*2.3. Statistical analysis*

Wszystkie pozostałe analizy przeprowadziliśmy w programie R (R Core Team, 2019). W celu przeanalizowania różnic pomiędzy różnorodnością gatunkową, bogactewem gatunkowym i liczebnością zgrupowań użyliśmy generalizowanych modeli liniowych (GLM). Liczebność osobników był modelowany za pomocą rozkładu dwumianowego ujemnego (negative binomial) korzystając z pakietu MASS (Venables & Ripley, 2002), a liczby gatunków - rozkładu Poissona. W celu zbadania interakcji pomiędzy poszczególnych grupami żądłówek i stadiami sukcesji przeprowadziliśmy test post-hoc Tukeya używając jego implementacji w pakiecie emmeans (Lenth 2019).

W celu przetestowania, czy sukcesja odpowiada za zmiany w strukturze zgrupowań przeprowadziliśmy analizę RDA. W tym przypadku, zmienna stadium sukcesji, użyta została jako zmienna objaśniająca. Przed przeprowadzeniem analizy, macierz liczności została poddana przekształceniu Hellingera (Legendre & Cáceres 2013). Dopasowaliśmy liczebności poszczególnych gatunków do zdefiniowanego modelu RDA za pomocą funkcji envfit w pakiecie vegan (Oksanen et al. 2019) w celu sprawdzenia, które gatunki odpowiadały najsilniej na wyróżnione stadia sukcesji.

Obliczyliśmy współczynniki β-różnorodności w celu oszacowania procesu wymiany gatunków i zmian struktury zgrupowań pomiędzy poszczególnymi stadiami sukcesji. Zgodnie z Baselga (2013) przyjęliśmy podział β-różnorodności na dwa komponenty: związany ze zmianami w strukturze dominacji gatunków (gradient component), oraz związany z przybywaniem nowych gatunków (balanced component). Obliczenia wykonaliśmy dla wszystkich unikalnych par stanowisk pomiędzy porównywanymi stadiami sukcesji aby sprawdzić, czy struktura zgrupowań podlegała jedynie reorganizacji, czy też wymianie gatunków. W celu zachowania równowagi pomiędzy liczbą pseudoreplikacji (np. porównania 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. Interesowała nas prędkość wymiany gatunków pomiędzy I a II oraz II a III stadium. W celu statystycznego opracowania wyników przyjęliśmy dodatkowe założenie odnośnie dopuszczlnych wartości współczynników β-różnorodności, mianowicie, że żadne porównanie pomiędzy stadiami nie może być ani całkowicie różne (współczynnik odmienności Braya-Curtisa [BC] równy 1), ani całkowicie identyczne (współczynnik BC równy 0). Dlatego też empirycznym wartościom β-różnorodności równym 0 lub 1 zostały nadane wartości 0.001 oraz 0.999. Pozwoliło to na użycie w analizie statystycznej rozkładu Beta. Statystyczną istotność modelu z interakcją zmiany dla dwóch składników b-różnorodności dla stadiów sukcesji i poszczególnych grup troficznych obliczyliśmy z wykorzystaniem pakietu *betareg* (Cribari-Neto and Zeileis, 2010). Komponenty β-różnorodności natomiast obliczyliśmy używając pakietu codyn (Hallett et al. 2019). For each trophic group at all three stages we calcullated posterior distributions for the probability of an individual to be in any vulnerability category (). Calcuation were made in the brms package (). We used noninformative xxx prior for aour simple model.

**3. Results**

*3.2. Wzorce w charakterystykach zgrupowań*

Bogactwo, liczebności oraz różnorodności zmieniały się w poszczególnych stadiach sukcesji, w zależności od rozpatrywanej grupy żądłówek (Table 1, Fig. 4). W przypadku Apiformes, zauważalny był istotny wzrost wartości analizowanych współczynników w stadium pośrednim sukcesji. Natomiast bogactwo, liczebność i różnorodność Spheciformes nie ulegały zmianom w analizowanym ciągu sukcesyjnym. W przypadku Chrysididae, zanotowaliśmy jedynie istotny wzrost liczebności, również w stadium pośrednim (Table 1, Fig. 4).

*3.3. Struktura zgrupowań jako reakcja na sukcesyjne przekształcenia*

Stadia sukcesji były istotnym czynnikiem wpływającym na strukturę zgrupowań (permutation test, 999 replications, F = 2.49, P < 0.001) and RDA model explains 14.65% of variation (adjusted R-square). Spośród 272 gatunków Aculeata, 57 (20.9%) istotnie reagowało na sukcesyjne przekształcenia. W grupie tej zbliżony udział miały Apiformes (11.4%) oraz Spheciformes (9.9%), natomiast gatunki z rodziny Chrysididae stanowiły zaledwie 0.4%. Wykaz gatunków, które najsilniej odpowiadały na sukcesyjne przekształcenia zamieściliśmy w Table A2 and on Fig. 5.

*3.3.1. Zmiany ß – różnorodności w trakcie sukcesyjnych przekształceń*

Koomponent beta-różnorodnośći związany z wymianągatunków była największa dla Chrysididae i Apiformes. Sugeruje to relatywnie małą dynamikę gatunków, a wykazane zmiany dotyczyły głównie ich liczebności (Fig. 6), tj. zgrupowania pszczół i złotolitek zmieniały się poprzez zmiany liczebności gatunków już obecnych. ,rzy czym, gradient liczebności pełnił bardziej istotną rolę u pszczół, ale im późniejsze stadium sukcesji, tym komponent ten miał mniejsze znaczenie (Fig. 7). Oznacza to, że w przypadku Apiformes nowe gatunki wkraczały do zgrupowań w późniejszych stadiach sukcesji. Natomiast w przypadku Spheciformes, zmiany wykazane w trakcie sukcesyjnych przekształceń, dotyczyły głównie zastępowania się gatunków (balanced component) (Fig. 7).

*3.4. Gatunki charakterystyczne dla poszczególnych stadiów sukcesyjnych*

Wykazaliśmy 42 gatunki indykatorowe, z czego 21 w obrębie Apiformes, 20 w obrębie Spheciformes oraz jeden gatunek indykatorowy w rodzinie Chrysididae (Table 2). Największą liczbę gatunków indykatorowych odnotowaliśmy w pośrednim stadium sukcesji (18 gatunków), natomiast w stadium wczesnym i późnym liczba wykazanych indykatorów była niższa (odpowiednio 10 i 14 gatunków). W pośrednim stadium sukcesji przeważały Apiformes (78%), w stadium wczesnym i późnym Spheciformes (odpowiednio 70% i 71%) (Table 2).

**Literatura**

R Core Team (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

Venables, W. N. & Ripley, B. D. (2002) Modern Applied Statistics with S. Fourth Edition. Springer, New York. ISBN 0-387-95457-0

Lenth Russell (2019). emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. R package version1.4.3.01. https://CRAN.R-project.org/package=emmeans

Legendre, P., & Cáceres, M. D. (2013). Beta diversity as the variance of community data: dissimilarity coefficients and partitioning. *Ecology Letters*, *16*(8), 951–963. doi: [10.1111/ele.12141](https://doi.org/10.1111/ele.12141)

Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., … Wagner, H. (2019). vegan: Community Ecology Package (Version 2.5-5). Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>

Baselga, A. (2013). Separating the two components of abundance-based dissimilarity: balanced changes in abundance vs. abundance gradients. *Methods in Ecology and Evolution*, *4*(6), 552–557. doi: [10.1111/2041-210X.12029](https://doi.org/10.1111/2041-210X.12029)

Hallett L, Avolio M, Carroll I, Jones S, MacDonald A, Flynn D, Slaughter P, Ripplinger J, Collins S, Gries C, Jones M (2019). \_codyn: Community Dynamics Metrics\_. doi: 10.5063/F1N877Z6 (URL: https://doi.org/10.5063/F1N877Z6), R package version 2.0.3, <URL: <https://github.com/NCEAS/codyn>>

Francisco Cribari-Neto, Achim Zeileis (2010). Beta Regression in R. Journal of Statistical Software 34(2), 1-24. URL: http://www.jstatsoft.org/v34/i02/.