



# UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO

## ESCUELA DE POSGRADO MAESTRÍA EN ECOLOGÍA



### TESIS

#### ESTIMACIÓN DE LA VIABILIDAD PÓBLACIONAL DE *Rhea Pennata* SURI, EN EL SUR DEL PERÚ

PRESENTADA POR:

DIANA FELICITAS BELTRÁN FARFÁN

PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:

MAGISTER SCIENTIAE EN ECOLOGÍA

MENCIÓN EN ECOLOGÍA Y GESTIÓN AMBIENTAL

PUNO, PERÚ

2021



## DEDICATORIA

*A Mariel y Antonela, mis amadas hijas, mis razones de cada respiro, mi inspiración, mi fortaleza, mi fortuna, mi luz de cada día.*

*A Alis, mi motivación para ser fuerte y alcanzar mis sueños.*

*A Ricardo y Amelia, mis padres, que siempre me sostienen, me dan fuerza, me apoyan, me cuidan, me guían. Su ejemplo, amor y dedicación incondicional, son mi motivación y fuerza.*

*A Arthur, quien me cuida, me motiva y me apoya en cada paso, siempre dando lo mejor para nuestra familia.*

*A mi hermano y su familia, con la que siempre cuento.*

*Gracias por siempre.*

## AGRADECIMIENTOS

- Especialmente a mi asesor y guía en la presente investigación, Dr. Willy Maldonado Chambi, por su paciencia y apoyo, por siempre compartir sus valiosos conocimientos, por ser un gran maestro y amigo.
- Al Proyecto Especial Binacional lago Titicaca (PEBLT), por otorgarme la Carta N° 132-2018-MINAGRI-PEBLT/DE, mediante la cual, se me otorgo el apoyo necesario para el desarrollo de mi proyecto de investigación, brindándome las facilidades para acceder a la información que producen en los Módulos del Centro de Conservación de *Rhea pennata*, además, por facilitarme el contacto y comunicación con sus profesionales, quienes siempre estuvieron dispuestos a apoyarme brindando sus conocimientos e información.
- A la Administración Técnicas Forestal y de Fauna Silvestre (ATFFS) Puno, del Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre (SERFOR), por brindarme la información requerida y el apoyo de sus profesionales, principalmente la Ing. Yoisi Pari, quien con la mejor disposición me brindo la información solicitada y me acompañó y fue guía en campo.
- Al Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre (SERFOR) por otorgarme la Resolución de Dirección General N° 240-2019-MINAGRI-SERFOR-DGGSPFFS, mediante la cual, se me otorga la autorización con fines de investigación científica sin colecta de fauna silvestre fuera de Áreas naturales protegidas (código de Autorización N° AUT-IFS-2019-044).
- A mis entrevistados, los profesionales, especialistas y pobladores de la zona: Dr. Dante Ramírez, Ing. Luis Flores Cuba, Blgo. Jose Luis Vilca, Ing. Martin Andres Zambrano Pinto, Felix Pacoticona, Hugo Colque Choqueta, Santos Zacarías Tuco Cantuta., quienes mostraron la mejor disposición durante cada entrevista, brindándome sus valiosos aportes, opiniones y conocimientos.
- Asimismo, al Veterinario Plinio Goyzueta Camacho, responsable del Tambo Capaso, que nos recibió y facilito el hospedaje en campo con muy buena disposición.
- A mis jurados, Dr. Marcelino Jorge Aranibar Aranibar, Dr. Edmundo Moreno Terrazas, Dr. Nicanor Bravo Choque y M.Sc. Gilmar Goyzueta Camacho, gracias a sus aportes y exigencias que me permitieron mejorar la estructura, fundamento y contenido de la tesis.



- A la Maestría en Ecología de la Escuela de Post Grado de la Universidad Nacional del Altiplano, por consolidar y fortalecer mis conocimientos en el campo de la Ecología y Gestión Ambiental.



## ÍNDICE GENERAL

	<b>Pág.</b>
DEDICATORIA	i
AGRADECIMIENTOS	ii
ÍNDICE GENERAL	iv
ÍNDICE DE TABLAS	vi
ÍNDICE DE FIGURAS	vii
ÍNDICE DE ANEXOS	viii
RESUMEN	ix
ABSTRACT	x
INTRODUCCIÓN	1

### CAPÍTULO I

#### REVISIÓN DE LITERATURA

1.1 Marco teórico	4
1.1.1 Rhea pennata	4
1.1.2 Biología de la Conservación	4
1.1.3 Análisis de viabilidad poblacional	5
1.1.4 Riesgo de extinción de especies	6
1.1.5 Pérdida de variabilidad genética	7
1.1.6 Tamaño mínimo viable y tamaño efectivo de la población	8
1.2 Antecedentes	9
1.2.1 Distribución y hábitat	10
1.2.2 Biología reproductiva	11
1.2.3 Porcentaje de mortalidad por etapas reproductivas	13
1.2.4 Proporción de sexos	14
1.2.5 Grupo etario en cautiverio	14
1.2.6 Situación poblacional	14
1.2.7 Población en el centro de conservación del PEBLT	16
1.2.8 Amenazas y estado de conservación de Rhea pennata	17
1.2.9 Viabilidad poblacional y tamaño mínimo viable de <i>Rhea pennata</i>	18
1.2.10 Viabilidad poblacional en otras especies (mamíferos y aves)	18
1.2.11 Repoblamiento de <i>Rhea pennata</i> y otras especies	21



## CAPÍTULO II

### PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

2.1 Identificación del problema	27
2.2 Enunciados del problema	28
2.1.1 Interrogante general	28
2.2.2 Interrogantes específicas	29
2.3 Justificación	29
2.4 Objetivos	30
2.4.1 Objetivo general	30
2.4.2 Objetivos específicos	30
2.5 Hipótesis	30
2.5.1 Hipótesis general	30
2.5.2 Hipótesis específicas	30

## CAPÍTULO III

### MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Lugar de estudio	32
3.2 Población	34
3.3 Muestra	34
3.4 Método de investigación	34
3.5 Descripción detallada de métodos por objetivos específicos	34
3.5.1 Metodología para el objetivo 1	34
3.5.2 Metodología para el objetivo 2	50
3.5.3 Materiales	51

## CAPÍTULO IV

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 Estimación de los efectos de los factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos sobre la viabilidad poblacional de <i>Rhea pennata</i> , en el sur de Perú.	53
4.2 Tamaño mínimo viable de <i>Rhea pennata</i> , en el sur de Perú.	60
CONCLUSIONES	63
RECOMENDACIONES	64
BIBLIOGRAFÍA	65
ANEXOS	71

Puno, 12 de Marzo del 2021

**ÁREA:** Ecología y gestión ambiental

**TEMA:** Estimación de la viabilidad poblacional de *Rhea pennata* suri, en el sur del Perú

**LÍNEA:** Recursos Naturales y Mecidio ambiente

v



## ÍNDICE DE TABLAS

	<b>Pág.</b>
1. Población de suris en los módulos del centro de conservación del PEBLT	16
2. Avistamientos de <i>Rhea pennata</i> reportados en eBird	36
3. Descripción de variables objetivo 1	37
4. Datos de los censos 2008 y 2016	48
5. Disponibilidad de hábitat para <i>Rhea pennata</i> (SERFOR, 2015)	48
6. Datos poblacionales y de biología reproductiva utilizados en VORTEX 9.6 para el modelo base de <i>Rhea pennata</i>	49
7. Descripción de los escenarios de modelación para <i>Rhea pennata</i>	50
8. Descripción de variables objetivo 2	51



## ÍNDICE DE FIGURAS

	<b>Pág.</b>
1. Las pequeñas poblaciones son vulnerables a las variaciones demográficas, ambientales y genéticas (deriva genética) y actividades humanas que terminan por extinguir las.	7
2. Mapa de puntos de avistamientos de <i>Rhea pennata</i> entre el 2019 y el 2020	33
3. Ecuación utilizada en el modelo base para estimar la densodependencia en el porcentaje de hembras reproductoras. porcentaje de hembras reproductoras = $(90 - ((90 - 70) * ((N/K)^{20}))) * (N / (0 + N))$ ecuación en el programa VORTEX 9.6.	44
4. Tasa de crecimiento poblacional del <i>rhea pennata</i> bajo los escenarios: disminución en la reproducción de adultos, recolección de huevos, nevada, endogamia, manejo de hábitat, disminución de la mortalidad en la primera clase de edad y repoblamiento	54
5. Probabilidad de persistencia de <i>rhea pennata</i> al termino de 100 años de simulación bajo el escenario de recolección de huevos y menor reproducción de adultos.	55
6. Probabilidad de persistencia de <i>rhea pennata</i> al termino de 100 años de simulación bajo el escenario de consanguinidad: endogamia en 50 individuos, endogamia en 350 individuos.	56
7. Análisis de sensibilidad para parámetros inciertos en el modelo base de la población de <i>Rhea pennata</i>	58
8. Probabilidad de persistencia de <i>Rhea pennata</i> al termino de 100 años de simulación bajo los escenarios: manejo de hábitat, disminución de mortalidad en la primera clase de edad y repoblamiento	61





## ÍNDICE DE ANEXOS

	<b>Pág.</b>
1. Resultados de las entrevistas	71
2. Galería fotográfica	77
3. Autorizaciones de investigación científica (PEBLT Y SERFOR)	81
4. Parametros de entrada y salida para el software vortex 9.6	87

## RESUMEN

*Rhea pennata*, es una especie en peligro de extinción a nivel nacional e internacional, se ha estimado un tamaño poblacional de 350 individuos en Perú, por lo que, es importante determinar su viabilidad poblacional en el largo plazo. En ese sentido, la presente investigación tuvo como objetivo: estimar la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, al sur del Perú en 100 años de simulación. La metodología que se utilizó es el análisis de viabilidad poblacional mediante el software VORTEX 9.6, modelando diferentes escenarios que permitieron determinar la tasa anual de crecimiento poblacional de *Rhea pennata* bajo el efecto de factores antropogénicos, demográficos, ambientales y genéticos. Los resultados del modelo base señalan que la población de *Rhea pennata* con 350 individuos no es viable en el largo plazo, la tasa de crecimiento poblacional es negativa ( $r = -0.11$ ). Los factores demográficos y ambientales afectaron de manera negativa el crecimiento poblacional, acelerando el riesgo de extinción (paso de  $r = -0.11$  a  $r = -0.18$ ). El efecto de la endogamia acelera la probabilidad de extinción, alrededor de los próximos 50 años. En conclusión, el tamaño mínimo viable solo se lograría a través de un programa de repoblamiento, complementado con medidas de manejo de *Rhea pennata* y la conservación y disponibilidad de su hábitat.

**Palabras clave:** Conservación, endogamia, extinción, simulación, *Rhea pennata*, viabilidad poblacional, VORTEX.

## ABSTRACT

*Rhea pennata*, is a nationally and internationally endangered species. Its total population size has been estimated in Peru around 350 individuals therefore, it is important to determine its long-term population viability. In this sense, the present investigation sought to answer the following question: Will the population of *Rhea pennata* be viable in the next 100 years? The purpose in this research was to estimate the population viability of *Rhea pennata* in southern Peru in 100 years of simulation. The methodology used was the analysis of population viability using the VORTEX 9.6 software by modeling different scenarios that allow determining the population growth rate of *Rhea pennata* under the effect of anthropogenic, demographic, environmental and genetic factors. The base model results indicate that the population of *Rhea pennata*, with 350 individuals, is not viable in the long term, the population growth rate is negative ( $r = -0.11$ ). Demographic and environmental factors affected negatively population growth, accelerating the risk of extinction ( $r = -0.11$  to  $r = -0.18$ ). Added to the effect of inbreeding on the population, the probability of extinction is around 50 years. The minimum viable size would only be achieved through a repopulation program complemented by *Rhea pennata* management measures and the conservation of its habitat.

**Keywords:** Conservation, extinction, inbreeding, population, *Rhea pennata*, simulation, viability, VORTEX.

## INTRODUCCIÓN

Actualmente la pérdida de biodiversidad está afectando enormemente al planeta, y es el hombre el principal inductor por causa de la creciente expansión numérica y consecuente incremento de demanda de recursos, generando la extinción de especies. Las principales amenazas para la biodiversidad son: fragmentación de hábitat, contaminación ambiental, cambio climático, sobre extracción, comercio e introducción de especies, además para muchas especies lo que sabemos es poco o es únicamente información sobre su presencia, por lo que aspectos básicos como la dinámica poblacional, ecología, requerimientos de hábitat, reproducción, genética, entre otros, resultan temas aún desconocidos. Esto hace complejo evaluar el estado de conservación de una especie, así como las estrategias para su conservación en hábitat natural. La Lista Roja de Especies Amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), señaló que hasta el 2017 el 28.5% de las especies conocidas a nivel mundial están en peligro de extinción.

En América del Sur, de 14 060 especies evaluadas bajo los criterios de la Lista Roja, 4445 se encuentran como amenazadas de extinción; es decir, casi el 32% de las especies evaluadas (UINC, 2008). En el Perú, según el Libro rojo del Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre (SERFOR, 2018a) se obtuvo un listado de 64 especies categorizadas en peligro crítico; 122 en peligro; 203 en la categoría vulnerable; 103 casi amenazadas y 43 con datos insuficientes.

A medida que el tamaño de las poblaciones se reduce, surgen amenazas para su estabilidad y persistencia en el tiempo, pudiendo llegar a la extinción local; sin embargo, la reducción de las poblaciones no siempre termina con la extinción, logrando recuperarse y mantenerse. Ante ello surge la necesidad de caracterizar la viabilidad poblacional a largo plazo de las especies en riesgo de extinción. Se han creado múltiples enfoques para la conservación de la diversidad y establecer programas de manejo, pero para ponerlos en práctica es necesario definir y evaluar los factores que influyen en la reducción de las poblaciones, y centrar o direccionar adecuadamente los esfuerzos para la conservación de las especies.

Uno de los modelos de mayor confiabilidad y usado cada vez con mayor frecuencia en biología de la conservación, es el análisis de viabilidad poblacional (AVP), es un método que incorpora información sobre el estado actual de una especie y predice las oportunidades para la supervivencia a largo plazo o calcular el riesgo de extinción, y sus

resultados pueden ser utilizados para proponer estrategias de conservación y manejo para las especies o su hábitat. Un AVP consiste básicamente en la construcción de un modelo matemático que evalúa los factores que pueden tener influencia sobre el declive de una población, proporcionando información sobre cómo el manejo adecuado puede invertir la tendencia negativa de la población actuando sobre los factores que la provocan (Maldonado, 2016).

*Rhea pennata*, es una especie que se distribuye en el altiplano andino del Perú, Bolivia, Chile y Argentina, está amenazada de extinción, por lo cual está amenazada; en Perú, se encuentra en la zona altoandina de Puno, Moquegua y Tacna, sobre los 4500 msnm. A nivel internacional está protegida en la Lista roja de especies de la UICN categorizada como Casi amenazada y está incluido en el Apéndice I de la convención CITES. A nivel nacional en el Decreto Supremo N° 004-2014-MINAGRI y el Libro Rojo (SERFOR, 2018a), se encuentra categorizada En Peligro Crítico (CR). Según reportes del II Censo Nacional del Suri, en las regiones Tacna, Moquegua y Puno, se estima la cifra de 350 individuos (98 individuos en Puno, 178 individuos en Tacna y 74 individuos en Moquegua) (SERFOR, 2016); la caza furtiva, recolección de huevos y disminución de hábitat son las principales amenazas, además se considera que existe una probable reducción de su variabilidad genética. Por lo que, una población tan reducida, que sufre de amenazas, podría no ser viable en los próximos años.

Ante esto, en la actualidad, se vienen realizando diversos esfuerzos para la conservación y recuperación de la población de *Rhea pennata* mediante el centro de conservación del Proyecto Especial Binacional del Lago Titicaca, áreas de conservación privada de Taypipiña y Checca, y el área de conservación regional Vilacota-Maure, además en el año 2015 el estado Peruano trabajó en políticas de conservación, es así que se aprobó el plan nacional de conservación del Suri (2015-2020), documento que reconoce la importancia de desarrollar conocimiento *in situ* y *ex situ* que permita establecer mecanismos de recuperación, es así que en el Objetivo específico 2, Línea de acción 3 (Manejo en libertad) señala realizar el análisis de viabilidad poblacional, como una tarea específica con la finalidad de poder predecir el incremento o declive poblacional.

En ese marco, el presente estudio, busca conocer y entender la viabilidad de la población de *Rhea pennata* en los próximos 100 años, por lo cual para el desarrollo del estudio se planteó el siguiente objetivo general: Estimar la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur de Perú en 100 años de simulación. En ese sentido, la presente investigación se



ejecutó mediante la recolección de información de factores demográficos, ambientales y genéticos de *Rhea pennata*, y salidas de campo, obteniendo datos e información que fue analizada utilizando el software VORTEX 9.6, obteniendo así, información clave sobre la tendencia del crecimiento poblacional de *Rhea pennata*, evaluando los factores que influyen en la variación poblacional bajo diferentes escenarios. Estos resultados permitirán plantear medidas para su conservación y recuperación poblacional.

## CAPÍTULO I

### REVISIÓN DE LITERATURA

#### 1.1 Marco teórico

##### 1.1.1 *Rhea pennata*

*Rhea pennata*, Suri es el ave más grande de Perú, sin capacidad de vuelo, en contraposición posee los miembros posteriores muy desarrollados que le permite desplazarse a gran velocidad, desarrollando velocidades de hasta 60 Km/hora; llega a medir en total un promedio 1,5 m. y 1 m de las patas al lomo, con un peso promedio al estado adulto, de 25 Kg en hembras y en machos 26 Kg. Presenta una coloración gris parduzca con manchas blancas, adaptada para mimetizarse en su hábitat (PEBLT, 2017).

*Rhea pennata* es una especie exclusiva de Sudamérica y la de mayor tamaño en este continente. Junto a los avestruces africanas, los emúes australianos, los casuarios neoguineanos y los kiwis neozelandeses, forman parte de un grupo de aves corredoras y no voladoras conocidas como rátidas o ratites (Bolkovic & Radamori, 2006). Aunque CITES considera al *Rhea pennata* dentro del género *Pterocnemia*, Sibley & Monroe (1990) fusionaron al género dentro de *Rhea*, clasificación que es usada por (MINAM, 2014) y (SERFOR, 2015).

##### 1.1.2 Biología de la Conservación

La biología de la conservación es una rama de la ecología, cuyo fin es, mantener en el tiempo la diversidad biológica a nivel genético, específico y ecosistémico, abordando los problemas relacionados con la pérdida de la variabilidad genética y por

ende de la biodiversidad, asociados a la disminución de la cantidad de las poblaciones, los riesgos de la endogamia y la hibridación (Soule & Wilcox, 1980).

La Biología de la conservación puede comprenderse como la respuesta de la comunidad científica a la crisis actual de la biodiversidad (Primack *et al.*, 2002). Los objetivos principales de la biología de la conservación son: Investigar y describir la biodiversidad, entender los efectos de las actividades humanas sobre las especies, comunidades y ecosistemas, y desarrollar métodos interdisciplinarios prácticos encaminados a la protección y recuperación de la biodiversidad (Primack & Ros, 2002).

Los métodos más frecuentemente empleados en la recuperación de especies amenazadas son el uso de modelos de viabilidad poblacional, los programas de cría en cautiverio y reintroducción y la evaluación de los requerimientos de hábitat (Cassini, 1999).

### **1.1.3 Análisis de viabilidad poblacional**

Muchos autores usan el análisis de población viable o APV (Soulé, 1987; Boyle, 1992; citados en Rioja-Paradela *et al.*, 2013), el cual también tiene la finalidad de calcular el riesgo de extinción, pero puede ser construido a partir de aquellos datos que se observaron directamente en campo, y no requiere de modelos con ecuaciones complicadas y datos abstractos, aunque también pueden ser introducidos al análisis. Adicionalmente, el análisis puede ser utilizado para estimar las probabilidades de sobrevivencia de una población bajo diferentes condiciones ambientales y de manejo, utilizando información sobre su historia de vida así como sobre la influencia de factores ambientales e incluso antropogénicos (Miller & Lacy, 2005).

Tiene la finalidad de calcular el riesgo de extinción, pero puede ser construido a partir de aquellos datos que se observaron directamente en campo, y no requiere de modelos con ecuaciones complicadas y datos abstractos. Adicionalmente, el análisis puede ser utilizado para estimar las probabilidades de sobrevivencia de una población bajo diferentes condiciones ambientales y de manejo, utilizando información sobre su historia de vida, así como sobre la influencia de factores ambientales e incluso antropogénicos (Miller & Lacy, 2005)



El análisis de viabilidad poblacional, usa los modelos poblacionales como una manera ordenada de predecir el tamaño de una población en el futuro y brinda información importante sobre como las diferentes opciones de manejo podrían alterar la persistencia de las especies en el tiempo, siendo una herramienta útil para hallar el riesgo de extinción, pudiendo además medir cuando una población es muy pequeña para ser ecológicamente funcional (Lugo *et al.*, 2016).

Los análisis de viabilidad poblacional, son frecuentemente usados para estimar poblaciones viables, es decir, el tamaño poblacional meta que representa el menor tamaño de la población que se requiere para que esta pueda persistir en el largo plazo (generalmente más de 100 años o cuarenta generaciones), con un margen de probabilidad del 90 o 95%, un análisis realizado a 1198 especies sobre poblaciones mínimo viables de halló que el valor de la mediana era de alrededor de 1400 individuos, aunque con gran dispersión entre las diferentes especies. Estas directrices generales son importantes porque nos muestran la magnitud necesaria de los tamaños poblacionales (por lo general  $> 1000$ ), y porque nos proveen puntos de referencia cuando no se dispone de estudios de análisis de viabilidad poblacional para especies puntuales (Sanderson, 2007).

No se conocen casos de extinción en poblaciones de 1000 individuos. Para poblaciones de 100 parejas, existe un 90% de probabilidad de persistencia por más de 80 años. En poblaciones de más de 50 parejas, se esperaría que pudieran persistir 75 años o más, dependiendo de las condiciones del ambiente. Los cálculos hechos para estimar riesgo de extinción, consideran a poblaciones aisladas en ausencia de cambios ambientales (Thomas, 1990). Otros estudios, reafirman que, solo poblaciones de entre 1000 y 10 000 individuos pueden asegurar su persistencia a largo plazo (Maffe y Carroll, 1994, citado en Jiménez-Sierra *et al.*, 2009).

#### **1.1.4 Riesgo de extinción de especies**

Las pequeñas poblaciones están sujetas a una rápida disminución en el número y la extinción local se da por tres principales razones: (1) problemas genéticos debido a la pérdida de variabilidad genética, endogamia, pérdida de heterocigosidad y deriva genética. (2) fluctuación demográfica debido a la variación al azar en las tasas de natalidad y de mortalidad. (3) fluctuaciones ambientales debido a la variación en la

predación, competencia, enfermedades, abastecimiento de alimento y catástrofes naturales resultado de eventos aislados que ocurren en intervalos irregulares.

Las poblaciones pequeñas son más propensas a la extinción, ya que los factores estocásticos (tanto genéticos como demográficos, ambientales y catástrofes) aceleran su decline y las llevan a los llamados vórtices de extinción (Primack *et al.*, 2001, Frankham *et al.*, 2002, citados en Rocha & Gasca, 2014). Éstos se inician cuando las poblaciones son pequeñas, demográficamente inestables y tienen niveles altos de endogamia; la disminución poblacional aumenta la depresión por endogamia y la susceptibilidad a eventos estocásticos reduciendo aún más el tamaño poblacional, y así sucesivamente hasta llegar a la extinción (Figura 1).

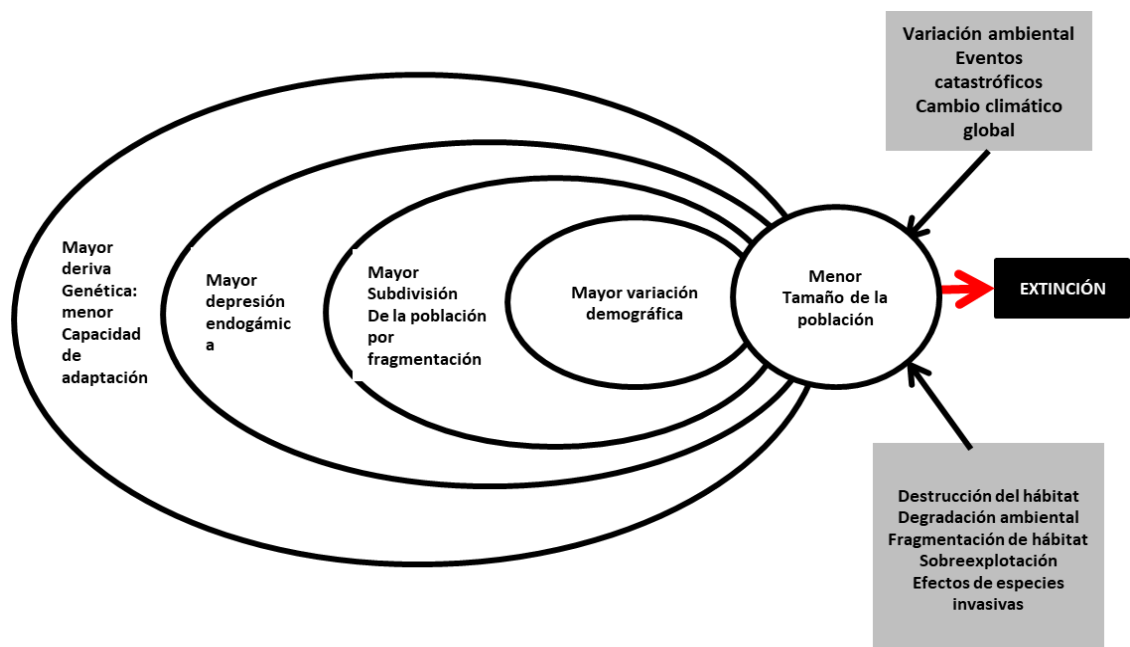


Figura 1. Las pequeñas poblaciones son vulnerables a las variaciones demográficas, ambientales y genéticas (deriva genética) y actividades humanas que terminan por extinguirlas.

Fuente: Primack, 1993.

### 1.1.5 Pérdida de variabilidad genética

En poblaciones con baja diversidad genética, el riesgo de extinción aumenta debido a su potencialmente limitada capacidad para responder a los cambios en su entorno (Tammone, 2016). Cuando las poblaciones son pequeñas hay riesgo de que los individuos sufran efectos de la depresión por endogamia, puesto que al reducirse una

población aumenta la probabilidad de que la población tenga depresión por endogamia. La endogamia provoca que la población disminuya y que haya un aumento de susceptibilidad a fluctuaciones estocásticas que podrían llevarla a la extinción (Amos & Balmford, 2001; Reed *et al.*, 2003; Gilpin & Soulé, 1986, citados en Rodríguez-Matamoros *et al.*, 2012).

La endogamia afectó de forma negativa la probabilidad de persistencia, la tasa de crecimiento, el tamaño de la población y la diversidad genética de los escenarios de ambas especies (Rodríguez-Matamoros *et al.*, 2012).

A medida que una población se reduce, aumenta la probabilidad de que dos individuos relacionados genéticamente se apareen incrementando la probabilidad de que la población tenga depresión por endogamia, ya que los individuos emparentados que se reproducen provocan la expresión de material genético deletéreo, pudiendo reducir la fertilidad, incrementando la cantidad de abortos, y/o el número de crías con problemas físicos o de desarrollo (Amos & Balmford, 2001; Reed *et al.*, 2003). La endogamia provoca que la población disminuya y que haya un aumento de susceptibilidad a fluctuaciones estocásticas que podrían llevarla a la extinción (Gilpin & Soulé, 1986).

### **1.1.6 Tamaño mínimo viable y tamaño efectivo de la población**

La población mínima viable y el análisis de viabilidad poblacional están íntimamente relacionados, se desarrollaron para investigar los impactos acumulativos y relativos de la influencia determinística y estocástica en una población, tales como: menor capacidad de adaptación, menor variabilidad genética, incremento endogamia, y probabilidad baja de hallar un compañero por disminución del tamaño poblacional (Lindenmayer *et al.*, 1993).

Según la base de los modelos existentes para cuantificar el riesgo de extinción en poblaciones terrestres, se ha visto que un tamaño poblacional promedio de entre 10 y 100 individuos es muy pequeño, la variabilidad genética se perdería rápidamente y la extinción sería inevitable. Estos modelos parten del supuesto básico de que el riesgo de extinción está directamente relacionado con la variabilidad genética de una población e inversamente relacionado con su tamaño (Dunham *et al.*, 1999).

La genética de poblaciones habla de un tamaño mínimo viable, se plantea que, por debajo de ciertos niveles poblacionales, la pérdida de información genética empieza a cobrar mayor importancia manifestándose posteriormente los efectos deletéreos de la deriva genética por un aumento por la endogamia y, como resultado final, se precipita la extinción de la especie. La variabilidad genética es importante en la capacidad de las poblaciones a adaptarse a los cambios ambientales, ocurre como resultado de la diferencia de las formas de genes que tienen los individuos conocidos como alelos. Dentro de una población, estos alelos pueden variar en la frecuencia de comunes a muy raras. Nuevos alelos surgen en una población a través de mutaciones aleatorias (Dunham *et al.*, 1999).

El tamaño efectivo, es el número de individuos reproductivos, ya que son éstos los que contribuyen a la generación siguiente en términos demográficos y sobre todo genéticos (Wright, 1969; Hedrick, 2000, citados en Moreno, 2007). El conocimiento del tamaño efectivo tiene especial relevancia en poblaciones pequeñas, en las que se espera que la deriva genética actúe con cierta intensidad, provocando la pérdida de variabilidad genética y haciéndolas más vulnerables a la extinción (Frankham *et al.*, 2002). En la mayoría de las poblaciones, el tamaño efectivo resulta inferior al tamaño mínimo viable, debido a la desviaciones en la proporción de sexos, el tamaño familiar o la estructura de edades (Crow & Kimura, 1970, citado en Fernández, 2011).

## 1.2 Antecedentes

Actualmente se pueden encontrar variados estudios sobre *Rhea pennata*, en cuanto a su dieta, su distribución, su cría, manejo y aspectos reproductivos y poblacionales en cautiverio, entre otros. Sin embargo, es importante mencionar que la mayoría de los estudios realizados para la especie, provienen de Argentina, en menor proporción de Chile, y Perú es uno de los países con menor producción investigativa sobre *Rhea pennata*. Esto, además de evidenciar un vacío de información, se presenta como una debilidad para la conservación de *Rhea pennata* en nuestro país.

Para el presente estudio de viabilidad poblacional en esta especie amenazada, se ha realizado una revisión exhaustiva sobre la información de biología, ecología y genética de poblaciones, información necesaria para conocer el estado de conservación de una especie y el riesgo de extinción en el mediano y largo plazo. Habiendo encontrado principalmente información sobre *Rhea pennata* en cautiverio brindada por el Centro de

conservación de *Rhea pennata* del PEBLT. A continuación, se presentan antecedentes de la información requerida para realizar el análisis de viabilidad poblacional de *Rhea pennata*:

### 1.2.1 Distribución y hábitat

*Rhea pennata* es una especie que se distribuye en el altiplano andino del Perú, Bolivia, Chile y Argentina (SERFOR, 2015). En el Perú, el *Rhea pennata* se distribuye en los departamentos de Puno, Moquegua y Tacna, sobre los 4000 msnm; en un área de 10 849 Km<sup>2</sup>, con 37% para el departamento de Moquegua, 33% para el departamento de Puno y 30% para el departamento de Tacna. En Puno han sido registrados en el distrito de Capazo, en las comunidades de Tupala, San José y Rosario de Ancomarca, Chua, Chichillapi, Viluta, Llusta, Patjata, Alto Llallahua y Jihuaña. En Tacna, las localidades de Mamuta, Kallapuma, Mamaraya y Vilacota son los sitios donde se avista con mayor frecuencia (Cruz, 2013, citado en SERFOR, 2015).

En el Libro Rojo de especies de fauna y flora silvestre amenazada en Perú (SERFOR, 2018), *Rhea pennata*, es una especie que tiene tres subespecies:

- *Rhea pennata*, distribuida en el sur de Chile, centro-oeste y sur de Argentina y en la Isla de Tierra del Fuego, donde fue introducida.
- *Rhea pennata garleppi*, distribuida en el sur de Perú, suroeste de Bolivia y noroeste de Argentina.
- *Rhea pennata tarapacensis*, distribuida al norte de Chile.

*Rhea pennata* habita extensas planicies de pajonales, bofedales y montes abiertos con vegetación mixta de arbustos y gramíneas (Villanueva, 2005, citado en PEBLT, 2017), en desiertos y arenales altoandinos, que contienen una diversidad vegetal escasa con predominancia de pajonales y bofedales (PEBLT, 2017). La probabilidad de ocurrencia de *Rhea pennata* se incrementa a mayor altura y en áreas abiertas planas (Pedrana *et al.*, 2011). En estudios realizados en la Patagonia de Argentina, se ha observado que la presencia de *Rhea pennata* se asocia positivamente en áreas donde puede desarrollar tácticas anti-depredativas. Pero esta asociación no es tan fuerte como la que tiene con la productividad primaria (Pedrana *et al.*, 2011; Barri *et al.*, 2008; Bellis *et al.*, 2006).

En Argentina se encontró que ante la disponibilidad de un hábitat que ofrezca tanto refugio como alimento, *Rhea pennata* prefiere estos ambientes ante sitios con mayor disponibilidad de algún recurso en particular (Bazzano *et al.*, 2002). Sin embargo, tanto *Rhea pennata* y *Rhea americana*, al existir intervención antrópica sobre la vegetación observaron la disminución de la población o de los tamaños grupales, sugiriendo un mayor desplazamiento de la población o probable disminución poblacional por aumento de la depredación de nidos u otras causas sin determinar (Bellis *et al.*, 2004).

### 1.2.2 Biología reproductiva

La actividad reproductiva se inicia normalmente entre los 20-24 meses de edad. En menor proporción surgen animales que maduran sexualmente entre los 12-14 meses de edad (Sarasqueta, 2005, citado en González-Urrutia *et al.*, 2018). La temporada reproductiva de *Rhea pennata* se extiende de agosto a enero.

El sistema de apareamiento consta en poliginia y poliandria, y cópulas fuera de las parejas (Handford & Mares, 1985; Balmford, 1992, citados en González-Urrutia *et al.*, 2018). La poliginia es seguida de la poliandria, produciéndose la poliginia al conformarse núcleos de reproducción constituidos por un macho y varias hembras, donde el más dominante desplaza al resto y se reproduce con todas las hembras del grupo, las que ponen huevos en el mismo nido. La poliandria se da cuando el macho comienza a incubar los huevos y las hembras lo abandonan, desplazándose ellas en busca de otro macho en celo, con el que también copulan y depositan los huevos correspondientes (Feld *et al.*, 2011). En estado silvestre se cree que sólo un 20% de los machos entran anualmente en reproducción (Laufer, 2004, citado en González-Urrutia *et al.*, 2018).

Los machos de *Rhea pennata* compiten y defienden a un grupo de cuatro a diez hembras y copulan periódicamente con cada hembra de este grupo, mientras que las hembras, a su vez, ponen huevos en un nido comunitario cada 48 horas durante 10-12 días (Balmford, 1992). Después de un período de incubación de aproximadamente 42 días, los huevos eclosionan y los pollitos, que son precociales, permanecen bajo el cuidado del macho durante 2-3 meses (Sarasqueta, 1990). Asimismo, otro estudio señala que las hembras de *Rhea pennata* esporádicamente ponen huevos fuera del nido que no se incuban y, por lo tanto, no nacen (Barri *et al.*, 2012) Sin embargo, la

información sobre el éxito reproductivo de *Rhea pennata* en la naturaleza sigue siendo escasa (Navarro & Martella, 2002), y no hay datos actualmente disponibles sobre su éxito reproductivo en vida silvestre.

*Rhea pennata*, establece una jerarquía de reproducción entre los machos por la posesión de las hembras, donde la cantidad de machos está relacionada con la cantidad de hembras: 2 o más machos en grupos de 4 o más hembras (Balmford, 1992), siendo la proporción sexual de 2 a 12 hembras por macho, que asume la incubación completa de los huevos, que dura entre 30 a 42 días (Del Hoyo *et al.*, 1992; INIA, 2003, citados en González-Urrutia *et al.*, 2018).

En un estudio en la Patagonia de Argentina, se observó que en las temporadas reproductivas de *Rhea pennata*, en promedio, casi el 27% de los machos de *Rhea pennata* intentaron anidar y el 66% de ellos tuvieron éxito (aproximadamente el 18% de la población masculina total) (Barri *et al.*, 2008). Las fuertes lluvias, la alteración del nido, la depredación de los huevos y los polluelos parecen ser fuentes importantes de deserción y mortalidad de nidos (Reboreda & Fernández, 1985).

Cada hembra pone entre 8 a 12 huevos por postura (Feld *et al.*, 2011), mientras que en otro estudio indican que el promedio de postura es de 15 huevos por temporada en un rango de 7 a 21, con una media de 19 a 20 huevos, observándose un incremento que tiende a estabilizarse entre los 5 a 6 años de edad (Navarro & Martella, 2002).

*Rhea pennata* y *Rhea americana* son especies filogenéticamente relacionadas, pero *Rhea pennata* muestra no solo un mayor éxito de anidación sino también un mayor éxito de eclosión y supervivencia de los polluelos (Sarasqueta, 2003). Sin embargo, el porcentaje de polluelos que llegan a la etapa juvenil es similar al reportado en *Rhea americana* (Fernández y Reboreda, 1998, citado en Navarro & Martella, 2002), como consecuencia de la alta mortalidad invernal de los polluelos observada en poblaciones silvestres de *Rhea pennata*. De igual forma, el porcentaje de polluelos de *Rhea pennata* que llegan a la etapa juvenil después del invierno se ve afectado por las variaciones climáticas, concluyendo que su éxito reproductivo es fuertemente afectado por las condiciones ambientales. También observaron que la perturbación antropogénica, relacionada con las actividades de cría de ganado, fue la causa más frecuente de deserción de nidos en *Rhea pennata* (Barri *et al.*, 2008).



Estudios locales (PELT-APECO, 2003 y PELTB, 2017) sobre el proceso reproductivo de *Rhea pennata* en cautiverio, señalan las siguientes características del éxito reproductivo en cautiverio:

- a. Puesta, incubación y cuidado de progenie: La postura es estacional (agosto a diciembre), interdiaria y su número depende de la edad y experiencia reproductiva de la hembra. El macho incuba, durante aproximadamente 35 a 38 días, iniciándose paralelamente al proceso de postura, que puede durar de 15 a 20 días. Cuando el grupo familiar está constituido por más de una hembra, estas oviponen en el mismo nido pudiendo llegar en ocasiones a contener de 15 a 25 huevos. El proceso de incubación y cuidado de polluelos en las primeras semanas la realiza el macho, quien vigila y protege a su prole hasta que estos se independicen.
- b. Madurez sexual: *Rhea pennata* alcanza la madurez sexual a partir de 3 años de edad, y la edad máxima de reproducción es hasta 13 años de edad.
- c. Incubación: Dura de 41 a 43 días; es posible que haya abandono de nido e interrumpen la incubación sea por presencia de depredadores (zorro y zorrino), factores naturales como exceso de lluvias o inexperiencia del macho; se requiere vigilancia y cuidado. Los adultos mayores de 2 años garantizan el proceso de incubación.

### 1.2.3 Porcentaje de mortalidad por etapas reproductivas

Los datos señalan que solo el 60% de los huevos son fértiles, de los cuales solo eclosionan en un 50%, además durante la etapa de pichones y polluelos (0 a 1 año) se ha registrado una mortalidad del 50%, se ha determinado un 20% de mortalidad durante la etapa de juveniles (12 a 23 meses), y finalmente a partir de los 24 meses a más, es decir, en los individuos adultos la mortalidad es de 10% (PEBLT, 2017).

El éxito de eclosión de *Rhea pennata*, es menor en condiciones cautivas (51%), que en el medio silvestre (60%) (Navarro & Martella 2002, citado en González-Urrutia *et al.*, 2018).

Los polluelos parecen ser mucho más propensos a la muerte debido a problemas relacionados con la enfermedad que los adultos (Chang-Reissig *et al.*, 2000). En Argentina, se estudió el fenómeno de impactación que suele darse frecuentemente en polluelos de 1 a 4 semanas nacidos en cautiverio, este fenómeno consiste en la repentina aparición de anorexia, letargo, constipación, deshidratación, pérdida de peso



y debilitamiento. En la necropsia de 41 pichones se observó el fenómeno de impactación de la molleja por material fibroso, arena, piedras y desperdicios en 33 pichones (80% de los pichones). Este estudio sugiere que la impactación de la molleja puede ser una causa importante de la mortalidad en granjas o cautiverio de *Rhea pennata* (Reissig *et al.*, 2000).

Se conoce que *Rhea americana* y *Rhea pennata*, tienen una longevidad de unos 15 años, aunque existen datos de que en cautiverio, y mediante un buen manejo, pueden llegar a vivir hasta 30 años (Navarro & Martella, 2002). Las condiciones climáticas severas, podrían también reducir la cantidad y calidad de hábitat, e incrementar la mortalidad (Akcakaya, 2000).

#### **1.2.4 Proporción de sexos**

Los machos de *Rhea pennata* son apenas más grandes que las hembras (Handford & Mares, 1985, citado en Urrutia *et al.*, 2018), por lo tanto resulta muy difícil distinguir los sexos. La única manera de reconocer el sexo es por el comportamiento de apareamiento. Registraron, un macho de color café claro apareado con tres hembras más oscuras y un macho bastante más oscuro, conduciendo un grupo de ocho polluelos lo cual sugiere que el tono variaría por individuos y no por sexo. Otra posible explicación para la variación en el color podría ser la edad, siendo los colores más claros encontrados en las aves más viejas (Jory, 1975, citado en Urrutia *et al.*, 2018).

#### **1.2.5 Grupo etario en cautiverio**

Se ha elaborado una clasificación de *Rhea pennata* según etapa fisiológica para dividirlos por grupo etario, considerándose como pichones a los individuos con edades de 0 a 3 meses, polluelos a los individuos con edades de 3 a 11 meses, juveniles a los individuos de edades de 12 a 23 meses, y finalmente como adultos a los individuos de 24 a más meses de edad (PEBLT, 2017).

#### **1.2.6 Situación poblacional**

En Perú, hasta antes del 2008 se han realizado muy pocas evaluaciones poblacionales de *Rhea pennata* en estado silvestre (PEBLT, 2017). En un estudio en la península de Valdés de la Patagonia de Argentina, señalaron que los tamaños de grupo de *Rhea pennata* aumentaron con el incremento de alimento para cada muestreo, sugiriendo que la oferta alimenticia es un factor importante que afecta el tamaño de grupo de

*Rhea pennata* (Frixione & De Lamo, 2017). Además, los tamaños de grupos de *Rhea pennata* generalmente varían de 5 a 20 individuos (Davies, 2002, citado en Frixione & De Lamo, 2017). La supervivencia de adultos, juveniles y polluelos depende de varios factores como la disponibilidad de alimento y la depredación (Barri *et al.*, 2009).

En un estudio sobre *Rhea pennata garleppi*, se encontró como el límite inferior de densidad de población de *Rhea pennata garleppi* de 0.47 ind/km ( $\pm$  0.10) en noviembre (2011 y 2012). Señalaron que, aunque este registro es el más bajo para la población de su estudio, sigue siendo más alto que los registros reportados para otras especies silvestres que habitan Argentina y Perú: 0,41 ind/km en Olaroz (Jujuy), 0,12 ind/km en la biosfera de Laguna Blanca Reserva (Catamarca), 0.03 ind/km en la Reserva de la Biosfera San Guillermo (San Juan) y 0.01 ind/km en Tacna (Cajal, 1998; Llellish *et al.*, 2007, citados en Marinero *et al.*, 2014).

SERFOR (2018) señala a las siguientes estimaciones poblacionales realizadas para la especie en el Perú:

- 1987. El Sub Proyecto Vicuña-Puno del Ministerio de Agricultura estimó un máximo de 300 ejemplares en el sur peruano.
- 1994. El Centro de Desarrollo Agrario y Forestal -CEDAFOR realizó un censo poblacional de la fauna existente en la Zona Reservada Aymara Lupaca y reportó 60 ejemplares, entre adultos y polluelos, en un área de 95 hectáreas.
- 1994. El Instituto Nacional de Recursos Naturales -INRENA, condujo la realización de la Evaluación Nacional de Vicuñas, que registró a su vez otras especies de importancia del hábitat. Se logró registrar 208 individuos para Moquegua, 86 individuos para Puno y 52 individuos para Tacna, en total, 346 individuos.
- 1999. El Consejo Nacional de Camélidos Sudamericanos -CONACS, mediante los Comités Comunales de Manejo de Vicuñas, realizó censos, en los que registró un total de 170 individuos en la zona altoandina de Puno y Tacna (Tarata).
- 2002. El INRENA realizó un estudio poblacional por transectos en Tacna, estimando una población de 35 individuos para dicho departamento.
- 2008. El I Censo Nacional del Suri, ejecutado por el INRENA y los gobiernos regionales, dio como resultado un total de 447 individuos, distribuidos de la siguiente forma: 186 individuos contabilizados en Moquegua, 104 individuos para

el departamento de Tacna y 157 individuos para Puno, sobre el área total de distribución de la especie.

- 2016. El II Censo Nacional del Suri, realizado por SERFOR, dio como resultado un total de 350 individuos, distribuidos de la siguiente forma: 72 individuos contabilizados en Moquegua, 166 individuos para el departamento de Tacna y 112 para Puno.

### 1.2.7 Población en el centro de conservación del PEBLT

En el centro de conservación del PEBLT, de acuerdo al informe mensual del mes de octubre del 2019, se ha obtenido la siguiente información en cuanto a la situación poblacional de los individuos de *Rhea pennata*:

Tabla 1

*Población de suris en los módulos del Centro de conservación del PEBLT*

	Módulo Chapuco			Módulo Calachaca			Módulo Kantati			Suma
	Hembras	Machos	Total	Hembras	Machos	Total	Hembras	Machos	Total	
Adultos	19	26	45	(potreros G1) 20	19	39				
				(potreros G2) 03	07	10	06	06		12
Juveniles	21	17	38	03	02	05				
Polluelos	53		53	15		15				
<b>Total</b>	<b>41</b>	<b>43</b>	<b>136</b>	<b>26</b>	<b>28</b>	<b>69</b>				<b>12</b>

\*De los adultos y juveniles total del módulo Chapuco, son 83, dentro total suris están en observación 03 suris en tratamiento con cojera.

Fuente: Reporte de los técnicos del centro rescate (PEBLT, 2019).

### 1.2.8 Amenazas y estado de conservación de *Rhea pennata*

Existen dos tipos de amenazas a la población de *Rhea pennata*, por factores como: la caza furtiva (plumas y carne asociado a creencias culturales y crianza de mascotas) y la recolección de huevos (SERFOR, 2015); también se considera la perturbación, disminución y fragmentación de su hábitat por actividades humanas (Pulido, 1991), transmisión de enfermedades por animales domésticos y depredadores naturales. Otros factores están asociados a la pérdida de variabilidad genética, cuellos de botella y efecto Allee (PEBLT, 2017).

A pesar de que posee una distribución relativamente que incluye a varios países de América del Sur, en la actualidad está considerada como en Peligro Crítico (CR) en Perú, En Peligro (EN) en Bolivia y Vulnerable (VU) en Chile. Una de las principales amenazas comunes que enfrenta *Rhea pennata* en todos los países es la caza furtiva para la extracción de sus plumas y la recolección de sus huevos (SERFOR, 2015).

A nivel internacional, *Rhea pennata* se encuentra incluido en el Apéndice I de la convención CITES desde 1979, estado que prohíbe su comercio internacional con fines comerciales, salvo casos excepcionales. Dicha prohibición exceptúa a las poblaciones de la subespecie *Rhea pennata pennata*, que se encuentran incluidas en el Apéndice II de CITES desde el 2003. Asimismo, la Lista Roja de Especies Amenazadas de la UICN, categoriza a la especie *Rhea tarapacensis* (la cual correspondería al Perú), como “Casi Amenazada” (NT) y a *Rhea pennata* (distribuida en Chile y Argentina) como “Preocupación Menor” (LC) (SERFOR, 2015).

A nivel nacional, de acuerdo al Decreto Supremo N° 004-2014-MINAGRI, *Rhea pennata*, se encuentra categorizada como En Peligro Crítico (CR), categoría que prohíbe su caza, captura, tenencia, transporte o exportación con fines comerciales en todo el territorio (SERFOR, 2015). Asimismo, en el Libro Rojo de fauna silvestre amenazada de SERFOR (2018), esta categorizada En Peligro Crítico (CR) con el código A2cd, C2a(i), de acuerdo a las categorías y criterios de la lista roja de la UICN Versión 3.1 segunda edición.

Ante esto, el Ministerio de Agricultura y Riego a través de SERFOR, con el objetivo de asegurar la conservación de la especie, elaboro el Plan Nacional para la Conservación del *Rhea pennata* 2015 – 2020. Además, *Rhea pennata* se encuentra protegido en el Área de Conservación Regional Vilacota Maure (Tacna), Área de

Conservación Privada Taypipiña (Puno), Área de conservación Privada Checca (Puno). También se le maneja en cautividad con fines de reintroducción en el Centro de conservación del Proyecto Especial Binacional Lago Titicaca (Puno), y en el Centro de rescate Suri-Sican en Lambayeque.

### **1.2.9 Viabilidad poblacional y tamaño mínimo viable de *Rhea pennata***

En el Módulo Llusta se observó crecimiento más acelerado y mayor viabilidad temporal, revelando que la viabilidad para *Rhea pennata* en ambos módulos está asegurada, por provisión de alimento continuo, cuidados sanitarios, protección contra depredadores, protección del clima adverso (PEBLT, 2017).

En estudios en especies emparentadas a *Rhea pennata* como es *Rhea pennata garleppi* en Argentina, se encontró los mayores valores poblacionales con 300 individuos durante marzo, abril y julio de 2012. Este registro estuvo compuesto de juveniles, hembras con juveniles y machos (Sarasqueta, 1990; Marinero *et al.*, 2014).

Las actividades humanas como la caza furtiva y la ganadería, como actividades que se realizan intensamente en las zonas donde vive *Rhea pennata*, son actividades que podrían influir en los movimientos realizados por la especie en busca de refugio. Por lo que los factores humanos afectan negativamente la supervivencia de las especies silvestres poblaciones (Ordoñez, 2006).

### **1.2.10 Viabilidad poblacional en otras especies (mamíferos y aves)**

A nivel mundial se han realizado diversos estudios sobre viabilidad poblacional en especies amenazadas. Factores relacionados a la pérdida y fragmentación de hábitat, y genéticos que conllevan a tamaños poblacionales pequeños contribuyen al declive continuo de poblaciones de mamíferos (Maldonado, 2016). Estudios puntuales demuestran que especies con poblaciones entre 1,000 y 10,000 individuos pueden asegurar su persistencia a largo plazo (Maffe y Carroll, 1994, citado en Jiménez-Sierra *et al.*, 2009).

Otras investigaciones, en general concluyen que las actividades humanas como, la cacería, fragmentación de hábitat, ganadería, disminuyen las poblaciones, incrementado el riesgo de extinción de una especie (Maldonado, 2016; Marinero *et al.*, 2014; Rodríguez-Matamoros *et al.*, 2012; Barrio, 2007). De igual forma, la endogamia impacta de forma negativa a la diversidad genética de las especies, por lo

tanto, afecta la probabilidad de persistencia, la tasa de crecimiento, y el tamaño de la población; de esta manera el riesgo de extinción podría incrementarse en un 100% (Rodríguez-Matamoros *et al.* 2012; Rioja-Paradela *et al.*, 2013; Maldonado, 2016).

En una investigación sobre análisis de viabilidad poblacional realizado a *Lepus flavigularis* concluyeron que las poblaciones aisladas y pequeñas, sufren de endogamia acelerada, y pueden acumular mutaciones deletéreas y sufrir una reducción de heterocigotos, teniendo como consecuencia una reducción en la capacidad de la población por adaptarse a cambios ambientales (Rioja-Paradela *et al.*, 2012).

Asimismo, en un estudio de AVP realizado a especies paisaje *Tremarctos ornatus*, *Pteronura brasiliensis* y *Panthera onca* en el Parque Nacional Bahuaja Sonene, la viabilidad poblacional en ausencia de actividades humanas resultó positiva. Sin embargo, la población de *Tremarctos ornatus* dejó de ser viable por dos razones: cacería sobre la especie y por lo tanto disminución del éxito reproductivo; *Pteronura brasiliensis* dejó de ser viable debido a su reducido tamaño poblacional, el aislamiento y la ausencia de flujo genético con otras poblaciones, en dicho escenario la endogamia disminuyó el éxito reproductivo e incremento la mortalidad en las primeras clases de edad haciéndolos vulnerable a cualquier evento ambiental, incrementando el riesgo de extinción (Maldonado, 2016).

De hecho, el deterioro de la cantidad y calidad del hábitat, y variaciones ambientales en pequeñas poblaciones puede extinguir una especie (Gilpin & Soulé, 1986). Asimismo, se observó que la pérdida de hábitat podría disminuir la cantidad de alimento disponible y por ende la cantidad de individuos que el fragmento puede mantener (Chiarello 2000, Norconk & Grafton 2003, citados en Matamoros *et al.*, 2012). En el estudio realizado a *Alouata palliata* y *Cebus capucinus* observó cómo las poblaciones se volvieron cada vez más inestables conforme aumentó el porcentaje de pérdida de hábitat, especialmente en poblaciones fragmentadas (Matamoros *et al.*, 2012).

Además, en *Alouata palliata* y *Cebus capucinus*, se determinó que endogamia afectó de forma negativa la probabilidad de persistencia, la tasa de crecimiento, el tamaño de la población y la diversidad genética de los escenarios de ambas especies. La combinación de catástrofe y depresión por endogamia volvió muy inestable a las

poblaciones fragmentadas. Incluso las poblaciones continuas más grandes fueron afectadas negativamente (Matamoros *et al.*, 2012).

El análisis de viabilidad poblacional realizado a *Hippocamelus antisensis*, mostró que su población es altamente sensible a cambios en la mortalidad del primer año, inmigración, catástrofes y fragmentación de la población. El tamaño de la población y las probabilidades de supervivencia no mostraron sensibilidad a un aumento en la capacidad de carga del área o en la variación ambiental (incluidas las sequías). Sin embargo, para una población no fragmentada, todos los niveles de variación ambiental resultaron en valores de alrededor del 20% de probabilidad de sobrevivir 100 años y para una población fragmentada se extinguió en 90 años (Barrio, 2007).

En un estudio realizado a *Tetrao urogallus*, se mostró que las fluctuaciones ambientales, es decir, las variaciones año a año tienen un fuerte impacto en la supervivencia temprana de los polluelos, y que incluso los cambios relativamente pequeños en los parámetros que tienen un fuerte impacto en las características intrínsecas de una población provocan cambios considerables en el riesgo de extinción previsto y en la capacidad mínimas, es decir, la tasa de supervivencia en hembras, la supervivencia del grupo y el número de polluelos (Grimm & Storch, 2000).

En un estudio en el sector peruano del lago Titicaca realizado a *Rollandia microptera*, se encontró que las poblaciones del zambullidor del Titicaca por encima de 100 individuos son viables en ausencia de actividades humanas, ya que un menor número evidencian problemas demográficos y genéticos. Además, la mortalidad natural debe mantenerse en juveniles y adultos por debajo del 20% y en polluelos debajo del 75%, cualquier proporción de mortalidad mayor causará el declive poblacional, de estudio, destaco su sensibilidad a la mortalidad de los polluelos; teniendo un efecto significativo en la tasa de crecimiento poblacional. Así, cuando la tasa de mortalidad se redujo en 25% la población se incrementó a ritmo de 15.5% anual, pero la variación en la mortalidad en juveniles y adultos no tuvo un efecto significativo. Un descenso en un 25% de hembras reproductoras iniciaría un decrecimiento poblacional (Maldonado, 2007).

Se demostró que las perspectivas para la supervivencia de especies amenazadas son usualmente y seriamente sobreestimados cuando los factores genéticos no son considerados. Es por ello que es necesario considerar el análisis del tamaño mínimo



viable poblacional con y sin depresión por endogamia (Dunham *et al.*, 1999, citado en Maldonado, 2007).

Para *Rollandia microptera*, se determinó que el tamaño efectivo poblacional es de 100 parejas reproductoras. Por debajo de este número las poblaciones tienen probabilidades de extinguirse en los 100 años debido a su vulnerabilidad a las fluctuaciones medioambientales, demográficas, genéticas y más aún humanas. Usando tamaños poblacionales iniciales entre 600 y 50 individuos de las diferentes localidades, la endogamia redujo el tiempo de extinción entre 30 y 25%, debido a su efecto en la tasa de crecimiento poblacional. Sin embargo, las actividades humanas como la pesca artesanal, la recolección de huevos y la disminución de la capacidad de carga del hábitat incrementaron progresivamente la probabilidad de extinción, dejando de ser viables antes de llegar a los 100 años, y que, en ausencia de actividades humanas, la población creció en tamaño a una tasa anual promedio de 3.7% (Maldonado, 2007).

Por otro lado, en el mismo estudio, se determinó que el tamaño mínimo viable de *Rollandia microptera*, debe ser superior a 100 individuos, pero para asegurar su supervivencia es mejor conservar a un tamaño efectivo poblacional de 100 parejas reproductoras; poblaciones menores al tamaño mínimo viable demostraron ser más vulnerables a las fluctuaciones medioambientales, demográficas, genéticas y humanas (Maldonado, 2007).

En el taller de Conservación del águila arpía Análisis de Viabilidad de Población y Hábitat para el águila arpía (*Harpia harpyja*) en la Selva Maya, al poner en práctica el AVP para la población del águila arpía, el análisis de sensibilidad mostró la importancia de la mortalidad de adultos y juveniles como factores críticos para la sobrevivencia de la población de águila arpía. Así mismo, demostró la importancia de contar con una población inicial mínima de 100 individuos (Carrillo *et al.*, 2003).

### **1.2.11 Repoblamiento de *Rhea pennata* y otras especies**

Una reciente presentación sobre la rehabilitación de especies y las etapas para su liberación al mundo natural, refiere tener en cuenta varios criterios. Aprile (2020) la recuperación de fauna silvestre extraída de su mundo natural nos permite realizar una serie análisis para determinar si pueden volver a ser reintroducidas, y sin las condiciones físicas, etológicas y ecológicas, tiene pocas posibilidades de sobrevivir;



Es más, si se libera un animal con problemas sanitarios y genéticos, constituye un riesgo terrible para las poblaciones silvestres que pueden tomar contacto con el animal liberado. En este mismo sentido Richard (2020) señala que la rehabilitación tiene como objetivo capacitar integralmente a los animales, de manera que se les permita desenvolverse en su ambiente de forma independiente y acorde a las características biológicas de su especie. Sin embargo, una especie que estuvo en cautiverio no puede rehabilitarse para la vida silvestre, debido a razones como el troquelado en especies que nacen en centros de rescate o rehabilitación.

Actualmente, no se han realizado experiencias exclusivas de reintroducción de *Rhea pennata*, habiendo encontrado solamente una referencia al respecto de la especie en Argentina, para el proyecto ñandú, en el cual se realizaron estudios con las dos especies de ñandúes presentes en la Argentina (*Rhea americana* y *Rhea pennata*), siendo uno de ellos la reintroducción de ñandúes monitoreados con radiotelemetría. Entre los años 1998 y 2000, se liberaron mediante liberación suave, 19 ñandúes y 7 choiques criados en cautiverio, en las provincias de Córdoba y Río Negro, respectivamente, los cuales pasaron por un proceso de selección, adaptación y entrenamiento. La supervivencia de los animales fue en general muy buena durante el tiempo en que se los monitoreó, fueron liberados en una reserva privada y un establecimiento agropecuario, donde estaba vedada la entrada de cazadores. Dentro de la reserva, incluso, se verificó la perfecta integración de los ñandúes liberados a grupos silvestres de la misma especie, con los que luego se habrían cruzado y producido descendencia (Navarro & Martella, 2006). Entonces, los resultados obtenidos señalaron que la reintroducción a la vida silvestre de ejemplares criados en cautiverio resultó ser una herramienta biológica y económicamente factible para incrementar el número de individuos en poblaciones pequeñas (Navarro & Martella, 2006)

Asimismo, en Argentina, se han realizado algunos estudios de transporte y translocación de *Rhea americana*, especie emparentada a *Rhea pennata*, de los cuales podemos mencionar algunos resultados:

- La alta mortalidad posterior a la liberación de las *Rhea americana* en cautiverio reintroducidas en la naturaleza podría mitigarse con un entrenamiento antipredador que ayude a reconocer a sus depredadores. Se analizó si los

individuos de *Rhea pennata* criados en cautividad conservan el comportamiento antipredador, y se evaluó la eficiencia del entrenamiento antipredador para registrar la supervivencia después de la reintroducción en la naturaleza. El entrenamiento involucró a 12 individuos y consistió en un estímulo que representaba al depredador natural (puma taxidermizado) y un estímulo de control que consistió en un objeto inocuo (silla). Todos los individuos, mostraron comportamientos vigilantes y de carrera en presencia de los ambos estímulos, y no discriminaron entre un estímulo depredador y no depredador, hasta 2 meses después. La supervivencia 8 meses después de ser liberados fue nula. Sin embargo, solo un individuo fue asesinado por un puma, mientras que los individuos restantes murieron debido al ataque del perro y la caza furtiva. Entonces, se concluye que el entrenamiento no aumentó la supervivencia de los individuos reintroducidas debido a la falta de consideración de otros depredadores potenciales, como perros o humanos. Además, que la cría en cautiverio podría haber afectado el comportamiento de *Rhea americana* al evitar que reconozcan al hombre como un depredador, por lo que sería importante realizar entrenamiento que considere al hombre como el depredador principal, ya que los humanos juegan un papel clave en el éxito (o fracaso) de reintroducciones (Cortez *et al.*, 2014)

- Se reintrodujeron 20 adultos de *Rhea americana* eclosionados y criados en cautiverio siendo trasladados a un refugio de vida silvestre. Después del transporte y antes de la liberación, los animales se mantuvieron en corrales en el sitio de liberación para una estrategia de "liberación suave". Los metabolitos de glucocorticoides fecales (MGF) se monitorearon durante las fases de pretransporte, postransporte y prelanzamiento y posterior a la liberación como un indicador del estrés de translocación y aclimatación al nuevo entorno. Se observó que en las 3 fases los niveles de MGF aumentaron en ambos sexos, volviendo a los valores de referencia durante el mantenimiento en los corrales. Después de la liberación en el nuevo refugio de vida silvestre, los niveles de MGF se incrementaron nuevamente y se mantuvieron aumentados de manera similar durante los siguientes 2 meses del estudio. Este resultado muestra el desarrollo de un estrés crónico, probablemente desencadenado por una combinación de muchos factores (novedad, ataques de depredadores, interacciones sociales, disturbios relacionados con los humanos, como la caza furtiva, el ruido vehicular, los perros de caza), lo cual, reduciría la capacidad del ave para resolver nuevos desafíos de

adaptación al nuevo entorno, especialmente la presión de caza ilegal que parece ser una amenaza significativa en esta especie. Ya que, la depredación fue la principal causa de mortalidad durante los 2 meses después de la liberación (Leche *et al.*, 2015)

Además, en otras especies tenemos: el proyecto de reintroducción experimental de Muitú (*Crax fasciolata*) y Guacamayo Rojo (*Ara chloropterus*) en la Reserva Natural Iberá, en Argentina, tuvo como principal objetivo incorporar a estas especies a un área protegida, para lograr el establecimiento de una población, que permite recuperar el rol ecológico clave que tienen, contribuyendo a recobrar la funcionalidad de los bosques, para lo cual se identificaron las características del sitio de liberación, se escogieron ejemplares bajo varios criterios que primero fueron puestos en cuarentena y se les realizaron chequeos sanitarios, para luego pasar a una etapa de aclimatación y entrenamiento al entorno y a la dieta nativa de la zona, para luego ser liberados al espacio protegido de manera periódica en grupos de hasta 7 ejemplares, logrando liberar hasta a 40 ejemplares en 5 años (2015 a 2018), a los cuales se les realiza un seguimiento y monitoreo permanente mediante transmisores y vigilancia continua (Berkunsky & Di Giacomo, 2015).

En el Programa de Reintroducción de *Ateles chamek* en el sureste de la Amazonia peruana en la Reserva Ecológica Taricaya y la Reserva Nacional Tambopata, que tuvo de objetivo evaluar el comportamiento del tercer grupo de monos arañas reintroducidos, se realizó el monitoreo post liberación utilizando radio telemetría para ubicar a los animales, se registraron datos de patrones de actividad, dieta y uso de hábitad utilizando scan sampling y all occurrence samplin. Los resultados de este programa de evaluación de animales reintroducidos mostró que los monos reintroducidos llegan a desarrollar comportamiento similar a los de vida libre, pero que la respuesta de cada grupo o individuo dentro de un grupo puede ser diferente ante el proceso de liberación, esto debido a la historia previa de cada individuo y/o a la composición y tiempo de formación del grupo durante la fase de preliberación, es por ello que el monitoreo continuo durante las primeras semanas luego de la liberación es importante para observar estas respuestas y actuar ante algún evento negativo (Bello *et al.*, 2014).

Los monos arañas reintroducidos se desplazan más que los monos arañas de vida libre, principalmente para explorar y seleccionar un área, ya que no han tenido un área de

uso determinado previamente por ellos. La dieta y el área de acción en un inicio puede estar condiciona la disponibilidad de alimento natural, además de la presencia de individuos que no reaccionan bien a este proceso, condicionando al resto del grupo a mantenerse cerca. Por ello, para futuras liberaciones es necesario ser más estrictos en la selección de individuos y formación de grupos, siendo hasta el momento el grupo más exitoso el liberado en el 2011, que contó con individuos que se formaron desde infantes creando un mayor nexo entre ellos y menor acercamiento hacia las personas. Esto se evidencio ya que este tercer grupo liberado no fue exitoso en términos de individuos establecidos en el área, quedando solo ahora los individuos del segundo grupo liberados en el 2011. El restablecimiento de una población en el área aun es una meta probable, y que por las características de la especie este podría promover la restauración ecológica de áreas que han sido alteradas pero que actualmente se encuentran protegidas (Bello *et al.*, 2014).

Una experiencia importante se dio en el jaguar hace algunos años (*Panthera onca*), uno de los animales más importantes de América, actualmente se encuentra en peligro crítico de extinción en Argentina. El predador estrella que se extinguió en la provincia hace más de 70 años y está en peligro crítico de extinción, regreso a los Esteros del Iberá, en el Parque Nacional Iberá, gracias a un largo proceso de trabajo de 7 años en Argentina. El proyecto de reintroducción se dio durante varias fases o etapas, siendo uno de los objetivos desarrollar técnicas de cría en cautiverio de jaguares en condiciones naturales, pero a la vez controladas, que permita que estos animales puedan ser reintroducidos en áreas silvestres con hábitat adecuado en Argentina o países vecinos. En paralelo se usó al jaguar como herramienta de educación ambiental y como atractivo turístico para la región del Iberá.

Es así, que, en el 2015, biólogos y expertos concluyeron la construcción del Centro de reintroducción del Yaguarate (CRY) en medio de los Esteros del Iberá en la provincia de Corrientes, noreste de Argentina, donde las condiciones son seminaturales permitiendo que los individuos desarrollen un comportamiento silvestre, sin ningún contacto humano, incluyendo la capacidad de cazar y alimentarse de presas naturales, además se realizan actividades de condicionamiento que permitan desarrollar un comportamiento de repugnancia a la carne de ganado, con el fin de evitar que los jaguares puedan depredar animales domésticos. Los jaguares, antes de ingresar al CRY, pasan por un periodo de cuarentena, cuyo objetivo es permitir la



detección de aquellos animales que pudieran estar incubando una enfermedad con un periodo de incubación corto y detectar los síntomas clínicos de aquellas enfermedades con un periodo de incubación superior, además, después de la cuarentena todos los individuos pasan por un protocolo de manejo sanitario que evite la aparición de enfermedades dentro de la población cautiva y el ecosistema circundante. Además, todos son monitoreados con cámaras de video vigilancia operadas en forma remota desde un centro de control ubicado a 4 km de distancia, y el ingreso de las presas vivas se realiza por dispositivos especiales para que los yagaretés no perciban el momento de ingreso. Todo eso permite conservar sus instintos naturales antes de la liberación, sin la influencia e impresión de los seres humanos. Además, portan collares con un transmisor VHF y un GPS con conexión satelital para conocer la ubicación exacta del animal. Gracias a todos los esfuerzos durante este proyecto cuyos resultados se verán a largo plazo, El Programa de Reintroducción del Yagareté de la organización, alcanzó uno de sus hitos el 6 de junio de 2018, cuando nacieron dos cachorros de jaguar en condiciones completamente naturales, los primeros de Iberá en décadas de haber estado extintos (Pallaro, 2019).

## CAPÍTULO II

### PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

#### 2.1 Identificación del problema

Actualmente la pérdida de biodiversidad está afectando enormemente al planeta, y es el hombre el principal inductor por causa de la creciente expansión numérica y consecuente incremento de demanda de recursos, generando la extinción de especies. Las principales amenazas para la biodiversidad son: fragmentación de hábitat, contaminación ambiental, cambio climático, sobreexplotación, comercio e introducción de especies, además para muchas especies lo que sabemos es poco o es únicamente información sobre su presencia, por lo que aspectos básicos como la dinámica poblacional, ecología, requerimientos de hábitat, reproducción, genética, entre otros, resultan temas aún desconocidos. Esto hace complejo evaluar el estado de conservación de una especie, así como las estrategias para su conservación en hábitat natural. La Lista Roja de Especies Amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), señalo que hasta el 2017 el 28.5% de las especies conocidas a nivel mundial están en peligro de extinción.

En América del Sur, de 14 060 especies evaluadas bajo los criterios de la Lista Roja, 4.445 se encuentran como amenazadas de extinción; es decir casi el 32% de las especies evaluadas (UINC, 2008). En el Perú, según el Libro rojo del Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre (SERFOR, 2018a) se obtuvo un listado de 64 especies categorizadas en peligro crítico; 122 en peligro; 203 en la categoría vulnerable; 103 casi amenazadas y 43 con datos insuficientes.

*Rhea pennata* se distribuye en el altiplano andino del Perú, Bolivia, Chile y Argentina está amenazada de extinción, por lo cual está protegido en dichos países. En Perú, se

encuentra en la zona altoandina de Puno, Moquegua y Tacna, sobre los 4 500 msnm. A nivel internacional está protegida en la Lista roja de especies de la UICN categorizada como Casi amenazada y está incluido en el Apéndice I de la convención CITES. A nivel nacional en el Decreto Supremo N° 004-2014-MINAGRI y el Libro Rojo (SERFOR, 2018), se encuentra categorizada En Peligro Crítico (CR). Según reportes preliminares del II Censo Nacional del Suri, *Rhea pennata*, de mayo del 2016, en las regiones Tacna, Moquegua y Puno, se estima la cifra de 350 individuos (98 en Puno, 178 en Tacna y 74 en Moquegua); la caza furtiva, recolección de huevos y disminución de hábitat son las principales amenazas, además se considera que existe una probable reducción de su variabilidad genética. Por lo que, una población tan reducida, que sufre de amenazas, podría no ser viable para los próximos años.

En la actualidad, se vienen realizando diversos esfuerzos para la conservación y recuperación de la población de *Rhea pennata* en centros de rescate del Proyecto Especial Binacional del lago Titicaca, áreas de conservación privada de Taypipiña y Checca, y el área de conservación regional Vilacota-Maure, en el año 2015 se publicó el Plan Nacional de Conservación del Suri (*Rhea pennata*) (2015-2020), documento que define objetivos estratégicos que van desde el incremento del conocimiento científico de la especie hasta acciones puntuales para su conservación y recuperación. En este marco, para el presente proyecto de investigación nos planteamos las siguientes interrogantes:

## **2.2 Enunciados del problema**

*Rhea pennata*, es un ave de importancia nacional, con una distribución nacional restringida a los ecosistemas altoandinos del sur del Perú, donde se encuentra categorizada en peligro crítico (CR) de extinción, con una población de 350 individuos (SERFOR, 2018). Entonces, es de suma importancia estudiar la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, que permitirá conocer y entender a los factores que más contribuyen a la tasa de crecimiento poblacional, para definir su viabilidad en el futuro; lo cual, resulta determinante para la planificación adecuada de estrategias de conservación de esta especie.

### **2.1.1 Interrogante general**

*Rhea pennata* es una especie que en Perú se encuentra categorizada en peligro crítico, entonces ¿Será viable la población de *Rhea pennata* en los próximos 100 años bajo factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos?



### 2.2.2 Interrogantes específicas:

- a. ¿Qué factores (antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos) influyen en la viabilidad poblacional de *Rhea pennata* en los próximos 100 años de simulación?
- b. ¿Cuál es el tamaño mínimo viable para que *Rhea pennata* pueda sobrevivir en los próximos 100 años?

### 2.3 Justificación

A medida que el tamaño de las poblaciones se reduce, surgen amenazas para su estabilidad y persistencia en el tiempo, pudiendo llegar a la extinción local, sin embargo, la reducción de las poblaciones no siempre termina con la extinción, logrando recuperarse y mantenerse, ante ello surge la necesidad de caracterizar la viabilidad poblacional a largo plazo de las especies en riesgo de extinción. Ante ello, se han creado múltiples enfoques para la conservación de la diversidad y establecer programas de manejo; pero para ponerlos en práctica es necesario definir y evaluar los factores que influyen en la reducción de las poblaciones, y centrar o direccionar adecuadamente los esfuerzos para la conservación de las especies.

Uno de los modelos de mayor confiabilidad y usado cada vez con mayor frecuencia en biología de la conservación, es el análisis de viabilidad poblacional (AVP), es un método que incorpora información sobre el estado actual de una especie y predice las oportunidades para la supervivencia a largo plazo o calcular el riesgo de extinción, y sus resultados pueden ser utilizados para proponer estrategias de conservación y manejo para las especies o su hábitat. Un AVP consiste básicamente en la construcción de un modelo matemático que evalúa los factores que pueden tener influencia sobre el declive de una población, proporcionando información sobre cómo el manejo adecuado puede invertir la tendencia negativa de la población actuando sobre los factores que la provocan (Maldonado, 2016).

En el Perú, *Rhea pennata* es una especie en inminente peligro de extinción cuya población se estima que apenas alcanza los 350 individuos en todo el país (SERFOR, 2016), temiéndose aún más su reducción, ya que es una especie expuesta a diversos problemas.

Ante esto, el estado Peruano está trabajando sobre políticas de conservación, es así el presente año se aprobó el plan nacional de conservación del Suri (*Rhea pennata*) (2015-2020), documento que reconoce la importancia de desarrollar conocimiento *in situ* y *ex*



*situ* que permita establecer mecanismos de recuperación, es así que en el Objetivo específico 2 señala: Desarrollar conocimiento con sistematización y aplicación sobre las poblaciones *in situ* y *ex situ* de *Rhea pennata*, en su Línea de acción 3 (Manejo en libertad) señala realizar el análisis de viabilidad poblacional, como una tarea específica con la finalidad de poder predecir el incremento o declive poblacional.

En ese marco, se justifica la realización del presente estudio porque proporcionará información clave sobre la tendencia del crecimiento poblacional del *Rhea pennata*, evaluando los factores que influyen en la variación poblacional bajo diferentes escenarios, es decir, los efectos de las acciones antropogénicas, variabilidad ambiental, demográfica y genética, en la probabilidad de extinción, con estos resultados se plantearan posibles medidas para su conservación y recuperación poblacional; asimismo coadyuvará a dar cumplimiento con las acciones del plan nacional de conservación de *Rhea pennata* 2015-2020.

## 2.4 Objetivos

### 2.4.1 Objetivo general

Estimar la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur del Perú en 100 años de simulación.

### 2.4.2 Objetivos específicos

1. Estimar los efectos de los factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos sobre la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur de Perú.
2. Establecer el tamaño mínimo viable de *Rhea pennata*, en el sur de Perú

## 2.5 Hipótesis

### 2.5.1 Hipótesis general

Si, *Rhea pennata* se encuentra categorizada en Peligro Crítico - CR, entonces, las poblaciones no serán viables en los próximos 100 años.

### 2.5.2 Hipótesis específicas

Si, los factores antrópicos, climáticos, demográficos o genéticos no afectan a las poblaciones de *Rhea pennata* en los próximos 100 años, entonces, la tasa de crecimiento poblacional será mayor a cero.



Sí, el tamaño mínimo viable de la población de *Rhea pennata*, es mayor a 350 individuos, entonces, la probabilidad de persistencia será mayor a 1 en 100 años de simulación.



## CAPÍTULO III

### MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1 Lugar de estudio

El lugar de estudio consideró la distribución poblacional de *Rhea pennata* en el Perú, es decir, los departamentos de Puno, Moquegua y Tacna. Además, como fuente de información se consideran el centro de conservación del PEBLT, y los últimos avistamientos reportados en eBird (Los datos de eBird documentan la distribución, abundancia, uso de hábitat y tendencias de las aves a través de listas de especies recolectadas dentro de un marco científico simple).

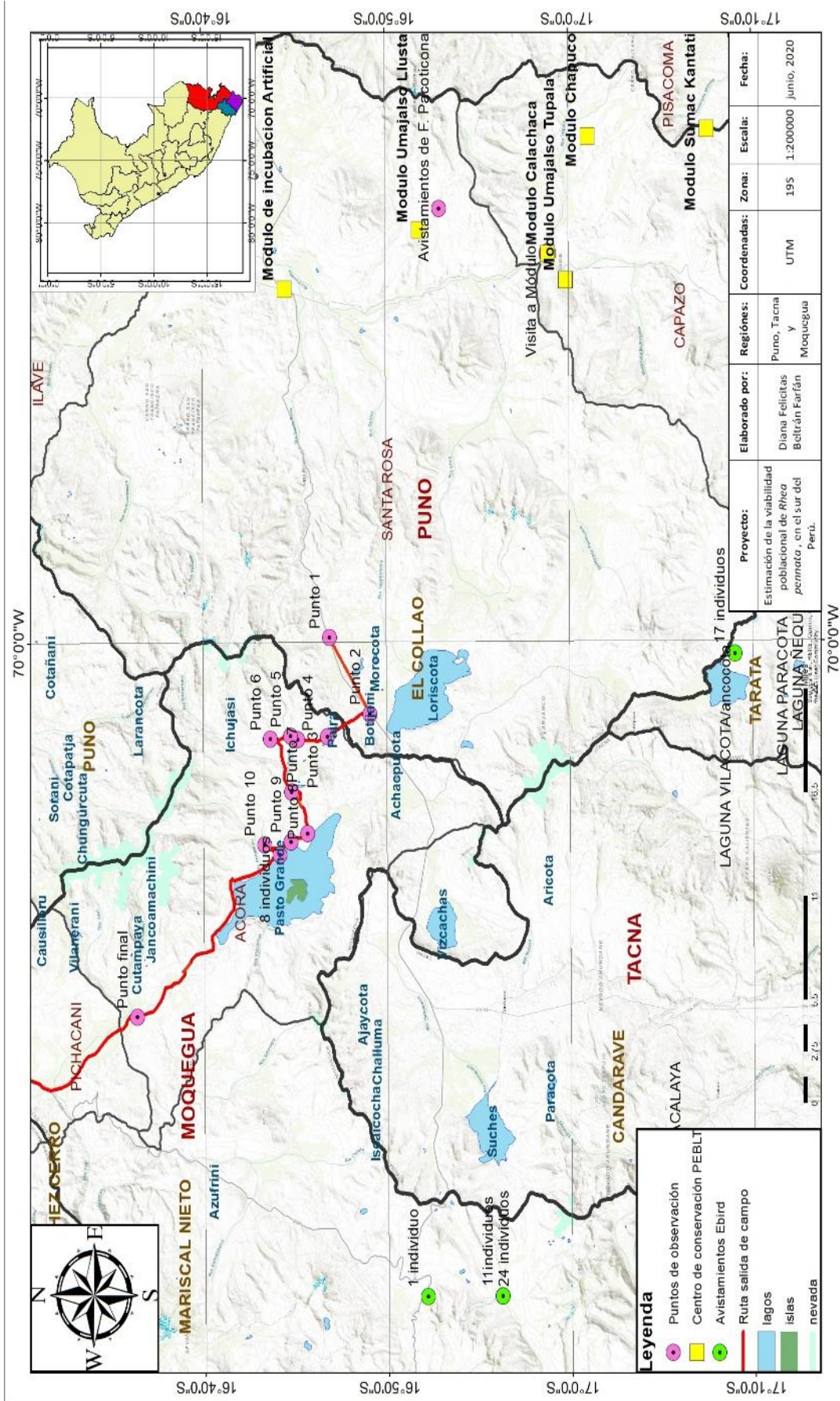


Figura 2. Mapa de puntos de avistamientos de *Rhea pennata* entre el 2019 y el 2020

### 3.2 Población

Según el II Censo Nacional del Suri, la población total es de 350 individuos, distribuidos en los departamentos Tacna, Moquegua y Puno (SERFOR, 2018).

### 3.3 Muestra

Por el tipo de investigación se consideró el total de la población, 350 individuos, 98 individuos en Puno, 178 individuos en Tacna y 74 individuos en Moquegua (SERFOR, 2018).

### 3.4 Método de investigación

Tomando en consideración las variables, y que esta es una investigación basada en la recopilación de información cuantificable para ser utilizada en los análisis estadísticos, como herramientas que se utilizan para descubrir tendencias y patrones, esta es una investigación cuantitativa de nivel descriptivo – correlacional.

### 3.5 Descripción detallada de métodos por objetivos específicos

El estudio se realizó durante 17 meses, considerando varias etapas, estas fueron: salidas de campo para la obtención de datos poblacionales, entrevistas de colección de datos, y análisis de información secundaria. A continuación, se detalla la metodología por objetivo específico:

#### 3.5.1 Metodología para el objetivo 1:

Para estimar los efectos de los factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos sobre la viabilidad poblacional de *Rhea pennata* al Sur del Perú, se realizó lo siguiente:

##### a. Recopilación y análisis de información

La información necesaria respecto a la dinámica poblacional, biología reproductiva, y genética de poblaciones para realizar el análisis de viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, se colectó en las salidas de campo, y se complementó con información científica y técnica de artículos científicos, tesis, libros y otros, asimismo, se recabó información del centro de conservación de *Rhea pennata* del Proyecto Especial Binacional Lago Titicaca.

##### b. Entrevistas

Se realizaron 7 entrevistas, entre pobladores locales que conviven con poblaciones silvestres de *Rhea pennata*, y especialistas en fauna silvestre con conocimiento de *Rhea pennata*; las entrevistas se definieron de acuerdo a los datos que requiere el software VORTEX 9.6. A continuación, se enlista a las personas que fueron entrevistadas.

### **Pobladores locales (3):**

- ✓ Felix Pacoticona, Poblador de la comunidad de Llusta, sector Japuri, Distritos Capaso y Masocruz, Provincia El Collao, Puno.
- ✓ Hugo Colque Choqueta, Poblador de la comunidad del distrito de Capaso, Provincia El Collao, Puno, y trabajador del Centro de conservación de *Rhea pennata* del PEBLT.
- ✓ Santos Zacarías Tuco Cantuta, poblador del centro poblado Rosario alto de Ancomarca, Sector Amani, Distritos Capaso y Masocruz, Provincia El Collao, Puno. Encargado cuidador del módulo Suma Kantati del Centro de conservación de *Rhea pennata* del PEBLT.

### **Especialistas en el tema:**

- ✓ Sr. Dante Ramírez, Médico Veterinario encargado del Centro de conservación de *Rhea pennata* del PEBLT durante el 2018.
- ✓ Ing. Luis Flores Cuba, Regente de fauna silvestre del Sur del Perú.
- ✓ Blgo. Jose Luis Vilca, Responsable de gestión de conservación y manejo de la fauna silvestre del PEBLT.
- ✓ Ing. Martin Andres Zambrano Pinto, Jefe de Sede Mariscal Nieto - ATFFS Moquegua-Tacna – SERFOR

### **c. Salidas de campo y avistamientos**

A fin de coleccionar la información de estructura poblacional y de hábitat de *Rhea pennata* en el sur del Perú, se realizaron salidas de campo por las zonas de Capaso, Loriscota y Pasto Grande (Puno y Moquegua), realizando el recorrido que se puede observar en la *Figura 2*.

Durante el recorrido, se establecieron 11 puntos de observación. En el punto 10, se observó un grupo poblacional conformado por 8 individuos, de ellos no se observaron pichones ni juveniles. No se pudieron distinguir machos ni hembras. En los otros



puntos de observación no se logró observar más individuos. Entre el 2019 y 2020, otros investigadores avistaron grupos poblacionales de *Rhea pennata* (Tabla 2).

Tabla 2

*Avistamientos de Rhea pennata reportados en eBird*

Lugar	Fecha	Coordenadas	Población	Fuente
Desierto altoandino de Moquegua Laguna Vizcachas, Moquegua	04/02/2020	-16.93, -70.52	24 individuos ; 2 polluelos	<a href="https://ebird.org/checklist/S64136524">https://ebird.org/checklist/S64136524</a>
Desierto altoandino de Moquegua Laguna Ancocota, Susapaya, Tacna	04/02/2020	-16.86, -70.23	1 solitario	<a href="https://ebird.org/checklist/S64190122">https://ebird.org/checklist/S64190122</a>
Desierto altoandino de Moquegua Laguna	05/02/2020	-16.93, -70.52	11 individuos	<a href="https://ebird.org/checklist/S64167458">https://ebird.org/checklist/S64167458</a>
Ancocota, Susapaya, Tacna	06/02/2020	-17.15, -70.01	17 individuos	<a href="https://ebird.org/checklist/S64189995">https://ebird.org/checklist/S64189995</a> <a href="https://m.facebook.com/story.php?story_fbid=124595099197726&amp;id=112332017090701">https://m.facebook.com/story.php?story_fbid=124595099197726&amp;id=</a>
Desconocido	24/04/2020		17 individuos	<a href="https://m.facebook.com/story.php?story_fbid=124595099197726&amp;id=112332017090701">112332017090701</a>

#### d. Descripción de variables

Tabla 3

*Descripción de variables Objetivo 1*

Objetivo específico 1	Descripción de Variables	Tipo de variable
Estimar los efectos de los factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos sobre la viabilidad poblacional de <i>Rhea pennata</i> en el sur del Perú.	Antrópicas: se refiere a las actividades humanas que se desarrollan en el lugar de su estudio y que impactan a las poblaciones de <i>Rhea pennata</i> .	Independiente
	Climáticas: se refiere a las variaciones climáticas como las catástrofes (nevadas y ceniza volcánica del volcán Ubinas, ubicado en Moquegua) que podrían impactar en las poblaciones de <i>Rhea pennata</i> .	Independiente
	Dinámica poblacional (demográficos): Se refiere a los parámetros que condicionan el tamaño poblacional de <i>Rhea pennata</i> en la actualidad y en las proyecciones	Independiente
	Genéticos: Se refiere a la variabilidad genética y a su pérdida por consanguinidad o endogamia en las poblaciones de <i>Rhea pennata</i> .	Independiente

**e. Diseño de escenarios para el análisis de viabilidad poblacional**

Se estableció un modelo base, que considero una población en condiciones naturales; es decir las actividades humanas no tienen efecto alguno sobre el tamaño y crecimiento poblacional; a partir de este modelo se desarrollaron varios escenarios, establecidos como el efecto de actividades humanas sobre la situación actual de las especies (Rodríguez *et al.*, 2012). Los parámetros que se utilizaron para la modelación de los escenarios son: cacería, recolección de huevos, demográficos, endogamia, fragmentación y variaciones ambientales o catástrofes.



Se realizó el análisis de viabilidad poblacional, utilizando el software VORTEX 9.6 (Miller & Lacy, 2003) programa que analiza la viabilidad poblacional mediante la simulación estocástica de un proceso de extinción. Se realizaron simulaciones de escenarios proyectados a 100 años con 500 iteraciones. Los parámetros de entrada y salida del software VORTEX 9.6 se describen en anexo 4.

#### **f. Línea de horizonte evaluada y datos de salida de los escenarios**

Se utilizó un periodo de 100 años de proyección, tiempo suficientemente largo para observar los efectos demográficos y genéticos que podrían ser visibles sólo a largo plazo. En los escenarios se evaluó: la probabilidad de persistencia, efecto de la endogamia y la tasa de crecimiento poblacional anual.

#### **g. Tamaño poblacional**

El tamaño poblacional es de 350 individuos, población estimada en el último censo poblacional de *Rhea pennata* (SERFOR, 2015).

#### **h. Capacidad de carga (K)**

La capacidad de carga describe la capacidad del ambiente para mantener una población, estimamos para *Rhea pennata* una capacidad de carga de 400 individuos.

#### **i. Análisis estadístico**

El análisis estadístico se realizó con la simulación de Monte Carlo, que es una técnica cuantitativa que hace uso de las estadísticas y los ordenadores para imitar, mediante moldeos matemáticos, el comportamiento aleatorio de sistemas reales no dinámicos (por lo general cuando se trata de sistemas cuyo estado va cambiando con el paso del tiempo, se recurre bien a la simulación de eventos discretos o bien a la simulación de sistemas continuos).

El procedimiento de Montecarlo tiene N puntos aleatorios de los que N' resultan corresponder al área que deseamos calcular.

$$S = A \cdot \frac{N'}{N}$$

Luego S es proporcional a la probabilidad de que un punto aleatorio caiga en la superficie. Estimaremos esa probabilidad como:

$$\hat{p} = \frac{N'}{N}$$

Que sería la probabilidad de  $N'$  éxitos en  $N$  intentos y que viene dada por la distribución binomial:

$$P(N' \text{ aciertos en } N) = \binom{N}{N'} \cdot p^{N'} \cdot q^{N-N'}$$

La distribución binomial se puede aproximar mediante una normal cuando:  $N \cdot p > 5$  y  $N \cdot q > 5$ . La distribución normal por la que aproximamos tendría media  $\mu = N \cdot p$  y varianza  $\sigma^2 = N \cdot p \cdot q$ . Además, para una distribución normal  $N(\mu, \sigma^2)$  sabemos que el 95% de las observaciones se encuentran en el intervalo:  $(\mu - 2\sigma, \mu + 2\sigma)$ . Con lo que suponiendo  $N \cdot p > 5$  y  $N \cdot q > 5$  tendremos que el intervalo de confianza al 95% del número de aciertos  $N'$  en  $S$  estaría en:

$$(N \cdot p - 2\sqrt{N \cdot p \cdot q}, N \cdot p + 2\sqrt{N \cdot p \cdot q}).$$

El análisis estadístico se hizo con el software VORTEX 9.6.

#### **j. Parámetros de entrada para el análisis de viabilidad poblacional:**

Para modelar los escenarios y obtener los resultados en el software VORTEX 9.6, se han ingresado los parámetros requeridos con los siguientes datos obtenidos de la información primaria y secundaria recopilada y analizada:

**Número de iteraciones:** *500 iteraciones*

Para cada escenario se han realizado quinientas iteraciones independientes.

Definición de extinción: *queda un solo sexo*

El modelo considera que la población se extingue cuando solo quedan individuos de un mismo sexo.

**Número de años:** *100 años*

La mayoría de las acciones de conservación son a corto plazo (<50 años), no obstante, los modelos predictivos consideran 100 años para determinar la viabilidad poblacional, más allá de los 100 años los eventos son difíciles de prever.

**Número de poblaciones:** *1 población*

Una población de 350 individuos, distribuidos en Puno (112 individuos), Moquegua (72 individuos) y Tacna (166 individuos) (SERFOR, 2018).

**Definición de viabilidad:** *Probabilidad de extinción <20% en 100 años.*

Se considera que la población es viable si tiene una probabilidad de extinción (PE) menor al 20% en los años 10, 20 y 50 de la simulación. Es decir, una viabilidad del 20% en 100 años de simulación de acuerdo a la categoría y criterios de la lista roja de la UINC, versión 3.1, donde clasifican al Suri con el siguiente código: **A2cd, C2a(i).**

**A.** Reducción del tamaño de la población basada en cualquiera de los siguientes puntos:

**2.** La población ha experimentado una reducción observada, estimada, inferida o sospechada  $\geq 80\%$  en los últimos 10 años o en tres generaciones, dependiendo de cuál sea el período más largo, donde esa reducción, o sus causas, pueden no haber cesado, o pueden no ser entendidas, o no ser reversibles, basándose en y cumpliendo al menos una de las opciones (a) a (e) mencionadas en A1.

**(c)** una reducción del área de ocupación, extensión de presencia y/o calidad del hábitat

**(d)** niveles de explotación reales o potenciales.

**C.** Pequeño tamaño de la población y disminución: Tamaño de la población estimada en menos de 250 individuos maduros y ya sea:

**2.** Una disminución continua, observada, proyectada, o inferida, en el número de individuos maduros Y al menos uno de los siguientes subcriterios (a-b):

**a.** Estructura poblacional en una de las siguientes formas:

**(i)** se estima que ninguna subpoblación contiene más de 50 individuos maduros.

**Descripción de la especie:**

**Depresión por consanguinidad:** Si, modelo de heterosis, equivalentes letales: 3.14  
Se cree que la consanguinidad tiene un efecto importante en la reproducción y en la supervivencia de las poblaciones, especialmente en las pequeñas poblaciones. La

depresión por consanguinidad es la reducción en el “*fitness*” de una especie o una población cuando los individuos nacen de reproducciones entre parientes cercanos. Puede causar la reducción en la supervivencia (de pichón, juveniles y adultos), en la fertilidad, en la fecundidad, en el número de nidada y de pollos; además puede causar problemas fisiológicos como la disminución en el crecimiento, la resistencia a enfermedades, la resistencia al estrés, la eficiencia metabólica, etc. (Lacy, 1997). En el centro de conservación de *Rhea pennata*, se han reportado malformaciones genéticas en pichones, como patas y alas atrofiadas y ceguera en pichones (Dante Ramirez; Luis Flores, Jose Luis Vilca, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019, 09 de diciembre de 2019, respectivamente). Aunque no se tenga evidencias de la consanguinidad en grupos de *Rhea pennata* silvestres, se asumen que, si existe un impacto, por lo reportado en el centro de conservación de *Rhea pennata*.

VORTEX incluye la posibilidad de modelar estos efectos detrimentales como la reducción en la supervivencia de las crías durante el primer año de vida (clase de edad de 0 – 1 año).

La depresión endogámica se modeló con valores de 3.14 equivalentes letales con 50% debido a alelos letales recesivos, que es el valor medio estimado por los análisis de las poblaciones cautivas de 40 especies de aves y mamíferos (Miller & Lacy, 2005; Rioja-Pardela *et al.*, 2013).

#### **Porcentaje de alelos letales recesivos: 50%**

El porcentaje de la carga genética debido a alelos letales es de 50.0.

#### **EV Concordancia de la reproducción y la supervivencia**

La variación medioambiental (EV) es la variación anual en las probabilidades de reproducción y supervivencia que surge de la variación aleatoria en las condiciones ambientales.

#### **EV Correlación entre poblaciones: 1.0**

Cuando la EV es completamente independiente entre las poblaciones, este valor es 0,0. Cuando la EV en la reproducción y en la supervivencia está completamente sincronizada entre la población del *Rhea pennata*, este valor es 1,0. Como las

condiciones ambientales son muy similares en el hábitat de *Rhea pennata*, se considera que este valor es de 1,0.

**Número de catástrofes:** 2 *catástrofes*

Las catástrofes son extremos de variaciones ambientales que tienen un fuerte impacto sobre la supervivencia y la reproducción. Se han considerado 2 catástrofes: la nevada y la ceniza expulsada por el volcán Ubinas, que tiene un impacto en el corto plazo.

**Etiquetas y variables de estado:**

**Sistema de Reproducción**

*Rhea pennata* es una especie polígama, conformada por un macho y varias hembras, individuos juveniles y pichones. Según registros históricos, un grupo poblacional podía estar constituido de 100 a 120 individuos (Pulido, 1991, citado en SERFOR, 2015). Sin embargo, en la actualidad un grupo poblacional tienen entre 8 y 24 individuos, si por ejemplo el grupo es de 8 individuos, se puede conformar por 1 macho, 4 hembras y 3 juveniles (Felix Pacoticona, comunicación personal, 15 de abril de 2019). Aunque se han reportado, 2 o más machos en grupos de 4 a más hembras (Balmford, 1992, citado en González-Urrutia *et al.*, 2018).

**Edad de la Primera Reproducción:** 3 años en machos y hembras

VORTEX considera la edad de la primera reproducción como la edad, donde tienen su primera nidada, que no necesariamente es cuando alcanza la madurez sexual. La actividad reproductiva de *Rhea pennata* se inicia normalmente entre los 20 y 24 meses de edad, en menor proporción maduran sexualmente entre los 12 y 24 meses de edad (Sarasqueta, 2005). En el centro de conservación de *Rhea pennata*, han observado que tienen una reproducción exitosa a partir de los 3 años (PEBLT, 2017). Entonces, alcanzan la madurez sexual alrededor de los 2 años, pero tanto machos como hembras tienen su primera nidada exitosa a los 3 años.

**Edad de senescencia reproductiva:** 13 años en machos y hembras

VORTEX asume que los animales pueden reproducirse (a una tasa normal) a lo largo de su vida adulta, y no considera la senescencia reproductiva. Los individuos son eliminados del modelo una vez que cumplen su edad máxima de reproducción. En el centro de conservación tienen registro de reproductores de hasta 13 años de edad en

machos y hembras, siendo esa su edad de longevidad (PELT, 2017; Dante Ramírez; Luis Flores, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019, respectivamente).

**Máximo número de nidada por año:** *Solo 1 nidada anual*

*Rhea pennata* sólo cría una vez al año. En vida silvestre estiman que solo el 20% de los machos entran anualmente en reproducción (Laufert, 2004, citado en Gonzales-Urrutia *et al.*, 2018). La etapa del proceso reproductivo, inicia en el mes de julio a setiembre con el cortejo y posterior copula, en este periodo el macho construye los nidos; la postura es desde agosto a noviembre, la incubación, realizada solo por el macho, dura alrededor de los 43 días (en el mes de enero aproximadamente). Por lo tanto, *Rhea pennata* tiene una nidada al año (PELT, 2017).

**Máximo número de crías por camada:** *12 huevos por nido*

Las observaciones realizadas en el centro de conservación de *Rhea pennata* indica que en promedio un nido puede tener 12 huevos. Sin embargo, los grupos poblacionales en vida silvestre pueden tener de 12 hasta 20 huevos por nido (Felix Pacoticona; Hugo Colque, Santos Tuco, comunicación personal, 15 de abril de 2019; 15 de abril de 2019; 05 de setiembre del 2019, respectivamente). Otros estudios reportan que, cada hembra pone entre 8 a 12 huevos por postura (Feld *et al.*, 2011), también se han registrado un promedio de postura de 15 huevos por nido, con un rango de 7 a 21 huevos por nido, pero estos datos son del Choique, (*Rhea pennata pennata*, en Argentina). Entonces para el modelo hemos usado un promedio de 12 huevos por nido.

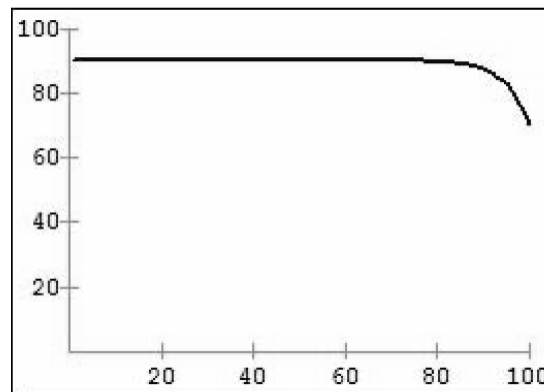
**Proporción de sexos al nacer:** 1:4, un macho por cuatro hembras

*Rhea pennata* es una especie que establece jerarquías (en la reproducción) entre los machos por la posesión de las hembras, donde la cantidad de machos está relacionada con la cantidad de hembras: dos o más machos en grupos de cuatro o más hembras, siendo la proporción sexual de 2 a 12 hembras por cada macho (Balmford, 1992, citado en González-Urrutia *et al.*, 2018). A nivel local, existe una coincidencia al señalar que en grupos relativamente estables hay 1 macho y de 3 a 4 hembras (Luis Flores, comunicación personal, 06 de mayo de 2019). Según esto, consideramos en el modelo la proporción de sexos de 1 macho: 4 hembras.

### Ratios reproductivas:

**Porcentaje de hembras que se reproducen:** *Porcentaje de hembras que contribuyen a la reproducción. 70%; 80%; 90%*

Los estudios clásicos determinan que a mayor densidad de animales existe una mayor competencia por presas y parejas, el programa VORTEX utiliza un modelo densodependiente en el que la proporción de hembras adultas reproductoras está en función de la densidad poblacional. Para introducir estos datos en el modelo se utilizó la siguiente fórmula:



*Figura 3.* Ecuación utilizada en el modelo base para estimar la densodependencia en el porcentaje de hembras reproductoras.  $\text{Porcentaje de hembras reproductoras} = (90 - ((90-70) * ((N/K)^{20}))) * (N / (0+N))$  ecuación en el programa VORTEX 9.6.

Fuente: VORTEX 9.6.

**EV en el porcentaje de hembras que se reproducen:** 80%

La variación ambiental en la reproducción está modelada en VORTEX como la desviación estándar para el porcentaje de hembras que se reproducen y producen descendencia.

**Porcentaje de machos potencialmente reproductores:** 80%.

En la época de reproducción, todos los machos y hembras son adultos y por tanto maduros sexualmente. Todos los machos tienen la capacidad de transmitir sus genes a la siguiente generación.

## **Ratios de mortalidad**

La mortalidad de *Rhea pennata* es alta, su ciclo reproductivo es: polluelo (0 – 12 meses), juveniles (12 – 23 meses) y adultos (a partir de los 24 meses). A partir de esta clasificación las clases de edad: polluelo (primera clase), juvenil (segunda clase) y adulto (tercera clase). Según esto, la mortalidad por clase en el centro de conservación solo el 50% de los huevos fértiles eclosiona, entendiendo que, en un nido con un promedio de 12 huevos, solo el 60% son huevos fértiles. Hay un 60% de mortalidad en la primera clase, 20% en la segunda clase y 5% en la tercera clase. Las causas identificadas están referidas a aspectos reproductivos inherentes a la especie: la puesta de huevos de las hembras fuera de los nidos y el comportamiento del macho, que sólo cuida los primeros pichones que nacen y abandona el resto de la nidada (PEBLT, 2017).

Información procedente de las entrevistas, señalan que la mortalidad de *Rhea pennata* en vida silvestre es muy alta en la primera clase de edad, esto se debe a la recolección de huevos de *Rhea pennata* para fines de consumo personal, medicina, venta para artesanía. La mortalidad en la segunda y tercera clase de edad es por caza furtiva para la venta de su carne y plumas, y uso medicinal. Otros factores que están relacionadas a la mortalidad, aunque no se ha podido determinar por clase de edad son: disminución de hábitat, depredadores naturales, competencia por alimento con especies domésticas y transmisión de enfermedades de agentes patógenos que provienen de animales domésticos.

Se considera para el modelo que la mortalidad en machos y hembras es similar.

*Mortalidad de 0 a 1: 60%*

*Desviación estándar de 0 a 1 debido a la EV: 6*

*Mortalidad de 1 a 2: 20%*

*Desviación estándar de después del año 1 debido a la EV: 2*

*Mortalidad de 2 a 3: 5%*

*Desviación estándar de después del año 2 debido a la EV: 1*

**Catástrofes:** *Si (02)*



Las catástrofes son eventos ambientales que están fuera de la variación ambiental normal que pueden afectar a la reproducción y/o a la supervivencia de cualquier especie.

Las catástrofes naturales pueden ser huracanes, inundaciones, enfermedades, sequías, inundaciones, entre otros. Estos eventos son modelados en VORTEX asignando una probabilidad anual de ocurrencia y factores de severidad, describiendo su impacto en la mortalidad (a través de todas las clases de edades y sexos) y la proporción de hembras que se reproducen exitosamente en un año dado.

Según las entrevistas a pobladores locales, especialista e información (PEBLT, 2017), se ha determinado 2 catástrofes que incluyen o afecta la reproducción y supervivencia de *Rhea pennata* en su área de distribución: la nevada y ceniza expulsada del volcán Ubinas.

En el modelo base se consideró que, para eventos naturales como la nevada, existe una frecuencia de ocurrencia del 40% cada año, la severidad de la catástrofe respecto a la reproducción es de 50% y respecto a la supervivencia es del 80%.

Para la ceniza se estimó una frecuencia del 10% (1 cada 10 años). La severidad de la catástrofe respecto a la reproducción es del 25% y respecto a la mortalidad es del 20%.

### **Repoblación o suplementación: Si**

*Rhea pennata*, es una especie que forma grupos poblacionales, usualmente pequeños (Stotz *et al.*, 2010, citado en SERFOR, 2015). Algunas versiones orales que provienen del incanato refieren grupos poblacionales de entre 100 a 150 individuos. En el centro de rescate pueden llegar a formar grupo de hasta 15 individuos (PEBLT, 2017). Sin embargo, en el informe del censo poblacional del año 2016, se describen grupos poblaciones de 19 individuos y de 30 individuos (SERFOR, 2018). Durante nuestra etapa de campo observamos un grupo poblacional de 8 individuos, que coincide con las entrevistas realizadas a pobladores locales como a técnicos y especialistas, que trabajaron en el PEBLT. Estos pobladores afirman que, en realidad, los grupos poblacionales tienen usualmente entre 8 a 12 individuos, conformado por algunos machos y varias hembras. SERFOR (2015), describe que *Rhea pennata* vive en pequeños grupos conformado por varias hembras, de 2 a 15 hembras por macho. Siguiendo la siguiente estructura:

La estructura social durante la época no reproductiva consiste en:

- ✓ Macho con sus polluelos
- ✓ Hembras adultas, que terminaron su período de postura, más los juveniles. Estos últimos son los polluelos que han alcanzado su primer año de vida. Su desarrollo es casi la mitad de un adulto y no manifiestan actividad sexual. Permanecen en grupo hasta el otoño siguiente.

La estructura social durante la época reproductiva consiste en:

- ✓ Grupo reproductivo: formado por un macho dominante y hembras sexualmente maduras.
- ✓ Machos adultos: macho en celo, pero sin grupo de hembras.
- ✓ Grupo de juveniles: animales sexualmente inmaduros.

La re-introducción de *Rhea pennata*, considera un programa de repoblamiento. Considerando la estructura social de los grupos poblacionales de *Rhea pennata*, establecimos en el modelo VORTEX los siguiente:

Primer año de repoblamiento: a los 5 años

Último año de repoblamiento: a los 20 años

Intervalo de año de repoblamiento: cada 2 años

Número de grupos poblacionales a repoblamiento: 38 grupos poblacionales, cada grupo de 15 a 20 individuos.

Número de machos y hembras por cada grupo poblacional de 20 individuos a repoblamiento: 1 macho adulto, 2 machos juveniles; 4 hembras adultas, 6 hembras juveniles; y pichones.

Los datos de SERFOR, indica que han logrado observar un grupo poblacional en silvestría de hasta 32 individuos de Suri. Este dato permite establecer un grupo poblacional de más de 30 individuos para una re-introducción.

**Tamaño Inicial de Población (N):** 350 individuos

Según datos del último censo poblacional de *Rhea pennata* (SERFOR, 2018), el tamaño poblacional del Suri es de 350 individuos, distribuidos entre Puno, Moquegua y Tacna. Considerando que el censo 2008 informaba una población de 447 individuos

y el censo del 2016 una población de 350 individuos (Tabla 4), entonces hubo una disminución poblacional de 97 individuos en casi 8 años, esto representa el 22 % de disminución poblacional en este periodo de tiempo.

Tabla 4

*Datos de los censos 2008 y 2016*

Localidad	Número de individuos	Número de individuos
	Censo 2008	Censo 2016
Puno	157	112
Moquegua	186	72
Tacna	104	166
<b>Total</b>	<b>447</b>	<b>350</b>

#### **Capacidad de Carga (K): > 450 individuos**

La capacidad de carga (K) de un hábitat, es definido como el límite máximo del tamaño poblacional que puede soportar el hábitat, cuando sobrepasa este límite, la mortalidad se distribuye aleatoriamente en todas las clases de edad, esto es, para que la población vuelva a su valor K. Al considerar la reproducción densodependiente en el programa VORTEX, se espera que la población se autorregule antes de llegar a K. La pérdida de hábitat puede hacer que la capacidad de carga (K) pueda descender.

Los datos sobre disponibilidad de hábitat para *Rhea pennata* (SERFOR, 2015) indican que existe una disponibilidad de hábitat, en los departamentos de Puno, Moquegua y Tacna (Tabla 5), a pesar de la disminución de su hábitat por la construcción de carreteras nacionales, regionales y locales.

Tabla 5

*Disponibilidad de hábitat para Rhea pennata (SERFOR, 2015)*

Localidad	Hábitat (superficie en km <sup>2</sup> )	Hábitat en %
Puno	3488	33
Moquegua	4046	37
Tacna	3315	30
<b>Total</b>	<b>10849</b>	<b>100</b>

Estos datos revelan que el hábitat potencial para *Rhea pennata* es de aproximadamente una superficie de 10 849 km<sup>2</sup> entre los departamentos de Puno, Moquegua y Tacna. Por otra parte, los datos de abundancia indican que en el departamento Puno la abundancia es de 0.045 individuos/ km<sup>2</sup>, en el departamento de Moquegua la abundancia es de 0.026 individuos/ km<sup>2</sup>, mientras que en el departamento de Tacna la abundancia es de 0.041 individuos/ km<sup>2</sup>, esto quiere decir que, la población de *Rhea pennata* en el Perú está lejos de alcanzar la capacidad de carga (k), por lo tanto, la capacidad de carga es mayor a la población actual que es de 350 individuos.

Tabla 6

*Datos poblacionales y de biología reproductiva utilizados en VORTEX 9.6 para el modelo base de Rhea pennata.*

Parámetros	Modelo base
Sistema de apareamiento	Poligamia
Depresión por endogamia	No
Edad que alcanzan la madurez sexual (♂ y ♀)	2 años
Edad de la primera reproducción (♂ y ♀)	3 años
Máxima edad de reproducción	13 años
Máxima nidada por año	1
Porcentaje de hembras que se reproducen al año	80%
Porcentaje de machos adultos que se reproducen al año	80%
Número máximo de pollos por nido	10-12 huevos
Proporción de sexos al nacer	1♂: 4♀
Mortalidad anual según clase: pichones (♂ y ♀)	60%
Mortalidad anual según clase: juveniles (♂ y ♀)	10%
Mortalidad anual según clase: (♂ y ♀)	5%
Catástrofes (Variaciones ambientales)	2 (nevada y ceniza)
Número de poblaciones	1 población
Tamaño inicial de la población (N)	N= 350 individuos
Capacidad de carga del habitat (K)	K=N+100
Número de iteraciones y años de proyección	100
Reintroducción	si

Tabla 7

*Descripción de los escenarios de modelación para Rhea pennata*

Escenario de modelación	Código	Descripción del escenario
Base	Base	Escenario sin efecto de las amenazas, ni de la endogamia
Disminución de la reproducción de machos y hembras	D_repro	Escenario del efecto por la reducción de la cantidad y calidad de hábitat
Recolección de huevos	Rec_Hu	Escenario del efecto de la recolección de huevos sobre la mortalidad en la primera clase de edad
Endogamia	End	Escenario del efecto de la endogamia en la sobrevivencia (fecundidad y fertilidad)
Nevada	Nev	Escenario del efecto de la nevada sobre la reproducción y mortalidad en las clases de edad
Manejo de Hábitat	Ma_ha	Escenario de acciones de manejo en la disponibilidad y calidad del hábitat
Disminución de la mortalidad	D-mort	Escenario de acciones de eliminación de actividades de recolección de huevos
Re poblamiento	Repob	Escenario de acciones que incrementen la población y grupos poblacionales

### 3.5.2 Metodología para el objetivo 2

Para establecer el tamaño mínimo viable de *Rhea pennata* en el sur del Perú, se realizó lo siguiente:

#### a. Recolección de información

En las salidas de campo se colecto la información sobre la estructura poblacional, proporción de sexo al nacer, natalidad y mortalidad de *Rhea pennata*, complementariamente se buscó información secundaria de *Rhea pennata* en estado silvestre y en cautiverio, y de especies emparentadas a *Rhea pennata*.

#### b. Descripción de variables

Tabla 8

*Descripción de variables Objetivo 2*

Objetivo específico 2	Descripción de Variables	Tipo de variable
Estimar el tamaño mínimo viable de <i>Rhea pennata</i> en el sur del Perú	Tamaño de la población: Se refiere al número de individuos encontrados en el último censo realizado por SERFOR, el cual permitirá analizar el tamaño efectivo de la población y el tamaño mínimo viable.	Dependiente

**c. Diseño de muestreo del tamaño mínimo viable**

El tamaño mínimo viable se refiere a aquel que tiene una probabilidad de persistencia de un 99% en 40 generaciones (Reed *et al.*, 2002) o una media entre 50 y 500 individuos (Shafer, 1981). El tamaño mínimo viable se analizó con el software VORTEX 9.60.

**d. Análisis estadístico**

El análisis estadístico se fundamenta en el modelo de crecimiento poblacional que describe el logístico o sigmoideal, y la ecuación que lo describe es:  $dN/dt = rN(1 - N/K)$ . Esta ecuación introduce el término  $(1 - N/K)$  el cual funciona como un mecanismo para acelerar o disminuir el cambio en la abundancia. Es decir, cuando la  $N$  es muy baja respecto a  $K$  entonces la población puede crecer exponencialmente; pero una vez que  $N = K/2$  entonces comienza a frenarse ese crecimiento siendo cada vez menor hasta que  $N = K$ . Es decir, cuando la población ha alcanzado la capacidad de carga.

**3.5.3 Materiales**

Los materiales que se utilizaron para la presente investigación fueron los siguientes:

- ✓ Camioneta 4x4.
- ✓ Combustible para camioneta.
- ✓ Binoculares
- ✓ Telescopio
- ✓ GPS



- ✓ Laptod
- ✓ Camara fotogrfica
- ✓ Materiales de escritorio (hojas, lapiceros, lpices, libretas de campo, borrador, etc)

## CAPÍTULO IV

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### **4.1 Estimación de los efectos de los factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos sobre la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur de Perú.**

Los resultados del modelo evidencian que *Rhea pennata* es una especie con una población pequeña, con un alto riesgo de extinción debido a los factores antrópicos, climáticos, demográficos y genéticos. La tasa de crecimiento poblacional es negativa ( $r=-0.11$ ); vale decir que su población se está reduciendo anualmente en 0.11%, confirmando que *Rhea pennata* no es viable en 100 años de simulación, con una probabilidad de extinción alrededor de los 50 años (Figura 4).

Los resultados de los censos poblacionales entre el 2008 y 2016, evidencian una reducción poblacional del 22% (de 447 a 350 individuos) (SERFOR, 2018), datos que confirman que *Rhea pennata* es una pequeña población. Sobre esto, algunos autores (Primack *et al.*, 2001; Frankham *et al.*, 2002; Reed *et al.*, 2003; Rodríguez-Matamoros *et al.*, 2012; Rocha & Gasca, 2014 y Tammone, 2016) afirman que las pequeñas poblaciones pueden extinguirse en el corto plazo debido a problemas genéticos, fluctuación demográfica y ambiental.



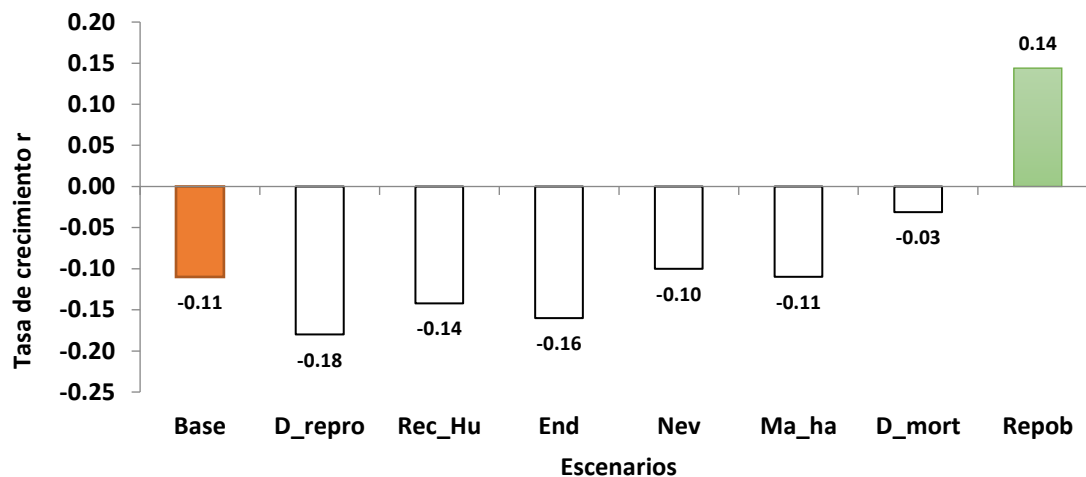


Figura 4. Tasa de crecimiento poblacional del *Rhea pennata* bajo los escenarios: disminución en la reproducción de adultos, recolección de huevos, Nevada, Endogamia, manejo de hábitat, disminución de la mortalidad en la primera clase de edad y Repoblamiento

### Factor antrópico

El factor antrópico fue modelado como la recolección de huevos de *Rhea pennata*, tuvo un efecto sobre la mortalidad en la primera clase de edad (polluelos de 0 a 1 año), llegando hasta el 70% de mortalidad. Significa que, la recolección de huevos de *Rhea pennata* disminuye la tasa anual de crecimiento ( $r=-0.14$ ). Vale decir, que la reducción poblacional es de 0.14% anual (Figura 4). Esto concuerda con lo señalado por diversos autores y los entrevistados, que indican que la recolección de huevos es una de las principales amenazas (SERFOR, 2018; PEBLT, 2017; Felix Pacoticona; Hugo Colque, comunicación personal, 15 de abril de 2019).

### Factor demográfico

Como factores demográficos, se modeló un escenario de *disminución de la reproducción de machos y hembras adultos*. Este escenario muestra la tasa de crecimiento más baja ( $r=-0.18$ ). Significa que, la reducción poblacional es de 0.18% anual (Figura 4).

Los factores considerados demográficos (que afectan a la dinámica poblacional de *Rhea pennata*) como la ganadería, el crecimiento de los centros poblados y las carreteras, descritas por Pulido, 1991; Ordoñez 2006; SERFOR, 2015 y SERFOR, 2018, que se

vinculan a la reducción de la cantidad y calidad de hábitat de *Rhea pennata*, tienen un efecto sinérgico, que estaría disminuyendo la reproducción de los machos y hembras adultas. Así, en el 2019, en nuestro avistamiento de un grupo poblacional no observamos individuos polluelos o juveniles; otros avistamientos entre el 2019 y 2020 confirmarían que en los grupos poblacionales en vida silvestre la reproducción ha disminuido (Tabla 2) (eBird, 2019, accedido el 02/06/2020).

Ambos escenarios (factor antrópico y demográfico), demuestran que si la recolección de huevos y la pérdida de hábitat (menor reproducción de adultos) se mantiene, la probabilidad de que *Rhea pennata* se extinga alrededor de los 60 años (Figura 5).

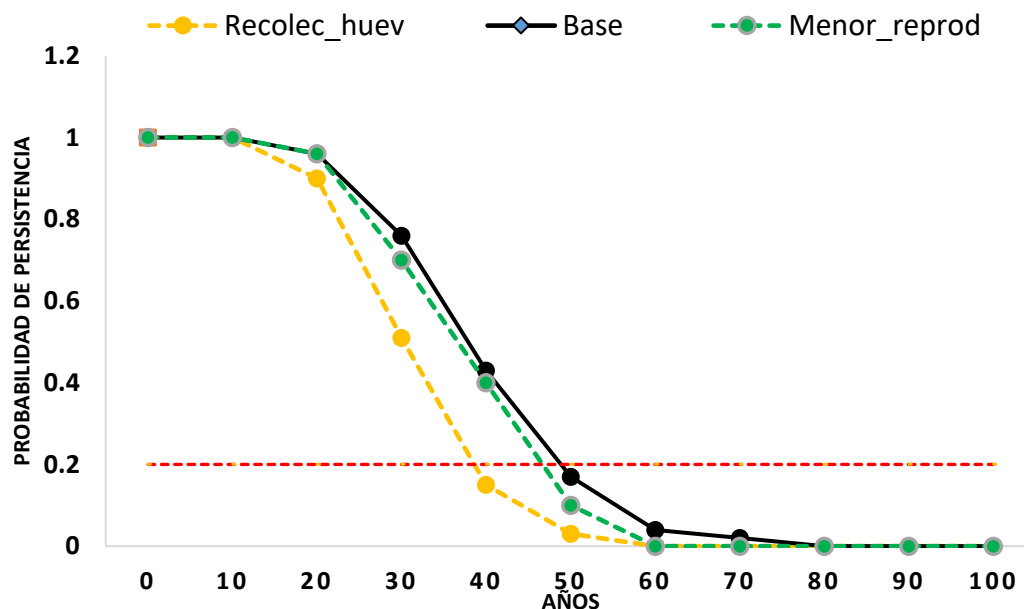


Figura 5. Probabilidad de persistencia de *Rhea pennata* al término de 100 años de simulación bajo el escenario de recolección de huevos y menor reproducción de adultos.

La situación actual de *Rhea pennata* evidencia un claro riesgo de extinción, por lo que es necesario implementar acciones de manejo que eliminan estas amenazas; al mismo tiempo se incrementa la disponibilidad y calidad de hábitat. Disminuir la mortalidad de *Rhea pennata*, sobre todo en la primera clase de edad. Aunque, al parecer, la única posibilidad de incrementa su población sería mediante repoblamiento.

### Factor genético

Como factor genético, se modeló un escenario del efecto de la endogamia sobre una población pequeña (350 individuos y 50 individuos). Este escenario muestra que la tasa

de crecimiento es de  $-0.16$ . Significa que su población se está reduciendo en  $0.16\%$  anualmente (Figura 4). Además, este escenario demuestra también que la pérdida de variabilidad genética hace que *Rhea pennata* se extinga alrededor de los 50 años (Figura 6).

Los resultados, muestran que el efecto de la endogamia es devastador, lo cual también se ha observado en el centro de Conservación de *Rhea pennata*, ya que, debido a la consanguinidad, los polluelos nacen con malformaciones y mueren a los pocos días de nacidos (Santos Tuco, Dante Ramirez; Luis Flores; Jose Luis Vilca, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019; 09 de diciembre de 2019, respectivamente).

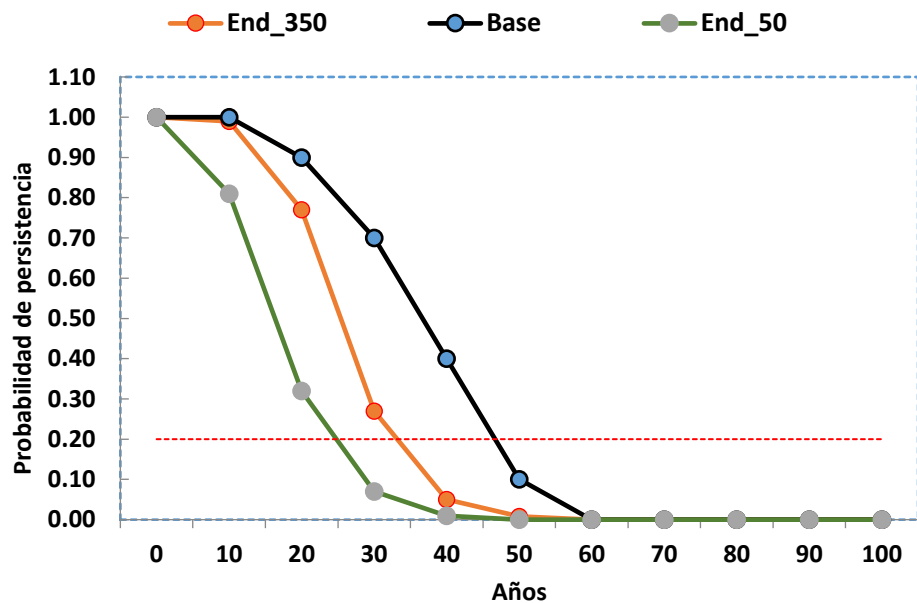


Figura 6. Probabilidad de persistencia de *Rhea pennata* al termino de 100 años de simulación bajo el escenario de consanguinidad: endogamia en 50 individuos, endogamia en 350 individuos.

Una reducción poblacional a menos de 100 individuos por fluctuaciones ambientales o demográficas, sumado al efecto de la consanguinidad, traería consigo la extinción de *Rhea Pennata* en el corto plazo. Una reducción poblacional sometido a periodos constantes de nevada y mayor consanguinidad en la población, probablemente no sobrevivan más allá de los próximos 20 años. En cambio, con el incremento de la población, más allá de los 1000 individuos, tanto el efecto de las nevadas, como la consanguinidad, no son tan significativos.

Otros estudios, han demostrado que la combinación de catástrofe y depresión por endogamia hacen muy inestables a las poblaciones (Rodríguez-Matamoros *et al.*, 2012); reduce la tasa de crecimiento poblacional (Maldonado, 2017), acelera el tiempo de extinción (Brook *et al.*, 2002) debido a la limitada capacidad para responder a cambios en su ambiente (Amos & Balmford, 2001; Reed *et al.*, 2003 y Tammone, 2016).

### **Factor climático**

Se realizó un escenario, donde se simuló el efecto de las nevadas sobre la población de *Rhea pennata*, encontrando que, por efecto de la nevada, se incrementó la mortalidad en la primera clase de edad, la tasa de crecimiento es negativa ( $r=-0.10$ ), Siendo la reducción poblacional de 0.10% anual (Figura 4).

Algunas condiciones climáticas severas, tienen un efecto sobre la cantidad y calidad de hábitat, e incrementan la mortalidad (Akcakeya, 2000). Se ha demostrado que en cautiverio las nevadas provocan la muerte de polluelos alrededor del 50% a 60% (PEBLT, 2017). Un porcentaje similar se daría en poblaciones silvestres (Pulido, 1991; Felix Pacoticona, Hugo Colque, comunicación personal, 15 de abril de 2019 y Luis Flores, comunicación personal, 06 de mayo de 2019; Jose Luis Vilca, comunicación personal, 09 de diciembre de 2019 y Dante Ramirez, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018).

Otras investigaciones, confirman que fluctuaciones ambientales tienen un fuerte impacto en la sobrevivencia en la primera clase de edad, como en *Tetrao urogallo* (Grimm y Storch, 2000). En *Rollandia microptera* la mortalidad en polluelos debe mantenerse por debajo del 75%, de incrementarse la mortalidad causaría un declive poblacional (Maldonado, 2007). Aunque (Carrillo *et al.*, 2003) para *Harpia harpyja* afirma que no solo debe evitarse la mortalidad en la primera etapa de vida, es clave disminuir la mortalidad en adultos y juveniles.

Otras investigaciones, confirman que fluctuaciones ambientales tienen un fuerte impacto en la sobrevivencia en la primera clase de edad, como en *Tetrao urogallo* (Grimm y Storch, 2000). En *Rollandia microptera* la mortalidad en polluelos debe mantenerse por debajo del 75%, de incrementarse la mortalidad causaría un declive poblacional (Maldonado, 2007). Aunque (Carrillo *et al.*, 2003) para *Harpia harpyja* afirma que no solo debe evitarse la mortalidad en la primera etapa de vida, es clave disminuir la mortalidad en adultos y juveniles.

## Análisis de sensibilidad

Parte importante de cualquier estudio de viabilidad poblacional es el análisis de sensibilidad, permite analizar posibles cambios positivos o negativos en los valores de los parámetros poblacionales. Primero, es fundamental conocer estos valores con precisión, pero no siempre se puede obtener estos valores en poblaciones silvestres o especies en peligro de extinción. Por lo tanto, las pruebas de sensibilidad son esenciales para valorar la incertidumbre en las proyecciones de los parámetros de entrada del modelo. En segundo lugar, las pruebas de sensibilidad pueden revelar qué parámetros del modelo son factores claves que determinan la dinámica de la población. Dicho esto, los análisis de sensibilidad, ayudan a comprender qué parámetros deben estimarse con mayor precisión (por ejemplo, estudios de campo adicionales), qué factores podrían ser efectivos para implementar estrategias de manejo.

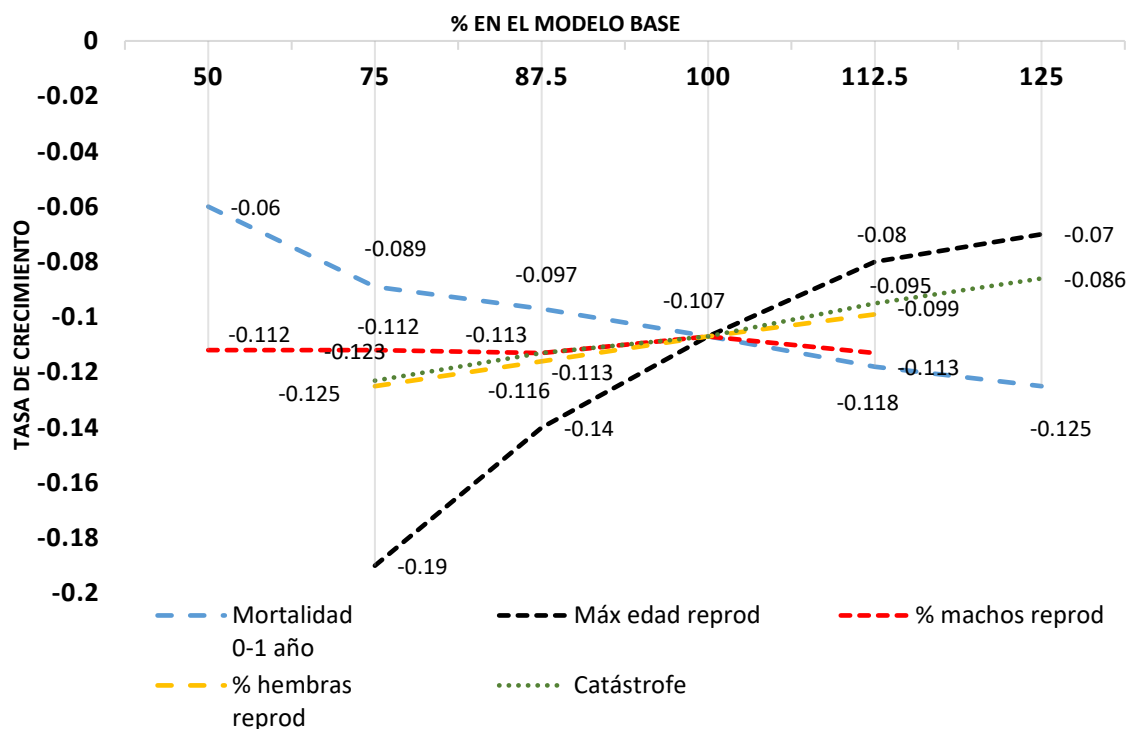


Figura 7. Análisis de sensibilidad para parámetros inciertos en el modelo base de la población de *Rhea pennata*.

Algunos parámetros evaluados han evidenciado un alto grado de incertidumbre, los cuales fueron los siguientes: tasa de mortalidad para la clase de edad de 0 a 1 año (machos y hembras), edad reproductiva (diferente a la edad que alcanza la madurez sexual),

porcentaje de machos y hembras que logran reproducirse (en ninguna población todos los machos ni todas las hembras se reproducen) y las catástrofes, en este caso, nevada y ceniza volcánica. Se realizó varios análisis de sensibilidad para estos parámetros y fueron comparados con la tasa de crecimiento anual de *Rhea pennata* ( $r = -0.11$ ) significa que la población va disminuyendo en 0.11% cada año) resultado en el modelo base.

El análisis de sensibilidad, demostró que la mortalidad de machos y hembras en la clase de edad de 0 a 1 año es muy significativa; vale decir que, en esta clase de edad la mortalidad es del 60%, que representa una tasa de crecimiento negativa de -0.10% (quiere decir, que la población está disminuyendo). Disminuir la mortalidad del 60% al 30% en esta clase, representa una tasa de crecimiento de -0.06 (aun así, la población sigue disminuyendo), conseguir una disminución menor al 20% en esta clase de edad es improbable, ya que, enfermedades, cacería, factores climáticos, entre otros, son determinantes en la mortalidad en esta clase de edad. De otro lado, una mortalidad superior al 60% en esta clase de edad, representa una drástica disminución de su población, la tasa de crecimiento poblacional cae a -0.12. En este escenario, *Rhea pennata* enfrentaría una extinción local antes de los 50 años.

Otro parámetro poblacional clave es la máxima edad reproductiva, en el modelo base se estimó 12 años a partir de registros de edad en el Centro de Conservación de *Rhea pennata*, pero se desconoce cuál es la máxima edad reproductiva en vida silvestre. El análisis de sensibilidad para este parámetro indica que, mientras mayor sea la edad reproductiva la tasa de crecimiento se incrementa; de manera que, si la máxima edad reproductiva fuera 16 años, la tasa de crecimiento es de -0.07. Si la máxima edad reproductiva fuera 10 años, la tasa de crecimiento es -0.19. Ambos datos representan una alta incertidumbre. Por tal razón, este parámetro representa una prioridad de investigación.

Otro parámetro con alta incertidumbre son las catástrofes, identificadas como nevada y ceniza volcánica, el análisis de sensibilidad para este parámetro muestra que un mayor impacto y frecuencia de las catástrofes sobre la población de *Rhea pennata*, reduce la tasa de crecimiento a -0.12.

Otro parámetro con incertidumbre es el porcentaje de machos y hembras reproduciéndose, vale decir, del 100% cuantos machos y hembras lograr reproducirse con éxito cada año. Fue muy difícil calcular este parámetro, por lo cual, se realizó el análisis

de sensibilidad. El resultado indica que, si algún otro parámetro hace que el porcentaje de machos y hembras disminuya en un 25%, la tasa de crecimiento anual de *Rhea pennata* caerá de -0.07 a -0.11.

#### **4.2 Tamaño mínimo viable de *Rhea pennata*, en el sur de Perú.**

Se modelaron en el software otros escenarios que tienen que ver con acciones de manejo en la población y su hábitat que permitan la recuperación poblacional de *Rhea pennata*. Uno de estos escenarios implica la reducción de la mortalidad en la primera clase de edad, de 60% a 20%. Este escenario muestra, que a pesar de implementar acciones de conservación que conlleven a la reducción de la mortalidad en la primera clase de edad, la población sigue disminuyendo ( $r=-0.03$ ) (Figura 4); esto demuestra que no es suficiente reducir la mortalidad para que la población de *Rhea pennata* sobreviva en el corto plazo. En consecuencia, modelamos otro escenario, que implica la conservación de hábitat clave de *Rhea pennata* en el área de distribución en Perú, sumado al involucramiento de las comunidades campesinas en medidas de manejo y conservación de *Rhea pennata* y sus hábitats.

Los resultados de los escenarios modelados apuntan a una extinción de *Rhea pennata*. Al parecer, la única forma de conservarla es implementar acciones de repoblamiento. Esto es, incrementar el número de individuos en la población hasta alcanzar, no solo su tamaño mínimo viable, sino un tamaño efectivo poblacional.

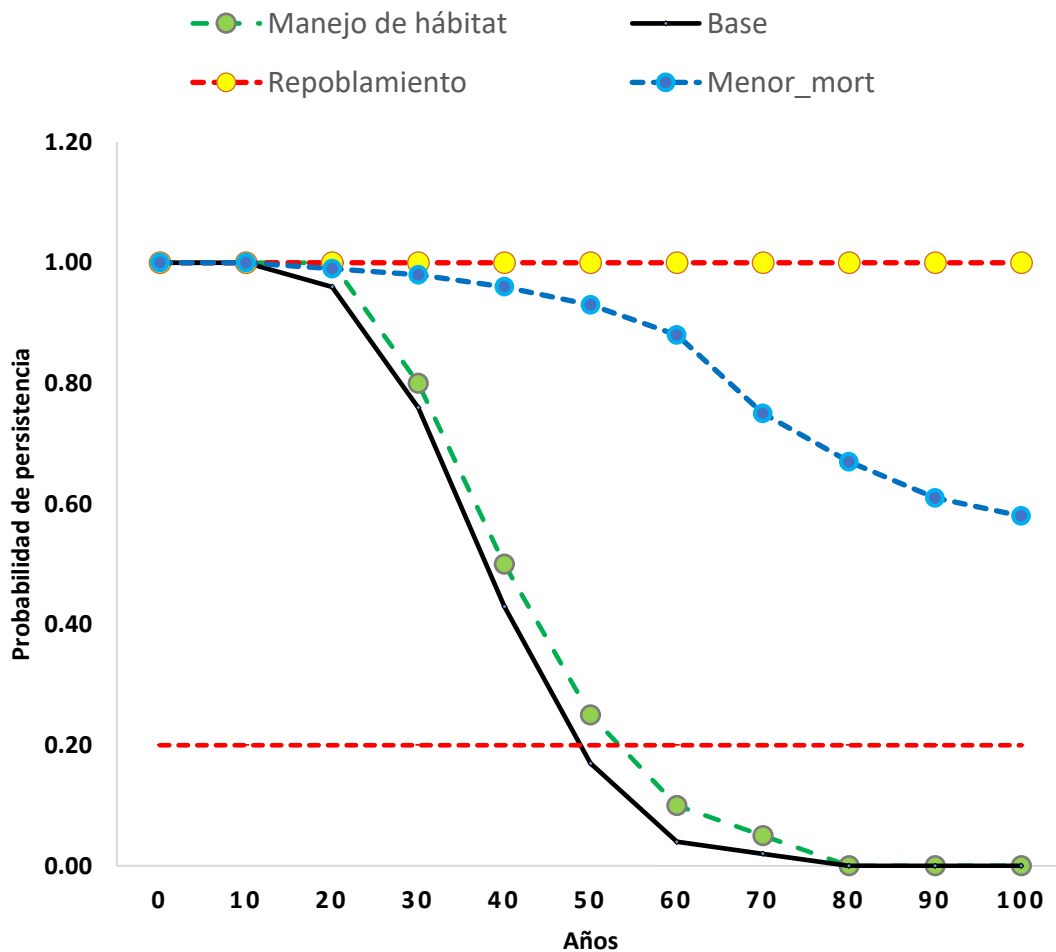


Figura 8. Probabilidad de persistencia de *Rhea pennata* al termino de 100 años de simulación bajo los escenarios: Manejo de hábitat, disminución de mortalidad en la primera clase de edad y Repoblamiento

Para alcanzar el tamaño mínimo viable modelamos un *escenario de suplementación* que consiste en conducir un programa de repoblamiento que debe implementarse en un periodo de 20 años. En los primeros 5 años se debe preparar y entrenar a los grupos poblacionales (Bello *et al.*, 2014), para esto se requiere instalaciones adecuadas, equipo, material y contar con un equipo humano con capacidad y conocimiento en procesos de repoblamiento (Richard & Aprile, 2020). De esta manera, luego del proceso de entrenamiento que debe durar aproximadamente 5 años, continua con la etapa de liberación blanda por un periodo de 15 años, inicia en el año 5 y concluye en el año 20. Durante este tiempo se debe liberar 38 grupos poblacionales, cada grupo poblacional constituidos entre 15 a 20 individuos: machos adultos y hembras adultas con una



proporción de sexo de 1 macho:4 hembras; machos y hembras juveniles en la misma proporción; y pichones.

Avistamientos de grupos poblacionales de *Rhea pennata* en estado silvestre, demuestran que los grupos pueden estar conformados entre 15 a 24 individuos (eBird, 2019, Accedido el 02/06/2020). Luego del proceso de repoblamiento, se espera que la población de *Rhea pennata* supere los 1000 individuos. Como resalta Sanderson (2007) poblaciones con un tamaño mínimo viable de 1000 individuos no tienen riesgo de extinción. Así mismo, el tamaño mínimo efectivo de *Rhea pennata*, debería ser de al menos 200 parejas reproductoras. Esos resultados concuerdan con otras afirmaciones de (Thomas, 1990) y (Maffe y Carroll, 1994) citados en (Jimenez-Sierra *et al.*, 2009).

Algo muy importante, el escenario de repoblamiento modelado solo es efectivo, si la mortalidad en la primera clase de edad disminuye al menos al 40%. La reproducción de machos y hembras se mantenga en alrededor del 80%, se incremente la variabilidad genética al introducir nuevos individuos a la población, se disponga de hábitats bajo alguna medida de conservación y de buena calidad, se elimine la recolección de huevos; y la liberación de los grupos poblacionales involucre la participación de las comunidades campesinas.

Algunas experiencias sugieren que el repoblamiento de individuos en cautiverio a vida silvestre es posible; pero se recomienda pasar por algunas etapas como: selección (incluye la cuarentena y estado sanitario), adaptación y entrenamiento (sobre todo tácticas antidepredativas e identifiquen al hombre como un depredador) y luego la liberación blanda cuyo destino debe ser algún área protegida o mecanismo de conservación, donde las actividades humanas sean controladas (Navarro & Martella, 2006; Berkunsky & Di Giacomo, 2015). La etapa de entrenamiento, es vital, para un repoblamiento exitoso (Vera-Cortez *et al.*, 2014 y Leche *et al.*, 2015). En la liberación, es muy importante el seguimiento o monitoreo de los individuos liberados para evaluar la supervivencia de los individuos o grupos poblacionales a las nuevas condiciones naturales (Bello *et al.*, 2014; Berkunsky & Di Giacomo, 2015). Igual de importante es contar con instalaciones de infraestructura y profesionales con capacidades para vigilar el estado sanitario, el entrenamiento de los individuos y la liberación (Pallaro, 2019).



## CONCLUSIONES

1. La población de *Rhea pennata* no es viable en 100 años de simulación. La probabilidad de extinción es alrededor de los 50 años, debido a factores antrópicos (recolección de huevos), demográficos (disminución de la reproducción en hembras y machos adultos), genéticos (perdida de la variabilidad genética), y ambientales (nevadas extremas por periodos largos). Dichos factores resultan en una tasa de crecimiento negativa ( $r=-0.18$ ).
2. La población de *Rhea pennata*, alcanza un tamaño mínimo viable con 38 grupos poblacionales estructuralmente funcionales. Para alcanzar este tamaño mínimo viable, es necesario mejorar la calidad e incrementar la disponibilidad de hábitat, disminuir la mortalidad en la primera clase de edad, e implementar medidas de manejo de la especie y su hábitat con la participación de la población de las comunidades campesinas.

## RECOMENDACIONES

1. Los análisis de sensibilidad realizados a los modelos y escenarios, evidenciaron que algunos parámetros demográficos fueron modelados con algún grado de incertidumbre, por lo que se sugiere priorizar estudios de campo para conocer la dinámica poblacional de *Rhea pennata* en vida silvestre. Con esta información, se deben correr nuevamente los modelos y ajustar los escenarios.
2. El tamaño mínimo viable debe precisarse con los resultados de investigaciones de parámetros, como: la tasa de mortalidad para la clase de edad de 0 a 1 año, edad reproductiva, porcentaje de machos y hembras que se reproducen, y efectos de las nevadas, que se modelaron en el análisis de sensibilidad.
3. Es necesario priorizar, la investigación, las acciones de educación ambiental, así la gestión interinstitucional y con la población para el manejo del hábitat y conservación de *Rhea pennata*, así como, el cabal cumplimiento del Plan Nacional de conservación de *Rhea pennata*, pues solamente disminuyendo las amenazas con las que se encuentra esta especie y desarrollando un adecuado plan de manejo, conservación y repoblamiento, *Rhea pennata* sobrevivirá en el tiempo.

## BIBLIOGRAFÍA

- Akcakaya, R. (2000). Population viability analysis whit demographically and spatially strutured models. *Ecological Bulletins*, 48, 23–38.
- Amos, W., & Balmford, A. (2001). *When does conservation genetics matter?* 87(February).
- Balmford, A. (1992). *Poliandria y cuidado uniparental de machos en el ñandú petiso*. Informe para Corporación Nacional Forestal de Chile, Cambridge, UK.
- Barri, F. R., Martella, M. B., & Navarro, J. L. (2008). Characteristics, abundance and fertility of orphan eggs of the Lesser Rhea (*Pterocnemia-Rhea-pennata pennata*): Implications for conservation. *Journal of Ornithology*, 149(2), 285–288. <https://doi.org/10.1007/s10336-008-0278-x>
- Barri, F. R., Martella, M. B., & Navarro, J. L. (2009). Nest-site habitat selection by Lesser Rheas (*Rhea pennata pennata*) in northwestern Patagonia, Argentina. *Journal of Ornithology*, 150(2), 511–514. <https://doi.org/10.1007/s10336-009-0374-6>
- Barri, F. R., Roldan, N., Navarro, J., & Martella, M. B. (2012). Effects of group size, habitat and hunting risk on vigilance and foraging behaviour in the Lesser Rhea (*Rhea pennata pennata*). *Emu*, 112(1), 67–70. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.1071/MU10090> Effects
- Barrio, J. (2007). Population viability analysis of the Taruka, *Hippocamelus antisensis* (D'orbigny, 1834) (Cervidae) in southern Peru. *Revista Peruana de Biología*, 14(2), 193–200.
- Bellis, L. M., Martella, M. B., & Navarro, J. L. (2004). *Home range of Greater and Lesser Rhea in Argentina : relevance to conservation Home range of greater and lesser rhea in Argentina : relevance to conservation*. (December). <https://doi.org/10.1007/s10531-004-1086-0>
- Bello, R., Escate Infante, W., Capuñay Becerra, C., Timson, S., Rosemberg Fort, F., Munday, R., & Kilby, R. (2014). *Rehabilitación y Reintroducción del Mono Araña, Ateles chamek (humboldt, 1812), en el Suereste de la Amazonia Peruana*. 30.

- Berkunsky, I., & Di Giacomo, A. (2015). *Proyecto de reintroducción experimental de Muitú (Crax fasciolata) y Guacamayo Rojo (Ara chloropterus) en la Reserva Natural Iberá*. 29. <https://doi.org/10.1042/bj20121286>
- Carrillo, L., Camacho, A., Miller, P. &, & Hoeksemma, T. (2003). *Taller de Conservación de Águila Arpía Análisis de Viabilidad de Población y Hábitat para el Águila Arpía (Harpia harpyja) en la Selva Maya Instituto*. Instituto de Historia Natural y Ecología de Chiapas Zoológico Miguel Álvarez del Toro Chiapas, México 27.
- Chang Reissig, Elizabeth & Robles A., C. (2000). Reporte de Caso--Impactación de la molleja en pichones de choique (*Pterocnemia pennata*) criados en granjas de la Patagonia en Argentina. Animal Health Unit, The National Institute of Agricultural Technology, Bariloche. Argentina. *Avian Diseses*, 45:240-244(10), 5.
- Dunham, J., M. Peacock, C. Richard, J. N. & G. V. (1999). Assessing extinctions risk: Integrating genetic information. *Conservation Ecology*. In *Conservation Ecology* (pp. 3:48-53).
- Dunham, Jason; PEACOCK, Mary; RICHARD, Tracy; NIELSEN, J. y, & VINEYARD, G. (n.d.). Assessing extinctions risk: Integrating genetic information. *Conservation Ecology*, 3, 8–53.
- Feld, A., Silvestro, C. A., Huguet, M. J., Miquel, M. C., Sarasqueta, D. V., & Iglesias, G. M. (2011). Conocimientos actuales sobre la genética del ñandú (*Rhea americana*) y el choique (*Rhea pennata*). *Revista Argentina de Producción Animal*, 31(1), 79–90. Recuperado de <http://ppct.caicyt.gov.ar/index.php/rapa/article/view/2496>
- Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2002). Introduction to Conservation Genetics. In *African Zoology* (Vol. 38). <https://doi.org/10.1080/15627020.2003.11657212>
- Frixione, M. G., & De Lamo, D. (2017). Population Fluctuations of Lesser Rhea (*Rhea Pennata Pennata*) in Península Valdés, Patagonia Argentina. *Ornitología Neotropical*, 28(November), 261–268.
- Gilpin, M. E., & Soulé, M. E. (1986). *Minimum viable populations: Processes of species extinction*.

- González-Urrutia, M., Muñoz-Pedrerros, A., & Norambuena, H. V. (2018). Historia natural del Ñandú del sur *Rhea pennata pennata*. *Gestión Ambiental*, 36(April 2019), 23–45. Retrieved from <https://www.researchgate.net/publication/332212093%0AHistoria>
- Grimm, V., & Storch, I. (2000). Minimum viable population size of capercaillie *Tetrao urogallus*: results from a stochastic model. *Wildlife Biology*, 6(1), 219–225. <https://doi.org/10.2981/wlb.2000.019>
- Jiménez-Sierra, C. L., Torres-Orozco, R. E., & Martínez del Río, P. C. (2009). ¿Podemos diagnosticar el riesgo de extinción de las poblaciones de animales y plantas silvestres? *ContactoS*, 74, 50–55.
- Leche, A., Vera Cortez, M., Della Costa, N. S., Navarro, J. L., Marin, R. H., & Martella, M. B. (2015). Stress response assessment during translocation of captive-bred Greater Rheas into the wild. *Ornithol.* <https://doi.org/10.1007/s10336-015-13053>
- Lugo, E. M., Contreras, D. Q., Chaparro, A. D., & Garibello, M. I. C. (2016). El análisis de viabilidad de poblaciones (PVA). Retrieved from <https://www.monografias.com/trabajos109/analisis-viabilidad-poblaciones-pva/analisis-viabilidad-poblaciones-pva.shtml>
- Maldonado Chambi, W. (2007). VIABILIDAD POBLACIONAL DE *Rollandia microptera* (zambullidor del Titicaca) EN EL LAGO TITICACA, PERÚ (Universidad Nacional del Altiplano). Retrieved from [http://tesis.unap.edu.pe/bitstream/handle/UNAP/2383/Oblitas\\_Huayllapuma\\_Elizabeth\\_Quinto\\_Apaza\\_Deyse.pdf?sequence=1](http://tesis.unap.edu.pe/bitstream/handle/UNAP/2383/Oblitas_Huayllapuma_Elizabeth_Quinto_Apaza_Deyse.pdf?sequence=1)
- Maldonado Chambi, W. (2016). *Viabilidad poblacional de Panthera onca, Pteronura brasiliensis y Tremarctos ornatus, especies paisaje del Parque Nacional Bahuaja – Sonene, Perú*. Universidad Nacional del Altiplano, Puno.
- Marinero, N. V., Cortez, R. O., Navarro, J. L., & Martella, M. B. (2014). Density and abundance of rhea *pennata garleppi* (struthioniformes: Rheidae) in the puna ecoregion of Argentina. *Revista Chilena de Historia Natural*, 87(1), 1–5. <https://doi.org/10.1186/s40693-014-0017-z>

- Miller, Philips y Lacy, R. C. (2005). *Vortex: A stochastic simulation of the extinction process. Version 8 User's Manual*. pple Valley, MN: Conservation Breeding Specialist Group (SSC/IUCN).
- Moreno Letelier, A. (2007). Capítulo 3. Tamaño efectivo de la población. In Eguiarte L; Souza V; Aguirre X (Ed.), *Ecología molecular* (Primera, pp. 63–85). Instituto Nacional de Ecología, Semarnat. Mexico.
- Navarro, J. L., & Martella, M. B. (2002). Reproductivity and Raising of Greater Rhea and Lesser Rhea. *Archiv Fur Geflugelkunde*, 66(3), 124–132.
- Navarro, J., & Martella, M. (2006). Proyecto Ñandú: Manejo de Rhea americana y R. pennata en la Argentina. In: Bolkovic, M.L. y D. Ramadori (eds.). “Manejo de Fauna Silvestre en la Argentina. Programas de uso sustentable”. Dirección de Fauna Silvestre, Secretaría de Ambiente y Desarrollo Su. In *Manejo de Fauna Silvestre en la Argentina. Programas de uso sustentable* (pp. 39–50).
- PEBLT, P. E. B. L. T. (2017). *Conservación del Suri (Rhea pennata), avances y logros* (p. 98). p. 98.
- Pedrana, J., Bustamante, J., Travaini, A., Rodriguez, A., Zapata, S., Zann Martinez, J. I., & Procopio, D. (2011). Environmental factors influencing the distribution of the Lesser Rhea (*Rhea pennata pennata*) in southern Patagonia. *Emu*, 111(4), 350–359. <https://doi.org/10.1071/MU11007>
- Primack, R. B., & Ros, J. (2002). *Introducción a la Biología de la Conservación*. Ariel Ciencia, Barcelona.
- Primack, Richard B. (1993). *Essentials of Conservation Biology* (p. 297). p. 297. Sunderland, Massachussets. USA.
- Reboreda, J. C., & Fernández, G. J. (1985). Estudios sobre ecología del comportamiento del ñandu. Rhea americana. *Fucema*, (Short 1975), 1–33. *Reed\_etal\_2003(a).pdf*. (n.d.).
- Reed, J. M., Mills, L. S., Dunning, J. B., Menges, E. S., McKelvey, K. S., Frye, R., ... Miller, P. (2002). Emerging issues in population viability analysis. *Conservation Biology*, 16(1), 7–19. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2002.99419.x>

- Rioja-Paradela, T., Carrillo-Reyes, A., & Lorenzo, C. (2013). Análisis de población viable para determinar el riesgo de extinción de la liebre de Tehuantepec (*Lepus flavigularis*) en Santa María del Mar, Oaxaca. *Therya*, 3(2), 137–150. <https://doi.org/10.12933/therya-12-67>
- Rocha, M., & Gasca, J. (2014). *Ecología Molecular de la conservación* (Eguiarte L; Souza V; Aguirre X, Ed.). Instituto Nacional de Ecología, Semarnat. Mexico.
- Rodríguez-Matamoros, J., Villalobos-Brenes, F., & Gutiérrez-Espeleta, & G. A. (2012). *Viabilidad poblacional de Alouatta palliata ( Primates : Atelidae ) y Cebus capucinus ( Primates : Cebidae ) en el Refugio de Vida Silvestre Privado Nogal, Sarapiquí, Heredia, Costa Rica*. 60(June), 809–832.
- Sanderson, E. (2007). *Estableciendo tamaños poblacionales meta para la conservación de la vida silvestre: ¿Cuántos animales debemos salvar?* Living Landscapes Bulletin. Agencia de los Estados Unidos para el Desarrollo Internacional (USAID) - Wildlife Conservation Society (WCS). NY, USA.
- Sarasqueta, D. V. (1990a). Aspectos de la biología reproductiva del ñandu petiso. *Area*, Vol. 277, pp. 1–15.
- Sarasqueta, D. V. (1990b). *Aspectos de la biología reproductiva del ñandu petiso (Pterocnemia pennata)* (Vol. 277). Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria Estación Experimental Agropecuaria S.C. de Bariloche. Argentina.
- SERFOR. (2015). Plan Nacional para la Conservación del Suri (*Rhea pennata*). *Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre*, pp. 1–53. Lima, Perú.
- SERFOR. (2018a). *Libro Rojo de la Fauna Silvestre Amenazada del Perú* (Primera ED). Lima, Perú.
- SERFOR. (2018b). *Situación poblacional del suri en el Perú: Resultados del II Censo Nacional*. Lima, Perú.
- Soule, & Wilcox, B. (1980). Conservation Biology: An evolutionary – ecological perspective. *Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts. U.S.A.*, 347 pp.





- Tammone, N. M. (2016). *Perdida de diversidad genetica: Implicaciones para la evolucionn y la conservacion de dos especies Ctenomys (ODENTIA, CTENOMYIDAE) en Patagonia Norte.*
- Thomas, C. D. (1990). *What do real population dynamics tell as about minimum viable population sizes?* 4, 324–327.
- Vera Cortez, M., Valdez, D. J., Navarro, J. L., & Martella, M. B. (2014). Efficiency of antipredator training in captive-bred greater rheas reintroduced into the wild. *Acta Ethol*, 187–195. <https://doi.org/10.1007/s10211-014-0206-4>
- UICN. (2012). *Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN: Versión 3.1. Segunda edición.* Gland, Suiza y Cambridge, Reino Unido: UICN. vi + 34pp. Originalmente publicado como IUCN Red List Categories and Criteria: Version 3.1. Second edition. (Gland, Switzerland and Cambridge, UK: IUCN, 2012).
- Villanueva, J. B. (2005). *Distribución actual del Pterocnemia pennata tarapacensis a nivel nacional.* Tesis de post Grado. Especialidad Conservación de Recursos Forestales. UNALM. Lima –Perú. 130 pp.

## ANEXOS

### ANEXO 1. Resultados de las entrevistas

Las personas entrevistadas fueron las siguientes:

- ✓ Dr. Dante Ramírez, Médico Veterinario encargado del Centro de conservación de *Rhea pennata* del PEBLT durante el 2018.
- ✓ Ing. Luis Flores Cuba, Regente de fauna silvestre del Sur del Perú.
- ✓ Blgo. Jose Luis Vilca, Responsable de gestión de conservación y manejo de la fauna silvestre del PEBLT.
- ✓ Felix Pacoticona, Poblador de la comunidad de Llusta, sector Japuri, Distritos Capaso y Masacruz, Provincia El Collao, Puno.
- ✓ Hugo Colque Choqueta, Poblador de la comunidad del distrito de Capaso, Provincia El Collao, Puno, y trabajador del Centro de conservación de *Rhea pennata* del PEBLT.
- ✓ Santos Zacarías Tuco Cantuta, poblador del centro poblado Rosario alto de Ancomarca, Sector Amani, Distritos Capaso y Masacruz, Provincia El Collao, Puno. Encargado cuidador del módulo Suma Kantati del Centro de conservación de *Rhea pennata* del PEBLT.
- ✓ Ing. Martin Andres Zambrano Pinto, Jefe de Sede Mariscal Nieto - ATFFS Moquegua-Tacna - SERFOR

Las entrevistas fueron grabadas en audio, y una fue realizada vía correo electrónico, las respuestas de las que fueron grabadas se redactaron en un documento en formato Excel, y se realizó una síntesis de acuerdo a los datos de entrada requeridos para la investigación. A continuación, la síntesis de las respuestas obtenidas de acuerdo a los parámetros de entrada:

#### **Cantidad de huevos por nido:**

La cantidad de huevos por nido en cautiverio que se ha determinado como optima es de 12 huevos, ya que cuando son más los machos suelen fractúralos o romperlos, siendo 6 el mínimo de huevos que se permiten por nido (Dante Ramírez; Luis Flores, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019, respectivamente). Mientras que, en estado silvestre se han observado entre 12 hasta 18 huevos por nido

(Felix Pacoticona; Hugo Colque, Santos Tuco, comunicación personal, 15 de abril de 2019; 15 de abril de 2019; 05 de setiembre del 2019, respectivamente).

### **Madurez sexual:**

Sobre la madurez sexual y edad de la primera reproducción, cabe mencionar que en los módulos del Centro de conservación del PEBLT, se observó que, aunque a partir de los 2 años inician el cortejo y copula, es desde los 3 años que las hembras brindan huevos fértiles y que el macho empieza la incubación en los nidos (Dante Ramirez; Santos Tuco, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 05 de setiembre de 2019, respectivamente). Además, en vida silvestre se ha evidenciado que las copulas inician cuando los individuos del *Rhea pennata* están en la etapa de juveniles, que aproximadamente es a los 2 años (Feliz Pacoticona; Santos Tuco, comunicación personal, 15 de abril de 2019; 05 de setiembre del 2019, respectivamente).

### **Porcentaje de reproducción por sexos:**

Los registros en cautiverio, muestran que las hembras se reproducen entre el 90 y 100%, mientras que en los machos entre el 80% y 100%, el porcentaje que no se reproduce suele deberse a factores como enfermedad, mala alimentación, factores climáticos como heladas o nevadas, o cambios en sus rutinas de vida tales como la rotación de potreros, el transporte de individuos entre módulos, entre otros (Jose Luis Vilca; Luis Flores, comunicación personal, 09 de diciembre de 2019, 06 de mayo de 2019, respectivamente). En estado silvestre, se considera que el 100% de individuos machos y hembras se reproducen (Feliz Pacoticona; Santos Tuco, comunicación personal, 15 de abril de 2019; 05 de setiembre del 2019, respectivamente).

### **Mortalidad por etapas reproductivas:**

Respecto a la cantidad de huevos productivos o que eclosionan, en estado silvestre se ha observado que el 90% de los huevos eclosionan, ya que se vio, que de un nido de 17 huevos, 14 pichones salen, principalmente porque de dos a tres huevos pueden romperse. También en la naturaleza se ha visto que en la etapa en la que mayores muertes se observan es cuando son pichones o polluelos por accidentes, por ataques de zorros o por factores climáticos como nevadas, sin embargo, aunque no se tiene un registro en porcentaje, los pobladores consideran que el 30% en etapa de pichones o polluelos pueden morir. Pero no se han observado individuos muertos de juveniles o adultos, por lo que se

creo que no hay mortalidad de juveniles en estado silvestre, y tampoco se tienen datos exactos de cuantos años llegan a vivir, pero se tienen registros de individuos de más de 20 años (Felix Pacoticona; Hugo Colque, comunicación personal, 15 de abril de 2019).

Es importante dar a conocer que en el centro de conservación del PEBLT, se ha determinado que la máxima edad de reproducción se da hasta que los individuos fallecen, lo cual ocurre aproximadamente entre los 10 y 12 años de edad (Dante Ramírez; Luis Flores, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019, respectivamente)

### **Endogamia:**

En cautiverio se han observado casos en los que pichones han presentado malformaciones congénitas al nacer, principalmente a nivel del cuello (torcido), pico (torcido) y de las patas (cojera), lo cual señalaría que en los suris en cautiverio si estaría ocurriendo un proceso de endogamia (Dante Ramirez; Luis Flores, comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019, respectivamente) la última vez que se han registrado nacimientos de pichones con malformaciones ocurrieron a finales del 2019 (Jose Luis Vilca, comunicación personal, 09 de diciembre de 2019). Asimismo, en los años 2008 y 2009 en el Módulo Suma Kantati, cuando este se encontraba bajo la administración de la ONG Mallku, se han observado malformaciones congénitas en pichones, tales como cuello pico y patas torcidas, y en ojos (Santos Tuco, comunicación personal, 05 de setiembre de 2019). Además, los entrevistados dieron a conocer que los pichones que nacían con malformaciones genéticas tenían un lapso de vida de unos pocos días.

Sin embargo, se conoce que en vida silvestre los pichones o polluelos no han mostrado ningún tipo de malformación (Felix Pacoticona; Santos Tuco, comunicación personal, 15 de abril de 2019; 05 de setiembre de 2019, respectivamente), lo que indica que en poblaciones silvestres no existiría endogamia. Asimismo, se reportó que durante las observaciones y monitoreos en campo desde el 2016 no se han registrado malformación en pollos ni adultos (Martin Zambrano, comunicación personal, 3 de setiembre de 2019).

### **Proporción de sexos:**

Durante las etapas de pichones y polluelos es mucho más difícil distinguir la diferencia de sexos. Por lo que, en cautiverio, se espera a la etapa reproductiva para notar las

diferencias, donde los machos se muestran más agresivos, además de notarse las diferencias en tamaño y comportamiento cuando los individuos llegan a juveniles-adultos (Dante Ramirez; Luis Flores; Jose Luis Vilca comunicación personal, 12 de diciembre de 2018; 06 de mayo de 2019; 09 de diciembre de 2019, respectivamente).

En cautiverio, se han observado grupos conformados de 8 a 12 suris en su mayoría por hembras en razón de 03:07 (Jose Luis Vilca, comunicación personal, 09 de diciembre de 2019). Sin embargo, en estado silvestre se sabe que la razón es de 01:04, siendo 4 hembras por cada macho (Luis Flores, comunicación personal, 06 de mayo de 2019), pudiendo llegar a conformar grupos desde 8 a 20 individuos en la naturaleza.

### **Catástrofes y actividades humanas que afectan a *Rhea pennata*:**

De acuerdo a los registros en la naturaleza, la catástrofe o variación climática que más afecta a *Rhea pennata* es la nevada, siendo los suris muy resistentes a las heladas (Felix Pacoticona, comunicación personal, 15 de abril de 2019). Además, sobre las erupciones del volcán Ubinas en junio del 2019, se dio a conocer que luego de la erupción del volcán Ubinas, se desarrollaron dos monitoreos en la zona andina de la provincia Mariscal Nieto, no habiéndose registrado un impacto directo sobre la fauna silvestre (Martin Zambrano, comunicación personal, 3 de setiembre de 2019). Mientras que, la población de la zona del distrito de Capazo, señalo que lo más probable es que si hayan efectos a *Rhea pennata* por las erupciones del volcán Ubinas, ya que aunque no se han observado individuos enfermos en esa época, los vientos incrementaron su intensidad y la ceniza cubrió los pastizales, poniéndolos de color plomo, las alpacas, que crían los pobladores en la zona se alimentaron del pasto con cenizo, lo cual sugiere que *Rhea pennata* también lo ha hecho (Santos Tucu, comunicación personal, 05 de setiembre de 2019).

Sin embargo, en cautiverio, en las épocas de helada y nevada es donde se observan mayor cantidad de individuos enfermos, y cuando hay muchos relámpagos, los individuos empiezan a estresarse y correr, por lo que muchos de ellos se accidentan chocando con los cercos (Luis Flores, comunicación personal, 06 de mayo de 2019).

Sobre las actividades humanas que afectan a *Rhea pennata*, se conoce que, aunque antiguamente se realizaba la cacería por sus plumas y carne, actualmente el principal problema es la recolección de huevos, actividad que se practica desde hace muchos años y que aunque disminuyo, continúa a pesar de las diversas restricciones actuales (Felix

Pacoticon; Dante Ramirez, comunicación personal, 15 de abril de 2019; 12 de diciembre de 2018, respectivamente). La recolección de huevos afecta demasiado a la población de *Rhea pennata*, ya que cuando la macho nota que han tocado los huevos de su nido, abandona el nido por completo dejando a los huevos sin ser incubados (Luis Flores, comunicación personal, 06 de mayo de 2019).

Cabe mencionar, que la actividad ganadera de la zona altoandina, también podría estar afectando a *Rhea pennata*, reduciendo la disponibilidad de su hábitat, ya que lo pobladores de las comunidades campesinas dedicados a la crianza de alpacas, cuando observan acercarse a los individuos de *Rhea pennata*, suelen espantarlos para alejarlos de esa zona (Jose Luis Vilca, comunicación personal, 09 de diciembre de 2019).

A continuación, la entrevista realizada al especialista de SERFOR, vía correo electrónico:



En la siguiente tabla se observan las respuestas de los entrevistados personalmente:

Entrevistado	Dante Ramirez	Felix Pacatoma Almona	Hugo Colque Chobaza	Adelvy Anco Amas	José Luis Vico	Regente de fauna silvestre de la sur de Peru	Luis Alvarez Cuba	Santos Zaccarias Toco Camilla
Cargo	Veterinario de PBLT - Modulo Calachaca	Comunero de Ullata - Sector Japuri	Polizador de Capaco y Chobaza de PBLT	Trabajador de PBLT	Responsable de gestion de conservación y manejo de	Observación	Observación	Observación
Dato	Dato	Dato	Dato	Dato	Dato	Dato	Dato	Dato
Entrevista sobre los siguientes puntos:	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo
Sistema de reproducción	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo	Polígamo
De presión por endogamia (informaciones)	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Edad que alcanzan la madurez sexual	2 años	2 años	2 años	2 años	2 años	2 años	2 años	2 años
Edad de la primera reproducción (E y F)	3 años	3 años	3 años	3 años	3 años	3 años	3 años	3 años
Máxima edad de reproducción	10 a 12 años	12 años	12 años	12 años	10 años	10 años	10 años	10 años
Porcentaje de hembras reproductoras	30%	100	100	100	90	100	100	100
Porcentaje de machos en reproducción	35%	100	100	100	80	100	100	100
Máxima nidada por año	1	1	1	1	1	1	1	1
Cantidad de huevos por nidada	12	14	14	14	16	16	16	16
Porcentaje de huevos productivos (fecundación)	50%	60%	60%	60%	60%	60%	60%	60%
Mortalidad de pichones	0%	0%	0%	0%	30	30	30	30
Mortalidad de juveniles	0%	0%	0%	0%	15	15	15	15
Mortalidad de adultos	0%	0%	0%	0%	0	0	0	0
Proporción de sexos	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)
Causas de (Vivencias ambientales)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)
Actividades humanas (cazaca, recolección de huevos)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)	1 (hembra)



## ANEXO 2. Galería fotográfica



Fotografía 1: Distrito de Capaso, provincia El Collao, altitud a 4400 msnm



Fotografía 2: Entrevista a Felix Pacoticona, en zona de avistamientos de suris, comunidad de Llusta, sector Japuri



Fotografía 3: Huellas de Suri en la comunidad de Llusta, sector Japuri, distrito Capaso



Fotografía 4: Huellas de Suri en la comunidad de Llusta, sector Japuri, distrito Capaso



Fotografía 5: Recorrido y observación con largavistas



Fotografía 6: Recorrido y observación con telescopio





Fotografía 7: Observación de grupo de suris en el sector de la laguna Pasto Grande



Fotografía 8: Lugar de observación de grupo de suris en el sector de la laguna Pasto Grande



Fotografía 9: Grupo de 8 individuos de suris observados



Fotografía 10: Grupo de 8 individuos de suris observados



Fotografía 11: Grupo de 8 individuos de suris observados



Fotografía 12: Grupo de 8 individuos de suris observados







Fotografía 14: Revisión de las huellas del grupo de suris observados



<p>Fotografía 13: Grupo de 8 individuos de suris observados cerca a alpacas</p>	
<p>Fotografía 15: Huellas del grupo de suris observados</p>	<p>Fotografía 16: Huellas del grupo de suris observados</p> 
<p>Fotografía 17: Huellas del grupo de suris observados</p> 	<p>Fotografía 18: Visita al Modulo Calachaca del centro de conservación del PEBLT</p> 
<p>Fotografía 19: Visita al Modulo Calachaca del centro de conservación del PEBLT</p> 	<p>Fotografía 20: Equipo de la salida de campo con el personal del Tambo Capazo.</p> 

A continuación, fotografías de los avistamientos reportados en eBird:

Autor y fecha	Fotografía	Población	Fuente
Fernando Angulo - CORBIDI 4 feb 2020		24 individuos; 2 polluelos	<a href="https://ebird.org/checklist/S64136524">https://ebird.org/checklist/S64136524</a>
Fernando Angulo - CORBIDI 5 feb 2020		1 solitario	<a href="https://ebird.org/checklist/S64190122">https://ebird.org/checklist/S64190122</a>
Fernando Angulo - CORBIDI 6 feb 2020		17 individuos	<a href="https://ebird.org/checklist/S64189995">https://ebird.org/checklist/S64189995</a>
David Samata		17 individuos	<a href="https://m.facebook.com/story.php?story_fbid=124595099197726&amp;id=112332017090701">https://m.facebook.com/story.php?story_fbid=124595099197726&amp;id=112332017090701</a>

### ANEXO 3. AUTORIZACIONES DE INVESTIGACIÓN CIENTIFICA (PEBLT y SERFOR)







RESOLUCIÓN DE DIRECCION GENERAL  
N° 240 -2019-MINAGRI-SERFOR-DGGSPFFS

Lima, 20 MAYO 2019

**VISTOS:**

La solicitud de autorización para realizar investigación científica en fauna silvestre fuera de Áreas Naturales Protegidas, de fecha 11 de enero del 2019 (CUT 1383-2019), presentada por la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán, identificada con DNI N° 45207262; así como el Informe Técnico N° 0472-2019-MINAGRI-SERFOR/DGGSPFFS-DGSPFFS, de fecha 15 de mayo del 2019, y:

**CONSIDERANDO:**

Que, el artículo 13 de la Ley N° 29763, crea el Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre-SERFOR, como un organismo público técnico especializado, con personería jurídica de derecho público interno, como pliego presupuestal adscrito al Ministerio de Agricultura y Riego. Asimismo, señala que el SERFOR es la autoridad nacional forestal y de fauna silvestre, ente rector del Sistema Nacional de Gestión Forestal y de Fauna Silvestre (SINAFOR), y se constituye en su autoridad técnico normativa a nivel nacional, encargada de dictar las normas y establecer los procedimientos relacionados a su ámbito;

Que, mediante Decreto Supremo N° 019-2015-MINAGRI, se aprobó el "Reglamento para la Gestión de Fauna Silvestre", vigente desde el 01 de octubre del 2015, el mismo que en el numeral 134.1 del artículo 134, menciona que la investigación científica del Patrimonio se aprueba mediante autorizaciones, salvaguardando los derechos del país, respecto a su patrimonio genético nativo; asimismo, el numeral 134.5° de la citada norma, señala que el desarrollo de actividades de investigación básica taxonómica de fauna silvestre, relacionada con estudios moleculares con fines taxonómicos, sistemáticos, filogeográficos, biogeográficos, evolutivos y de genética de la conservación, entre otras investigaciones sin fines comerciales, son aprobadas mediante autorizaciones de investigación científica;

Que, según el numeral 134.2 del Artículo 134 del Reglamento para la Gestión de Fauna Silvestre, aprobado por Decreto Supremo N° 019-2015-MINAGRI, es competencia del SERFOR la evaluación de la presente solicitud, toda vez que la especie objeto de estudio corresponde a *Rhea pennata* "suri", la cual se encuentra incluida en el Apéndice I de la CITES y categorizada como "En Peligro Crítico" (CR), de acuerdo a la normativa vigente;

Que, mediante Decreto Supremo N° 007-2013-MINAGRI, del 18 de Julio de 2013 y modificado por Decreto Supremo N° 016-2014-MINAGRI del 3 de setiembre de 2014, se aprobó el Reglamento de Organización y Funciones - ROF del SERFOR, el mismo que en su literal g) del artículo 53, señala como una de las funciones de la Dirección General de Gestión Sostenible del Patrimonio Forestal y de Fauna Silvestre, la de otorgar permisos de investigación o de difusión cultural con o sin colecta de flora y fauna silvestre y sus recursos genéticos.



Que, mediante Resolución de Dirección Ejecutiva N° 060-2016-SERFOR/DE, del 01 de abril del 2016, se aprobaron los "Lineamientos para el otorgamiento de la autorización con fines de investigación científica de flora y/o fauna silvestre" realizado por el SERFOR;

Que, mediante el numeral 1.3 del artículo IV del Título Preliminar del Texto Único Ordenado – TUO de La Ley N° 27444, Ley del Procedimiento Administrativo General, aprobado mediante Decreto Supremo N° 004-2019-JUS, se señala que las autoridades deben dirigir e impulsar de oficio el procedimiento y ordenar la realización o práctica de los actos que resulten convenientes para el esclarecimiento y resolución de las cuestiones necesarias;

Que, mediante Solicitud s/n recibida el 11 de enero del 2019, la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán solicita autorización para realizar investigación científica fuera de Áreas Naturales Protegidas sin colecta de fauna silvestre, en los distritos de Santa Rosa y Capaso, provincia de El Collao, departamento de Puno, como parte del proyecto "Estimación de la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur del Perú", por el período comprendido entre enero del 2019 hasta enero del 2020;

Que, mediante Carta s/n recibida el 12 de abril del 2019 (fs. 19), la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán solicita la incorporación de un participante más al proyecto de investigación denominado "Estimación de la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur del Perú" que ingresó con CUT 1383-2019, para lo adjunta la carta de presentación del Blgo. Willy Maldonado Chambi debidamente acreditado por su institución científica de procedencia, para ser anexado a su expediente;



Que, mediante comunicación electrónica de fecha 13 de mayo del 2019 (fs. 26), la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán, solicita que el inicio del proyecto "Estimación de la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur del Perú", sea modificado para mayo del presente año, manteniendo la cantidad de meses solicitados y que se considere el anexo adjunto, donde se registra la ficha de datos del investigador solicitado a incorporar;

Que, mediante comunicación electrónica de fecha 13 de mayo del 2019 (fs. 28), la solicitante remite a la Dirección de Gestión Sostenible del Patrimonio de Fauna Silvestre del SERFOR, los puntos de muestreo ubicados en el departamento de Puno en formato UTM (Datum WGS 84), siendo estos los siguientes: Capaso: 420786, 8099953 y Santa Rosa: 423760, 8148988;

Que, mediante Informe Técnico N° 0472-2019-MINAGRI-SERFOR/DGGSPFFS-DGSPFFS, de fecha 14 de mayo del 2019, emitido por la Dirección de Gestión Sostenible del Patrimonio de Fauna Silvestre del SERFOR, se menciona que la investigación no involucra la colecta, ni la captura temporal de los especímenes de *Rhea pennata* (suri).

Que, el precitado informe concluye que: i) la investigación no representa una amenaza para el taxón objeto de estudio, ya que las pautas metodológicas del proyecto son las apropiadas, ii) la investigación reviste de importancia para la conservación de la especie *Rhea pennata* (suri), ya que aumentará el conocimiento sobre el estado poblacional de los suris en el Sureste del Perú y proveerá información valiosa para la planificación de estrategias de conservación a lo largo del rango de distribución de la especie. iii) El área de estudio de la presente investigación se



circunscribe a diversas localidades del departamento de Puno, las cuales no se encuentran dentro de un Área Natural Protegida ni en sus Zonas de Amortiguamiento, iv) el expediente materia de solicitud cumple con la presentación de todos los requisitos establecidos en el Anexo N° 2, Numeral 26 del Reglamento para la Gestión de Fauna Silvestre, y en los lineamientos para el otorgamiento de la autorización con fines de investigación de flora y/o fauna silvestre; por lo que se recomienda la aprobación de la solicitud presentada por la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán, y;

Que, de conformidad con la Ley Forestal y de Fauna Silvestre, Ley N° 29763; el Reglamento para la Gestión de Fauna Silvestre, aprobado mediante Decreto Supremo N° 019-2015-MINAGRI; y en el ejercicio de las atribuciones conferidas por el literal g) del artículo 53° del Reglamento de Organización y Funciones del Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre – SERFOR, aprobado por Decreto Supremo N° 007-2013-MINAGRI y su modificatoria; y el TUO de la Ley N° 27444, Ley del Procedimiento Administrativo General, aprobado mediante Decreto Supremo N° 004-2019-JUS;

**SE RESUELVE:**

**Artículo 1°.-** Otorgar la autorización con fines de investigación científica sin colecta de fauna silvestre fuera de Áreas Naturales Protegidas, a la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán, investigadora de nacionalidad peruana, con DNI N° 45207262, correspondiéndole el **código de Autorización N° AUT-IFS-2019-044**.



**Artículo 2°.-** La autorización indicada en el artículo precedente, incluye el registro visual de especímenes de la especie *Rhea pennata*, a realizarse en los distritos de Santa Rosa y Capaso, ubicados en la provincia El Collao, departamento de Puno, para el desarrollo del proyecto denominado "Estimación de la viabilidad poblacional de *Rhea pennata*, en el sur del Perú", por el periodo de trece (13) meses; contados a partir del día siguiente hábil de la notificación de la presente Resolución, siendo que en la misma participará el siguiente investigador:

Nombres y Apellidos	Función	Nacionalidad	DNI	Institución
Willy Maldonado Chambi	Co-investigador	Peruana	80185853	Universidad Nacional del Altiplano - Puno

**Artículo 3°.-** De acuerdo a las consideraciones expuestas en la presente resolución, la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán tiene las siguientes obligaciones:

- No contactar ni ingresar a los territorios comunales sin contar con la autorización de las autoridades comunales correspondientes.
- Entregar a la Dirección General de Gestión Sostenible del Patrimonio Forestal y de Fauna Silvestre, una (01) copia del Informe Final (incluyendo versión digital) como resultado de la autorización otorgada, copias del material fotográfico y/o slides que puedan ser utilizadas para difusión. Asimismo, entregar una (01) copia de las publicaciones producto de la investigación realizada en formato impreso y digital. El Informe Final deberá contener una lista de los especímenes observados con sus respectivas coordenadas en formato UTM (Datum WGS84), incluyendo la zona (17, 18 ó 19). El formato de Informe Final que debe ser usado, se encuentra en el Anexo 1 de la presente resolución.



- c) El cumplimiento de lo señalado en el literal b), no deberá ser mayor a los seis (06) meses al vencimiento de la presente autorización.

**Artículo 4°.-** La titular de la autorización se compromete a:

- Comunicar la entrada y salida del personal científico en campo, a la Administración Técnica Forestal y de Fauna Silvestre de Puno del SERFOR.
- Solicitar anticipadamente al SERFOR y dentro del plazo de vigencia de la autorización, cualquier cambio en las características de la investigación aprobada, que demanden la actualización de la presente resolución.
- Indicar el número de la resolución en las publicaciones generadas a partir de la autorización concedida.
- Los derechos otorgados a través de las autorizaciones de investigación científica, no eximen al investigador de contar con la autorización para el ingreso a centros de cría, predios privados o en los casos que corresponda; por lo que se recomienda adoptar las previsiones del caso.

**Artículo 5°.-** La titular de la autorización, deberá implementar todas las medidas de seguridad y eliminación de impactos que se puedan producir por las actividades propias de las actividades de las fases de campo, como toma de datos, tratamiento y transporte de muestras, transporte de equipos, personal, etc.

**Artículo 6°.-** La Dirección General de Gestión Sostenible del Patrimonio Forestal y de Fauna Silvestre del SERFOR, no se responsabiliza por accidentes o daños sufridos por la titular y/o por el personal responsable de la evaluación biológica durante la ejecución del Proyecto; asimismo, se reserva el derecho de demandar a la titular por los cambios a que hubiese lugar en caso se formulen ajustes sobre la presente autorización.

**Artículo 7°.-** Notificar la presente Resolución de Dirección General, a la señorita Diana Felicitas Beltrán Farfán y transcribirla a la Dirección General de Información y Ordenamiento Forestal y de Fauna Silvestre y a la Administración Técnica Forestal y de Fauna Silvestre de Puno del SERFOR, para su conocimiento, y seguimiento o verificación de ejecución.

**Artículo 8°.-** Disponer la publicación de la presente Resolución en el Portal Web del Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre [www.serfor.gob.pe](http://www.serfor.gob.pe).

Regístrese, comuníquese y publíquese



**Miriam Mercedes Cerdán Quilliano**  
Directora General  
Dirección General de Gestión Sostenible del  
Patrimonio Forestal y de Fauna Silvestre  
Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre - SERFOR





ANEXO 1

FORMATO DE INFORME DE INVESTIGACIÓN  
(FINAL)

Una vez culminada la investigación autorizada, la titular de la autorización deberá verificar el cumplimiento de los compromisos asumidos, teniendo en cuenta lo siguiente:

- 1) Entregar a la DGGSPFFS del SERFOR una (01) copia del informe final en idioma español, como resultado de la autorización otorgada, en formato impreso y soporte digital (CD), para ello se precisa el formato de informe a presentar:

a.	Titulo del Proyecto.
b.	Área estudiada (indicando coordenadas geográficas para todas las zonas de colecta).
c.	Nº de Autorización.
d.	Autores.
e.	Institución.
f.	Resumen para ser publicado en la web del SERFOR (donde se deberá señalar los resultados y la relevancia de lo encontrado en forma sintetizada)
g.	Marco teórico.
h.	Material y Métodos.
i.	Resultados.
j.	Discusión.
k.	Conclusiones.
l.	Bibliografía.
m.	Anexos



- 2) Entregar copias del material fotográfico y/o slides que puedan ser utilizadas para difusión institucional no comercial.
- 3) Entregar copia de la(s) publicación(es), producto de la investigación realizada en formato impreso y digital; de lo contrario, señalar que no cuenta con publicación alguna en la remisión de su carta.
- 4) Presentar la lista taxonómica de las especies de fauna encontradas en las zonas evaluadas con las respectivas coordenadas formato UTM (Datum WGS84), incluyendo la zona (17, 18 ó 19). Dicha información deberá ser presentada en un cuadro en formato Excel, en caso corresponda.
- 5) Además, se deberá adjuntar copias de las constancias de depósito del material biológico y de ser el caso, copias de los permisos de exportación otorgados (para el caso de autorización con colecta).

## ANEXO 4. PARAMETROS DE ENTRADA Y SALIDA PARA EL SOFTWARE VORTEX 9.6

Inputs:

**Tasas mortalidades**

Mortalidad anual de hembras como un porcentaje

	Población1	Población2
Mortalidad desde la edad 0 a 1	60	60
SD en 0 a 1 Mortalidad debida a VA	6	6
Mortalidad desde la edad 1 a 2	10	10
SD en 1 a 2 Mortalidad debida a VA	1	1
Mortalidad desde la edad 2 a 3	5	5
SD en 2 a 3 Mortalidad debida a VA	0.5	0.5
Mortalidad después de la edad 3	0	0
SD en mortalidad después de la edad 3	0	0

Mortalidad anual de machos como un porcentaje [Copiar de hembras](#)

	Población1	Población2
Mortalidad desde la edad 0 a 1	60	60
SD en 0 a 1 Mortalidad debida a VA	6	6
Mortalidad desde la edad 1 a 2	10	10
SD en 1 a 2 Mortalidad debida a VA	1	1
Mortalidad desde la edad 2 a 3	5	5
SD en 2 a 3 Mortalidad debida a VA	0.5	0.5
Mortalidad después de la edad 3	0	0
SD en mortalidad después de la edad 3	0	0

NOTAS:

**Tamaño poblacional inicial**

Nota: La distribución estable de edades puede no ser significativa si algunas tasas demográficas son funciones de otros parámetros

Iniciar con  Distribución de edad estable  Distribución de edad específica

**Distribución de edad estable**

	Población1	Población2
Tamaño poblacional inicial	350	412

Ingrese el tamaño inicial de la población (tamaño max. con incrementos posteriores=30000)

**Distribución de edad específica**

Edad de las hembras

	Población1	Población2
# hembras de edad 1	15	18
# hembras de edad 2	15	17
# hembras de edad 3	15	18
# hembras de edad 4	17	20
# hembras de edad 5	18	21
# hembras de edad 6	20	23
# hembras de edad 7	21	26

Edad de los machos

	Población1	Población2
# machos de edad 1	5	6
# machos de edad 2	5	6
# machos de edad 3	5	6
# machos de edad 4	6	6
# machos de edad 5	6	7
# machos de edad 6	6	8
# machos de edad 7	7	9

NOTAS:

Vortex-Simulación estocástica del proceso de extinción - [proyecto\_suri - C:\Users\AMD\Documents\Diana\corridos\proyecto\_suri.vp]

Archivo Vortex Ventana Ayuda

Disposiciones del proyecto: Entrada de simulación | Texto de datos de salida | Gráficos y cuadros | Reporte del proyecto

Agregar escenario Borrar escenario < Modelo Base > Reorganizar Modelo Base Modelo Base con endo Modelo Base + colhuevos traslocacion traslocacionABC repoblamiento repoblamiento2 repoblamiento3 Modelo Base-incr >

**Tasas reproductivas**

	Población1	Población2
% hembras adultos reproduciendo	=50-(50-25)*t	=50-(50-25)*t
VA en % reproduciendo	80	80

Especifique la distribución de número de crías por hembra por año

Utilice una aproximación de distribución normal  Especifique la distribución exacta

**Distribución Normal**

	Población1	Población2
Promedio		
SD		

**Datos**

	Población1	Población2
1 progenie	100.00	

Copiar los valores desde

Población 1: [dropdown]  
Esta sección: [dropdown]  
a poblaciones subsecuentes

**NOTAS:**

Vortex 9.61

Vortex-Simulación estocástica del proceso de extinción - [proyecto\_suri - C:\Users\AMD\Documents\Diana\corridos\proyecto\_suri.vp]

Archivo Vortex Ventana Ayuda

Disposiciones del proyecto: Entrada de simulación | Texto de datos de salida | Gráficos y cuadros | Reporte del proyecto

Agregar escenario Borrar escenario < Modelo Base > Reorganizar Modelo Base Modelo Base con endo Modelo Base + colhuevos traslocacion traslocacionABC repoblamiento repoblamiento2 repoblamiento3 Modelo Base-incr >

**Sistema reproductivo**

Monógamo  Polígamo  Hematrodia

Monogamia a largo plazo  Poligamia a largo plazo

Edad en que las hembras producen la primera cría: [3]  
Edad en que los machos producen la primera cría: [3]  
Edad en que se producen la última cría: [12]  
# máximo de progenie en un año: [1]  
Separación de sexo al nacer - en % de machos: [25]

	Población1	Población2
Reproducción dependiente de la densidad	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
% Reproducción a densidad baja, P[0]	50	50
% Reproducción en capacidad de carga, P[K]	25	25
Parámetro de Allee, A	1	1
Parámetro de pendiente, B	2	2

Ver función para: [Población 1]  Ver

**NOTAS:**

Vortex 9.61

Vortex-Simulación estocástica del proceso de extinción - [proyecto\_suri - C:\Users\AMD\Documents\Diana\corridos\proyecto\_suri.vp]

Archivo Vortex Ventana Ayuda

Disposiciones del proyecto: Entrada de simulación | Texto de datos de salida | Gráficos y cuadros | Reporte del proyecto

Agregar escenario Borrar escenario < repoblamiento3 > Reorganizar repoblamiento2 repoblamiento3 Modelo Base-incremento de k Modelo Base - disminipromach Modelo Base - dis-mort0-1 Modelo Base + endj base-mort0-1+catas >

**Suplementación**

	Población1	Población2
¿Población suplementada?	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Primer año de suplementación	5	10
Último año de suplementación	40	40
Intervalos entre suplementaciones	2	2
Criterio opcional para suplementar	1	1

Número de hembras de cada edad que se van a suplementar

	Población1	Población2
Edad 1Suplementación	400	8
Edad 2Suplementación	320	4
Adultos suplementados	640	4

Número de machos de cada edad que se van a suplementar

	Población1	Población2
Edad 1Suplementación	160	3
Edad 2Suplementación	80	1
Adultos suplementados	160	1

**NOTAS:**

Vortex 9.61

FAPS | NIIM | INS | Date/Time: 17.02/2021 | 08:22 a.m.

Outputs:

Vortex-Simulación estocástica del proceso de extinción - [proyecto\_suri - C:\Users\AMD\Documents\Diana\corridos\proyecto\_suri.vp]

Resumen de datos de entrada | Cálculos determinísticos | Resumen de datos de salida | Otros datos de salida

Resumen de escenarios	Repeticiones	Enviar al reporte	Imprimir	Exportar												
Scenario	#Runs	Population	det-r	stoc-r	SD(r)	PE	N-extant	SD(Next)	N-all	SD(Nall)	GeneDiv	SD(GD)	AlleN	SD(A)	MedianTE	MeanTE
base+calastroles	1000	Población1	-0.234	-0.184	0.363	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	22	23.2
	1000	Población2	-0.234	-0.193	0.363	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	22	22.8
	1000	Metapop	-0.199	0.344	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	25	26.2
base+colec_huev	1000	W/inPop	-0.189	0.363	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	22.0	23.0	
	1000	Población1	-0.208	-0.135	0.250	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	31	31.5	
	1000	Población2	-0.208	-0.140	0.251	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	31	32.2	
base+mort0-1+catas	1000	Metapop	-0.145	0.206	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	36	36.6	
	1000	W/inPop	-0.138	0.251	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	31.0	31.9	
	1000	Población1	-0.145	-0.081	0.302	0.971	21.07	23.52	0.64	5.30	0.7132	0.1783	8.14	5.08	46	48.3
Calastroles	1000	Población2	-0.145	-0.085	0.300	0.971	26.59	35.01	0.82	7.38	0.7507	0.1783	8.97	5.46	47	48.7
	1000	Metapop	-0.090	0.239	0.964	39.50	53.21	1.47	12.39	0.7403	0.1734	9.08	5.98	53	54.5	
	1000	W/inPop	-0.083	0.301	0.971	23.83	29.26	23.83	29.26	0.7320	0.1783	8.55	5.27	46.5	48.5	
Modelo Base + endg	1000	Población1	-0.180	-0.111	0.237	0.999	2.00	0.00	0.00	0.06	0.3750	0.0000	2.00	0.00	37	38.2
	1000	Población2	-0.180	-0.116	0.239	1.000	0.00	0.00	0.00	0.03	0.0000	0.0000	0.00	0.00	37	38.0
	1000	Metapop	-0.121	0.204	0.999	3.00	0.00	0.00	0.09	0.2778	0.0000	2.00	0.00	41	43.1	
Modelo Base - de-mort0-1	1000	W/inPop	-0.114	0.238	1.000	2.00	0.00	0.00	0.00	0.3750	0.0000	2.00	0.00	37.0	38.1	
	1000	Población1	-0.180	-0.113	0.238	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	37	37.8	
	1000	Población2	-0.180	-0.118	0.236	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	37	37.9	
Modelo Base +repmact	1000	Metapop	-0.123	0.202	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	41	42.5	
	1000	W/inPop	-0.115	0.237	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	37.0	37.9	
	1000	Población1	-0.129	-0.067	0.251	0.907	31.81	46.98	3.02	16.99	0.7598	0.1781	9.49	6.20	59	57.0
Modelo Base - de-mort0-1	1000	Población2	-0.129	-0.068	0.252	0.910	32.14	49.60	2.98	17.43	0.7648	0.1532	9.49	5.83	59	56.9
	1000	Metapop	-0.074	0.212	0.992	54.90	90.95	6.00	34.12	0.7635	0.1697	10.23	6.59	65	62.4	
	1000	W/inPop	-0.068	0.251	0.908	31.98	48.29	31.98	48.29	0.7623	0.1657	9.49	6.01	59.0	57.0	
Modelo Base +repmact	1000	Población1	-0.180	-0.113	0.239	0.999	2.00	0.00	0.00	0.06	0.6250	0.0000	3.00	0.00	37	37.9
	1000	Población2	-0.180	-0.117	0.240	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	36	37.5	
	1000	Metapop	-0.123	0.204	0.999	2.00	0.00	0.00	0.06	0.6250	0.0000	3.00	0.00	41	42.8	
Modelo Base +repmact	1000	W/inPop	-0.115	0.240	1.000	2.00	0.00	2.00	0.00	0.6250	0.0000	3.00	0.00	36.5	37.7	
	1000	Población1	-0.180	-0.112	0.239	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	37	38.3	
	1000	Población2	-0.180	-0.116	0.238	1.000	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	37	38.2	
1000	Metapop	-0.121	0.203	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.00	0.00	42	43.4		

Vortex-Simulación estocástica del proceso de extinción - [proyecto\_suri - C:\Users\AMD\Documents\Diana\corridos\proyecto\_suri.vp]

Resumen de datos de entrada | Cálculos determinísticos | Resumen de datos de salida | Otros datos de salida

Envíe el texto al reporte | Imprimir | Salvar como

Escenario para ver: Modelo Base | Población a encontrar: Población 1

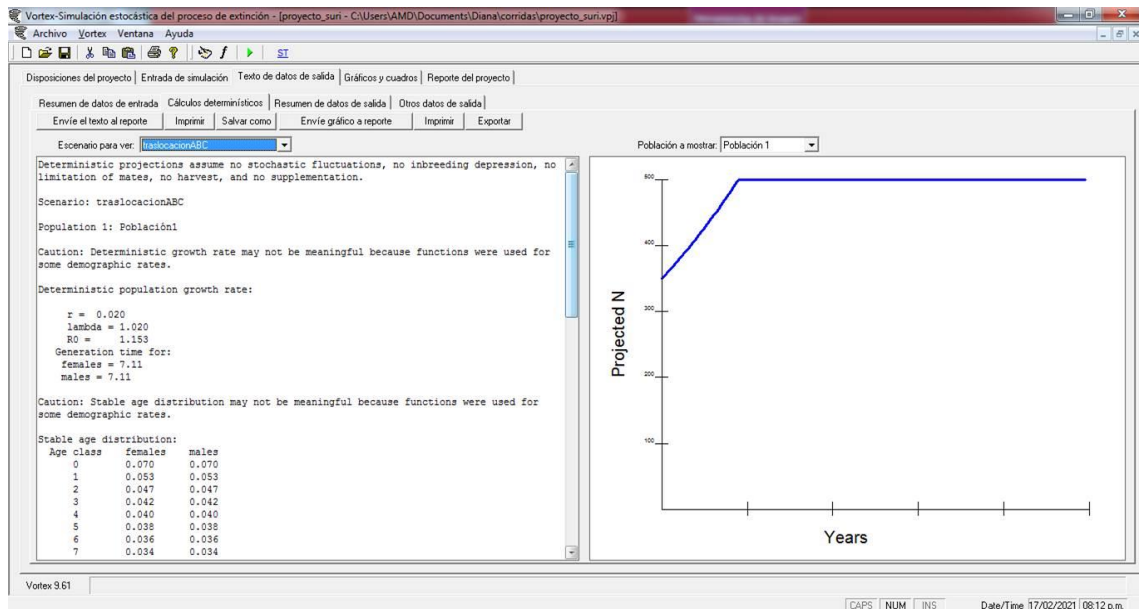
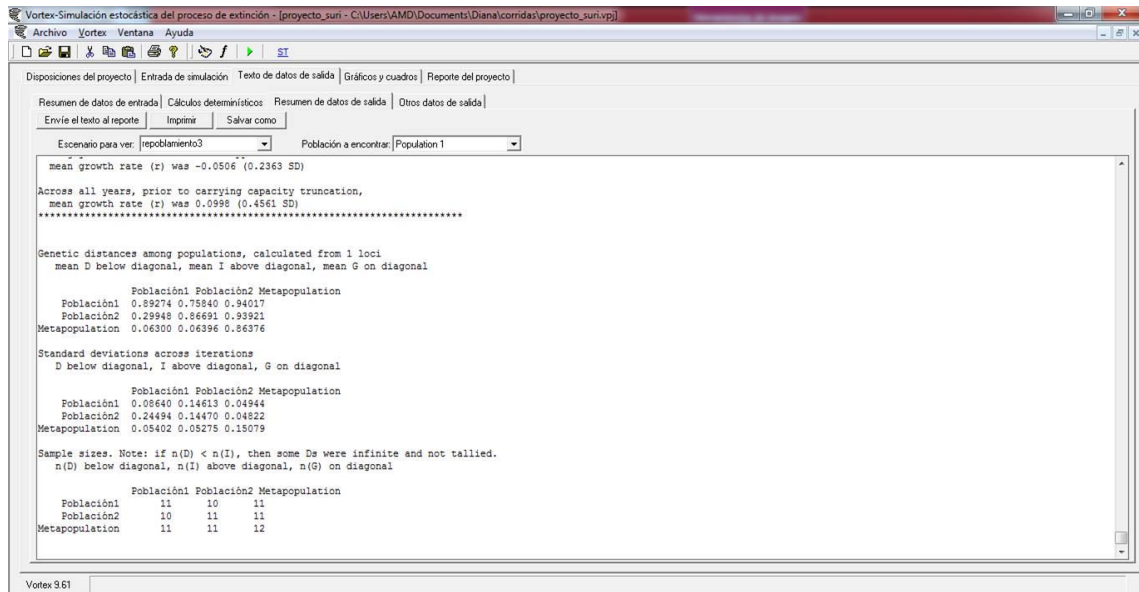
Results from VORTEX 9.61 simulations completed Fri Jan 31 22:33:35 2020

Project: proyecto\_suri  
Scenario: Modelo Base  
Population 1: Población1

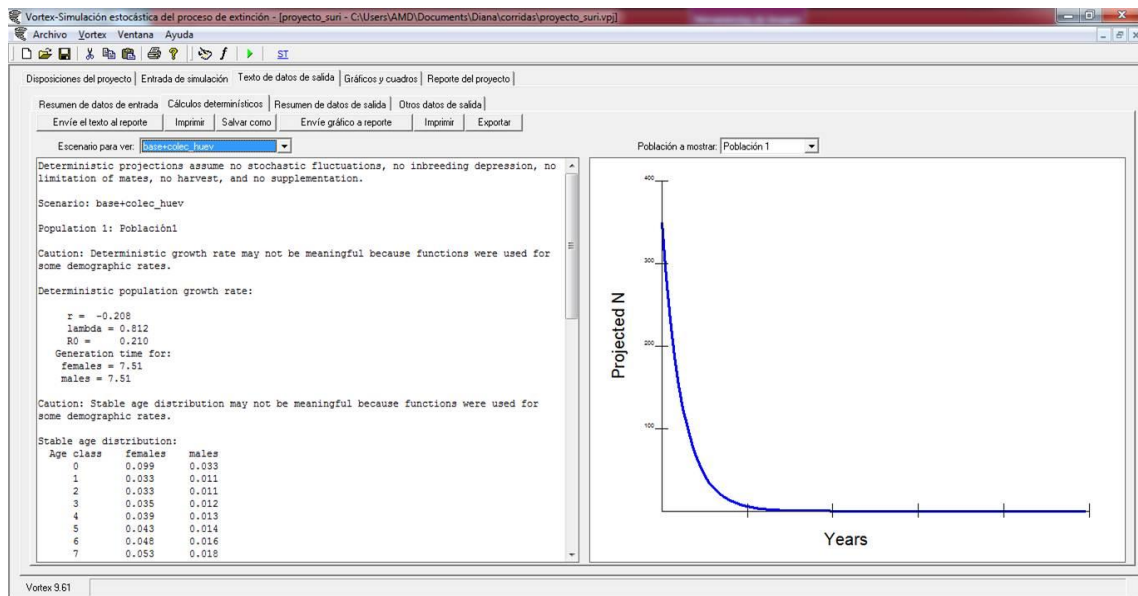
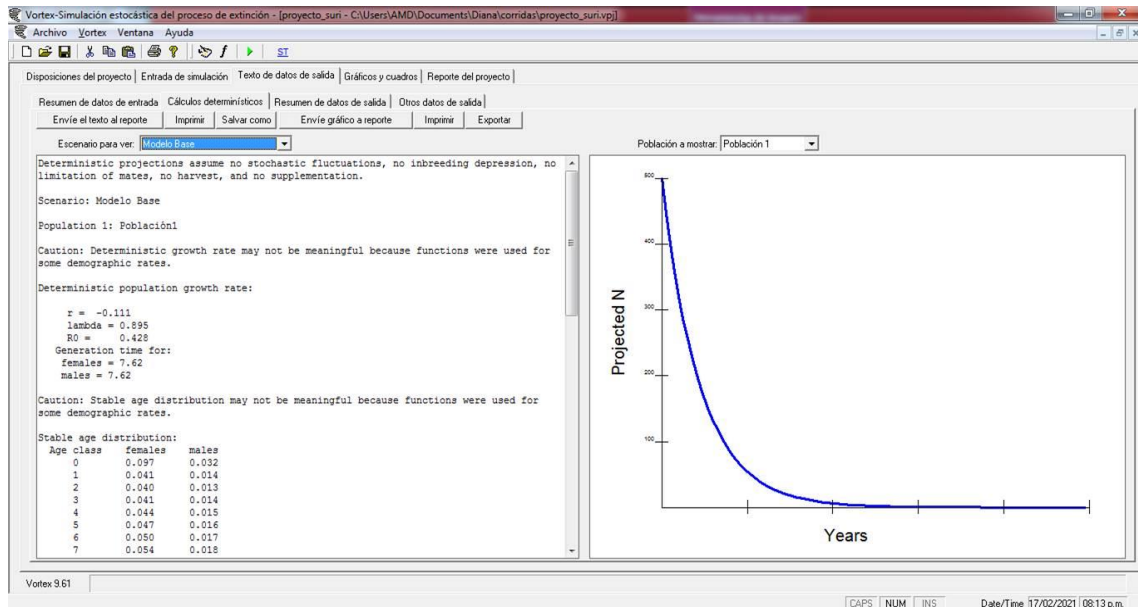
Year 1  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 500, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 402.00 ( 2.53 SE; 56.68 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 402.00 ( 2.53 SE; 56.68 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 760.44 ( 2.86 SE; 63.88 SD)

Year 2  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 500, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 340.89 ( 3.25 SE; 72.73 SD)  
Population size = 340.89 ( 3.25 SE; 72.73 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 599.98 ( 3.31 SE; 73.99 SD)

Year 3  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 500, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 296.85 ( 3.47 SE; 77.51 SD)  
Means across extant populations only:







Results from VORTEX 9.61 simulations completed Sun May 10 22:20:32 2020

Project: proyecto\_suri  
Scenario: repoblamiento3

Population 1: Población1

Year 1

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 339.31 ( 25.91 SE; 93.41 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 339.31 ( 25.91 SE; 93.41 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 599.77 ( 21.72 SE; 78.33 SD)

Year 2

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 324.08 ( 32.71 SE; 117.93 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 324.08 ( 32.71 SE; 117.93 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)

Number of extant alleles = 503.15 ( 30.88 SE; 111.33 SD)

Year 3

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 312.31 ( 28.20 SE; 101.68 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 312.31 ( 28.20 SE; 101.68 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 461.46 ( 29.17 SE; 105.17 SD)

Year 4

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 293.69 ( 30.18 SE; 108.82 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 293.69 ( 30.18 SE; 108.82 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 429.46 ( 33.32 SE; 120.13 SD)

Year 5

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 494.69 ( 6.18 SE; 22.30 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 494.69 ( 6.18 SE; 22.30 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 978.38 ( 13.69 SE; 49.37 SD)

Year 6

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 436.62 ( 13.10 SE; 47.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 436.62 ( 13.10 SE; 47.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 822.00 ( 24.83 SE; 89.53 SD)

Year 7

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 508.85 ( 5.90 SE; 21.26 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 508.85 ( 5.90 SE; 21.26 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1011.15 ( 11.97 SE; 43.14 SD)

Year 8

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 421.85 ( 15.17 SE; 54.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 421.85 ( 15.17 SE; 54.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 837.08 ( 30.61 SE; 110.37 SD)

Year 9

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 506.54 ( 6.58 SE; 23.74 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 506.54 ( 6.58 SE; 23.74 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1004.00 ( 12.41 SE; 44.74 SD)

Year 10

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 466.46 ( 11.55 SE; 41.64 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 466.46 ( 11.55 SE; 41.64 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 889.08 ( 26.56 SE; 95.78 SD)

Year 11

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 493.62 ( 3.63 SE; 13.08 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 493.62 ( 3.63 SE; 13.08 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 983.62 ( 8.01 SE; 28.87 SD)

Year 12

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 421.54 ( 13.93 SE; 50.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 421.54 ( 13.93 SE; 50.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 797.38 ( 21.81 SE; 78.65 SD)

Year 13

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 501.23 ( 6.85 SE; 24.68 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 501.23 ( 6.85 SE; 24.68 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 997.00 ( 14.00 SE; 50.48 SD)

Year 14

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 445.31 ( 14.42 SE; 51.97 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 445.31 ( 14.42 SE; 51.97 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 858.69 ( 26.33 SE; 94.94 SD)

Year 15

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 500.15 ( 3.40 SE; 12.25 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 500.15 ( 3.40 SE; 12.25 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 991.92 ( 6.89 SE; 24.86 SD)

Year 16

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 435.69 ( 13.12 SE; 47.31 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 435.69 ( 13.12 SE; 47.31 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 827.00 ( 24.11 SE; 86.95 SD)

Year 17

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 501.38 ( 5.34 SE; 19.26 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 501.38 ( 5.34 SE; 19.26 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 994.08 ( 9.67 SE; 34.85 SD)

Year 18

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 452.85 ( 14.00 SE; 50.47 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 452.85 ( 14.00 SE; 50.47 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 848.15 ( 28.21 SE; 101.71 SD)





Year 19

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 510.38 ( 4.64 SE; 16.75 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 510.38 ( 4.64 SE; 16.75 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1010.85 ( 9.53 SE; 34.37 SD)

Year 20

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 463.85 ( 12.46 SE; 44.92 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 463.85 ( 12.46 SE; 44.92 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 873.62 ( 24.30 SE; 87.61 SD)

Year 21

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 504.69 ( 5.78 SE; 20.83 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 504.69 ( 5.78 SE; 20.83 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1003.69 ( 12.07 SE; 43.52 SD)

Year 22

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 444.38 ( 14.04 SE; 50.62 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 444.38 ( 14.04 SE; 50.62 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 879.92 ( 26.97 SE; 97.24 SD)

Year 23

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 493.46 ( 5.06 SE; 18.24 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 493.46 ( 5.06 SE; 18.24 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 982.31 ( 11.03 SE; 39.78 SD)

Year 24

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 451.08 ( 13.54 SE; 48.83 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 451.08 ( 13.54 SE; 48.83 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 841.77 ( 24.35 SE; 87.78 SD)

Year 25

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 505.85 ( 5.31 SE; 19.15 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 505.85 ( 5.31 SE; 19.15 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1007.46 ( 10.60 SE; 38.21 SD)

Year 26

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 443.46 ( 13.61 SE; 49.08 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 443.46 ( 13.61 SE; 49.08 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 834.15 ( 21.32 SE; 76.86 SD)

Year 27



N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 502.85 ( 5.92 SE; 21.34 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 502.85 ( 5.92 SE; 21.34 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1000.54 ( 11.65 SE; 42.00 SD)

Year 28  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 441.62 ( 15.79 SE; 56.92 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 441.62 ( 15.79 SE; 56.92 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 859.62 ( 32.92 SE; 118.69 SD)

Year 29  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 494.92 ( 5.23 SE; 18.85 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 494.92 ( 5.23 SE; 18.85 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 985.54 ( 11.36 SE; 40.97 SD)

Year 30  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 428.15 ( 15.40 SE; 55.53 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 428.15 ( 15.40 SE; 55.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 816.62 ( 26.30 SE; 94.81 SD)

Year 31  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 502.38 ( 4.15 SE; 14.95 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 502.38 ( 4.15 SE; 14.95 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1000.31 ( 8.47 SE; 30.53 SD)

Year 32  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 456.38 ( 11.89 SE; 42.88 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 456.38 ( 11.89 SE; 42.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 891.62 ( 23.88 SE; 86.09 SD)

Year 33  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 502.46 ( 7.82 SE; 28.19 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 502.46 ( 7.82 SE; 28.19 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 999.00 ( 16.55 SE; 59.67 SD)

Year 34  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 439.69 ( 10.81 SE; 38.98 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 439.69 ( 10.81 SE; 38.98 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 856.38 ( 24.46 SE; 88.21 SD)

Year 35  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000

N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 484.77 ( 6.29 SE; 22.67 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 484.77 ( 6.29 SE; 22.67 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 965.08 ( 12.32 SE; 44.41 SD)

Year 36  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 444.46 ( 14.49 SE; 52.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 444.46 ( 14.49 SE; 52.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 791.00 ( 17.02 SE; 61.37 SD)

Year 37  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 401.23 ( 16.71 SE; 60.26 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 401.23 ( 16.71 SE; 60.26 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 685.08 ( 24.13 SE; 87.00 SD)

Year 38  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 397.46 ( 26.84 SE; 96.79 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 397.46 ( 26.84 SE; 96.79 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 596.15 ( 24.02 SE; 86.59 SD)

Year 39  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 406.00 ( 27.08 SE; 97.65 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 406.00 ( 27.08 SE; 97.65 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 551.92 ( 25.96 SE; 93.60 SD)

Year 40  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 366.69 ( 30.17 SE; 108.79 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 366.69 ( 30.17 SE; 108.79 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 500.92 ( 29.51 SE; 106.38 SD)

Year 41  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 373.08 ( 28.04 SE; 101.09 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 373.08 ( 28.04 SE; 101.09 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 459.77 ( 27.09 SE; 97.66 SD)

Year 42  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 345.15 ( 24.53 SE; 88.43 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 345.15 ( 24.53 SE; 88.43 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 420.85 ( 23.96 SE; 86.39 SD)

Year 43  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000

Mean size (all populations) = 318.85 ( 25.90 SE; 93.39 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 318.85 ( 25.90 SE; 93.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 369.15 ( 17.17 SE; 61.92 SD)

Year 44  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 315.92 ( 29.17 SE; 105.18 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 315.92 ( 29.17 SE; 105.18 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 346.69 ( 15.67 SE; 56.50 SD)

Year 45  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 292.54 ( 33.08 SE; 119.28 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 292.54 ( 33.08 SE; 119.28 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 290.08 ( 16.86 SE; 60.77 SD)

Year 46  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 283.08 ( 28.05 SE; 101.15 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 283.08 ( 28.05 SE; 101.15 SD)  
Expected heterozygosity = 0.994 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 276.62 ( 15.77 SE; 56.86 SD)

Year 47  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 258.15 ( 21.30 SE; 76.79 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 258.15 ( 21.30 SE; 76.79 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 246.08 ( 11.09 SE; 39.97 SD)

Year 48  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 252.31 ( 20.81 SE; 75.03 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 252.31 ( 20.81 SE; 75.03 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 240.46 ( 11.98 SE; 43.18 SD)

Year 49  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 243.85 ( 25.90 SE; 93.37 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 243.85 ( 25.90 SE; 93.37 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 229.15 ( 13.62 SE; 49.12 SD)

Year 50  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 253.38 ( 29.74 SE; 107.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 253.38 ( 29.74 SE; 107.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 211.77 ( 12.75 SE; 45.97 SD)

Year 51  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 252.77 ( 29.94 SE; 107.94 SD)



Means across extant populations only:  
Population size = 252.77 ( 29.94 SE; 107.94 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 201.77 ( 12.32 SE; 44.43 SD)

Year 52  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 232.92 ( 30.58 SE; 110.25 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 232.92 ( 30.58 SE; 110.25 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 192.00 ( 12.92 SE; 46.58 SD)

Year 53  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 217.38 ( 31.26 SE; 112.73 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 217.38 ( 31.26 SE; 112.73 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 177.62 ( 13.51 SE; 48.71 SD)

Year 54  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 221.77 ( 33.24 SE; 119.86 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 221.77 ( 33.24 SE; 119.86 SD)  
Expected heterozygosity = 0.990 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 172.62 ( 13.88 SE; 50.05 SD)

Year 55  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 200.08 ( 28.97 SE; 104.47 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 200.08 ( 28.97 SE; 104.47 SD)  
Expected heterozygosity = 0.989 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 158.77 ( 13.34 SE; 48.11 SD)

Year 56  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 216.31 ( 34.86 SE; 125.70 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 216.31 ( 34.86 SE; 125.70 SD)  
Expected heterozygosity = 0.988 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 149.00 ( 14.18 SE; 51.13 SD)

Year 57  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 213.23 ( 36.18 SE; 130.44 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 213.23 ( 36.18 SE; 130.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.987 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 141.85 ( 14.88 SE; 53.65 SD)

Year 58  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 209.00 ( 39.22 SE; 141.42 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 209.00 ( 39.22 SE; 141.42 SD)  
Expected heterozygosity = 0.986 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 136.15 ( 14.91 SE; 53.74 SD)

Year 59  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 213.85 ( 45.15 SE; 162.79 SD)  
Means across extant populations only:



Population size = 213.85 ( 45.15 SE; 162.79 SD)  
Expected heterozygosity = 0.984 ( 0.002 SE; 0.008 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 125.08 ( 15.51 SE; 55.92 SD)

Year 60

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 207.08 ( 45.30 SE; 163.33 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 207.08 ( 45.30 SE; 163.33 SD)  
Expected heterozygosity = 0.982 ( 0.004 SE; 0.015 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 122.31 ( 15.82 SE; 57.03 SD)

Year 61

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 207.77 ( 49.00 SE; 176.66 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 207.77 ( 49.00 SE; 176.66 SD)  
Expected heterozygosity = 0.981 ( 0.004 SE; 0.013 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.008 SD)  
Number of extant alleles = 117.62 ( 16.44 SE; 59.26 SD)

Year 62

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 187.92 ( 41.99 SE; 151.39 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 187.92 ( 41.99 SE; 151.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.980 ( 0.004 SE; 0.015 SD)  
Observed heterozygosity = 0.993 ( 0.002 SE; 0.008 SD)  
Number of extant alleles = 112.77 ( 16.71 SE; 60.24 SD)

Year 63

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 161.23 ( 35.37 SE; 127.53 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 161.23 ( 35.37 SE; 127.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.978 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 105.00 ( 16.13 SE; 58.17 SD)

Year 64

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 157.85 ( 37.05 SE; 133.58 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 157.85 ( 37.05 SE; 133.58 SD)  
Expected heterozygosity = 0.978 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.003 SE; 0.010 SD)  
Number of extant alleles = 98.92 ( 14.82 SE; 53.44 SD)

Year 65

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 169.08 ( 44.09 SE; 158.97 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 169.08 ( 44.09 SE; 158.97 SD)  
Expected heterozygosity = 0.976 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.989 ( 0.003 SE; 0.011 SD)  
Number of extant alleles = 93.69 ( 14.14 SE; 50.97 SD)

Year 66

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 147.00 ( 37.64 SE; 135.70 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 147.00 ( 37.64 SE; 135.70 SD)  
Expected heterozygosity = 0.974 ( 0.005 SE; 0.020 SD)  
Observed heterozygosity = 0.990 ( 0.003 SE; 0.011 SD)  
Number of extant alleles = 89.00 ( 13.65 SE; 49.20 SD)

Year 67

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 151.08 ( 32.16 SE; 115.95 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 151.08 ( 32.16 SE; 115.95 SD)



Expected heterozygosity = 0.974 ( 0.006 SE; 0.020 SD)  
Observed heterozygosity = 0.986 ( 0.005 SE; 0.019 SD)  
Number of extant alleles = 88.54 ( 12.99 SE; 46.83 SD)

Year 68

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 130.62 ( 25.66 SE; 92.50 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 130.62 ( 25.66 SE; 92.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.971 ( 0.007 SE; 0.026 SD)  
Observed heterozygosity = 0.978 ( 0.007 SE; 0.026 SD)  
Number of extant alleles = 84.38 ( 12.36 SE; 44.55 SD)

Year 69

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 120.54 ( 23.05 SE; 83.10 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 120.54 ( 23.05 SE; 83.10 SD)  
Expected heterozygosity = 0.968 ( 0.008 SE; 0.028 SD)  
Observed heterozygosity = 0.983 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Number of extant alleles = 78.38 ( 11.37 SE; 40.99 SD)

Year 70

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 124.92 ( 20.24 SE; 72.99 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 124.92 ( 20.24 SE; 72.99 SD)  
Expected heterozygosity = 0.969 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Observed heterozygosity = 0.983 ( 0.005 SE; 0.018 SD)  
Number of extant alleles = 78.85 ( 11.08 SE; 39.95 SD)

Year 71

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 95.46 ( 15.36 SE; 55.38 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 95.46 ( 15.36 SE; 55.38 SD)  
Expected heterozygosity = 0.969 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Observed heterozygosity = 0.984 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Number of extant alleles = 70.62 ( 9.95 SE; 35.88 SD)

Year 72

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 88.00 ( 15.65 SE; 56.44 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 88.00 ( 15.65 SE; 56.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.968 ( 0.005 SE; 0.019 SD)  
Observed heterozygosity = 0.988 ( 0.003 SE; 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 63.54 ( 8.59 SE; 30.98 SD)

Year 73

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 96.23 ( 20.90 SE; 75.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 96.23 ( 20.90 SE; 75.35 SD)  
Expected heterozygosity = 0.965 ( 0.006 SE; 0.022 SD)  
Observed heterozygosity = 0.984 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Number of extant alleles = 60.23 ( 8.15 SE; 29.37 SD)

Year 74

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 95.62 ( 20.57 SE; 74.16 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 95.62 ( 20.57 SE; 74.16 SD)  
Expected heterozygosity = 0.962 ( 0.007 SE; 0.027 SD)  
Observed heterozygosity = 0.981 ( 0.005 SE; 0.020 SD)  
Number of extant alleles = 57.69 ( 8.25 SE; 29.75 SD)

Year 75

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 84.08 ( 16.12 SE; 58.11 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 84.08 ( 16.12 SE; 58.11 SD)  
Expected heterozygosity = 0.958 ( 0.009 SE; 0.032 SD)



Observed heterozygosity = 0.982 ( 0.007 SE; 0.025 SD)  
Number of extant alleles = 56.38 ( 8.52 SE; 30.73 SD)

Year 76

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 88.46 ( 18.13 SE; 65.36 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 88.46 ( 18.13 SE; 65.36 SD)  
Expected heterozygosity = 0.956 ( 0.010 SE; 0.035 SD)  
Observed heterozygosity = 0.975 ( 0.008 SE; 0.030 SD)  
Number of extant alleles = 55.38 ( 8.44 SE; 30.43 SD)

Year 77

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 79.38 ( 13.23 SE; 47.70 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 79.38 ( 13.23 SE; 47.70 SD)  
Expected heterozygosity = 0.958 ( 0.008 SE; 0.027 SD)  
Observed heterozygosity = 0.978 ( 0.007 SE; 0.026 SD)  
Number of extant alleles = 51.15 ( 7.14 SE; 25.75 SD)

Year 78

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 68.85 ( 12.13 SE; 43.72 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 68.85 ( 12.13 SE; 43.72 SD)  
Expected heterozygosity = 0.955 ( 0.007 SE; 0.027 SD)  
Observed heterozygosity = 0.974 ( 0.007 SE; 0.026 SD)  
Number of extant alleles = 47.62 ( 6.76 SE; 24.36 SD)

Year 79

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 63.69 ( 11.32 SE; 40.83 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 63.69 ( 11.32 SE; 40.83 SD)  
Expected heterozygosity = 0.952 ( 0.008 SE; 0.029 SD)  
Observed heterozygosity = 0.979 ( 0.006 SE; 0.023 SD)  
Number of extant alleles = 43.77 ( 6.00 SE; 21.65 SD)

Year 80

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 68.77 ( 13.86 SE; 49.96 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 68.77 ( 13.86 SE; 49.96 SD)  
Expected heterozygosity = 0.950 ( 0.009 SE; 0.032 SD)  
Observed heterozygosity = 0.973 ( 0.007 SE; 0.027 SD)  
Number of extant alleles = 42.08 ( 5.55 SE; 20.02 SD)

Year 81

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 66.69 ( 14.25 SE; 51.39 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 66.69 ( 14.25 SE; 51.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.947 ( 0.009 SE; 0.033 SD)  
Observed heterozygosity = 0.967 ( 0.009 SE; 0.032 SD)  
Number of extant alleles = 40.85 ( 5.67 SE; 20.45 SD)

Year 82

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 62.62 ( 14.00 SE; 50.47 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 62.62 ( 14.00 SE; 50.47 SD)  
Expected heterozygosity = 0.942 ( 0.011 SE; 0.038 SD)  
Observed heterozygosity = 0.967 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Number of extant alleles = 37.31 ( 5.35 SE; 19.29 SD)

Year 83

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 62.23 ( 13.64 SE; 49.16 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 62.23 ( 13.64 SE; 49.16 SD)  
Expected heterozygosity = 0.939 ( 0.011 SE; 0.039 SD)  
Observed heterozygosity = 0.968 ( 0.010 SE; 0.035 SD)



Number of extant alleles = 35.85 ( 5.38 SE; 19.40 SD)

Year 84

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 57.38 ( 12.94 SE; 46.64 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 57.38 ( 12.94 SE; 46.64 SD)  
Expected heterozygosity = 0.933 ( 0.014 SE; 0.050 SD)  
Observed heterozygosity = 0.977 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Number of extant alleles = 33.54 ( 5.10 SE; 18.38 SD)

Year 85

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 57.08 ( 14.46 SE; 52.14 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 57.08 ( 14.46 SE; 52.14 SD)  
Expected heterozygosity = 0.927 ( 0.015 SE; 0.054 SD)  
Observed heterozygosity = 0.974 ( 0.008 SE; 0.029 SD)  
Number of extant alleles = 31.54 ( 4.98 SE; 17.95 SD)

Year 86

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 56.23 ( 16.59 SE; 59.83 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 60.58 ( 17.41 SE; 60.31 SD)  
Expected heterozygosity = 0.925 ( 0.019 SE; 0.066 SD)  
Observed heterozygosity = 0.974 ( 0.009 SE; 0.030 SD)  
Number of extant alleles = 33.33 ( 5.22 SE; 18.08 SD)

Year 87

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 61.23 ( 15.35 SE; 55.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 66.00 ( 15.86 SE; 54.95 SD)  
Expected heterozygosity = 0.924 ( 0.019 SE; 0.065 SD)  
Observed heterozygosity = 0.973 ( 0.009 SE; 0.032 SD)  
Number of extant alleles = 33.50 ( 5.52 SE; 19.10 SD)

Year 88

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 63.92 ( 15.24 SE; 54.94 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 68.92 ( 15.65 SE; 54.21 SD)  
Expected heterozygosity = 0.920 ( 0.019 SE; 0.066 SD)  
Observed heterozygosity = 0.974 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Number of extant alleles = 32.67 ( 5.90 SE; 20.46 SD)

Year 89

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 57.77 ( 13.37 SE; 48.20 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 62.25 ( 13.69 SE; 47.43 SD)  
Expected heterozygosity = 0.919 ( 0.018 SE; 0.062 SD)  
Observed heterozygosity = 0.977 ( 0.010 SE; 0.033 SD)  
Number of extant alleles = 29.92 ( 4.75 SE; 16.45 SD)

Year 90

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 54.31 ( 12.17 SE; 43.87 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 58.58 ( 12.38 SE; 42.90 SD)  
Expected heterozygosity = 0.919 ( 0.018 SE; 0.062 SD)  
Observed heterozygosity = 0.971 ( 0.012 SE; 0.040 SD)  
Number of extant alleles = 29.42 ( 4.81 SE; 16.67 SD)

Year 91

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 51.85 ( 11.84 SE; 42.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 55.92 ( 12.09 SE; 41.87 SD)  
Expected heterozygosity = 0.916 ( 0.017 SE; 0.061 SD)  
Observed heterozygosity = 0.969 ( 0.011 SE; 0.039 SD)  
Number of extant alleles = 29.17 ( 5.12 SE; 17.74 SD)

Year 92

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 55.62 ( 14.49 SE; 52.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 60.00 ( 15.01 SE; 51.99 SD)  
Expected heterozygosity = 0.912 ( 0.018 SE; 0.063 SD)  
Observed heterozygosity = 0.973 ( 0.008 SE; 0.029 SD)  
Number of extant alleles = 28.33 ( 4.82 SE; 16.69 SD)

Year 93

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 56.31 ( 17.14 SE; 61.79 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 60.83 ( 17.97 SE; 62.25 SD)  
Expected heterozygosity = 0.909 ( 0.019 SE; 0.068 SD)  
Observed heterozygosity = 0.956 ( 0.018 SE; 0.063 SD)  
Number of extant alleles = 27.33 ( 4.79 SE; 16.61 SD)

Year 94

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 56.31 ( 15.61 SE; 56.28 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 56.31 ( 15.61 SE; 56.28 SD)  
Expected heterozygosity = 0.886 ( 0.024 SE; 0.087 SD)  
Observed heterozygosity = 0.974 ( 0.008 SE; 0.028 SD)  
Number of extant alleles = 24.85 ( 4.93 SE; 17.77 SD)

Year 95

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 63.08 ( 16.61 SE; 59.90 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 63.08 ( 16.61 SE; 59.90 SD)  
Expected heterozygosity = 0.891 ( 0.022 SE; 0.080 SD)  
Observed heterozygosity = 0.978 ( 0.006 SE; 0.023 SD)  
Number of extant alleles = 24.23 ( 4.77 SE; 17.20 SD)

Year 96

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 59.69 ( 15.16 SE; 54.67 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 59.69 ( 15.16 SE; 54.67 SD)  
Expected heterozygosity = 0.884 ( 0.025 SE; 0.089 SD)  
Observed heterozygosity = 0.976 ( 0.007 SE; 0.025 SD)  
Number of extant alleles = 24.77 ( 5.17 SE; 18.63 SD)

Year 97

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 60.08 ( 16.88 SE; 60.87 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 60.08 ( 16.88 SE; 60.87 SD)  
Expected heterozygosity = 0.878 ( 0.028 SE; 0.102 SD)  
Observed heterozygosity = 0.981 ( 0.006 SE; 0.021 SD)  
Number of extant alleles = 23.92 ( 5.03 SE; 18.12 SD)

Year 98

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 63.15 ( 17.73 SE; 63.94 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 63.15 ( 17.73 SE; 63.94 SD)  
Expected heterozygosity = 0.866 ( 0.031 SE; 0.110 SD)  
Observed heterozygosity = 0.957 ( 0.012 SE; 0.044 SD)  
Number of extant alleles = 23.77 ( 5.19 SE; 18.73 SD)

Year 99

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 56.85 ( 16.24 SE; 58.57 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 61.50 ( 16.92 SE; 58.61 SD)  
Expected heterozygosity = 0.859 ( 0.040 SE; 0.138 SD)  
Observed heterozygosity = 0.909 ( 0.024 SE; 0.084 SD)  
Number of extant alleles = 24.17 ( 5.15 SE; 17.84 SD)



Year 100

N[Extinct] = 2, P[E] = 0.154  
 N[Surviving] = 11, P[S] = 0.846  
 Mean size (all populations) = 55.23 ( 16.44 SE; 59.29 SD)  
 Means across extant populations only:  
 Population size = 65.09 ( 17.90 SE; 59.35 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.893 ( 0.026 SE; 0.086 SD)  
 Observed heterozygosity = 0.950 ( 0.017 SE; 0.057 SD)  
 Number of extant alleles = 25.36 ( 4.88 SE; 16.20 SD)

In 13 simulations of Población1 for 100 years:  
 2 went extinct and 11 survived.

This gives a probability of extinction of 0.1538 (0.1001 SE),  
 or a probability of success of 0.8462 (0.1001 SE).

2 simulations went extinct at least once.  
 Of those going extinct,  
 mean time to first extinction was 93.00 years (7.00 SE, 9.90 SD).

1 recolonizations occurred.  
 Mean time to recolonization was 8.00 years (0.00 SE; 0.00 SD).

1 re-extinctions occurred.  
 Mean time to re-extinction was 5.00 years (0.00 SE; 0.00 SD).

Means across all populations (extant and extinct) ...  
 Mean final population was 55.23 (16.44 SE; 59.29 SD)

Age	1	2	Adults	Total	
	2.46	0.77	11.69	14.92	Males
	7.46	2.15	30.69	40.31	Females

Means across extant populations only ...  
 Mean final population for successful cases was 65.09 (17.90 SE, 59.35 SD)

Age	1	2	Adults	Total	
	2.91	0.91	13.82	17.64	Males
	8.82	2.55	36.27	47.64	Females

During years of harvest and/or supplementation  
 mean growth rate (r) was 1.6238 (0.0114 SE, 0.1642 SD, mean n = 16.0 years)

During years without harvest or supplementation,  
 mean growth rate (r) was -0.0506 (0.0072 SE; 0.2363 SD)

Across all years, prior to carrying capacity truncation,  
 mean growth rate (r) was 0.2198 (0.0183 SE; 0.6566 SD)

Final expected heterozygosity was 0.8927 ( 0.0261 SE; 0.0864 SD)  
 Final observed heterozygosity was 0.9497 ( 0.0172 SE; 0.0571 SD)  
 Final number of alleles was 25.36 ( 4.88 SE; 16.20 SD)  
 \*\*\*\*\*

Population 2: Población2

Year 1

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
 Mean size (all populations) = 381.08 ( 25.80 SE; 93.03 SD)  
 Means across extant populations only:  
 Population size = 381.08 ( 25.80 SE; 93.03 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Number of extant alleles = 659.92 ( 24.90 SE; 89.77 SD)

Year 2

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
 Mean size (all populations) = 360.62 ( 25.92 SE; 93.45 SD)  
 Means across extant populations only:  
 Population size = 360.62 ( 25.92 SE; 93.45 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Number of extant alleles = 558.23 ( 26.13 SE; 94.22 SD)

Year 3

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000

Mean size (all populations) = 354.08 ( 27.01 SE; 97.38 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 354.08 ( 27.01 SE; 97.38 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 506.69 ( 23.52 SE; 84.82 SD)

Year 4  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 360.85 ( 37.29 SE; 134.44 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 360.85 ( 37.29 SE; 134.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 467.77 ( 30.47 SE; 109.85 SD)

Year 5  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 325.85 ( 34.23 SE; 123.43 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 325.85 ( 34.23 SE; 123.43 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 422.54 ( 34.43 SE; 124.14 SD)

Year 6  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 298.69 ( 33.72 SE; 121.57 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 298.69 ( 33.72 SE; 121.57 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 400.31 ( 30.98 SE; 111.69 SD)

Year 7  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 332.77 ( 35.36 SE; 127.51 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 332.77 ( 35.36 SE; 127.51 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 413.23 ( 28.15 SE; 101.51 SD)

Year 8  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 304.92 ( 31.07 SE; 112.04 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 304.92 ( 31.07 SE; 112.04 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 397.46 ( 21.68 SE; 78.17 SD)

Year 9  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 347.77 ( 28.72 SE; 103.55 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 347.77 ( 28.72 SE; 103.55 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 420.85 ( 17.97 SE; 64.78 SD)

Year 10  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 349.15 ( 25.07 SE; 90.38 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 349.15 ( 25.07 SE; 90.38 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 434.31 ( 20.86 SE; 75.20 SD)

Year 11  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 325.46 ( 28.35 SE; 102.20 SD)



Means across extant populations only:

Population size = 325.46 ( 28.35 SE; 102.20 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 425.31 ( 22.13 SE; 79.78 SD)

Year 12

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 333.62 ( 34.13 SE; 123.07 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 333.62 ( 34.13 SE; 123.07 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 418.15 ( 23.49 SE; 84.68 SD)

Year 13

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 342.54 ( 31.32 SE; 112.92 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 342.54 ( 31.32 SE; 112.92 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 429.69 ( 26.76 SE; 96.47 SD)

Year 14

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 357.85 ( 34.80 SE; 125.49 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 357.85 ( 34.80 SE; 125.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 420.54 ( 25.80 SE; 93.03 SD)

Year 15

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 342.38 ( 30.22 SE; 108.96 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 342.38 ( 30.22 SE; 108.96 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 426.46 ( 26.29 SE; 94.80 SD)

Year 16

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 327.00 ( 28.50 SE; 102.74 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 327.00 ( 28.50 SE; 102.74 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 415.54 ( 25.01 SE; 90.16 SD)

Year 17

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 296.62 ( 27.85 SE; 100.42 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 296.62 ( 27.85 SE; 100.42 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 401.69 ( 22.16 SE; 79.90 SD)

Year 18

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 297.38 ( 27.96 SE; 100.81 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 297.38 ( 27.96 SE; 100.81 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 402.69 ( 20.00 SE; 72.10 SD)

Year 19

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 295.69 ( 30.65 SE; 110.50 SD)

Means across extant populations only:



Population size = 295.69 ( 30.65 SE; 110.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 405.62 ( 24.15 SE; 87.08 SD)

Year 20

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 346.69 ( 26.62 SE; 95.97 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 346.69 ( 26.62 SE; 95.97 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 422.23 ( 21.91 SE; 78.99 SD)

Year 21

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 354.31 ( 33.15 SE; 119.51 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 354.31 ( 33.15 SE; 119.51 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 435.62 ( 23.67 SE; 85.35 SD)

Year 22

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 344.77 ( 28.92 SE; 104.28 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 344.77 ( 28.92 SE; 104.28 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 439.85 ( 23.13 SE; 83.40 SD)

Year 23

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 357.85 ( 27.05 SE; 97.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 357.85 ( 27.05 SE; 97.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 446.15 ( 20.75 SE; 74.80 SD)

Year 24

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 329.77 ( 24.30 SE; 87.60 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 329.77 ( 24.30 SE; 87.60 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 439.08 ( 17.53 SE; 63.22 SD)

Year 25

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 338.46 ( 35.08 SE; 126.49 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 338.46 ( 35.08 SE; 126.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 429.08 ( 22.15 SE; 79.86 SD)

Year 26

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 327.69 ( 34.26 SE; 123.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 327.69 ( 34.26 SE; 123.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 420.85 ( 25.54 SE; 92.08 SD)

Year 27

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 313.54 ( 33.81 SE; 121.92 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 313.54 ( 33.81 SE; 121.92 SD)

Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 408.23 ( 27.71 SE; 99.90 SD)

Year 28

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 322.08 ( 28.39 SE; 102.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 322.08 ( 28.39 SE; 102.35 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 402.69 ( 19.88 SE; 71.67 SD)

Year 29

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 367.92 ( 33.90 SE; 122.21 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 367.92 ( 33.90 SE; 122.21 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 419.85 ( 20.22 SE; 72.90 SD)

Year 30

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 344.15 ( 28.93 SE; 104.29 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 344.15 ( 28.93 SE; 104.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 416.00 ( 20.37 SE; 73.43 SD)

Year 31

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 353.31 ( 23.09 SE; 83.24 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 353.31 ( 23.09 SE; 83.24 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 419.69 ( 16.88 SE; 60.88 SD)

Year 32

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 345.23 ( 24.88 SE; 89.72 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 345.23 ( 24.88 SE; 89.72 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 435.00 ( 19.31 SE; 69.62 SD)

Year 33

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 356.69 ( 26.15 SE; 94.29 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 356.69 ( 26.15 SE; 94.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 439.62 ( 19.96 SE; 71.98 SD)

Year 34

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 350.00 ( 27.77 SE; 100.11 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 350.00 ( 27.77 SE; 100.11 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 426.62 ( 21.46 SE; 77.37 SD)

Year 35

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 367.54 ( 29.96 SE; 108.02 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 367.54 ( 29.96 SE; 108.02 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)



Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 432.38 ( 18.87 SE; 68.03 SD)

Year 36

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 323.08 ( 24.38 SE; 87.92 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 323.08 ( 24.38 SE; 87.92 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 418.77 ( 15.12 SE; 54.51 SD)

Year 37

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 321.54 ( 25.38 SE; 91.49 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 321.54 ( 25.38 SE; 91.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 416.62 ( 17.38 SE; 62.66 SD)

Year 38

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 327.38 ( 18.92 SE; 68.22 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 327.38 ( 18.92 SE; 68.22 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 409.23 ( 14.82 SE; 53.43 SD)

Year 39

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 330.46 ( 25.87 SE; 93.26 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 330.46 ( 25.87 SE; 93.26 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 414.69 ( 16.73 SE; 60.33 SD)

Year 40

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 308.38 ( 20.80 SE; 74.98 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 308.38 ( 20.80 SE; 74.98 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 398.69 ( 20.27 SE; 73.07 SD)

Year 41

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 341.85 ( 27.84 SE; 100.38 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 341.85 ( 27.84 SE; 100.38 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 388.69 ( 21.28 SE; 76.71 SD)

Year 42

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 297.85 ( 20.66 SE; 74.50 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 297.85 ( 20.66 SE; 74.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 365.92 ( 20.41 SE; 73.58 SD)

Year 43

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 283.46 ( 13.78 SE; 49.70 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 283.46 ( 13.78 SE; 49.70 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)



Number of extant alleles = 333.31 ( 11.90 SE; 42.89 SD)

Year 44

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 264.54 ( 11.15 SE; 40.20 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 264.54 ( 11.15 SE; 40.20 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 314.85 ( 10.53 SE; 37.98 SD)

Year 45

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 215.46 ( 11.14 SE; 40.18 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 215.46 ( 11.14 SE; 40.18 SD)  
Expected heterozygosity = 0.994 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 262.92 ( 7.27 SE; 26.23 SD)

Year 46

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 223.38 ( 17.72 SE; 63.89 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 223.38 ( 17.72 SE; 63.89 SD)  
Expected heterozygosity = 0.994 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 245.77 ( 7.21 SE; 26.01 SD)

Year 47

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 208.08 ( 21.42 SE; 77.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 208.08 ( 21.42 SE; 77.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 217.92 ( 9.48 SE; 34.16 SD)

Year 48

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 211.23 ( 24.35 SE; 87.81 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 211.23 ( 24.35 SE; 87.81 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 214.85 ( 11.17 SE; 40.28 SD)

Year 49

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 209.92 ( 17.50 SE; 63.10 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 209.92 ( 17.50 SE; 63.10 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 211.23 ( 10.82 SE; 39.02 SD)

Year 50

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 182.85 ( 15.11 SE; 54.49 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 182.85 ( 15.11 SE; 54.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 195.54 ( 10.58 SE; 38.13 SD)

Year 51

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 199.31 ( 24.61 SE; 88.74 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 199.31 ( 24.61 SE; 88.74 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 183.08 ( 9.09 SE; 32.77 SD)

Year 52

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 211.23 ( 25.64 SE; 92.44 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 211.23 ( 25.64 SE; 92.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 180.23 ( 10.93 SE; 39.39 SD)

Year 53

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 202.92 ( 30.28 SE; 109.16 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 202.92 ( 30.28 SE; 109.16 SD)  
Expected heterozygosity = 0.990 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 169.38 ( 13.54 SE; 48.81 SD)

Year 54

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 217.54 ( 36.81 SE; 132.72 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 217.54 ( 36.81 SE; 132.72 SD)  
Expected heterozygosity = 0.989 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 165.00 ( 14.91 SE; 53.77 SD)

Year 55

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 208.85 ( 36.42 SE; 131.32 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 208.85 ( 36.42 SE; 131.32 SD)  
Expected heterozygosity = 0.989 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 156.00 ( 14.86 SE; 53.59 SD)

Year 56

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 204.77 ( 37.06 SE; 133.62 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 204.77 ( 37.06 SE; 133.62 SD)  
Expected heterozygosity = 0.988 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 149.38 ( 15.72 SE; 56.67 SD)

Year 57

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 188.00 ( 35.11 SE; 126.59 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 188.00 ( 35.11 SE; 126.59 SD)  
Expected heterozygosity = 0.987 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 139.54 ( 15.05 SE; 54.28 SD)

Year 58

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 190.85 ( 35.23 SE; 127.01 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 190.85 ( 35.23 SE; 127.01 SD)  
Expected heterozygosity = 0.984 ( 0.003 SE; 0.011 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 132.85 ( 15.10 SE; 54.44 SD)

Year 59

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 188.38 ( 36.58 SE; 131.90 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 188.38 ( 36.58 SE; 131.90 SD)  
Expected heterozygosity = 0.984 ( 0.003 SE; 0.012 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 129.08 ( 14.71 SE; 53.04 SD)



Year 60

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 198.85 ( 42.47 SE; 153.14 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 198.85 ( 42.47 SE; 153.14 SD)  
Expected heterozygosity = 0.982 ( 0.004 SE; 0.015 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 123.54 ( 14.83 SE; 53.47 SD)

Year 61

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 208.85 ( 45.32 SE; 163.42 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 208.85 ( 45.32 SE; 163.42 SD)  
Expected heterozygosity = 0.980 ( 0.005 SE; 0.019 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 119.54 ( 15.79 SE; 56.94 SD)

Year 62

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 196.62 ( 39.72 SE; 143.19 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 196.62 ( 39.72 SE; 143.19 SD)  
Expected heterozygosity = 0.980 ( 0.005 SE; 0.018 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 117.23 ( 14.93 SE; 53.84 SD)

Year 63

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 152.92 ( 31.55 SE; 113.77 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 152.92 ( 31.55 SE; 113.77 SD)  
Expected heterozygosity = 0.978 ( 0.005 SE; 0.019 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.002 SE; 0.008 SD)  
Number of extant alleles = 105.46 ( 13.89 SE; 50.07 SD)

Year 64

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 154.62 ( 34.98 SE; 126.11 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 154.62 ( 34.98 SE; 126.11 SD)  
Expected heterozygosity = 0.978 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 100.38 ( 13.99 SE; 50.43 SD)

Year 65

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 154.31 ( 32.89 SE; 118.59 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 154.31 ( 32.89 SE; 118.59 SD)  
Expected heterozygosity = 0.977 ( 0.004 SE; 0.014 SD)  
Observed heterozygosity = 0.993 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 96.00 ( 13.41 SE; 48.36 SD)

Year 66

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 170.00 ( 40.45 SE; 145.86 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 170.00 ( 40.45 SE; 145.86 SD)  
Expected heterozygosity = 0.976 ( 0.004 SE; 0.015 SD)  
Observed heterozygosity = 0.992 ( 0.003 SE; 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 92.77 ( 13.24 SE; 47.73 SD)

Year 67

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 154.54 ( 31.14 SE; 112.28 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 154.54 ( 31.14 SE; 112.28 SD)  
Expected heterozygosity = 0.975 ( 0.004 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.993 ( 0.003 SE; 0.009 SD)  
Number of extant alleles = 89.46 ( 12.60 SE; 45.44 SD)

Year 68

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 154.46 ( 35.95 SE; 129.61 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 154.46 ( 35.95 SE; 129.61 SD)  
Expected heterozygosity = 0.974 ( 0.004 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 84.38 ( 12.36 SE; 44.55 SD)

Year 69

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 131.00 ( 27.50 SE; 99.17 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 131.00 ( 27.50 SE; 99.17 SD)  
Expected heterozygosity = 0.973 ( 0.004 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 80.62 ( 11.60 SE; 41.82 SD)

Year 70

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 121.08 ( 23.34 SE; 84.16 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 121.08 ( 23.34 SE; 84.16 SD)  
Expected heterozygosity = 0.972 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.004 SE; 0.013 SD)  
Number of extant alleles = 77.15 ( 11.39 SE; 41.05 SD)

Year 71

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 100.23 ( 19.90 SE; 71.74 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 100.23 ( 19.90 SE; 71.74 SD)  
Expected heterozygosity = 0.970 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.989 ( 0.004 SE; 0.016 SD)  
Number of extant alleles = 67.85 ( 10.67 SE; 38.46 SD)

Year 72

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 97.54 ( 20.98 SE; 75.65 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 104.50 ( 21.52 SE; 74.54 SD)  
Expected heterozygosity = 0.966 ( 0.007 SE; 0.025 SD)  
Observed heterozygosity = 0.992 ( 0.004 SE; 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 67.00 ( 10.31 SE; 35.72 SD)

Year 73

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 82.85 ( 15.54 SE; 56.05 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 88.92 ( 15.56 SE; 53.89 SD)  
Expected heterozygosity = 0.966 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Observed heterozygosity = 0.992 ( 0.004 SE; 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 63.00 ( 9.02 SE; 31.26 SD)

Year 74

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 85.46 ( 17.26 SE; 62.24 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 91.75 ( 17.48 SE; 60.54 SD)  
Expected heterozygosity = 0.963 ( 0.008 SE; 0.027 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.004 SE; 0.014 SD)  
Number of extant alleles = 59.50 ( 8.76 SE; 30.34 SD)

Year 75

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 80.85 ( 15.85 SE; 57.16 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 87.17 ( 15.81 SE; 54.75 SD)  
Expected heterozygosity = 0.961 ( 0.008 SE; 0.029 SD)  
Observed heterozygosity = 0.987 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Number of extant alleles = 59.50 ( 8.91 SE; 30.88 SD)

Year 76

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 87.46 ( 19.42 SE; 70.00 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 94.25 ( 19.77 SE; 68.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.959 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Observed heterozygosity = 0.979 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Number of extant alleles = 57.17 ( 8.30 SE; 28.75 SD)

Year 77

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 73.08 ( 13.31 SE; 47.98 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 73.08 ( 13.31 SE; 47.98 SD)  
Expected heterozygosity = 0.955 ( 0.008 SE; 0.030 SD)  
Observed heterozygosity = 0.977 ( 0.009 SE; 0.032 SD)  
Number of extant alleles = 49.38 ( 7.23 SE; 26.06 SD)

Year 78

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 63.85 ( 15.42 SE; 55.61 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 63.85 ( 15.42 SE; 55.61 SD)  
Expected heterozygosity = 0.947 ( 0.009 SE; 0.033 SD)  
Observed heterozygosity = 0.965 ( 0.010 SE; 0.036 SD)  
Number of extant alleles = 42.85 ( 7.07 SE; 25.49 SD)

Year 79

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 61.23 ( 15.97 SE; 57.56 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 66.17 ( 16.51 SE; 57.18 SD)  
Expected heterozygosity = 0.946 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Observed heterozygosity = 0.945 ( 0.016 SE; 0.054 SD)  
Number of extant alleles = 41.75 ( 6.62 SE; 22.94 SD)

Year 80

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 57.46 ( 14.28 SE; 51.47 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 62.08 ( 14.68 SE; 50.87 SD)  
Expected heterozygosity = 0.945 ( 0.008 SE; 0.028 SD)  
Observed heterozygosity = 0.953 ( 0.010 SE; 0.033 SD)  
Number of extant alleles = 40.50 ( 6.31 SE; 21.86 SD)

Year 81

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 65.62 ( 17.72 SE; 63.90 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 70.92 ( 18.38 SE; 63.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.944 ( 0.009 SE; 0.030 SD)  
Observed heterozygosity = 0.950 ( 0.011 SE; 0.039 SD)  
Number of extant alleles = 39.75 ( 6.32 SE; 21.88 SD)

Year 82

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 58.31 ( 15.75 SE; 56.79 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 63.08 ( 16.32 SE; 56.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.944 ( 0.008 SE; 0.029 SD)  
Observed heterozygosity = 0.951 ( 0.012 SE; 0.042 SD)  
Number of extant alleles = 39.08 ( 6.24 SE; 21.63 SD)

Year 83

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 59.46 ( 15.62 SE; 56.32 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 64.42 ( 16.10 SE; 55.79 SD)  
Expected heterozygosity = 0.935 ( 0.013 SE; 0.045 SD)  
Observed heterozygosity = 0.932 ( 0.019 SE; 0.067 SD)  
Number of extant alleles = 37.42 ( 6.50 SE; 22.51 SD)

Year 84

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077

N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 57.08 ( 15.75 SE; 56.77 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 61.67 ( 16.37 SE; 56.72 SD)  
Expected heterozygosity = 0.933 ( 0.013 SE; 0.046 SD)  
Observed heterozygosity = 0.938 ( 0.017 SE; 0.058 SD)  
Number of extant alleles = 36.83 ( 6.41 SE; 22.22 SD)

Year 85

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 65.92 ( 21.22 SE; 76.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 71.25 ( 22.33 SE; 77.36 SD)  
Expected heterozygosity = 0.924 ( 0.016 SE; 0.055 SD)  
Observed heterozygosity = 0.953 ( 0.011 SE; 0.037 SD)  
Number of extant alleles = 34.67 ( 6.90 SE; 23.89 SD)

Year 86

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 60.62 ( 19.15 SE; 69.06 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 65.67 ( 20.08 SE; 69.58 SD)  
Expected heterozygosity = 0.923 ( 0.015 SE; 0.053 SD)  
Observed heterozygosity = 0.939 ( 0.026 SE; 0.091 SD)  
Number of extant alleles = 33.00 ( 6.86 SE; 23.77 SD)

Year 87

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 56.15 ( 17.77 SE; 64.07 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 60.83 ( 18.64 SE; 64.55 SD)  
Expected heterozygosity = 0.916 ( 0.018 SE; 0.062 SD)  
Observed heterozygosity = 0.949 ( 0.018 SE; 0.061 SD)  
Number of extant alleles = 31.50 ( 6.70 SE; 23.21 SD)

Year 88

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 54.15 ( 18.58 SE; 67.01 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 58.67 ( 19.60 SE; 67.89 SD)  
Expected heterozygosity = 0.919 ( 0.015 SE; 0.052 SD)  
Observed heterozygosity = 0.959 ( 0.012 SE; 0.042 SD)  
Number of extant alleles = 29.83 ( 6.27 SE; 21.71 SD)

Year 89

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 58.00 ( 21.66 SE; 78.11 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 62.83 ( 22.96 SE; 79.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.917 ( 0.015 SE; 0.053 SD)  
Observed heterozygosity = 0.967 ( 0.016 SE; 0.054 SD)  
Number of extant alleles = 29.50 ( 5.98 SE; 20.70 SD)

Year 90

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 68.69 ( 22.56 SE; 81.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 74.42 ( 23.73 SE; 82.19 SD)  
Expected heterozygosity = 0.916 ( 0.017 SE; 0.060 SD)  
Observed heterozygosity = 0.967 ( 0.013 SE; 0.043 SD)  
Number of extant alleles = 30.58 ( 5.87 SE; 20.35 SD)

Year 91

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 61.85 ( 17.67 SE; 63.71 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 66.92 ( 18.40 SE; 63.75 SD)  
Expected heterozygosity = 0.910 ( 0.019 SE; 0.067 SD)  
Observed heterozygosity = 0.969 ( 0.013 SE; 0.046 SD)  
Number of extant alleles = 29.33 ( 5.84 SE; 20.22 SD)

Year 92

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923

Mean size (all populations) = 54.08 ( 15.24 SE; 54.94 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 58.58 ( 15.82 SE; 54.81 SD)  
Expected heterozygosity = 0.901 ( 0.023 SE; 0.081 SD)  
Observed heterozygosity = 0.958 ( 0.013 SE; 0.044 SD)  
Number of extant alleles = 27.33 ( 5.49 SE; 19.01 SD)

Year 93  
N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 62.85 ( 20.83 SE; 75.11 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 68.08 ( 21.92 SE; 75.93 SD)  
Expected heterozygosity = 0.897 ( 0.024 SE; 0.083 SD)  
Observed heterozygosity = 0.949 ( 0.019 SE; 0.066 SD)  
Number of extant alleles = 27.67 ( 5.46 SE; 18.92 SD)

Year 94  
N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 66.31 ( 22.10 SE; 79.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 71.75 ( 23.29 SE; 80.67 SD)  
Expected heterozygosity = 0.895 ( 0.025 SE; 0.086 SD)  
Observed heterozygosity = 0.941 ( 0.024 SE; 0.082 SD)  
Number of extant alleles = 27.58 ( 5.54 SE; 19.19 SD)

Year 95  
N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 59.38 ( 18.51 SE; 66.73 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 64.25 ( 19.41 SE; 67.25 SD)  
Expected heterozygosity = 0.880 ( 0.036 SE; 0.124 SD)  
Observed heterozygosity = 0.914 ( 0.028 SE; 0.097 SD)  
Number of extant alleles = 26.83 ( 5.33 SE; 18.47 SD)

Year 96  
N[Extinct] = 2, P[E] = 0.154  
N[Surviving] = 11, P[S] = 0.846  
Mean size (all populations) = 74.38 ( 24.92 SE; 89.87 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 87.36 ( 27.78 SE; 92.12 SD)  
Expected heterozygosity = 0.894 ( 0.031 SE; 0.103 SD)  
Observed heterozygosity = 0.937 ( 0.020 SE; 0.067 SD)  
Number of extant alleles = 28.55 ( 5.58 SE; 18.50 SD)

Year 97  
N[Extinct] = 2, P[E] = 0.154  
N[Surviving] = 11, P[S] = 0.846  
Mean size (all populations) = 70.85 ( 24.43 SE; 88.07 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 83.18 ( 27.34 SE; 90.66 SD)  
Expected heterozygosity = 0.883 ( 0.036 SE; 0.120 SD)  
Observed heterozygosity = 0.922 ( 0.026 SE; 0.086 SD)  
Number of extant alleles = 27.82 ( 5.51 SE; 18.29 SD)

Year 98  
N[Extinct] = 2, P[E] = 0.154  
N[Surviving] = 11, P[S] = 0.846  
Mean size (all populations) = 64.38 ( 22.29 SE; 80.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 75.55 ( 24.97 SE; 82.80 SD)  
Expected heterozygosity = 0.884 ( 0.040 SE; 0.132 SD)  
Observed heterozygosity = 0.921 ( 0.029 SE; 0.095 SD)  
Number of extant alleles = 27.73 ( 5.58 SE; 18.52 SD)

Year 99  
N[Extinct] = 2, P[E] = 0.154  
N[Surviving] = 11, P[S] = 0.846  
Mean size (all populations) = 58.77 ( 20.07 SE; 72.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 69.09 ( 22.40 SE; 74.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.882 ( 0.039 SE; 0.130 SD)  
Observed heterozygosity = 0.915 ( 0.028 SE; 0.092 SD)  
Number of extant alleles = 26.45 ( 5.33 SE; 17.68 SD)

Year 100  
N[Extinct] = 2, P[E] = 0.154  
N[Surviving] = 11, P[S] = 0.846  
Mean size (all populations) = 59.92 ( 19.49 SE; 70.28 SD)





Means across extant populations only:  
 Population size = 70.73 ( 21.51 SE; 71.36 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.867 ( 0.044 SE; 0.145 SD)  
 Observed heterozygosity = 0.908 ( 0.034 SE; 0.111 SD)  
 Number of extant alleles = 25.09 ( 5.46 SE; 18.12 SD)

In 13 simulations of Población2 for 100 years:  
 2 went extinct and 11 survived.

This gives a probability of extinction of 0.1538 (0.1001 SE),  
 or a probability of success of 0.8462 (0.1001 SE).

2 simulations went extinct at least once.  
 Of those going extinct,  
 mean time to first extinction was 84.00 years (12.00 SE, 16.97 SD).

1 recolonizations occurred.  
 Mean time to recolonization was 5.00 years (0.00 SE; 0.00 SD).

1 re-extinctions occurred.  
 Mean time to re-extinction was 2.00 years (0.00 SE; 0.00 SD).

Means across all populations (extant and extinct) ...  
 Mean final population was 59.92 (19.49 SE; 70.28 SD)

Age 1	2	Adults	Total
3.54	1.38	12.85	17.77 Males
7.85	3.54	30.77	42.15 Females

Means across extant populations only ...  
 Mean final population for successful cases was 70.73 (21.51 SE, 71.36 SD)

Age 1	2	Adults	Total
4.18	1.64	15.18	21.00 Males
9.27	4.18	36.36	49.82 Females

Across all years, prior to carrying capacity truncation,  
 mean growth rate (r) was -0.0202 (0.0072 SE; 0.2556 SD)

Final expected heterozygosity was 0.8669 ( 0.0436 SE; 0.1447 SD)  
 Final observed heterozygosity was 0.9081 ( 0.0336 SE; 0.1115 SD)  
 Final number of alleles was 25.09 ( 5.46 SE; 18.12 SD)  
 \*\*\*\*\*

Metapopulation: \*\*\*\*\* Metapopulation Summary \*\*\*\*\*

Year 1  
 N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
 Mean size (all populations) = 720.38 ( 45.15 SE; 162.80 SD)  
 Means across extant populations only:  
 Population size = 720.38 ( 45.15 SE; 162.80 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Number of extant alleles = 1244.08 ( 41.95 SE; 151.25 SD)

Year 2  
 N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
 Mean size (all populations) = 684.69 ( 53.02 SE; 191.16 SD)  
 Means across extant populations only:  
 Population size = 684.69 ( 53.02 SE; 191.16 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Number of extant alleles = 1031.00 ( 49.13 SE; 177.15 SD)

Year 3  
 N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
 Mean size (all populations) = 666.38 ( 49.07 SE; 176.92 SD)  
 Means across extant populations only:  
 Population size = 666.38 ( 49.07 SE; 176.92 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
 Number of extant alleles = 916.85 ( 43.40 SE; 156.48 SD)

Year 4  
 N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
 N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000

Mean size (all populations) = 654.54 ( 62.71 SE; 226.10 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 654.54 ( 62.71 SE; 226.10 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 822.23 ( 50.75 SE; 182.99 SD)

Year 5  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 820.54 ( 34.54 SE; 124.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 820.54 ( 34.54 SE; 124.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1378.85 ( 30.22 SE; 108.96 SD)

Year 6  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 735.31 ( 42.30 SE; 152.51 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 735.31 ( 42.30 SE; 152.51 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1181.54 ( 39.39 SE; 142.01 SD)

Year 7  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 841.62 ( 36.47 SE; 131.49 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 841.62 ( 36.47 SE; 131.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1408.62 ( 29.61 SE; 106.76 SD)

Year 8  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 726.77 ( 37.51 SE; 135.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 726.77 ( 37.51 SE; 135.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1203.85 ( 36.19 SE; 130.48 SD)

Year 9  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 854.31 ( 30.40 SE; 109.61 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 854.31 ( 30.40 SE; 109.61 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1411.54 ( 22.34 SE; 80.56 SD)

Year 10  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 815.62 ( 30.98 SE; 111.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 815.62 ( 30.98 SE; 111.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1285.77 ( 34.47 SE; 124.27 SD)

Year 11  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 819.08 ( 28.73 SE; 103.59 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 819.08 ( 28.73 SE; 103.59 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1395.00 ( 21.69 SE; 78.21 SD)

Year 12  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 755.15 ( 40.89 SE; 147.44 SD)



Means across extant populations only:  
Population size = 755.15 ( 40.89 SE; 147.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1179.85 ( 36.97 SE; 133.30 SD)

Year 13  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 843.77 ( 34.92 SE; 125.92 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 843.77 ( 34.92 SE; 125.92 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1411.46 ( 30.62 SE; 110.39 SD)

Year 14  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 803.15 ( 45.98 SE; 165.80 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 803.15 ( 45.98 SE; 165.80 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1238.77 ( 45.69 SE; 164.75 SD)

Year 15  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 842.54 ( 29.33 SE; 105.76 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 842.54 ( 29.33 SE; 105.76 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1404.31 ( 24.85 SE; 89.60 SD)

Year 16  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 762.69 ( 34.96 SE; 126.06 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 762.69 ( 34.96 SE; 126.06 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1203.69 ( 36.52 SE; 131.69 SD)

Year 17  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 798.00 ( 30.99 SE; 111.73 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 798.00 ( 30.99 SE; 111.73 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1381.46 ( 26.38 SE; 95.12 SD)

Year 18  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 750.23 ( 36.37 SE; 131.14 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 750.23 ( 36.37 SE; 131.14 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1215.85 ( 41.99 SE; 151.40 SD)

Year 19  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 806.08 ( 32.92 SE; 118.68 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 806.08 ( 32.92 SE; 118.68 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1403.00 ( 29.25 SE; 105.45 SD)

Year 20  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 810.54 ( 34.93 SE; 125.95 SD)  
Means across extant populations only:



Population size = 810.54 ( 34.93 SE; 125.95 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1258.38 ( 37.48 SE; 135.14 SD)

Year 21

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 859.00 ( 32.40 SE; 116.81 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 859.00 ( 32.40 SE; 116.81 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1424.23 ( 18.26 SE; 65.85 SD)

Year 22

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 789.15 ( 38.65 SE; 139.35 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 789.15 ( 38.65 SE; 139.35 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1286.23 ( 39.57 SE; 142.67 SD)

Year 23

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 851.31 ( 27.09 SE; 97.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 851.31 ( 27.09 SE; 97.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1413.38 ( 20.83 SE; 75.11 SD)

Year 24

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 780.85 ( 30.47 SE; 109.87 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 780.85 ( 30.47 SE; 109.87 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 1243.46 ( 32.02 SE; 115.46 SD)

Year 25

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 844.31 ( 35.81 SE; 129.13 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 844.31 ( 35.81 SE; 129.13 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1422.62 ( 25.38 SE; 91.51 SD)

Year 26

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 771.15 ( 41.57 SE; 149.89 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 771.15 ( 41.57 SE; 149.89 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1225.62 ( 36.63 SE; 132.06 SD)

Year 27

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 816.38 ( 30.03 SE; 108.26 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 816.38 ( 30.03 SE; 108.26 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1395.92 ( 20.02 SE; 72.19 SD)

Year 28

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 763.69 ( 33.76 SE; 121.73 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 763.69 ( 33.76 SE; 121.73 SD)

Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1231.85 ( 38.25 SE; 137.91 SD)

Year 29

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 862.85 ( 36.63 SE; 132.06 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 862.85 ( 36.63 SE; 132.06 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1392.23 ( 26.65 SE; 96.10 SD)

Year 30

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 772.31 ( 39.07 SE; 140.86 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 772.31 ( 39.07 SE; 140.86 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1200.54 ( 38.47 SE; 138.71 SD)

Year 31

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 855.69 ( 25.26 SE; 91.08 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 855.69 ( 25.26 SE; 91.08 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1405.69 ( 20.04 SE; 72.26 SD)

Year 32

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 801.62 ( 31.41 SE; 113.26 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 801.62 ( 31.41 SE; 113.26 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1292.69 ( 35.26 SE; 127.15 SD)

Year 33

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 859.15 ( 29.03 SE; 104.68 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 859.15 ( 29.03 SE; 104.68 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1424.54 ( 25.76 SE; 92.89 SD)

Year 34

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 789.69 ( 35.39 SE; 127.59 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 789.69 ( 35.39 SE; 127.59 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1245.62 ( 39.22 SE; 141.42 SD)

Year 35

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 852.31 ( 30.66 SE; 110.55 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 852.31 ( 30.66 SE; 110.55 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1382.00 ( 22.50 SE; 81.14 SD)

Year 36

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 767.54 ( 26.57 SE; 95.81 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 767.54 ( 26.57 SE; 95.81 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)

Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1171.46 ( 26.05 SE; 93.93 SD)

Year 37

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 722.77 ( 38.21 SE; 137.78 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 722.77 ( 38.21 SE; 137.78 SD)  
Expected heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 1045.31 ( 33.38 SE; 120.35 SD)

Year 38

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 724.85 ( 37.02 SE; 133.46 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 724.85 ( 37.02 SE; 133.46 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 933.23 ( 31.13 SE; 112.25 SD)

Year 39

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 736.46 ( 39.33 SE; 141.82 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 736.46 ( 39.33 SE; 141.82 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 873.23 ( 34.65 SE; 124.93 SD)

Year 40

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 675.08 ( 43.66 SE; 157.41 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 675.08 ( 43.66 SE; 157.41 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 795.77 ( 38.79 SE; 139.85 SD)

Year 41

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 714.92 ( 48.26 SE; 173.99 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 714.92 ( 48.26 SE; 173.99 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 729.69 ( 36.65 SE; 132.14 SD)

Year 42

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 643.00 ( 33.19 SE; 119.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 643.00 ( 33.19 SE; 119.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 667.08 ( 33.69 SE; 121.48 SD)

Year 43

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 602.31 ( 27.57 SE; 99.40 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 602.31 ( 27.57 SE; 99.40 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 588.31 ( 22.61 SE; 81.53 SD)

Year 44

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 580.46 ( 26.80 SE; 96.62 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 580.46 ( 26.80 SE; 96.62 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)



Number of extant alleles = 545.31 ( 20.77 SE; 74.90 SD)

Year 45

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 508.00 ( 33.03 SE; 119.11 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 508.00 ( 33.03 SE; 119.11 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 450.38 ( 17.18 SE; 61.93 SD)

Year 46

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 506.46 ( 27.67 SE; 99.77 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 506.46 ( 27.67 SE; 99.77 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 416.15 ( 15.63 SE; 56.37 SD)

Year 47

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 466.23 ( 27.58 SE; 99.44 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 466.23 ( 27.58 SE; 99.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 364.54 ( 12.78 SE; 46.09 SD)

Year 48

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 463.54 ( 37.03 SE; 133.53 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 463.54 ( 37.03 SE; 133.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 348.31 ( 14.95 SE; 53.90 SD)

Year 49

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 453.77 ( 37.13 SE; 133.88 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 453.77 ( 37.13 SE; 133.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 328.77 ( 16.27 SE; 58.66 SD)

Year 50

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 436.23 ( 39.21 SE; 141.36 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 436.23 ( 39.21 SE; 141.36 SD)  
Expected heterozygosity = 0.994 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 302.23 ( 14.74 SE; 53.14 SD)

Year 51

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 452.08 ( 48.26 SE; 174.01 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 452.08 ( 48.26 SE; 174.01 SD)  
Expected heterozygosity = 0.994 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 284.46 ( 13.29 SE; 47.92 SD)

Year 52

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 444.15 ( 54.42 SE; 196.23 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 444.15 ( 54.42 SE; 196.23 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 269.31 ( 14.73 SE; 53.12 SD)

Year 53

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 420.31 ( 59.66 SE; 215.10 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 420.31 ( 59.66 SE; 215.10 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.000 SE; 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 248.54 ( 16.08 SE; 57.97 SD)

Year 54

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 439.31 ( 65.87 SE; 237.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 439.31 ( 65.87 SE; 237.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 238.00 ( 16.88 SE; 60.86 SD)

Year 55

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 408.92 ( 58.86 SE; 212.21 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 408.92 ( 58.86 SE; 212.21 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.000 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 221.08 ( 16.38 SE; 59.05 SD)

Year 56

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 421.08 ( 68.67 SE; 247.58 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 421.08 ( 68.67 SE; 247.58 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.001 SE; 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 207.62 ( 17.07 SE; 61.54 SD)

Year 57

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 401.23 ( 67.26 SE; 242.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 401.23 ( 67.26 SE; 242.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.990 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 194.08 ( 17.19 SE; 61.99 SD)

Year 58

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 399.85 ( 68.96 SE; 248.64 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 399.85 ( 68.96 SE; 248.64 SD)  
Expected heterozygosity = 0.988 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 184.46 ( 17.09 SE; 61.61 SD)

Year 59

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 402.23 ( 75.22 SE; 271.20 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 402.23 ( 75.22 SE; 271.20 SD)  
Expected heterozygosity = 0.987 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SE; 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 172.31 ( 17.58 SE; 63.38 SD)

Year 60

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 405.92 ( 83.08 SE; 299.55 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 405.92 ( 83.08 SE; 299.55 SD)  
Expected heterozygosity = 0.986 ( 0.003 SE; 0.009 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.001 SE; 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 164.77 ( 17.45 SE; 62.93 SD)

Year 61

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 416.62 ( 93.10 SE; 335.67 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 416.62 ( 93.10 SE; 335.67 SD)  
Expected heterozygosity = 0.985 ( 0.003 SE; 0.011 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 156.69 ( 17.67 SE; 63.69 SD)

Year 62

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 384.54 ( 80.18 SE; 289.10 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 384.54 ( 80.18 SE; 289.10 SD)  
Expected heterozygosity = 0.984 ( 0.004 SE; 0.013 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 149.85 ( 17.30 SE; 62.37 SD)

Year 63

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 314.15 ( 65.34 SE; 235.60 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 314.15 ( 65.34 SE; 235.60 SD)  
Expected heterozygosity = 0.983 ( 0.004 SE; 0.013 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.002 SE; 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 139.23 ( 16.52 SE; 59.57 SD)

Year 64

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 312.46 ( 68.56 SE; 247.19 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 312.46 ( 68.56 SE; 247.19 SD)  
Expected heterozygosity = 0.983 ( 0.003 SE; 0.013 SD)  
Observed heterozygosity = 0.992 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 132.23 ( 16.43 SE; 59.25 SD)

Year 65

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 323.38 ( 74.09 SE; 267.12 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 323.38 ( 74.09 SE; 267.12 SD)  
Expected heterozygosity = 0.982 ( 0.003 SE; 0.012 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.001 SE; 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 125.85 ( 15.69 SE; 56.58 SD)

Year 66

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 317.00 ( 76.14 SE; 274.54 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 317.00 ( 76.14 SE; 274.54 SD)  
Expected heterozygosity = 0.980 ( 0.004 SE; 0.015 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.002 SE; 0.008 SD)  
Number of extant alleles = 119.69 ( 15.32 SE; 55.23 SD)

Year 67

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 305.62 ( 60.88 SE; 219.49 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 305.62 ( 60.88 SE; 219.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.979 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.989 ( 0.003 SE; 0.010 SD)  
Number of extant alleles = 115.69 ( 14.98 SE; 54.00 SD)

Year 68

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 285.08 ( 59.16 SE; 213.29 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 285.08 ( 59.16 SE; 213.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.977 ( 0.005 SE; 0.018 SD)  
Observed heterozygosity = 0.987 ( 0.003 SE; 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 108.85 ( 14.46 SE; 52.15 SD)

Year 69



N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 251.54 ( 47.66 SE; 171.85 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 251.54 ( 47.66 SE; 171.85 SD)  
Expected heterozygosity = 0.977 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.990 ( 0.002 SE; 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 103.54 ( 13.64 SE; 49.17 SD)

Year 70

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 246.00 ( 41.29 SE; 148.88 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 246.00 ( 41.29 SE; 148.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.977 ( 0.004 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.988 ( 0.003 SE; 0.009 SD)  
Number of extant alleles = 101.08 ( 13.34 SE; 48.10 SD)

Year 71

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 195.69 ( 33.88 SE; 122.17 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 195.69 ( 33.88 SE; 122.17 SD)  
Expected heterozygosity = 0.975 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.987 ( 0.002 SE; 0.009 SD)  
Number of extant alleles = 91.54 ( 11.99 SE; 43.22 SD)

Year 72

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 185.54 ( 35.09 SE; 126.52 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 185.54 ( 35.09 SE; 126.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.973 ( 0.005 SE; 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.002 SE; 0.008 SD)  
Number of extant alleles = 85.54 ( 11.19 SE; 40.36 SD)

Year 73

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 179.08 ( 34.03 SE; 122.69 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 179.08 ( 34.03 SE; 122.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.971 ( 0.005 SE; 0.019 SD)  
Observed heterozygosity = 0.988 ( 0.003 SE; 0.011 SD)  
Number of extant alleles = 81.00 ( 10.51 SE; 37.91 SD)

Year 74

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 181.08 ( 36.59 SE; 131.93 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 181.08 ( 36.59 SE; 131.93 SD)  
Expected heterozygosity = 0.969 ( 0.006 SE; 0.022 SD)  
Observed heterozygosity = 0.986 ( 0.003 SE; 0.011 SD)  
Number of extant alleles = 77.08 ( 10.41 SE; 37.54 SD)

Year 75

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 164.92 ( 30.31 SE; 109.28 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 164.92 ( 30.31 SE; 109.28 SD)  
Expected heterozygosity = 0.967 ( 0.006 SE; 0.023 SD)  
Observed heterozygosity = 0.984 ( 0.003 SE; 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 74.23 ( 10.53 SE; 37.97 SD)

Year 76

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 175.92 ( 35.49 SE; 127.97 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 175.92 ( 35.49 SE; 127.97 SD)  
Expected heterozygosity = 0.965 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Observed heterozygosity = 0.977 ( 0.005 SE; 0.017 SD)  
Number of extant alleles = 71.31 ( 10.01 SE; 36.11 SD)

Year 77

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000

N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 152.46 ( 25.79 SE; 93.00 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 152.46 ( 25.79 SE; 93.00 SD)  
Expected heterozygosity = 0.964 ( 0.006 SE; 0.023 SD)  
Observed heterozygosity = 0.976 ( 0.006 SE; 0.021 SD)  
Number of extant alleles = 66.00 ( 8.76 SE; 31.58 SD)

Year 78

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 132.69 ( 26.19 SE; 94.43 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 132.69 ( 26.19 SE; 94.43 SD)  
Expected heterozygosity = 0.962 ( 0.006 SE; 0.023 SD)  
Observed heterozygosity = 0.969 ( 0.006 SE; 0.023 SD)  
Number of extant alleles = 61.08 ( 8.44 SE; 30.44 SD)

Year 79

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 124.92 ( 25.69 SE; 92.62 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 124.92 ( 25.69 SE; 92.62 SD)  
Expected heterozygosity = 0.958 ( 0.007 SE; 0.026 SD)  
Observed heterozygosity = 0.966 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Number of extant alleles = 57.15 ( 7.87 SE; 28.38 SD)

Year 80

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 126.23 ( 26.87 SE; 96.88 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 126.23 ( 26.87 SE; 96.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.957 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Observed heterozygosity = 0.965 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Number of extant alleles = 54.00 ( 7.26 SE; 26.18 SD)

Year 81

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 132.31 ( 31.43 SE; 113.31 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 132.31 ( 31.43 SE; 113.31 SD)  
Expected heterozygosity = 0.953 ( 0.008 SE; 0.029 SD)  
Observed heterozygosity = 0.961 ( 0.007 SE; 0.025 SD)  
Number of extant alleles = 52.23 ( 7.29 SE; 26.29 SD)

Year 82

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 120.92 ( 28.96 SE; 104.41 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 120.92 ( 28.96 SE; 104.41 SD)  
Expected heterozygosity = 0.950 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Observed heterozygosity = 0.959 ( 0.008 SE; 0.028 SD)  
Number of extant alleles = 48.46 ( 6.98 SE; 25.18 SD)

Year 83

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 121.69 ( 27.84 SE; 100.39 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 121.69 ( 27.84 SE; 100.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.944 ( 0.011 SE; 0.039 SD)  
Observed heterozygosity = 0.952 ( 0.011 SE; 0.039 SD)  
Number of extant alleles = 46.62 ( 7.19 SE; 25.94 SD)

Year 84

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 114.46 ( 27.78 SE; 100.17 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 114.46 ( 27.78 SE; 100.17 SD)  
Expected heterozygosity = 0.942 ( 0.011 SE; 0.040 SD)  
Observed heterozygosity = 0.961 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Number of extant alleles = 44.54 ( 6.94 SE; 25.04 SD)

Year 85

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000

Mean size (all populations) = 123.00 ( 34.52 SE; 124.47 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 123.00 ( 34.52 SE; 124.47 SD)  
Expected heterozygosity = 0.938 ( 0.012 SE; 0.045 SD)  
Observed heterozygosity = 0.964 ( 0.007 SE; 0.024 SD)  
Number of extant alleles = 42.08 ( 7.02 SE; 25.32 SD)

Year 86  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 116.85 ( 34.04 SE; 122.72 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 116.85 ( 34.04 SE; 122.72 SD)  
Expected heterozygosity = 0.924 ( 0.019 SE; 0.068 SD)  
Observed heterozygosity = 0.956 ( 0.010 SE; 0.036 SD)  
Number of extant alleles = 40.00 ( 7.18 SE; 25.90 SD)

Year 87  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 117.38 ( 31.70 SE; 114.29 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 117.38 ( 31.70 SE; 114.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.923 ( 0.019 SE; 0.068 SD)  
Observed heterozygosity = 0.960 ( 0.009 SE; 0.033 SD)  
Number of extant alleles = 39.00 ( 7.10 SE; 25.61 SD)

Year 88  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 118.08 ( 32.56 SE; 117.39 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 118.08 ( 32.56 SE; 117.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.921 ( 0.019 SE; 0.069 SD)  
Observed heterozygosity = 0.961 ( 0.010 SE; 0.035 SD)  
Number of extant alleles = 37.69 ( 6.87 SE; 24.78 SD)

Year 89  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 115.77 ( 33.91 SE; 122.25 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 115.77 ( 33.91 SE; 122.25 SD)  
Expected heterozygosity = 0.921 ( 0.018 SE; 0.065 SD)  
Observed heterozygosity = 0.970 ( 0.009 SE; 0.034 SD)  
Number of extant alleles = 36.00 ( 6.40 SE; 23.06 SD)

Year 90  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 123.00 ( 32.85 SE; 118.46 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 123.00 ( 32.85 SE; 118.46 SD)  
Expected heterozygosity = 0.920 ( 0.019 SE; 0.067 SD)  
Observed heterozygosity = 0.972 ( 0.010 SE; 0.036 SD)  
Number of extant alleles = 35.38 ( 6.30 SE; 22.71 SD)

Year 91  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 113.69 ( 28.70 SE; 103.49 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 113.69 ( 28.70 SE; 103.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.919 ( 0.017 SE; 0.062 SD)  
Observed heterozygosity = 0.973 ( 0.009 SE; 0.031 SD)  
Number of extant alleles = 34.23 ( 6.29 SE; 22.67 SD)

Year 92  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 109.69 ( 29.34 SE; 105.79 SD)  
Means across extant populations only:  
Population size = 109.69 ( 29.34 SE; 105.79 SD)  
Expected heterozygosity = 0.913 ( 0.019 SE; 0.067 SD)  
Observed heterozygosity = 0.967 ( 0.008 SE; 0.030 SD)  
Number of extant alleles = 33.23 ( 6.15 SE; 22.17 SD)

Year 93  
N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 119.15 ( 37.31 SE; 134.53 SD)



Means across extant populations only:

Population size = 119.15 ( 37.31 SE; 134.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.905 ( 0.021 SE; 0.076 SD)  
Observed heterozygosity = 0.957 ( 0.013 SE; 0.048 SD)  
Number of extant alleles = 32.46 ( 6.11 SE; 22.04 SD)

Year 94

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 122.62 ( 36.97 SE; 133.29 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 122.62 ( 36.97 SE; 133.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.898 ( 0.023 SE; 0.082 SD)  
Observed heterozygosity = 0.960 ( 0.011 SE; 0.041 SD)  
Number of extant alleles = 31.54 ( 6.09 SE; 21.96 SD)

Year 95

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 122.46 ( 33.92 SE; 122.31 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 122.46 ( 33.92 SE; 122.31 SD)  
Expected heterozygosity = 0.889 ( 0.027 SE; 0.097 SD)  
Observed heterozygosity = 0.945 ( 0.017 SE; 0.060 SD)  
Number of extant alleles = 30.31 ( 6.00 SE; 21.64 SD)

Year 96

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 134.08 ( 39.23 SE; 141.44 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 134.08 ( 39.23 SE; 141.44 SD)  
Expected heterozygosity = 0.885 ( 0.027 SE; 0.098 SD)  
Observed heterozygosity = 0.952 ( 0.011 SE; 0.041 SD)  
Number of extant alleles = 29.69 ( 6.00 SE; 21.63 SD)

Year 97

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 130.92 ( 40.69 SE; 146.70 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 130.92 ( 40.69 SE; 146.70 SD)  
Expected heterozygosity = 0.881 ( 0.029 SE; 0.103 SD)  
Observed heterozygosity = 0.948 ( 0.014 SE; 0.052 SD)  
Number of extant alleles = 28.62 ( 5.83 SE; 21.02 SD)

Year 98

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 127.54 ( 39.52 SE; 142.50 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 127.54 ( 39.52 SE; 142.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.872 ( 0.031 SE; 0.113 SD)  
Observed heterozygosity = 0.927 ( 0.019 SE; 0.067 SD)  
Number of extant alleles = 27.85 ( 5.78 SE; 20.83 SD)

Year 99

N[Extinct] = 0, P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13, P[S] = 1.000  
Mean size (all populations) = 115.62 ( 35.74 SE; 128.87 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 115.62 ( 35.74 SE; 128.87 SD)  
Expected heterozygosity = 0.863 ( 0.035 SE; 0.125 SD)  
Observed heterozygosity = 0.906 ( 0.022 SE; 0.080 SD)  
Number of extant alleles = 26.77 ( 5.80 SE; 20.90 SD)

Year 100

N[Extinct] = 1, P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12, P[S] = 0.923  
Mean size (all populations) = 115.15 ( 34.25 SE; 123.49 SD)

Means across extant populations only:

Population size = 124.58 ( 35.79 SE; 123.99 SD)  
Expected heterozygosity = 0.864 ( 0.044 SE; 0.151 SD)  
Observed heterozygosity = 0.911 ( 0.031 SE; 0.107 SD)  
Number of extant alleles = 27.67 ( 5.84 SE; 20.24 SD)

In 13 simulations of Metapopulation for 100 years:

1 went extinct and 12 survived.

This gives a probability of extinction of 0.0769 (0.0739 SE),





or a probability of success of 0.9231 (0.0739 SE).

1 simulations went extinct at least once.  
Of those going extinct,  
mean time to first extinction was 100.00 years (0.00 SE, 0.00 SD).

Means across all populations (extant and extinct) ...  
Mean final population was 115.15 (34.25 SE; 123.49 SD)

Age	1	2	Adults	Total	
	6.00	2.15	24.54	32.69	Males
	15.31	5.69	61.46	82.46	Females

Means across extant populations only ...  
Mean final population for successful cases was 124.58 (35.79 SE, 123.99 SD)

Age	1	2	Adults	Total	
	6.50	2.33	26.58	35.42	Males
	16.58	6.17	66.58	89.33	Females

During years of harvest and/or supplementation  
mean growth rate (r) was 1.2035 (0.0113 SE, 0.1635 SD, mean n = 16.0 years)

During years without harvest or supplementation,  
mean growth rate (r) was -0.0422 (0.0061 SE; 0.2012 SD)

Across all years, prior to carrying capacity truncation,  
mean growth rate (r) was 0.1572 (0.0138 SE; 0.4971 SD)

Final expected heterozygosity was 0.8638 ( 0.0435 SE; 0.1508 SD)  
Final observed heterozygosity was 0.9111 ( 0.0310 SE; 0.1072 SD)  
Final number of alleles was 27.67 ( 5.84 SE; 20.24 SD)

\*\*\*\*\*

Within-population: \*\*\*\*\* Within-population Means \*\*\*\*\*

\*\*\*\*\* Note: Means are unweighted averages across populations.  
\*\*\*\*\* SDs are means of the individual SDs of the populations.  
\*\*\*\*\* Times to extinction, recolonization, and reextinction are averaged  
\*\*\*\*\* across only those populations that had some extinctions.

Year 1  
N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 360.19 ( 93.22 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 360.19 ( 93.22 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 629.85 ( 84.05 SD)

Year 2  
N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 342.35 ( 105.69 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 342.35 ( 105.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 530.69 ( 102.77 SD)

Year 3  
N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 333.19 ( 99.53 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 333.19 ( 99.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 484.08 ( 94.99 SD)

Year 4  
N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 327.27 ( 121.63 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:

Population size = 327.27 ( 121.63 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 448.62 ( 114.99 SD)

Year 5

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 410.27 ( 72.87 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 410.27 ( 72.87 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 700.46 ( 86.75 SD)

Year 6

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 367.65 ( 84.40 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 367.65 ( 84.40 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 611.15 ( 100.61 SD)

Year 7

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 420.81 ( 74.39 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 420.81 ( 74.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 712.19 ( 72.33 SD)

Year 8

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 363.38 ( 83.36 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 363.38 ( 83.36 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 617.27 ( 94.27 SD)

Year 9

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 427.15 ( 63.65 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 427.15 ( 63.65 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 712.42 ( 54.76 SD)

Year 10

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 407.81 ( 66.01 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 407.81 ( 66.01 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 661.69 ( 85.49 SD)

Year 11

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 409.54 ( 57.64 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 409.54 ( 57.64 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 704.46 ( 54.33 SD)



Year 12

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 377.58 ( 86.65 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 377.58 ( 86.65 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 607.77 ( 81.66 SD)

Year 13

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 421.88 ( 68.80 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 421.88 ( 68.80 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 713.35 ( 73.48 SD)

Year 14

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 401.58 ( 88.73 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 401.58 ( 88.73 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 639.62 ( 93.98 SD)

Year 15

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 421.27 ( 60.61 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 421.27 ( 60.61 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 709.19 ( 59.83 SD)

Year 16

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 381.35 ( 75.03 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 381.35 ( 75.03 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 621.27 ( 88.55 SD)

Year 17

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 399.00 ( 59.84 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 399.00 ( 59.84 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 697.88 ( 57.38 SD)

Year 18

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 375.12 ( 75.64 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 375.12 ( 75.64 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 625.42 ( 86.90 SD)

Year 19

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000

Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 403.04 ( 63.62 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 403.04 ( 63.62 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 708.23 ( 60.73 SD)

Year 20

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 405.27 ( 70.45 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 405.27 ( 70.45 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 647.92 ( 83.30 SD)

Year 21

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 429.50 ( 70.17 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 429.50 ( 70.17 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 719.65 ( 64.44 SD)

Year 22

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 394.58 ( 77.45 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 394.58 ( 77.45 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 659.88 ( 90.32 SD)

Year 23

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 425.65 ( 57.88 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 425.65 ( 57.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.000 SD)  
Number of extant alleles = 714.23 ( 57.29 SD)

Year 24

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 390.42 ( 68.21 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 390.42 ( 68.21 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 640.42 ( 75.50 SD)

Year 25

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 422.15 ( 72.82 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 422.15 ( 72.82 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 718.27 ( 59.04 SD)

Year 26

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 385.58 ( 86.30 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 385.58 ( 86.30 SD)

Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 627.50 ( 84.47 SD)

Year 27

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 408.19 ( 71.63 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 408.19 ( 71.63 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 704.38 ( 70.95 SD)

Year 28

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 381.85 ( 79.64 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 381.85 ( 79.64 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 631.15 ( 95.18 SD)

Year 29

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 431.42 ( 70.53 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 431.42 ( 70.53 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 702.69 ( 56.93 SD)

Year 30

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 386.15 ( 79.91 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 386.15 ( 79.91 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 1.000 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 616.31 ( 84.12 SD)

Year 31

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 427.85 ( 49.09 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 427.85 ( 49.09 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 710.00 ( 45.70 SD)

Year 32

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 400.81 ( 66.30 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 400.81 ( 66.30 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 663.31 ( 77.86 SD)

Year 33

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 429.58 ( 61.24 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 429.58 ( 61.24 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 719.31 ( 65.83 SD)

Year 34

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 394.85 ( 69.54 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 394.85 ( 69.54 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 641.50 ( 82.79 SD)

Year 35

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 426.15 ( 65.35 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 426.15 ( 65.35 SD)  
Expected heterozygosity = 0.998 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 698.73 ( 56.22 SD)

Year 36

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 383.77 ( 70.08 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 383.77 ( 70.08 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 604.88 ( 57.94 SD)

Year 37

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 361.38 ( 75.88 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 361.38 ( 75.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.001 SD)  
Number of extant alleles = 550.85 ( 74.83 SD)

Year 38

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 362.42 ( 82.50 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 362.42 ( 82.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.000 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 502.69 ( 70.01 SD)

Year 39

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 368.23 ( 95.45 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 368.23 ( 95.45 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 483.31 ( 76.96 SD)

Year 40

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 337.54 ( 91.88 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 337.54 ( 91.88 SD)  
Expected heterozygosity = 0.997 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 449.81 ( 89.73 SD)

Year 41

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)

Population size (all populations) = 357.46 ( 100.73 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 357.46 ( 100.73 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 424.23 ( 87.19 SD)

Year 42

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 321.50 ( 81.47 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 321.50 ( 81.47 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 393.38 ( 79.99 SD)

Year 43

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 301.15 ( 71.55 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 301.15 ( 71.55 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 351.23 ( 52.41 SD)

Year 44

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 290.23 ( 72.69 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 290.23 ( 72.69 SD)  
Expected heterozygosity = 0.996 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 330.77 ( 47.24 SD)

Year 45

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 254.00 ( 79.73 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 254.00 ( 79.73 SD)  
Expected heterozygosity = 0.995 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 276.50 ( 43.50 SD)

Year 46

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 253.23 ( 82.52 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 253.23 ( 82.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.994 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 261.19 ( 41.44 SD)

Year 47

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 233.12 ( 77.01 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 233.12 ( 77.01 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 232.00 ( 37.07 SD)

Year 48

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 231.77 ( 81.42 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 231.77 ( 81.42 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.001 SD)





Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.002 SD)  
Number of extant alleles = 227.65 ( 41.73 SD)

Year 49

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 226.88 ( 78.24 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 226.88 ( 78.24 SD)  
Expected heterozygosity = 0.993 ( 0.001 SD)  
Observed heterozygosity = 0.999 ( 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 220.19 ( 44.07 SD)

Year 50

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 218.12 ( 80.86 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 218.12 ( 80.86 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.998 ( 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 203.65 ( 42.05 SD)

Year 51

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 226.04 ( 98.34 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 226.04 ( 98.34 SD)  
Expected heterozygosity = 0.992 ( 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 192.42 ( 38.60 SD)

Year 52

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 222.08 ( 101.35 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 222.08 ( 101.35 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.003 SD)  
Number of extant alleles = 186.12 ( 42.99 SD)

Year 53

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 210.15 ( 110.95 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 210.15 ( 110.95 SD)  
Expected heterozygosity = 0.991 ( 0.002 SD)  
Observed heterozygosity = 0.997 ( 0.004 SD)  
Number of extant alleles = 173.50 ( 48.76 SD)

Year 54

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 219.65 ( 126.29 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 219.65 ( 126.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.990 ( 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 168.81 ( 51.91 SD)

Year 55

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 204.46 ( 117.90 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 204.46 ( 117.90 SD)  
Expected heterozygosity = 0.989 ( 0.003 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 157.38 ( 50.85 SD)

Year 56

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 210.54 ( 129.66 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 210.54 ( 129.66 SD)  
Expected heterozygosity = 0.988 ( 0.004 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 149.19 ( 53.90 SD)

Year 57

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 200.62 ( 128.52 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 200.62 ( 128.52 SD)  
Expected heterozygosity = 0.987 ( 0.005 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 140.69 ( 53.96 SD)

Year 58

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 199.92 ( 134.22 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 199.92 ( 134.22 SD)  
Expected heterozygosity = 0.985 ( 0.009 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 134.50 ( 54.09 SD)

Year 59

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 201.12 ( 147.34 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 201.12 ( 147.34 SD)  
Expected heterozygosity = 0.984 ( 0.010 SD)  
Observed heterozygosity = 0.996 ( 0.005 SD)  
Number of extant alleles = 127.08 ( 54.48 SD)

Year 60

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 202.96 ( 158.24 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 202.96 ( 158.24 SD)  
Expected heterozygosity = 0.982 ( 0.015 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 122.92 ( 55.25 SD)

Year 61

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 208.31 ( 170.04 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 208.31 ( 170.04 SD)  
Expected heterozygosity = 0.981 ( 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.995 ( 0.006 SD)  
Number of extant alleles = 118.58 ( 58.10 SD)

Year 62

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 192.27 ( 147.29 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 192.27 ( 147.29 SD)  
Expected heterozygosity = 0.980 ( 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 115.00 ( 57.04 SD)

Year 63

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 157.08 ( 120.65 SD)

Mean across populations that survived some simulations:

Population size = 157.08 ( 120.65 SD)  
Expected heterozygosity = 0.978 ( 0.018 SD)  
Observed heterozygosity = 0.994 ( 0.007 SD)  
Number of extant alleles = 105.23 ( 54.12 SD)

Year 64

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 156.23 ( 129.84 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 156.23 ( 129.84 SD)  
Expected heterozygosity = 0.978 ( 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.993 ( 0.009 SD)  
Number of extant alleles = 99.65 ( 51.93 SD)

Year 65

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 161.69 ( 138.78 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 161.69 ( 138.78 SD)  
Expected heterozygosity = 0.977 ( 0.016 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.009 SD)  
Number of extant alleles = 94.85 ( 49.66 SD)

Year 66

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 158.50 ( 140.78 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 158.50 ( 140.78 SD)  
Expected heterozygosity = 0.975 ( 0.017 SD)  
Observed heterozygosity = 0.991 ( 0.011 SD)  
Number of extant alleles = 90.88 ( 48.47 SD)

Year 67

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 152.81 ( 114.11 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 152.81 ( 114.11 SD)  
Expected heterozygosity = 0.975 ( 0.018 SD)  
Observed heterozygosity = 0.989 ( 0.014 SD)  
Number of extant alleles = 89.00 ( 46.13 SD)

Year 68

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 142.54 ( 111.06 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 142.54 ( 111.06 SD)  
Expected heterozygosity = 0.972 ( 0.021 SD)  
Observed heterozygosity = 0.987 ( 0.016 SD)  
Number of extant alleles = 84.38 ( 44.55 SD)

Year 69

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 125.77 ( 91.13 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 125.77 ( 91.13 SD)  
Expected heterozygosity = 0.970 ( 0.022 SD)  
Observed heterozygosity = 0.989 ( 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 79.50 ( 41.41 SD)

Year 70

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 123.00 ( 78.58 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 123.00 ( 78.58 SD)  
Expected heterozygosity = 0.971 ( 0.020 SD)  
Observed heterozygosity = 0.987 ( 0.016 SD)

Number of extant alleles = 78.00 ( 40.50 SD)

Year 71

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 97.85 ( 63.56 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 97.85 ( 63.56 SD)  
Expected heterozygosity = 0.969 ( 0.020 SD)  
Observed heterozygosity = 0.986 ( 0.016 SD)  
Number of extant alleles = 69.23 ( 37.17 SD)

Year 72

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 92.77 ( 66.04 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 96.25 ( 65.49 SD)  
Expected heterozygosity = 0.967 ( 0.022 SD)  
Observed heterozygosity = 0.990 ( 0.012 SD)  
Number of extant alleles = 65.27 ( 33.35 SD)

Year 73

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 89.54 ( 65.70 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 92.57 ( 64.62 SD)  
Expected heterozygosity = 0.966 ( 0.023 SD)  
Observed heterozygosity = 0.988 ( 0.015 SD)  
Number of extant alleles = 61.62 ( 30.32 SD)

Year 74

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 90.54 ( 68.20 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 93.68 ( 67.35 SD)  
Expected heterozygosity = 0.962 ( 0.027 SD)  
Observed heterozygosity = 0.986 ( 0.017 SD)  
Number of extant alleles = 58.60 ( 30.04 SD)

Year 75

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 82.46 ( 57.63 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 85.62 ( 56.43 SD)  
Expected heterozygosity = 0.959 ( 0.031 SD)  
Observed heterozygosity = 0.984 ( 0.020 SD)  
Number of extant alleles = 57.94 ( 30.80 SD)

Year 76

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 87.96 ( 67.68 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 91.36 ( 66.93 SD)  
Expected heterozygosity = 0.958 ( 0.033 SD)  
Observed heterozygosity = 0.977 ( 0.023 SD)  
Number of extant alleles = 56.28 ( 29.59 SD)

Year 77

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000  
N[Surviving] = 13.00; P[S] = 1.000  
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 76.23 ( 47.84 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 76.23 ( 47.84 SD)  
Expected heterozygosity = 0.956 ( 0.029 SD)  
Observed heterozygosity = 0.978 ( 0.029 SD)  
Number of extant alleles = 50.27 ( 25.91 SD)

Year 78

N[Extinct] = 0.00; P[E] = 0.000

$N[\text{Surviving}] = 13.00; P[S] = 1.000$   
Number of extant subpopulations = 2.00 ( 0.00 SD)  
Population size (all populations) = 66.35 ( 49.67 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 66.35 ( 49.67 SD)  
Expected heterozygosity = 0.951 ( 0.030 SD)  
Observed heterozygosity = 0.969 ( 0.031 SD)  
Number of extant alleles = 45.23 ( 24.93 SD)

Year 79

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 62.46 ( 49.20 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 64.93 ( 49.01 SD)  
Expected heterozygosity = 0.949 ( 0.030 SD)  
Observed heterozygosity = 0.962 ( 0.038 SD)  
Number of extant alleles = 42.76 ( 22.30 SD)

Year 80

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 63.12 ( 50.72 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 65.43 ( 50.41 SD)  
Expected heterozygosity = 0.947 ( 0.030 SD)  
Observed heterozygosity = 0.963 ( 0.030 SD)  
Number of extant alleles = 41.29 ( 20.94 SD)

Year 81

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 66.15 ( 57.65 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 68.80 ( 57.54 SD)  
Expected heterozygosity = 0.945 ( 0.031 SD)  
Observed heterozygosity = 0.959 ( 0.035 SD)  
Number of extant alleles = 40.30 ( 21.16 SD)

Year 82

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 60.46 ( 53.63 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 62.85 ( 53.50 SD)  
Expected heterozygosity = 0.943 ( 0.033 SD)  
Observed heterozygosity = 0.959 ( 0.037 SD)  
Number of extant alleles = 38.20 ( 20.46 SD)

Year 83

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 60.85 ( 52.74 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 63.32 ( 52.48 SD)  
Expected heterozygosity = 0.937 ( 0.042 SD)  
Observed heterozygosity = 0.950 ( 0.051 SD)  
Number of extant alleles = 36.63 ( 20.96 SD)

Year 84

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 57.23 ( 51.71 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 59.53 ( 51.68 SD)  
Expected heterozygosity = 0.933 ( 0.048 SD)  
Observed heterozygosity = 0.958 ( 0.041 SD)  
Number of extant alleles = 35.19 ( 20.30 SD)

Year 85

$N[\text{Extinct}] = 0.50; P[E] = 0.038$   
 $N[\text{Surviving}] = 12.50; P[S] = 0.962$   
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 61.50 ( 64.33 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:

Population size = 64.16 ( 64.75 SD)  
Expected heterozygosity = 0.926 ( 0.054 SD)  
Observed heterozygosity = 0.963 ( 0.033 SD)  
Number of extant alleles = 33.10 ( 20.92 SD)

Year 86

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 58.42 ( 64.45 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 63.13 ( 64.94 SD)  
Expected heterozygosity = 0.924 ( 0.060 SD)  
Observed heterozygosity = 0.957 ( 0.061 SD)  
Number of extant alleles = 33.17 ( 20.92 SD)

Year 87

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 58.69 ( 59.71 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 63.42 ( 59.75 SD)  
Expected heterozygosity = 0.920 ( 0.063 SD)  
Observed heterozygosity = 0.961 ( 0.046 SD)  
Number of extant alleles = 32.50 ( 21.16 SD)

Year 88

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 59.04 ( 60.97 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 63.79 ( 61.05 SD)  
Expected heterozygosity = 0.920 ( 0.059 SD)  
Observed heterozygosity = 0.966 ( 0.037 SD)  
Number of extant alleles = 31.25 ( 21.08 SD)

Year 89

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 57.88 ( 63.15 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 62.54 ( 63.48 SD)  
Expected heterozygosity = 0.918 ( 0.057 SD)  
Observed heterozygosity = 0.972 ( 0.043 SD)  
Number of extant alleles = 29.71 ( 18.57 SD)

Year 90

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 61.50 ( 62.61 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 66.50 ( 62.54 SD)  
Expected heterozygosity = 0.917 ( 0.061 SD)  
Observed heterozygosity = 0.969 ( 0.042 SD)  
Number of extant alleles = 30.00 ( 18.51 SD)

Year 91

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 56.85 ( 53.20 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 61.42 ( 52.81 SD)  
Expected heterozygosity = 0.913 ( 0.064 SD)  
Observed heterozygosity = 0.969 ( 0.043 SD)  
Number of extant alleles = 29.25 ( 18.98 SD)

Year 92

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 54.85 ( 53.58 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 59.29 ( 53.40 SD)  
Expected heterozygosity = 0.906 ( 0.072 SD)  
Observed heterozygosity = 0.966 ( 0.037 SD)  
Number of extant alleles = 27.83 ( 17.85 SD)

Year 93

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 59.58 ( 68.45 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 64.46 ( 69.09 SD)  
Expected heterozygosity = 0.903 ( 0.075 SD)  
Observed heterozygosity = 0.953 ( 0.064 SD)  
Number of extant alleles = 27.50 ( 17.77 SD)

Year 94

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 61.31 ( 67.99 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 64.03 ( 68.48 SD)  
Expected heterozygosity = 0.890 ( 0.086 SD)  
Observed heterozygosity = 0.958 ( 0.055 SD)  
Number of extant alleles = 26.21 ( 18.48 SD)

Year 95

N[Extinct] = 0.50; P[E] = 0.038  
N[Surviving] = 12.50; P[S] = 0.962  
Number of extant subpopulations = 1.92 ( 0.28 SD)  
Population size (all populations) = 61.23 ( 63.32 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 63.66 ( 63.58 SD)  
Expected heterozygosity = 0.886 ( 0.102 SD)  
Observed heterozygosity = 0.946 ( 0.060 SD)  
Number of extant alleles = 25.53 ( 17.83 SD)

Year 96

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 67.04 ( 72.27 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 73.53 ( 73.39 SD)  
Expected heterozygosity = 0.889 ( 0.096 SD)  
Observed heterozygosity = 0.957 ( 0.046 SD)  
Number of extant alleles = 26.66 ( 18.56 SD)

Year 97

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 65.46 ( 74.47 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 71.63 ( 75.77 SD)  
Expected heterozygosity = 0.881 ( 0.111 SD)  
Observed heterozygosity = 0.951 ( 0.053 SD)  
Number of extant alleles = 25.87 ( 18.20 SD)

Year 98

N[Extinct] = 1.00; P[E] = 0.077  
N[Surviving] = 12.00; P[S] = 0.923  
Number of extant subpopulations = 1.85 ( 0.38 SD)  
Population size (all populations) = 63.77 ( 72.15 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 69.35 ( 73.37 SD)  
Expected heterozygosity = 0.875 ( 0.121 SD)  
Observed heterozygosity = 0.939 ( 0.069 SD)  
Number of extant alleles = 25.75 ( 18.62 SD)

Year 99

N[Extinct] = 1.50; P[E] = 0.115  
N[Surviving] = 11.50; P[S] = 0.885  
Number of extant subpopulations = 1.77 ( 0.44 SD)  
Population size (all populations) = 57.81 ( 65.46 SD)  
Mean across populations that survived some simulations:  
Population size = 65.30 ( 66.45 SD)  
Expected heterozygosity = 0.871 ( 0.134 SD)  
Observed heterozygosity = 0.912 ( 0.088 SD)  
Number of extant alleles = 25.31 ( 17.76 SD)

Year 100

N[Extinct] = 2.00; P[E] = 0.154  
N[Surviving] = 11.00; P[S] = 0.846





Number of extant subpopulations = 1.69 ( 0.63 SD)  
 Population size (all populations) = 57.58 ( 64.78 SD)  
 Mean across populations that survived some simulations:  
 Population size = 67.91 ( 65.36 SD)  
 Expected heterozygosity = 0.880 ( 0.116 SD)  
 Observed heterozygosity = 0.929 ( 0.084 SD)  
 Number of extant alleles = 25.23 ( 17.16 SD)

In 13 simulations of 100 years of 2 populations:  
 a mean of 2.00 populations went extinct and 11.00 survived.

This gives a probability of extinction of 0.1538  
 or a probability of success of 0.8462

A total of 4 population-simulations went extinct at least once.  
 Of those going extinct,  
 mean time to first extinction was 88.50 years (13.44 SD).

2 recolonizations occurred.  
 Mean time to recolonization was 6.50 years (0.00 SD).

2 re-extinctions occurred.  
 Mean time to re-extinction was 3.50 years (0.00 SD).

During years of harvest and/or supplementation  
 mean growth rate (r) was 1.6238 (0.1642 SD)

During years without harvest or supplementation  
 mean growth rate (r) was -0.0506 (0.2363 SD)

Across all years, prior to carrying capacity truncation,  
 mean growth rate (r) was 0.0998 (0.4561 SD)  
 \*\*\*\*\*

Genetic distances among populations, calculated from 1 loci  
 mean D below diagonal, mean I above diagonal, mean G on diagonal

	Población1	Población2	Metapopulation
Población1	0.89274	0.75840	0.94017
Población2	0.29948	0.86691	0.93921
Metapopulation	0.06300	0.06396	0.86376

Standard deviations across iterations  
 D below diagonal, I above diagonal, G on diagonal

	Población1	Población2	Metapopulation
Población1	0.08640	0.14613	0.04944
Población2	0.24494	0.14470	0.04822
Metapopulation	0.05402	0.05275	0.15079

Sample sizes. Note: if n(D) < n(I), then some Ds were infinite and not tallied.  
 n(D) below diagonal, n(I) above diagonal, n(G) on diagonal

	Población1	Población2	Metapopulation
Población1	11	10	11
Población2	10	11	11
Metapopulation	11	11	12