aeet
ASOCIACIÓN ESPAÑOLA DE ECOLOGÍA TERRESTRE

Ecosistemas 36(1): 3260 [enero-abril / January-April, 2027]
https://doi.org/10.7818/ECOS.3260

MONOGRÁFICO: Paleoecología y cambio global
MONOGRAPHIC: Palaeoecology and global change

Editores invitados / Guest editors: Graciela Gil-Romera, César Morales del Molino y Juan M. Rubiales

Editora asociada / Associated Editor: Verónica Cruz Alonso

NOTA ECOinformática / ECOinformatics NOTE

ecosistemas

ISSN 1697-2473

Open access / CC BY-NC 4.0
www.revistaecosistemas.net

StablePopulation: un paquete de R para la reconstrucción de perfiles de supervivencia mediante el modelo de Weibull

David Palacios-Morales[1,2,#], Guillermo Rodríguez-Gómez[1,3,4,*], Jesús A. Martín-González[2]

(1) Department of Geodynamics, Stratigraphy and Paleontology, Complutense University of Madrid, C/ José Antonio Novais 12, 28040 Madrid, Spain.
(2) Department of Mathematics and Computing, University of Burgos, Plaza Misael Bañuelos s/n, 09001 Burgos, Spain.
(3) Department of Zoology, Universidad de Sevilla, Av. Reina Mercedes 6, 41012 Sevilla, Spain.
(4) UCM-ISCIII Center for Evolution and Human Behavior, Avda. Monforte de Lemos 5, Building 14, 28029 Madrid, Spain.

* Autor para correspondencia / Corresponding author: Guillermo Rodríguez-Gómez [grodriguez7@us.es]
# Mantenedor / Maintainer: David Palacios-Morales [dpmorales@ubu.es]

> Recibido / Received: 21/04/2026 – Aceptado / Accepted: 18/08/2026

Cómo citar / How to cite: Palacios-Morales, D., Rodríguez-Gómez, G., & Martín-González, J. A. (2026). StablePopulation: un paquete de R para la reconstrucción de perfiles de supervivencia mediante el modelo de Weibull. *Ecosistemas* 36(1): 3260. https://doi.org/10.7818/ECOS.3260

Introducción

En ecología de poblaciones, la supervivencia por edad (l_x) es un componente central de las tablas de vida y de la descripción de la estructura de edad, empleada para comparar estrategias vitales y parametrizar modelos demográficos estructurados, utilizando herramientas como las matrices de Leslie (Leslie, 1945; Deevey, 1947; Caswell, 2001). Sin embargo, en contextos paleoecológicos y paleobiológicos esta información rara vez puede observarse directamente, lo que exige reconstruir l_x a partir de datos indirectos y modelos demográficos (Kurtén, 1954; Voorhies, 1969; Klein y Cruz-Uribe, 1984). Por ello, tener una representación razonable de l_x resulta relevante tanto para caracterizar una población como para interpretar su dinámica.

La información demográfica suele inferirse en paleontología a partir de restos faunísticos asignados a clases de edad, lo que permite reconstruir tablas de vida y perfiles de supervivencia como aproximaciones a la estructura de la población (Kurtén, 1954; Voorhies, 1969; Klein y Cruz-Uribe, 1984; Rodríguez-Gómez et al., 2022b). Este enfoque se apoya habitualmente en comparaciones con poblaciones actuales y en herramientas que permitan traducir distribuciones discretas de individuos representados en el registro fósil a funciones de supervivencia y fecundidad por edad (Klein y Cruz-Uribe, 1984; Caswell, 2001). En paleobiología, las tablas de vida permiten integrar la información disponible por intervalos de edad para estimar parámetros demográficos básicos y comparar poblaciones o especies, y pueden complementarse con herramientas como matrices de Leslie y modelos paramétricos de supervivencia para reconstruir o proyectar perfiles demográficos (Fernandez y Boulbes, 2010; Monchot et al., 2012; Rodríguez-Gómez et al., 2013; Martín-González et al., 2016; Fernandez et al., 2017; Martín-González et al., 2019).

Cuando los análisis se realizan a gran escala temporal, suele asumirse que las poblaciones fluctúan en tamaño y estructura de edades alrededor de un valor de referencia compatible con condiciones de estabilidad y estacionariedad (p. ej., Gage, 1998; Gurven y Kaplan, 2007; Rodríguez-Gómez et al., 2013; Martín-González et al., 2016). En este trabajo, estas condiciones se expresan mediante una tasa neta de reproducción igual a uno ($R_0 = 1$). En este contexto, es útil tener modelos capaces de reconstruir perfiles demográficos bajo esas condiciones. En esta línea, Martín-González et al. (2016) propusieron el uso del modelo de Weibull, que utiliza una función de supervivencia biparamétrica, para obtener estructuras estables y estacionarias y reconstruir perfiles de supervivencia (y mortalidad) en grandes mamíferos, con aplicaciones a la paleoecología cuantitativa.

El modelo de Weibull se ha utilizado tradicionalmente para inferir valores de supervivencia con los que describir poblaciones, ya que su formulación biparamétrica permite representar perfiles, considerando tanto la escala temporal como la forma de la curva, con distinto grado de curvatura o pendiente (Pinder et al., 1978). Esta combinación de flexibilidad y sencillez facilita comparar poblaciones e integrar los perfiles obtenidos en cálculos demográficos posteriores (Martín-González et al., 2016).

Esta aproximación se ha aplicado a la reconstrucción de estructuras de edad estables y estacionarias en poblaciones fósiles y se ha comparado con otras alternativas matemáticas para la estimación de perfiles de supervivencia en grandes mamíferos del Pleistoceno (Martín-González et al., 2016, 2019; Rodríguez-Gómez et al., 2022b, 2025). Más allá del interés metodológico, los perfiles de supervivencia y las estructuras de edad derivadas pueden incorporarse a preguntas paleoecológicas más amplias relacionadas con la dinámica poblacional, la biomasa de carne disponible o las relaciones tróficas dentro de comunidades fósiles (Rodríguez-Gómez et al., 2013, 2020, 2024).

© 2026 Los autores. [ECOSISTEMAS no se hace responsable del uso indebido de material sujeto a derecho de autor]
© 2026 The authors. [ECOSISTEMAS is not responsible for the misuse of copyrighted material]

En este contexto, **StablePopulation** (Palacios-Morales et al., 2025) se presenta como una herramienta reproducible para trasladar este enfoque al entorno de R (https://www.r-project.org/). El paquete, disponible en CRAN (https://cran.r-project.org/package=StablePopulation), automatiza la generación de perfiles discretos de Weibull a partir de fecundidades por edad, bajo la condición demográfica de estabilidad y estacionariedad. Esta nota presenta el paquete, resume su fundamento metodológico y lo sitúa dentro de una línea de investigación paleoecológica ya consolidada. También muestra, mediante tres especies actuales con perfiles de supervivencia observados, cómo evaluar la similitud entre estos datos y los perfiles reconstruidos con el modelo. Estos ejemplos permiten valorar la capacidad de ajuste, su alcance y limitaciones en la aplicación para reconstruir poblaciones y comunidades fósiles.

Modelo y método

Siguiendo el enfoque habitual de las tablas de vida de mamíferos, **StablePopulation** se formula exclusivamente con parámetros demográficos femeninos (Caswell, 2001; Martín-González et al., 2016; Rodríguez-Gómez et al., 2022b) y genera perfiles de supervivencia l_x a partir de valores de fecundidad por edad (m_x) mediante una función de Weibull evaluada en las edades x = 0, 1, …, n:

$$l_x(\alpha,\beta) = \exp[-(x/\alpha)^{\beta}] \qquad \textbf{(ec. 1)}$$

donde α > 0 y β > 0. El parámetro α describe la escala temporal de la curva de supervivencia, mientras que β determina su forma (curvatura) modulando si el descenso de la supervivencia es más gradual o más abrupto.

En la expresión (1), l_x representa la proporción de una cohorte inicial que sobrevive hasta la edad x. Por otra parte, m_x representa el número medio de hijas por hembra a dicha edad x. Cuando las fecundidades disponibles en la bibliografía se refieren a crías de ambos sexos, los valores se convierten a hijas por hembra bajo una proporción sexual al nacimiento de 1:1.

Dada una distribución de fecundidades m_x, la tasa neta de reproducción en tiempo discreto se define como:

$$R_0 = \sum_{x=0}^{n} l_x \cdot m_x \qquad \textbf{(ec. 2)}$$

En el marco del paquete, la condición de estabilidad y estacionariedad se implementa imponiendo $R_0 = 1$. Con la cohorte inicial normalizada a $l_0 = 1$, el número total de nacimientos calculado a partir del perfil de supervivencia y de las fecundidades se devuelve como *births* y equivale a R_0; por tanto, imponer births = 1 equivale a imponer $R_0 = 1$. Esta condición garantiza que, en la generación siguiente, la clase inicial vuelve a ser $l_0 = 1$; al mantenerse las mismas tasas de supervivencia y fecundidad, se conserva también el resto de la estructura de edad. Cuando m_x expresa el número medio de hijas por hembra a la edad x, esta restricción significa que cada hembra es reemplazada, en promedio, por una hija a lo largo de su vida reproductiva. De esta manera, la población femenina se sustituye completamente tras una generación. Cuando la suma de las fecundidades permite alcanzar esta condición, para cada valor de β existe un único valor de α compatible con la restricción $R_0 = 1$, que determina el perfil $l_x(\alpha,\beta)$ correspondiente.

Esta formulación se implementa en **StablePopulation** mediante cuatro funciones principales: **weibull_survival()** calcula la supervivencia hasta una edad dada a partir de α y β; **calculate_population()** genera, desde una cohorte inicial normalizada a uno, el perfil poblacional por clase de edad y el número total de nacimientos; **find_alphas()** calcula el valor de α compatible con la restricción $R_0 = 1$ para un valor dado de β y un vector de fecundidades; **run_analysis()** utiliza archivos Excel como interfaz de entrada y salida para facilitar al usuario la organización de los datos y resultados, y procesa automáticamente los casos definidos en cada hoja. La estructura de entrada requerida por **run_analysis()** se ilustra en el archivo de ejemplo **Input_Data.xlsx,** incluido en el repositorio (https://github.com/D4v1d-d0/StablePopulation-reproducibility/tree/v1.0.4/examples/run_analysis). Para cada hoja, la función lee los datos de la especie, con las fecundidades m_x en la columna B y un valor predefinido de β en la celda C2, calcula el α correspondiente y exporta en documentos separados cada perfil poblacional resultante junto con los valores de ambos parámetros.

En el análisis reproducible de ejemplo de esta nota (véase https://doi.org/10.5281/zenodo.21116445; Palacios-Morales et al., 2026) se emplean directamente **find_alphas()** y **calculate_population()** dentro de un único barrido de valores de β. En este *script* se exploran valores de β en [0.05, 3.00] con incrementos de 0.05. Este planteamiento permite generar cada perfil de supervivencia, compararlo inmediatamente con el perfil observado y calcular el error cuadrático medio (ECM) y su raíz cuadrada (RMSE) entre ambos, sin exportar y volver a recorrer una colección intermedia de resultados. **run_analysis()** procesa casos definidos previamente en Excel, pero no incorpora perfiles observados ni calcula métricas de ajuste. Por ello, la comparación con datos observados y la selección del valor de β con menor ECM se realizan mediante el *script* externo asociado al manuscrito.

El caso práctico parte, para cada especie, de una tabla con tres columnas: edad x, supervivencia observada l_x y fecundidad por edad m_x. El objetivo es identificar, dentro del intervalo de β explorado, el perfil de Weibull compatible con $R_0 = 1$ que minimiza el ECM frente al perfil observado. Para cada valor de β, **find_alphas()** obtiene α y **calculate_population()** genera el perfil reconstruido; el script calcula ECM y RMSE, selecciona el mínimo ECM y produce el archivo Excel de resultados y la **Figura 1**. El flujo completo, una tabla de entrada de ejemplo e indicaciones para adaptarlo a otras especies se documentan paso a paso en https://github.com/D4v1d-d0/StablePopulation-reproducibility/blob/v1.0.4/docs/practical_case_workflow.md.

Para evaluar el ajuste de los perfiles reconstruidos se utilizaron tres especies, *Castor canadensis*, *Ovis dalli* y *Rupicapra rupicapra*, seleccionadas por representar distintos grados de concordancia entre perfiles observados y perfiles reconstruidos con Weibull (Palacios-Morales et al., 2026). Estos ejemplos se emplean como referencias metodológicas para examinar el comportamiento del enfoque antes de su aplicación a poblaciones y comunidades registradas en conjuntos faunísticos fósiles.

Para cada especie, el análisis combina valores observados de perfiles de supervivencia con vectores de fecundidad por edad. Los perfiles observados se recopilaron de fuentes bibliográficas (Caughley, 1970; Payne, 1984; Simmons et al., 1984).

Resultados

Los valores de RMSE fueron 0.028 en *Castor canadensis* (β* = 0.80, α* = 2.049, ECM = 0.001), 0.052 en *Ovis dalli* (β* = 0.55, α* = 3.372, ECM = 0.003) y 0.065 en *Rupicapra rupicapra* (β* = 2.05, α* = 4.868, ECM = 0.004; **Fig. 1**). Los tres ejemplos que se emplean como contraste metodológico muestran que los perfiles reconstruidos bajo $R_0 = 1$ pueden aproximarse en distinto grado a datos observados y permiten valorar las posibilidades y limitaciones de esta herramienta en su aplicación a contextos paleoecológicos.

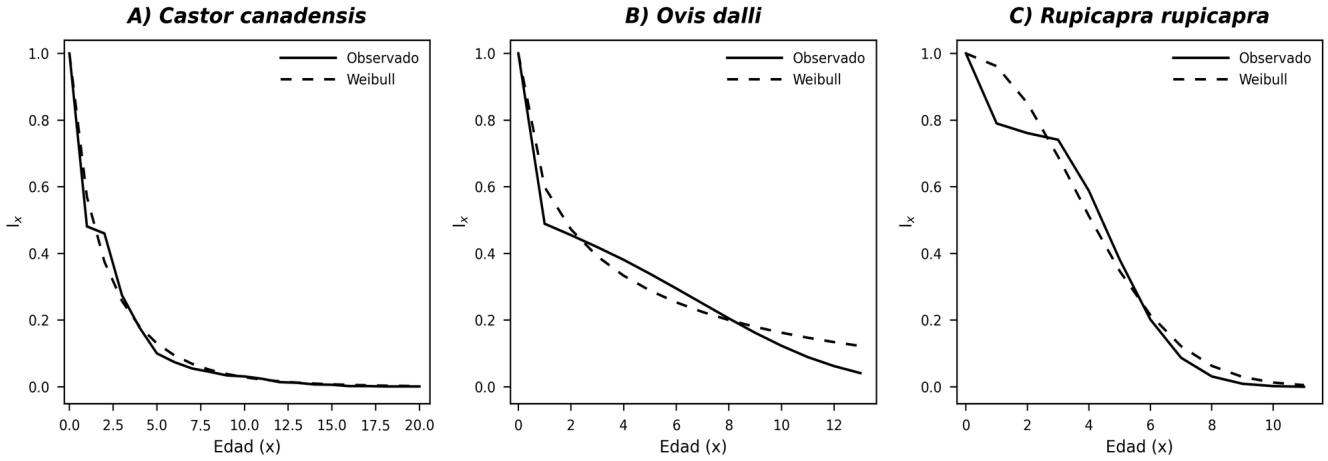


Figura 1. Comparación entre los perfiles observados de supervivencia (l_x) y los perfiles reconstruidos con el modelo de Weibull bajo la restricción $R_0 = 1$, seleccionados mediante un barrido de β. Los paneles muestran: (**A**) *Castor canadensis*, (**B**) *Ovis dalli* y (**C**) *Rupicapra rupicapra*.

Figure 1. Comparison between the observed survival profiles (l_x) and the profiles reconstructed using the Weibull model under the constraint $R_0 = 1$, selected through a β sweep. The panels show: (**A**) *Castor canadensis*, (**B**) *Ovis dalli*, and (**C**) *Rupicapra rupicapra.*

Discusión y recomendaciones prácticas

Los tres ejemplos, utilizados como contraste metodológico, muestran que la adecuación del modelo biparamétrico de Weibull no es uniforme entre especies bajo una misma condición demográfica de estabilidad y estacionariedad ($R_0 = 1$). En conjunto, estos resultados sugieren que el modelo reproduce con mayor fidelidad perfiles suaves, pero pierde flexibilidad cuando la curva observada presenta irregularidades más marcadas o cambios locales de pendiente.

Esta interpretación es coherente con trabajos previos en los que el modelo de Weibull mostró capacidad para reconstruir perfiles de supervivencia y estructuras poblacionales estables y estacionarias en grandes mamíferos, aunque con variación en la calidad del ajuste según la especie (Martín-González et al., 2016, 2019). Desde esta perspectiva, los casos con mayor discrepancia delimitan empíricamente el campo de aplicación del modelo. Además, un ajuste con mayor discrepancia puede ser informativo porque señala cuándo una función biparamétrica resulta insuficiente y cuándo pueden requerirse modelos más flexibles, supuestos demográficos alternativos o una revisión más cuidadosa de los datos de entrada.

En paleoecología, este valor exploratorio resulta especialmente importante, ya que trabajar con un marco explícito y común permite comparar especies o conjuntos faunísticos bajo una misma lógica demográfica y evaluar hasta qué punto una forma funcional sencilla reproduce perfiles compatibles con los datos disponibles. Además, estas reconstrucciones pueden integrarse en preguntas más amplias sobre el funcionamiento de paleoecosistemas, como se ha mostrado en estudios centrados en la paleoecología del rebeco de Valdegoba, la estimación y la reconstrucción de masas corporales, biomasas, y relaciones depredador-presa de comunidades fósiles (Rodríguez-Gómez et al., 2022a, 2022b, 2024). Como línea de desarrollo futuro, se contempla incorporar en StablePopulation funciones para realizar barridos de β, calcular métricas de ajuste como RMSE y comparar perfiles observados y reconstruidos.

En conclusión, **StablePopulation** es una herramienta para generar perfiles de supervivencia bajo condiciones de estabilidad y estacionariedad, especialmente útil en análisis paleoecológicos de largo plazo en mamíferos. En particular, incorpora explícitamente una dimensión demográfica en las reconstrucciones paleoecológicas, facilita la comparación de especies o conjuntos faunísticos bajo un marco común y favorece la integración de los perfiles reconstruidos en inferencias sobre estructura poblacional, disponibilidad de biomasa y dinámica de las interacciones tróficas en paleoecosistemas.

Disponibilidad del software y datos

El paquete **StablePopulation** (v1.0.3; GPL-3) está disponible en CRAN (DOI: 10.32614/CRAN.package.StablePopulation) y en GitHub (https://github.com/D4v1d-d0/StablePopulation/tree/v1.0.3). Los materiales reproducibles del análisis externo, incluyendo el *script*, los archivos de entrada y salida y la Figura 1, están disponibles en GitHub (https://github.com/D4v1d-d0/StablePopulation-reproducibility/tree/v1.0.4) y archivados en Zenodo (Palacios-Morales et al., 2026; DOI: 10.5281/zenodo.21116445).

Financiación, permisos requeridos, potenciales conflictos de interés y agradecimientos

Esta nota se ha revisado siguiendo un proceso colaborativo y público disponible en: StablePopulation: un paquete de R para la reconstrucción de perfiles de supervivencia mediante el modelo de Weibull #62

Esta investigación fue financiada por la Comunidad de Madrid (Ref. PR27/21-004) a través del Convenio Plurianual con la Universidad Complutense de Madrid. También contó con el apoyo del grupo Statistical and Mathematical Modelling in Engineering and Sciences (MENIC) de la Universidad de Burgos. Guillermo Rodríguez-Gómez estuvo financiado por un contrato posdoctoral del programa César Nombela de Atracción de Talento Investigador (Ref. 2023-T1/PH-HUM-29222), cofinanciado por la Comunidad de Madrid y la Universidad Complutense de Madrid. Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses. Guillermo Rodríguez-Gómez disfruta actualmente de un contrato posdoctoral dentro del VII Plan Propio de la Universidad de Sevilla.

Los autores agradecen el tiempo y la dedicación de las revisoras Julia G. De Aledo y Sofía Galván, así como de un revisor anónimo, cuyas aportaciones contribuyeron a mejorar el manuscrito. Asimismo, agradecen a la editora Verónica Cruz su ayuda, apoyo y facilidades durante el proceso editorial.

Contribución de los autores

David Palacios-Morales: conceptualización; software; metodología; análisis formal; visualización; redacción del borrador original. **Guillermo Rodríguez-Gómez**: conceptualización; supervisión; interpretación; revisión y edición del texto. **Jesús A. Martín-González**: conceptualización; supervisión; metodología; revisión y edición del texto.

Referencias

Caswell, H. (2001). *Matrix population models: Construction, analysis, and interpretation* (2nd ed.). Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, USA. ISBN 978-0-87893-121-7.

Caughley, G. (1970). Population statistics of chamois. *Mammalia,* 34(2), 194–199. https://doi.org/10.1515/mamm.1970.34.2.194

Deevey, E. S., Jr. (1947). Life tables for natural populations of animals. *The Quarterly Review of Biology,* 22(4), 283–314. https://doi.org/10.1086/395888

Fernandez, P., & Boulbes, N. (2010). Analyse démographique des cohortes du cheval pléistocène moyen de Romain-la-Roche (Doubs, France). *Revue de Paléobiologie,* 29(2), 771–801.

Fernandez, P., Bonenfant, C., Gaillard, J.-M., Legendre, S., & Monchot, H. (2017). Life tables and Leslie matrices for mammalian cohorts in different paleobiological contexts during the Pleistocene. In, J.-P. Brugal (Ed.), *TaphonomieS* (pp. 477–497). Éditions des archives contemporaines, Paris, France. ISBN 9782813002419. https://doi.org/10.17184/eac.3766

Gage, T. B. (1998). The comparative demography of primates: With some comments on the evolution of life histories. *Annual Review of Anthropology,* 27, 197–221. https://doi.org/10.1146/annurev.anthro.27.1.197

Gurven, M., & Kaplan, H. (2007). Longevity among hunter-gatherers: A cross-cultural examination. *Population and Development Review,* 33(2), 321–365. https://doi.org/10.1111/j.1728-4457.2007.00171.x

Klein, R. G., & Cruz-Uribe, K. (1984). *The analysis of animal bones from archeological sites*. University of Chicago Press, Chicago, Illinois, USA. ISBN 978-0-226-43958-7.

Kurtén, B. (1954). Population dynamics: A new method in paleontology. *Journal of Paleontology,* 28(3), 286–292.

Leslie, P. H. (1945). On the use of matrices in certain population mathematics. *Biometrika,* 33(3), 183–212. https://doi.org/10.1093/biomet/33.3.183

Martín-González, J. A., Mateos, A., Rodríguez-Gómez, G., & Rodríguez, J. (2016). A parametrical model to describe a stable and stationary age structure for fossil populations. *Quaternary International*, 413, 69–77. https://doi.org/10.1016/j.quaint.2016.01.038

Martín-González, J. A., Rodríguez-Gómez, G., & Palmqvist, P. (2019). Survival profiles from linear models versus Weibull models: Estimating stable and stationary population structures for Pleistocene large mammals. *Journal of Archaeological Science: Reports,* 25, 370–386. https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2019.03.031

Monchot, H., Fernandez, P., & Gaillard, J.-M. (2012). Paleodemographic analysis of a fossil porcupine (Hystrix refossa Gervais, 1852) population from the Upper Pleistocene site of Geula Cave (Mount Carmel, Israel). *Journal of Archaeological Science,* 39(9), 3027–3038. https://doi.org/10.1016/j.jas.2012.04.037

Palacios-Morales, D., Rodríguez-Gómez, G., & Martín-González, J. A. (2025). *StablePopulation: Calculates Alpha for a Stable Population (R package version 1.0.3)*. CRAN. https://doi.org/10.32614/CRAN.package.StablePopulation

Palacios-Morales, D., Rodríguez-Gómez, G., & Martín-González, J. A. (2026). *StablePopulation reproducibility files for the ECOSISTEMAS ecoinformatics note (Version 1.0.4)* [Code and data repository]. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.21116445

Payne, N. F. (1984). Mortality rates of beaver in Newfoundland. *The Journal of Wildlife Management,* 48(1), 117–126. https://doi.org/10.2307/3808459

Pinder, J. E., III, Wiener, J. G., & Smith, M. H. (1978). The Weibull distribution: A new method of summarizing survivorship data. *Ecology,* 59(1), 175–179. https://doi.org/10.2307/1936645

Rodríguez-Gómez, G., Rodríguez, J., Martín-González, J. A., Goikoetxea, I., & Mateos, A. (2013). Modeling trophic resource availability for the first human settlers of Europe: The case of Atapuerca TD6. *Journal of Human Evolution,* 64(6), 645–657. https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2013.02.007

Rodríguez-Gómez, G., Cassini, G. H., Palmqvist, P., Bargo, M. S., Toledo, N., Martín-González, J. A., … Vizcaíno, S. F. (2020). Testing the hypothesis of an impoverished predator guild in the Early Miocene ecosystems of Patagonia: An analysis of meat availability and competition intensity among carnivores. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology,* 554, 109805. https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2020.109805

Rodríguez-Gómez, G., Palmqvist, P., Martínez-Navarro, B., Martín-González, J. A., & Bermúdez de Castro, J. M. (2022a). Mean body size estimation in large mammals and the computation of biomass in past ecosystems: An application to the Pleistocene sites of Orce and Sierra de Atapuerca (Spain). *Comptes Rendus Palevol,* 21(10), 207–233. https://doi.org/10.5852/cr-palevol2022v21a10

Rodríguez-Gómez, G., Pérez-Fernández, E., Fernandez, P., Arsuaga, J. L., Díez, C., & Arceredillo, D. (2022b). Palaeoecology of the Southern chamois from Valdegoba Cave (Burgos, Spain) and its exploitation by the Neanderthals. *Lethaia,* 55(4). https://doi.org/10.18261/let.55.4.3

Rodríguez-Gómez, G., Martín-González, J. A., Espigares, M. P., Bermúdez de Castro, J. M., Martínez-Navarro, B., Arsuaga, J. L., & Palmqvist, P. (2024). From meat availability to hominin and carnivore biomass: A paleosynecological approach to reconstructing predator-prey biomass ratios in the Pleistocene. *Quaternary Science Reviews,* 328, 108474. https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2023.108474

Rodríguez-Gómez, G., Rodríguez-Hidalgo, A., Saladié, P., van der Made, J., Marín, J., Ollé, A., … Carbonell, E. (2025). Ecologically sustainable human exploitation of the Gran Dolina TD10.2 bison (Sierra de Atapuerca, Spain). *Scientific Reports,* 15, 23178. https://doi.org/10.1038/s41598-025-01928-w

Simmons, N. M., Bayer, M. B., & Sinkey, L. O. (1984). Demography of Dall's sheep in the Mackenzie Mountains, Northwest Territories. *The Journal of Wildlife Management*, 48(1), 156–162. https://doi.org/10.2307/3808463

Voorhies, M. R. (1969). Taphonomy and population dynamics of an early Pliocene vertebrate fauna, Knox County, Nebraska. In, *Contributions to Geology,* Special Paper 1, 1–69. University of Wyoming, Laramie, Wyoming, USA. https://doi.org/10.2113/gsrocky.8.special_paper_1.1