

## Dinámica evolutiva de ecosistemas

J. A. Capitán\* y J. A. Cuesta†

Grupo Interdisciplinar de Sistemas Complejos (GISC)  
Departamento de Matemáticas, Universidad Carlos III de Madrid  
Avda. de la Universidad, 30. 28911 Leganés Madrid

Desde el punto de vista del modelado de redes ecológicas, los llamados “assembly models” han sido ampliamente utilizados en la literatura para describir la formación de ecosistemas mediante invasiones de nuevas especies<sup>1,2</sup>. Normalmente estos modelos parten de un “pool” de especies posibles, definido a través de ciertas condiciones, a partir del cual se va construyendo el ecosistema mediante invasión de una especie nueva que, a su vez, puede provocar extinciones de algunas especies presentes. Después de la invasión, para determinar el ecosistema final que se alcanza, o bien se hace evolución dinámica de las biomásas, de acuerdo con unas ecuaciones de evolución fijadas previamente, o bien se utilizan criterios de estabilidad que decidan cuál es el estado final tras la invasión<sup>2</sup>. La principal conclusión que se obtiene de estos modelos es que normalmente se alcanza un único ecosistema resistente a cualquier invasión, aunque en algunos casos se obtienen conjuntos más complejos de ecosistemas interconectados a través de invasiones.

Naturalmente, los “estados finales” que se alcanzan mediante este tipo de modelos dependen del conjunto de especies inicial que se defina y de la sucesión de invasiones que se realice. A diferencia de los anteriores trabajos, en esta contribución utilizamos un modelo muy simplificado de ecosistema que nos permitirá estudiar todas las posibles invasiones. Con ello podemos definir una cadena de Markov asignando probabilidades de transición entre ecosistemas, lo que en definitiva nos permitirá determinar el conjunto de ecosistemas al que lleva la iteración de la cadena y, asimismo, la distribución de probabilidad de equilibrio sobre esos ecosistemas.

Para ello, partimos de un modelo sencillo<sup>3</sup> de ecosistema definido por  $L$  niveles tróficos que albergan  $s_i$  especies,  $i = 1, \dots, L$ . Las interacciones entre especies están determinadas por la dinámica de Lotka-Volterra (L-V), dejando constantes los parámetros de interacción para tener una descripción de campo medio. Las especies del nivel  $i$  depredan del nivel  $i - 1$  y son depredadas por las especies del nivel  $i + 1$  y, para reducir el número de posibilidades de invasión, suponemos que cada especie depreda de todas las especies del nivel inferior. Las especies del primer nivel depredan de un “recurso” que evoluciona con una dinámica similar, excepto que en caso de estar asilado crece de forma logística determinada por un valor de saturación  $R$ .

La cadena de Markov se define mediante invasiones partiendo del ecosistema vacío, y considerando las invasiones posibles en cada uno de los niveles tróficos del ecosistema así como en el nivel inmediatamente superior al último. Se realiza la evolución dinámica integrando numéricamente las ecuaciones L-V, hasta alcanzar un es-

tado estacionario. Al finalizar, chequeamos la viabilidad de todas las especies, es decir, comprobamos si todas quedan por encima de un umbral de extinción  $N_c$ . En tal caso, el invasor es admitido y se genera un nuevo ecosistema perteneciente a la cadena de Markov. En caso de que no se cumpla el criterio de viabilidad, se realizan extinciones sucesivas de una especie en los niveles que primero hayan cruzado el umbral de extinción. Lo que observamos es que, o bien el invasor es rechazado y el ecosistema permanece, o bien se producen “avalanchas” de extinciones que reconfiguran el ecosistema a veces de forma drástica.

Una vez definida la matriz de probabilidades de la cadena, se clasifican los ecosistemas en transitorios y recurrentes, siendo estos últimos aquéllos a los que tiende la iteración de la cadena. En función de los valores de  $R$ , se puede llegar a un único ecosistema recurrente o a un conjunto ergódico, que puede llegar a tener en torno a 2000 ecosistemas (un ejemplo de conjunto cerrado puede verse en la FIG.1). La cadena alcanza, por tanto, estados finales similares a los que encuentran Morton y Law<sup>2</sup>.

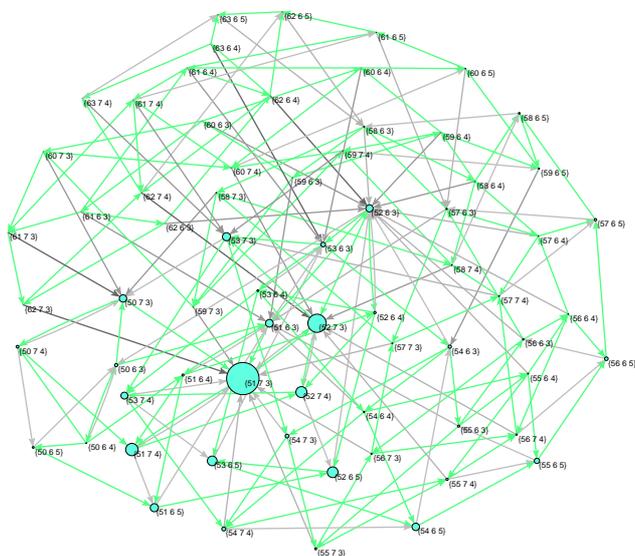


Figura 1. Transiciones en el conjunto final para  $R = 430$ . Los nodos son proporcionales a la probabilidad del ecosistema.

\* jcapitan@math.uc3m.es

† cuesta@math.uc3m.es

<sup>1</sup> W. M. Post and S. L. Pimm, *Math. Biosci.* **64**, 169-192 (1983).

<sup>2</sup> R. D. Morton and R. Law, *J. Theor. Biol.* **187**, 321-331 (1997).

<sup>3</sup> U. Bastolla, M. Lässig, S. C. Manrubia and A. Valleriani, *J. Theor. Biol.* **235**, 521-530 (2005).