

UACM

Universidad Autónoma
de la Ciudad de México

NADA HUMANO ME ES AJENO

COLEGIO DE CIENCIAS Y HUMANIDADES

MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA COMPLEJIDAD

Simulación computacional de extinciones biológicas masivas

TESIS QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA COMPLEJIDAD

PRESENTA

Juan García Vázquez

Directo de la Tesis

Dr. Pedro Eduardo Miramontes Vidal

Codirección

M.C. José Luis Gutiérrez Sánchez

Ciudad de México, **junio 2026.**

SISTEMA BIBLIOTECARIO DE INFORMACIÓN Y DOCUMENTACIÓN



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE LA CIUDAD DE MÉXICO COORDINACIÓN ACADÉMICA

RESTRICCIONES DE USO PARA LAS TESIS DIGITALES

DERECHOS RESERVADOS[©]

La presente obra y cada uno de sus elementos está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor; por la Ley de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México, así como lo dispuesto por el Estatuto General Orgánico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México; del mismo modo por lo establecido en el Acuerdo por el cual se aprueba la Norma mediante la que se Modifican, Adicionan y Derogan Diversas Disposiciones del Estatuto Orgánico de la Universidad de la Ciudad de México, aprobado por el Consejo de Gobierno el 29 de enero de 2002, con el objeto de definir las atribuciones de las diferentes unidades que forman la estructura de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México como organismo público autónomo y lo establecido en el Reglamento de Titulación de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Por lo que el uso de su contenido, así como cada una de las partes que lo integran y que están bajo la tutela de la Ley Federal de Derecho de Autor, obliga a quien haga uso de la presente obra a considerar que solo lo realizará si es para fines educativos, académicos, de investigación o informativos y se compromete a citar esta fuente, así como a su autor ó autores. Por lo tanto, queda prohibida su reproducción total o parcial y cualquier uso diferente a los ya mencionados, los cuales serán reclamados por el titular de los derechos y sancionados conforme a la legislación aplicable.

Agradecimientos

La realización de este trabajo ha sido posible gracias a diferentes personas e instituciones que me acompañaron en esta etapa de mi formación académica. Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a quienes contribuyeron, a la realización de este trabajo.

Quiero agradecer al Dr. Pedro Miramontes Vidal, cuya orientación, confianza y libertad intelectual hicieron posible este trabajo. Su acompañamiento, durante estos años hicieron posible mi formación académica e intelectual. Gran parte de lo que he aprendido, se lo debo a su ejemplo.

Agradezco al Dr. Fernando Ramírez Alatríste, quien con su valiosa lectura y comentarios que enriquecieron esta tesis. Además, mi gratitud por su apoyo y asesoría en los cursos de la maestría.

Reconozco el apoyo brindado por el M. en C. José Luis Gutiérrez Sánchez, a quien le debo mucho de mi formación académica, son cosas que me llevo de él.

Al Dr. Felipe Contreras Alcala, cuyos comentarios me hicieron reflexionar sobre las limitaciones de mi investigación, lo que me permitió mejorarla.

Reconozco las aportaciones hechas por el Dr. Juan Antonio Nido Valencia, sus comentarios me ayudaron con el estilo de mi escritura. Cabe aclarar que los errores que aún existen son solo míos. Gracias profesor.

Mi más sincero agradecimiento al Dr. Jorge Fernando Camacho Pérez, quien durante los cursos de la maestría fungió como mi tutor en SECIHTI (antes CONAHCYT). En los seminarios de investigación y titulación me apoyó y orientó en la elaboración de este trabajo. Sus asesorías de Dinámica no Lineal han fortalecido mi formación.

Mi más profundo agradecimiento a la Universidad Autónoma de la Ciudad de México (UACM), una bonita y noble institución que me abrió sus puertas y recibió. Me brindó incluso apoyo económico con la beca institucional, luego de que CONAHCYT cambio su reglamento de becas. Enhorabuena muchas gracias.

Expreso mi más sincero agradecimiento a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por el apoyo económico que me brindó, el cual me permitió realizar de forma satisfactoria mis estudios de maestría. Gracias a su apoyo logré terminar con éxito este trabajo de tesis.

Índice general

Introducción	6
1. Marco teórico	9
1.1. Categorías taxonómicas	9
1.2. Especiación y extinción	10
1.3. Leyes de Potencia	11
1.4. La ley de Zipf	12
1.5. La ley de Pareto	12
1.6. La ley de Weibull	13
1.7. La Distribución Beta Discreta Generalizada	14
1.8. El experimento de Pólya	17
1.9. Regresión no lineal	19
1.9.1. Ajuste de curva	19
2. Abundancia de distintos taxones	20
2.1. Distribución de mamíferos	20
2.2. Distribución de reptiles	22
2.3. Distribución de aves.	24
3. Especiación y extinción usando la urna de Pólya.	28
3.1. Extinciones masivas y el experimento de Pólya.	28
3.2. Especiación-extinción sin extinción masiva.	36
3.3. Una tasa de extinción mayor a la de especiación.	37
3.4. El modelo de expansión-modificación de Wentian Li.	40
Conclusiones	42
Apéndice A: Especiación y extinción	44
Apéndice B: Código de ajuste	49
Bibliografía	51

Índice de figuras

1.1. La de Zipf.	12
1.2. La ley de Pareto	13
1.3. La ley de Weibull	14
1.4. Genoma E. coli siguiendo una DBDG	15
1.5. C. elegans, N.gonorrehea y E. coli sigiendo una DBDG	16
1.6. Área ocupada por platas siguiendo una DBDG	17
2.1. Abundancia de especies por género en mamíferos siguiendo una DBDG	20
2.2. Abundancia de géneros por familias en mamíferos siguiendo una DBDG	21
2.3. Abundancia de familias en ordenes en mamíferos siguiendo una DBDG	21
2.4. Abundancia de especies por familia en los mamíferos siguiendo una DBDG	22
2.5. Abundancia de especies por orden en mamíferos siguiendo una DBDG .	22
2.6. Abundancia de especies por género en reptiles siguiendo una DBDG . .	23
2.7. Abundancia de especies por familia en reptiles siguiendo una DBDG . .	23
2.8. Abundancia de géneros por familia en los reptiles siguiendo una DBDG	24
2.9. Abundancia de especies por género en aves	24
2.10. Abundancia de espcies por familia en la aves	25
2.11. Abundancia de especies por orden en aves	25
2.12. Abundancia de géneros por familia en aves	26
2.13. Abundancia de familias por orden	26
3.1. Extinción masiva del 95 %	29
3.2. Extinción masiva del 90 %	30
3.3. Extinción masiva del 80 %	31
3.4. Extinción masiva del 70 %	32
3.5. Extinción masiva del 50 %	33
3.6. Extinción masiva del 20 %	34
3.7. Extinción masiva del 10 %	35
3.8. Extinción masiva del 5 %	36
3.9. Extinción de 1000 especies	37
3.10. Extinción de 2000 especies	38

Resumen

En este trabajo, utilizando los datos reportados en la base de datos Taxonomy-NCBI, realizamos una clasificación taxonómica en diferentes niveles jerárquicos, así como un análisis de sus abundancias respectivas. Posteriormente, ajustamos estos datos a la Distribución Beta Discreta Generalizada (DBDG). La distribución de especies por género constituye un “sistema de modelo” para estudiar desde la complejidad, ya que refleja el resultado de procesos evolutivos —especiación y extinción— que operan en múltiples escalas de tiempo y que son inherentemente estocásticos y no lineales. A continuación, llevamos a cabo simulaciones de extinciones masivas mediante un modelo basado en la urna de Pólya, seguidas por simulaciones de recuperación tanto a nivel de especies como de géneros. Como parte de este proceso, también modelamos los procesos de especiación y extinción como mecanismos generadores de la distribución de especies por género tras una extinción masiva. Finalmente, realizamos nuevos ajustes de la DBDG sobre los datos simulados, obteniendo resultados que reproducen de manera consistente las distribuciones observadas en los datos originales de Taxonomy-NCBI.

Introducción

En 2007, R. Mansilla, E. Köppen, G. Cocho y P. Miramontes publicaron un trabajo en la revista *Journal of Informetrics* [1] en el cuál presentaron una generalización de la Ley de Zipf, formulada en la década de 1940 por George Kingsley Zipf, lingüista de la Universidad de Harvard, es una ley empírica según la cual en una determinada lengua la frecuencia de aparición de distintas palabras sigue una distribución donde la aparición de la palabra es inversamente proporcional al rango de la misma [2]. Este último surge después de clasificar a las palabras de forma descendente de acuerdo con la frecuencia de uso de la palabra en textos o determinada lengua. Dichos autores ilustraron su propuesta estudiando la distribución de revistas científicas, por disciplina, de acuerdo a su factor de impacto. Las revistas fueron ordenadas de forma descendente tomando en cuenta su factor de impacto y se graficaron contra su respectivo factor de impacto dando origen a distribuciones de rango-orden los cuales seguían de manera muy precisa una Distribución Beta Discreta Generalizada (DBDG).

Anteriormente a este modelo se utilizaba las leyes de potencia para ajustar este tipo de datos, sin embargo no era posible ajustar alguna de las colas (rangos altos o bajos rangos), algunas explicaciones para esto son el efecto finito, no hay suficientes datos para hacer una buena estadística, otra explicación es que las leyes de potencia no son el mejor modelo para este tipo de fenómeno, por lo que la DBDG presentada podría ser un buen reemplazo [1]. Algunos fenómenos que siguen este modelo propuesto por estos autores son: la frecuencia de uso de palabras en discursos políticos, la intensidad de terremotos registrados en México, el rango de las universidades y el rango de los científicos mexicanos [3].

Posteriormente Martínez Mekler y sus coautores [4] publicaron los resultados de usar una DBDG en una variedad de diferentes disciplinas como ajuste en las representaciones de rango-orden y rango-abundancia, en estas últimas también hay una clasificación descendente de acuerdo a alguna cantidad medida, llamada abundancia, en nuestro caso los géneros se clasificarán en rangos y su abundancia será el número de especies que integra a cada género. A partir de ese momento se han publicado una considerable cantidad de reportes científicos con los fundamentos teóricos de la DBDG así como su aparición en datos provenientes de múltiples áreas. De particular interés para este proyecto, se puede mencionar el trabajo de Martínez Mekler y Álvarez [5] en donde los autores ya le dan un significado a los parámetros de la DBDG.

En este trabajo se busca analizar los datos obtenidos de la base de datos públicos por Home - Taxonomy-NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy> . Para ello se ordenará de forma descendente a cada género cada una de las siguientes clases: mamíferos, reptiles y aves. Lo anterior, tomando en cuenta el número de especies que integran a cada género.

Se hará uso de los fundamentos teóricos de la teoría de las Probabilidades simultáneamente empleando el lenguaje de programación, Python, por su gran disponibili-

dad y accesibilidad. Python tiene las bibliotecas necesarias que facilitan cálculos para manipular grandes bases de datos, y algunos métodos y programas utilizados en otras publicaciones.

Por otra parte, durante toda la historia de la humanidad ha existido una necesidad por clasificar a los seres vivos. Entre las primeras clasificaciones destacadas son los realizados por Aristóteles, sus trabajos persistieron hasta el Renacimiento. En un principio se comenzó a realizar por medio de las características morfológicas, ya con Carlos Linneo en el siglo XVIII se comenzó a realizar esto de forma más seria y sistemática. Surgió la taxonomía como una herramienta y ciencia encargada de la clasificación de los seres vivos. Con lo anterior surgieron las categorías: reino, clase, orden, familia, género y especie. Ya con la llegada de la teoría de la evolución de Darwin se comenzó a clasificar en función de los ancestros comunes de los seres vivos. Posteriormente la teoría molecular y el descubrimiento del ADN han hecho posible reclasificar a las diferentes categorías taxonómicas [6].

Para simular la especiación y la extinción de las especies sugerimos que por medio de una modificación al experimento de la urna de Pólya [7] se puede llegar a la distribución de las especies dentro de los géneros.

Originalmente la urna de Pólya funciona con pelotas de dos colores: negras y blancas, con "a" y "b" pelotas de cada color respectivamente.

- Primero se toma una pelota se verifica el color y se devuelve esa pelota junto con una más del mismo color.
- El proceso anterior se repite muchas veces y se puede notar como se incrementa rápidamente la diferencia en el número de pelotas.

Ahora se propone una modificación al experimento de Pólya:

Ya no solo se tendrán dos colores sino tantos colores diferentes de pelotas como números de géneros dentro de los mamíferos, es decir, habrá 1231 colores diferentes. Y el número de pelotas de cada color será: el número de especies que integren a cada género. Por ejemplo, el género *Crocodylus* (que esta integrada por especies conocidas como cocodrilos) esta integrado por 172 especies diferentes, este género corresponde al género más abundante en los mamíferos.

El experimento de Pólya modificado consistirá de lo siguiente: se extrae una pelota al azar y posteriormente se decide con cierta probabilidad si se devuelve junto con otra pelota del mismo color o se retira de la urna. Lo primero simula una especiación y lo segundo una extinción. Dado que es difícil determinar las tasas de especiación y extinción nuestro experimento podría ser un buen intento para llegar a las distribuciones de las especies en los géneros. Además con nuevas modificaciones al experimento de Pólya se podría simular cascadas de extinciones o la generación de nuevos géneros. Lo anterior explorando diferentes probabilidades y tamaños de cascada de extinciones, esto ante el desconocimiento de tasas de especiación y extinción a lo largo de distintas épocas.

Esperamos que los datos obtenidos al final del experimento sigan una DBDG. Además se buscará ver si por medio de este proceso de Pólya se puede llegar a la DBDG o a alguna otra distribución.

De igual manera se pretende encontrar datos sobre las tasas de especiación y de extinción para hacer estimaciones de biodiversidad.

Esta modificación al modelo de Pólya se implementará usando Python y la biblioteca Random.

Objetivos

Los objetivos de nuestro trabajo son los siguientes:

- Ajustar la distribución de las especies dentro de los géneros a la DBDG.
- Usar la modificación a la urna de Pólya para llegar a la distribución de las especies dentro de los géneros.
- Usar la modificación de la urna de Pólya para simular distintos tamaños de extinciones en cascada y observar si después de simular la especiación se puede recuperar la diversidad anterior a las extinciones en cascada.
- Explorar con distintas probabilidades de especiación y extinción, y observar como evoluciona la biodiversidad.

La estructura del trabajo será la siguiente: en el capítulo I se hará una breve exposición de los algunos antecedentes a este trabajo, lo que incluirá a las leyes de potencia, tales como la ley de Zipf, la ley de Pareto y la ley de Weibull. Posteriormente la presentación de la DBDG como una mejora a los ajustes logrados por las leyes de potencia, así como diferentes estudios realizados sobre las características de la DBDG.

En el capítulo II haremos un recapitulación de los conceptos teóricos utilizados, tales como: la diferentes categorías taxonómicas, el proceso en la urna de Pólya, la especiación, la extinción, la extinción masiva, la función Beta discreta generalizada y los distintos métodos de ajuste de nuestro datos obtenidos a la DBDG.

En el capítulo III se mostrarán ajustes a la distribución de las especies dentro de los géneros y otras categorías taxonómicas en clases como: mamíferos, reptiles y aves, a la DBDG. Se harán comentarios sobre lo observado en los anteriores ajustes.

En el capítulo IV se presentará una modificación a la urna de Pólya como propuesta para llegar a distribuciones como en el capítulo II. El proceso de la urna de Pólya se programo en Python y se obtuvieron datos que posteriormente se ajustaron a la DBDG. Se variará el número de iteraciones tamaños de extinción masiva, así como las respectivas tasas de especiación y extinción, además de variaciones en la tasa de aparición de nuevos géneros.

Finalmente, en el capítulo V se harán discusiones y conclusiones sobre este trabajo.

Capítulo 1

Marco teórico

Para el presente trabajo usaremos algunos conceptos destacados que pueden conceptualizarse de la siguiente manera:

1.1. Categorías taxonómicas

Para el estudio de la diversidad biológica se han hecho muchas clasificaciones a lo largo de la historia. Entre las más destacadas fueron las realizadas por Aristóteles. Posteriormente vino la clasificación dada por Carlos Linneo surgió la Taxonomía que sería la nueva ciencia que se encargaría de la clasificación de los seres vivos. Aquí aparecieron por primera vez las categorías de reino, clase, orden, familia, género y especie [6].

- La categoría de reino es de las clasificaciones más amplias, aquí los organismos comparten características celulares, genéticas y funcionales. Hoy en día, el sistema de clasificación comúnmente reconocido incluye seis reinos principales: Animalia, Plantae, Fungi, Protista, Archaea.
- La clase es una categoría que se encuentra entre el reino y el orden. Algunos ejemplos de clases son: Mammalia (mamíferos), Aves (aves), Reptilia (reptiles).
- La categoría de orden representa a organismos con características más específicas que los comparten una clase, tales características como evolutivas y morfológicas.
- La categoría familia se encuentra entre la categoría orden y género. Agrupa géneros que comparten características morfológicas, genéticas y ecológicas similares.
- Un género agrupa a especies que comparten características morfológicas, genéticas, ecológicas o evolutivas, que sugieren un ancestro común.
- Una especie es un grupo de organismos que comparten características comunes, pueden reproducirse entre sí y están aislados reproductivamente de otros grupos, desempeñando un papel fundamental en la estructura de la biodiversidad.

1.2. Especiación y extinción

La especiación es un proceso evolutivo en el cual una especie da lugar a otra u otras. Se han clasificado tres tipos de especiación [8] .

1. **Especiación aloprática.** Se da cuando una población se divide en dos o más grupos y son separados por barreras geográficamente, tales como montañas, ríos u océanos. Estas barreras provoca un divergencia y se originándose nuevas especies.
2. **Especiación simpátrica.** Ocurre sin la necesidad de aislamiento geográfico. Lleg a ocurrir debido a la selección natural, la disposición de nichos o recursos.
3. **Especiación peripátrica.** Se da cuando un grupo pequeño se separa de una población mucho más grande y rápidamente da origen a una nueva especie.
4. **Especiación parapátrica.** Se da cuando dos poblaciones de una misma especie tienen poco contacto, eventualmente dan origen a una nueva especie.

Mientras que una extinción se da cuando el último individuo de la especie muere. Entre las causas de extinción de una especie son:

1. **El cambio climático.**
2. **La pérdida de hábitat**
3. **Caza y sobreexplotación.**
4. **Especies invasoras.**
5. **Enfermedades.**
6. **Fenómenos naturales.**

En la historia de la vida terrestre se tienen registradas cinco extinciones masivas [9]. En general a las extinciones masivas se les atribuye un agente externo que provoca tal extinción masiva, aunque también es posible que la dinámica entre las mismas especies cambie su propio entorno provocando tal extinción masiva.

1. **Extinción Ordovícico-Silúrico** (445 millones de años atrás). Se extinguieron principalmente las especies marinas tal como los trilobites. Desaparecieron aproximadamente el 85 % de las especies marinas.
2. **Extinción del Devónico Tardío** (375 millones de años atrás). Desaparecieron aproximadamente el 75 % de las especies marinas. La explicación dada a este evento: actividad volcánica que cambio los índices CO_2 en el planeta.
3. **Extinción del Pérmico-Triásico** (252 millones de años atrás). Ha sido la más grande extinción masiva ya que desaparecieron aproximadamente el 96 % de las especies marinas y el 76 % de las terrestres. La explicación dada a este tipo de extinción es que extensas erupciones volcánicas en Siberia liberaron gases tóxicos que provocaron cambios climáticos severos y la acidificación de los océanos. Marcando el fin de muchos insectos y especies de vertebrados. Desaparición de grupos completos de organismos y recuperación extremadamente lenta de la diversidad.

4. **Extinción del Triásico-Jurásico** (hace 201 millones de años). Causas principales: erupciones volcánicas masivas en el Atlántico Central (al inicio de la fragmentación de Pangea). Aumento de CO_2 , calentamiento global, y acidificación de los océanos. Cerca del 80 % de las especies desaparecieron, incluidos muchos reptiles marinos y grandes anfibios. Se abrió espacio ecológico para los dinosaurios, que se convirtieron en dominantes.
5. **Extinción del Cretácico-Paleógeno** (hace 66 millones de años). Causas principales: Impacto de un asteroide en Chicxulub, México, liberando enormes cantidades de polvo y gases a la atmósfera. Erupciones volcánicas en el Decán, India, que contribuyeron al cambio climático. Impacto: Cerca del 75 % de las especies, incluidos los dinosaurios no aviares, se extinguieron. Consecuencias: Permitió la diversificación y expansión de los mamíferos, lo que eventualmente llevó a la aparición de los humanos.

1.3. Leyes de Potencia

Las leyes de Potencia son relaciones entre dos cantidades x y y que puede expresarse como sigue:

$$f(x) = cx^\alpha \quad (1.1)$$

donde c (la cantidad de proporcionalidad) y α (el exponente de la potencia) son constantes. Una manera de identificar una relación de ley de potencia es mediante un ajuste a una recta en una gráfica log-log que se puede expresar como:

$$\log(f(x)) = \alpha \log(x) + \log(c). \quad (1.2)$$

Algunas propiedades de las leyes de potencia son:

- La función $f(x) = cx^\alpha$ (donde α y k son constantes), satisface la relación:

$$f(ax) = c(ax)^\alpha = a^\alpha f(x) \quad (1.3)$$

para toda constante c . Lo anterior, significa que un aumento en x se traduce en un cambio proporcional en la gráfica de la función y este cambio preserva el aspecto de la misma gráfica.

- **Libres de escala**, es decir los sistemas modelados por una ley de potencia no tienen un tamaño característico que defina su comportamiento global.

Algunos ejemplos de leyes de potencia importantes lo son:

- La ley de Zipf.
- La ley de Pareto.
- La ley de Weibull.

Los anteriores casos parecen ajustar fenómenos tan distantes como la popularidad de una red de internet, la riqueza de las personas (ley de Pareto) y la frecuencia de las palabras en un texto.

1.4. La ley de Zipf

La llamada ley Zipf, formulada en la década de 1940 por George Kigsley Zipf, lingüista de la universidad de Harvard, es una ley empírica según una determinada en una determinada lengua la frecuencia de aparición de distintas palabras sigue una distribución que puede aproximarse por:

$$f(r) = \frac{1}{r^\alpha} \quad (1.4)$$

donde $f(r)$ representa la frecuencia de la r -ésima palabra más frecuente y el exponente α es un número real, en general ligeramente superior a 1, esto significa que el segundo elemento se repetirá aproximadamente con una frecuencia de $\frac{1}{2}$ de la del primero, el tercer elemento con una frecuencia de $\frac{1}{3}$ del primero y así sucesivamente.

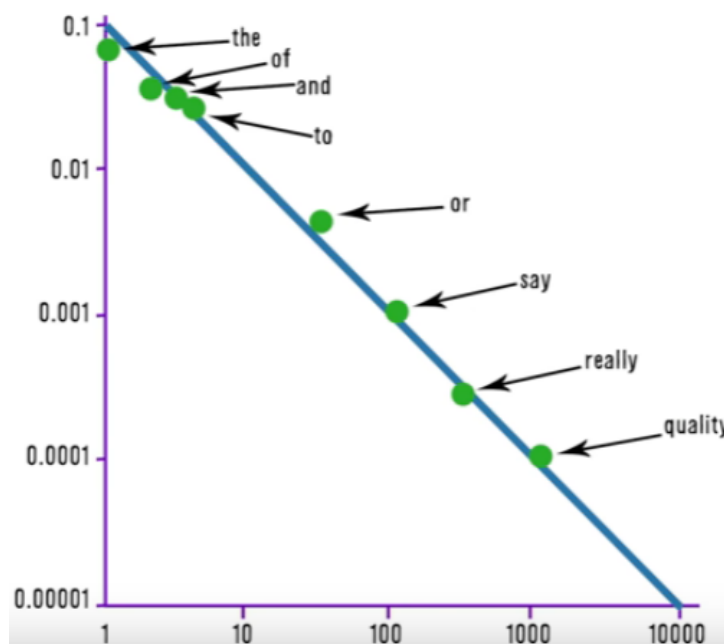


Figura 1.1: Ley de Zipf: en la lengua inglesa. Figura tomada de Wikipedia.

1.5. La ley de Pareto

La ley de Pareto fue propuesta por el economista italiano Vilfredo Pareto, la cual en su forma más general se expresa como:

$$P(x) = \frac{1}{x^\alpha} \quad (1.5)$$

donde:

- $P(x)$ es la probabilidad de que cierto individuo tenga x ingreso.
- x es la variable de interés: en este caso el ingreso.
- k es un parámetro de escala, que determina el mínimo valor de x .
- α es el parámetro, este valor suele ser mayor a 1.

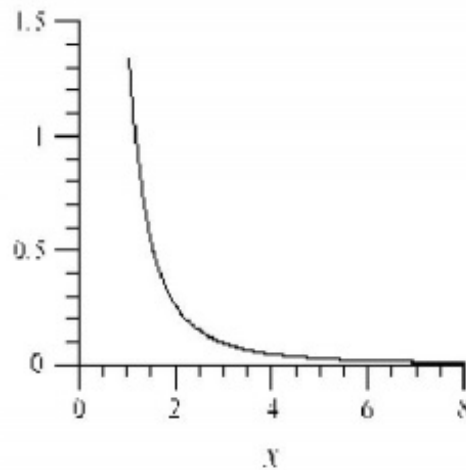


Figura 1.2: Ley de Pareto: riqueza de las personas. Figura tomada de [10].

1.6. La ley de Weibull

La ley de Weibull es una distribución estadística que se utiliza para modelar fenómenos relacionados con la fiabilidad, el análisis de vida útil y el desempeño de sistema, entre otros. La función de densidad de probabilidad (PDF) de la distribución de Weibull se define de la siguiente manera:

$$f(x) = \frac{k}{\lambda} \left(\frac{x}{\lambda} \right)^{k-1} e^{-\left(\frac{x}{\lambda} \right)^k} \quad (1.6)$$

Donde:

- x es la variable aleatoria que representa el tiempo o la vida útil del objeto (por ejemplo, el tiempo hasta que un componente falla).
- $\lambda > 0$ es el parámetro de escala, que ajusta escala de distribución.
- $k > 0$ es el parámetro de forma (a veces llamado índice de forma o exponente de forma), que controla la forma de distribución. Este parámetro es crucial para determinar el comportamiento de la distribución.

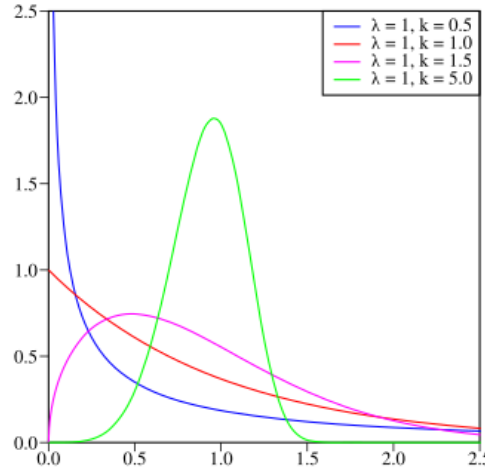


Figura 1.3: La distribución de Weibull: vida útil de algún objeto. Figura tomada de Wikipedia.

Sin embargo, estas leyes de potencia no logran ajustar adecuadamente la cola de la distribución. Para ello, se proponen algunas explicaciones, como el efecto finito: no hay suficientes datos para hacer una buena estadística. Otra explicación a este hecho es que las leyes de potencia no son el mejor modelo para este tipo de fenómenos, Germinal Cocho propone una función llamada la Distribución Beta Discreta Generalizada (DBDG).

1.7. La Distribución Beta Discreta Generalizada

En este trabajo estudiaremos la distribución de las especies dentro de los géneros, posteriormente haremos un ajuste a la distribución beta discreta generalizada. Esta fue presentada por primera vez en el año 2007:

$$f(x) = N \frac{(R+1-x)^b}{x^a} \quad (1.7)$$

- El soporte de esta función es el conjunto $\{1, 2, \dots, R\}$.
- El factor de normalización se calcula de la siguiente manera:

$$N = \left(\sum_{x=1}^R \frac{(R+1-x)^b}{x^a} \right)^{-1}.$$

- Cuando $b = 0$ se tiene una ley de potencia.
- Cuando $a = b = 0$ se tiene la función de densidad uniforme.
- Para que ésta función sea decreciente a y b deben ser positivos [11].

Martínez Mekler y colaboradores [4] evidenciaron que la DBDG presentaba un mejor ajuste que las leyes de potencia en distintas disciplinas, entre ellas la pintura, la ecología, la música y la neurofísica.

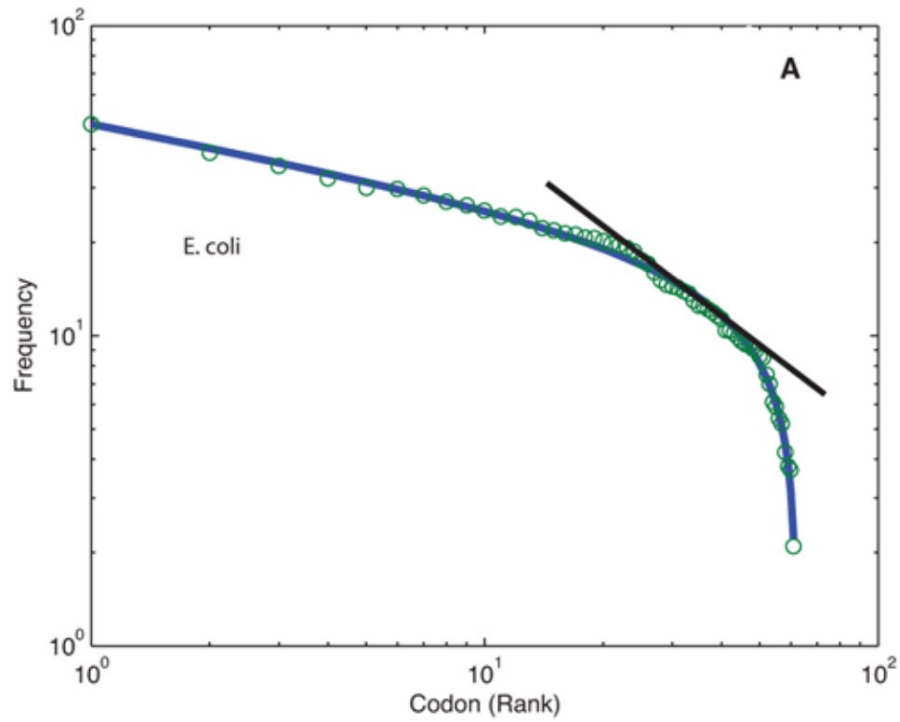


Figura 1.4: La gráfica log-log de las frecuencias, en orden descendente que aparecen en el genoma *E. coli*. La línea curva continua en color azul es la distribución beta discreta generalizada (DBDG) ajustada con parámetros $a = 0,25$, $b = 0,5$ y el coeficiente de correlación, $r^2 = 0,99$. La línea recta en negrita esta incluida para visualizar el comportamiento de la ley de potencia que solo ajusta un rango intermedio. Figura tomada de [4].

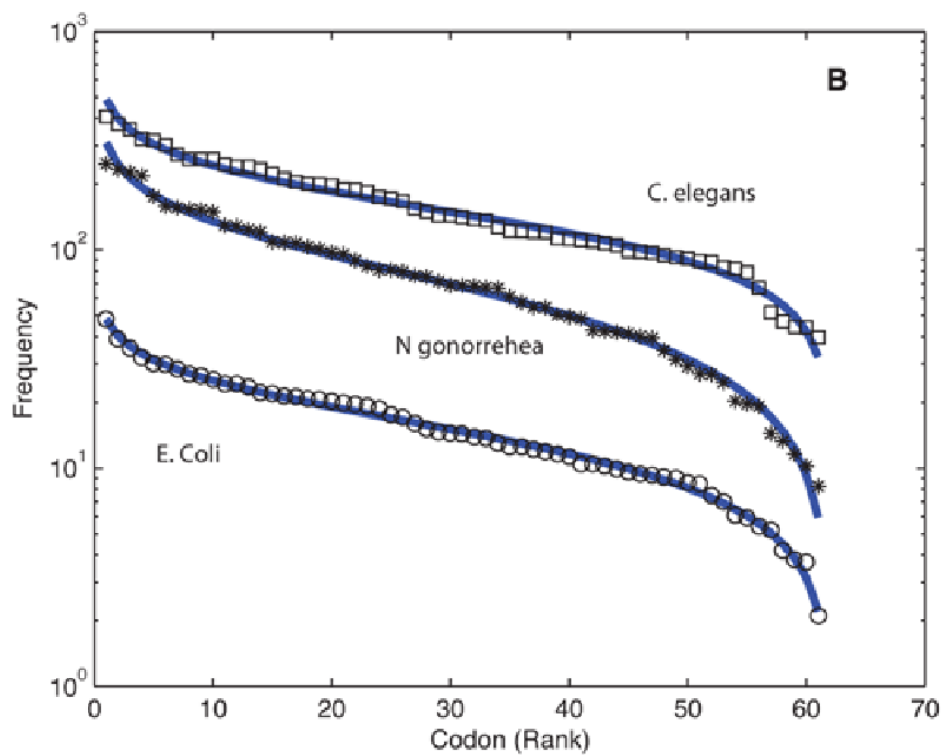


Figura 1.5: La gráfica semilog de las frecuencias de codones de los genomas de *C. elegans*, *N. gonorrhoea* y *E. coli*. Las curvas continuas son los ajustes con $(a, b, r^2) = (0,28, 0,38, 0,98)$, $(0,31, 0,65, 0,99)$ correspondientes a los primeros dos, los valores para *E. coli* fueron dados en la figura anterior. Las frecuencias para *N. gonorrhoea* han sido multiplicados por el factor 5 y la de *C. elegans* por 10 para evitar superposiciones. Figura tomada de [4].

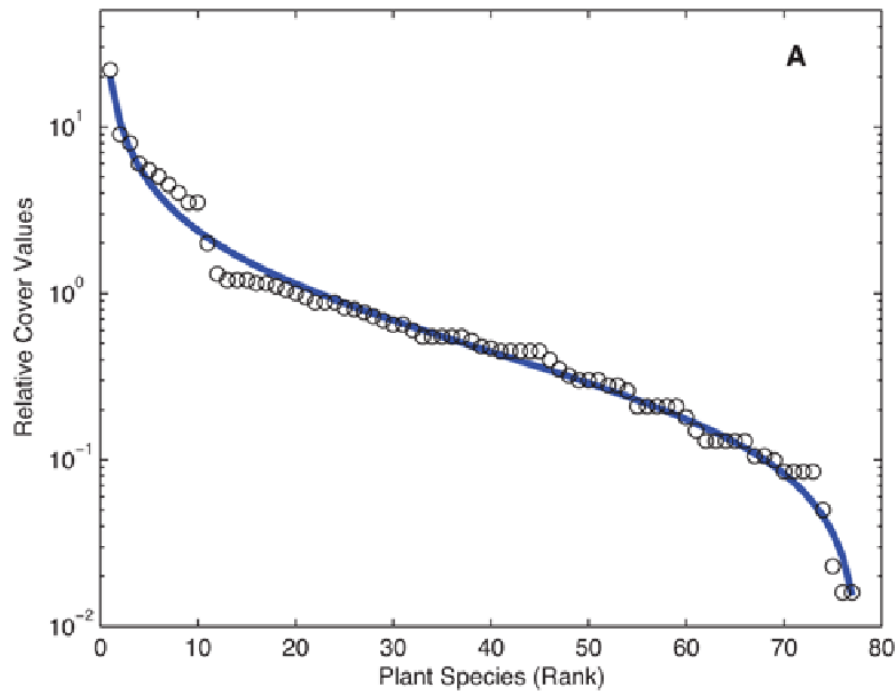


Figura 1.6: La gráfica del área ocupada por diferentes especies en campos abandonados de Illinois sobre un periodo de tiempo de 40 años. En este caso $(a, b, r^2) = (0,88, 0,76, 0,98)$. Figura tomada de [4].

Roberto Álvarez [12] utilizando el modelo propuesto por Wentian Li, para simular mutaciones en cadenas moleculares [13], conjeturo que el parámetro a está relacionado con la permanencia, mientras que b con el cambio.

En 2011 M. Beltrán del Río, G. Cocho, R. Mansilla [14] publicaron un artículo donde mostraron evidencia numérica de que por medio de una resta de distribuciones de probabilidad se puede llegar a la DBDG.

En 2017 Oscar Fontanelli en su tesis doctoral [11] mostró que por medio de una correlación cruzada de funciones se puede llegar a la función de Lavalette, que corresponde a un caso especial de la DBDG cuando los parámetros a y b son iguales.

1.8. El experimento de Pólya

Posteriormente propondremos modificaciones a la urna de Pólya para hacer simulaciones tanto de la especiación como de la extinción. Con otras modificaciones simularemos extinciones en cascada de diferentes tamaños. La urna de Pólya fue introducido por el matemático George Pólya [7]. Originalmente la urna de Pólya funciona con pelotas de dos colores: negras y blancas, con 'a' y 'b' pelotas de cada color respectivamente.

- Primero se toma una pelota se verifica el color y se devuelve esa pelota junto con una más del mismo color.
- El proceso anterior se repite muchas veces y se puede notar como se incrementa rápidamente la diferencia en el número de pelotas.

Ahora proponemos una modificación a este modelo de Pólya:

Ya no tendré únicamente dos colores, sino tantos colores diferentes de pelotas como número de géneros existen dentro de los mamíferos; es decir, habrá 1231 colores distintos. El número de pelotas asignado a cada color corresponderá al número de especies que integran cada género. Por ejemplo, el género *Crociodura* está conformado por 172 especies diferentes. Sin embargo, el modelo es generalizable a cualquier conjunto de datos taxonómicos, como se demuestra más adelante con reptiles y aves.

Así tendremos 1231 colores diferentes de pelotas. Cada color estará integrada por números de pelotas, por ejemplo:

- $C_1 = 172$
- $C_2 = 103$
- $C_3 = 77$
- $\vdots$
- $C_{1231} = 1.$

Con lo anterior se tiene constituida la urna, falta ver como va ser el proceso:

Primero se escoge una pelota al azar y posteriormente se decide con cierta probabilidad si se devuelve a la urna junto con otra pelota del mismo color o se retira de ella. Lo primero, simula una especiación y lo segundo una extinción. El proceso anterior se repetirá consecutivamente, se pretende realizar al menos mil pasos y ver como quedan los números de pelotas de cada uno de los colores.

Esperamos que los datos obtenidos al final del experimento sigan una DBDG.

Las pelotas se escogen completamente al azar.

Si se terminan las pelotas de algún color, ya hay probabilidad cero de sacarla una de ese color en el siguiente paso. El proceso o experimento se finaliza si se termina el total de pelotas. Una nueva modificación a la urna de Pólya consiste en eliminar un cierto porcentaje del total de pelotas, lo que simularía una extinción masiva. Otra variación implica extraer una pelota, inspeccionar su color y devolverla junto con una pelota de un color nuevo, inexistente en la urna, lo que representaría el proceso por el cual una especie da lugar a un nuevo género.

Posteriormente a las anteriores modificaciones se programará estas modificaciones a la urna de Pólya, luego se ordenara a los géneros de forma descendente de acuerdo a su abundancia. Se estudiara el ajuste del anterior ordenamiento a una DBDG.

La simulación de la especiación y extinción por medio de modificaciones a la urna de Pólya resulta útil pues determinar como van a evolucionar y cambiar las abundancias de los géneros luego de miles o millones de años. Lo anterior, pues es difícil encontrar tasas de extinción y especiación, lo anterior, pues dichas tasas son difíciles de determinar y pueden variar de una época a otra. El uso de este modelo probabilístico logra captar la especiación y cascadas de extinción. Usando el modelo de urna de Pólya, es posible simular el proceso evolutivo de un género, donde algunas especies inicialmente raras pueden volverse dominantes debido a la acumulación estocástica. Esto ayuda a entender cómo la distribución de especies dentro de un género puede evolucionar con el tiempo bajo ciertos mecanismos de retroalimentación positiva.

1.9. Regresión no lineal

En estadística, la regresión no lineal es un problema de inferencia para un modelo tipo:

$$Y = f(X, \theta) + \epsilon \quad (1.8)$$

donde f es alguna función no lineal respecto a algunos parámetros desconocidos θ . En este caso, la función f es la *Distribución Beta Discreta Generalizada (DBDG)*. Como mínimo, se pretende obtener los valores de los parámetros asociados con la mejor curva de ajuste, habitualmente mediante el método de mínimos cuadrados. Con el fin de determinar si el modelo es adecuado, puede ser necesario utilizar conceptos de inferencia estadística tales como intervalos de confianza para los parámetros, así como pruebas de bondad de ajuste.

Algunos problemas de regresión no lineal pueden linealizarse mediante una transformación en la formulación del modelo. Por ejemplo, consideremos el problema de regresión no lineal (ignorando el término de error).

$$Y = ae^{bX} \quad (1.9)$$

Aplicando logaritmos a ambos lados de la ecuación, se obtiene

$$\ln(Y) = \ln(a) + bX \quad (1.10)$$

lo cual sugiere una estimación de los parámetros desconocidos a través de un modelo de regresión lineal de $\ln(Y)$ con respecto a X , un cálculo que no requiere procedimientos de optimización iterativa.

1.9.1. Ajuste de curva

En nuestro trabajo usaremos la función `curve_fit` de Python que examina la relación entre una o más variables independientes y una variable dependiente, con la meta de definir el mejor modelo de ajuste para la relación, para lograr lo anterior utiliza el método de regresión no lineal. Este proceso de construir una función matemática y que tiene el mejor ajuste de una serie de datos, es a lo que le llamamos ajuste de curva. Esta función la usaremos para encontrar los parámetros que mejor ajusten nuestros datos a la DBDG.

Capítulo 2

Abundancia de distintos taxones

2.1. Distribución de mamíferos

Para la elaboración de la gráfica siguiente los 1231 géneros dentro de la clase de los mamíferos fueron ordenados de forma descendente de acuerdo con respectiva abundancia (número de especies que integran a cada género). Posteriormente haciendo uso de Python se hizo un ajuste a este ordenamiento y se logró observar lo siguiente. Se observa lo que se denomina cola larga, es decir, hay muchísimos géneros con una sola especie. Lo anterior puede ser la causa de que se obtenga un valor para el coeficiente de ajuste igual a -0.05202 . Otras posibles explicaciones es que la DBDG no sea el mejor modelo para este tipo de distribución, o que con una reclasificación se logre un mejor ajuste.

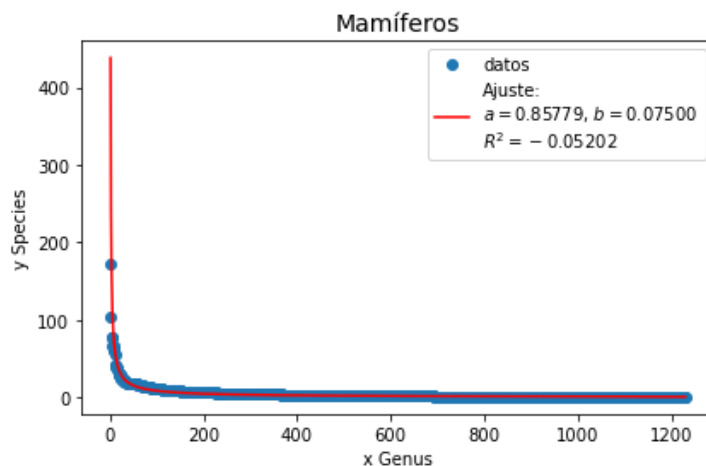


Figura 2.1: 1231 géneros y 5416 especies. Los géneros fueron ordenados de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integra a cada género dentro de los mamíferos. La curva continua de color rojo representa a la DBDG, mientras que los puntos azules representan la cantidad de especies por género.

Para la elaboración de la siguiente gráfica se ordeno de forma descendente a las familias que integran a los mamíferos, este ordenamiento es con respecto al número de géneros que integran a cada familia. Posteriormente se hace el ajuste de estos datos y se ajusta a la DBDG, el ajuste fue bueno.

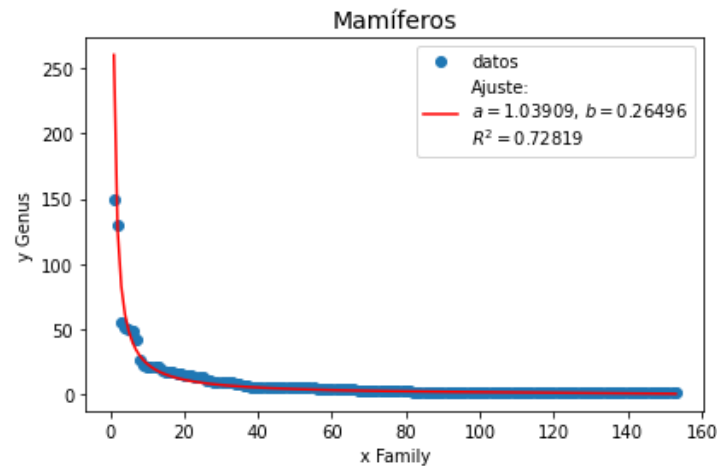


Figura 2.2: Hay 153 familias y 1231 géneros. Las familias fueron ordenadas de forma descendente tomando en cuenta el número de géneros que integran a cada familia dentro de los mamíferos. La curva continua en color rojo representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules la abundancia de géneros por familias.

Los 29 órdenes que integran a la clase de los mamíferos fueron ordenados de forma descendente tomando en cuenta su abundancia de familias. Posteriormente se realizó un ajuste a la DBDG el cual puede observarse en la siguiente figura.

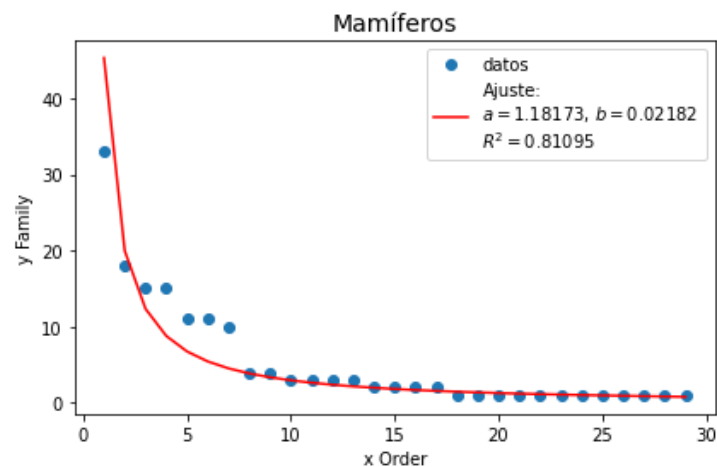


Figura 2.3: Hay 29 órdenes y 153 familias. Los órdenes se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de familias que integran a cada orden dentro de los mamíferos. La curva continua roja representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules la abundancia de familias por orden.

Para la creación de la siguiente gráfica se ordeno nuevamente a las familias pero en esta ocasión será con respecto a su abundancia de especies. Posteriormente se realizó el ajuste a la DBDG.

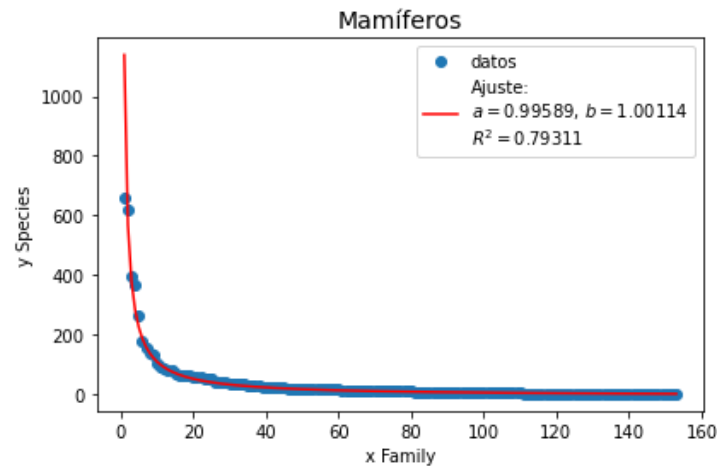


Figura 2.4: Hay 153 familias y 5416 especies. Se ordenaron las familias de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada familia dentro de los mamíferos. La curva continua roja representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules la abundancia de especies por familia.

En nuestra base de datos se contaron 29 órdenes diferentes que integran a la clase de los mamíferos, estos órdenes se ordenaron de forma descendente de acuerdo con su abundancia de especies. Posteriormente a este ordenamiento los datos se ajustaron a la DBDG.

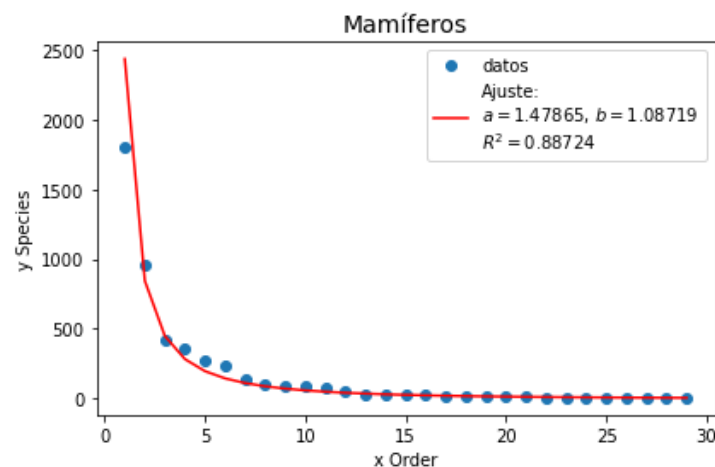


Figura 2.5: Hay 29 órdenes y 5416 especies. Los órdenes se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada orden de los mamíferos. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules la abundancia de especies por orden.

2.2. Distribución de reptiles

En nuestra tabla de datos se contaron 12263 especies diferentes distribuidas en 1258 géneros diferentes. Posteriormente estos géneros fueron ordenados de forma descendente de acuerdo con su abundancia en géneros, y luego se realizó el ajuste a la DBDG.

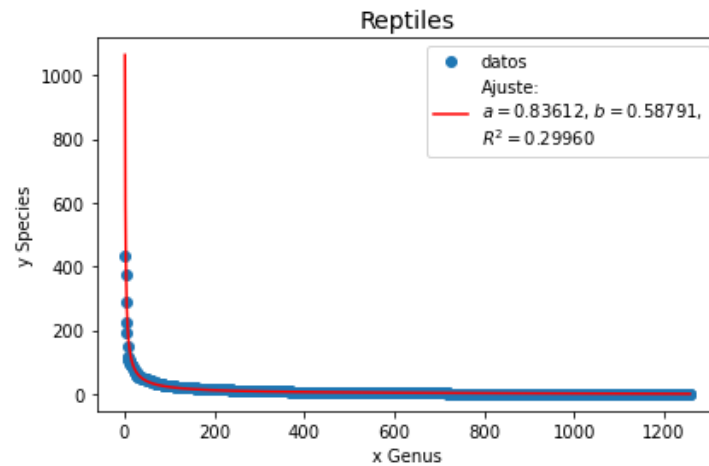


Figura 2.6: Hay 12263 especies y 1258 géneros. Los géneros se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada uno dentro de ellos dentro de los reptiles. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules, la abundancia de especies por género.

Las especies de reptiles registrados en nuestra base de datos, posteriormente se ordeno a las distintas familias de forma descendente de acuerdo con su abundancia de especies. Luego se realizó el ajuste a la DBDG.

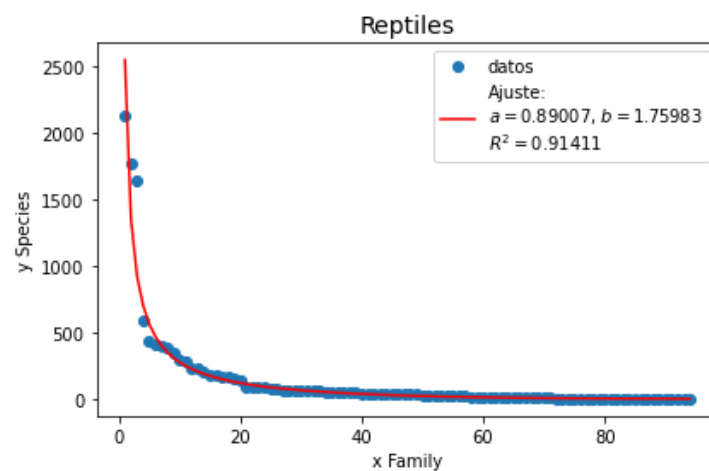


Figura 2.7: Hay 12263 especies y 94 familias. Las familias se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada familia dentro de los reptiles. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules.

En nuestra base de datos se identificaron 1258 géneros y 94 familias diferentes dentro de los reptiles. Posteriormente se ordeno a las familias de forma descendente de acuerdo con su abundancia en géneros. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual puede observarse en la siguiente figura.

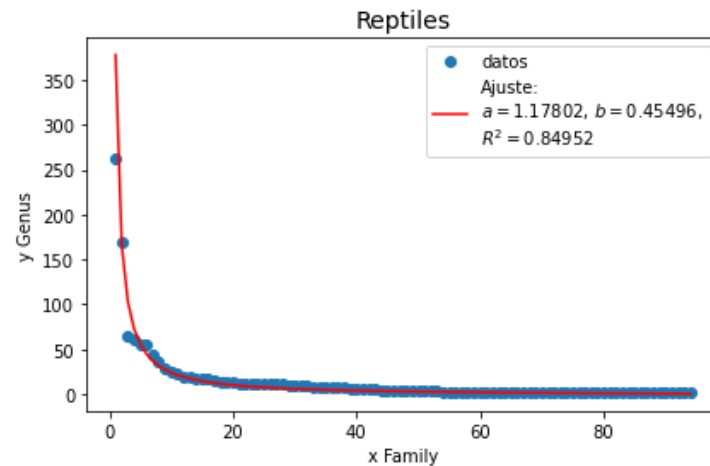


Figura 2.8: Hay 1258 géneros y 94 familias. Las familias se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de géneros que integran a cada familia dentro de los reptiles. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules, la abundancia de géneros por familia.

2.3. Distribución de aves.

En la base de datos contamos 9218 especies y 2225 géneros diferentes, posteriormente se ordenó a los géneros de forma descendente tomando en cuenta su abundancia en especies. Luego se realizó el ajuste a la DBDG, el cual puede observarse en la siguiente gráfica.

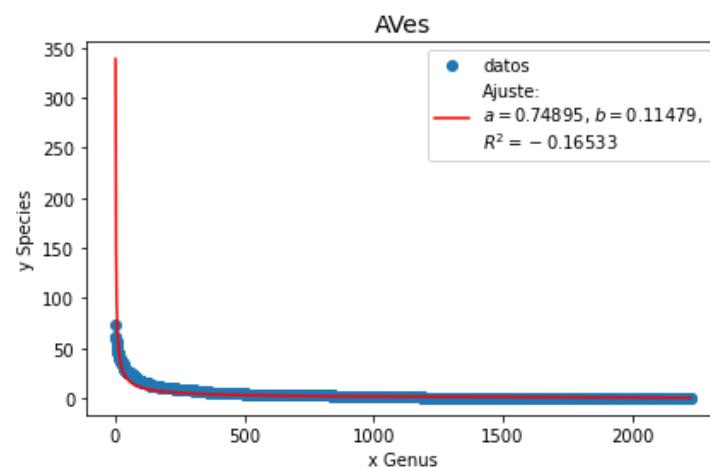


Figura 2.9: Hay 9218 especies y 2225 géneros. Los géneros se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada una de ellos dentro de las aves. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules, la abundancia de especies por género.

Se contabilizaron 172 familias diferentes en la clase de las aves, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo a su abundancia en especies. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual puede observarse en la siguiente gráfica.

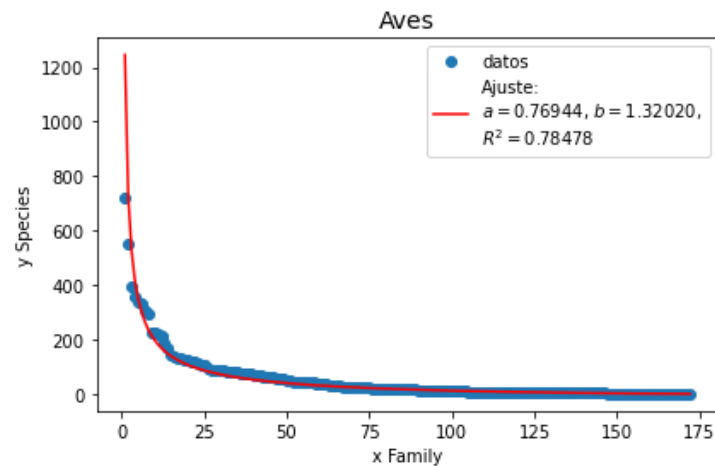


Figura 2.10: Hay 9218 especies y 172 familias. Las familias se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada una de ellas dentro de las aves. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules, la abundancia de especies por familia.

En nuestra base de datos se contó el número de órdenes diferentes que hay en las aves, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo a su abundancia de especies. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual no logro ajustar de la mejor manera al orden más abundante que cuenta con más especies que el resto de los 28 órdenes. Esto último probablemente provocado ya que en el orden más abundante están incluidos los pinzones que estudio Darwin y por tanto han sido más estudiados y registrados.

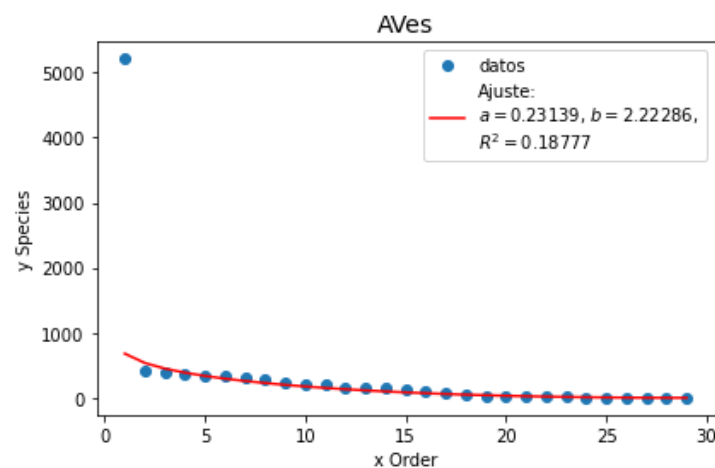


Figura 2.11: Hay 9218 especies y 29 órdenes. Los órdenes se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de especies que integran a cada orden dentro de las aves. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules, la abundancia de especies por orden.

En nuestra base de datos se identificaron 2218 géneros y 172 familias diferentes. Posteriormente las familias se ordenaron de forma descendente de acuerdo con la abundancia de géneros, luego se realizó el ajuste a la DBDG, el cual se muestra en la siguiente figura.

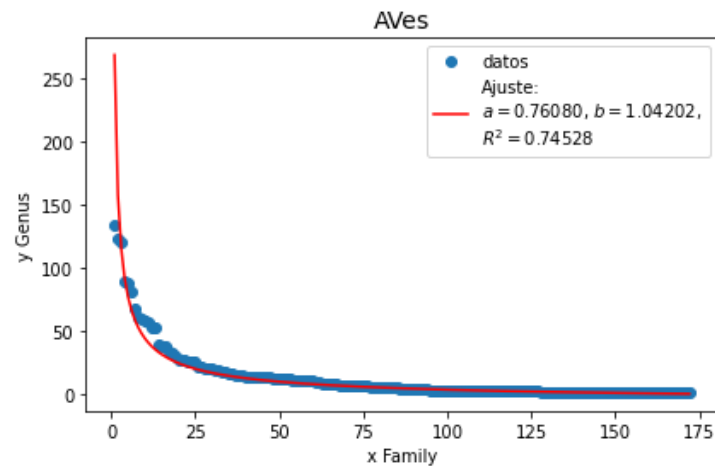


Figura 2.12: Hay 2218 géneros y 172 familias diferentes. Las familias se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de géneros que integran a cada familia dentro de las aves. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules la abundancia de géneros por familia.

Con las familias y ordenes identificados en nuestra base de datos se realizó un arreglo después de ordenar de forma descendente a los ordenes de acuerdo con su abundancia de familias. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual puede observarse en la siguiente figura.

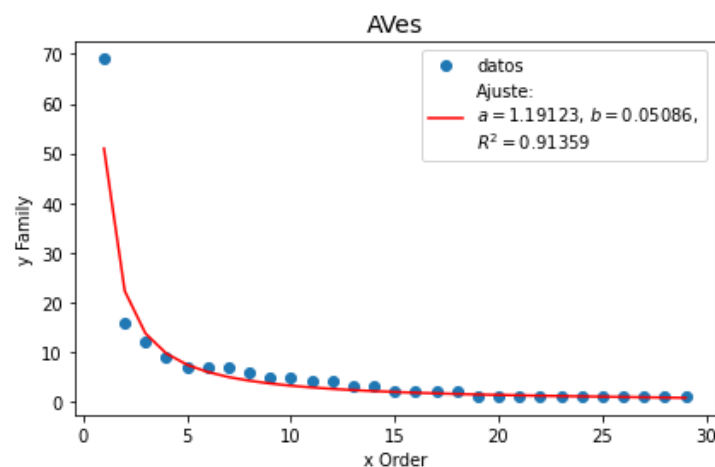


Figura 2.13: Hay 172 familias y 29 ordenes. Los ordenes se ordenaron de forma descendente tomando en cuenta el número de familias que integran a cada orden dentro de las aves. La curva roja continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos azules, la abundancia de familias por orden.

La organización en categorías como familias y ordenes no son arbitrarias sino que se basan en la evolución y las similitudes genéticas y morfológicas entre los organismos. Sin embargo, hay que señalar que las categorías taxonómicas no son estáticas, sino que cambian con el tiempo a medida que las organizaciones científicas descubren más sobre las relaciones evolutivas entre las especies. En este sentido, las categorías taxonómicas reflejan el conocimiento de la historia evolutiva.

En estos ajuste se puede notar que para el ajuste correspondiente a la abundancia de los géneros, lo anterior muestra que la DBDG no es el mejor modelo para este tipo de fenómenos. Lo anterior puede tener distintos tipos de explicaciones, por ejemplo que los datos están incompletos debido a la falta de un registro total de las especies y los géneros, una pregunta es: ¿qué propicia que haya una moda de géneros con una sola especie?

La distribución de especies en familias y ordenes en general es bueno con excepción del especies de aves en ordenes, donde se pudo observar que hay un orden que contiene más de la mitad del total de especies.

En trabajos anteriores ya se estudiaba la distribución de especies por género, entre estos trabajos podemos enunciar a [15] y [16]. Yule fue de los primeros en estudiar y proponer un modelo para estudiar la distribución de especies en géneros, por otra parte, Chung también estudia la distribución de especies por género utilizando cadenas de Markov.

Una extinción masiva es un evento en el que una gran proporción de la vida en la Tierra desaparecen en un periodo relativamente corto, y necesariamente trae consecuencias en la biodiversidad, la estructura ecológica y el funcionamiento de los ecosistemas. Lo anterior trae perdida de interacciones complejas tales como la polinización, la dispersión de semillas y las cadenas alimenticias, depredación, presas o descomponedores. Por ejemplo, la extinción de las abejas afectaría severamente a las plantas y luego a los que dependemos directamente de ellas.

Capítulo 3

Especiación y extinción usando la urna de Pólya.

Ahora nosotros proponemos una nueva forma de estudiar, para ello hacemos uso de la urna de Pólya, y lo programamos utilizando Python y alguna de sus bibliotecas como Random, posteriormente con los datos obtenidos los ajustamos a la DBDG, logrando en la mayoría de los casos excelentes.

La especiación es un proceso evolutivo en el cual una especie da lugar a otra u otras. Se han clasificado tres tipos de especiación.

1. **Especiación aloprática.** Se da cuando una población se divide en dos o más grupos y son separados por barreras geográficamente, tales como montañas, ríos u océanos. Estas barreras provoca una divergencia y se originan nuevas especies.
2. **Especiación simpátrica.** Ocurre sin la necesidad de aislamiento geográfico. Llega a ocurrir debido a la selección natural, la disposición de nichos o recursos.
3. **Especiación peripátrica.** Se da cuando un grupo pequeño se separa de una población mucho más grande y rápidamente da origen a una nueva especie.
4. **Especiación parapátrica.** Se da cuando dos poblaciones de una misma especie tienen poco contacto, eventualmente da origen a una nueva especie.

3.1. Extinciones masivas y el experimento de Pólya.

En la historia de la vida han ocurrido cinco extinciones masivas. En general a las extinciones masivas se les atribuye un agente externo que provoca tal extinción masiva, aunque también es posible que la dinámica entre las mismas especies cambie su propio entorno provocando tal extinción.

Mientras que una extinción se da cuando el último individuo de la especie muere. Entre las causas de extinción de una especie son:

1. El cambio climático.
2. La pérdida de hábitat.
3. Caza y sobreexplotación.

4. Especies invasoras.
5. Enfermedades.
6. Fenómenos naturales.

Los anteriores eventos se simulan en nuestro modelo, algunos resultados son los siguientes:

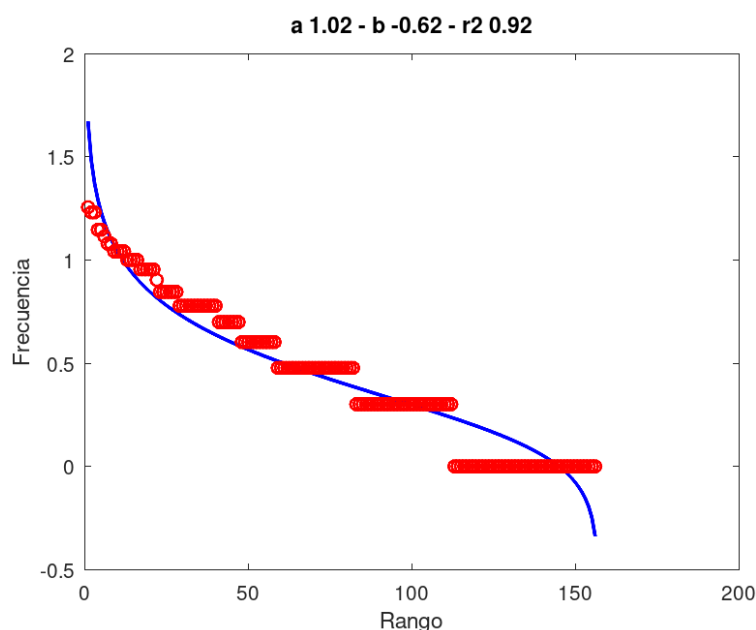


Figura 3.1: Distribución de especies por género luego de recuperarse de una extinción masiva del 95 % del total de especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

En cada iteración de la simulación, se utilizó la urna de Pólya para modelar los procesos de especiación y extinción. Con una probabilidad de 0.7, ocurría una especiación, mientras que con una probabilidad de 0.3 se producía una extinción. Inicialmente, se consideraron 1231 géneros diferentes y sus respectivas abundancias de especies dentro de la clase de los mamíferos. A partir de este punto, se simuló una extinción masiva del 95 % de las especies, resultando en la supervivencia de solo 271 especies de un total de 5413 especies diferentes. Este proceso de especiación y extinción dio lugar a una nueva estructura de diversidad, caracterizada por una concentración de pocas especies en ciertos géneros, mientras que la mayoría de los géneros se componían de una sola especie. Después de 1000 iteraciones, se generaron nuevos géneros cada 30 iteraciones. Posteriormente, los géneros fueron ordenados de manera descendente según su abundancia respectiva, y se ajustó el modelo de distribución de los géneros (DBDG), obteniendo un coeficiente de determinación de 0.91665.

Una extinción masiva del 95 % del total de especies nos recuerda a la ocurrida en el Pérmico-Triásico. La proporción tan grande de especies extintas nos da una idea del rompimiento de las relaciones entre las especies. Las especies sobrevivientes debieron enfrentar circunstancias diferentes a las anteriores a la extinción masiva, pues incluso las condiciones ambientales podrían haber cambiado.

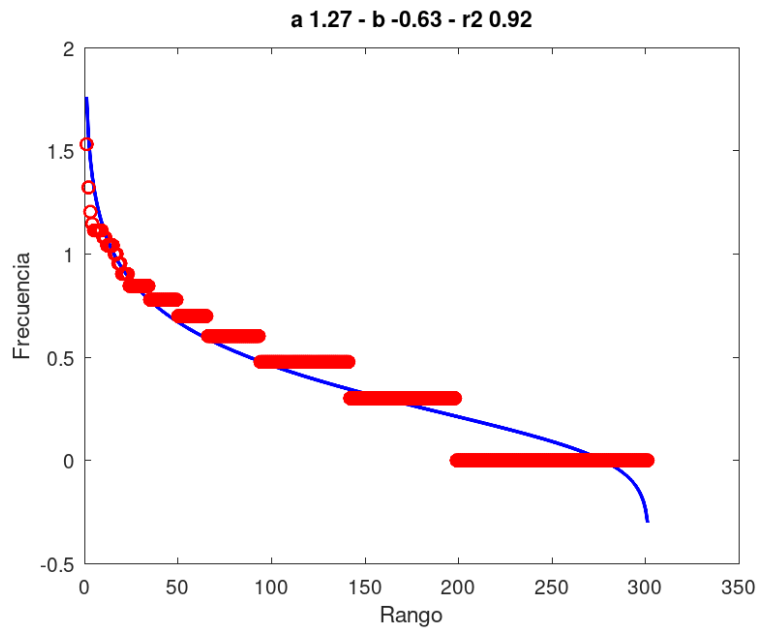


Figura 3.2: Distribución de especies en géneros luego de recuperarse de una extinción masiva del 90 % del total de especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Luego de realizar la urna de Pólya y simular una extinción masiva del 90 % del total de las especies, solo sobrevivieron 542 especies. Se realizaron 1000 iteraciones, cada 30 iteraciones se formaba un nuevo género. La probabilidad de realizarse una especiación era de 0.7 mientras que la de realizarse una extinción era de 0.3, lo anterior provoco que 301 géneros sobrevivieran, luego del proceso de Pólya, con sus respectivas abundancias. Los parámetros 0.7 y 0.3 se toman así para permitir la recuperación de especies por género. Estos últimos géneros se ordenaron de forma descendente de acuerdo a su respectiva abundancia de especies, luego se realizó un ajuste a la DBDG.

A diferencia de la gráfica anterior hay géneros propiciada por la tasa de generación de géneros y una extinción masiva de menor proporción. Algunos géneros han aumentado su abundancia de especies. Lo anterior representa como se recupera la abundancia especies por género y vemos que siguen un ordenamiento que se ajusta a la DBDG.

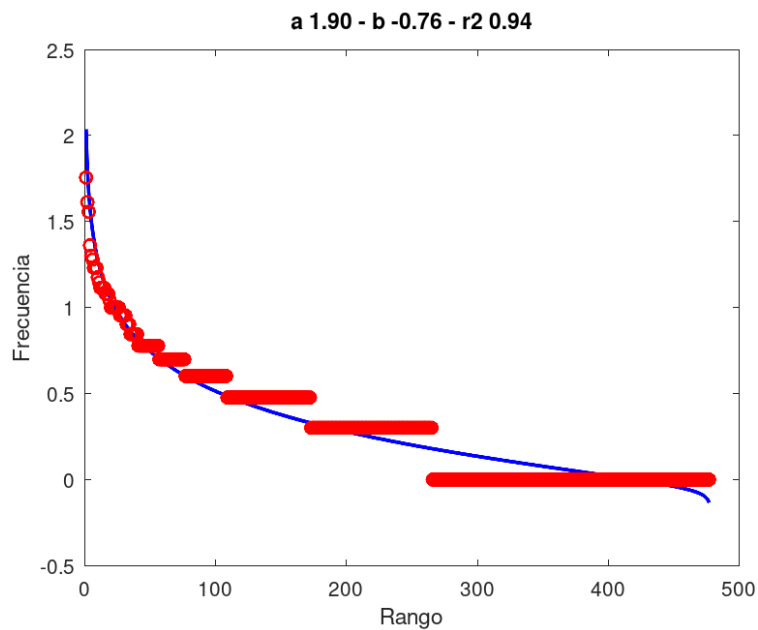


Figura 3.3: Distribución de especies por género luego recuperarse de una extinción masiva del 80 % del total de las especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Luego de realizar la urna de Pólya y simular una extinción masiva del 80 % del total de las especies, solo sobrevivieron 1084 especies. Se realizaron 1000 iteraciones, cada 30 iteraciones se formaba un nuevo género. La probabilidad de realizarse una especiación era de 0.7 mientras que la de realizarse una extinción era de 0.3, lo anterior provoco que 477 géneros sobrevivieran con respectivas abundancias. Estos últimos géneros se ordenaron de forma descendente de acuerdo a su respectiva abundancia de especies, luego se realizó un ajuste a la DBDG.

En esta gráfica se visualiza la recuperación de las abundancias de especies por género luego de una extinción masiva del 80 %. Hay más géneros que las gráficas anteriores propiciado por la tasa de generación de géneros y a una extinción masiva de menor proporción.

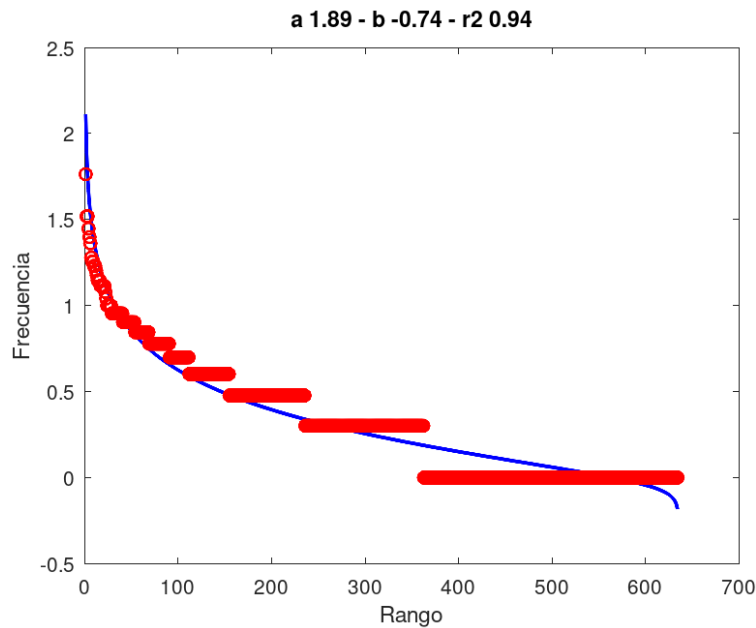


Figura 3.4: Distribución de las especies luego de recuperarse de una extinción masiva del 70 % del total de especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se realizó la simulación de una extinción masiva del 70 % por lo que solo sobrevivieron 1625 especies. Por medio de una simulación donde son muy claras dos dinámicas en conflicto: especiación y extinción se logra la recuperación de nuevos géneros así como abundancias, luego de terminada la simulación sobreviven 634 géneros, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo con su respectiva abundancia. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual resultó bastante bueno.

En esta gráfica se visualiza una extinción masiva del 70 % que nos recuerda a la extinción ocurrida en el Cretácico-Paleógeno hace 66 millones de años en la que se extinguieron los dinosaurios no aviares. Lo anterior, ha provocado que haya una mayor cantidad de especies por género y más géneros con una sola especie como consecuencia de una extinción masiva de menor proporción.

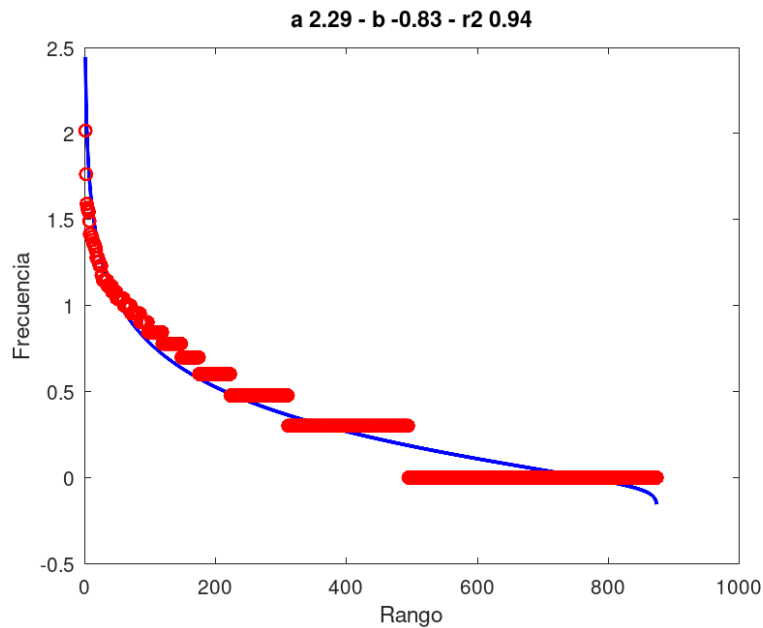


Figura 3.5: Distribución de especies por género luego de recuperarse de una extinción masiva del 50 % del total de las especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se realizó la simulación de una extinción masiva del 50 % por lo que solo sobrevivieron 2708 especies. Por medio de una simulación donde son muy claras dos dinámicas en conflicto: especiación y extinción se logra la recuperación de nuevos géneros así como abundancias, luego de terminada la simulación sobreviven 874 géneros, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo con su respectiva abundancia. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual resultó bastante bueno, lo anterior quizás al disminuir la proporción de géneros con una sola especie.

En una extinción masiva de una proporción del 50 % podría romper buena parte de la proporción de las relaciones entre las especies, pero otras permanecen y otras se debilitan. Los ciclos de ciertos elementos cambian luego de la extinción masiva las especies sobrevivientes dieron lugar a nuevas especies que restablecieron sus distintas relaciones ecológicas.

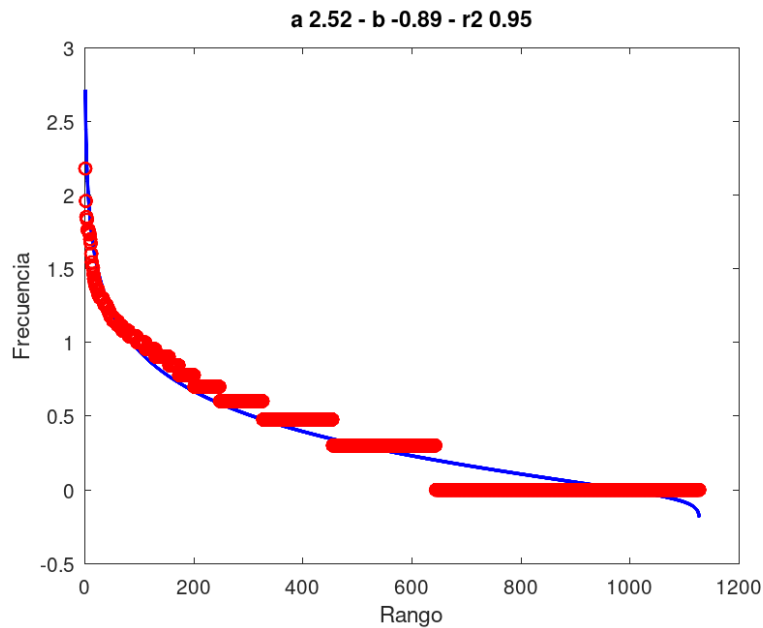


Figura 3.6: Distribución de especies por género luego de recuperarse de una extinción masiva del 20 % del total de las especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se realizó la simulación de una extinción masiva del 20 % por lo que solo sobrevivieron 4333 especies. Por medio de una simulación donde son muy claras dos dinámicas en conflicto: especiación y extinción se logra la recuperación de nuevos géneros así como abundancias, luego de terminada la simulación sobreviven 1127 géneros, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo con su respectiva abundancia. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual resultó bastante bueno, lo anterior quizás al disminuir la proporción de géneros con una sola especie.

En esta visualización se puede notar la recuperación de la diversidad después de una extinción masiva del 20 % del total de especies. Lo anterior luego de la extinción masiva hubo pérdida de relaciones ecológicas y quizás alguna especie ocupaba un nicho importante dentro de los ecosistemas, tal como dispersor de semillas, polinizador, etcétera. Una recuperación así es con obviamente con las especies sobrevivientes.

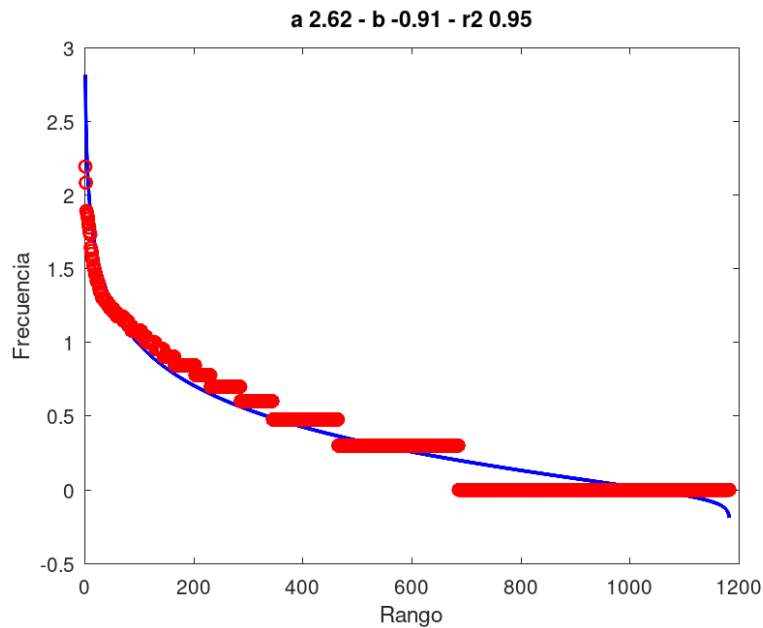


Figura 3.7: Distribución de especies por género luego de recuperarse de una extinción masiva del 10 % del total de las especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se realizó la simulación de una extinción masiva del 10 % por lo que solo sobrevivieron 4875 especies. Por medio de una simulación donde son muy claras dos dinámicas en conflicto: especiación y extinción se logra la recuperación de nuevos géneros así como abundancias, luego de terminada la simulación sobreviven 1177 géneros, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo con su respectiva abundancia. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual resultó bastante bueno, lo anterior quizás al disminuir la proporción de géneros con una sola especie.

En esta visualización se ve la recuperación de la diversidad luego de una extinción masiva del 10 % debilitaría las relaciones ecológicas en establecidos en los ecosistemas, sin embargo la especiación pronto podría restituir estas relaciones ecológicas.

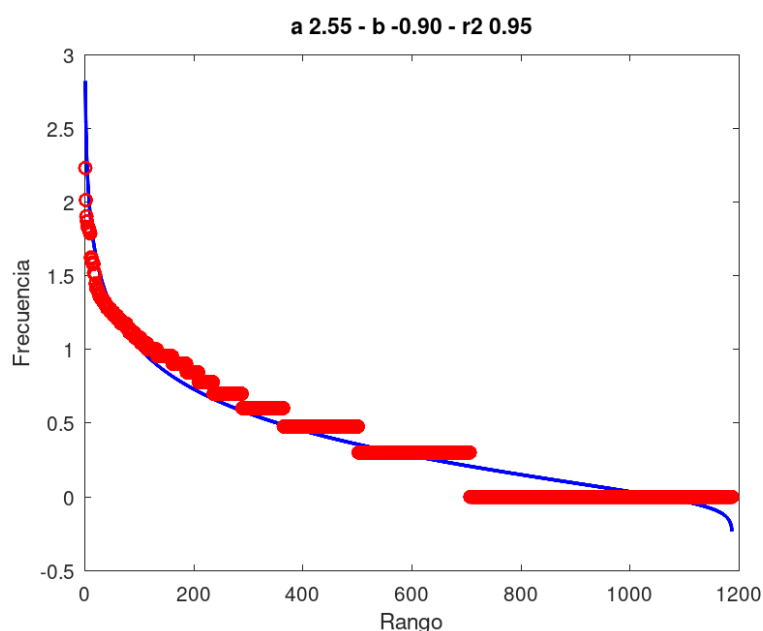


Figura 3.8: Distribución de especies por género luego de recuperarse de una extinción masiva del 5 % del total de las especies. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se realizó la simulación de una extinción masiva del 5 % por lo que solo sobrevivieron 5146 especies. Por medio de una simulación donde son muy claras dos dinámicas en conflicto: especiación y extinción se logra la recuperación de nuevos géneros así como abundancias, luego de terminada la simulación sobreviven 1187 géneros, posteriormente se ordenaron de forma descendente de acuerdo con su respectiva abundancia. Luego se realizó el ajuste a la DBDG el cual resultó bastante bueno, lo anterior quizás al disminuir la proporción de géneros con una sola especie.

El tamaño de la extinción masiva simulada es menor pero podría representar una extinción en cascada que podría ocurrir después de una extinción de alguna especie o género que ocupan un nicho relevante en los ecosistemas.

En cada uno de los casos anteriores luego de una extinción masiva se realizó el proceso de Pólya, lo cual en todos los casos se obtuvo un buen ajuste a la DBDG.

Una vez simuladas las extinciones masivas y posteriormente aplicar el algoritmo para generar nuevas especies y géneros mediante la urna de Pólya, ahora simularemos otro fenómeno también posible en la naturaleza, una tasa mayor de extinción mayor a la de especiación por un tiempo prolongado, lo cual podría terminar con tantas especies como las extinciones masivas mencionadas anteriormente.

3.2. Especiación-extinción sin extinción masiva.

En esta sección no simularemos una extinción masiva inicial sino que supondremos tasas de extinción mayores a las de especiación, esto podría simular una extinción 'lenta', es decir, una extinción en la que las especies no desaparecieron luego de unos meses sino en varios años, décadas o siglos.

3.3. Una tasa de extinción mayor a la de especiación.

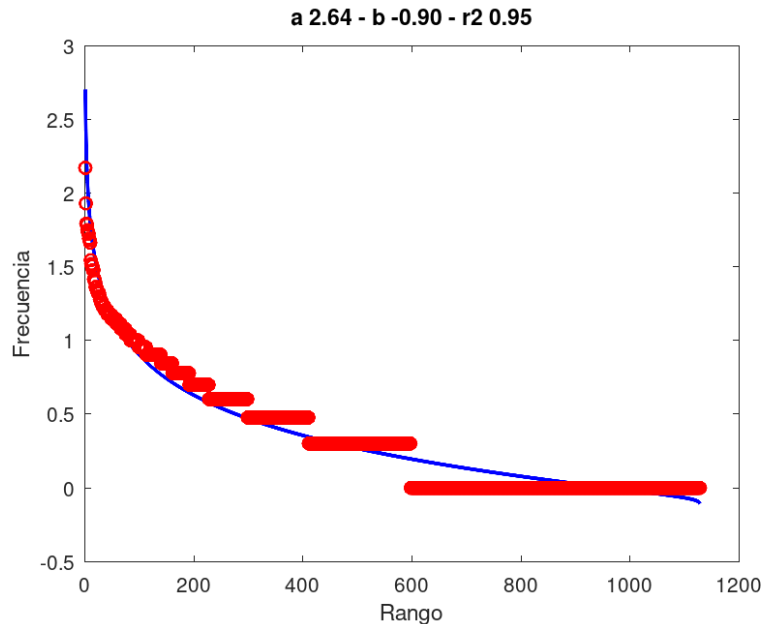


Figura 3.9: Extinción lenta. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se inicio con 5416 especies diferentes distribuidas entre los 1231 géneros que hay registrados en la clase de los mamíferos, posteriormente se inicio el experimento de Pólya. Con probabilidad 0 se llevaba a cabo una especiación y con probabilidad 1 también se llevaba a cabo una extinción, se llevaron a cabo 1000 iteraciones y cada 30 se formaba un nuevo género. Luego de este experimento sobrevivieron 4416 especies y 1128 géneros diferentes, se calculo la abundancia de especies en cada género y se ordenaron de forma descendente y posteriormente se realizo el ajuste a la DBDG, el cual fue bastante bueno.

La extinción 'lenta' puede notarse en la disminución de las abundancias en los géneros no extintos y algunos se extinguen pues el número de géneros se reduce aunque la cola larga de géneros con una sola especie permanece.

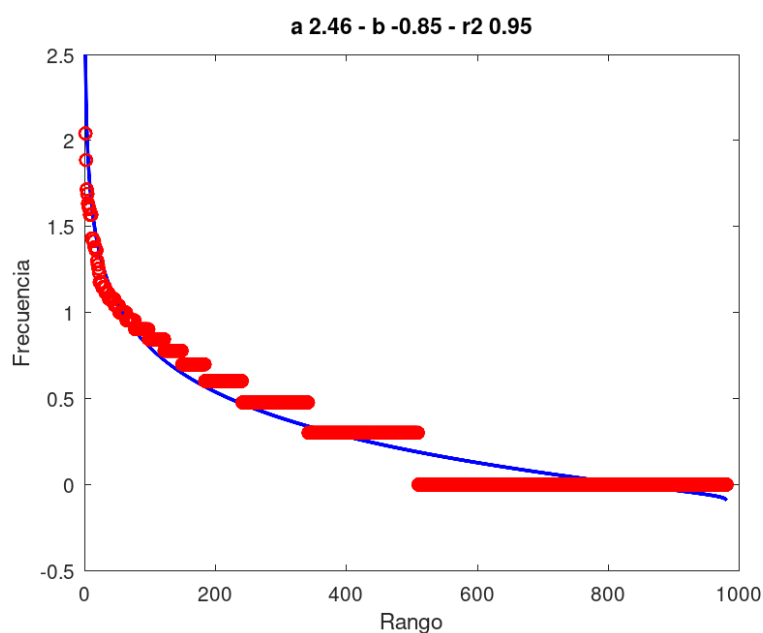


Figura 3.10: Extinción lenta. La curva azul continua representa el ajuste a la DBDG, mientras que los puntos rojos, las abundancias de especies por género, obtenidas mediante el experimento de Pólya.

Se inicio con 5416 especies diferentes distribuidas entre los 1231 géneros que que hay registrados en la clase de los mamíferos, posteriormente se inicio el experimento de Pólya. Con probabilidad 0 se llevaba a cabo una especiación y con probabilidad 1 también se llevaba a cabo una extinción, se llevaron a cabo 2000 iteraciones y cada 30 se formaba un nuevo género. Luego de este experimento sobrevivieron 3416 especies y 981 géneros diferentes, se calculo la abundancia de especies en cada género y se ordenaron de forma descendente y posteriormente se realizo el ajuste a la DBDG, el cual fue bastante bueno.

Igual que la simulación anterior el número de especies disminuyo en 2000, esto se vio reflejado en la disminución de las abundancia en los géneros lo que provoco que 250 géneros se extinguieran.

Limitaciones del modelo

1. En una extinción masiva todas las especies tienen la misma probabilidad de extinguirse, lo cual no es necesariamente cierto, pues puede que ante cierto fenómeno algunas especies y géneros sean más vulnerables. Por ejemplo, en una sequía prolongada y global las especies más afectadas serían las que pertenecen a los anfibios que en etapas tempranas viven en estanques de agua dulce.
2. La probabilidad de especiación y extinción es igual en cada una de las especies, lo cual no es necesariamente cierto en la naturaleza y puede variar de una época a otra.
3. Se ignora ciertos detalles de la naturaleza, tales como, relaciones:
 - a) Competencia (Competencia interespecífica)

- Descripción: Ocurre cuando dos o más especies compiten por los mismos recursos limitados, como alimentos, agua, espacio o refugio.
- Ejemplo: En un bosque, diferentes especies de árboles pueden competir por la luz solar, agua y nutrientes del suelo.

b) Depredación

- Descripción: Es una relación en la que una especie (el depredador) caza y mata a otra especie (la presa) para alimentarse.
- Ejemplo: Un león (depredador) caza a una cebra (presa) para alimentarse.

c) Herbivoría

- Descripción: Ocurre cuando una especie consume plantas o partes de plantas. Aunque similar a la depredación, en este caso no se mata a la planta inmediatamente.
- Ejemplo: Los ciervos (herbívoros) comen hojas, ramas o corteza de los árboles.

d) Simbiosis

- Descripción: Es una relación en la que dos especies interactúan de manera estrecha y prolongada. Existen diferentes tipos de simbiosis:
- Mutualismo: Ambas especies se benefician de la interacción.
 - Ejemplo: Las abejas y las flores. Las abejas obtienen néctar de las flores, mientras que las flores se benefician al ser polinizadas.
- Comensalismo: Una especie se beneficia de la relación, mientras que la otra no se ve afectada (ni positiva ni negativamente).
 - Ejemplo: Las rémoras se adhieren a los tiburones y se alimentan de los restos de comida del tiburón, sin afectar al tiburón.
- Parasitismo: Una especie se beneficia a expensas de la otra, que sufre algún daño.
 - Ejemplo: Los parásitos como los garrapatas que se alimentan de la sangre de mamíferos (como ciervos o perros), causándoles molestias o enfermedades.

e) Amensalismo

- Descripción: En esta relación, una especie es perjudicada sin que la otra se beneficie.
- Ejemplo: Los árboles grandes pueden bloquear la luz solar a las plantas más pequeñas que crecen debajo de ellos, sin que los árboles se vean afectados por ello.

f) Facilitación

- Descripción: Una especie puede facilitar la supervivencia de otra especie sin que sea una relación de simbiosis en sentido estricto. A diferencia del mutualismo, no hay una interacción directa de beneficio mutuo.
- Ejemplo: Las plantas de leguminosas que fijan nitrógeno en el suelo, lo cual puede beneficiar a otras plantas cercanas al enriquecer el suelo con este nutriente.

g) Polinización

- Descripción: Aunque es una forma de mutualismo, merece mención aparte debido a su importancia ecológica. La polinización ocurre cuando un polinizador (como una abeja, un murciélago o un pájaro) transfiere polen de una flor a otra, lo que facilita la fertilización y la producción de semillas.
- Ejemplo: Las abejas que polinizan flores mientras recogen néctar.

h) Altruismo

- Descripción: Aunque no es común, algunas especies muestran comportamientos altruistas, donde un individuo ayuda a otro a cambio de un beneficio indirecto, como la protección de la especie o la supervivencia del grupo.
- Ejemplo: En las colonias de hormigas, algunas obreras sacrifican sus vidas para defender a la reina y a la colonia.

i) Cooperación

- Descripción: A diferencia del altruismo, la cooperación es una interacción en la que ambas especies obtienen beneficios directos de la relación.
- Ejemplo: En algunas especies de aves, como las cornejas, pueden trabajar juntas para obtener comida o proteger el territorio.

j) Interacciones entre especies invasoras y nativas

- Descripción: Cuando una especie invasora (que no es originaria del ecosistema) entra en un nuevo ambiente, puede causar una alteración significativa en las relaciones entre especies, desplazando a las especies nativas y alterando el equilibrio ecológico.
- Ejemplo: El mejillón cebra es una especie invasora en muchos cuerpos de agua, desplazando a especies locales y alterando el ecosistema acuático.

Las relaciones anteriores solo son una muestra de la enorme cantidad de relaciones que se pueden encontrar entre especies, las cuales pueden cambiar de una época a otra.

Las relaciones anteriores aunque fueron ignoradas, y puede ser una desventaja del modelo, pues la extinción de una especie puede provocar la extinción de otras más que dependen directamente de ella, y lo anterior no es necesariamente azaroso, sino aquellas que mantengan una relación estrecha con dicha especie. Por ejemplo, la extinción del mamut pudo propiciar la extinción del tigre dientes de sable, ya que sus grandes colmillos solo le permitían capturar a grandes presas.

Otra posible limitación es la generación de nuevos géneros, pues estos pueden surgir en las clasificaciones de una manera un tanto arbitraria. Para justificar al modelo podemos pensar que cada iteración corresponde un periodo de tiempo en el que puede ocurrir o una especiación o una extinción.

3.4. El modelo de expansión-modificación de Wentian Li.

El modelo propuesto por Li representa dos dinámicas en conflicto, una que crea correlaciones de largo orden y otro que las destruye. Lo anterior permite modelar fe-

nómenos que son el resultado de dos dinámicas en conflicto. Entre los fenómenos que podrían ser modelados son los diversos tamaños de los cuerpos en el universo, aquí están presentes la dinámica de la expansión del universo y por otra parte la acción de la gravedad que los atrae. Otra aplicación es la frecuencia de uso de las palabras en los idiomas. Creemos que con este modelo se puede simular tanto la especiación como la extinción, pero no se puede simular la formación de nuevos géneros, por que estaría incompleta la simulación de la recuperación de la diversidad luego de una extinción masiva.

Este modelo de expansión-modificación para simular secuencias moleculares consiste en lo siguiente:

- Se considera un sistema de dos variables que solo pueden tomar dos valores, digamos 0 y 1.
- Iniciar un proceso con cualquiera de los valores anteriores aplicando con probabilidad p la regla de modificación (mutación puntual): 0 pasa a 1, o 1 pasa a 0 y con probabilidad $1 - p$ la regla de expansión (duplicación: 0 pasa 00 o 1 pasa 11,
- generar una secuencia de ceros y unos mediante una aplicación repetida de este algoritmo, puede comprobarse el comportamiento estadístico de la secuencia resultante examinando el rango de frecuencias de n -tuplas (agrupaciones no superpuestas de n elementos consecutivos).

Conclusiones

En este trabajo desarrollamos un modelo estocástico simple, basado en un proceso de "el rico se hace más rico" (que es la esencia de la urna de Pólya), es suficiente para reproducir la estructura de la biodiversidad observada a nivel macroevolutivo después evento catastrófico. Donde patrones emergen de reglas simples, es este caso la especiación y extinción, que es la esencia de las ciencias de la complejidad.

El modelo que presentamos se basa en una modificación de la urna de Polya, un proceso estocástico que captura a los procesos de extinción y especiación. En este contexto, el modelo simula cómo las especies y géneros pueden diversificarse nuevamente tras una extinción masiva, con un enfoque particular en la recuperación de la diversidad biológica.

En determinadas condiciones: extinciones masivas no mayores al 95 %, las distribuciones que emergen de este proceso se ajustan a la Función Beta Discreta Generalizada, propuesta por el físico Germinal Cocho Gil. Cuando la extinción masiva era mayor al 95 % del total de las especies se formaba una cola larga de géneros integrados con una sola especie que impedía un buen ajuste a la DBDG. Esta función es especialmente útil para modelar fenómenos en los que los procesos de especiación y extinción, lo cual la convierte en una herramienta adecuada para describir la recuperación de la biodiversidad tras eventos catastróficos.

Este modelo nos permite simular la historia de la evolución de las especies bajo diferentes condiciones, explorando cómo las tasas de extinción y especiación afectan la recuperación de la biodiversidad a lo largo del tiempo. Con ello, buscamos aportar una nueva perspectiva sobre los procesos evolutivos posteriores a extinciones masivas y cómo las especies emergen, se adaptan y se diversifican para ocupar los nichos ecológicos vacíos.

La importancia de estudiar la distribución de las especies dentro de los géneros viene de conocer su historia evolutiva y las relaciones de parentesco entre ellas. Otro objetivo importante es identificar géneros y especies clave en los ecosistemas de acuerdo a su rol ecológico. Un objetivo importante es estudiar como se organiza la evolución a lo largo de la historia.

El modelo de la urna de Pólya para simular extinciones masivas y luego llevar a cabo la especiación y la extinción resulto ser un buen experimento para observar la recuperación de la diversidad tanto de especies como de géneros y sus respectivas abundancias (número de especies por género). Se recuperan la diversidad de especies, pero ahora hay un ajuste a la DBDG, y hay una cantidad menor de géneros.

En el capítulo II hicimos un ordenamiento de distintas abundancias en diferentes categorías taxonómicas en las clases de mamíferos, reptiles y aves. Posteriormente se realizo un ajuste a DBDG, el cual en varios casos no resulto el más adecuado, tal como la abundancia de especies por género en las tres clases diferentes. Otro ejemplo, es la abundancia de especies por orden en aves, donde se pudo notar que el orden más

abundante contiene más especies que el resto de órdenes juntos, lo anterior provocó un mal ajuste a la DBDG.

En el capítulo III simulamos extinciones masivas y posteriormente simulamos la especiación y la extinción, con tasas de especiación mayores a las de la extinción con el objetivo de que hubiera una recuperación de especies y géneros. Lo anterior, podría justificarse biológicamente, pues luego de una extinción masiva se reducen drásticamente la cantidad de recursos y rompimiento de diferentes relaciones ecológicas podría generar nuevas extinciones, mientras que esta misma presión y disposición de nichos prolongada podría propiciar las altas tasas de especiación.

También en el capítulo III mencionamos algunas limitaciones de nuestro modelo entre las que destacan las igual de probabilidad de extinción y especiación entre las especies, lo cual no necesariamente ocurre en la naturaleza. A pesar de lo anterior, con nuestro modelo logramos encontrar distribuciones de especies por género “parecidas” a las registradas por los taxónomos de hoy en día.

Quedan pendientes algunas preguntas, tales como: ¿cuáles son los parámetros para los cuales se estabiliza el número de especies por género? Otra interrogante es ¿puede modelarse la distribución de especies en géneros usando el modelo de Li? La respuesta a esta última sería que solo podemos simular la especiación y la extinción pero no la generación de nuevos géneros, y por tanto necesitaríamos hacer modificaciones al modelo propuesto por Li, otra pregunta interesante es: ¿por medio de la modelación basada en agentes (MBA) se puede llegar a resultados parecidos a los logrados en nuestro modelo?, pues en este tipo de modelación las relaciones entre los agentes son heterogéneas a diferencia de nuestro modelo donde son homogéneas.

Apéndice A: especiación y extinción.

```
1 import random
2 #import matplotlib
3 import itertools
4 import pandas as pd
5
6
7 #La pelota representa a la especie
8 #El color representa al genero
9
10 def get_frecuencia_especies_bd():
11     bd = 'bd.xlsx'
12     df = pd.read_excel(bd)
13     frecuencia_especies = df['Especies'].tolist()
14     return frecuencia_especies
15
16 def generar_generos(start, end, num_generos):
17     letras = 'ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ'
18     generos = []
19
20     for length in range(start, end):
21         for combo in itertools.product(letras, repeat=length):
22             genero = ''.join(combo)
23             generos.append(genero)
24             if len(generos) >= num_generos:
25                 return generos
26
27     return generos
28
29 def generar_genero(start, end, num_generos):
30     i = 0
31     genero = []
32     letras = 'ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ'
33     for length in range(start, end):
34         for combo in itertools.product(letras, repeat=length):
35             i = i + 1
36             if i > num_generos:
37                 genero = ''.join(combo)
38                 return genero
39
40 def get_dicc_genero_de_la_especie():
41     index_genero = 0
```

```

42     genero_de_la_especie = {}
43     for genero, num_especies in zip(generos, frecuencia_especies)
↳ :
44         for _ in range(num_especies):
45             especie = especies[index_genero]
46             genero_de_la_especie[especie] = genero
47             index_genero += 1
48     return genero_de_la_especie
49
50 def get_dicc_num_esp_por_genero():
51     especies_por_genero = {}
52     especies_por_genero = {genero: frecuencia_especies[i] for i,
↳ genero in enumerate(generos)}
53     return especies_por_genero
54
55 especies = list(range(1, 5417))
56
57 frecuencia_especies = get_frecuencia_especies_bd() #La lista de
↳ frecuencia_especies solo ocup para crear el diccionario
↳ genero de la especie
58
59 generos = generar_generos(1, 4, 1230)
60 class Genero:
61     def __init__(self, nombre):
62         self.nombre = nombre
63     def get_name(self):
64         return self.nombre
65     def suma_una_especie(self):
66         Ecosistema.num_especies_por_genero[self.nombre] += 1
67     def resta_una_especie(self):
68         Ecosistema.num_especies_por_genero[self.nombre] -= 1
69     def get_especie(self):
70         return Especie(random.choice(especie for especie, genero
↳ in Ecosistema.genero_de_la_especie.items() if genero ==
↳ self.nombre))
71     def get_num_especies(self):
72         return Ecosistema.num_especies_por_genero[self.nombre]
73
74 class Ecosistema:
75     especies = list(range(1, 5417))
76     generos = generar_generos(1, 4, 1230)
77     num_especies_por_genero = get_dicc_num_esp_por_genero()
78     genero_de_la_especie = get_dicc_genero_de_la_especie()
79     generos_en_cero = {}
80     porc_ext = 0
81     def __init__(self, porc_ext):
82         self.especie_aleatoria = ''
83         self.genero = object()
84         self.num_generos = 0
85         self.porc_ext = porc_ext
86

```

```

87     def especiacion(self):
88         try:
89             especie_aleatoria = Especie(random.choice(Ecosistema.
↪ especies))
90         except IndexError:
91             return "Error al obtener una especie aleatoria: La
↪ lista est vaca o el ndice est fuera de rango."
92         else:
93             try:
94                 genero = Genero(Ecosistema.genero_de_la_especie[
↪ especie_aleatoria.get_name()])
95             except KeyError:
96                 return "Error al obtener el gnero de la especie:
↪ El gnero de la especie dada no existe en el diccionario."
97             else:
98                 num_especies = Ecosistema.especies[-1] + 1
99                 Ecosistema.especies.append(num_especies)
100                 Ecosistema.genero_de_la_especie[num_especies] =
↪ genero.get_name()
101                 genero.suma_una_especie()
102
103     def create_genero(self):
104         try:
105             especie_aleatoria = Especie(random.choice(Ecosistema.
↪ especies))
106         except IndexError:
107             return "Error al obtener una especie aleatoria: La
↪ lista est vaca o el ndice est fuera de rango."
108         else:
109             self.num_generos = len(Ecosistema.generos) + len(
↪ Ecosistema.generos_en_cero)
110             genero = Genero(generar_genero(1,10, self.num_generos
↪ ))
111             Ecosistema.generos.append(genero.get_name())
112             Ecosistema.num_especies_por_genero[genero.get_name()]
↪ = 1
113             num_especies = Ecosistema.especies[-1] + 1
114             Ecosistema.especies.append(num_especies)
115             Ecosistema.genero_de_la_especie[num_especies] =
↪ genero.get_name()
116
117     def extincion(self):
118         try:
119             especie_aleatoria = Especie(random.choice(Ecosistema.
↪ especies))
120         except IndexError:
121             return "Error al obtener una especie aleatoria: La
↪ lista est vaca o el ndice est fuera de rango."
122         else:
123             genero = Genero(Ecosistema.genero_de_la_especie[
↪ especie_aleatoria.get_name()])

```

```

124         Ecosistema.especies.remove(especie_aleatoria.get_name
↪ ())
125         del Ecosistema.genero_de_la_especie[especie_aleatoria
↪ .get_name()] # Esto eliminar un par {especie:genero}
126         genero.resta_una_especie()
127         if genero.get_num_especies() == 0:
128             self.extincion_genero(genero)
129         def extincion_masiva(self):
130             for i in range(int(self.porc_ext*len(Ecosistema.especies)
↪ )):
131                 self.extincion()
132
133         def extincion_genero(self, genero):
134             Ecosistema.generos_en_cero[genero.get_name()] = genero.
↪ get_num_especies()
135             try:
136                 del Ecosistema.num_especies_por_genero[genero.
↪ get_name()] # Esto eliminar un par {genero:numEspecie}
137             except KeyError:
138                 print(f"Error: El gnero {genero.get_name()} no se
↪ encuentra en el diccionario.")
139             try:
140                 Ecosistema.generos.remove(genero.get_name())
141             except IndexError:
142                 return "Error al eliminar el gnero: La lista gneros
↪ est vaca o el gnero no existe."
143             except ValueError as ve:
144                 print(f"Error de valor: {ve}")
145
146
147 class Especie:
148     def __init__(self, name):
149         self.name = name
150
151     def get_name(self):
152         return self.name
153
154     def get_genero(self):
155         return self.Ecosistema.genero_de_la_especie[self.name]
156
157 if __name__ == "__main__":
158
159     def la_vida(iter, porc_ext, porc1, porc2):
160
161         ecosistema = Ecosistema(porc_ext=porc_ext)
162         ecosistema.extincion_masiva()
163         for i in range(iter):
164             if i % 20 == 0:
165                 resultado1 = random.choices([ecosistema.
↪ create_genero, ecosistema.extincion], weights=[porc1,porc2
↪ ])[0]

```

```

166         resultado1()
167         continue
168         resultado2 = random.choices([ecosistema.especiacion,
↪ ecosistema.extincion], weights=[porc1,porc2])[0]
169         resultado2()
170         print("Total de especies inicial: ", len(especies))
171         print("Total de especies despus de la extincin masiva: ",
↪ len(especies) - int(porc_ext*len(especies)))
172         print("Total de especies final: ", len(Ecosistema.
↪ especies))
173         print("Longitud del diccionario con los generos que
↪ tienen cero especies: ", len(Ecosistema.generos_en_cero))
174         print("Longitud del diccionario con los generos que
↪ tienen al menos una especie: ", len(Ecosistema.
↪ num_especies_por_genero))
175         print("Total de gneros con con especies y sin especies: "
↪ , len(Ecosistema.generos_en_cero) + len(Ecosistema.
↪ num_especies_por_genero))
176         #print("Generos con al menos una especie: ", dict(sorted(
↪ Ecosistema.num_especies_por_genero.items(), key=lambda item
↪ : item[1], reverse=True)))
177
178         la_vida(1000, 0.95, 0.7, 0.3)
179
180 dat = list(sorted(Ecosistema.num_especies_por_genero.values(),
↪ reverse=True))
181
182 #for valor in dat:
183     #print(valor)
184 with open("m.Em0999Es07Ex03gg300i12000.txt", "w") as archivo:
185     for item in dat:
186         archivo.write(f"{item}\n")

```

Apéndice B: Código de ajuste.

```
1 function [a,R,Z,r2]=germi(f);
2     %# El rango r, debe estar ordenado de menor a mayor y
3     % #las frecuencias f de mayor a menor.
4     N = length(f);
5     r=(1:N)';
6     X=[ones(N,1) log10(r) log10(N+1-r)];
7     [b,bint,r,rint,stats]=regress(log10(f),X,0.05);
8     b;
9     # Aparece la normalizacion -a y b
10    r2= stats(1);
11    #Aparece un conjunto de numeros, el primero es r2
12    a=X\log10(f);
13    # Vuelven aparecer la normalizacion, a y b
14    R=(1:N)';
15    #print("%f",a(1));
16    #print("%f",a(2));
17    #print("%f",a(3));
18    Z=X*a;
19    hf = figure();
20    plot(R,Z,'-',R,log10(f),'*'), grid on;
21    xlabel("Rango");
22    ylabel("Frecuencia");
23    title(strcat("r2: ",num2str(r2)));
24 endfunction
```

Bibliografía

- [1] Ricardo Mansilla et al. "On the behavior of journal impact factor rank-order distribution". En: *Journal of informetrics* 1.2 (2007), págs. 155-160.
- [2] Mark EJ Newman. "Power laws, Pareto distributions and Zipf's law". En: *Contemporary physics* 46.5 (2005), págs. 323-351.
- [3] Juan García Vázquez y Augusto Asesor Cabrera Becerril. "Suma y resta de distribuciones de probabilidad: el teorema del límite central y la conjetura del límite periférico". En: ().
- [4] Gustavo Martínez-Mekler et al. "Universality of rank-ordering distributions in the arts and sciences". En: *PLoS One* 4.3 (2009), e4791.
- [5] Roberto Alvarez-Martinez, Germinal Cocho y Gustavo Martinez-Mekler. "Rank ordered beta distributions of nonlinear map symbolic dynamics families with a first-order transition between dynamical regimes". En: *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science* 28.7 (2018).
- [6] Ernst Mayr. *Principles of systematic zoology*. Scientific Publishers, 2015.
- [7] Sheldon M Ross. *Introduction to probability models*. Academic press, 2014.
- [8] Michael Turelli, Nicholas H Barton y Jerry A Coyne. "Theory and speciation". En: *Trends in ecology & evolution* 16.7 (2001), págs. 330-343.
- [9] Anthony Hallam y Paul B Wignall. *Mass extinctions and their aftermath*. Oxford University Press, UK, 1997.
- [10] Octavio Eduardo. Vizcaya Xilotl. "*Leyes de Potencia de dos colas*". (Tesis de Licenciatura). Universidad Nacional Autónoma de México, México., 2009.
- [11] Oscar. Fontanelli Espinosa. "*The discrete generalized beta distribution : three study cases*". (Tesis de Doctorado). Universidad Nacional Autónoma de México, México. Recuperado de <https://repositorio.unam.mx/contenidos/78174>, 2017.
- [12] Roberto Carlos. Álvarez Martínez. "*Transiciones orden-desorden en dinámicas en conflicto vía la función beta generalizada en rango-frecuencia*". (Tesis de Doctorado). Universidad Nacional Autónoma de México, México. Recuperado de <https://repositorio.unam.mx/contenidos/74082>, 2012.
- [13] Wentian Li. "Expansion-modification systems: a model for spatial 1/f spectra". En: *Physical Review A* 43.10 (1991), pág. 5240.
- [14] M Beltrán del Río, G Cocho y R Mansilla. "General model of subtraction of stochastic variables. Attractor and stability analysis". En: *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications* 390.2 (2011), págs. 154-160.

- [15] David J Aldous. "Stochastic models and descriptive statistics for phylogenetic trees, from Yule to today". En: *Statistical Science* (2001), págs. 23-34.
- [16] Kee H Chung y Raymond AK Cox. "A stochastic model of superstardom: An application of the Yule distribution". En: *The Review of Economics and Statistics* (1994), págs. 771-775.

referencias