План

1.1.1 Динамика видов. В Белом море продолжить наблюдения за таксономической структурой четырех мониторинговых поселений в вершине Кандалакшского залива и переописать состав поселений из точек генетических исследований 2000-2010 гг., не изученных в 2021 году.

Что сделано

На одной из точек (мидиевая банка, расположенная в Керетском архипелаге, Рис. ++) на основе анализа исторических коллекций и переописания данного поселения, проведенного в рамках нашего проекта, удалось построить временной ряд оценок таксономического состава поселений (Рис. ++). Анализ проводилось на основе морфотипа мидий, как полудиагностического маркера, Khaitov et al., 2021. Для верификации было проведено генотипирование мидий, собранных в 2022 г. Сопоставление генетических данных, полученных в 2022 г., с результатами генотипирования мидий из этого поселения двадцатилетней давности (Katolikova et al. 2016), полностью подтвердило картину увеличения частоты M.trossulus в данном поселении.

В дополнение к уже имеющимся историческим коллекциям раковин (Рис. ++), в 2022 г. нам удалось найти материал еще двух, ранее неизвестных, коллекций, которые датируются 1967 годом. На данном этапе, это самые старые исторические коллекции из Белого моря, собранные в периоды, когда таксономическая структура мидий Белого моря еще не подвергалась систематическому анализу. В точках сбора этих двух коллекций, в 2022 г. было произведено переописание поселений (Рис. ++), которое выявило значительное увеличение частоты M.tossulus.

В 2022 г. было продолжено изучение динамики таксономической структуры поселений мидий, представленных на четырех мониторинговых точках в вершине Кандалакшского залива Белого моря. За весь период мониторинга (с 2002 г.) мы наблюдали повсеместное изменение таксономического состава: в поселениях, где ранее доминировали M.edulis, в последнее десятилетние абсолютное большинство мидий относится к M.trossulus.

Обобщая результаты анализа исторических коллекций, переописания поселений в местах их сбора (Рис. ++) и результаты мониторинга (Рис. ++) можно утверждать, что в Белом море происходит криптическая инвазия M.trossulus. Наши данные позволяют наблюдать этот процесс, практически, в режиме реального времени.

План

Завершить анализ данных о распределении видов в водах Кандалакшского залива, выявить средовые факторы, регулирующие таксономический состав смешанных поселений.

Ранее мы изучали влияние абиотических факторов (соленость, прибойность, близость к портам) и роль межвидовой конкуренции в регуляции соотношения численностей \*M.edulis\* и \*M.trossulus\*. В 2022 г. мы обобщили результаты экспериментов, посвященных оценке роли биотических факторов, регулирующих таксономический состав смешанных поселений.

Мы проанализировали роль морских звезд, как основных хищников массово уничтожающих мидий на мелководьях Белого моря. Ранее нами было показано, что в условиях \*аквариального\* эксперимента морские звезды в смешанных поселениях M.edulis + M.trossulus предпочитают атаковать последних (Khaitov et al., 2018). В серии новых экспериментов мы размещали мидий двух видов в разных пропорциях на керамических пластинах, которые далее помещали на участки дна, густо заселенные морскими звездами. В этих условиях звезды также преимущественно атаковали \*M.trossulus\* (Табл. +). Мы сравнили частоту мидий T-морфотипа, характреного для \*M.trossulus\*, в естественных интактных мидиевых друзах и в естественных агрегациях подвергшихся атакам хищников (собирали друзы, окруженные скоплениями морских звезд). Атакованные друзы характеризовались заметным увеличением обилия мертвых идий (Рис. ++) и снижением частоты T-морфотипа среди живых особей (Рис. ++). Таким образом, нами показано, что таксономический состав поселений мидий регулируют не только абиотические, но и биотические факторы.

В окрестностях Магадана было описано ++ поселений. Каждое из которых было охарактеризовано несколькими популяционными и средовыми параметрами: плотность поселения мидий (N), соленость (S), степень открытости побережья для волнового воздействия (Fetch), расстояние по прямой до центра г. Магадан (Dist). В каждом из поселений была собрана выборка крупных моллюсков, у которых была взята пункция гемолимфы и отобраны образцы мягких тканей. Использование цитометрических и генетических маркеров позволило оценить частоту мидий, страдающих BTN, среди отобранных миди. Доля больных особей среди обследованных моллюсков была рассмотрена нами как зависимая переменная в регрессионном анализе (логистическая регрессионная модель, основанная на бета-распределении, Модель 1), предикторами в котором выступали указанные выше популяционные и средовые параметры поселений (Табл. ++). Результаты показывают статистически значимую положительную связь частоты BTN лишь с уровнем прибойности участка побережья, на котором располагается поселение (Рис ++).

Вместе с тем, популяционная структура мидий на побережье в окрестностях Магадана крайне изменчива. Мы не включили величины, описывающие размерную структуру, в Модель 1 (см. выше), так как эти показатели оказались коллинеарны с другими, включенными в модель, предикторами. При этом прослеживается некоторая связь частоты BTN с размерной структурой поселения (Рис. ++): самые высокая заболеваемость была обнаружена среди моллюсков, собранных в поселениях с ярко выраженной бимодальной размерной структурой, когда в поселении представлены как старые моллюски, так и молодь.

Матрица, описывающая долю моллюсков разных размерных классов в поселении, была подвергнута анализу главных компонент (Рис. ++). Первые две главные компоненты описывают +++ % варьирования размерной структуры. Значения PC1 и PC2 были использованы в качестве предикторов в логистической регрессионной модели (Модель 2, основанная на бета-распределении), в которой зависимой переменной выступала доля обследованных моллюсков, несущих BTN (Табл. ++). Анализ показал значимую отрицательную корреляцию частоты BTN со значениями PC1. Высокие отрицательные нагрузки по PC1 демонстрировали две размерные группы (Рис. ++): самые мелкие моллюски (размеры 1-5 мм, класс L3) и самые крупные особи (размеры более 35 мм, классы L38, L43). Высокие положительные нагрузки по PC1 связаны с моллюсками средних размеров: 10-25 мм (классы L13, L18, L23). Таким образом наиболее высокой частота BTN была в тех поселениях, где в поселениях была достаточно высока доля крупных (возможно старых) моллюсков и низка там, где в поселениях преобладают моллюски средних размеров. Не исключено, что положительная связь BTN с прибойностью, выявленная в Модели 1, обусловлена более высокой продолжительностью жизни, или более высокой скоростью роста, моллюсков, обитающих на открытых, прибойных побережьях.