



Universitat de Lleida

EJERCICIOS DE BIOLOGÍA EN EL ENTORNO DE PROGRAMACIÓN R

Volumen 1: Índices de diversidad e intensidad de muestreo

E. Jordán Muñoz-Adalia

2022




Universitat de Lleida

EJERCICIOS DE BIOLOGÍA CON R

Volumen 1

Índices de diversidad e intensidad de muestreo

E. Jordán Muñoz-Adalia

 **0000-0002-0900-6981**

2022



Índice

Introducción	3
Ejercicio 1. Cálculo de riqueza, diversidad y equitatividad	4
Ejercicio 2: Identificación de especies dominantes	8
Ejercicio 3. Análisis de similitud entre comunidades	11
Ejercicio 4. Esfuerzo de muestreo	13
Bibliografía	17

Introducción

El presente material didáctico surge con la finalidad de proveer de una herramienta práctica para estudiantes de Biología, Ecología, Botánica y Zoología en los primeros cursos de Grado en Ingenierías Agrarias, Biología, Ciencias Ambientales y afines. En este primer volumen, se presentan un total de cuatro actividades centradas en el ámbito de la ecología de comunidades, en la que se requiere del estudiante la puesta en práctica de conceptos elementales en dicha materia, como la riqueza de especies o la diversidad y otros algo más avanzados como las distancias de disimilaridad y la estimación del esfuerzo de muestreo.

Las cuestiones prácticas propuestas han sido diseñadas para ser resueltas en el entorno de programación R por usuarios sin experiencia previa en programación, pero que sean familiares al uso de hojas de cálculo, navegación en sistema operativo Windows y que conozcan la interfaz de R y RStudio.

Todos los ejercicios cuentan con un planteamiento teórico breve, aportándose las bases de datos de ejemplo de un modo intuitivo para que el alumno pueda utilizarlas y seguir el guion paso a paso hasta llegar a la respuesta solicitada. Se espera que el alumnado pueda repetir los ejercicios con bases de datos simuladas o reales facilitadas por el profesorado, para de este modo poner a prueba lo aprendido, observar diferencias entre bases de datos y comprender en mayor medida el significado de cada una de las líneas de comando requeridas.

En este sentido, se ha recurrido a una sintaxis sencilla para los comandos en R, empleando buena parte de las funciones con sus parámetros por defecto, a fin de facilitar su comprensión por parte de los usuarios sin experiencia previa. Así, cabe mencionar que los ejercicios tienen una finalidad didáctica y no pretenden ser base de análisis complejos para investigación, existiendo para ello numerosos repositorios y bases de datos de entrenamiento que exceden la finalidad de este material.

Finalmente, se facilitan recursos bibliográficos de apoyo que podrán ayudar a los estudiantes a ampliar su conocimiento teórico y explorar otras formas de resolver los ejercicios propuestos en el entorno de R.

El autor, febrero de 2022

Ejercicio 1. Cálculo de riqueza, diversidad y equitatividad

Planteamiento

Se ha muestreado la comunidad de arbustos del sotobosque en cinco parcelas de pinar de la Península Ibérica tras una década desde el último incendio forestal (I-V). En la Tabla 1 se muestra el número de registros por especie en cada una de las parcelas.

Tabla 1. Número de individuos (abundancia absoluta) de las especies detectadas en los muestreos de vegetación en las parcelas I-V.

Parcela	<i>Lavandula latifolia</i>	<i>Cistus ladanifer</i>	<i>Cistus albidus</i>	<i>Cistus crispus</i>	<i>Phillyrea angustifolia</i>	<i>Ulex gallii</i>	<i>Erica umbellata</i>	<i>Pterospartum tridentatum</i>	<i>Halimium lasianthum</i>	<i>Rosmarinus officinalis</i>
I	22	34	2	0	0	21	21	3	1	21
II	4	33	12	0	0	40	2	6	0	0
III	11	32	0	0	14	17	14	0	0	0
IV	21	33	10	1	0	3	10	0	0	0
V	14	30	2	0	0	18	21	3	12	19

Con estos datos, se pide:

- 1) Calcular la riqueza de especies observada en cada parcela.
- 2) Calcular la diversidad según el índice de Shannon-Weaver y según el índice de Simpson.
- 3) Calcular la equitatividad según el índice de Pielou.

Solución

Podemos calcular los indicadores pedidos de diversos modos en el entorno de programación R (R Core Team, 2020). Existen múltiples paquetes de análisis centrados en cálculos de ecología de comunidades, si bien, en este caso utilizaremos el paquete *vegan* (Oksanen *et al.*, 2020) por contar con un alto grado de implementación en el ámbito de la modelización y la ecología aplicada.

a. Establecer el directorio de trabajo y cargar la base de datos

Todo usuario debe tener previamente instalado en su ordenador el *software* R (<https://www.r-project.org/>) y se recomienda contar también con RStudio (<https://www.rstudio.com/>) de modo que se pueda seguir fácilmente la línea de comandos dispuesta y anotada a continuación.

En primer lugar, se carga el directorio de trabajo, en este caso una carpeta ubicada en la unidad C del PC denominada "CursoBio". En esta carpeta habremos depositado los ficheros de datos previamente.

```
setwd("C:/CursoBio")
```

A continuación, se cargan los datos, los cuales estarán disponibles como archivos en extensión ".csv" en el repositorio de recursos docentes de la Universitat de Lleida donde se depositará asimismo el presente manual. Llamaremos a nuestros datos database como elemento de R.

```
database<-read.csv2(file.choose(), header=T) # se abrirá una ventana en el navegador para seleccionar el archivo que contiene los datos. Indicamos que los datos tienen encabezados por lo que la primera línea del archivo ".csv" (nombres científicos de las especies detectadas) se incorporará de este modo en R
```

```
view(database) # visualizamos la base de datos
```

```
str(database) # comprobamos que todas las variables son numéricas (int)
```

```
#
```

```
'data.frame': 5 obs. of 10 variables:
 $ Lavandula.latifolia      : int  22 4 11 21 14
 $ Cistus.ladanifer        : int  34 33 32 33 30
 $ Cistus.albidus          : int   2 12 0 10 2
 $ Cistus.crispus          : int   0 0 0 1 0
 $ Phillyrea.angustifolia  : int   0 0 14 0 0
 $ Ulex.gallii             : int  21 40 17 3 18
 $ Erica.umbellata         : int  21 2 14 10 21
 $ Pterospartum.tridentatum: int   3 6 0 0 3
 $ Halimium.lasianthum    : int   1 0 0 0 12
 $ Rosmarinus.officinalis  : int  21 0 0 0 19
```

```
#
```

b. Instalar el paquete de análisis y activar su librería

Para utilizar el paquete `vegan`, primero es necesario que esté instalado en nuestro entorno de programación R y que las librerías que requiere para funcionar estén activas.

```
install.packages("vegan") # instalamos el paquete
```

```
library(vegan) # activamos la librería correspondiente
```

c. Cálculo de riqueza de especies

Se define la riqueza como el número de especies que se han detectado para una determinada unidad de muestreo (Begon, Harper y Townsend, 1999). Es más correcto hablar de riqueza observada, pues existen limitaciones a la hora de determinar el número total de especies de un determinado grupo taxonómico que habitan un entorno concreto.

Con `vegan`, debemos recurrir a la función `specnumber` para calcular la riqueza observada.

```
Sobs<-specnumber(database)
```

```
Sobs # consultamos los contenidos del objeto creado
```

```
#
```

```
[1] 8 6 5 6 8
```

```
#
```

Respondiendo a la primera cuestión del ejercicio, tenemos que la parcela I cuenta con una riqueza observada de 8 especies, la parcela II con 6 especies arbustivas, y así sucesivamente para las 5 parcelas muestreadas.

d. Cálculo de índices de diversidad

A diferencia de la riqueza, la diversidad de una biocenosis no se basa solamente en el número de taxones presentes, sino en sus abundancias relativas individuales (Begon, Harper y Townsend, 1999). Existen numerosos métodos de cálculo para estimar la diversidad de especies en una unidad de muestreo. Aquí emplearemos dos de las más aceptadas, el índice de Shannon-Weaver y el de Simpson. No es objetivo de este material didáctico presentar los contenidos teóricos sobre estos índices, por lo que se recomienda consultar la bibliografía recomendada (Zak y Willing, 2004; Piñol y Martínez-Vilalta, 2006) para mayor detalle.

```
Hsw<-diversity(database) # la función diversity calcula por defecto el índice de Shannon-Weaver tomado en su fórmula logaritmos neperianos
```

```
Hsw # consultamos el objeto creado para conocer los valores del índice en cada una de las parcelas, que se mostrarán ordenados
```

```
#
```

```
[1] 1.753224 1.374290 1.530307 1.425077 1.876689
```

```
#
```

Todas las parcelas tienen una diversidad similar, aunque la parcela II y la IV exhiben una diversidad algo inferior al resto de las parcelas muestreadas.

```
simp<-diversity(database, "simpson") # indicamos ahora que deseamos el índice de Simpson para completar el segundo apartado del ejercicio
```

```
simp
```

```
#
```

```
[1] 0.8094720 0.6929536 0.7642045 0.7140039 0.8320034
```

```
#
```

e. Cálculo de equitatividad

Para caracterizar correctamente una comunidad, una vez conocida la diversidad se debe calcular la equitatividad, parámetro que mide cuán equilibradamente representados se encuentran los taxones en ella. En este caso, se nos pide el índice de Pielou.

```
Ep<-Hsw/1og(Sobs) # la equitatividad depende de la riqueza y de la diversidad. Nótese que en R "1og" hace referencia al logaritmo neperiano
```

```
Ep
```

```
#
```

```
[1] 0.8431224 0.7670058 0.9508332 0.7953508 0.9024965
```

```
#
```

Todas las parcelas muestran un valor del índice próximo a 1, lo que implica un grado de equitatividad elevado. No obstante, las parcelas II y IV demuestran una equitatividad menor, probablemente debida a la dominancia de alguna de las especies sobre otras que resulten escasas, como veremos en el ejercicio 2.

Ejercicio 2: Identificación de especies dominantes

Planteamiento

Sea el mismo inventario de flora descrito en el ejercicio 1 (parcelas I-V). Se desea conocer si *Cistus ladanifer* L. actúa en cada una de las parcelas como especie dominante. Para ello se ha calculado la abundancia relativa de cada especie (Tabla 2), dividiendo el valor de cada celda (número de ejemplares de cada especie por parcela) entre el sumatorio de la fila correspondiente (número total de arbustos identificados por parcela). Nótese que, como cabría esperar, las abundancias relativas (expresadas en tanto por uno) sumadas por parcela devuelven el valor de la unidad. El repositorio de recursos didácticos de la Universitat de Lleida incluye asimismo los datos de la Tabla 2 en un fichero “.csv”.

Tabla 2. Abundancias relativas de las especies detectadas en los muestreos de vegetación en las parcelas I-V.

Parcela	<i>Lavandula latifolia</i>	<i>Cistus ladanifer</i>	<i>Cistus albidus</i>	<i>Cistus crispus</i>	<i>Phillyrea angustifolia</i>	<i>Ulex gallii</i>	<i>Erica umbellata</i>	<i>Pterospartum tridentatum</i>	<i>Halimium lasianthum</i>	<i>Rosmarinus officinalis</i>
I	0,1760	0,2720	0,0160	0	0	0,1680	0,1680	0,0240	0,008	0,1680
II	0,0412	0,3402	0,1237	0	0	0,4124	0,0206	0,0619	0	0
III	0,1250	0,3636	0	0	0,1591	0,1932	0,1591	0	0	0
IV	0,2692	0,4231	0,1282	0,0128	0	0,0385	0,1282	0	0	0
V	0,1176	0,2521	0,0168	0	0	0,1513	0,1765	0,0252	0,1008	0,1597

A la vista de estos datos, se pide:

- 1) Evaluar la presunta dominancia de *C. ladanifer* según el índice de Camargo y describir en qué parcelas puede considerarse a esta especie como dominante.
- 2) Los investigadores han observado en campo que *Lavandula latifolia* Medik. es muy abundante en la parcela IV, donde muchos de los otros taxones considerados son escasos o incluso faltan ¿Están sus apreciaciones apoyadas por el índice de Camargo?

Solución**a. Establecer el directorio de trabajo y cargar la base de datos**

De forma análoga al ejercicio previo, se cargan en esta ocasión los datos de abundancias relativas.

```
setwd("C:/CursoBio")
abundancias<-read.csv2(file.choose(), header=T)
view(abundancias)
str(abundancias)
```

#

```
'data.frame': 5 obs. of 10 variables:
 $ Lavandula.latifolia : num 0.176 0.0412 0.125 0.2692 0.1176
 $ Cistus.ladanifer : num 0.272 0.34 0.364 0.423 0.252
 $ Cistus.albidus : num 0.016 0.1237 0 0.1282 0.0168
 $ Cistus.crispus : num 0 0 0 0.0128 0
 $ Phillyrea.angustifolia : num 0 0 0.159 0 0
 $ Ulex.gallii : num 0.168 0.4124 0.1932 0.0385 0.1513
 $ Erica.umbellata : num 0.168 0.0206 0.1591 0.1282 0.1765
 $ Pterospartum.tridentatum: num 0.024 0.0619 0 0 0.0252
 $ Halimium.lasianthum : num 0.008 0 0 0 0.101
 $ Rosmarinus.officinalis : num 0.168 0 0 0 0.16
```

#

b. Evaluación de la dominancia

El índice de Camargo (1993) establece que una especie puede ser considerada dominante en la comunidad a la que pertenece siempre que su abundancia relativa sea estrictamente superior al inverso de la riqueza observada en dicha comunidad. En este caso procederemos en R realizando una fórmula condicional con la función `with`.

```
abundancias$Sobs<-c(8, 6, 5, 6, 8) # mediante un vector "c" añadimos una
nueva columna a nuestra base de datos (nombre de la columna: "Sobs") en la que
incluimos la riqueza observada que calculamos en el ejercicio 1 para cada parcela
```

```
str(abundancias) # comprobamos que la nueva columna se ha insertado
correctamente en la base de datos cargada en R
```

#

```
'data.frame': 5 obs. of 11 variables:
 $ Lavandula.latifolia : num 0.176 0.0412 0.125 0.2692 0.1176
 $ Cistus.ladanifer : num 0.272 0.34 0.364 0.423 0.252
 $ Cistus.albidus : num 0.016 0.1237 0 0.1282 0.0168
 $ Cistus.crispus : num 0 0 0 0.0128 0
 $ Phillyrea.angustifolia : num 0 0 0.159 0 0
 $ Ulex.gallii : num 0.168 0.4124 0.1932 0.0385 0.1513
 $ Erica.umbellata : num 0.168 0.0206 0.1591 0.1282 0.1765
```

```
$ Pterospartum.tridentatum: num 0.024 0.0619 0 0 0.0252
$ Halimium.lasianthum      : num 0.008 0 0 0 0.101
$ Rosmarinus.officinalis   : num 0.168 0 0 0 0.16
$ Sobs                      : num 8 6 5 6 8
```

#

```
with(abundancias,abundancias$Cistus.ladanifer>(1/abundancias$Sobs))
```

aplicamos una fórmula condicional para conocer en qué parcelas *C. ladanifer* es dominante (TRUE) y en cuáles de ellas no (FALSE) según la expresión del índice de Camargo.

#

```
[1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

#

Observamos que la especie domina la comunidad de las cinco parcelas analizadas, respondiendo así al primer apartado del ejercicio.

Repetimos para *L. latifolia* con la finalidad de resolver la segunda cuestión planteada.

```
with(abundancias,abundancias$Lavandula.latifolia>(1/abundancias$Sobs))
```

#

```
[1] TRUE FALSE FALSE TRUE FALSE
```

#

Las observaciones de campo en la parcela IV coinciden con los valores del índice.

Ejercicio 3. Análisis de similitud entre comunidades

Planteamiento

Sea el mismo inventario de flora descrito en los ejercicios 1 y 2 (parcelas I-V). Los investigadores han realizado un análisis de la composición química del suelo en cada parcela y han encontrado que las parcelas I y V presentan características similares. Asimismo, las parcelas III y IV muestran una textura edáfica parecida.

Se pide:

1) Agrupar las comunidades muestreadas por similitud taxonómica y evaluar si las características del suelo podrían explicar parcialmente la composición de la comunidad observada.

Solución

a. Establecer el directorio de trabajo y cargar la base de datos

Para resolver este ejercicio se va a recurrir al paquete `vegan`, por lo que cargaremos la librería del mismo modo que en el ejercicio 1. Como se verá más adelante, para este ejercicio podemos usar cualquiera de las dos bases de datos de que disponemos, en este caso usaremos la base de datos de abundancias absolutas (Tabla 1).

```
library(vegan)
setwd("C:/CursoBio")
database<-read.csv2(file.choose(), header=T)
```

b. Cálculo de distancias de similitud/disimilitud y dendrograma

La similitud taxonómica entre parcelas se va a evaluar mediante el índice de Jaccard, aunque el paquete `vegan` ofrece numerosas opciones. El índice de Jaccard opera con valores binarios de presencia o ausencia de especies (1 y 0, respectivamente), por lo que en la línea de comandos especificaremos la necesidad de dicha estandarización. Empleando dicho índice, calcularemos las distancias de similitud (o más correctamente disimilitud) entre parcelas, con las que procederemos a dibujar un dendrograma.

```
distancias<-vegdist(database, method="jaccard", binary=TRUE)
distancias # exploramos las distancias calculadas
```

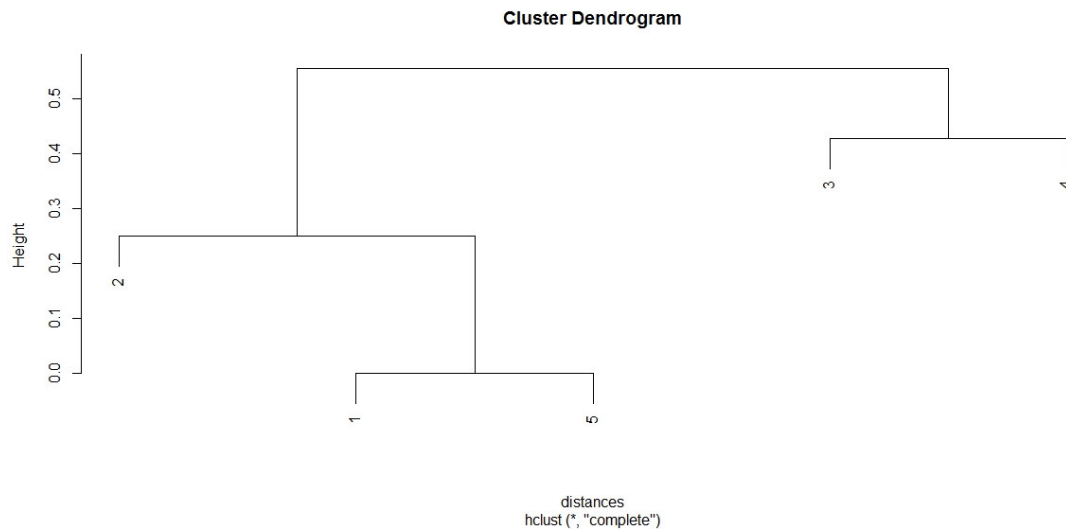
```
#
      1      2      3      4
2 0.2500000
3 0.5555556 0.4285714
4 0.4444444 0.2857143 0.4285714
5 0.0000000 0.2500000 0.5555556 0.4444444
#
```

Se observa, por ejemplo, que la distancia según el índice de Jaccard entre la parcela V y IV es mayor que entre la parcela V y II. Procedemos al agrupamiento de las parcelas en un dendrograma.

`cluster<-hclust(distancias)` # se computa un dendrograma en base a las distancias calculadas. En esta ocasión usaremos la función `hclust` del paquete básico `stats` con sus parámetros por defecto

`plot(cluster)` # dibujamos un gráfico preliminar con el agrupamiento

```
#
```



```
#
```

El agrupamiento taxonómico parece coincidir con el esperable según los resultados del análisis de composición química del suelo.

Ejercicio 4. Esfuerzo de muestreo

Planteamiento

Sea el mismo inventario de flora descrito en los ejercicios 1 y 2 (parcelas I-V). El equipo de investigación se pregunta si la reducida diversidad observada en la parcela IV puede ser debida a que el número de plantas identificadas fue inferior a 80 plantas, siendo esta la parcela en la que menos arbustos se identificaron.

Se pide:

- 1) Calcular las curvas de rarefacción para todas las parcelas para conocer la eficacia del esfuerzo de muestreo realizado.
- 2) Estimar el incremento en el valor de la riqueza de especies que cabría esperar en la parcela IV si el esfuerzo de muestreo hubiese sido superior (200 plantas identificadas).

Solución

a. Establecer el directorio de trabajo y cargar la base de datos

Para resolver este ejercicio se recurrirá al cálculo de curvas de rarefacción de especies las cuales aportan información sobre el número de especies observadas (riqueza) en función del esfuerzo de muestreo realizado. En R existen numerosas formas de trabajar con curvas de rarefacción. En este caso recurriremos una vez más al paquete `vegan`, pero también al paquete `iNEXT` (Chao *et al.*, 2014; Hsieh, *et al.*, 2020b) apoyado por el motor gráfico del paquete `ggplot2` (Wickham, 2016). Los datos a utilizar corresponden a las abundancias absolutas mostradas en la Tabla 1.

```
install.packages("iNEXT")
install.packages("ggplot2")
library(iNEXT)
library(ggplot2)
library(vegan)
setwd("C:/CursoBio")
database<-read.csv2(file.choose(), header=T)
```

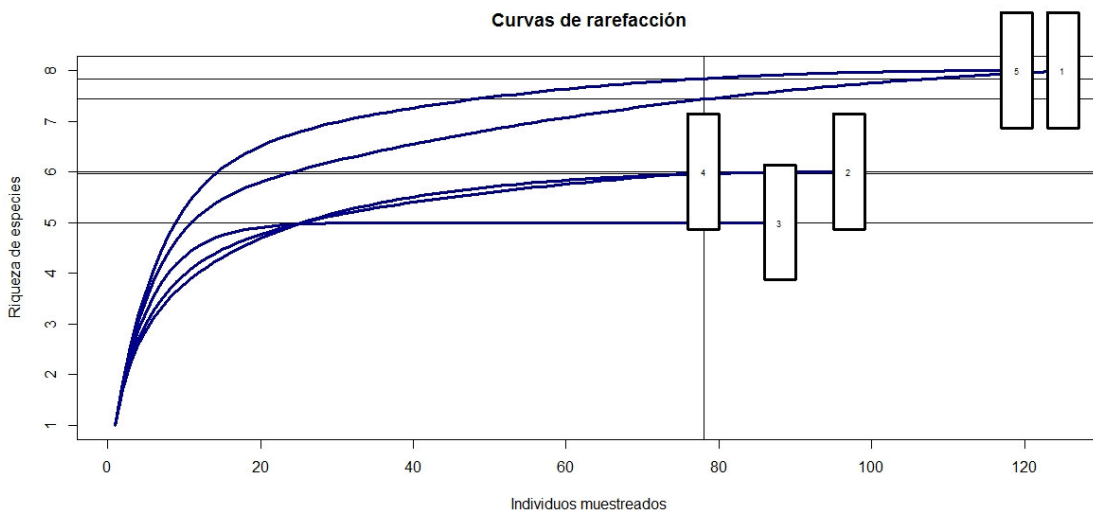
b. Cómputo de la curva de rarefacción para cada una de las parcelas estudiadas

Estudiar el comportamiento de las curvas de rarefacción por parcela nos permitirá conocer si la intensidad de muestreo aplicada ha permitido alcanzar un valor relativamente constante de riqueza de especies.

```
minSp<-min(rowSums(database)) # calculamos el mínimo valor de
individuos/parcela en la base de datos, se toma de referencia para computar la curva de
rarefacción
```

```
rarecurve(database[1:5,], step=1, sample = minSp, col =
"darkblue", lwd = 3, cex = 0.55, xlab = "Individuos muestreados",
ylab = "Riqueza de especies", main = "Curvas de rarefacción") # el
término "[1:5,]" hace referencia a que estamos trabajando con las cinco primeras filas
de la base de datos
```

#



#

La tendencia de las curvas sugiere un comportamiento cercano a una asíntota en todas las parcelas, lo cual permite asumir que el esfuerzo de muestreo realizado fue adecuado para caracterizar, al menos de forma preliminar, las comunidades objeto de estudio.

c. Estimación de cambio en la riqueza observada para un mayor esfuerzo de muestreo

La riqueza observada para la parcela IV es de 6 taxones tal y como se calculó en el ejercicio 1. En este apartado realizaremos una extrapolación en la curva de rarefacción

para conocer si podría esperarse una mayor riqueza observada al aumentar el esfuerzo de muestreo identificando 200 arbustos en la parcela.

```
Test<-unlist(database[4,]) # se extraen los datos de la fila 4 de la base de
datos, correspondientes a la parcela IV
```

```
cero<-which(Test == 0)
```

```
Test<-Test[-cero] # se eliminan los valores de abundancia absoluta iguales a cero
en la parcela IV para proceder a computar la curva de rarefacción
```

```
Analisis<-iNEXT(as.vector(Test), q=0, datatype="abundance") # se
indica a la función iNEXT que estamos trabajando con valores de abundancias
```

```
Analisis # investigamos en el objeto creado para conocer los detalles de la curva
```

```
#
```

```
Compare 1 assemblages with Hill number order q = 0.
$class: iNEXT

$DataInfo: basic data information
  site n S.obs SC f1 f2 f3 f4 f5 f6 f7 f8 f9 f10
1 site.1 78 6 1 1 0 1 0 0 0 0 0 0 2

$iNextEst: diversity estimates with rarefied and extrapolated samples.
  m      method order  qD qD.LCL qD.UCL  SC SC.LCL SC.UCL
1   1 interpolated   0 1.000 1.000 1.000 0.277 0.209 0.345
10  39 interpolated   0 5.379 4.660 6.097 0.978 0.964 0.991
20  78 observed     0 6.000 4.952 7.048 1.000 0.986 1.014
30 115 extrapolated   0 6.000 4.806 7.194 1.000 0.994 1.006
40 156 extrapolated   0 6.000 4.724 7.276 1.000 0.998 1.002

$AsyEst: asymptotic diversity estimates along with related statistics.
              Observed Estimator Est_s.e. 95% Lower 95% Upper
Species Richness      6.000      6.000 0.526      6.000      7.557
Shannon diversity     4.158      4.301 0.335      4.158      4.958
Simpson diversity     3.497      3.614 0.365      3.497      4.329

NOTE: Only show five estimates, call iNEXT.object$iNextEst. to show complete output.
```

```
#
```

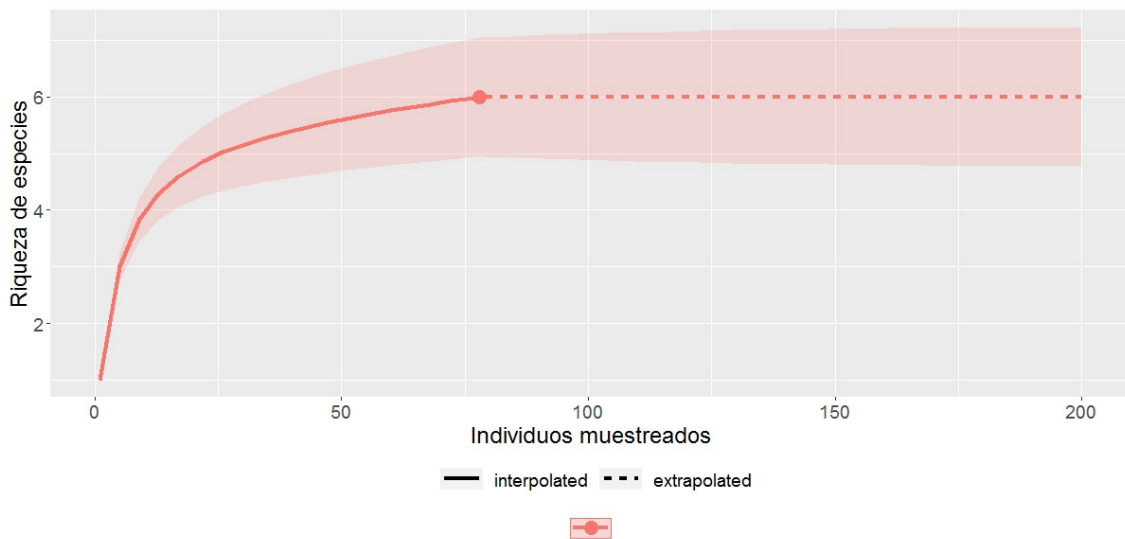
R devuelve un informe en el que podemos ver cómo se ha computado la curva de rarefacción. Así, podemos conocer la riqueza de especies que cabría esperar si se hubieran muestreado 1 o 39 plantas, pasando por el dato real de riqueza para 78 individuos muestreados (Sobs = 6, tal y como calculamos en el ejercicio 1). El modelo interpola en base a estos datos y facilita una riqueza esperada para un número de observaciones igual a 115 y 156 individuos. También nos facilita datos de diversidad estimada en la asíntota e indica que podemos consultar los valores estimados de riqueza (con los que se compone la curva) en mayor detalle indicando en la consola de R el comando `Analisis$iNextEst`. Con estos datos, ya podemos resolver el segundo

apartado del ejercicio, pues se observa que la riqueza se mantiene constante en el valor 6 pese a que se añadan más unidades experimentales (arbustos identificados), no obstante, lo resolveremos de forma gráfica (Hsieh, *et al.*, 2020a).

```
estimador<-iNEXT(Test, q=c(0), datatype="abundance",
endpoint=200) # generamos la curva de rarefacción para 200 individuos
muestreados tal y como pide el ejercicio
```

```
ggiNEXT(estimador, se= TRUE) + labs(x = "Individuos muestreados",
y = "Riqueza de especies") # dibujamos la curva con el error estándar y
anotamos los ejes
```

#



#

De esta forma, resolvemos que, aunque se hubiesen muestreado 200 plantas en la parcela IV, la riqueza no se habría visto aumentada, manteniéndose en 6 especies de acuerdo con la curva de rarefacción computada.

Bibliografía

- Begon M., Harper J.L., Townsend C.R. 1999. Ecología: Individuos, poblaciones y comunidades. Ediciones Omega, Barcelona
- Camargo, J.A. 1993. Must dominance increase with the number of subordinate species in competitive interactions? *Journal of Theoretical Biology* 161: 537-542
- Chao A., Gotelli N.J., Hsieh T.C., Sander E.L., Ma K.H., Colwell R.K., Ellison A.M. 2014. Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. *Ecological Monographs* 84:45-67
- Hsieh T.C., Ma K.H., Chao A. 2020a. A Quick Introduction to iNEXT via Examples. <https://cran.r-project.org/web/packages/iNEXT/vignettes/Introduction.html>
- Hsieh T.C., Ma K.H., Chao A. 2020b. iNEXT: iNterpolation and EXTrapolation for species diversity. R package version 2.0.20. http://chao.stat.nthu.edu.tw/wordpress/soft/Hsieh_ware_download/
- Oksanen J., Blanchet F.G., Friendly R., *et al.* 2020. vegan: Community Ecology Package. R package version 2.5-7. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Piñol J., Martínez-Vilalta J. 2006. Ecología con números: una introducción a la ecología con problemas y ejercicios de simulación. Lynx Edicions, Barcelona
- R Core Team. 2020. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. <https://www.R-project.org/>
- Wickham H. 2016. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag, New York
- Zak J.C., Willing, M.R. 2004. Fungal Biodiversity Patterns. In Biodiversity of Fungi: Inventory and Monitoring Methods. En Mueller G.M., Bills G.F. y Foster, M.S., Eds.; Elsevier Academic Press, Boston