

[TYTUŁ ROBOCZY] Different patterns of diversity, richness and community composition of predators, parasitoids and herbivorous Aculeata during succession of sand quarries.

Twerd, Szefer . . .

Abstract [wstępnie]

Żwirownie małopowierzchniowe, nieużytkowane i nierekultywowane są isotonymi bankami bioróżnorodności w krajobrazie antropogenicznym. Jednakże środowiska te podlegają dynamicznym procesom sukcesji z terenów otwartych stwarzających dogodne warunki dla Aculeata w kierunku zadrzewień. Proces ten może mieć istotny wpływ na ich wartość dla bioróżnorodności. Pomimo tego mało jest informacji na temat tego, jak niektóre grupy owadów reagują na zmiany sukcesyjne. Określiliśmy, jak struktura zgrupowań trzech grup żądłówek Aculeata, dla których wcześniej wykazano preferencje do tego typu środowisk. Skupiliśmy się na grupach różniących się trybem życia: roślinożercy (Apoidea), drapieżcy (Sphecidae) oraz kleptopasożyty (Chrysididae). Wykazaliśmy, że grupy te wykazują odmienne odpowiedzi na sukcesję dla ich liczności różnorodności i bogactwa gatunkowego. Struktura zgrupowań była istotnie różna pomiędzy poszczególnymi stadiami sukcesji i prędkość wymiany gatunków była różna dla poszczególnych grup i nie związana ze wzorcami charakterystyk struktury zgrupowań. Pokazaliśmy, że pomimo braku zmian we wskaźnikach zgrupowań Spheciformes wykazywały dynamiczną wymianę gatunków pomiędzy w przebiegu sukcesji. Kleptopasożytnicze Chrysididae zmieniały się głównie poprzez zmiany dominacji poszczególnych gatunków. W przypadku Apiformes nowe gatunki wkraczają do zgrupowania w późniejszych stadiach sukcesji.

Wstęp [NOTATKI]

Antropopresja zwykle utożsamiana jest ze zmniejszaniem się różnorodności gatunkowej prowadzącej do uproszczonej struktury zgrupowań i degeneracji funkcji ekosystemów. Jednakże niektóre grupy owadów, jak na przykład wykazano to dla pszczoł (Twerd XXXX, Banaszak Cibicka XXXX i inne) mogą pozytywnie reagować na antropopresję. Przedstawianie tych środowisk jako punktów o wysokiej bioróżnorodności pomija fakt, że podlegają one dynamicznym procesom sukcesji wtórnej, co może istotnie wpływać na liczebność i bogactwo gatunkowe żądłówek. Teoria sukcesji przewiduje, że wraz z sukcesją liczba rzadkich gatunków powinna wzrastać (???). Jednakże nie musi to być prawdą dla żądłówek, dla których spontaniczna sukcesja pokazywała zwykle spadek różnorodności i bogactwa gatunkowego (XXXX). Jest to związane z ich preferencjami gatunków do danych warunków środowiskowych. Dodatkowo różne gildie jak drapieżcy, roślinożercy i kleptopasożyty mogą wykazywać odmienne wzorce zmian wraz z sukcesją. Teoria sukcesji oraz nasze poprzednie badania (Twerd et al. 20xx) sugeruje, że żwirownie powinny doświadczyć znacznej zmiany struktury zgrupowań, ze względu na drastycznie zmieniające się warunki środowiskowe, od których zależne są żądłówki. Dodatkowo, liczba gatunków, pomimo iż pozostaje stała, może być związana z dynamiczną wymianą gatunków wraz ze zmianami środowiska w ramach sukcesji. Poniższa praca skupia się na sprawdzeniu następujących hipotez: (i) zmieniające się wraz z sukcesją wzorce różnorodności, liczebności i bogactwa gatunkowego będą różne w zależności od ekologii trzech analizowanych grup żądłówek, (ii) struktura zgrupowań zmienia się w poszczególnych stadiach sukcesji, ale . . . (iii) Struktura zgrupowań będzie zmieniała się najszybciej u . . . i będzie związana z zastępowaniem się gatunków bardziej niż ze zmianami ich liczebności.

Metody

Wszystkie analizy przeprowadzono w porgramie R (R Development team XXXX). W celu przeanalizowania różnic pomiędzy wybranymi charakterystykami zgrupowań użyliśmy LM i GLM korzystając z pakietu *MASS* (). Rozkład reszt dla liczby osobników modelowany był za pomocą dwumianowego ujemnego (negative binomial) a liczby gatunków - rozkładem Poissona. W celu zbadania poszczególnych interakcji pomiędzy grupami żądłówek i stadiami sukcesji przeprowadziliśmy test post-hoc Tukeya używając jego implementacji w pakiecie *emmeans* (). Przeprowadziliśmy analizę RDA w celu przetestowania, czy struktura zgrupowań różni się pomiędzy poszczególnymi stadiami sukcesji i użyliśmy stadium jako zmiennej objaśniającej. Przed przeprowadzeniem analizy macierz licznosci została poddana przekształceniu Hellingera (Legendre & Cartes 2012). Aby sprawdzić, które gatunki odpowiadały najsilniej na wyróżnione stadia sukcesji dopasowaliśmy ich liczebności do zdefiniowanego modelu RDA za pomocą funkcji *envfit* w pakiecie *vegan* (Oksanen XXXX). Aby zobrazować procesy wymiany gatunków i zmian struktury zgrupowań pomiędzy poszczególnymi stadiami obliczyliśmy współczynniki beta różnorodności pomiędzy wszystkimi możliwymi kombinacjami stanowisk w dwóch porównywanych stadiach. Beta różnorodność może być podzielona na dwa komponenty: związany ze zmianami w strukturze dominacji gatunków oraz związany z przybywaniem nowych gatunków (Baselga 2013). Aby sprawdzić czy struktura zgrupowań podlegała jedynie reorganizacji, czy też podlegała wymianie gatunków obliczyliśmy te dwa komponenty różnorodności pomiędzy stadiami pomiędzy I a II, I a III oraz II i III stadiami sukcesji używając pakietu *codyn* (). Aby zachować równowagę pomiędzy liczbą pseudoreplikacji (np pownienia stanowisk 1 i 2 oraz 1 i 3 są związane stanowiskiem 1) a ilością informacji obliczyliśmy współczynniki beta różnorodności pomiędzy wszystkimi unikalnymi parami stanowisk w dwóch porównywanych stadiach. Posłużyły one do przybliżenia rozkładów beta różnorodności pomiędzy poszczególnymi stanowiskami a różnice pomiędzy rozkładami zostały oszcowane testu Kołmogorova-Smirnofa. Dodatkowo przeanalizowaliśmy występowanie gatunków charakterystycznych dla poszczególnych gatunków do poszczególnych stadiów sukcesji metodą IndVal z użyniem pakietu *labdsv* ().

Wyniki

1. Wzorce w charakterystykach zgrupowań

Najwyższe wskaźniki licznosci, bogactwa gatunkowego i różnorodności zanotowano dla *Apiformes*, istotnie niższe dla *Spheciformes* i najniższe dla *Chrysididae*. Wartości tych wskaźników zmieniały się w poszczególnych stadiach sukcesji w zależności od rozpatrywanej grupy żądłówek (isotony efekt interakcji *tutaj Tab 1 z wynikami testów*). W przypadku *Apoidea* zauważalny jest istotny skok w pośrednim stadium sukcesji dla wszystkich analizowanych współczynników. Liczność, bogactwo gatunkowe i różnorodność *Spheciformes* nie zmieniała się pomiędzy stadiami sykcesji. W przypadku *Chrysididae* zanotowaliśmy jedynie istotny wzrost w liczebności w II stadium.

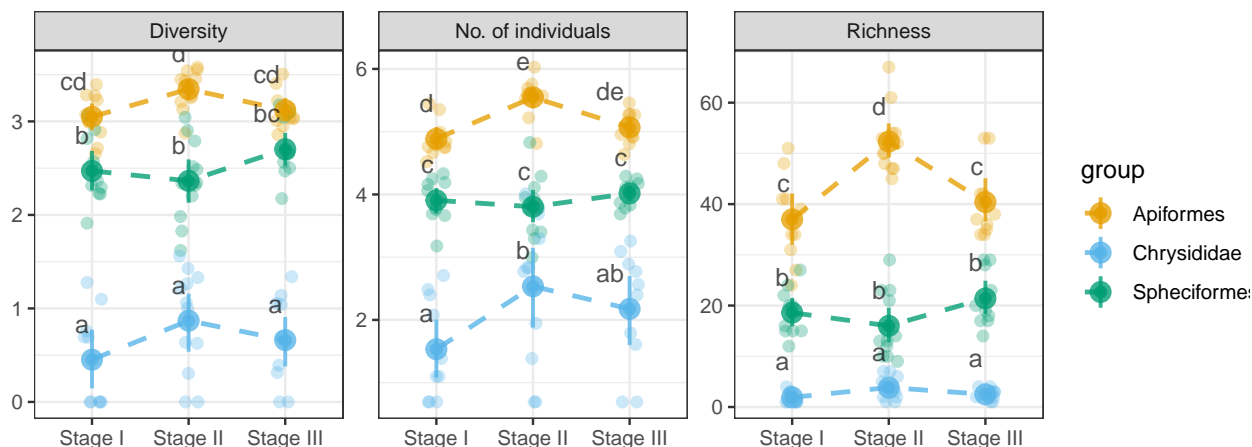


Figure 1. Różnorodność,liczebność i bogactwo gatunkowe trzech grup Aculaeta w zależności

od trzech wyróżnionych stadiów sukcesji ژیwirowni. Przedstawiono średnie oraz 95% CI typu bootstrap. Liczba osobników została poddana transformacji logarytmicznej w celu lepszej wizualizacji różnic omiędzy grupami. Punkty oznaczają wartości empiryczne. Litery łacińskie oznaczają wyniki testu post-hoc z poprawką Tukeya dla $\alpha = 0.05$.

2. Struktura zgrupowań

Stadia sukcesji były istotnym czynnikiem wpływającym na strukturę zgrupowań (Tab 2 - wyniki RDA). W tabeli X podano gatunki, które odpowiadały najsilniej na wyróżnione stadia sukcesji.

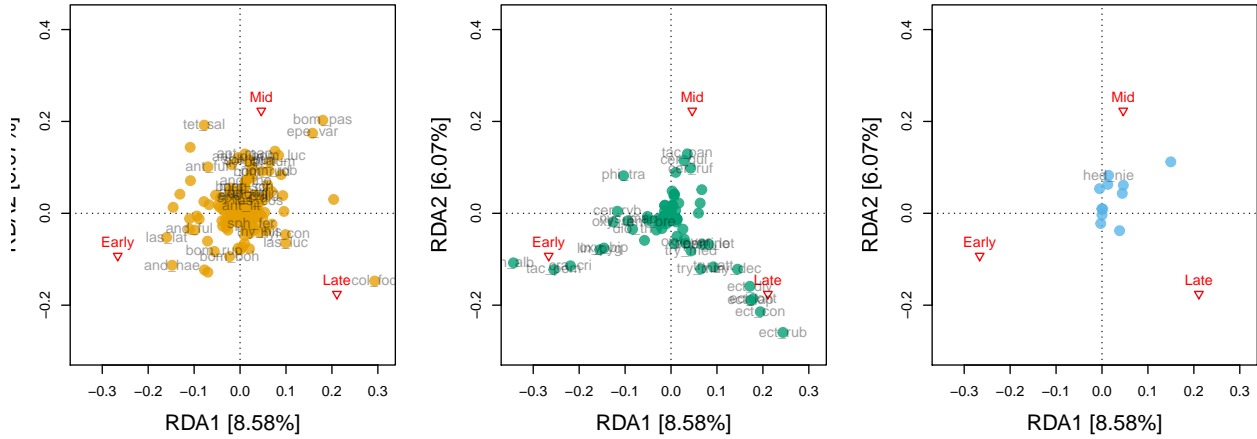


Figure 2. Wykres ordynacji RDA dla stadium sukcesji jako dyskretnej zmiennej objaśniającej. W celu lepszej wizualizacji punkty zostały naniesione osobno. Na wykresie ordynacji przedstawiono gatunki które najsilniej odpowiadały nia czynnik jakim są stadia sukcesji. Model tłumaczy 14.6544593% zmienności zgrupowań.

Tab X. Lista gatunków których liczebność istotnie zmienia się w sposób wyznaczony przez stadia sukcesji w modelu RDA

	RDA1	RDA2	Group
and_ful	0.233	0.252	Apiformes
and_hae	0.213	0.318	Apiformes
and_mil	0.006	0.172	Apiformes
and_nig	0.030	0.078	Apiformes
and_tho	0.010	0.276	Apiformes
and_wil	0.006	0.167	Apiformes
ant_lit	0.002	0.054	Apiformes
ant_man	0.002	0.226	Apiformes
ant_pun	0.000	0.143	Apiformes
ant_fur	0.086	0.237	Apiformes
bom_boh	0.006	0.094	Apiformes
bom_luc	0.081	0.234	Apiformes
bom_pas	0.125	0.257	Apiformes
bom_rud	0.024	0.099	Apiformes
bom_rup	0.063	0.178	Apiformes
bom_sch	0.006	0.166	Apiformes
col_qua	0.007	0.202	Apiformes
col_fod	0.250	0.303	Apiformes
epe_var	0.176	0.356	Apiformes
hal_tum	0.047	0.164	Apiformes
hyl_con	0.222	0.263	Apiformes
las_cos	0.060	0.081	Apiformes
las_lat	0.142	0.155	Apiformes
las_luc	0.142	0.193	Apiformes
meg_cir	0.005	0.138	Apiformes
nom_rob	0.051	0.142	Apiformes
sph_cra	0.004	0.110	Apiformes
sph_fer	0.080	0.147	Apiformes
sph_pun	0.010	0.288	Apiformes
tet_sal	0.022	0.137	Apiformes
thy_his	0.111	0.203	Apiformes
cer_qui	0.008	0.129	Spheciformes
cer_ruf	0.036	0.199	Spheciformes
cer_ryb	0.210	0.210	Spheciformes
cra_cri	0.455	0.560	Spheciformes
dio_tri	0.260	0.297	Spheciformes
ect_con	0.336	0.680	Spheciformes
ect_ont	0.258	0.492	Spheciformes
ect_div	0.328	0.564	Spheciformes
ect_lap	0.217	0.437	Spheciformes
ect_rub	0.369	0.720	Spheciformes
ent_bre	0.197	0.225	Spheciformes
lin_alb	0.388	0.420	Spheciformes
lin_pyg	0.387	0.472	Spheciformes
nys_mac	0.140	0.143	Spheciformes
oxy_bip	0.436	0.535	Spheciformes
oxy_tri	0.321	0.328	Spheciformes
oxy_var	0.027	0.123	Spheciformes
pem_ino	0.199	0.362	Spheciformes
pem_let	0.267	0.418	Spheciformes
phi_tra	0.083	0.127	Spheciformes
tac_pan	0.020	0.247	Spheciformes
tac_pom	0.471	0.562	Spheciformes
try_att	0.170	0.399	Spheciformes
try_dec	0.296	0.472	Spheciformes
try_med	0.019	0.076	Spheciformes
try_min	0.071	0.283	Spheciformes

2.1 β -różnorodność

Wariancja w zagęszczeniu przypisana do wymieniających się gatunków była największa dla pszół i Chrysididae sugerująca brak zmiany listy gatunków a raczej zmiany ich liczebności.

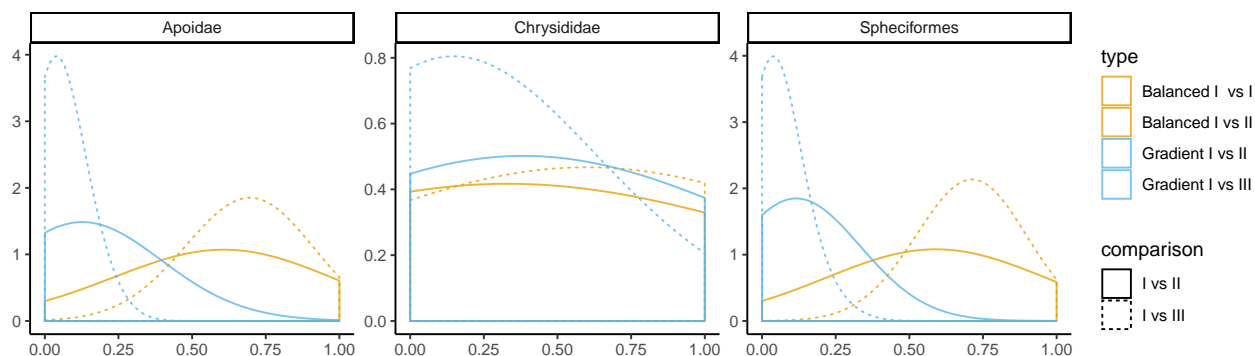


Figure 3. Beta różnorodność pomiędzy parami stanowisk w poszczególnych stadiach.

Jednakże to co miałem nadzieję pokazać lepiej widać na zgrupowaniach skumulowanych dla poszczególnych stadiów. Widać że gradient liczebności pełni bardziej istotną rolę u pszół ale im późniejsze stadium tym ten komponent ma mniejsze znaczenie. Zastępowanie się gatunków (balanced component) ma natomiast większe znaczenie dla Spheciformes a zgrupowania Chrysididae zmieniają się głównie poprzez zmiany liczebności gatunków już obecnych. Dodatkowa analiza, gdzie macierze licznosci są zastąpione macierzami incydencji dokładnie pokaże prędkość wymiany gatunków.

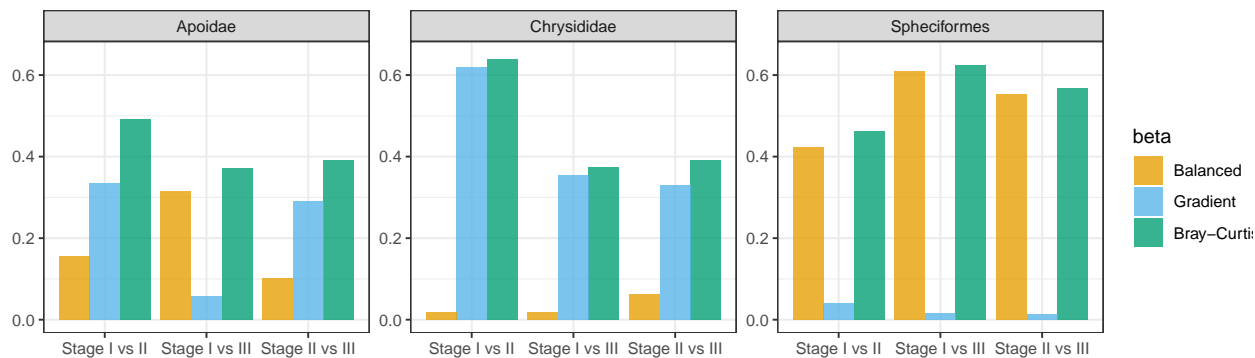


Figure 4. Beta różnorodność dla kumulatywnej struktury zgrupowań w poszczególnych stadiach.

2.2 Gatunki charakterystyczne dla poszczególnych stadiów

W celu wyodrębnienia gatunków charakterystycznych dla poszczególnych stadiów sukcesji przeprowadziliśmy analizę metodą IndVal.

	Cluster	IndicatorValue	Probability
cra_cri	1	0.7680000	0.001
tac_pom	1	0.7616099	0.001
oxy_bip	1	0.6588235	0.001
lin_pyg	1	0.6333333	0.001
lin_alb	1	0.6188004	0.015
and_hae	1	0.5600000	0.009
oxy_tri	1	0.4666667	0.013
and_ful	1	0.4102564	0.033
dio_tri	1	0.4000000	0.014
ent_bre	1	0.3000000	0.050
epe_var	2	0.6521739	0.002
bom_pas	2	0.5967742	0.001
tet_sal	2	0.5711164	0.032
cer_qui	2	0.5208333	0.020
and_dor	2	0.5128205	0.028
sph_pun	2	0.5000000	0.002
hed_nie	2	0.5000000	0.001
meg_mar	2	0.4964539	0.050
tac_pan	2	0.4794521	0.003
ant_pun	2	0.4719764	0.018
bom_rud	2	0.4651623	0.047
hal_tum	2	0.4584882	0.038
ant_fur	2	0.4289216	0.032
and_tho	2	0.4166667	0.012
cer_ruf	2	0.3991597	0.017
ant_man	2	0.3989362	0.015
bom_luc	2	0.3941441	0.023
nom_rob	2	0.3360215	0.049
col_qua	2	0.3333333	0.025
ect_rub	3	0.8836364	0.001
ect_con	3	0.8763158	0.001
ect_div	3	0.7808612	0.001
ect_ont	3	0.7242105	0.001
try_dec	3	0.6981818	0.001
ect_lap	3	0.6829268	0.001
try_att	3	0.5647059	0.001
pem_let	3	0.5433962	0.002
try_min	3	0.5229358	0.004
col_fod	3	0.5134818	0.026
pem_ino	3	0.5000000	0.002
las_luc	3	0.3884892	0.026
hyl_con	3	0.3626374	0.030
thy_his	3	0.3000000	0.049