

СТАТИСТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ТАКСОНОМИЧЕСКОГО СОСТАВА МАЛАКОФАУНЫ Р. БОЛЬШОЙ КИНЕЛЬ И ФАКТОРОВ, ЕГО ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ

© 2015 Р.А. Михайлов

Институт экологии Волжского бассейна РАН, г. Тольятти

Статья поступила в редакцию 26.03.2015

Приведены результаты анализа структуры малакофауны реки Большой Кинель. При помощи статистических эстиматоров оценено количество «скрытых» видов. Определено необходимое минимальное выборочное усилие с применением экстраполяции для выявления предположительно полного видового богатства водоема. Иерархическую структуру таксоценоза изученного участка реки можно охарактеризовать как выровненную и близкую по вертикальной архитектонике, наряду с высокой степенью вариабельности. Определяющими факторами развития и распределения моллюсков являются скорость течения, прозрачность и температура воды.

Ключевые слова: пресноводные моллюски, река Большой Кинель, структура сообщества

Работа выполнена при финансовой поддержке Программы фундаментальных исследований Президиума РАН «Особенности экологии и динамики чужеродных видов гидробионтов (зоопланктон, зообентос, рыбы, паразиты рыб) в водоемах Средней и Нижней Волги» и «Влияние чужеродных видов на динамику и функционирование биоразнообразия».

ВВЕДЕНИЕ

Изучение моллюсков континентальных водоемов имеет большое теоретическое и практическое значение. Пресноводные моллюски - значимый объект гидробиологических исследований [12]. Двустворчатые моллюски в водоемах выступают как природные биофильтры, очищающие воду от находящихся в ней во взвешенном состоянии веществ. Кроме того, они характеризуются относительно малой подвижностью и поэтому являются прекрасными индикаторами и условий в конкретном местообитании, и уровня антропогенного воздействия [1, 11].

Статистические методы оценки находят самое разнообразное применение в малакологии. Наиболее часто и эффективно они применяются при изучении систематики и экологии моллюсков [3]. Применение математического инструмента обеспечивает лучшую идентификацию свойств исследуемых объектов, обнаружить неочевидные закономерности структуры и динамики, оценить влияние факторов окружающей среды в их формировании [2].

За последние десятилетия на территории Самарской области проведены обширные работы по изучению макрозообентоса малых и средних рек [4, 6 и др.]. Однако, специальных исследований по изучению разнообразия моллюсков в этих водоемах не проводились.

Данные по таксономическому составу и экологический анализ моллюсков реки опубликованы Михайлов Роман Анатольевич, младший научный сотрудник лаборатории популяционной экологии.
E-mail: roman_mihaylov_1987@mail.ru

кованы нами ранее [8]. Цель настоящей работы – провести статистический анализ показателей качественного состава и количественного развития малакофауны водотока и выявить наиболее значимые для нее факторы.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Большой Кинель - правобережный приток р. Самара, в которую впадает на 52 км от устья. Длина реки 440 км, по Самарской области протекает 235 км [7]. Сбор моллюсков на реке проводили на 6 станциях в июле 2012 г (рис. 1). Материал был собран в различных экологических условиях среднего и нижнего течения реки. Сбор осуществлялся согласно общепринятым гидробиологическим методикам. Материал фиксировали 96% спиртом [1, 5].

Полноту выявленного видового разнообразия от выборочного усилия оценивали с использова-



Рис. 1. Карта-схема района исследований (Самарская область):

проб. 1 – г. Похвистнево, 2 – с. Подбельск, 3 – с. Кинель-Черкассы, 4 – г. Отрадный, 5 – с. Преображенка, 6 – п. Усть-Кинельский (микрорайон Советы); | – граница разделения реки на среднее и нижнее течение.

нием непараметрических методов интерполяции Колуэлла-Мао и экстраполяции алгоритма Chao2 [14, 17, 18]. Расчет непараметрических методов проведен в пакете программ Estimates 9.0 [16].

Для оценки видового разнообразия таксоцены пресноводных моллюсков применяли индекс средней таксономической отличительности (Δ^+), рассчитанный на основе матрицы исходной численности моллюсков, и индекс варибельности таксономической отличительности (Λ^+) [10, 22]. Расчет параметров проведен с применением алгоритмов статистического анализа пакета PRIMER 5.0 [15].

Многомерную ординацию сообщества моллюсков в градиенте экологических факторов среды проводили с помощью канонического анализа соответствий (ССА). Статистическая переменная «тип грунта» не имеющая количественных показателей оценивали по методике, предложенной нами ранее [9]. Расчеты канонического анализа проведены в программе Canoco 4.5 [19].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЯ

По результатам исследования р. Б. Кинель видовой состав моллюсков на территории Самарской области насчитывает 45 таксонов. Из которых 19 (42%) относятся к классу брюхоногих моллюсков (Gastropoda) и 26 (58%) к классу двустворчатых (Bivalvia) [8]. Таксономическое богатство на различных станциях главным образом формируется представителями 3 семейств: Lymnaeidae (до 32%), Unionidae (до 33%), Euglesidae (до 23%) (рис. 2). В меньшей степени представителями сем. Sphaeriidae (до 16%) и Pisidiidae (до 14%).

В целом число видов на ритрале (31) и потамали (34) реки нивелируется. Это, вероятнее всего, связано со схожими абиотическими и биотическими условиями. Гомогенность факторов на различных участках реки связана с высоким уровнем антропогенного воздействия,

изменившим гидрологические, гидрофизические и др. условия на изучаемом участке реки, по сравнению с водотоками, где антропогенная нагрузка менее выражена [21]. Разницы в числе реофильных и лимнофильных видов, на участках реки различными гидрологическими условиями не обнаружено. Антропогенное воздействие на водоток привело к образованию множества зон рефугиумов [20], где могут сохраняться виды, требовательные к определенным условиям.

Для выявления предположительно истинного разнообразия сообщества была построена эмпирическая кривая разряжения видов (Колуэлла-Мао) в зависимости от количества собранных проб. Для оценки числа «скрытых» видов была построена кумулятивная (экстраполируемая) кривая с применением эстиматора сбалансированного алгоритма Chao2 [13]. В целях выявления необходимого минимального выборочного усилия при получении максимального видового богатства, число проб было увеличено методом экстраполяции до 30 (именно при этом выборочном усилии число видов практически перестает расти).

Всего в реке нами было встречено 45 видов, что ниже оптимистической кривой алгоритма Chao2 (рис. 3). По результатам анализа можно предположить, что число обнаруженных таксонов, с учетом найденных редких (20), в реке остается значительным и составляет около 20 видов. Таким образом, проведенное нами выборочное усилие для выявления максимально полного таксономического состава пресноводных моллюсков в реке оказалось недостаточным. По результатам экстраполяции кривой разряжения минимальное необходимое выборочное усилие, для получения максимального видового богатства, должно составлять не менее 12 проб. При дальнейшем увеличении числа проб значительного расширения таксономического состава в ходе последующих исследований ожидать не следует.

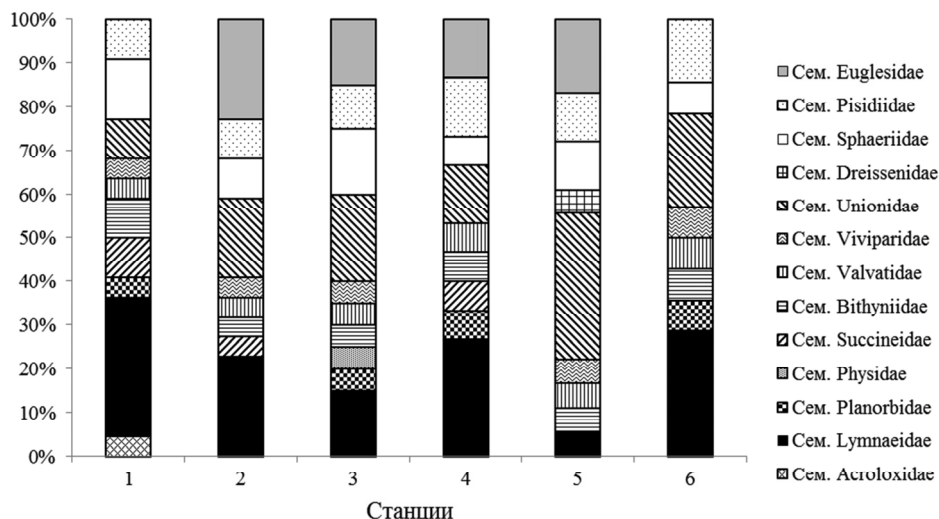


Рис. 2. Соотношение семейств моллюсков на различных станциях р. Б. Кинель

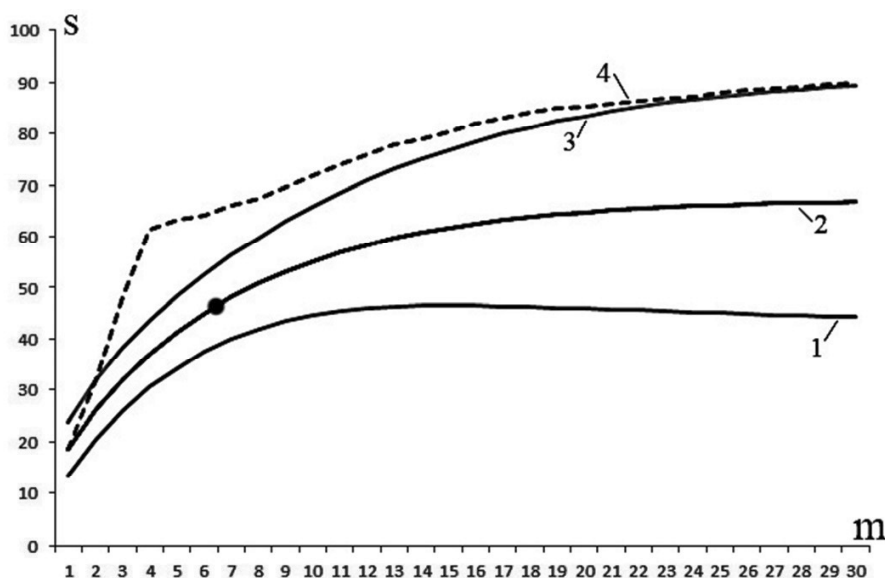


Рис. 3. Экстраполируемые кривые видового богатства малакофауны р. Б. Кинель: 1 – разрежение Колуэлла-Мао 95% min, 2 – разрежение Колуэлла-Мао, 3 – разрежение Колуэлла-Мао 95% max, 4 - алгоритм Chao2. S – число видов, m – выборочное усилие, ● – эмпирическое выборочное усилие

Наибольшим иерархическим разнообразием отличалась станция 4 ($\Delta^+ = 69.86$) расположенная в нижнем течении реки, отличающаяся большим числом моновидовых ветвей (рис. 4а). Минимальное значение таксономического разнообразия имеет станция 5 ($\Delta^+ = 65.90$) также расположенная в нижнем течении, однако, имеющая меньшее число моновидовых ветвей. Наиболее близко к средне ожидаемым значениям расположена станция 3 ($\Delta^+ = 68.13$). Все станции имеют схожие иерархические деревья и их значения не выходят за рамки вероятностной воронки. Станции 1 и 2 характеризуются видовым богатством выше среднего и расположены за пределами переднего края вероятностной воронки. Индекса вариации среднего таксономического разнообразия (Λ^+), имеет похожие (зеркальные) значения (рис. 4б). В интервал 95% доверительной воронки входят все исследуемые станции. Таким образом, по результатам таксономического разнообразия изученный участок реки можно охарактеризовать как иерархически выровненный и близкий по вертикальной архитектонике, наряду с высокой степенью variability.

Результаты канонического анализа соответствий (ССА) демонстрируют значимую связь (58%) представленных канонических осей, между видами и градиентами факторов (рис. 5). На первой оси была значительная нагрузка градиента дискриминанта между изучаемыми видами (0.44). Вторая ось имела меньшее значение в градиенте дискриминанта (0.26). Третья и четвертая оси также имели не высокие показатели корреляции 0.22 и 0.16, соответственно. Первая ось ординации, положительно коррелировала с типом грунта ($r = 0.67$), шириной участка реки ($r = 0.61$), температурой ($r = 0.60$) и глубиной участка реки ($r = 0.47$). Вторая ось положительно коррелировала с переменной скорость течения ($r = 0.26$).

Высокая изменчивость направления векторов свидетельствует о значительных взаимосвязях градиентов среди исследованных факторов. Все используемые нами экологические переменные имеют схожую длину вектора, что говорит о равномерной значимости этих факторов для формирования малакофауны.

Большая часть малакоценоза реки расположена на одной стороне ординации, где находятся

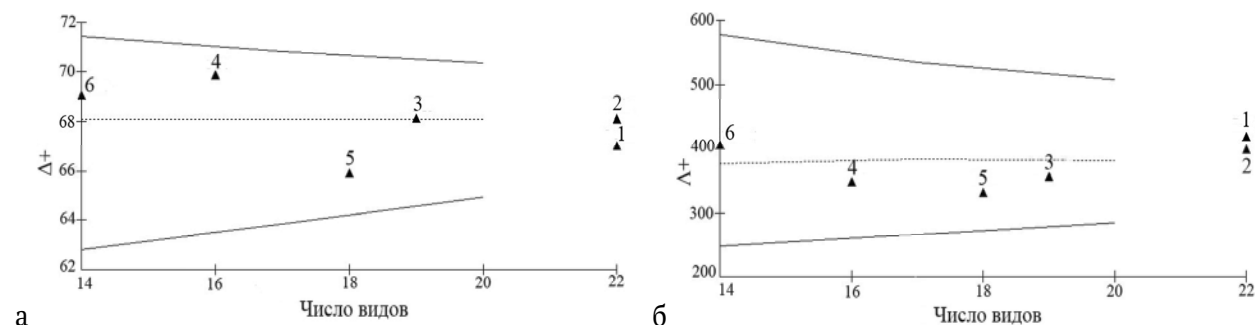


Рис. 4. Вероятностная воронка (95%) для значений Δ^+ (а) и Λ^+ (б), на основе списка видов. Пунктирная линия показывает ожидаемое среднее таксономическое разнообразие

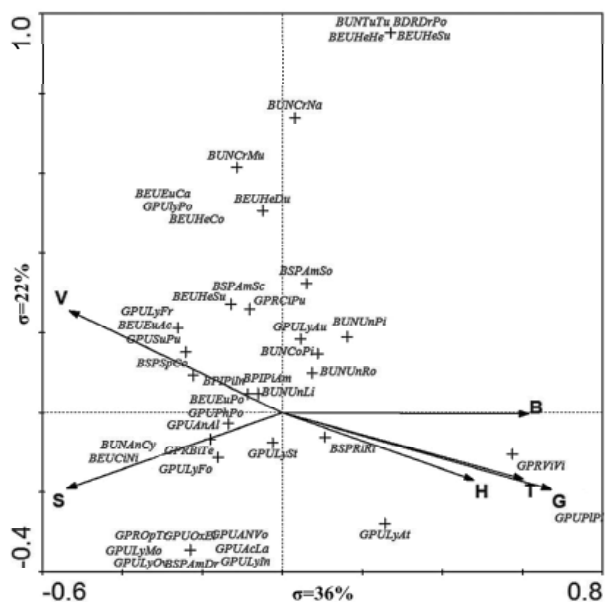


Рис. 5. Диаграмма ординации ССА (биplot) для данных по численности, показывающая распределение видов экологических градиентов, где S – прозрачность, Н – глубина, Т – температура, G – тип грунта, V – скорость течения, В – ширина

два вектора факторов: скорость течения и прозрачность воды, имеющие наибольшую корреляцию с составом моллюсков вдоль них. Данные экологические переменные, видимо, и оказывают наибольшее влияние на развитие моллюсков.

Определяющие сообщество моллюсков массовые виды (встречаемость которых превышала 70%) (*Lymnaea auricularia* (Linnaeus, 1758), *Viviparus viviparus* (Linnaeus, 1758), *Unio pictorum* (Linnaeus, 1758), *Rivicoliana rivicola* (Lamarck, 1818)) имеют различную корреляцию с факторами среды. Среди них *L. auricularia* и *U. pictorum* коррелируют со скоростью течения. Моллюск *V. viviparus* имеет наибольшую корреляцию с температурой воды, а *R. rivicola* имеет наибольшую связь с глубиной участка реки.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

По результатам изложенного материала можно заключить, что таксономическое разнообразие моллюсков реки Большой Кинель в пределах Самарской области определяется представителями трех семейств: Lymnaeidae, Unionidae, Euglesidae. В районах ритрала и потамали абиотические и биотические условия для развития моллюсков сходны. Выявлено, что число «скрытых» видов моллюсков около 20. Определено минимально необходимое выборочное усилие, для получения максимального видового богатства (12 проб). По результатам оценки средней таксономической отличительности, все станции имеют схожие иерархические древа и их значения не выходят за рамки вероятностной воронки. Определяющими факторами развития

большинства моллюсков являются: скорость течения, прозрачность и температура.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Абакумов В.А. Руководство по гидробиологическому мониторингу пресноводных экосистем. СПб.: Гидрометеиздат, 1992. 318 с.
2. Болотов С.Э. Методы статистики и теории хаоса-самоорганизации в описании экологической структуры зоопланктона (на примере устьевой области притока равнинного водохранилища) // Экосистемы малых рек: биоразнообразие, экология, охрана / Материалы II Всероссийской школы-конференции, 18-22 ноября 2014 г. Ин-т биологии внутр. вод им. И.Д. Папанина. В двух томах. Том I. Ярославль: Филигрань, 2014. С. 6-22.
3. Винарский М.В., Крамаренко С.С., Лазуткина Е.А., Андреева С.И., Андреев Н.И. Статистические методы в изучении континентальных моллюсков // Статистические методы анализа в биологии и медицине. [под ред. А.Г. Патюкова]. Омск: Вариант-Омск, 2012. С. 5-94.
4. Головатюк Л.В. Макрозообентос р. Сок: Состав, распределение, структурные показатели // Известия Самарского научного центра РАН, 2003. Вып. 1. С. 102-116.
5. Жадин В.И. Моллюски пресных и солоноватых вод СССР. М. Л.: АН СССР, 1952. 376 с.
6. Зинченко Т.Д., Головатюк Л.В. Изменение состояния бентоса малых рек бассейна Средней Волги // Известия Самарского научного центра РАН. 2000. Т. 2. № 2(4). С. 257-267.
7. Зинченко Т.Д. Хирономиды поверхностных вод бассейна Средней и Нижней Волги (Самарская область): Эколого-фаунистический обзор. Тольятти: ИЭВБ РАН, 2002. 174 с.
8. Михайлов Р.А. Фауна моллюсков реки Большой Кинель (Самарская область) // Вода, химия и экология, 2014. № 5. С. 68-75.
9. Михайлов Р.А. Эколого-фаунистический анализ структуры сообщества моллюсков реки Самара // Вода, химия и экология, 2015. № 1. С. 109-116.
10. Неврова Е.Л. Таксономическое разнообразие и структура таксоцены бентосных диатомовых (Bacillariophyta) в Севастопольской бухте (Черное море) // Морской экологический журнал, 2013. Т. XII. № 3. С. 55-67.
11. Паньков Н.Н., Шадрин Н.Ю., Алексеевнина М.С. Роль моллюсков сем. Unionidae (Bivalvia) в экосистеме р. Сылвы // Пробл. охраны окруж. среды на урбанизир. территориях / Матер. междунар. конф. студ. и мол. ученых, Пермь 1996. Пермь, 1996. С. 80-82.
12. Старобогатов Я.И. Биологическое разнообразие моллюсков континентальных водоемов и состояние его изученности в российской федерации и соседних государствах // Биоразнообразие: Степень таксономической изученности. М.: Наука, 1994. С. 60-64.
13. Шитиков В.К., Зинченко Т.Д., Абросимова Э.В. Непараметрические методы сравнительной оценки видового разнообразия речных сообществ макрозообентоса // Журнал общей биологии, 2010. Том 71, № 3, С. 256-267.
14. Chao A. Estimating the population size for capture-recapture data with unequal catchability // Biometrics, 1987. V. 43. P. 783-791.

15. *Clarke K.R., Gorley R.N.* PRIMER 5: User Manual / Tutorial. Plymouth: PRIMER-E, 2001. 92 p.
16. *Colwell R.K.* Program EstimateS: (Statistical estimation of species richness and shared species from samples). Program and User's Guide. 2005. URL: <http://viceroy.eeb.uconn.edu/estimates> (дата обращения 20.02.2015).
17. *Sanders H.* Marine benthic diversity: a comparative study // *American Naturalist*, 1968. V. 102. P. 243–282.
18. *Simberloff D.* Use of rarefaction and related methods in ecology // *Biological Data in Water Pollution Assessment: Quantitative and Statistical Analyses*. Philadelphia: American Society for Testing and Materials, 1978. P. 150–165.
19. *ter Braak C.J.F., Smilauer P.* Canoco Reference Manual and CanoDraw for Windows User's Guide: Software for Canonical Community Ordination (version 4.5) / Microcomputer Power Ithaca, USA, 2002. 500 pp.
20. *Townsend C.R.* The patch dynamics concept of stream community ecology // *J. North Amer. Benthological Soc.*, 1989. V. 8. P. 36–50.
21. *Vannote R.L., Minshall G.W., Cummins K.W., Sedell J.R., Gushing C.E.* The river continuum concept // *Can. J. Fish. Aquatic Sci.*, 1980. V. 37. P. 130–137.
22. *Warwick R.M., Clarke K.R.* Practical measures of marine biodiversity based on relatedness of species // *Oceanography and Marine Biology: An Annual Review*, 2001. Vol. 39. P. 207–231.

STATISTICAL ANALYSIS OF THE FRESHWATER MUSSELS IN THE RIVER BOLSHOI KINEL AND FACTORS DETERMINES ITS

© 2015 R.A. Mikhaylov

Institute of Ecology of the Volga River Basin RAS, Togliatti

The results of analysis freshwater mussels of the river Bolshoi Kinel. Number of «hidden» species evaluated statistically. Is it shown the necessary minimum sampling effort to identify the allegedly full reservoir species richness. The taxonomical structure of mussels taxocene closeness in the architectonics along with the wide variability extent. Determining factors in the development and distribution of mollusks are flow velocity, transparency and water temperature.

Keywords: freshwater mollusks, river Bolshoi Kinel, community structure.