

Food Web Topology Analysis
(Análisis Topológico de Redes Tróficas)

Dr. Luis Gerardo Abarca Arenas

MBI Israel Huesca Domínguez

Instituto de Investigaciones Biológicas

Universidad Veracruzana

Reporte Técnico como parte del proyecto “Módulos y Grupos Funcionales en Redes Tróficas” con registro SIREI # 161272022173.

Responsable Dr. Luis Gerardo Abarca Arenas

Participantes: Elizabeth Valero Pacheco (Facultad de Biología, Xalapa)

Eduardo Moreto Ortiz (IIB).

Introducción.

Una red trófica representa las interacciones depredador – presa dentro de una comunidad o ecosistema en forma de “grafo” en donde N es el número de nodos, en este caso las especies o grupos funcionales, y L el número de conexiones que se tienen entre los nodos (Montoya *et al.*, 2001). Esta representación muestra su estructura, es decir cómo se organizan las especies, dentro del sistema y a través del estudio de su topología es posible inferir la función de algunas especies y del sistema en general. Las relaciones interespecíficas no son solo una cadena de especies, son un grupo de cadenas interconectadas que forman una red, la llamada red trófica o red alimentaria.

Existen varios aspectos relevantes en la ecología teórica relacionadas con las redes tróficas que pueden ser estudiadas a través de la topología de éstas (Abarca-Arenas *et al.* 2022). Por ejemplo, se ha avanzado considerablemente en la comprensión de cómo funciona el control de abajo-arriba (top-down) y cómo las cascadas tróficas influyen sobre la abundancia de las especies (Terborgh & Estes 2013). También se ha profundizado en el conocimiento de cómo las redes tróficas se interconectan (Rooney *et al.* 2006), en la relevancia que tienen los efectos indirectos entre las especies en el flujo de materia y cómo algunas de las relaciones están mediadas por rasgos físicos de las especies (Schmitz *et al.* 2004).

El estudio de redes tróficas tiene ya varias décadas de historia (Ings *et al.* 2009) desde entonces ha habido un crecimiento importante tanto en la cantidad de redes tróficas como en la calidad de las mismas. Tomando metodologías de ciencias como matemáticas, física y sociología, y el incremento en la capacidad de cómputo, la ecología trófica ha ido descubriendo estructuras y patrones antes difíciles de calcular.

Hay varios programas en distintos lenguajes para el análisis de redes y solo algunos para redes tróficas. Uno de los objetivos del proyecto es el de desarrollar uno o más programas en lenguaje R dedicados al análisis de redes tróficas, en este caso el análisis de la modularidad y número de módulos de éstas.

Resultados.

El programa “Food Web Topology Analysis” está escrito en lenguaje **R** y tiene como objeto de análisis la red trófica observada o empírica y otras generadas al azar, calculando varios índices relativos a la topología y estructura de ellas. Aun cuando existen varios paquetes en **R** para el análisis de redes éstas la mayoría se enfocan en todo tipo de redes y no solo redes tróficas. Existe el paquete **cheddar** que, si está dedicado al análisis de redes tróficas, sin embargo, no todos los aspectos están considerados y hace falta cierto conocimiento de programación para poder utilizarlo. Es por esto por lo que se decidió escribir este programa, que incluye funciones de varios paquetes, pero con la facilidad para el usuario de no tener que programar una sola línea de código. Todas aquellas funciones no contenidas en alguno de los paquetes publicados han sido escritas por los autores.

El programa, es un conjunto de scripts que interactúan entre sí, estos son: **run_FWTopo.R**, **install_dependencies.R**, **FWTopo_functions.R**, **README.md** y una pequeña red de ejemplo. El conjunto de scripts está depositado en el sitio GitHub con dirección: <https://github.com/LuisGAbarca-DT/FoodWebTopology>

Brevemente, la descripción de cada script a continuación.

README.md Este archivo hace una breve presentación del programa, el tipo de datos necesarios para el análisis, e instrucciones para correr todo de la forma más sencilla.

run_FWTopo.R Este es el script principal. Primero llama al script **install_dependencies.R** que se encarga de instalar, si no existen, los paquetes necesarios para su funcionamiento y cargar las librerías correspondientes. Una vez que este script termina, se llama al script **FWTopo_functions.R** que se encarga de correr todas las funciones necesarias.

install_dependencies.R Instala los paquetes para poder realizar muchas de las operaciones sobre la red trófica. Revisa si alguno o varios paquetes no están instalados en cuyo caso los instala automáticamente. Una vez hecho esto, llama a las librerías y las instala en la memoria RAM para su uso.

FWTopo_functions.R este script corre todas las funciones que son llamadas por el script principal para que puedan ser usadas. Estas funciones se encargan de leer el archivo de datos, escoger el tipo de algoritmo para las redes al azar, la resolución de modularidad, calcular todos los índices topológicos y de modularidad y rol de los nodos en ellos de la matriz original. También llama a la función para generar las matrices al azar de acuerdo a cuatro distintos modelos y calcular las características topológicas de cada matriz.

Características estructurales que el programa calcula.

El programa, en general, podría dividirse en dos partes, la primera es la que lee la matriz de datos originales y hace el cálculo de varias propiedades de estos. La segunda parte, es la que genera un número determinado de redes de acuerdo con alguno de los cuatro modelos escogidos y que posteriormente son analizadas con las mismas propiedades que la matriz original.

Los parámetros que calcula para la red trófica original son:

- Número nodos (especies) (S) (igraph)
- Número de uniones (L) (igraph)
- Conectancia (N/S^2)
- Centralidades: (Jordán *et al.* 2007) (igraph)
 - Cercanía
 - Intermediaria
 - Grado de entrada, salida y total
 - Todos con valores en bruto, estandarizados (z) y normalizados con base al máximo
- Transitividad o índice de agregación (igraph)
- Número de especies basales (B) (cheddar)

Número de especies intermedias (I) (cheddar)
Número de especies tope (T) (cheddar)
Número de especies omnívoras (O) (cheddar)
Número de cadenas (NCh) (cheddar)
Nivel trófico de cada especie (TL) (cheddar)
Nivel trófico máximo (TLMax) (cheddar)
Número de módulos por la que se puede dividir la red (LeidenAlg)
Modularidad (LeidenAlg)
Especies puente
Rol de las especies dentro y entre módulos (rnetcarto)
Índices de especies clave (K , K_{td} , K_{bu} , K_d , K_{ind}) (propio)
Status y contrastatus (propio)
Importancia topológica (propio)

Los modelos que se pueden usar para generar matrices son:

Erdős – Rényi (Erdős & Rényi, 1959) (igraph)
Cascada (Cohen *et al.*, 1990) (propio)
Nicho (Williams & Martinez, 2000) (propio)
Nicho modificado (Allesina *et al.* 2008) (propio)

El usuario escoge el modelo y el número de redes que quiere generar.

El primer modelo genera redes completamente al azar, es el modelo clásico. Considerando esto, y que las redes tróficas deben tener al menos una especie basal y una tope, el algoritmo verifica que las matrices generadas tengan al menos esta restricción. El segundo modelo es el propuesto por Cohen (1990) en el que se ordenan las especies de una forma jerárquica de ahí se van distribuyendo las relaciones depredador – presa. El modelo de nicho propuesto por Williams y Martinez (2000) en el que las especies se ordenan a lo largo del nicho trófico y se asigna una presa al azar de acuerdo a una distribución beta. Este es el modelo más utilizado hasta el momento. El último, es el mismo modelo de Williams, pero modificado y mejorado por Allesina *et al.* (2008) con resultados, en algunos casos mejor que el modelo original, y en otros similar. Todas las matrices generadas por cualquiera de los modelos se prueban para que exista al menos una especie basal y una tope, que no existan especies aisladas, es decir todas las especies estén conectadas, y, por último, que la matriz de interacciones (propuesta por Levine (1980)) no sea singular ya que es necesario esta propiedad para poder calcular los niveles tróficos.

Presentación de resultados.

Los resultados se graban en el mismo directorio donde se encuentra el programa. Se genera un directorio con el nombre del archivo de los datos, *e.g.* si el archivo de datos es *mi_red.csv*, entonces, el directorio en donde se ubicarán los resultados será *mi_red_FWTA*. Dentro de este directorio se genera uno nombrado RESULTS. Dentro de este se generan dos directorios más, ORIGINAL y RANDOM. Dentro del directorio ORIGINAL se graban, en archivos tipo **csv**, todos los resultados de la matriz original. En el directorio RANDOM se graba un archivo **csv** con los resultados topológicos de cada una de las redes generadas al azar de acuerdo con modelo seleccionado. Los resultados generados para las matrices aleatorias son o empírica son los siguientes y el sufijo del archivo en el que se encuentran:

Si el nombre de la red es *mi_red*:

Archivo *mi_red_ORIGINAL_STC.csv*

- Número nodos (especies)
- Número de uniones
- Conectancia
- Número de especies basales
- Número de especies intermedias
- Número de especies tope
- Número de especies omnívoras
- Número de cadenas
- Nivel trófico promedio de la red
- Nivel trófico máximo
- Número de módulos en la que se puede dividir la red
- Modularidad

Archivo *mi_red_ORIGINAL_CENTRALITIES.csv*

- Cercanía
- Intermediarismo
- Grado de entrada, salida y total

Archivo *mi_red_ORIGINAL_NODES_ROL.csv*

- Rol de las especies dentro y entre módulos

Archivo *mi_red_ORIGINAL_KEYSTONE.csv*

- Índices de especies clave (K , K_{td} , K_{bu} , K_d , K_{ind})

Archivo *mi_red_ORIGINAL_LEYDEN_PART.csv*

- Módulo al que pertenece cada especie o nodo

Archivo *mi_red_ORIGINAL_LEYDEN_STRC.csv*

Para cada módulo:

- Número nodos (especies)
- Número de uniones
- Conectancia
- Número de especies basales
- Número de especies intermedias
- Número de especies tope
- Número de especies omnívoras
- Número de cadenas
- Nivel trófico promedio de la red
- Nivel trófico máximo

Archivo *mi_red_ORIGINAL_SHARED_NODES.csv*

Especies puente entre módulos

Archivo *mi_red_ORIGINAL_SPSs_TL.csv*

Nivel trófico de cada especie

Archivo *mi_red_ORIGINAL_STATUS.csv*

Valor del estatus de cada especie

Archivo *mi_red_ORIGINAL_TOPO_IMPORTL.csv*

Importancia topológica de cada especie

Para cada una de las redes al azar se graba en el directorio RANDOM el archivo de la siguiente forma si el algoritmo escogido hubiese sido Erdős-Rényi: *mi_red_STRUCT_AZAR_erdos-renyi.csv* con los siguientes resultados:

- Número nodos (especies)
- Número de uniones
- Conectancia
- Número de especies basales
- Número de especies intermedias
- Número de especies tope
- Número de especies omnívoras
- Número de cadenas
- Nivel trófico promedio de la red
- Nivel trófico máximo
- Número de módulos en la que se puede dividir la red
- Modularidad

Al término de cualquier análisis se genera un archivo de texto en el que se hace un resumen de los análisis llevados a cargo, así como el tiempo de cómputo necesario para ello. El archivo tiene como nombre la *fecha_hora_nombre-del_archivo_datos_LOG.txt*

Cómo correr el programa.

Todos los archivos deben estar contenidos en un mismo directorio. De preferencia, aunque no es obligatorio, el archivo con la base de datos (.csv) también puede estar contenido en ese mismo directorio. Este directorio debe ser definido como directorio de trabajo (working directory) ya sea desde la consola o a través de RStudio (consultar la ayuda de éste último para saber cómo se hace).

El siguiente paso es correr el programa **run_FWTopo.R** de la siguiente forma:

```
source("run_FWTopo.R")
```

Ya que el programa está corriendo, llama a los otros scripts necesarios para instalar, si no existen, los paquetes necesarios y bajarlos a la memoria. También corre el script para instalar las funciones necesarias. Después, hay que contestar algunas preguntas referentes al análisis:

1. Escoger el nombre del archivo de la base de datos.
2. Escoger el algoritmo para generar las matrices al azar. Si no se quieren generar las matrices y solo correr el análisis de la red original, escoger la opción 5.
3. Definir el número de matrices al azar que se quiere generar.
4. Definir si se calculan los niveles tróficos de los nodos para cada red generada al azar. (Recordar que este proceso es tardado y depende del tamaño (número de nodos) de la red, es recomendable no hacer el cálculo para redes grandes).
5. Qué resolución para la modularidad se quiere utilizar de acuerdo al modelo de Leiden.

A continuación, se presentan algunas figuras como ejemplo de algunas de las características del programa.

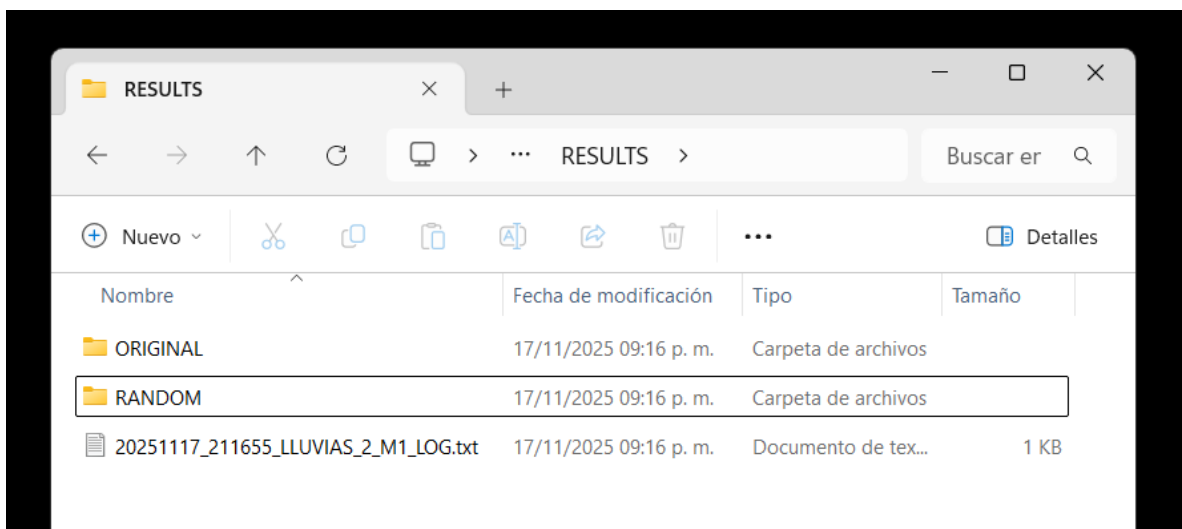


Figura 1. Ejemplo de la estructura de directorios donde se guardan los archivos de resultados.

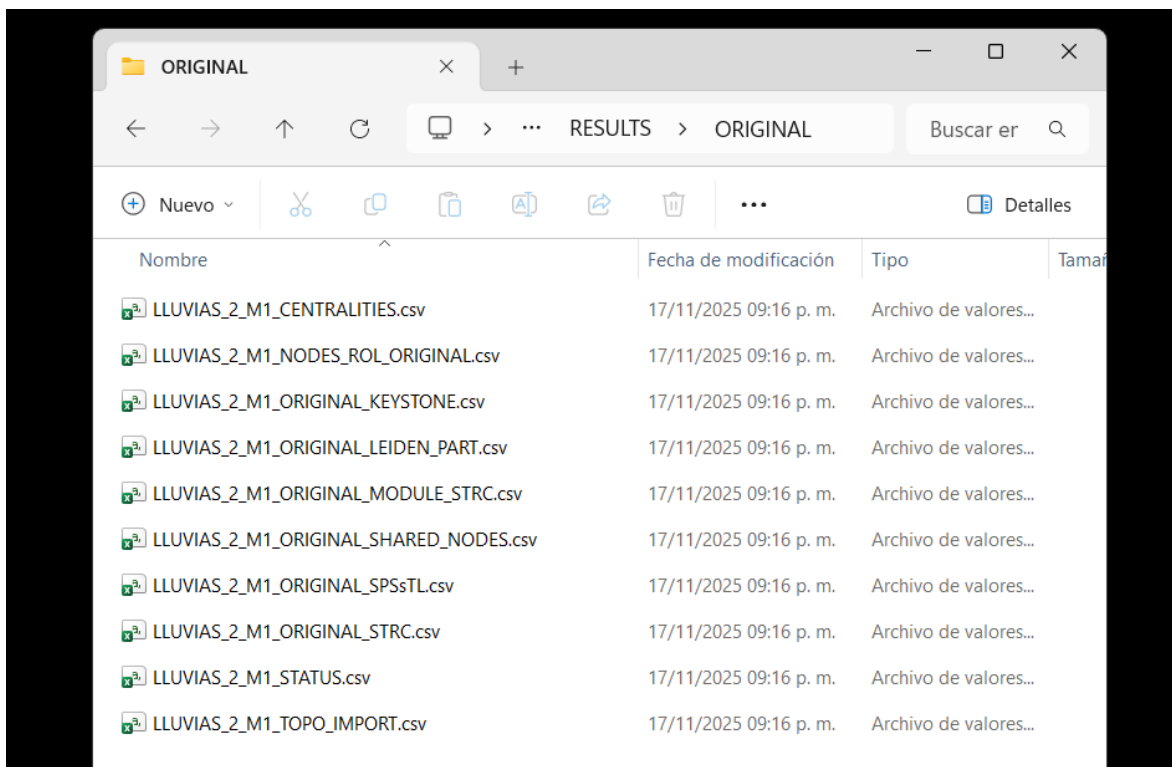


Figura 2. Ejemplo con los nombres de los archivos resultado del análisis de la red trófica original.

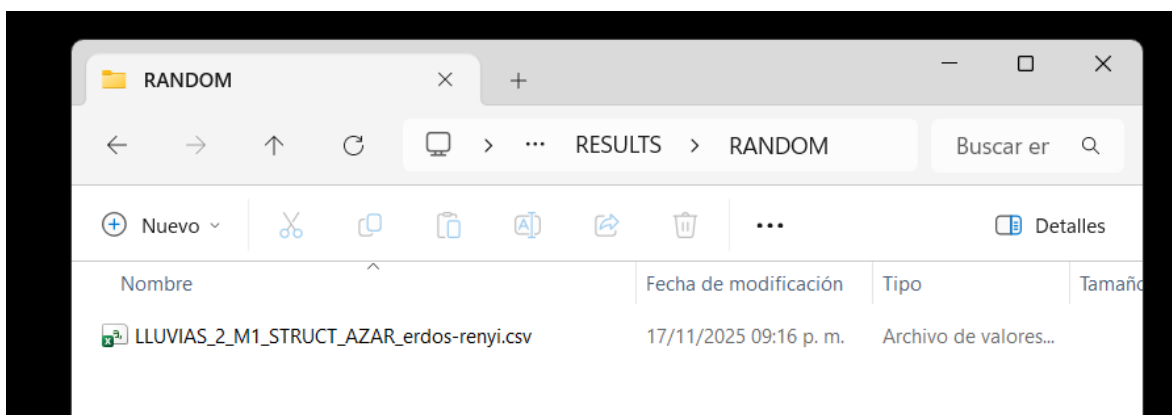


Figura 3. Ejemplo con el archivo de resultados de las matrices generadas al azar por el algoritmo de Erdős-Rényi.

	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S
1	SPS	DO	DO_N	DO_STD	DI	DI_N	DI_STD	D_ALL	D_ALL_N	D_ALL_STD	BET	BET_N	BET_STD	CLO_J	CLO_I_N	CLO_I_STD	CLO_O	CLO_O_I
2	1	0	0	-0.67472017	6	0.15384615	2.10642849	6	0.15384615	0.37195447	0	0	-0.6078577	0.07142857	0.71428571	0	0	0
3	5	0	0	-0.67472017	5	0.12820513	1.5293248	5	0.12820513	0.08583565	0	0	-0.6078577	0.04347826	0.56521739	0	0	0
4	6	0	0	-0.67472017	2	0.05128205	-0.20198629	2	0.05128205	-0.77252082	0	0	-0.6078577	0.07692308	0.53846154	0	0	0
5	7	0	0	-0.67472017	1	0.02564103	-0.77908999	1	0.02564103	-1.05863964	0	0	-0.6078577	0.2	0.6	0	0	0
5	9	0	0	-0.67472017	1	0.02564103	-0.77908999	1	0.02564103	-1.05863964	0	0	-0.6078577	0.2	0.6	0	0	0
7	11	0	0	-0.67472017	2	0.05128205	-0.20198629	2	0.05128205	-0.77252082	0	0	-0.6078577	0.04166667	0.45833333	0	0	0
8	15	0	0	-0.67472017	3	0.07692308	0.3751174	3	0.07692308	-0.486402	0	0	-0.6078577	0.04761905	0.52380952	0	0	0
9	20	0	0	-0.67472017	3	0.07692308	0.3751174	3	0.07692308	-0.486402	0	0	-0.6078577	0.06666667	0.6	0	0	0

Figura 4. Ejemplo de resultados para las distintas medidas de centralidad para cada especie de la red original.

A	B	C
1		
2	N	40
3	L	94
4	con	0.05875
5	B	8
6	I	18
7	T	14
8	O	23
9	TLMean	2.31939236
10	TLMax	3.47592593
11	NCh	192
12	mean_path_le	1.62745098
13	trans	0.15870307
14	mean_path_l	1.62745098
15	modularity	0.36826618
16	No_Modules	4
17		
18		

Figura 5. Ejemplo de los resultados de la red trófica original.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1		name	module	connectivity	participation	role				
2	6	6	0	-1.58113883	0.5	Peripheral				
3	8	8	0	-1.58113883	0.66666667	Connector				
4	14	14	0	-0.79056942	0.44444444	Peripheral				
5	38	38	0	0	0	Ultra peripheral				
6	27	27	0	0	0.56	Peripheral				
7	37	37	0	0	0.71875	Connector				
8	23	23	0	0.79056942	0.32	Peripheral				
9	9	9	0	0.79056942	0.32	Peripheral				
10	15	15	0	0.79056942	0.5	Peripheral				
11	26	26	0	1.58113883	0.27777778	Peripheral				
12	33	33	1	-1.1258525	0	Ultra peripheral				
13	39	39	1	-1.1258525	0	Ultra peripheral				
14	40	40	1	-1.1258525	0	Ultra peripheral				
15	35	35	1	-1.1258525	0.5	Peripheral				
16	21	21	1	0.28725871	0.44444444	Peripheral				

Figura 6. Ejemplo de resultados del rol que tienen las especies dentro y entre los módulos.

G5																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												</
----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

Figura 7. Ejemplo de los resultados de diez (en este caso) redes tróficas generadas al azar.

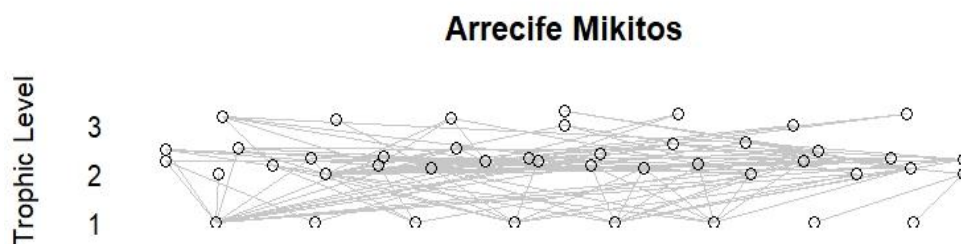


Figura 8. Ejemplo de una red trófica mostrando los niveles tróficos por especie.

Tabla 1. Ejemplo de archivo LOG con datos relevante de la corrida en cuestión.

\$title	[1] "....FOOD WEB TOPOLOGY ANALYSIS..."
\$input_file	[1] "LLUVIAS_2_M1.csv"
\$analysis_date	[1] "2025-11-17"
\$dimensions	[1] 40 40
\$is_square	[1] TRUE
\$total_interactions	[1] 94
\$connectance	[1] 0.059
\$basal_species	[1] 14
\$top_predators	[1] 8
\$is_connected	[1] TRUE
\$algorithm	[1] "erdos-renyi"
\$number_of_fws	[1] 10
\$Leiden_resolution	[1] 1
\$Time_spent	Time difference of 4.772843 secs

Consideraciones finales.

La Ecología se ha visto beneficiada fuertemente por el incremento en la mayor capacidad de memoria y procesamiento de las computadoras actuales, así como de una mayor variedad de lenguajes de cómputo. Comenzando con FORTRAN IV y pasando por Pascal, BASIC hasta R, actualmente, esta variedad ha originado un incremento en la prueba de hipótesis y generación de nuevas teorías. El análisis de las redes tróficas es una de las ramas de la Ecología que se ha visto beneficiada por este crecimiento exponencial de cómputo. Un ejemplo de esto, como los hay actualmente en todos lados, es el presente programa escrito en lenguaje R para analizar de manera rápida redes tróficas.

El programa no solo hace el cómputo de parámetros topológicos de las redes, sino que también se enfoca en características ecológicas de las especies, este binomio ayuda a entender mejor la relación estructura - función de los ecosistemas. También genera matrices al azar calculando propiedades estructurales de cada una con la finalidad de que el usuario decida cuáles son las importantes y comparar los resultados entre redes al azar y la empírica. De esta forma se genera un modelo nulo con el cuál proyectar ideas sobre diversidad, nicho y otros temas más.

Literatura citada.

- Abarca-Arenas L.G., Valero-Pacheco E., Delfín-Alfonso C.A., Morteo-Ortíz E., Franco-López J., 2022. Redes tróficas como herramienta para el estudio de la diversidad y complejidad de ecosistemas. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 93:1-10. doi.org/10.22201/lib.20078706e.2022.93.4126
- Allesina, S., Alonso, D., & Pascual, M. (2008). A general model for food web structure. *Science*, 320(5876), 658-661.
- Cohen, J. E., F. Briand, and C. M. Newman. 1990a. *Community Food Webs: Data and Theory*. New York: Springer-Verlag.
- Dunne J., 2006. The network structure of food webs. pp. 27-86. En: Pascual, M. & J.A. Dunne, *Ecological networks*. Oxford University Press. 416 pp.
- Erdős, P. and Rényi, A. On random graphs, *Publicationes Mathematicae* 6, 290–297 (1959).

- Ings, T. C., Montoya, J. M., Bascompte, J., Blüthgen, N., Brown, L., Dormann, C. F. et al. (2009). Ecological networks —beyond food webs. *The Journal of Animal Ecology*, 78, 253–269. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2008.01460.x>
- Jordán, F., Liu, W., & van Veen, J.F. (2003). Quantifying the importance of # species and their interactions in a host-parasitoid community. *Community Ecology*, 4(1), 79–88.
- Jordán, F. (2009). Keystone species and food webs. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 364, 1733–1741. <https://doi.org/10.1098/rstb.2008.0335>
- Jordán, F., Benedek, Z. y Podani, J. (2007). Quantifying positional importance in food webs: a comparison of centrality indices. *Ecological Modelling*, 205, 270–275. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2007.02.032>
- Montoya, D., M. L. Yallop, & J. Mommott, 2015. Functional group diversity increases with modularity in complex food webs. *Nature Communications*, 6:7379. <https://doi.org/10.1038/ncomms8379>
- Rooney, N., K. McCann, G. Gellner & J. C. Moore, 2006. Structural asymmetry and the stability of diverse food webs. *Nature*, 442:265–69. <https://doi.org/10.1038/nature04887>
- Schmitz, O. J., V. Krivan & O. Ovadia, 2004. Trophic cascades: the primacy of trait-mediated indirect interactions. *Ecology letters*, 7(2):153–163. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2003.00560.x>
- Terborgh, J. & J. A. Estes, 2013. *Trophic Cascades: Predators, Prey, and the Changing Dynamics of Nature*. Island Press. 488 pp.
- Williams, Richard J, and Neo D Martinez. 2000. “Simple Rules Yield Complex Food Webs.” *Nature* 404 (6774): 180–83.

Cita de los paquetes.

igraph

- Csárdi, G., Nepusz, T., Traag, V., Horvát, S., Zanini, F., Noom, D., & Müller, K. (2023). *igraph: Network analysis and visualization (Version 1.5.1)* [Computer software]. <https://igraph.org>

stringr

Wickham, H. (2022). stringr: Simple, consistent wrappers for common string operations (Version 1.5.0) [Computer software]. <https://stringr.tidyverse.org>

cheddar

Hudson, L., Orme, D., & Eastman, J. (2023). cheddar: Analysis and visualisation of ecological communities (Version 0.2-0) [Computer software]. <https://cran.r-project.org/package=cheddar>

leidenAlg

Kharchenko, P., & Street, K. (2021). leidenAlg: Leiden algorithm for community detection (Version 1.0.4) [Computer software]. <https://github.com/kharchenkolab/leidenAlg>

plyr

Wickham, H. (2011). The split-apply-combine strategy for data analysis. *Journal of Statistical Software*, 40(1), 1-29. <https://doi.org/10.18637/jss.v040.i01>

dplyr

Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L. D., François, R., Golemund, G., Hayes, A., Henry, L., Hester, J., Kuhn, M., Pedersen, T. L., Miller, E., Bache, S. M., Müller, K., Ooms, J., Robinson, D., Seidel, D. P., Spinu, V., ... Yutani, H. (2019). Welcome to the tidyverse. *Journal of Open Source Software*, 4(43), 1686. <https://doi.org/10.21105/joss.01686>

ggplot2

Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant graphics for data analysis. Springer-Verlag.

ggpubr

Kassambara, A. (2023). ggpubr: 'ggplot2' based publication ready plots (Version 0.6.0) [Computer software]. <https://rpkgs.datanovia.com/ggpubr/>

nortest

Gross, J., & Ligges, U. (2015). nortest: Tests for normality (Version 1.0-4) [Computer software]. <https://cran.r-project.org/package=nortest>

sna

Butts, C. T. (2022). sna: Tools for social network analysis (Version 2.7) [Computer software]. <https://cran.r-project.org/package=sna>

ATNr

Gauzens B, Berti E (2025). *_ATNr: Run Allometric Trophic Networks Models_*.
doi:10.32614/CRAN.package.ATNr
<https://doi.org/10.32614/CRAN.package.ATNr>>, R package version 1.1.1,
<<https://CRAN.R-project.org/package=ATNr>>.

rnetcarto

Doucier G, Stouffer D (2023). *Rnetcarto: Fast Network Modularity and Roles Computation by Simulated Annealing*. R package version 0.2.6.

purrr

Wickham H, Henry L (2025). *_purrr: Functional Programming Tools_*.
doi:10.32614/CRAN.package.purrr <https://doi.org/10.32614/CRAN.package.purrr>>,
R package version 1.0.4, <<https://CRAN.R-project.org/package=purrr>>.