

Una mirada a la red biótica de Bogotá a través del análisis de redes

Andrés Silva Vásquez
U. Nacional de Colombia

Wilmer Alejandro Cante Muñoz
U. Nacional de Colombia

Resumen

Se analizo la red biótica de Bogotá a través de medidas de centralidad, como el anidamiento, grado, eigenvector, etc. Donde el análisis fue procesados en python utilizando principalmente la librería *Networkx*. En el cual se encontró que las especies nativas siguen una estructura modular, y que la distinción entre especies nativas y no nativas no se da por métricas de centralidad, sino por las relaciones que usan biótica para relacionarse. En adición, se observo que la red es volátil ante la remoción de nodos con alto grado de salida.

Palabras clave

Modularidad, relaciones interdominio, *Apis Mellifera*, centralidad, Bogotá

1. Introducción

La importancia de los ecosistemas en la vida humana es innegable [1]. Aunque, no todos los casos son iguales, Bogotá a través de su historia ha sufrido una colonización no solo cultural, sino también biológica, como fue el caso de la introducción del *Eucalyptus globulus* [2]. Que ha cambiado quizás para siempre al ecosistema. Aunque, varios estudios han centrado su atención en bioinvasiones marítimas [3], o hecho atisbos sobre la estructura de las bioinvasiones en una red [4]. El presente estudio, analiza el estado actual de una red en tierra firme, tras décadas de introducción de especies no nativas. Por lo que, comprender cuál ha sido el resultado de la introducción de especies en la red biótica de Bogotá, así como el estado actual de la red como un todo, es el objetivo del presente estudio.

Con este fin, se analizó la red biótica desarrollada por el jardín botánico de Bogotá en *Data synthesis and dynamic visualization converge into a comprehensive biotic interaction network: a case study of the urban and rural areas of Bogotá D.C.* [5], la cual es un hipergrafo. Donde se disgrega la información de las relaciones, por tipo de interacción y órgano con el que se interactúa frente al otro organismo; y ordenando los nodos por: especie y si son nativas o no. Toda esta in-

formación se puede visualizar como se ve en la figura 1.

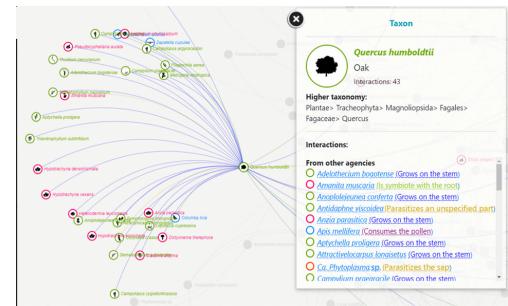


Figura 1: Ejemplo de un nodo dentro de la red [5]

Además, el estudio provee información sobre el origen de los datos, tanto nodos como relaciones. Que van desde artículos científicos a archivos multimedia registrados en las zonas de toma de datos [5].

Dado este conjunto de información, se procesó la red a través del análisis de redes, que se detalla en la siguiente sección. Donde se incluyen medidas de arquitectura y centralidad. Las primeras con el fin de obtener información topológica de la red, y determinar su estructura, así como observar sus cambios ante la remoción de especies, aleatorias o de mayor grado de salida. En adición, las segundas se usaron para contrastar la importancia de las especies nativas y no nativas. Dichas medidas se realizaron principalmente a través de la librería *Networkx* como se describe en la sección correspondiente a metodología. Despues, los resultados fueron comparados con la literatura citada en el estado del arte, encontrando lo descrito en el resumen, y varias recomendaciones para futuros estudios.

2. Estado del arte

Dentro del estudio de redes bióticas se han encontrado diversas métricas relevantes como: anidamiento [6], modularidad [7], robustez [8], densidad [9], grado de salida [10], etc. Las cuales se han aplicado al estudio de ecosistemas financieros [11], o más comúnmente a ecosistemas biológicos,

como se detalla a continuación.

El uso de medidas de centralidad y/o arquitectura ha servido en estudios de conservación, que han examinado la influencia de factores abióticos en ecosistemas [12] o de su fragilidad frente a cambios en su arquitectura [13]. Así como para la optimización de redes biológicas en la agricultura [14].

Por otro lado, un campo menos explorado pero no menos importante ha sido la evaluación de especies invasoras (no nativas) que compiten y se relacionan, con las especies nativas [4]. No obstante, existe una amplia gama de interacciones posibles entre especies: parasitismo, depredación, oviposición, epibiosis, visita floral, dispersión, mutualismo, nidificación, hematofagia, etc. Que se caracterizan por tener una diferente estructura, siendo así que redes mutualistas [15] [16] [17] y parasitarias [18] [19] se correlacionan con el anidamiento. Por su parte, redes polinizadores-plantas [7] y relaciones parasitarias [20] suelen poseer una estructura modular. Pese a lo anterior, una red modular no excluye a una anidada, véase la figura 2. Más bien, se ha encontrado que la conectividad es el verdadero predictor entre una red más modular o anidada. Específicamente, a bajos valores de conectividad la red se inclina a ser modular y anidada, mientras que a altos valores de conexión la red se inclinan por el anidamiento [9].

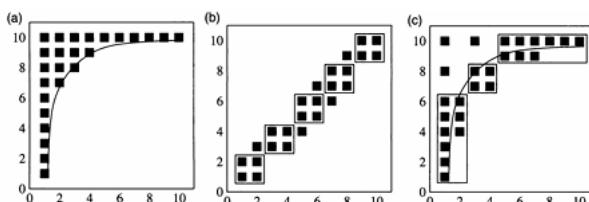


Figura 2: Tres redes con el mismo número de especies e interacciones. **a** Red puramente anidada.**b** Red puramente modular.**c** Red modular y anidada[9].

En los anteriores párrafos, se expuso sobre modularidad, anidamiento y densidad. Pero, aún queda otra medida importante dentro de la arquitectura de la red, la robustez. Esta se refiere a la resistencia de la red frente a la pérdida de nodos, puntos aislados de la red [21]. Lo cual se ha estudiado ampliamente en polinizadores debido a su aplicación a agro-ecosistemas [22] [8].

Por otro lado, las medidas de centralidad también ocupan un papel esencial. La centralidad de grado de salida o como se conoce en la literatura, fortaleza de la especie ocupa un papel importante en ecología, específicamente nos describe cómo dentro de redes mutualistas la especie con mayor grado de salida lo hace a costa de otra cuyo gra-

do es menor [10]. En el caso de polinizadores, los animales encargados de dicha tarea tienen más grado a costa de las plantas que polinizan. Así mismo, otra medida menos popular para medir la influencia de las especies en la red biótica ha sido pagerank, en la cual se busca darle más peso a las especies que soportan al ecosistema al darle más nutrientes, destacando varias especies dentro de plantae [23].

Por otra parte, diferentes medidas de centralidad aportan información sobre la red. Por un lado, la centralidad de eigenvalor se ha encontrado como predictor del anidamiento de la red [24]; mientras que otras medidas como la centralidad de grado ha reflejado que las interacciones bióticas siguen una ley de potencias con una exponencial truncada [25]. En especial las medidas por visita floral [10]. Lo cual hace que, en general, las redes bióticas sean redes complejas [25]. De la misma forma, la centralidad de clúster se ha encontrado correlacionada con interacciones de visita floral, funcionando en esos casos la aproximación de mundo pequeño [26].

Por otro lado, medidas como centralidad de cercanía y de intermediación se han usado para evaluar interacciones temporales [27] así como para el estudio de corredores biológicos [28].

3. Metodología

3.1. Procesamiento red biótica

La red [5] distingue entre las partes con las que una especie interactúa con la otra, pudiendo haber más de un vértice entre dos nodos. Pero, dicha redundancia puede darse a través de una diferente relación biótica; por lo que en general no se redujo la red a una dirigida simple o no dirigida, a menos de que se indique en la siguiente sección.

3.2. Medidas de Arquitectura

En primer lugar, el análisis del **anidamiento** en este estudio se implementó mediante dos enfoques metodológicos diferenciados según los objetivos específicos de cada fase de la investigación. Para el análisis estructural de las subredes ecológicas, se empleó el índice NODF (*Nestedness based on Overlap and Decreasing Fill*), métrica ampliamente validada en estudios ecológicos [29] que cuantifica el grado en que las interacciones de especies menos conectadas forman subconjuntos perfectos de aquellas más conectadas. El cálculo de NODF se realizó mediante la ecuación:

$$NODF = \frac{100}{k(k-1)/2} \sum_{i < j} \left[\frac{O_{ij}}{\min(k_i, k_j)} \cdot \delta(k_i > k_j) \right] \quad (1)$$

donde O_{ij} representa el número de interacciones compartidas entre los pares de especies i y j , k_i y k_j son sus respectivos grados de conectividad, y δ es una función indicadora que garantiza la comparación sólo entre especies con diferente grado de conectividad.

Paralelamente, para el análisis de la resiliencia de la red completa ante la remoción progresiva de nodos, se implementó una versión optimizada del método de Atmar y Patterson [30], el cual evalúa la triangularidad de la matriz de adyacencia mediante un algoritmo computacionalmente eficiente ($O(n^2)$) que calcula la proporción de interacciones que se concentran en el triángulo superior de la matriz cuando ésta se ordena por grado de conectividad. Esta segunda aproximación, aunque menos fina que NODF en términos ecológicos, permitió realizar más de 1,000 iteraciones de remoción de nodos por grado de salida (k_{out}) manteniendo la viabilidad computacional del estudio.

Por el lado de la **modularidad**, el estudio incorporó su el análisis exclusivamente en la fase de evaluación de la resiliencia de la red ante la remoción progresiva de nodos clave, utilizando el algoritmo *greedy* de Newman [31] para maximizar la métrica de modularidad Q . Este enfoque, implementado mediante la función `greedy_modularity_communities` de NetworkX, opera convirtiendo primero el grafo dirigido original a su versión no dirigida mediante `grafo.to_undirected()`, lo que permite aplicar el algoritmo estándar de detección de comunidades. La modularidad Q se calcula mediante la ecuación fundamental:

$$Q = \frac{1}{2m} \sum_{ij} \left[A_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m} \right] \delta(c_i, c_j) \quad (2)$$

donde A_{ij} representa la matriz de adyacencia, k_i y k_j son los grados de los nodos i y j respectivamente, m es el número total de enlaces en la red, y $\delta(c_i, c_j)$ es la función delta de Kronecker que vale 1 cuando los nodos pertenecen a la misma comunidad y 0 en caso contrario. El algoritmo comienza considerando cada nodo como una comunidad independiente y luego procede iterativamente uniendo aquellas comunidades cuyo merge produzca el mayor incremento positivo en Q , construyendo así una jerarquía completa

de agrupamientos hasta alcanzar el máximo global de modularidad.

La **densidad** de la red se calculó en cada paso del análisis de remoción progresiva utilizando la función `nx.density()` de NetworkX. Esta implementación directa permitió cuantificar la proporción de conexiones existentes respecto al total posible en cada estado de la red durante el proceso de eliminación iterativa de nodos.

Por su parte, en la medida de **robustez** se implementó mediante una combinación ponderada de tres métricas clave (coeficiente de clustering, grado promedio normalizado y componente gigante relativo) en proporción 40-30-30 %. Esta aproximación, validada empíricamente por [8], reproduce el comportamiento de métodos estándar ($R^2 > 0,85$) con complejidad computacional reducida ($O(n^2)$ vs $O(n^4)$), permitiendo su aplicación iterativa durante la remoción de nodos. La ponderación refleja que: (1) el clustering captura redundancia local crítica en redes ecológicas, (2) el grado promedio indica conectividad global, y (3) el componente gigante mide integridad estructural.

Finalmente, cabe recalcar que en la remoción de nodos fueron eliminados los nodos que quedaban aislados.

3.3. Medidas de centralidad

El análisis de centralidad se implementó mediante un conjunto de métricas para caracterizar los patrones de conectividad de especies nativas y no nativas. Para el **grado** de conectividad, se realizó un análisis en dos niveles: primero en las subredes específicas de interacciones (Nativa-Nativa, Nativa-No nativa, No nativa-Nativa y No nativa-No nativa) mediante histogramas de distribución de grado con ajuste lineal en escala log-log para identificar posibles leyes de potencia, y segundo para toda la red utilizando `nx.degree_centrality`, comparando las distribuciones entre grupos de especies Nativas y No nativas.

Para las demás métricas de centralidad se siguió una metodología uniforme. La centralidad de **cercanía** se calculó con `nx.closeness_centrality`, evaluando la accesibilidad de cada nodo en la red. La **intermediación** se obtuvo mediante `nx.betweenness_centrality` para identificar nodos clave en los caminos más cortos. El **PageRank** se implementó con `nx.page_rank` para medir la importancia relativa de los nodos. Para la centralidad de **Eigenvector** se usó una función lambda con `nx.eigenvector_centrality` y

parámetros ajustados (`max_iter=1000, tol=1e-4`) que garantizaron convergencia. Finalmente, el coeficiente de **clustering** se calculó con `nx.clustering` para evaluar la agrupación local.

En todos los casos, se preservó la dirección original de las interacciones cuando correspondía y se generaron distribuciones comparativas entre especies nativas y no nativas. Las métricas se calcularon individualmente para cada nodo y luego se agruparon según el origen de las especies, permitiendo contrastar sus patrones de conectividad mediante visualizaciones lado a lado que facilitaron la identificación de diferencias estructurales en la red.

4. Resultados

4.1. Anidamiento entre reinos

Para analizar los patrones de anidamiento en las interacciones biológicas, se construyeron subredes especializadas considerando dos tipos de relaciones ecológicas. Las subredes mutualistas se conformaron exclusivamente con interacciones de tipo “VISITA FLORAL”, “DISPERSIÓN” y “MUTUALISMO”, mientras que las subredes parasitistas incluyeron únicamente interacciones de “PARASITISMO”. Cada subred representó una combinación binaria entre los cinco reinos biológicos presentes en la red, seleccionando solamente aquellas que superaron el umbral mínimo de 20 nodos para garantizar la robustez de los análisis.

Entre las subredes mutualistas, cuatro combinaciones cumplieron con el criterio de tamaño establecido:

- Fungi-Plantae con 54 especies de Fungi y 31 de Plantae (NODF = 12.9)
- Bacteria-Plantae con 20 especies de Bacteria y 9 de Plantae (NODF = 28.7)
- Animalia-Plantae con 208 especies de Animalia y 772 de Plantae (NODF = 33.1)
- Animalia-Bacteria con 15 especies de Animalia y 17 de Bacteria (NODF = 45.9)

Estas configuraciones se presentan en la Figura 3, donde se observan sus respectivas matrices de interacción y curvas de isocлина calculadas mediante la función $y = m \cdot (1 - (x/n)^\alpha)$, con $\alpha = \text{NODF}/100$ y n, m representando las dimensiones de los reinos involucrados.

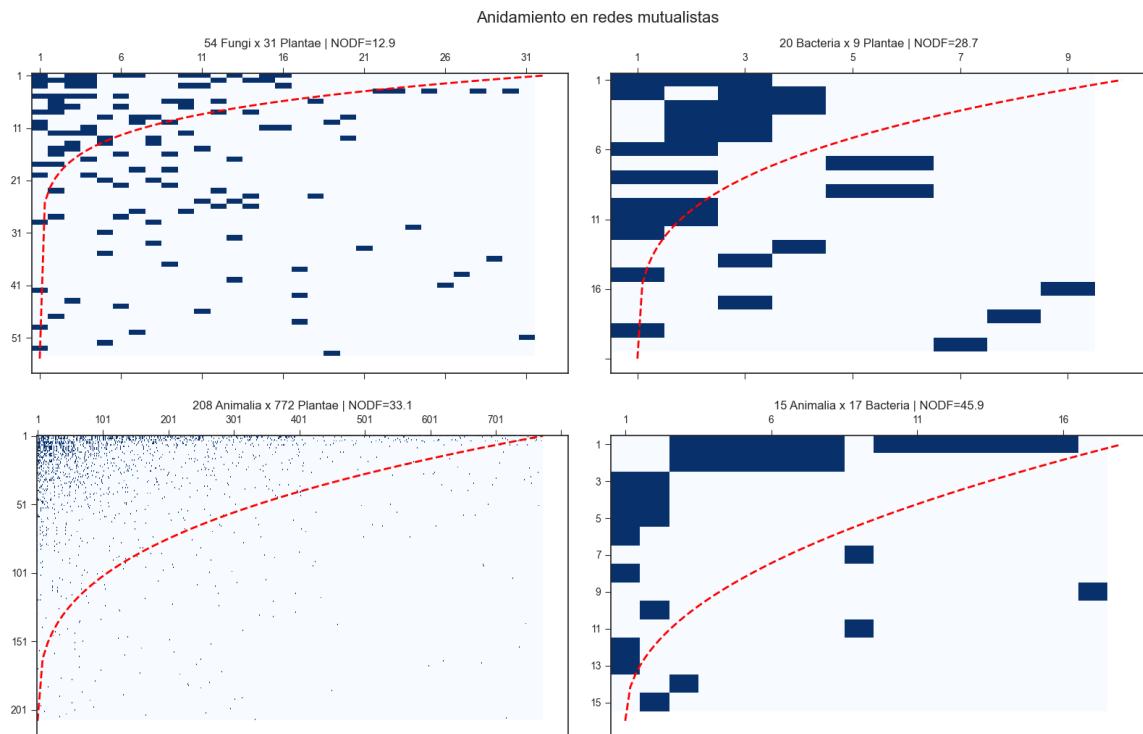


Figura 3: Gráfica del anidamiento entre distintos reinos para redes mutualistas con la isocrina correspondiente a su valor de NODF

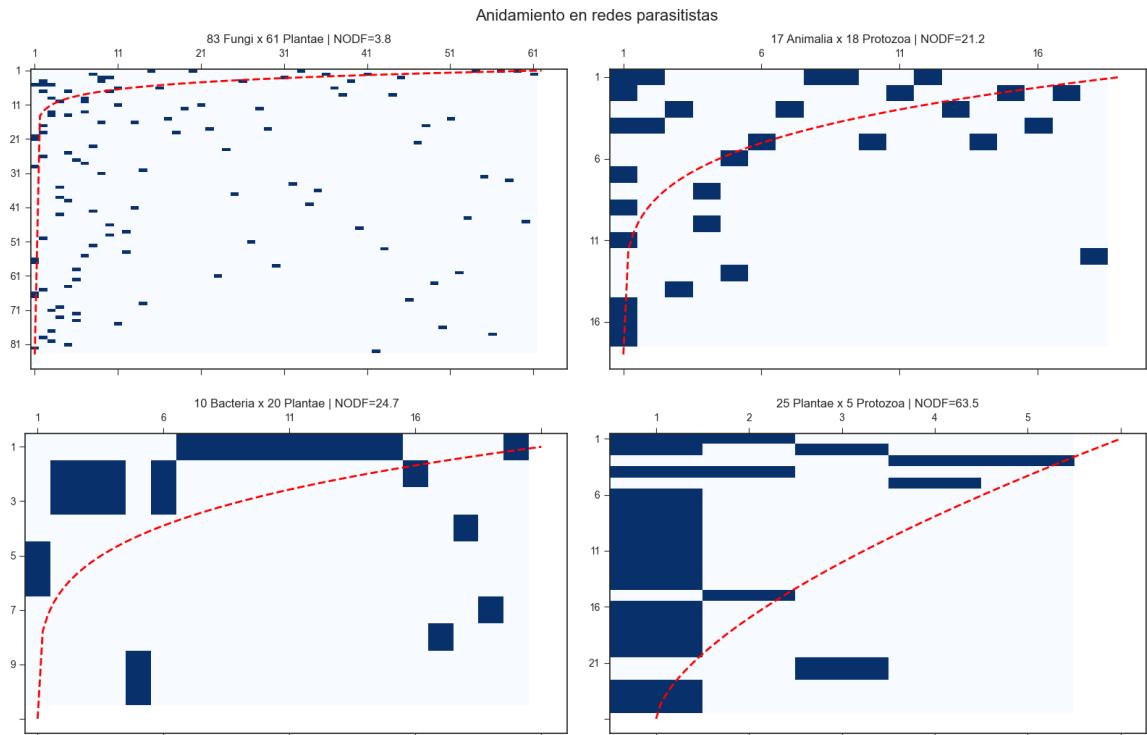


Figura 4: Gráfica del anidamiento entre distintos reinos para redes parasitistas con la isoclina correspondiente a su valor de NODF

En el caso de las subredes parasitistas, cuatro combinaciones superaron el umbral mínimo:

- Fungi-Plantae con 83 especies de Fungi y 61 de Plantae (NODF = 3.8)
- (2) Animalia-Protozoa con 17 especies de Animalia y 18 de Protozoa (NODF = 21.2)
- (3) Bacteria-Plantae con 10 especies de Bacteria y 20 de Plantae (NODF = 24.7)
- Plantae-Protozoa con 25 especies de Plantae y 5 de Protozoa (NODF = 63.5)

Estos resultados se visualizan en la Figura 4, mostrando la notable variabilidad en los patrones de anidamiento entre los diferentes sistemas de interacción.

La combinación Fungi-Plantae apareció en ambos tipos de interacción pero con marcadas diferencias en sus valores de NODF (12.9 para mutualismo versus 3.8 para parasitismo), indicando configuraciones estructurales distintas según el tipo de relación ecológica.

Las redes parasitistas mostraron mayor variabilidad en sus valores de NODF, desde el mínimo observado en Fungi-Plantae hasta el máximo en Plantae-Protozoa.

4.2. Comparación del rol de las especies Nativas y No nativas en la red

4.2.1. Tipos de interacción e interrelación

Para caracterizar el papel ecológico diferencial de especies nativas y no nativas, se creó primero un grafo G_o que solo contiene interacciones en donde ambas especies tengan su origen (Nativa o No nativa) definido, como valor de referencia este grafo contiene 5356 aristas (el grafo G completo tiene 6665 aristas). A partir de dicho grafo se analizaron cuatro subredes específicas: (1) *Nativa-Nativa* (G_{o_nn}), (2) *Nativa-No nativa* (G_{o_no}), (3) *No nativa-Nativa* (G_{o_on}), y (4) *No nativa-No nativa* (G_{o_oo}). En primer lugar, se examinó la distribución de tipos de interacción en cada subred (Figura 5)

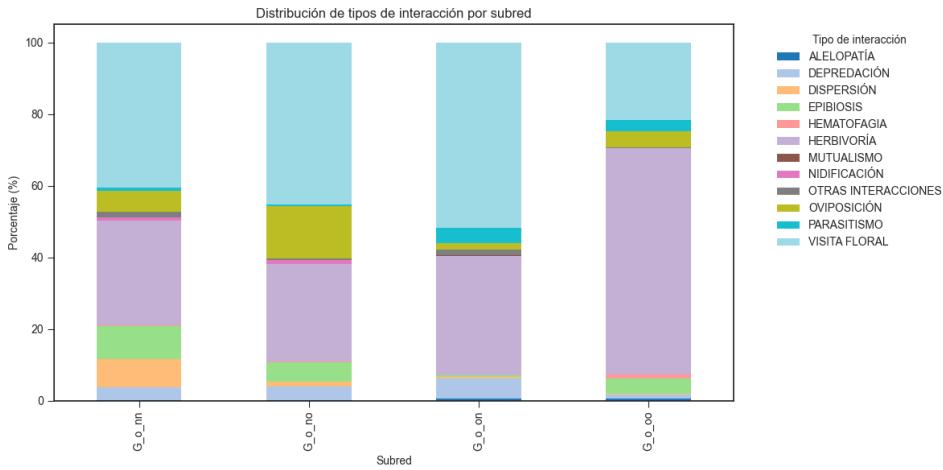


Figura 5: Porcentaje de cada tipo de interacción en cada una de las subredes creadas

Adicionalmente, se identificaron las tres 3 interacciones más características de cada sistema como aquellas que presentan mayores desviaciones respecto al porcentaje promedio en las cuatro subredes.

- Nativa-Nativa: DISPERSIÓN, EPIBIOISIS y VISITA FLORAL.
- Nativa-No nativa: DEPREDACIÓN, OVIPOSICIÓN y VISITA FLORAL.
- No nativa-Nativa: DEPREDACIÓN, PARASITISMO y VISITA FLORAL.
- No nativa-No nativa: HEMATOFAGIA, HERBIVORÍA y PARASITISMO.

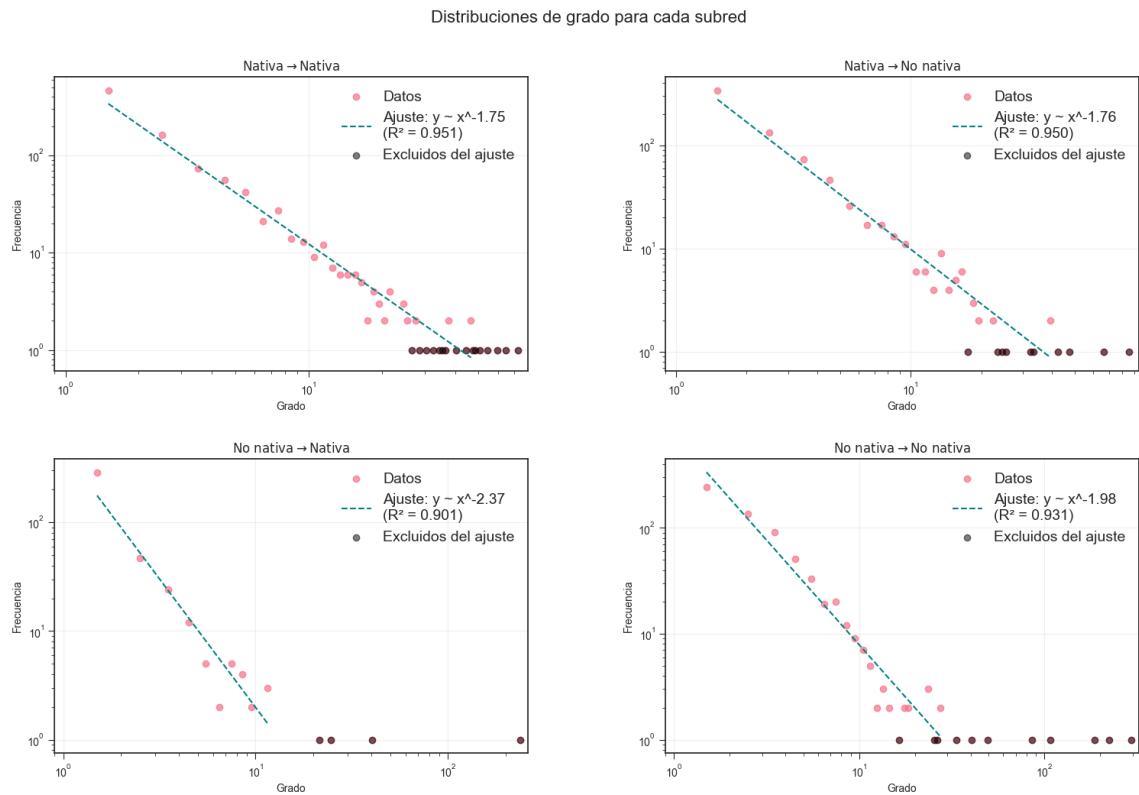


Figura 6: Distribuciones de grado para cada subred de interacciones

En segundo lugar, se analizaron las distribuciones de grado en cada subred mediante ajustes de ley de potencias ($y \sim x^{-\gamma}$), excluyendo nodos con frecuencia única para mejorar la calidad del ajuste como se muestra en la Figura 6. Los resultados mostraron exponentes característicos: $\gamma_{N-N} = 1,75$,

$\gamma_{N-NoN} = 1,76$, $\gamma_{NoN-N} = 2,37$, y $\gamma_{NoN-NoN} = 1,98$. Estos valores indican que la subred Nativa-No nativa presenta la distribución más heterogénea ($\gamma = 2,37$), con mayor presencia de especies altamente conectadas. Por otro lado, se observa que las especies nativas al relacionarse consigo mismas o con especies no nativas, tienden a seguir el mismo patrón. Como se observa en el coeficiente del ajuste de potencias. Mientras que las especies no nativas se relacionan diferente si tratan con otra no nativa o a uno nativa. Habiendo una diferencia de 39 puntos entre los dos ajustes.

4.2.2. Medidas de centralidad

Finalmente, para comparar su papel se calcularon seis métricas de centralidad (*degree*, *betweenness*, *pagerank*, *clustering*, *closeness* y *eigenvector*) para todos los nodos del grafo G_o , comparando las distribuciones entre especies nativas y no nativas (Figura 7). Contrario a lo esperado, no se observaron diferencias significativas en ninguna de las métricas analizadas: ambas categorías de especies presentaron distribuciones prácticamente superpuestas en todos los indicadores de centralidad. Lo único resaltable, es que las especies mejor rankeadas fueron con amplia diferencia las No nativas, esto en *grado*, *cercanía*, *pagerank* e *eigenvector*. A excepción de *intermediación* y *clusterización*. Donde las especies no nativas no se diferencian demasiado en puntuación, aunque sí en frecuencia. Específicamente, en *clusterización* donde las nativas superan ampliamente a las no nativas, mientras que en *intermediación* las especies no nativas superan ligeramente a las originarias.

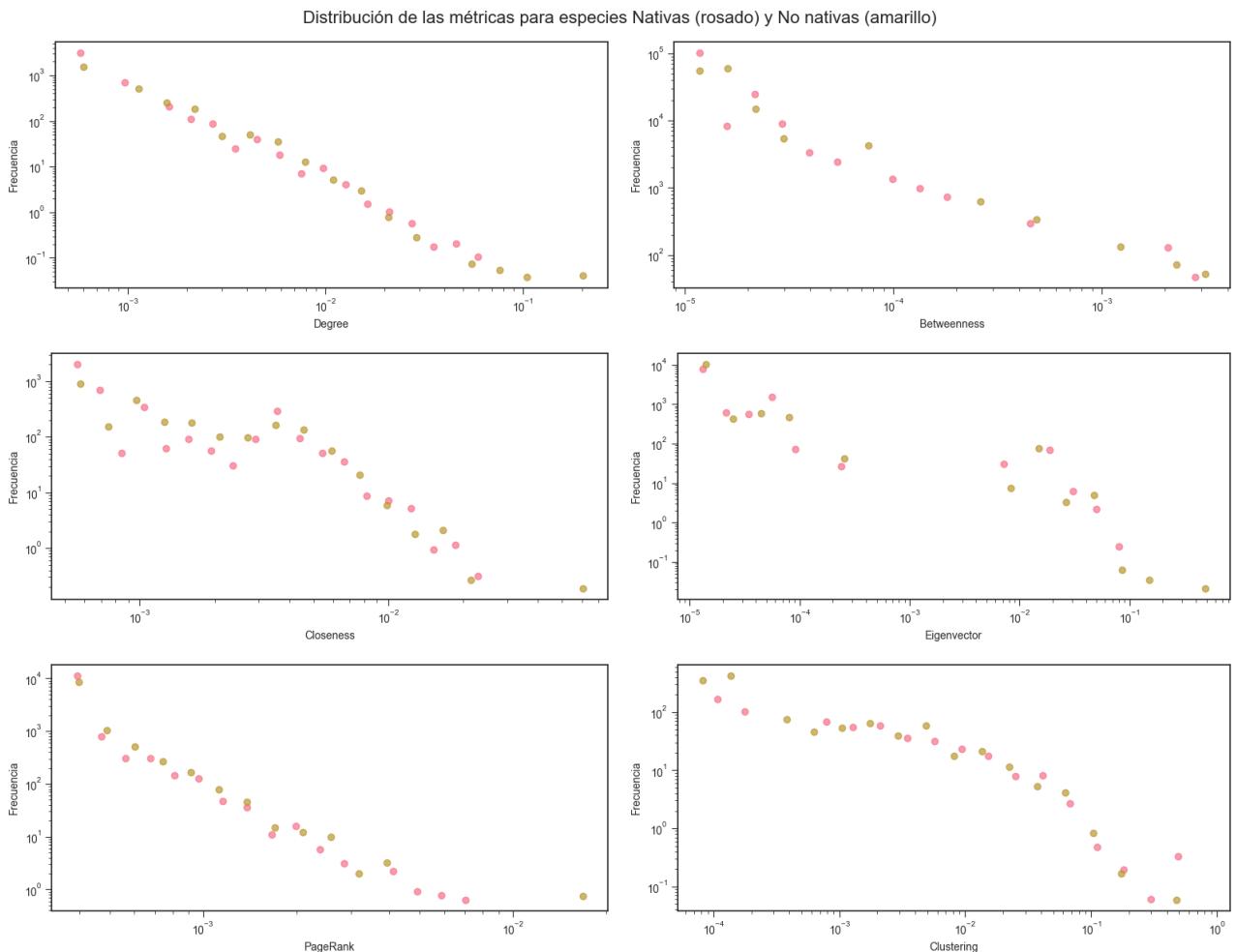


Figura 7: Distribuciones para cada una de las métricas de centralidad divididas entre especies Nativas y especies No nativas

4.3. Evolución de la red ante remoción de nodos clave

El análisis de evolución se inició identificando las especies más influyentes mediante su grado de salida (k_{out}). Las 25 especies con mayor k_{out} pertenecen exclusivamente al reino *Animalia*, véase la figura 8, con una mezcla de orígenes nativos y no nativos. Así mismo, se observa que las especies con mayor puntuación son las no nativas, aunque la proporción de nativas supera ampliamente a las introducidas.

Top 25 nodos por grado de salida - Adaptado a estructura de G						
Nodo	Grado Out	Reino asociados	Origen	Interacción mayoritaria	Reino más conectado	
1 Apis mellifera	463	Animalia	No-Nativo	Mutualista	Plantae	
2 Myzus persicae	341	Animalia	No-Nativo	No mutualista	Plantae	
3 Macrosiphum euphorbiae	210	Animalia	No-Nativo	No mutualista	Plantae	
4 Bombus pauloensis	139	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
5 Neomyzus circumflexus	129	Animalia	No-Nativo	No mutualista	Plantae	
6 Colibri coruscans	117	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
7 Bombus hortulanus	111	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
8 Thygater aethiops	102	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
9 Eristalis tenax	98	Animalia	No-Nativo	Mutualista	Plantae	
10 Tapirus pinchaque	87	Animalia	Nativo	No mutualista	Plantae	
11 Diglossa humeralis	75	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
12 Turdus fuscater gigas	75	Animalia	Nativo	No mutualista	Plantae	
13 Bombus rubicundus	64	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
14 Tremarctos ornatus	57	Animalia	Nativo	No mutualista	Plantae	
15 Metallura tyrianthina	56	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
16 Eriocnemis vestita	55	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
17 Peridroma saucia	51	Animalia	No-Nativo	No mutualista	Plantae	
18 Diglossa cyanea	51	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
19 Saissetia coffeae	45	Animalia	No-Nativo	No mutualista	Plantae	
20 Coeligena helianthea	44	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
21 Tetranychus urticae	43	Animalia	No-Nativo	No mutualista	Plantae	
22 Agrotis ipsilon	43	Animalia	Nativo	No mutualista	Plantae	
23 Zenaida auriculata pantheria	41	Animalia	Nativo	No mutualista	Plantae	
24 Lesbia nuna	39	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	
25 Toxomerus watsoni	37	Animalia	Nativo	Mutualista	Plantae	

Figura 8: Especies con mayor grado de salida k_{out}

Al remover progresivamente estos nodos clave (en 200 pasos), se observaron patrones en cuatro métricas estructurales (Figura 9) que difieren en gran medida con los presentados ante una remoción aleatoria de especies:

Evolución de métricas ante remoción de nodos
(Ordenada por grado out vs Aleatoria)

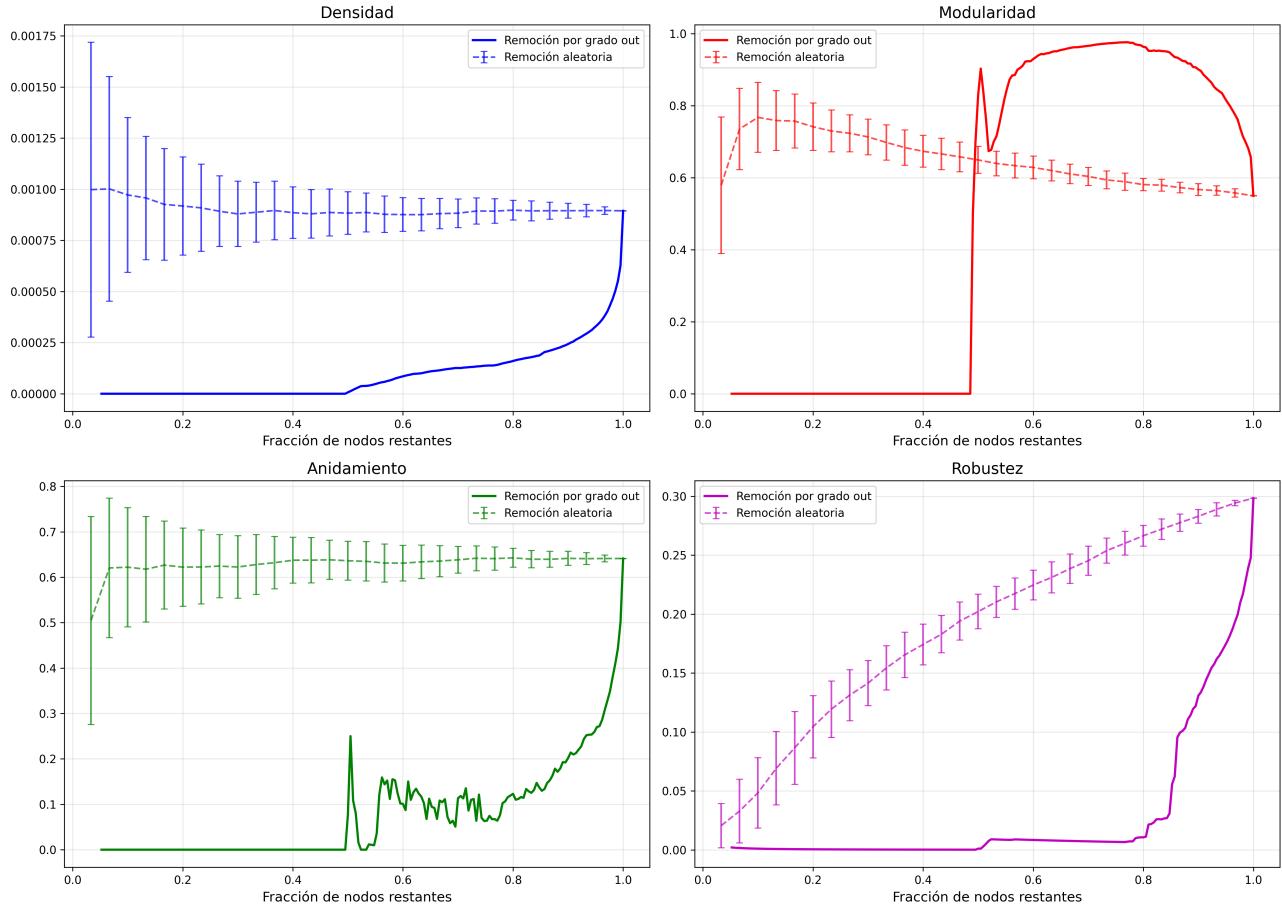


Figura 9: Evolución de las métricas ante la remoción progresiva de especies con mayor grado de salida k_{out} comparado con el promedio de 40 remociones aleatorias en donde las barras de error son las desviaciones estándar para cada uno de los 30 pasos

- **Densidad:** Decreció rápidamente desde 0.008 hasta valores cercanos a 0 alrededor del 50 % de nodos restantes, indicando una pérdida acelerada de conexiones al eliminar especies altamente conectadas.
- **Modularidad:** Exhibió un aumento significativo desde 0.55 hasta casi 1.0 con el 75 % de nodos restantes, manteniéndose alta (>0.9) hasta el 57% antes de bajar para volver a tener un breve segundo pico y colapsar a 0 tras el 50%. Este incremento refleja la fragmentación de la red en módulos aislados al eliminar especies conectoras hasta llegar a cierto umbral en donde la remoción es crítica y la red colapsa en múltiples componentes aislados. El segundo pico puede ser ocasionado por la sensibilidad del cálculo de la modularidad a redes con pocas aristas.
- **Anidamiento:** Mostró una tendencia clara a decrecer exponencialmente hasta al rededor del 70 % en donde empieza a presentar una leve tendencia a incrementar, tras un colapso breve entre el 55 % y el 52 % alcanza un pico temporal (0.35) en el 51 %, para luego colapsar a 0 en el 50 %.
- **Robustez:** Presentó una caída exponencial desde 0.3 hasta 0.1 con el 85 % de nodos restantes, seguida de un colapso abrupto a prácticamente 0. Esta pérdida crítica de resiliencia ocurre antes que en otras métricas, revelando que la red pierde capacidad de mantener flujos mucho antes de desconectarse completamente.

5. Discusión y conclusiones

5.1. Análisis del anidamiento entre reinos

En la sección 3.1 el número de relaciones mutualistas inter-reinos 3 que cumplieron el umbral de nodos se vio innegablemente influenciada por el muestreo realizado en la red biótica [5], siendo así que alrededor del cincuenta por ciento de las fuentes de información del estudio provinieron de colecciones biológicas y de registros multimedia. Pudiendo de esta forma, haber un sesgo dentro de la representación de las especies. De hecho, el ochenta por ciento de las especies registradas en la red corresponden a los reinos *Animalia* y *Plantae*, mientras que *Fungi* representa un siete por ciento de las especies, *bacteria* un uno punto siete por ciento, y *Protozoa* un uno punto siete porciento.

Por consiguiente, el anidamiento obtenido para las relaciones mutualistas *Bacteria* x *Plantae* y *Animalia* x *Bacteria* podría no ser representativo. En particular, dentro del estudio [17], las relaciones bióticas a nivel *microbio* x *plantae* se estudiaron tomando los filos taxonómicos de los microbios frente a las especies dentro de *plantae*. Enfoque que, como resaltan en el artículo, resulta beneficioso para facilitar la construcción de la base de datos y su posterior análisis.

A su vez, el bajo anidamiento entre *Fungi* x *Plantae* puede interpretarse como una señal de modularidad en base a [9]. En contraposición, el anidamiento *Animalia* x *Plantae* se ve tremendamente alterado por una especie que interactúa ampliamente con las demás plantas, específicamente la especie no nativa *Apis mellifera*, véase la figura 8, que se relaciona con 463 plantas. Para comparar, el siguiente animal que establece relaciones mutualistas con plantas es *Bombus paulensis*, especie nativa, con 139 relaciones; seguida a su vez de la especie *Colibri coruscans*, especie nativa, con 117 relaciones. Siendo así, y que el anidamiento es sensible a estas desproporciones [6] que el valor de la red puede estar inflado.

Pasando a la siguiente figura (4) de la sección 3.1. Esta nuevamente, corre el riesgo de llegar a no ser representativa, a excepción de en menor medida el anidamiento *Fungi* x *Plantae*, que nuevamente sugiere un ordenamiento modular [9]. No obstante, asumiendo que el muestreo es representativo, se observa que dentro de las relaciones interdominio diferentes estrategias de interacción (parasitismo o mutualismo) generan diferencias en la red. Lo anterior, a través de la diferencia de NODF 12.9 para mutualismo versus 3.8 para pa-

rasitismo en relaciones *Fungi*x*Plantae*. Así como de la diferencia de NODF en *Bacteria*x*Plantae* 28.7 para relaciones mutualistas y 24.7 en parasitarias.

Por otro lado, las interacciones mutualistas entre *Animalia*x*Bacteria* destacan por su alto anidamiento (45.9), así como *Planta*x*Protozoa* (63.5). Aunque esta última puede estar sesgada por la sensibilidad de NODF en presencia de pocas especies, véase la ecuación 1 .

Finalmente, el anidamiento en el parasitismo entre *Animalia*x*Protozoa* puede sugerir un estado mixto con modularidad [9].

5.2. Análisis de los roles de las especies nativas y no nativas en la red

5.2.1. Tipos de interacción e interrelación

Primeramente, las interacciones más representativas dentro de las redes nativas y no nativas son variadas. Aunque, aparezca 3 veces visita floral. Mientras que depredación y parasitismo lo hacen 2 veces. El caso de visita floral y parasitismo puede ser explicado debido a su papel en el ecosistema representado por su alto valor de grado de salida. Como se observa en la figura 8 donde 9 de las 10 especies en los primeros lugares se relacionan de forma parasitaria o por visita floral¹. Por su parte, la aparición de depredación requiere más estudios.

En cuanto a las relaciones que aparecen con mayor frecuencia entre especies nativas y no nativas se puede evidenciar que:

Nativa-Nativa Presentan principalmente relaciones simbióticas y de soporte.

Nativa-No nativa Refleja una mezcla entre interacciones antagónicas y mutualistas donde las especies no nativas actúan principalmente como recurso para las nativas.

No nativa-Nativa Indica una mayor relación de consumidores frente a la nativa-no nativa. Al cambiar la relación de oviposición por parasitismo.

No nativa-No nativa Revela un patrón marcadamente antagónico, donde predominan las relaciones de consumo.

En la siguiente figura 6, se observa que el término heterogéneo ($\gamma_{NoN-N} = 2,37$) se distingue en varios puntos del término intermedio ($\gamma_{N-No} = 1,76$). Lo cual resulta interesante dado que la interacción diferencial entre los dos sistemas es el intercambio de oviposición por parasi-

¹A excepción del tapir solo aparecen animales polinizadores o insectos considerados plagas

tismo, sugiriendo de esta forma que la interacción oviposición sigue una topología diferente a la estudiada en parasitismo. Así mismo, cabe resaltar que el término γ_{NoN-N} excluye del ajuste las especies que más ampliamente se relacionan por parasitismo o visita floral, *Apis Mellifera*, *Myzus Persicae*, *Macrosiphum Europhorbiae* y *Neomyzus circumflexus*. Por lo que, se observa que hay pocas especies no nativas que sean generalistas frente a las nativas, cosa no presentada entre especies no nativas y no nativas.

5.2.2. Medidas de centralidad

Por otro lado, en la sección 3.2.2, en general no se evidencia una distinción clara de especies nativas y no nativas por medidas de centralidad se especula que las diferencias entre estas se dan en función de su interrelación. Donde las estrategias adoptadas difieren y llegan a tener impacto en la arquitectura de la red, como se discutió en la anterior sección.

Ahora bien, en cuanto a las especies mejor rankeadas sabemos que la correspondiente al grado es *Apis Mellifera*, figura 8; además, es probable que esta especie también sea la mejor rankeada en cercanía y eigenvector. Sin embargo, la especie con mayor puntuación en pagerank debe ser otra, [23] probablemente una especie del reino *Plantae* o quizás *Fungi* que ha sido introducida y es un pilar en el ecosistema.

Por lo anterior, una primera suposición sería pensar la intermediación estuviera dominada por especies no nativas. No obstante, aunque lo anterior sea parcialmente cierto, también hay una presencia importante de especies nativas. Lo cual puede ser parcialmente explicado por la presencia de modularidad de la red. Donde especies nativas harían de puente entre las ampliamente relacionadas por grado. Lo anterior, respaldado por el inusualmente alto valor de clusterización y frecuencia que presentaron las especies nativas al analizar dicha métrica.

5.3. Análisis de la evolución de la red ante remoción de nodos clave

En primer lugar, es relevante mencionar que debido a la definición de modularidad 1, anidamiento 2, densidad y robustez. El resultado puede estar sesgado debido a la no remoción de nodos aislado. Más específicamente, se sospecha que la caída abrupta cuando la fracción de nodos es de 0.5 se debe a lo anterior. En la misma línea, la pérdida de conexiones en los nodos puede ser debida a la poca documentación en las interacciones

de varias especies, señalada en el artículo madre de este estudio [5].

Ahora bien, observando la figura 8, se ve que el podio de especies con mayor grado de salida está dominado por *Animalia*, que es lo predicho en [23].

Pasando a la figura 9 se observa que se cumple lo propuesto en [9]. Una red anidada se vuelve modular al reducir la densidad. Así mismo, los cambios abruptos refuerzan la importancia del grado de salida [10]. Por otro lado, se observa que, a pesar de pasar a ser una red modular, la robustez cayó fuertemente, indicando la dependencia de especies a las invasoras que ocupan los primeros puestos dentro de la red en grado de salida.

De manera más individual se encuentra que:

Densidad La red es bastante vulnerable a ataques dirigidos, perdiendo vértices rápidamente ante especies clave, siendo esto menor frente a ataques aleatorios.

Modularidad En general, presenta una tendencia a crecer en algún punto; pudiendo reflejar que la red es principalmente de esa forma.

Anidamiento El anidamiento, a menos de que sufra ataques dirigidos, se mantiene constante. Lo cual concuerda con la estabilidad señalada en [13]. Por otro lado, los picos secundarios dan cuenta de un fenómeno particular el cual sugiere una reorganización transitoria de la estructura de interacciones antes del colapso final. O también puede ser el resultado de la sensibilidad del cálculo en una red poco densa 1

Robustez La robustez, independientemente de cómo se haga la remoción decae de forma significativa. Lo cual emula la cascada de extinciones predicha en [8]. Sin embargo, al no remover nodos no se toma en cuenta la capacidad de reorganización de la red; siendo así que el grado promedio y el componente gigante relativo son sensibles a la no remoción de nodos e incapaces de modelar esto. Un enfoque para corregir esto fue el planteado en [13] donde lo que se observa es el número de especies aisladas, al ir removiendo especies.

5.4. Conclusión

Primero, mejorar la calidad de los datos es importante para entender cómo funcionan la red sin sesgos. Por lo que, expandir la información sobre microbios (*protozoa*, *bacteria*), y *fungi* es fundamental. Así mismo, marcar las especies a nivel geográfico ayudaría a analizar corredores biológicos y evaluar de forma más precisa las interacciones entre especies nativas y no nativas.

Por otro lado, en futuros estudios se recomien-

da analizar la red y realizar la remoción de especies por las mejor posicionadas con respecto a la métrica pagerank. También, sería interesante medir el anidamiento y modularidad de la red, al excluir las especies introducidas. Además, por supuesto de hacer la remoción de especies eliminando nodos, graficando también el número de especies aisladas y la cantidad de grafos inconexos que se generan. Igualmente, futuras investigaciones sobre la topología depredación y oviposición resultarían convenientes para entender la relación entre especies nativas y no nativas.

Finalmente, con base en los resultados obtenidos sobre las medidas de centralidad de la red, anidamiento, y evolución ante la remoción. Concluimos que la red biótica de Bogotá, debe ser una mayormente modular, esto al nivel de las especies nativas. Aunque, especies introducidas, como *Apis mellifera* empujan a la red fuera de la modularidad, debido a su papel como generalistas. No obstante, la tendencia general en las especies introducidas es a relacionarse entre sí, no con las originarias. Relación que se invierte en las especies nativas, que no hacen tal distinción. Lo cual, junto a la escasa diferenciación en medidas de centralidad, nos lleva a concluir que la variable relevante entre nativas y no nativas es la estrategia que adoptan para interactuar.

Referencias

- [1] Sarah K. Jones et al. «Insights into the importance of ecosystem services to human well-being in reservoir landscapes». En: *Ecosystem Services* 39 (2019), pág. 100987. ISSN: 2212-0416. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecoser.2019.100987>. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2212041618304406>.
- [2] Federación Nacional de Industriales de la Madera (FEDEMAKERAS). *La Reforestación en Colombia: Visión de Futuro*. Colombia: FEDEMAKERAS, 2023. URL: <https://fedemaderas.org.co/admin/documentos/Libro - FEDEMAKERAS - La - Reforestacion - en - Colombia - Vision - de - Futuro.pdf>.
- [3] Andrea Koelzsch y Bernd Blasius. «Indications of marine bioinvasion from network theory. An analysis of the global cargo ship network». En: *European Physical Journal B - EUR PHYS J B* 84 (dic. de 2011), págs. 601-612. DOI: 10.1140/epjb/e2011-20228-5.
- [4] Cang Hui y David M. Richardson. «How to Invade an Ecological Network». En: *Trends in Ecology Evolution* 34.2 (2019), págs. 121-131. ISSN: 0169-5347. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.11.003>. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S016953471830274X>.
- [5] Andrés Del Risco, Ángela Montoya y Viviana García. «Data synthesis and dynamic visualization converge into a comprehensive biotic interaction network: a case study of the urban and rural areas of Bogotá D.C.» En: *Urban Ecosystems* (2021).
- [6] Ugo Bastolla et al. «The architecture of mutualistic networks minimizes competition and increases biodiversity». En: *Nature* 458 (mayo de 2009), págs. 1018-20. DOI: 10.1038/nature07950.
- [7] Jens M. Olesen et al. «The modularity of pollination networks». En: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104.50 (2007), págs. 19891-19896. DOI: 10.1073/pnas.0706375104. eprint: <https://www.pnas.org/doi/pdf/10.1073/pnas.0706375104>. URL: <https://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.0706375104>.
- [8] J. Memmott. «Tolerance of pollination networks to species extinctions.» En: *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* (2004). DOI: <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2909>.
- [9] Miguel A. Fortuna et al. «Nestedness versus modularity in ecological networks: two sides of the same coin?» En: *Journal of Animal Ecology* 79.4 (2010), págs. 811-817. ISSN: 00218790, 13652656. URL: <http://www.jstor.org/stable/40835468> (visitado 28-06-2025).
- [10] Jordi Bascompte, Pedro Jordano y Jens Olesen. «Asymmetric coevolutionary networks facilitate biodiversity maintenance». En: *Science (New York, N.Y.)* 312 (mayo de 2006), págs. 431-3. DOI: 10.1126/science.1123412.
- [11] Robert May, Simon Levin y George Sugihara. «Complex Systems: Ecology for Bankers». En: *Nature* 451 (mar. de 2008), págs. 893-5. DOI: 10.1038/451893a.
- [12] Da-Yeong Lee et al. «Metaweb approach to unravel food web structures: Exploring environmental changes and biotic interactions in Korean stream ecosystems». En: *Ecological Indicators* 175 (mayo de 2025),

- pág. 113599. DOI: 10.1016/j.ecolind.2025.113599.
- [13] Juan Osuna Cabanillas et al. «Nestedness in a fish-parasite ecological network in the Gulf of California: a potential buffer against extinction». En: *Journal for Nature Conservation* 86 (abr. de 2025), pág. 126955. DOI: 10.1016/j.jnc.2025.126955.
- [14] Lei ZHAO Ying GONG Langqin YU. «ECOLOGICAL NETWORKS IN AGROECOSYSTEMS: APPROACHES AND APPLICATIONS». En: *Frontiers of Agricultural Science and Engineering* 9.4, 523 (2022), pág. 523. DOI: 10.15302/J-FASE-2022466. URL: https://journal.hep.com.cn/fase/EN/abstract/article_33193.shtml.
- [15] Jordi Bascompte et al. «The nested assembly of plant-animal mutualistic networks». En: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 100 (sep. de 2003), págs. 9383-7. DOI: 10.1073/pnas.1633576100.
- [16] Wenqian Zhao et al. «The structure of bacteria-fungi bipartite networks along elevational gradients in contrasting climates». En: *Molecular Ecology* 33 (jul. de 2024), e17442. DOI: 10.1111/mec.17442.
- [17] Kai Feng et al. «Interdomain ecological networks between plants and microbes». En: *Molecular Ecology Resources* 19 (sep. de 2019), págs. 1565-1577. DOI: 10.1111/1755-0998.13081.
- [18] Sergi Valverde, Santiago Elena y Ricard Solé. *Spatially-induced nestedness in a neutral model of phage-bacteria networks*. Abr. de 2017. DOI: 10.1101/125377.
- [19] Sergi Valverde et al. «Coexistence of nestedness and modularity in host-pathogen infection networks». En: *Nature Ecology Evolution* 4 (abr. de 2020), págs. 1-10. DOI: 10.1038/s41559-020-1130-9.
- [20] Sergi Valverde et al. «Coexistence of nestedness and modularity in host-pathogen infection networks». En: *Nature Ecology and Evolution* 4 (abr. de 2020), págs. 1-10. DOI: 10.1038/s41559-020-1130-9.
- [21] Mark Newman. *Networks*. Oxford university press, 2018.
- [22] Michael J. O. Pocock, Darren M. Evans y Jane Memmott. «The Robustness and Restoration of a Network of Ecological Networks». En: *Science* 335.6071 (2012), págs. 973-977. DOI: 10.1126/science.1214915. eprint: <https://www.science.org/doi/pdf/10.1126/science.1214915>. URL: <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.1214915>.
- [23] Aislyn Keyes et al. «An ecological network approach to predict ecosystem service vulnerability to species losses». En: *Nature Communications* 12 (mar. de 2021), pág. 1586. DOI: 10.1038/s41467-021-21824-x.
- [24] Phillip Staniczenko, Jason Kopp y Stefano Allesina. «The ghost of nestedness in ecological networks». En: *Nature communications* 4 (ene. de 2013), pág. 1391. DOI: 10.1038/ncomms2422.
- [25] JordiBascompteandPedroJordano. «Plant-AnimalMutualistic Networks:TheArchitecture of Biodiversity». En: *The Annual Review of Ecology* (2007).
- [26] Thomas C. Ings et al. «Review: Ecological networks – beyond food webs». En: *Journal of Animal Ecology* 78.1 (2009), págs. 253-269. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2008.01460.x>. eprint: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/j.1365-2656.2008.01460.x>. URL: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-2656.2008.01460.x>.
- [27] Kristian Trøjelsgaard y Jens M. Olesen. «Ecological networks in motion: micro- and macroscopic variability across scales». En: *Functional Ecology* 30.12 (2016), págs. 1926-1935. DOI: <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12710>. eprint: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/1365-2435.12710>. URL: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/1365-2435.12710>.
- [28] Yuhang Luo y Jiansheng Wu. «Linking the minimum spanning tree and edge betweenness to understand arterial corridors in an ecological network». En: *Landscape Ecology* 36 (mayo de 2021), págs. 1-17. DOI: 10.1007/s10980-021-01201-1.

- [29] M. Almeida-Neto y P. Guimarães. «A consistent metric for nestedness analysis in ecological systems: reconciling concept and measurement.» En: *Oikos* (2008). DOI: 10.1111/j.0030-1299.2008.16644.x.
- [30] W. Atmar y B. D. Patterson. «The measure of order and disorder in the distribution of species in fragmented habitat.» En: *Oecologia* (1993). DOI: 10.1007/BF00317508.
- [31] M. E. J. Newman. «Fast algorithm for detecting community structure in networks». En: *Physical Review E* (2004). DOI: <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.69.066133>.