. Use “sri” em INDEX para associações em que o observador é capaz de localizar todos os indivíduos em cada repetição/observação. Use “hwi” em INDEX se existe algum viés em localizar indivíduos em grupos diferentes. Use “twi” em INDEX se existe algum viés em localizar indivíduos quando estão juntos formando um grupo.

Valor

A função retorna um objeto de saída do tipo lista contendo: uma matriz com os valores dos índices de associação para cada par de indivíduos presentes no dataframe; uma matriz de mesmo tamanho da anterior contendo a probabilidade de cada valor de associação estar incluído em uma distribuição randômica de interações; um histograma com a distribuição da frequência das associações observadas;

Referências

Bejder, L., Fletcher, D., & Bräger, S. (1998). A method for testing association patterns of social animals. *Animal Behaviour*, 56(3), 719-725.

Croft, D.P., James, R. and Krause, J., 2008. *Exploring animal social networks*. Princeton University Press.

Exemplo

##Dados de associação de indivíduos com 5 observações, 7 indivíduos e 10 grupos no total

```
file=matrix(c(1,1,0,0,0,1,1,0,0,1,1,1,0,0,0,0,1,0,0,0,1,0,0,1,0,1,1,0,0,1,1,0,0,0,0,1,0,1,0,1,1,0,0,1,0,1,0,1,0,1,1,1,0,0,0,0,1,0,0,0,1,1,0,0,0,0,1,1,0,1,0,0,0,0,0,1,0,1,0,1), ncol=7,nrow= 10)
```

```
file = cbind( c(1,1,2,2,2,3,3,4,5,5), file)
```

```
file = data.frame(file)
```

```
assoc(file = file , INDEX = "sri")
```

Código da função

```
assoc = function (file, INDEX)
{
#### INDICES DE ASSOCIACAO OBSERVADOS
file = na.omit(file)
file2 = file[,1] #Transforma a primeira coluna do dataframe em um objeto separado
file = file[,-1] #Retira a primeira coluna do dataframe, deixando apenas as observa??es de presen?a e ausencia dos individuos

indices=matrix(NA, ncol=ncol(file), nrow=ncol(file)) # Criar uma matriz para
```

guardar os indices de associacao observados

```

for(a in 1:(ncol(file)-1))# Repeticoes para cada par de individuos
{
  for(b in (a+1):ncol(file))# Repeticoes para cada par de individuos
  {
    x = length(file[,a][file[,a]==1 & file[,b]==1]) #numero de vezes a e b
    estavam no mesmo grupo
    x
    indjuntos = aggregate(file, list(c(file2)), sum) # Juntando as
    observacoes de cada repeti??o para averiguar depois os indiv?duos observados
    na mesma repeticao
    yab = (length(indjuntos[,a][indjuntos[,a]>=1 | indjuntos[,b]>=1])) - x
    #numero de vezes que os dois indiv?duos foram observados, por?m em grupos
    diferentes
    yab

    ya = length(file[,a][file[,a]==1 & file[,b]==0]) #numero de vezes em que
    o individuo a foi observado em um grupo, mas nao b
    ya

    yb = length(file[,a][file[,b]==1 & file[,a]==0])#numero de vezes em que
    o individuo b foi observado em um grupo, mas nao a
    yb

    if (INDEX == "sri") #escolha do usuario
    {
index = x/(x + yab + ya + yb) #simple ratio index
    }
    if (INDEX == "hwi") #escolha do usuario
    {
index = x/(x + yab + 1/2*(ya + yb)) #half weight index
    }
    if (INDEX == "twi") #escolha do usuario
    {
index = x/(x + (2*yab) + ya + yb) #twice weight index
    }
    if(INDEX!="sri"&INDEX!="hwi"& INDEX!="twi") #Parar a funcao se o usuario
    nao escolheu um indice
    {
      stop("Nenhum indice de associacao escolhido") # Aviso de erro
    }
indices[a,b] = index #Salvar os resultados em uma matriz
  }
}

indices

```

HISTOGRAMA DE FREQUENCIAS OBSERVADAS

```
hist(indices, main="Histograma dos Indices de Associacao \n Observados",  
xlab="Valor do Indice de Associacao",ylab="Frequencia", col = "purple")  
#Cria histograma dos valores do indice de associacao observados
```

TESTE DE SIGNIFICANCIA - PERMUTACAO

```
pmontecarlo=matrix(NA, ncol=ncol(file), nrow=ncol(file)) # Criar uma matriz  
para guardar os resultados de p depois do teste de significancia  
  
for(i in 1:(ncol(file)-1)) # Repeticoes para cada par de individuos  
{  
  for(j in (i+1):ncol(file)) # Repeticoes para cada par de individuos  
  {  
  
    simulaab = rep(NA, 1000) #Vetor para guardar os valores de cada simula??o.  
  
    simulaab[1] = indices[i,j] #Valor observado na primeira posicao do vetor  
da simulacao  
  
    for (v in 2:1000) #Ciclo com contador (v) que vai de 2 a 1000 para as  
simulacoes  
    {  
      filemc = apply(file, 1, sample) # Aqui os dados sao embaralhados,  
mantendo o mesmo numero de individuos em cada grupo  
      filemc = data.frame(t(filemc)) #Transpor o resultado do apply com o  
sample que inverte a posicao de linhas e coluna dos dados  
  
      indicesmc=matrix(NA, ncol=ncol(file), nrow=ncol(file)) # Matriz para  
guardar os indices gerados aleatoriamente  
      for(c in 1:(ncol(file)-1)) # Repeticoes para cada par de indiv?duos  
      {  
        for(d in (c+1):ncol(file)) # Repeticoes para cada par de indiv?duos  
        {  
          x = length(filemc[,c][filemc[,c]==1 & filemc[,d]==1]) #numero de  
vezes a e b estavam no mesmo grupo  
          x  
          indjuntos = aggregate(filemc, list(c(file2)), sum) # Juntando as  
observacoes de cada repeticao para averiguar depois os individuos observados  
na mesma repeticao  
          yab = (length(indjuntos[,c][indjuntos[,c]>=1 | indjuntos[,d]>=1]))  
- x #numero de vezes que os dois individuos foram observados, porem em  
grupos diferentes  
          yab  
          ya = length(filemc[,c][filemc[,c]==1 & filemc[,d]==0]) #numero de
```

```
vezes em que o individuo a foi observado em um grupo, mas nao b
ya
yb = length(filemc[,c][filemc[,c]==1 & filemc[,d]==0])#numero de
vezes em que o indiv?duo b foi observado em um grupo, mas n?o a
yb
if (INDEX == "sri") #escolha do usuario
{
  indexmc = x/(x + yab + ya + yb) #simple ratio index
}
if (INDEX == "hwi")#escolha do usuario
{
  indexmc = x/(x + yab + 1/2*(ya + yb)) #half weight index
}
if (INDEX == "twi")#escolha do usuario
{
  indexmc = x/(x + (2*yab) + ya + yb) #twice weight index
}
indicesmc[c,d] = indexmc #Salvar os resultados em uma matriz
}
}
simulaab[v] = indicesmc[i,j] #Salvar os resultados em um vetor
}
obsXesp=sum(simulaab>=simulaab[1]) #Separar os indices formados
aleatoriamente que est?o acima do valor observado
p=obsXesp/length(simulaab) #Qual a proporcao de valores aleatorios sao
maiores do que o valor observado
pmontecarlo [i,j] = p # Guardar esse valor em uma matriz
}
}

listaassoc = list(c(indices,pmontecarlo)) # Criando lista com o objeto
indices e o objeto pmontecarlo

return(listaassoc) # 0 que a função vai retornar para o usuario

}# Fechar a funcao
```

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2016:alunos:trabalho_final:lcneco:funcao



Last update: **2020/08/12 06:04**