

УДК 574.58(282.247.431.2)

МНОГОМЕРНЫЙ СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ ПЛАНКТОННЫХ И ДОННЫХ СООБЩЕСТВ МИНЕРАЛИЗОВАННЫХ РЕК БАССЕЙНА ОЗ. ЭЛЬТОН

Т. Д. Зинченко, В. К. Шитиков, Л. В. Головатюк, Э. В. Абросимова

*Институт экологии Волжского бассейна РАН
Россия, 445003, Тольятти, Комзина, 10
E-mail: zinchenko.tdz@yandex.ru*

Поступила в редакцию 30.06.2019 г., после доработки 22.08.2019 г., принята 10.09.2019 г.

Зинченко Т. Д., Шитиков В. К., Головатюк Л. В., Абросимова Э. В. Многомерный статистический анализ структуры планктонных и донных сообществ минерализованных рек бассейна оз. Эльтон // Поволжский экологический журнал. 2019. № 4. С. 407 – 418. DOI: <https://doi.org/10.35885/1684-7318-2019-4-407-418>

Представлены результаты комплексных исследований соленых рек аридного региона Приэльтона на базе гидробиологической съемки планктонных и донных сообществ. Выполнено сравнение двух таблиц видовой структуры по результатам наблюдений на 13 участках рек в 2013 и 2018 гг., которые включали численности гидробионтов 94 различных таксономических групп макрозообентоса, мейобентоса и зоопланктона. С использованием метода анализа совместной инерции выявлена высокая статистическая согласованность матриц данных, обусловленная объективными закономерностями пространственного распределения водных организмов. Рандомизационный тест коэффициента прокрустовой корреляции показал статистическую значимость ($p = 0.00026$) сопряженности обеих видовых структур в пространстве латентных переменных. В то же время отмечен определенный тренд изменения таксономического состава сообществ на отдельных станциях с течением времени в условиях динамичности абиотических факторов. Проанализирована зависимость таксономической структуры гидробионтов от совокупности 30 абиотических факторов среды, полученных в ходе гидробиологического и гидрохимического мониторинга изучаемых участков рек. С использованием канонического корреляционного анализа и метода проекций на латентные структуры построена совокупность ординационных диаграмм, позволяющих выявить для каждой группы видов своеобразные «экологические ниши» с определенным набором характеристик биотопов. Показана достаточно тесная корреляция планктонных и донных сообществ между собой, что свидетельствует о тесной связи между ними, обусловленной как биотическими взаимодействиями, так и взаимно согласованной реакцией на изменение факторов водной среды.

Ключевые слова: соленые реки, зоопланктон, макрозообентос, мейобентос, структура сообществ, анализ совместной инерции, прокрустов анализ, многомерная ординация.

DOI: <https://doi.org/10.18500/1684-7318-2019-4-407-418>

ВВЕДЕНИЕ

Приэльтонье является одним из наиболее уникальных природно-территориальных комплексов бассейна Нижней Волги. Входящие в его состав мезо- и полигалинные речные системы функционируют в условиях стохастических, а часто и

экстремальных природно-климатических возмущений, характерных для аридных зон, при одновременном воздействии совокупности факторов антропогенного характера (Zinchenko et al., 2017). Это вызывает как резкие флуктуации численности отдельных популяций, так и регулярную смену комплекса ведущих видов сообществ гидробионтов.

Статистический анализ таксономической структуры планктонных и донных сообществ соленых рек бассейна оз. Эльтон (Волгоградская область), выполненный нами ранее с использованием различных многомерных методов, позволил выделить специфические ассоциации консорциативного типа, которые динамично формируются с учетом адаптационных возможностей отдельных видов (Zinchenko et al., 2018). Было показано, что для изучаемых экосистем четкое разделение жизненных форм планктонных и донных сообществ не очевидно, т.е. отмечен переход бентосных животных к планктонному образу жизни, что приводит к высокой доле взаимопроникающих экологических группировок. Для анализа выраженности таких ассоциативных внутрисистемных связей использовался специальный алгоритм, осуществляющий интеграцию многомерных ординаций сообществ макрозообентоса, мейобентоса и зоопланктона (Шитиков, Зинченко, 2019). Результаты оценки канонической корреляции между отдельными блоками наблюдений свидетельствовали о тесной связи между этими группами, обусловленной как биотическими взаимодействиями, так и взаимно согласованной реакцией на изменение факторов водной среды.

Перечисленные выше исследования проводились на основе комплексной гидробиологической съемки в августе 2013 г. После подготовки аналогичного массива данных по результатам наблюдений в августе 2018 г. выявился ряд актуальных проблем теоретического и практического характера.

1. Как провести количественную оценку выраженности изменений видовой структуры в блоках параллельных гидробиологических наблюдений, выполненных в разные годы, и проверить гипотезу о статистической значимости возможных различий между ними?

2. Какой статистический метод наиболее адекватен для моделирования зависимости видовой структуры гидробионтов от расширенного комплекса экологических переменных?

3. Можно ли сократить без существенной потери информации исходное пространство переменных за счет селекции ограниченного набора видов, в наибольшей мере объясняющих пространственную неоднородность биоценозов, а также выделить ведущие факторы среды, реально формирующие условия в биотопах?

Цель исследований – оценить видовую структуру планктонных и донных сообществ в условиях воздействия комплекса абиотических факторов с использованием различных статистических методов анализа.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Исходный материал получен по результатам гидробиологических съемок макрозообентоса, мейобентоса и зоопланктона на различных участках пяти соленых рек (табл. 1) бассейна оз. Эльтон (49°07'30" с.ш., 46°30'40" в.д.), имеющих зна-

МНОГОМЕРНЫЙ СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ ПЛАНКТОННЫХ

чительный градиент минерализации (от 5.3 до ≥ 50 г/л). Подробное описание и схема района исследований, методы отбора проб гидробионтов и камеральной обработки собранного материала представлены ранее в работах Т. Д. Зинченко с соавторами (Зинченко и др., 2010, 2019; Zinchenko et al., 2017, 2018). Для проведения статистического анализа использовали результаты одновременной гидробиологической съемки на 13 станциях рек Ланцуг, Хара, Чернавка, Большая Саморода, Солянка в августе 2018 г. Была сформирована таблица численностей 94 таксономических групп, включающих 30 видов и родов макрозообентоса, 33 – мейобентоса (экз./м²) и 31 – зоопланктона (экз./м³).

Таблица 1

Реки бассейна оз. Эльтон, расположение станций и основные гидрохимические показатели

Реки	Станции	Участок реки	Жесткость мг-экв/л	Общая минерализация, г/л	Хлориды (Cl ⁻), г/л	Кислород (O ₂), мг/л	Фосфат-ион (PO ₄ ⁻³), мг/л	Аммоний (NH ₄ ⁺), мг/л
Солянка	Сол_1	Верхний	105.0	27.6	11.4	6.5	0.6	5.1
	Сол_3	Устье	109.0	27.7	16.9	7.2	0.5	3.5
Ланцуг	Лан_1	Средний	24.0	50.3	28.4	7.1	2.1	0.6
	Лан_2	Устье	78.0	13.4	6.6	7.5	1.4	3.6
Хара	Хар_2	Верхний	122.0	20.0	11.4	6.7	0.7	0.4
	Хар_3	Средний	99.5	17.7	8.7	7.0	0.7	2.1
	Хар_6	Нижний	77.0	15.3	6.0	7.4	0.8	3.1
	Хар_7	Устье	90.5	15.9	7.6	6.1	0.4	3.3
Чернавка	Чер_1	Верхний	120.0	28.9	16.9	6.5	0.4	3.5
	Чер_2	Средний	118.0	28.8	16.8	6.4	0.5	3.1
	Чер_3	Устье	121.0	30.5	18.1	7.6	0.9	3.8
Большая Саморода	Б.С_2	Средний	42.4	11.1	5.3	7.9	2.2	0.3
	Б.С_3	Устье	56.0	13.2	6.2	7.7	2.2	0.3

Примечание. Аналитическая обработка гидрохимических образцов воды произведена аккредитованной гидрохимической лабораторией ООО «Центр мониторинга водной и геологической среды» (г. Самара).

Для корректной совместной обработки данных значения численностей трансформировали в единую шкалу баллов от 0 до 6, оптимальные градации которых находили с использованием алгоритма *k*-ближайших соседей (Шитиков, Розенберг, 2014). Исходными данными для статистического анализа явились две матрицы таксономического обилия при гидробиологических съемках в 2018 г (ГБ₁₈) размерностью 13×94 и в 2013 г. (ГБ₁₃) размерностью 13×88 (Zinchenko et al., 2018). Аббревиатура участков рек представлена в табл. 1, а коды таксонов имеют следующие префиксы: ZB – макрозообентос, MB – мейобентос, ZP – зоопланктон (табл. 2).

На тех же станциях параллельно проводили гидрохимический мониторинг, по результатам которого формировалась матрица ГХ₁₈ размерностью 13×30 наблюдаемых факторов среды, включающих гидрологические параметры водотоков (глубина, скорость течения и др.), гидрофизические и гидрохимические показатели воды пяти соленых рек.

Таблица 2

Группировка таксонов гидробионтов рек бассейна оз. Эльтон по характерным признакам местообитания и ведущие абиотические факторы, высоко коррелирующие с этими группами

Группа	Наименование таксона	Код	T	R^2	Абиотические факторы
I	<i>Brachionus quadridentatus</i>	ZPBra_qd	2	0.704	NA ⁺ +Ka ⁺ HCO ₃ ⁻ Глубина, h Cl ⁻
	<i>Cricotopus rufiventris</i>	MBCri_rf	2	0.614	
	<i>Microchironomus deribae</i>	ZBMic_tn	2	0.515	
	<i>Brachionus calyciflorus</i>	ZPBra_cl	1	0.710	
	<i>Chironomus plumosus</i>	ZBChi_pl	1	0.710	
II	<i>Colurella adriatica</i>	ZPCol_ad	4	0.916	PO ₄ ³⁻ - P O ₂
	<i>Acanthocyclops americanus</i>	ZPAca_am	2	0.773	
	<i>Cricotopus rufiventris</i>	ZBCri_rf	2	0.560	
	<i>Gammarus lacustris</i>	ZBGam_lc	3	0.565	
	<i>Ethmolaimus multipapillatus</i>	MBEth_ml	2	0.598	
	<i>Candoninae</i> gen. spp.	MBCan_sp	1	0.579	
	<i>Chironomus aprilinus</i>	ZBChi_ap	4	0.422	
III	<i>Glyptotendipes salinus</i>	ZBGly_sl	3	0.568	CO ₃ ²⁻ pH Cu
	<i>Testudinella patina</i>	ZPTes_pt	2	0.795	
	<i>Odontomyia</i> sp.	ZBODn_sp	3	0.675	
	<i>Tanytarsus kharaensis</i>	ZPTan_kh	2	0.821	
	<i>Cyclopoida</i> gen. spp. nauplii	ZPNau_cl	12	0.172	
	<i>Megacyclops viridis</i>	ZPMeg_vr	4	0.399	
	<i>Cletocamptus confluens</i>	ZPCle_cn	2	0.852	
	<i>Hygrotus enneagrammus</i>	ZBHyg_en	2	0.508	
	<i>Cricotopus sylvestris</i>	ZBCri_sv	2	0.642	
	<i>Cletocamptus confluens</i>	MBCle_cn	1	0.711	
	<i>Tanytarsus kharaensis</i>	ZBTan_kh	1	0.711	
	<i>Heterocypris salina</i>	MBHet_sl	2	0.734	
	IV	<i>Chironomus salinarius</i>	ZBChi_sl	6	
<i>Monhystrella parvella</i>		MBMon_pv	12	0.493	
<i>Sigara</i> sp.		ZBSig_sp	3	0.525	
<i>Cletocamptus retrogressus</i>		MBCle_rt	8	0.540	
<i>Brachionus plicatilis</i>		ZPBra_pl	13	0.539	
<i>Cricotopus salinophilus</i>		ZBCri_sf	9	0.508	
<i>Cletocamptus retrogressus</i>		ZPCle_rt	10	0.588	
V	<i>Apocyclops dengizicus</i>	ZPApo_dn	4	0.549	NH ₄ - N Zn Cl(«a»)
	<i>Cricotopus salinophilus</i>	MBCri_sf	6	0.622	
	<i>Apocyclops dengizicus</i>	MBApo_dn	5	0.635	
	<i>Cricotopus salinophilus</i>	ZPCri_sf	10	0.712	
	<i>Palpomyia schmidti</i>	ZBPal_sh	5	0.749	
	<i>Cyprideis torosa</i>	MBCyp_tr	8	0.287	

Примечание. T – встречаемость на участках, R^2 – длина корреляционного вектора на рис. 2, σ ; коды обнаруженных таксонов слева имеют следующие префиксы: ZB – макрозообентос, MB – мейобентос, ZP – зоопланктон.

Для сравнения комплексов данных, полученных по результатам одновременной гидробиологической съемки в 2013 и 2018 гг., использовали симметричный анализ совместной инерции CIA (*Co-Inertia Analysis* – Dolédec, Chessel, 1994), который считается наиболее общим методом оценки сопряженности двух матриц с

МНОГОМЕРНЫЙ СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ ПЛАНКТОННЫХ

описанием таксономической структуры сообществ или различных ординаций на их основе. При этом формируемые латентные переменные ориентированы в направлении максимальной многомерной *инерции* (информационной меры, определяемой как значение статистики χ^2 Пирсона для таблицы сопряженности двух ассоциируемых таблиц).

Прокрустов анализ, выполняемый на основе СИА, осуществляли с целью сравнения конфигурации точек двух параллельно построенных диаграмм методом «суперналажения» (Dray et al., 2003). Для этого предварительно проводилась подгонка геометрии пространства двух ординаций к сопоставимой форме путем масштабирования, центрирования и вращения. В итоге рассчитывали коэффициент прокрустовой корреляции $R_p = \sqrt{1 - m^2}$, где m^2 – сумма квадратов расстояний между координатами точек двух ординаций.

Построение модели зависимости таксономической структуры гидробионтов Y от совокупности абиотических факторов X осуществляли на основе метода частных наименьших квадратов PLS (*Partial Least Squares* – Wold, 1985), который является обобщением классического метода наименьших квадратов применительно к каноническим корреляциям. PLS на первом этапе проецирует исходные матрицы в новое редуцированное пространство, после чего выделяет набор латентных переменных, которые объясняют максимум ковариации между откликом Y и предикторами X . Вектор оценок коэффициентов B регрессии $Y = XB$ рассчитывается на основе ортогональных оценок и нагрузок на оси сформированной латентной структуры. Применительно к многомерной ординации PLS-регрессия предсказывает значения главных координат анализируемых объектов, в нашем случае – участков рек.

Для выделения латентных переменных из исходных матриц применяли модернизированный метод главных компонент *sgPCA* (Lê Cao et al., 2008). Включение дополнительного члена регуляризации позволяет решить проблему плохо обусловленных ковариационных матриц, а «разрежающие» (*sparse*) компоненты алгоритма выполняют селекцию информативного комплекса переменных, наиболее тесно связанных с откликом.

Для оценки статистической значимости прокрустовой корреляции использовался перестановочный тест, а проверку адекватности построенных моделей выполняли на основе алгоритма кросс-проверки (Шитиков, Розенберг, 2014).

Статистический анализ выполняли с использованием пакетов *ade4* и *mixOmics* (González et al., 2012; Singh et al., 2016) среды программирования R версии 3.06. Дополнительная информация по используемым методам содержится в обзорах (Шитиков, Зинченко, 2019; Hervé, 2016; Hervé et al., 2018) или в блоге Интернет одного из авторов <https://stok1946.blogspot.com/2019/03/blog-post.html>.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Для оценки динамики пространственного распределения видового состава за период 2013 – 2018 гг. на участках рек с различной минерализацией и иными характеристиками биотопов использовался метод анализа совместной инерции СИА.

Для этого строилась консенсусная ординационная диаграмма станций на основе обобщенного пространства видов (88 + 94) в результате объединения матриц гидробиологических съемок ГБ₁₃ и ГБ₁₈. Построенные две оси латентной структуры (ЛС) объясняли 59.6% совместной статистической вариацией и выявили высокое сходство сравниваемых ординаций. На рис. 1 представлена диаграмма прокрустового анализа дрейфа координат отдельных участков рек:

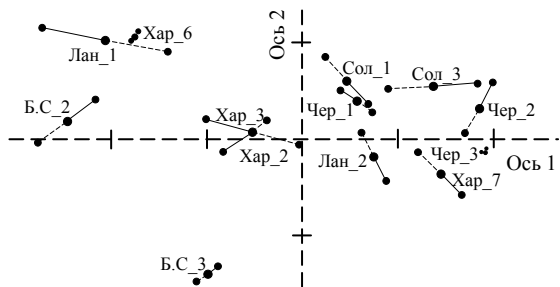


Рис. 1. Сдвиг проекций участков рек по данным гидробиологической съемки 2013 и 2018 гг. относительно консенсусной конфигурации в координатах двух осей латентной структуры по результатам прокрустового анализа совместной инерции. Условные обозначения участков рек см. табл. 1

отрезка показано исходное положение биотопов по наблюдениям 2013 г., на другом (связано пунктиром) – 2018 г., а посередине жирной точкой – консенсусное или усредненное состояние видовой структуры. Коэффициенты корреляции между осями консенсусной ординации и латентными переменными составили 0.969 и 0.971 соответственно, а RV -коэффициент, являющийся обобщенной мерой сходства двух таблиц данных, оказался равен 0.838.

Статистическую значимость взаимообусловленности двух комплексов наблюдений оценивали по коэффициенту прокрустовой корреляции R_p с использованием рандомизационной процедуры. В ее ходе строки обеих таблиц случайно перемешивались между собой 999 раз и строилось нуль-распределение величины R_p при справедливости H_0 . Поскольку эмпирическое значение $R_p = 0.94$ существенно превысило среднее $R_p = 0.87$ имитируемого распределения, то нулевую гипотезу о случайности связи таблиц ГБ₁₃ и ГБ₁₈ отклонили на уровне значимости $p = 0.00026$.

Заметим, что при сохранении основных закономерностей пространственного распределения видов, таксономический состав на отдельных станциях в той или иной степени менялся с течением времени, т.е. наблюдались динамические совокупности взаимодействующих между собой таксонов. Например, в 2013 г. комплекс ведущих таксонов, в наибольшей степени зависящих от пространственного расположения биотопов, включал *Tanytarsus kharaensis* (ZB), *Microchironomus deribae* (ZB), *Nais elinguis* (ZB), *Nitokra lacustris* (MB), *Cletocamptus confluens* (MB), *Cletocamptus confluens* (ZP), *Lecane hamata* (ZP), *Cyprideis torosa* (ZP), тогда как в 2018 г. – *Tanytarsus kharaensis* (ZB), *Cricotopus salinophilus* (ZB), *Palpomiya schmidti* (ZB), *Chironomus salinarius* (ZB), *Chironomus aprilinus* (ZB), *Cricotopus rufiventris* (ZB), *Cletocamptus confluens* (MB), *Cletocamptus confluens* (ZP), *Alona rectangula* (ZP), *Cricotopus salinophilus* (ZP).

Зависимость таксономической структуры гидробионтов ГБ₁₈ от совокупности абиотических факторов среды, представленных матрицей ГХ₁₈, находили путем построения ординационных моделей на основе PLS-регрессии. Модели строили в

двух форматах: с использованием всего комплекса исходных переменных и с селекцией набора наиболее влияющих предикторов. Возможную потерю информации от сокращения пространства признаков оценивали по методике, описанной выше, т.е. оценивали статистическую значимость коэффициента прокрустовой корреляции R_p между таблицами до и после редукции. Выяснилось, что сокращение количества показателей среды ГХ₁₈ с 30 до 21, а числа таксонов с 94 до 40 привело к пренебрежительно малым изменениям в конфигурации результирующих диаграмм.

На рис. 2, *a – в* показаны три взаимосвязанных графика, отражающих сокращенную ординационную модель. Диаграмма 2, *a* иллюстрирует ординацию 13 участков рек, обусловленную одновременно как видовым составом гидробионтов каждого биоценоза, так и совокупностью гидрохимических условий каждого биотопа. На графике использовалась группировка участков по грациям общей минерализации: 1 – свыше 25 г/л, 2 – от 15 до 25 г/л и 3 – менее 15 г/л. Можно предположить, что 1-я ось ординации связана с фактором минерализации воды, тогда как 2-я ось аккумулирует влияние остальных переменных среды.

На рис. 2, *б* более детально показана корреляционная связь между абиотическими показателями и осями построенной ординации. Представленные результаты свидетельствуют о том, что координаты участков рек, представленные на рис. 2, *a* (следовательно, и видовой состав сообществ), обусловлены не только общей минерализацией, но и широким набором других факторов среды. В частности, отрицательное направление оси 1 связывается с большой жесткостью воды с высоким содержанием ионов кальция и магния, которые обусловили кластер участков высокоминерализованных рек Солянка и Чернавка. В отличие от этого ось 2 в первую очередь зависит от содержания хлорида и гидрокарбоната натрия, очень высокое содержание которых характерно для верховьев р. Ланцуг. Участки р. Б. Саморода характеризуются низкой концентрацией перечисленных компонентов, но сравнительно высоким содержанием растворенного кислорода и фосфатов. Заметим также, что вариация концентрации ионов меди находится на пороге погрешности метода измерения и ее высокую корреляцию следует, видимо, считать «ложной».

На рис. 2, *в* отражены корреляционные связи между обилием отдельных таксонов гидробионтов и осями латентной структуры. Совмещение корреляционных кругов 2 *б* и 2 *в* позволяет выявить, какие показатели водной среды создают толерантные условия для развития каждого вида, включенного в анализ. На основе анализа близости коэффициентов корреляции было выделено пять относительно характерных групп видов (I – V на рис. 2, *в*) и для каждой из них были установлены ведущие гидрохимические показатели, которые с точки зрения многомерной ординации в наибольшей степени определяют их биотопические предпочтения. На основе анализа близости коэффициентов корреляции было выделено пять относительно характерных групп видов (I – V на рис. 2, *в*) и для каждой из них установлены ведущие гидрохимические показатели, которые с точки зрения многомерной ординации в наибольшей степени определяют их биотопические предпочтения. Анализ сформированных групп дает основания утверждать, что планктонные и

донные сообщества в нестационарных условиях высокоминерализованных рек образуют совместно функционирующие динамические ассоциации консорциативного типа, виды которых объединены как одинаковой толерантностью к факторам водной среды, так и общими трофическими отношениями с субстратом.

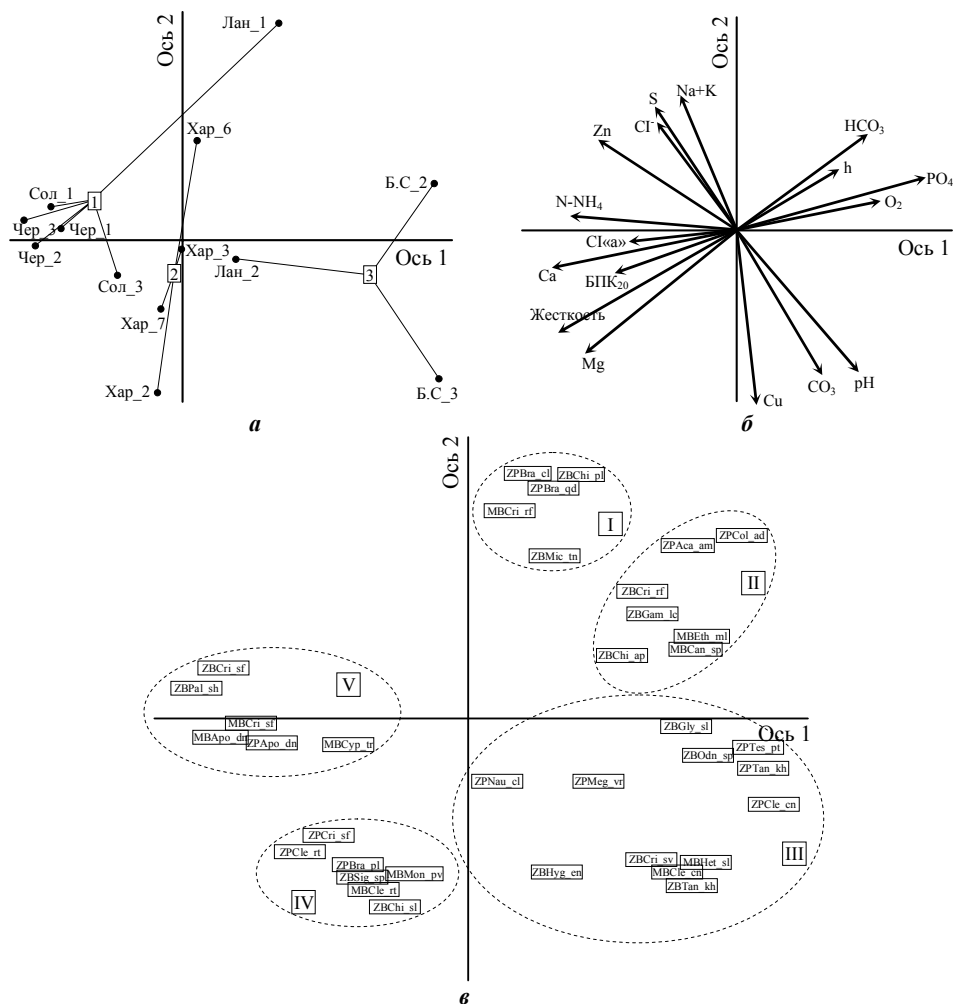


Рис. 2. Результаты прямого ординационного анализа зависимости таксономической структуры гидробионтов рек бассейна оз. Эльтон от абиотических факторов среды с использованием метода частных наименьших квадратов: а – ординация участков рек в пространстве двух осей латентной структуры (ЛС) (обозначения станций участков рек в пространстве двух осей латентной структуры (ЛС) (обозначения станций участков рек см. табл. 1); б – диаграмма корреляции абиотических факторов с осями ЛС; в – диаграмма корреляционной связи обилия отдельных таксонов водных организмов осями ЛС (условные обозначения см. табл. 2)

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Для планктонных и бентосных сообществ соленых рек бассейна оз. Эльтон характерны устойчивые закономерности пространственного распределения численности видов. При сравнении двух матриц по результатам гидробиологической съемки в 2013 и 2018 гг. отмечается их высокая структурная согласованность, выраженная тесной сопряженностью латентных осей, построенных в направлении максимальной вариации данных, и статистической близостью координат участков станций. В то же время выявленные многолетние флуктуации таксономического состава гидробионтов заставляют рассматривать изучаемую экосистему как неравновесные динамически изменяющиеся консорциумы видов.

Взаимосвязь планктонных и донных сообществ, выявленная с использованием методов многомерной ординации, обусловлена как биотическими взаимодействиями, так и взаимно согласованной реакцией видов на изменение условий водной среды. Установлено, что ведущими гидрохимическими факторами, оказывающими значимое влияние на таксономическую структуру, являются общая жесткость воды, содержание фосфатов, хлоридов, растворенного кислорода и ионов аммония. Выделены группы видов, обладающих различным (повышенным или пониженным) уровнем толерантности к перечисленным абиотическим воздействиям.

Авторы благодарны В. А. Гусакову, В. И. Лазаревой, С. Э. Болотову (Институт биологии внутренних вод РАН им. И. Д. Папанина, пос. Борок) за участие в сборе и определении организмов планктона и мейобентоса.

Работа выполнена в рамках государственного задания «Оценка современного биоразнообразия и прогноз его изменения для экосистем Волжского бассейна в условиях их природной и антропогенной трансформации» (АААА-А17-117112040040-3) и при частичной финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект № 17-04-00135).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Зинченко Т. Д., Головатюк Л. В., Выхристюк Л. А., Шитиков В. К. Разнообразие и структура сообществ макрозообентоса высокоминерализованной р. Хара (Приэльтонье) // Поволж. экол. журн. 2010. № 1. С. 14 – 30.

Зинченко Т. Д., Шитиков В. К., Головатюк Л. В., Гусаков В. А., Лазарева В. И. Анализ связей между сообществами гидробионтов в соленых реках с использованием многомерной блочной ординации // Биология внутренних вод. 2019. № 4. С. 82 – 89.

Шитиков В. К., Зинченко Т. Д. Многомерный статистический анализ экологических сообществ (обзор) // Теоретические проблемы экологии. 2019. № 1. С. 5 – 11. DOI: <https://doi.org/10.25750/1995-4301-2019-1-005-011>

Шитиков В. К., Розенберг Г. С. Рандомизация и бутстреп : статистический анализ в биологии и экологии с использованием R. Тольятти : Кассандра, 2014. 314 с.

Эрве М. Путеводитель по применению статистических методов с использованием R / пер. В. К. Шитикова. Тольятти, 2018. 351 с. URL: <https://stok1946.blogspot.com> (дата обращения: 24.07.2018)

Dolédéc S., Chessel D. Co-inertia Analysis: An Alternative Method for Studying Species-environment Relationships // Freshwater Biology. 1994. Vol. 31. P. 277 – 294.

Dray S., Chessel D., Thioulouse J. Procrustean Co-inertia Analysis for the Linking of Multivariate Datasets // Écoscience. 2003. Vol. 10, iss. 3. P. 110 – 119.

González I., Lê Cao K.-A., Davis M. J., Déjean S. Visualising Associations Between Paired “Omics” Data Sets // *BioData Mining*. 2012. Vol. 5. P. 19. DOI: <https://doi.org/10.1186/1756-0381-5-19>

Hervé M. R., Nicolè F., Lê Cao K. A. Multivariate Analysis of Multiple Datasets : a Practical Guide for Chemical Ecology // *J. of Chemical Ecology*. 2018. Vol. 44, iss. 3. P. 215 – 234. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10886-018-0932-6>

Lê Cao K.-A., Rossouw D., Robert-Granié C., Besse P. A Sparse PLS for Variable Selection when Integrating Omics data // *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*. 2008. Vol. 7, iss. 1. P. 35. DOI: <https://doi.org/10.2202/1544-6115.1390>

Singh A., Gautier B., Shannon C. P., Vacher M., Rohart F., Tebutt S. J., Le Cao K.-A. DIABLO-an Integrative, Multi-omics, Multivariate Method for Multi-group Classification // *BioRxiv*. 2016. № 067611. P. 1 – 50. DOI: <https://doi.org/10.1101/067611>

Wold H. Partial least squares // *Encyclopedia of Statistical Sciences* / eds. S. Kotz, N. Johnson. New York : Wiley, 1985. P. 581 – 591.

Zinchenko T. D., Shitikov V. K., Golovatyuk L. V., Gusakov V. A., Lazareva V. I. Plankton and Bottom Communities in the Saline Rivers of Lake Elton Basin : Statistical Analysis of Dependences // *Arid Ecosystems*. 2018. Vol. 8, № 3. P. 225 – 230.

Zinchenko T. D., Golovatyuk L. V., Abrosimova E. V., Popchenko T. V. Macrozoobenthos in Saline Rivers in the Lake Elton Basin : Spatial and Temporal Dynamics // *Inland Water Biology*. 2017. Vol. 10, № 4. P. 384 – 398.

**Multidimensional Statistical Analysis of the Structure of Plankton
and Bottom Communities of Mineralized Rivers of the Lake Elton Basin**

Tatyana D. Zinchenko, <https://orcid.org/0000-0002-3808-4700>; zinchenko.tdz@yandex.ru

Vladimir K. Shitikov, <https://orcid.org/0000-0002-8385-1913>; stok1946@gmail.com

Larisa V. Golovatyuk, <https://orcid.org/0000-0003-4773-5277>; gollarisa@mail.ru

Elina V. Abrosimova, <https://orcid.org/0000-0002-4435-1166>; a-elina-v@yandex.ru

*Institute of Ecology of the Volga River Basin, Russian Academy of Sciences
10 Komzin St., Togliatti 445003, Russia*

Received 30 June 2019, revised 22 August 2019, accepted 10 September 2019

Zinchenko T. D., Shitikov V. K., Golovatyuk L. V., Abrosimova E. V. Multidimensional Statistical Analysis of the Structure of Plankton and Bottom Communities of Mineralized Rivers of the Lake Elton Basin. *Povolzhskiy Journal of Ecology*, 2019, no. 4, pp. 407–418 (in Russian). DOI: <https://doi.org/10.35885/1684-7318-2019-4-407-418>

This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution 4.0 License

The paper presents the results of our comprehensive studies of the saline rivers of the arid Prieltonie region based on hydrobiological surveys of plankton and bottom communities. We have compared two tables of the specific structure according to the results of observations at 13 river sites in 2013 and 2018, which included the numbers of hydrobionts of 94 different taxonomic groups of macrozoobenthos, meiobenthos and zooplankton. Using the method of joint inertia analysis, we have revealed a high statistical consistency of the data matrices, due to objective laws of the spatial distribution of aquatic organisms. A randomization test of the Procrustean correlation coefficient showed the statistical significance ($p = 0.00026$) of the conjugacy of both specific structures in the space of latent variables. At the same time, a certain trend was noted in the changes in the taxonomic composition of communities at individual stations over time under the conditions of dynamic abiotic factors. We have analyzed the dependence of the taxonomic structure of hydrobionts on a set of 30 abiotic environmental factors obtained during hydrobiological and hydrochemical monitoring of the studied river sections. Using canonical correlation analysis and the projection method on latent structures, a set of ordination diagrams was plotted to allow revealing peculiar “ecological niches” for each group of species with a certain set of characteristics of their biotopes. The plankton and bottom communities were shown to correlate quite well with each other, which indicates a close relationship between them, due to both biotic interactions and a mutually agreed response to changes in aquatic factors.

Keywords: saline rivers, zooplankton, macrozoobenthos, meiobenthos, community structure, co-inertia analysis, Procrustean analysis, multidimensional ordination.

DOI: <https://doi.org/10.35885/1684-7318-2019-4-407-418>

Acknowledgments: The work was carried out within the framework of the state task “Assessment of Modern Biodiversity and Forecast of its Changes for the Volga Basin Ecosystems under Conditions of Their Natural and Anthropogenic Transformation” (AAAA17-117112040040-3)

and was partially supported by the Russian Foundation for Basic Research (project No. 17-04-00135).

REFERENCES

Zinchenko T. D., Golovatjuk L. V., Vykhristjuk L. A., Shitikov V. K. Diversity and Structure of Macrozoobenthos Communities in the Highly Mineralized Hara River (near Elton Lake). *Povolzhskiy J. of Ecology*, 2010, no. 1, pp. 14–30 (in Russian).

Zinchenko T. D., Shitikov V. K., Golovatyuk L. V., Gusakov V. A., Lazareva V. I. Multidimensional Block Ordination Analysis of Relations between the Communities of Hydrobionts in Saline Rivers. *Biologiya Vnutrennikh Vod*, 2019, no. 4, pp. 82–89 (in Russian).

Shitikov V. K., Zinchenko T. D. Multivariate Statistical Analysis of Ecological Communities (Review). *Theoretical and Applied Ecology*, 2019, no. 1, pp. 5–11 (in Russian). DOI: <https://doi.org/10.25750/1995-4301-2019-1-005-011>

Shitikov V. K., Rozenberg G. S. *Randomizatsiya i butstrep: statisticheskii analiz v biologii i ekologii s ispol'zovaniem R* [Randomization and Bootstrap: Statistical Analysis in Biology and Ecology Using R]. Togliatti, Kassandra Publ., 2014. 314 p. (in Russian).

Hervé M. *Aide-mémoire de statistique appliquée à la biologie. Construire son étude et analyser les résultats à l'aide du logiciel R*. Translation by V. K. Shitikov Togliatti, 2018. 351 p. Available at: <https://stok1946.blogspot.com> (accessed 24 July 2018) (in Russian).

Dolédéc S., Chessel D. Co-inertia Analysis: An Alternative Method for Studying Species-environment Relationships. *Freshwater Biology*, 1994, vol. 31, pp. 277–294.

Dray S., Chessel D., Thioulouse J. Procrustean Co-inertia Analysis for the Linking of Multivariate Datasets. *Écoscience*, 2003, vol. 10, iss. 3, pp. 110–119.

González I., Lê Cao K.-A., Davis M. J., Déjean S. Visualising Associations Between Paired “Omics” Data Sets. *BioData Mining*, 2012, vol. 5, pp. 19. DOI: <https://doi.org/10.1186/1756-0381-5-19>

Hervé M. R., Nicolè F., Lê Cao K. A. Multivariate Analysis of Multiple Datasets: a Practical Guide for Chemical Ecology. *J. of Chemical Ecology*, 2018, vol. 44, iss. 3, pp. 215–234. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10886-018-0932-6>

Lê Cao K.-A., Rossouw D., Robert-Granié C., Besse P. A Sparse PLS for Variable Selection when Integrating Omics data. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, 2008, vol. 7, iss. 1, pp. 35. DOI: <https://doi.org/10.2202/1544-6115.1390>

Singh A., Gautier B., Shannon C. P., Vacher M., Rohart F., Tebutt S. J., Le Cao K.-A. DIABLO-an integrative, multi-omics, multivariate method for multi-group classification. *BioRxiv*, 2016, no. 067611, pp. 1–50. DOI: <https://doi.org/10.1101/067611>

Wold H. Partial least squares. In: S. Kotz, N. Johnson, eds. *Encyclopedia of Statistical Sciences*. New York, Wiley, 1985, pp. 581–591.

Zinchenko T. D., Shitikov V. K., Golovatyuk L. V., Gusakov V. A., Lazareva V. I. Plankton and Bottom Communities in the Saline Rivers of Lake Elton Basin: Statistical Analysis of Dependences. *Arid Ecosystems*, 2018, vol. 8, no. 3, pp. 225–230.

Zinchenko T. D., Golovatyuk L. V., Abrosimova E. V., Popchenko T. V. Macrozoobenthos in Saline Rivers in the Lake Elton Basin : Spatial and Temporal Dynamics. *Inland Water Biology*, 2017, vol. 10, no. 4, pp. 384–398.