

PROPONOWANE ĆWICZENIA

1. Wpływ zagęszczenia na niektóre cechy roślin.

Do pojemników z ziemią ogrodniczą wysiać nasiona rzeżuchy (*Lepidium sativum*), owsa (*Avena sativa*) lub innej rośliny o szybkim wzroście, w zagęszczeniach znacznie różniących się od siebie. Dla rzeżuchy mogą to być na przykład zagęszczenia: 30, 100 i 300 nasion na 100 cm². Równocześnie wysiać na szalkach po 50 lub 100 nasion dla sprawdzenia ich żywotności. Gdy rośliny wykiełkują i nieco wyrosną — w przypadku rzeżuchy mniej więcej po tygodniu, a w przypadku owsa po około trzech tygodniach — policzyć wykiełkowane osobniki, wyjąć je z ziemi, odciąć nożyczkami korzeń, zważyć część nadziemną i zmierzyć jej długość. Obliczyć wartości średnie, odchylenia standardowe i współczynniki zmienności ciężaru i wysokości dla kolejnych prób. Otrzymane wyniki należy zestawić w tabeli zawierającej rubryki dla danych o: zagęszczeniu, liczbie wysianych nasion, liczbie zebranych okazów. Należy policzyć średnią, SD i CV dla obu tych wartości.

Na podstawie rezultatów i obliczeń spróbować odpowiedzieć na pytania: (1) Czy zaznaczył się wpływ zagęszczenia osobników na badane cechy roślin? (2) Czy wpływ ten jest tak samo wyraźny w przypadku wszystkich rozpatrywanych cech? (3) W przypadku których cech jest on silniejszy i dlaczego? (4) Jakie znaczenie teoretyczne i praktyczne mogą mieć wyniki przeprowadzonego doświadczenia? (5) Które z użytych parametrów statystycznych najlepiej ilustrują wpływ zagęszczenia na cechy roślin i dlaczego?

Przy liczniejszej grupie studentów można zwiększyć liczbę analizowanych prób, lub rozszerzyć doświadczenie uwzględniając próby z nasionami wysianymi równomiernie i losowo (por. rozdz. 2.3). Zamiast analizy doświadczenia przygotowanego w pracowni można przeanalizować niewielkie próby pobrane z naturalnych populacji, z miejsc o wyraźnie różnym zagęszczeniu. Do takich obserwacji najlepiej nadają się rośliny jednoroczne, jak na przykład gwiazdnica pospolita (*Stellaria media*), której populacje występują niekiedy na sporych powierzchniach, prawie bez udziału innych gatunków. Dla tego gatunku można uwzględnić także liczbę rozgałęzień i ich długość.

Ćwiczenie może polegać również na sporządzeniu i porównaniu szeregów rozdzielczych mierzonych cech. Przy małych zagęszczeniach rozkłady cech mają kształt zbliżony do symetrycznego, przy dużych zagęszczeniach rozkłady te są lewoskośne, podobnie jak w przypadku ciężaru roślin lnu, którego rozkłady przedstawiono na rysunku 2.5.1.

LITERATURA UZUPEŁNIAJĄCA

- Collier B.D., Cox G.W., Johnson A.W., Miller P.H.C., 1978: Ekologia dynamiczna. PWRiL, Warszawa.
- Czarnowski M.S., 1978: Zarys ekologii roślin lądowych. PWN, Warszawa.
- Harper J.L., 1977: Population biology of plants. Academic Press, London, New York, San Francisco.

2.6. WZROST LICZEBNOŚCI POPULACJI

Jan KOZŁOWSKI, Zbigniew DZWONKO

2.6.1. Wykładniczy i logistyczny wzrost liczebności

Liczebność poszczególnych populacji zmienia się w czasie, przy czym mogą to być wahania sezonowe lub wieloletnie. Na początku zajmiemy się opisem wzrostu populacji, które startują z małej liczebności, na przykład po zasiedleniu nowego terenu lub po dłuższym okresie niekorzystnych warunków klimatycznych (zima, susza, powódź itp.). Początkowo organizmy mają nadmiar zarówno pokarmu, jak i przestrzeni. Można więc uznać, że ich wzrost nie jest niczym ograniczony. W uproszczonej sytuacji, gdy wzrost populacji uznamy za proces ciągły, a populacja składa się z jednakowych osobników, tempo wzrostu liczebności jest proporcjonalne do aktualnej liczebności populacji (N). Zależność tę można wyrazić wzorem:

$$dN/dt = rN \quad (1)$$

Współczynnik przyrostu naturalnego (r) w populacji zamkniętej, to jest bez migracji, jest różnicą między współczynnikiem rozrodczości (b) i śmiertelności (d):

$$r = b - d \quad (2)$$

Przy nieograniczonych zasobach i przestrzeni jest on dla wszystkich organizmów większy od zera, a niekiedy, zwłaszcza dla organizmów drobnych (np. bakterii czy glonów), bardzo wysoki. Rozwiązanie równania różniczkowego (1) ma następującą postać:

$$N_t = N_0 e^{rt} \quad (3)$$

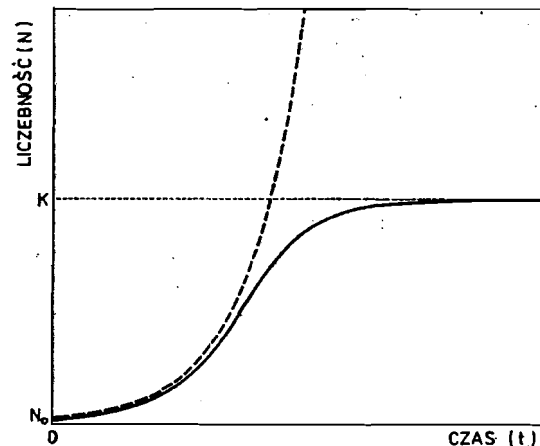
Symbol t oznacza czas, N_t — liczebność populacji po czasie t , N_0 — liczebność początkową, e — podstawę logarytmów naturalnych.

Równanie (3) opisuje wykładniczy wzrost liczebności populacji, przedstawiony na rycinie 2.6.1. Wzrost ten nie może trwać zbyt długo. Stosunkowo szybko każdy, nawet najwolniej rozmnażający się gatunek, pokryłby całą powierzchnię naszej planety. Przyczynami zahamowania wzrostu wykładniczego mogą być: wyczerpanie zasobów, brak przestrzeni, presja drapieżników, klęska żywiołowa, sezonowa zmiana warunków środowiska na tyle niekorzystna, że $b < d$, czyli $r < 0$.

Populacja zwiększająca swą liczebność zużywa stopniowo zasoby oraz wypełnia coraz dokładniej dostępną przestrzeń. W miarę wzrostu liczebności może pojawić się również wiele innych niekorzystnych czynników (np. wzrasta stężenie metabolitów). Aktualne tempo przyrostu naturalnego maleje więc z zagęszczeniem, co powoduje stopniowe zahamowanie wzrostu liczebności populacji. Zależności te próbuje się opisać równaniem logistycznym:

$$dN/dt = r(1 - N/K)N \quad (4)$$

w którym K — oznacza taką liczebność populacji, przy której wzrost jest całkowicie zahamowany; pozostałe symbole mają to samo znaczenie jak w równaniu (1). Aktualne tempo przyrostu naturalnego (na osobnika) jest iloczynem tempa maksymalnego r (występującego gdy po-



Ryc. 2.6.1. Wykładniczy (linia przerywana) i logistyczny (linia ciągła) wzrost liczebności populacji.

populacja jest mało liczna) i czynnika $(1 - N/K)$, zmierzającego do zera w miarę zbliżania się populacji do górnej swej asymptoty K . Zależność aktualnego tempa przyrostu naturalnego (na osobnika) i tempa wzrostu populacji od liczebności (N) przedstawiono na rycinie 2.6.2. Populacja rośnie najszybciej, gdy $N = K/2$.

Równanie (4) po scałkowaniu przyjmuje postać:

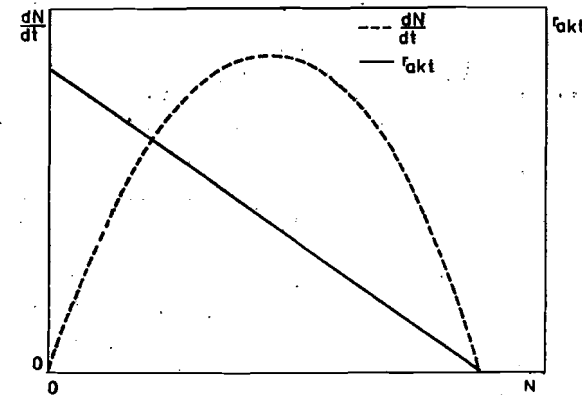
$$N_t = K / (1 + e^{\alpha - rt}) \quad (5)$$

gdzie: $\alpha = \ln(K - N_0)/N_0$; N_0 — liczebność początkowa.

Krzywą logistyczną o charakterystycznej „esowatej” formie przedstawiono na rycinie 2.6.1.

2.6.2. Wskaźnik reprodukcji netto

Równania (1) i (2) opisywały wzrost populacji, w których rozmnażanie miało ciągły charakter. W większości populacji naturalnych rozmnażanie jest jednak zjawiskiem sezonowym, przy czym organizmy mogą wydawać potomstwo wiele razy lub tylko raz w ciągu życia. W tym drugim przypadku poszczególne pokolenia nie zachodzą na siebie, jest więc łatwo wyliczyć wskaźnik zastępowania, zwany wskaźnikiem reprodukcji netto (R_0). R_0 jest to przeciętna liczba potomstwa żeńskiego



Ryc. 2.6.2. Zależność tempa wzrostu liczebności populacji dN/dt oraz aktualnego tempa przyrostu naturalnego w przeliczeniu na osobnika $r_{akt} = r(1 - N/K)$ od liczebności N , przy założeniu, iż wzrost liczebności ma charakter logistyczny.

w pokoleniu $T+1$, przypadająca na jedną samicę w pokoleniu T . Wskaźnik ten można wyliczyć ze wzoru:

$$R_0 = L F P \quad (6)$$

w którym L — oznacza prawdopodobieństwo, że osobnik nowo urodzony przeżyje do osiągnięcia dojrzałości (lub że z jaja albo nasienia rozwinię się osobnik, który dożyje do dojrzałości), F — jest to przeciętna liczba potomstwa rodzonego przez jedną samicę (lub liczba składanych jaj czy produkowanych nasion), P — frakcja samic w potomstwie. Jeśli założy się, że ilościowy stosunek obu płci pozostaje stały z pokolenia na pokolenie, liczebność populacji w pokoleniu $T+1$ można wyliczyć ze wzoru:

$$N_{T+1} = N_T R_0 \quad (7)$$

Jeśli znamy wyjściową liczebność populacji (N_0), jej liczebność w pokoleniu T będzie wynosić:

$$N_T = N_0 R_0^T \quad (8)$$

W populacjach ustabilizowanych, w których liczebność pozostaje stała, R_0 jest równe 1. Jeśli wskaźnik ten jest większy od jedności, liczebność populacji wzrasta w postępie geometrycznym, jeśli $0 < R_0 < 1$, liczebność zwierząt lub roślin będzie maleć w postępie geometrycznym.

Jako przykład wyobraźmy sobie gatunek zwierząt, w którym samica składa 1000 jaj ($F=1000$), przy czym wylęga się z nich połowa samców i połowa samic ($P=0,5$). Prawdopodobieństwo (L), że z jaja wylęgnie się młody osobnik i dożyje do okresu następnych godów, wynosi 0,005. Wskaźnik reprodukcji netto (według wzoru (6)) wynosi zatem:

$$R_0 = 0,005 \cdot 1000 \cdot 0,5 = 2,5$$

Jeśli liczebność początkowa wynosiła 100 osobników, w kolejnych pokoleniach (według wzoru 8) będzie następująca liczba zwierząt:

T	0	1	2	3	4	5	6	7	8
N_T	100	250	625	1563	3907	9766	24414	61035	152583

Stosunek N_{T+1}/N_T jest stały i wynosi 2,5 dla dowolnego T . Wzrost liczebności zwierząt jest początkowo powolny, później liczebność wzrasta lawinowo. Wynosi ona po 8 pokoleniach prawie 153 tysiące.

U roślin lub zwierząt rozmnażających się wielokrotnie w ciągu życia pokolenia będą na siebie nachodzić. Aby wyliczyć w takim przypadku R_0 należy znać: tabelę przeżywania, specyficzny dla wieku wskaźnik urodzeń, czyli przeciętną liczbę potomstwa rodzzonego przez samicę w wieku x (f_x) oraz frakcję samic w potomstwie (p_x). Z tabeli przeżywania (rozdz. 2.4) bierzemy liczbę samic dożywających do wieku x (l_x). Dane te należy tak przekształcić, aby l_0 było równe 1, a dalsze wartości l_x były mniejsze od jedności. Robi się to, dzieląc wszystkie wartości l_x przez l_0 . Tak przekształcone dane mówią o prawdopodobieństwie dożycia samicy do wieku x .

Specyficzny dla wieku wskaźnik urodzeń f_x jest zależny od gatunku. Przykładowe wartości dla sarn podano dalej, dane dla człowieka można znaleźć w roczniku statystycznym.

Frakcja samic w potomstwie (p_x) jest również zależna od gatunku, zwykle jednak zbliżona do 0,5.

Wskaźnik reprodukcji netto wyliczamy ze wzoru:

$$R_0 = \sum l_x f_x p_x$$

Za pomocą tak określonego R_0 , liczebność populacji można wyliczyć

ze wzorów (7) i (8). Przykład obliczania R_0 przy nachodzących na siebie generacjach daje tabela 2.6.1.

2.6.3. Analiza zmian liczebności populacji za pomocą macierzy

Wskaźnik reprodukcji netto pozwala przewidywać poprzez równania (7) i (8) zmiany liczebności populacji charakteryzujących się pewnymi zależnymi od wieku parametrami demograficznymi, o ile struktura wiekowa jest ustabilizowana. Ponadto w tych równaniach czas jest liczony w pokoleniach. Aby przejść na czas liczony w normalnych jednostkach, na przykład w latach, musimy znać czas trwania jednego pokolenia. Przybliżony sposób wykonania takich obliczeń podają MacArthur i Conell (1971).

Tabela 2.6.1.
Przykład wyliczenia wskaźnika reprodukcji netto (R_0) przy nachodzących na siebie generacjach.

Wiek	Prawdopodobieństwo dożycia do wieku x l_x	Specyficzny wskaźnik urodzeń f_x	Frakcja samic w potomstwie p_x	$l_x f_x p_x$
0	1,00	0,0	0,5	0,00
1	0,80	1,0	0,5	0,40
2	0,40	2,0	0,5	0,40
3	0,20	2,0	0,5	0,20
4	0,00	0,0	0,0	0,00
				$R_0 = 1,00$

Jeśli chcemy prognozować zmiany liczebności populacji organizmów o płodności i śmiertelności zależnej od wieku, zachodzące w czasie liczonym nie w pokoleniach lecz normalnych jednostkach, wygodniej jest użyć macierzy. Nie wymagają one założeń o ustabilizowanej strukturze wiekowej, są więc szczególnie użyteczne przy przewidywaniu krótkoterminowych zmian, na przykład z roku na rok. Dla tych, którzy nie zetknęli się dotychczas z macierzami podano w Dodatku 3 wiadomości z zakresu algebry macierzy, niezbędne dla zrozumienia dalszej części rozdziału.

W ekologii populacyjnej macierze zostały użyte po raz pierwszy w latach czterdziestych przez Levisa oraz niezależnie przez Lesliego, który zastosował je do przewidywania liczby samic w poszczególnych klasach wieku, w zależności od aktualnych liczebności. Wykorzystał on do tego następujące wyrażenie:

$$\begin{bmatrix} f_0 & f_1 & f_2 & \dots & f_{n-1} & f_n \\ p_0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & p_1 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p_2 & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \dots & p_{n-1} & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} n_{t,0} \\ n_{t,1} \\ n_{t,2} \\ n_{t,3} \\ \vdots \\ n_{t,n} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} n_{t+1,0} \\ n_{t+1,1} \\ n_{t+1,2} \\ n_{t+1,3} \\ \vdots \\ n_{t+1,n} \end{bmatrix} \quad (10)$$

gdzie f_x dla $x=0, 1, 2, \dots, n$ jest średnią liczbą potomstwa żeńskiego przypadającego na jedną samicę w wieku x , dożywającego do początku zerowej klasy wieku, a p_x dla $x=0, 1, 2, \dots, n-1$ jest prawdopodobieństwem, że samica będąca w klasie wieku x dożyje do wieku $x+1$ i znajdzie się w klasie wieku $x+1$. Przyjmuje się, że $p_x = L_{x+1}/L_x$, gdzie L jest przybliżoną liczbą osobników dożywających do połowy klasy wiekowej (patrz rozdz. 2.4); p_x określa zatem frakcję osobników dożywających do połowy następnego przedziału wieku. Wektor $\tilde{n}_t$ przedstawia liczby osobników w klasach wiekowych w czasie t , natomiast wektor $\tilde{n}_{t+1}$ zawiera liczebności osobników w klasach wieku w czasie $t+1$.

Przedstawione wrażenie można zapisać w skrócie jako $M\tilde{n} = \tilde{n}_{t+1}$. Macierz M bywa nazywana macierzą projekcji.

Kolejne mnożenia wektorów przez macierz o stałych wartościach płodności i prawdopodobieństwach przeżywania, pozwalają przewidzieć liczby osobników w poszczególnych klasach wieku po kolejnych odstępach czasu. Można to przedstawić na przykładzie populacji samic, w której na jednego osobnika w kolejnych klasach wieku przypadają: 0, 1, 2 i 2 samice potomne, a prawdopodobieństwa przeżycia są takie jak w macierzy poniżej. Zakładając, że populacja początkowa liczy 100 osobników w zerowej klasie wieku, można wykonać następujące obliczenia:

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 2 & 2 \\ 0,8 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0,5 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0,25 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 100 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 80 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Jeżeli jednostką czasu jest jeden rok, to po roku populacja będzie złożona z 80 osobników w pierwszej klasie wieku. Kontynuując obliczenia otrzymujemy:

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 2 & 2 \\ 0,8 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0,5 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0,25 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 \\ 80 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 80 \\ 0 \\ 40 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 2 & 2 \\ 0,8 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0,5 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0,25 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 80 \\ 0 \\ 40 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 80 \\ 64 \\ 0 \\ 10 \end{bmatrix} \quad \text{itd.}$$

Liczebność osobników w klasach wieku po k okresach można obliczyć wykorzystując także równanie $\tilde{n}_{t+k} = M^k \tilde{n}_t$.

W przedstawionym przykładzie jednostką czasu był 1 rok. Przy konstruowaniu macierzy można przyjąć dowolną jednostkę czasu — taką, w której najdogodniej jest charakteryzować zmiany liczebności danej populacji, lub taką, która jest w danym przypadku także jednostką cyklu życiowego. Należy tylko pamiętać, aby wszystkie przedziały wiekowe były równej długości.

Skończone tempo wzrostu liczebności określa dominująca wartość własna macierzy projekcji — λ_m , a związany z nią wektor przedstawia stały rozkład wieku. Parametr λ_m mówi, ile razy wzrasta liczebność populacji w ustalonym okresie czasu, gdy jej rozkład wiekowy jest stały. Innymi słowy, mówi on z jakim maksymalnym tempem może populacja zmieniać swą liczebność po osiągnięciu stałego rozkładu wieku, przy tych wartościach płodności i prawdopodobieństwach przeżywania, które zawarte są w macierzy projekcji.

Współczynnik przyrostu naturalnego r , znany z równania wzrostu wykładniczego, związany jest ze skończonym tempem wzrostu poprzez równość $r = \ln \lambda_m$, gdzie $\ln$ jest logarytmem naturalnym. Zależność ta jest prawdziwa dla populacji o stałym rozkładzie wieku. Parametr λ_m jest wskaźnikiem analogicznym do wskaźnika reprodukcji netto (R_0). Skończone tempo wzrostu dotyczy przy tym jednego przedziału czasu mierzonego w jednostkach normalnych, podczas gdy R_0 odnosi się do przedziału czasu równego średniej długości życia jednego pokolenia. Ze względu na żmudność obliczeń parametr λ_m dla dużych macierzy wyliczamy z pomocą maszyn cyfrowych.

Korzystając z wyrażenia (10) można prześledzić zmiany liczebności w klasach wiekowych, gdy nic nie ogranicza wzrostu populacji. W takich przypadkach populacja osiąga z reguły dość szybko skończone tempo wzrostu i stały rozkład wiekowy. Często, już po kilku lub kilkunastu mnożeniach danego wektora przez macierz projekcji można otrzymać rozkład bardzo zbliżony do stałego rozkładu wiekowego, podczas gdy stosunek liczebności populacji w dwóch kolejnych odstępach czasu będzie bardzo zbliżony do skończonego tempa wzrostu. Liczba mnożeń jaką należy przy tym wykonać zależy od wartości zawartych w macierzy projekcji i od wyjściowej struktury wiekowej. Przy wysokiej śmiertelności w młodszych grupach wieku występują większe wahania liczebności populacji, a stały rozkład wieku populacja osiągnie po odpowiednio dłuższym czasie. Opisane postępowanie może być wy-

korzystane do szacowania skończonego tempa wzrostu i stałego rozkładu wiekowego w przypadku niewielkich macierzy. Dokładność wyliczeń będzie tym większa im mniejsze zmiany w proporcjach rozkładu wiekowego i w stosunku liczebności populacji dla dwóch kolejnych odstępów czasu wystąpią po kolejnym mnożeniu wektora przez macierz.

Inne zastosowania macierzy w ekologii populacyjnej, związane z modyfikacją wyrażenia (10) można znaleźć w Dodatku 3.

PROPONOWANE ĆWICZENIA

1. Symulacja logistycznego wzrostu populacji

Symulację taką można przeprowadzić w pudełku, na którego dnie znajduje się pewna liczba zagłębień (np. 112) (ryc. 2.6.3). Linie wyrysowane na dnie pudełka łączą zagłębienia w pary. Każde zagłębienie posiada odrębne współrzędne, zaznaczone na brzegu pudełka. Zwierzęta mogą być symbolizowane przez kulki szklane lub metalowe.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
2	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
3	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
4	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
5	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
6	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
7	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
8	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○

Ryc. 2.6.3. Schemat pudełka, służącego do symulowania logistycznego wzrostu populacji.

Na początku wrzucamy do pudełka 5 kulek i pozwalamy rozmieścić się im losowo przez potrząsanie pudełkiem. Następnie symulujemy śmiertelność za pomocą liczb losowych wyznaczamy współrzędne stałej liczby pól (np. 10): jeśli znajdują się na nich kulki, usuwamy je. Symulację rozmnażania przeprowadzamy według następujących reguł, rozpatrując pary pól: (1) jeśli oba są zajęte, zwierzęta nie rozmnażają się wskutek lokalnego przegęszczenia, (2) jeśli w parze pól znajduje się tylko jedna kulka, zwierzę się rozmnaża, to jest dokładamy drugą kulkę. Po rozpatrzeniu wszystkich pól liczymy kulki, rozmieszczamy je losowo w pudełku i powtarzamy symulację śmiertelności i rozmnażania. Grę prowadzimy aż do ustalenia się stanu, gdy liczebność będzie utrzymywać się na mniej więcej stałym poziomie.

Wyniki doświadczenia można przedstawić graficznie: (1) liczebność jako funkcja czasu (w poszczególnych „chwilach”), (2) przyrosty liczebności jako funkcja liczebności populacji. Z zakresu (1) można odczytać wartość współczynnika K ; z rysunku (2) odczytujemy liczebność, przy której tempo wzrostu populacji, czyli przyrosty jej liczebności, jest największe.

Grę można przeprowadzić kilka razy od początku, aby stwierdzić, jaki jest wpływ czynników losowych na dynamikę liczebności populacji.

2. Obliczanie wskaźnika reprodukcji netto

Jako przykłady wyliczania wskaźnika reprodukcji netto mogą służyć następujące zadania: (A) Wylicz wskaźnik reprodukcji netto R_0 dla populacji owadów, których samice składają 20 000 jaj (połowa z nich to osobniki żeńskie, połowa męskie), a prawdopodobieństwo dożycia do dojrzałości wynosi 0,001. Zagęszczenie początkowo wynosiło 10 osobników/drzewo. Po ilu latach trzeba będzie zastosować chemiczne środki owadobójcze, jeśli owady te są groźne przy zagęszczeniu większym niż 5000 os./drzewo? Ile razy należałoby zmniejszyć liczbę składanych jaj poprzez stosowanie sterylizujących środków chemicznych, aby liczebność tych zwierząt nie mogła wzrastać?

(B) Wylicz R_0 dla populacji sarn, badanych w rozdziale 2.4, korzystając z następujących dodatkowych danych:

Wiek (lata) x	Liczba potomstwa f	Frakcja samic w potomstwie p_x
0	0,0	0,5
1	1,5	0,5
2	1,8	0,5
3	2,0	0,5
4	2,0	0,5

Jakich zmian liczebności tej populacji należy się spodziewać? Jak zmienić sposób odstrzału, by zapewnić utrzymywanie się liczebności na stałym poziomie?

3. Obliczanie skończonego tempa wzrostu i stałego rozkładu wiekowego populacji

Wylicz skończone tempo wzrostu i stały rozkład wiekowy dla przedstawionej w tekście macierzy projekcji przyjmując, że populacja inicjalna o liczebnościach w kolejnych klasach wieku: 84, 64, 32, 0, osiągnie te parametry po 6 latach. Sprawdź dokładność wyliczeń, porównując otrzymane tempo wzrostu z tempem wyliczonym po jeszcze jednym mnożeniu wektora przez macierz, porównaj również proporcje otrzymanego rozkładu wiekowego z proporcjami rozkładu występującego po 7 latach.

LITERATURA CYTOWANA I UZUPEŁNIAJĄCA

1. Collier B.O., Cox G.W., Johnson A.W., Miller P.H.C., 1978: Ekologia dynamiczna. PWRiL, Warszawa.
2. MacArthur R., Connell J., 1971: Ekologia populacji. PWRiL, Warszawa.
3. Odum E.P., 1982: Podstawy ekologii. PWRiL, Warszawa.
4. Pielou E., 1977: Mathematical ecology. John Wiley and Sons. New York, London, Sydney, Toronto.
5. Poole R.W., 1974: An introduction to quantitative ecology. Mc Graw-Hill, Kogakusha, Ltd., Tokyo.