



Investigating the Role of Latent Variables and Species Interactions in Joint Species Distribution Modeling of Fish Species in Rivers of the Southern Caspian Sea Basin

Mohammad Hajipour Mohammadabad^{a*}, Hossein Mostafavi^a, Khosro Piri^a, Asghar Abdoli^a

^aDepartment of Biodiversity and Ecosystem Management, Institute of Environmental Sciences, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran.

*Corresponding author: mohammad.hajipour.ir@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-8894-7498>

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:
Received: 2026/01/30
Received in revised form:
2026/02/19
Accepted 2026/02/30
Available online: 2026/03/06

Keywords:
Ecological interactions,
Species co-distribution,
Riverine Fish,
Latent Variables.

ABSTRACT

Understanding the factors governing species distributions is fundamental to freshwater ecology and biodiversity conservation. Conventional Species Distribution Models (SDMs) primarily explain species occurrences using environmental variables but generally overlook interspecific interactions and unmeasured ecological processes. Joint Species Distribution Models (JSDMs) overcome this limitation by simultaneously modeling multiple species and incorporating latent variables to capture residual species associations. This study represents the first application of a latent-variable JSDM to freshwater fish communities in Iranian inland waters, aiming to evaluate the combined effects of environmental drivers and hidden ecological interactions on fish assemblages in the western and central ecoregions of the southern Caspian Sea basin. Fish occurrence data for 22 species were collected from 175 randomly selected passable river sites using standardized electrofishing protocols. Environmental predictors included climatic, topographic, hydrological, and land-use variables. After multicollinearity assessment, ten predictors were retained for modeling. A multivariate probit JSDM with latent variables was implemented using the JSDM package in R. Results demonstrated that temperature and annual precipitation were the dominant environmental determinants of fish distributions, while watershed characteristics and human land use further influenced species occurrence. Residual correlation matrices revealed substantial positive and negative species associations that were not explained by measured environmental variables, indicating potential habitat sharing, ecological similarity, competition, and the influence of invasive species. Positive associations were observed between *Salmo trutta* and *Oncorhynchus mykiss*, whereas several native species showed negative correlations with invasive taxa. These findings demonstrate that incorporating latent variables substantially improves community-level distribution modeling by accounting for hidden ecological processes. The proposed framework provides a robust scientific basis for river restoration, invasive species management, biodiversity conservation, and ecosystem-based freshwater management under ongoing environmental and climatic change.

Cite this article: Hajipourmohammadabad, M., Mostafavi, H., Piri, K., & Abdoli, A. (2026). Investigating the Role of Latent Variables and Species Interactions in Joint Species Distribution Modeling of Fish Species in Rivers of the Southern Caspian Sea Basin. *Strategies of Engineering Sciences and Sustainable Systems Management*, 1(1), 79-97. <https://doi.org/10.22034/jsesm.2026.252595>



© The Author(s).

Publisher: Iranian Scientific Association of Waste Engineering and Management.

DOI: <https://doi.org/10.22034/jsesm.2026.252595>

Introduction

Understanding how biological communities respond to environmental variation remains one of the principal challenges in ecology. Species distributions are determined not only by abiotic conditions but also by complex ecological interactions, including competition, facilitation, habitat sharing, and other biotic processes operating across multiple spatial scales. Predicting these relationships is particularly important in freshwater ecosystems, where habitat fragmentation, climate change, invasive species, and increasing anthropogenic pressures continuously reshape community composition.

Species Distribution Models (SDMs) have become essential tools for predicting species occurrence and identifying suitable habitats. However, conventional SDMs generally assume ecological independence among species and therefore neglect biotic interactions that substantially influence community assembly. This limitation may reduce predictive accuracy and hinder conservation planning, especially in highly diverse freshwater ecosystems. Recent developments in community ecology have led to the emergence of Joint Species Distribution Models (JSDMs), which simultaneously model multiple species while incorporating both environmental responses and residual species associations. Through latent-variable approaches, JSDMs can identify hidden ecological gradients and unexplained covariance among species, providing a more realistic representation of ecological communities.

Despite their growing international application, JSDMs have not previously been implemented for freshwater fish assemblages in Iran. Consequently, little is known about how environmental filtering and latent ecological processes jointly shape fish communities in the southern Caspian Sea basin. This study addresses this knowledge gap by applying a latent-variable JSDM to investigate fish assemblages across the western and central Caspian ecoregions. Specifically, the study aims to (i) quantify the effects of environmental variables on species distributions, (ii) identify residual species associations that may indicate ecological interactions, and (iii) evaluate the usefulness of latent-variable JSDMs for supporting biodiversity conservation and river ecosystem management. The findings are intended to assist freshwater ecologists, conservation biologists, fisheries managers, and environmental decision-makers seeking community-based approaches to ecosystem conservation.

Method

This research employed an observational ecological design based on species occurrence data collected from natural river systems within the western and central ecoregions of the southern Caspian Sea basin. A total of 175 randomly selected passable river reaches were surveyed during the autumn season using standardized electrofishing procedures recommended by the European Committee for Standardization (CEN). Sampling reaches covered multiple habitat types to ensure representative assessment of local fish assemblages. All captured individuals were identified to species level and released after sampling.

The dataset included 22 freshwater fish species, representing endemic, native, and non-native taxa. Environmental predictors were compiled from the WorldClim database together with GIS-derived topographic, hydrological, and land-use variables. Initially, nineteen bioclimatic variables were extracted; following Pearson correlation analysis and ecological expert evaluation, ten variables were retained to minimize multicollinearity. These included annual mean temperature, minimum temperature of the coldest month, maximum temperature of the warmest month, annual temperature range, annual precipitation, watershed slope, upstream drainage area, river segment length, agricultural land area, and urban land area.

Species occurrence data were analyzed using the JSDM package in R (version 4.4) within a multivariate probit framework. Latent variables were incorporated to account for unexplained covariance among species after controlling for measured environmental predictors. Residual

correlation matrices were subsequently interpreted to identify potential ecological interactions, shared habitat preferences, competitive exclusion, and hidden environmental influences affecting fish community assembly.

Results

The latent-variable Joint Species Distribution Model (JSDM) provided a comprehensive assessment of the environmental and ecological factors structuring freshwater fish assemblages across the western and central ecoregions of the southern Caspian Sea basin.

Among the environmental predictors, climatic variables emerged as the dominant determinants of species occurrence. Temperature-related variables, including annual mean temperature, minimum temperature of the coldest month, maximum temperature of the warmest month, and annual temperature range, exerted the strongest influence on the spatial distribution of most species. These variables were particularly important in distinguishing cold-water species from warm-water assemblages, highlighting the sensitivity of freshwater fish communities to thermal gradients. Annual precipitation also contributed substantially to species occurrence by influencing stream flow, habitat availability, and hydrological connectivity throughout the river network. Together, these climatic variables explained a considerable proportion of the observed variation in species distributions, confirming their fundamental role in shaping riverine fish communities.

Despite the strong explanatory power of the measured environmental variables, the latent-variable JSDM identified substantial residual correlations among species after accounting for abiotic effects. These residual associations indicate that additional ecological processes, including species interactions and unmeasured environmental factors, contribute significantly to community assembly. Positive residual correlations generally reflected shared habitat preferences, similar ecological requirements, or potential facilitative relationships. For example, *Salmo trutta* and *Oncorhynchus mykiss* exhibited one of the strongest positive associations, suggesting a high degree of habitat overlap associated with cold, well-oxygenated mountain streams. Similarly, *Squalius turcicus* and *Squalius berak* showed consistent positive correlations, indicating comparable ecological niches and co-occurrence within similar river habitats. Additional positive associations observed among species such as *Capoeta razi*, *Sabanejewia aurata*, and several benthic taxa further support the existence of habitat-sharing patterns within the study area.

Conversely, the model revealed several pronounced negative residual correlations that likely reflect competitive interactions, ecological segregation, or the influence of invasive species. Strong negative associations involving *Carassius auratus*, *Pseudorasbora parva*, and multiple native species suggest that invasive fishes may compete with indigenous taxa for habitat and food resources or indirectly modify community structure. Negative relationships were also detected between *Rhodeus amarus* and *Pseudorasbora parva*, as well as between *Oncorhynchus mykiss* and *Neogobius melanostomus*, indicating potential ecological incompatibilities or competitive exclusion. These findings are consistent with ecological theory predicting that species occupying similar niches may exhibit negative co-occurrence patterns when resources become limiting.

The residual correlation matrix further demonstrated that not all unexplained associations necessarily represent direct biological interactions. Instead, some residual covariance may reflect unmeasured environmental drivers, such as microhabitat characteristics, substrate composition, localized water quality, riparian vegetation, or other fine-scale ecological processes that were not explicitly incorporated into the model. Consequently, the latent-variable framework captures both hidden environmental heterogeneity and potential biotic interactions,

providing a more realistic representation of community structure than conventional single-species models.

Collectively, these results demonstrate that integrating latent variables into Joint Species Distribution Models substantially improves the interpretation of freshwater fish assemblages by simultaneously quantifying environmental filtering and species co-occurrence patterns. The findings emphasize that accurate prediction of fish distributions requires consideration of both abiotic drivers and hidden ecological processes, thereby providing a stronger scientific foundation for biodiversity conservation, river restoration, invasive species management, and ecosystem-based freshwater planning in the southern Caspian Sea basin.

Conclusions

This study provides the first application of latent-variable Joint Species Distribution Models to freshwater fish communities in Iran and demonstrates their considerable advantages over conventional single-species distribution models. The results indicate that fish assemblages are jointly structured by environmental filtering and hidden ecological interactions, emphasizing that community-level modeling provides a more realistic understanding of biodiversity patterns than independent species analyses.

The findings have important implications for river restoration, freshwater biodiversity conservation, invasive species management, and ecosystem-based environmental planning. By simultaneously accounting for environmental drivers and species associations, latent-variable JSDMs improve ecological prediction and provide valuable guidance for prioritizing conservation actions under climate change and increasing anthropogenic pressure. Future studies should integrate additional environmental variables, long-term monitoring data, and functional or phylogenetic information to further refine predictions of freshwater community dynamics and strengthen evidence-based management strategies for the southern Caspian Sea basin.



بررسی نقش متغیرهای پنهان و تعاملات گونه‌ای در مدل‌سازی پراکنش مشترک گونه‌های ماهی در رودخانه‌های حوضه جنوبی دریای خزر

محمد حاجی‌پور محمدآباد^a، حسین مصطفوی^{a*}، خسرو پیری^a، اصغر عبدلی^a

^aگروه تنوع زیستی و مدیریت اکوسیستم‌ها، پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران.

*نویسنده مسئول: mohammad.hajipour.ir@gmail.com

اطلاعات مقاله

چکیده

نوع مقاله:

مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۱/۱۰

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۱۱/۳۰

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۲/۱۰

تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۱۲/۱۵

کلیدواژه‌ها:

تعاملات اکولوژیکی،

توزیع مشترک گونه‌ها،

ماهیان رودخانه‌ای،

متغیرهای پنهان.

درک چگونگی تأثیر زیستگاه و شرایط محیطی بر توزیع ماهی‌ها و پیش‌بینی چگونگی واکنش جوامع ماهی به تغییرات محیطی از اهداف اصلی در بوم‌شناسی ماهیان رودخانه‌ای هستند. در رویکردهای کمی که به طور سنتی برای دستیابی به این اهداف مورد استفاده قرار می‌گیرند، عمدتاً تأثیرات تعاملات گونه‌ها (رقابت، شکار، همزیستی و غیره) را بر شکل‌دهی ساختار جامعه نادیده گرفته می‌شوند، که به طور بالقوه منجر به پیش‌بینی‌های با دقت کمتر در مورد توزیع گونه‌ها می‌شود. لذا با توجه به اینکه تا کنون توزیع مشترک گونه‌ها در مورد ماهیان آب‌های داخلی ایران انجام نشده است، تصمیم گرفتیم تا با استفاده از یک مطالعه موردی با حضور ۲۲ گونه در مناطق زیستی مرکزی و غربی حوضه جنوبی دریای خزر، توزیع مشترک گونه‌ها انجام شود. نتایج نشان داد که چگونه مدل‌های توزیع گونه‌های مشترک می‌توانند با کمی کردن هم‌زمان اثرات متغیرهای غیرزیستی و تعاملات گونه‌ها، با استفاده از ماتریس همبستگی باقیمانده مدل متغیرهای پنهان، نتایج قابل قبولی در مورد جفت گونه‌ها ارائه دهد و تعاملات گونه‌ها را در پیش‌بینی پراکنش گونه‌ها دخیل کرده و نسبت به مدل‌هایی که تعاملات گونه‌ها را نادیده می‌گیرند، بهتر پیش‌بینی کنند. همچنین بررسی‌ها نشان دادند که پراکنش ماهیان خزر به شدت تحت تأثیر متغیرهای محیطی (مانند دما و بارش) و رقابت بین گونه‌هاست. این رویکرد می‌تواند شباهت‌ها و تفاوت‌های اکولوژیکی بین گونه‌ها را آشکار کند، که می‌تواند به ما کمک کند از تضاد بین برنامه‌های حفاظت از گونه‌های هدف جلوگیری کنیم. به عنوان مثال همبستگی مثبت بین قزل‌آلای خال قرمز *Salmo trutta* و قزل‌آلای رنگین کمانی *Onchornomys mykiss* نشانگر این است که این دو گونه شبیه‌ترین زیستگاه را با هم دارند این تحلیل می‌تواند به مدیران حفاظت منابع آبی در تدوین استراتژی‌های حفاظتی مانند احیای رودخانه‌های منتهی به خزر در حفاظت از گونه‌های بومی و در معرض خطر و کنترل گونه‌های مهاجم کمک کند.

استناد به این مقاله: حاجی پورمحمدآباد، محمد؛ مصطفوی، حسین؛ پیری، خسرو و عبدلی، اصغر. (۱۴۰۴). بررسی نقش متغیرهای پنهان و تعاملات گونه‌ای در مدل‌سازی پراکنش مشترک گونه‌های ماهی در رودخانه‌های حوضه جنوبی دریای خزر. *راهبردهای علوم مهندسی و مدیریت سیستم های پایدار*، (۱)، ۷۹-۹۷.

<https://doi.org/10.22034/jsesm.2026.252595>



© نویسندگان

DOI: <https://doi.org/10.22034/jsesm.2026.252595>

ناشر: انجمن علمی مهندسی و مدیریت پسماند ایران

مقدمه

درک و پیش‌بینی توزیع گونه‌ها در فضا و زمان یکی از سوالات اصلی در بوم‌شناسی است (Thuiller et al., 2013). به این ترتیب، مدل‌های توزیع گونه‌ها^۱ ابزار ضروری برای بررسی نحوه واکنش گونه‌ها به محیط هستند (Guisan et al., 2017). اصل اساسی در این مورد این است که مشاهدات گونه‌های فردی را به مجموعه‌ای از پیش‌بینی‌کننده‌های محیطی مرتبط کنیم. رابطه تخمین زده شده بین گونه‌ها و محیط اجازه می‌دهد تا جایگاه محیطی گونه را استنتاج کنیم و سپس توزیع آن را برای شرایط محیطی جدید، چه در فضا یا زمان، یا در هر دو پیش‌بینی کنیم (Guisan et al., 2017). در حالی که مدل‌های توزیع گونه‌ها می‌توانند برای مطالعه مجموعه گونه‌ها مورد استفاده قرار گیرند ولی اصولاً آن‌ها برای مدل‌سازی و پیش‌بینی توزیع گونه‌های منفرد به کار می‌روند. برای مدل‌سازی مجموعه‌های گونه‌ها، پیشرفت‌های آماری اخیر به مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ها^۲ منجر می‌شود (Pollock et al., 2014). در مدل‌های توزیع گونه‌ها، ضرایب رگرسیون به پاسخ گونه‌ها به متغیر محیطی مربوط می‌شود، در حالی که در مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ها همبستگی بین باقیمانده‌ها، وابستگی‌های هر جفت گونه را به صورت مجزا توصیف می‌کند که توسط متغیرهای محیطی استفاده شده، توضیح داده نشده است.

از آنجایی که توزیع مشترک گونه‌ها برای بررسی داده‌های جامعه ایجاد شده‌اند، با پیشرفت‌های روزافزون روش‌های جدید برای ارزیابی جامعه محبوبیت بیشتری پیدا می‌کنند (Karp et al., 2025; Korhonen et al., 2024; Lazagabaster et al., 2024; Stolf & Dunson, 2025; Taberlet et al., 2012). با این حال، کاربرد آنها برای مجموعه داده‌های بزرگ هنوز با محدودیت‌هایی مانند: هزینه‌های محاسباتی و تفسیر ماتریس کوواریانس باقی‌مانده^۳ مواجه است. در واقع، توزیع مشترک گونه‌ها از نظر محاسباتی هزینه‌بر هستند زیرا تعداد پارامترهای تخمین زده شده در ماتریس همبستگی باقیمانده با تعداد گونه‌ها به طور توانی افزایش می‌یابد. چندین رویکرد برای رفع این مشکل وجود دارد. برای توزیع مشترک گونه‌هایی که مبتنی بر مدل پروبیت^۴ چند متغیره هستند، یک راه حل متداول بر کاهش ابعاد از طریق مدل‌های متغیر پنهان^۵ تکیه دارد، که در آن بعد موثر مدل با تقریب رتبه پایین ماتریس کوواریانس باقیمانده کاهش می‌یابد (Warton et al., 2015).

توزیع مشترک گونه‌ها به ویژه برای تجزیه و تحلیل داده‌های جامعه ماهی مفید هستند، زیرا داده‌های حضور ماهی اغلب در فضا و در طول زمان جمع‌آوری می‌شوند و در نتیجه ممکن است همبستگی مکانی و یا زمانی خود را نشان دهند. هنگامی که خودهمبستگی مکانی و یا زمانی وجود داشته باشد و در نظر گرفته نشود، استنباط مدل ممکن است سوگیری داشته باشد اگر وابستگی قوی وجود داشته باشد، گنجاندن اثرات تصادفی همچنین می‌تواند پیش‌بینی‌ها را در مکان‌های نمونه‌گیری نشده در زمان و مکان بهبود بخشد (Hui & Poisot, 2016).

چندین مطالعه کلیدی، ارزش استفاده از توزیع مشترک گونه‌ها را در تحقیقات ماهیان آب شیرین نشان می‌دهند. Tikhonov و همکارانش (Tikhonov et al., 2020) از یک مدل با داده‌های ماهیان دریاچه‌ای از فنوسکاندیا برای بررسی چگونگی تغییر ارتباطات گونه‌ای توسط دما استفاده کردند و چارچوبی برای ارزیابی تغییرات ناشی از آب و هوا در ترکیب جامعه ارائه دادند. Dasilva و همکارانش (da Silva et al., 2023) توزیع مشترک را روی مجموعه‌های صدف آب شیرین و ماهی میزبان در حوضه رودخانه دورو اعمال کردند و نشان دادند که این مدل‌ها می‌توانند گونه‌های میزبان

¹ Species Distribution Models ; SDM

² joint Species Distribution Models; jSDMs

³ Residual Covariance Matrix

⁴ Probit

⁵ Latent variable Model; LVM

مهم را شناسایی کرده و پاسخ‌های محیطی مشترک را از ارتباطات زیستی بالقوه جدا کنند. در دلتای اوکوانگو پایینی، از یک مدل توزیع مشترک برای بررسی تجمع ماهی جامعه در رودخانه‌های متناوب استفاده شد که نشان می‌دهد نشان می‌دهد که شرایط محیطی، از جمله دما و ویژگی‌های زیستگاه، نقش مهمی در توزیع ماهیان دارند؛ در عین حال، برخی همبستگی‌های باقیمانده بین گونه‌ها می‌تواند با تعاملات زیستی، سازگار باشد (Bokhutlo et al., 2023). و McLaughlin و همکارانش (McLaughlin et al., 2024) بیش از ۵۰ گونه ماهی نهر را در سراسر حوزه آبخیز خلیج چسپایک ارزیابی کردند و دریافتند که پیش‌بینی‌های توزیع مشترک، تخمین‌های وقوع را برای بسیاری از گونه‌های عمومی و چندین گونه نادر بهبود می‌بخشد، اگرچه مزایای آن در بین گونه‌ها متفاوت بود و برای گونه‌های مهاجم مورد بررسی محدود بود. روی هم رفته، این مطالعات نشان می‌دهند که توزیع مشترک گونه‌ها نه تنها برای توصیف هم‌زیستی ماهی‌های آب شیرین، بلکه برای بهبود پیش‌بینی‌ها، ارزیابی پاسخ‌های اقلیمی، شناسایی وابستگی‌های ماهی میزبان و درک فرآیندهای تجمع اجتماعی نیز مفید هستند.

گونه‌های ماهی در حوضه جنوبی دریای خزر علاوه بر خطرات ناشی از تغییر اقلیم با تهدیدات متعددی مانند: تغییر زیستگاه ناشی از توسعه‌ی شهری، کشاورزی و سدسازی، آلودگی ناشی از پساب‌های کشاورزی و صنعتی، معرفی گونه‌های غیر بومی، صید بی رویه و خشکسالی نیز روبرو هستند که عمدتاً به دلیل فعالیت‌های انسانی و تغییرات محیطی است (Esmaceli et al., 2014; Mostafavi et al., 2019; Seifali et al., 2012)، علاوه بر تهدیدات ذکر شده پیش‌بینی می‌شود که ماهیان حوضه‌ی جنوبی دریای خزر با خطر شدید از دست دادن زیستگاه نیز مواجهند. در این مطالعه سعی کردیم با استفاده از تعیین روابط و تعاملات بین گونه‌ها ارتباط بین زیستگاه‌های گونه‌ها را جهت حفاظت از گونه‌های حساس شناسایی کنیم.

روش‌شناسی پژوهش

منطقه مورد مطالعه

حوضه‌ی آبریز دریای خزر در شمال ایران قرار دارد که توسط دریای خزر در شمال و کوه‌های البرز در جنوب احاطه شده است. این حوضه با مساحت ۱۸۲،۱۰۰ کیلومتر مربع از سه منطقه زیستی در خاک ایران با نام‌های زهکش‌های کورا و جنوب خزر^۱، ارتفاعات خزر^۲ و دشت‌های تورانی^۳ تشکیل شده است (Mostafavi et al., 2019; Mostafavi et al., 2015). با توجه به امکانات در دسترس به لحاظ بودجه‌ای و زمانی پژوهش مورد نظر در دو منطقه‌ی زیستی غربی (زهکش‌های کورا و جنوب خزر) و مرکزی (ارتفاعات خزری) انجام گردید که در مجموع مساحت منطقه‌ی زیستی‌های مورد مطالعه ۱۳۱،۳۵۲ کیلومتر مربع است.

روش جمع‌آوری داده‌های زیستی

در ابتدا نقشه زیرحوضه‌های دو اکوریجن بر اساس پایگاه داده‌ای اروپا بنام CCM2 و از روی نقشه DEM صد متر مستخرج از ماهواره لندست (Hijmans et al., 2005; Vogt et al., 2007). سپس ۱۷۵ ایستگاه نمونه برداری به طور تصادفی بر رودخانه‌های قابل گذر^۴ انتخاب شدند. نمونه برداری نیز در فصل پاییز به دلیل وجود جریان کم در این فصل

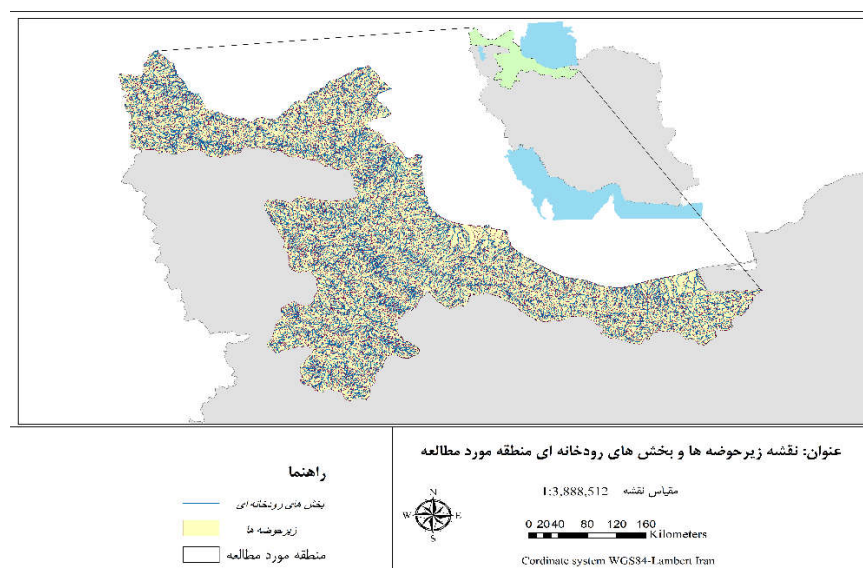
¹ Kura-South Caspian Drainages

² Caspian Highlands

³ Turan Plain

⁴ Wadeable

و امکان وجود اندازه‌های مختلف ماهی بر اساس پروتکل اتحادیه اروپا^۱ مربوط به نموبرداری ماهیان به وسیله الکتروشوکر (Cardoso et al., 2005) در سال ۲۰۱۵ انجام گردید (Mostafavi et al., 2015).



شکل ۱. نقشه منطقه مورد مطالعه

Figure 1. Map of the study area

جهت پوشش تمامی زیستگاه‌های ایستگاه‌های مورد مطالعه، محل‌های نمونه برداری ۱۰ تا ۲۰ برابر عرض رودخانه انتخاب و حداقل ۱۰۰ متر از طول رودخانه نمونه برداری گردید (Langdon, 2001). به علاوه، جهت نمونه‌برداری، یک تور متوقف کننده در مسیر بالادست رودخانه و یک تور در پایین دست رودخانه جهت جمع‌آوری نمونه‌های شوک شده و در رفته از سوی جمع‌آوری کنندگان با آند قرار داده شد. با توجه به عرض رودخانه ایستگاه‌های نمونه برداری، برای هر پنج متر عرض یک شوکر آند استفاده گردید و یک تیم سه نفره بر خلاف جریان آب به سمت بالادست رودخانه حرکت کرده و ماهی‌ها را صید و به کنار رودخانه منتقل می‌نمودند. لازم به ذکر است که ماهیان پس از شناسایی، بدون تلفات مجدداً به داخل رودخانه رهاسازی می‌گردیدند.

روش استخراج متغیرهای محیطی

با توجه به دوره‌های زمانی مطالعه، ۱۹ متغیر زیست اقلیمی^۲ از پایگاه داده worldclim.org استخراج شدند و از هر کدام برای هر زیرحوضه میانگین گرفته شد. میانگین متغیرهای شکل زمین یعنی شیب، جهت و ارتفاع برای هر زیرحوضه نیز محاسبه شدند. از مساحت کاربری کشاورزی و کاربری شهری هر زیرحوضه به عنوان نماینده فعالیت‌های انسانی در این پژوهش استفاده شد. مساحت هر زیر حوضه و طول بخش رودخانه متعلق به آن زیر حوضه نیز به همراه لایه‌های تجمعی بالادست زیرحوضه یعنی مساحت تجمعی بالادست رودخانه، طول تجمعی بالادست رودخانه، مساحت تجمعی کاربری کشاورزی بالادست رودخانه، مساحت تجمعی کاربری انسانی بالادست رودخانه، بارش تجمعی بالادست رودخانه در نرم افزار Arc GIS 10.8 محاسبه شدند و برای جلوگیری از هم خطی، متغیرها مورد آزمون همبستگی پیرسون قرار گرفتند و از بین متغیرهایی که همبستگی بالای ۷۰ درصد داشتند، یکی از آن‌ها بر اساس مطالعات قبلی انجام شده در حوضه جنوبی دریای خزر و با نظر کارشناسان انتخاب شدند (Valavi et al., 2022).

^۱ CEN2003

^۲ Bioclim

گونه‌های مورد مطالعه

نتایج حضور و غیاب ۲۲ گونه ماهی مطابق جدول ۱ وارد فرایند مدل سازی شد. جدول ۱. گونه‌های مورد مطالعه، وضعیت بومی یا غیربومی بودن، وضعیت حفاظتی بر مبنای IUCN و وضعیت اقتصادی آنها

Table 1. Study species, their native or non-native status, conservation status according to IUCN, and their economic status

نام انگلیسی	نام فارسی	نام علمی گونه	وضعیت بومی بودن	وضعیت حفاظتی	وضعیت اقتصادی
Rainbow trout	آلای قزل کمان‌رنگین	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	غیربومی	NE	صید ورزشی
Brown trout	آلای قزل قرمزخال	<i>Salmo trutta</i>	بومی	LC	صید ورزشی
Topmouth gudgeon	آمورچه	<i>Pseudorasbora parva</i>	غیر بومی	LC	آکواریومی
Eastern mosquitofish	گامبوزیا	<i>Gambusia holbrooki</i>	غیربومی	LC	ندارد
Berg Loach	سگ ماهی برگی	<i>Oxyneomacheilus bergianus</i>	بومزاد	LC	اکولوژیکی
Abrishamchian's loach	لوچ ابریشمچیانی	<i>Paracobitis abrishamchiani</i>	بومزاد	NE	اکولوژیکی
Faridpak's spined loach	سگ ماهی فریدپاکی	<i>Cobitis faridpaki</i>	بومزاد	NE	اکولوژیکی
Hither Asia spined loach	سگماهی جویباری طلایی	<i>Sabanejewia aurata</i>	بومی	LC	آکواریومی و اکولوژیکی
Riffle Minnow	خیاطه خزر	<i>Alburnoides eichwaldi</i>	بومی	LC	اکولوژیکی
Filippi's bleak	کولی کورا	<i>Alburnus filippii</i>	بومی	LC	اکولوژیکی
Persian bleak	مروارید ماهی	<i>Alburnus hohenackeri</i>	بومی	LC	اکولوژیکی
Mesopotamian chub	سوفیوس النهرین بین	<i>Squalius berak</i>	بومی	LC	صید ورزشی
Turkish chub	سوفیوس ترکی	<i>Squalius turcicus</i>	بومی	LC	صید ورزشی
Bulatmai barbel	زردک	<i>Luciobarbus capito</i>	بومی	VU	صید ورزشی
Mursa	زردک قلمی	<i>Luciobarbus mursa</i>	بومی	LC	صید ورزشی
Kura barbel	سس ماهی	<i>Barbus cyri</i>	بومی	LC	صید ورزشی
Razi scraper	سیاه ماهی رازی	<i>Capoeta razi</i>	بومی	LC	اکولوژیکی
Goldfish	کاراس	<i>Carassius auratus</i>	غیر بومی	LC	ندارد
Sharpbelly	تیزه کولی	<i>Hemiculter leucisculus</i>	غیربومی	LC	ندارد
Caspian goby	گاموماهی شنی	<i>Neogobius pallasii</i>	بومی	LC	اکولوژیکی
Round goby	گاموماهی گرددم	<i>Neogobius melanostomus</i>	بومی	LC	اکولوژیکی
European bitterling	مخرج ای‌لوله	<i>Rhodeus amarus</i>	بومی	LC	آکواریومی

تحلیل آماری

چندین چارچوب مدل‌سازی آماری برای برازش JSDMها وجود دارد (Norberg et al., 2019)، که ما از بسته مدل‌سازی توزیع مشترک گونه‌ها (jSDM) در نسخه R 4.4 (Clark et al., 2017) استفاده کردیم. به دنبال نشانه گذاری ویلکینسون و همکاران (۲۰۱۹)، اجازه می‌دهیم $y_{ij}=1$ نشان دهنده حضور و $y_{ij}=0$ نشان دهنده عدم وجود گونه j در محل i باشد، جایی که $i = 1 \dots n$ و $j = 1 \dots J$. مدل پایه به شرح زیر است:

$$y_{ij} = 1(z_{ij} > 0)$$

$$z_{ij} = u_{ij} + e_{ij}$$

$$u_{ij} = X_i \cdot B_{\cdot j}$$

$$e_i \sim MVN(0, R)$$

حضور و غیاب هر گونه از طریق متغیر نهفته z_{ij} مشخص می‌شود که $z_{ij} > 0$ نشان دهنده حضور و $z_{ij} < 0$ نشان دهنده عدم حضور است. متغیر پنهان برابر است با مجموع خطی پیش‌بینی‌کننده u_{ij} و خطای باقی‌مانده همبسته e_{ij} است (Clark et al., 2017).

به دنبال چارچوب مدل خطی تعمیم یافته، پیش‌بینی خطی حاصل ضرب $k = 1 \dots K$ متغیرهای کمکی محیطی X_i است. و ضرایب رگرسیون $B_{\cdot j}$. همبستگی‌های باقی‌مانده در ماتریس کوواریانس $J \times J$ وجود دارد، که وابستگی‌ها را در میان گونه‌ها پس از محاسبه متغیرهای کمکی در مدل نشان می‌دهد. یعنی R آن گونه‌هایی را شناسایی می‌کند که با توجه به متغیرهای محیطی، بیشتر یا کمتر از سطح پیش‌بینی‌شده اتفاق می‌افتند. وابستگی‌های باقیمانده همچنین امکان پیش‌بینی وقوع هر گونه را مشروط به وقوع گونه‌های دیگر در جامعه فراهم می‌کند (Clark et al., 2017). همچنین قابل ذکر است که متغیر پنهان یک «عامل واقعی ناشناخته» نیست که الزاماً بتوانیم نامی مانند دما یا کیفیت آب روی آن بگذاریم؛ بلکه یک مؤلفه آماری مشاهده نشده است که برای توضیح ساختار باقی‌مانده داده‌ها وارد مدل شده است.

اجرای مدل

در این پژوهش مدل مورد استفاده یک JSDM برای داده‌های حضور/عدم حضور، مدل binomial با لینک تابع logit برای داده‌های ۲۲ گونه ماهی بود که در چارچوب بیزی سلسله‌مراتبی و با استفاده از دو متغیر نهفته^۱ برازش شد. برای نمونه‌گیری MCMC تعداد ۱۰۰۰۰ تکرار، به‌عنوان burn-in تعداد ۵۰۰۰ تکرار و فاصله thinning برابر ۱۰ در نظر گرفته شد. مدل با verbose=1 اجرا شد.

ارزیابی مدل

برای ارزیابی مدل بیزی از دو شاخص انحراف نمودار ردیابی^۲ برای MCMC و انحراف تراکم پسین^۳ برای بررسی اینکه مدل، به یک توزیع پسین پایدار رسیده است یا خیر، استفاده می‌کنیم. انحراف نمودار ردیابی مقدار انحراف در طول تکرارها^۴ را نمایش می‌دهد و نمودار انحراف تراکم پسین، نشان می‌دهد که آیا انحراف توزیع پسین، رفتار غیرعادی یا چندقله‌ای آشکاری دارد یا خیر. برای ارزیابی دقت مدل در پیش‌بینی حضور گونه از شاخص مساحت زیر نمودار AUC^۵ استفاده می‌کنیم. در این قسمت از ۷۰ درصد نقاط برای آموزش مدل و از ۳۰ درصد برای آزمون استفاده می‌کنیم (Tobler et al., 2019).

¹ latent variable

² Trace plot MCMC

³ Posterior Density – Deviance

⁴ Iteration

⁵ Area Under Curve

یافته‌ها و بحث

متغیرهای مورد استفاده در مدلسازی

پس از اعمال آزمون همبستگی و نظر کارشناسی، در نهایت ۱۰ متغیر که عبارتند از: حداقل دمای سردترین ماه سال (دمای کمینه، BIO6)، حداکثر دمای گرمترین ماه سال (دمای بیشینه، BIO5)، اختلاف حداکثر دمای گرمترین ماه سال و حداقل دمای سردترین ماه سال (اختلاف دمای سالانه، BIO7)، میانگین دمای سالانه (دمای میانگین، BIO1)، بارش سالانه (BIO12)، شیب به درصد، مساحت تجمع‌ی بالادست، طول بخش رودخانه، مساحت کاربری کشاورزی و مساحت کاربری انسانی مطابق جدول ۲ برای مدل‌سازی انتخاب شدند.

جدول ۲. جدول متغیرهای محیطی مورد استفاده برای مدلسازی

Table 2. Table of environmental variables used for modeling

متغیر محیطی	واحد اندازه‌گیری
حداقل دمای سردترین ماه سال	°C
حداکثر دمای گرمترین ماه سال	°C
اختلاف حداکثر دمای گرمترین ماه سال و حداقل دمای سردترین ماه سال	°C
میانگین دمای سالانه	°C
بارش سالانه	mm
میانگین شیب زیرحوضه	%
مساحت تجمع‌ی بالادست رودخانه	Km ²
طول بخش رودخانه	m
مساحت کاربری کشاورزی در زیرحوضه	ha
مساحت کاربری انسانی در زیرحوضه	ha

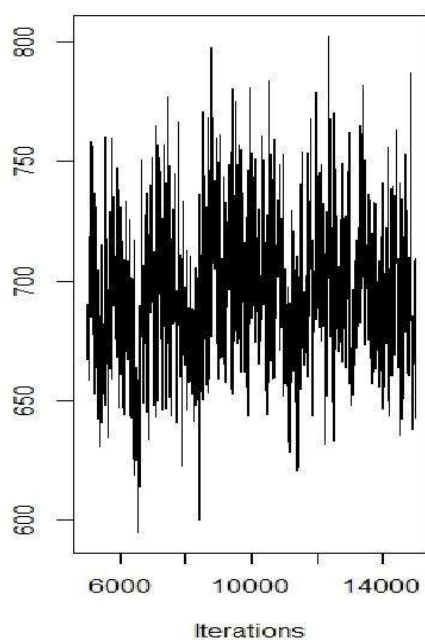
ارزیابی مدل

در شکل ۲ نمودار ردیابی MCMC نشان می‌دهد، زنجیره در طول تکرارها روند صعودی یا نزولی مشخصی ندارد و مقدار انحراف عمدتاً در محدوده حدود ۶۰۰ تا ۸۰۰ نوسان می‌کند، الگوی نوسان نسبتاً متراکم و پیوسته است و نشانه واضحی از گیر کردن زنجیره در یک ناحیه خاص دیده نمی‌شود.

از نظر ارزیابی بصری همگرایی MCMC، این نمودار وضعیت نسبتاً خوبی دارد و شواهدی از عدم همگرایی آشکار دیده نمی‌شود که نشان می‌دهد نوسانات زنجیره حول یک محدوده نسبتاً پایدار انجام شد که بیانگر همگرایی قابل قبول زنجیره MCMC است.

شکل ۳، نمودار انحراف توزیع پسین مربوط به را نشان می‌دهد. توزیع تقریباً تک‌قله‌ای است و شکل نسبتاً پیوسته‌ای دارد. یک تجمع مشخص در حدود ۶۹۰ تا ۷۱۰ مشاهده می‌شود. تک‌قله‌ای و نسبتاً هموار بودن انحراف توزیع پسین نشان می‌دهد که توزیع پسین رفتار غیرعادی یا چندقله‌ای آشکاری ندارد.

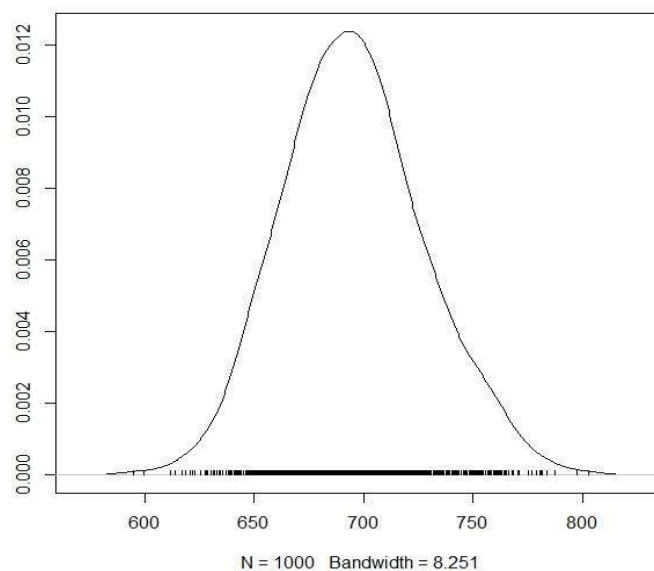
MCMC Trace Plot - Deviance



شکل ۲. نمودار ردیابی MCMC

Figure 2. MCMC trace plot

Posterior Density - Deviance



شکل ۳. نمودار انحراف توزیع پسین

Figure 3. Posterior distribution deviation graph

نتایج AUC گونه‌ها نیز در جدول ۳ نشان داده شد. مشخص می‌شود که مدلسازی برای ده گونه کیفیت عالی (بالتر از ۹۰)، برای چهار گونه کیفیت خیلی خوب (بین ۸۰ تا ۹۰)، برای چهار گونه کیفیت خوب (۷۰ تا ۸۰) و فقط برای چهار گونه نیز کیفیت متوسط (بین ۶۹ تا ۷۰) دارد. لذا به طور کلی مدل برای پیشبینی حضور گونه‌ها دقت مناسبی دارد.

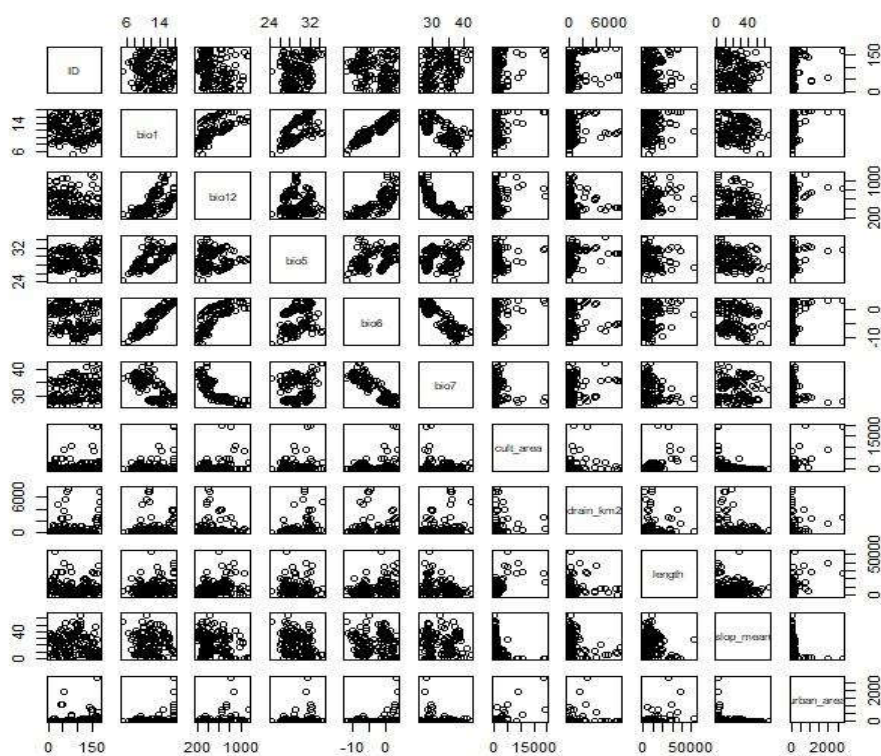
جدول ۳. جدول AUC گونه‌های مورد استفاده برای مدلسازی

Table 3. AUC table of the species used for modeling

گونه	<i>Alburnoides eichwaldi</i>	<i>Alburnus chalcoides</i>	<i>Alburnus hohengeri</i>	<i>Alburnus filippii</i>	<i>Barbus cyri</i>	<i>Capoeta razi</i>	<i>Carassius auratus</i>
AUC	0.93	0.87	0.92	0.79	0.89	0.9	0.91
گونه	<i>Cobitis faridpaki</i>	<i>Hemiculter leuciscus</i>	<i>Gambusia holbrooki</i>	<i>Luciobarbus capito</i>	<i>Luciobarbus mursa</i>	<i>Neogobius palassi</i>	<i>Neogobius melanostomus</i>
AUC	0.9	0.76	0.98	0.67	0.77	0.92	0.72
گونه	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	<i>Oxyneomacheilus bergianus</i>	<i>Paracobitis abrishamchiani</i>	<i>Pseudorasbora parva</i>	<i>Rhodeus amarus</i>	<i>Sabanejewia aurata</i>	<i>Salmo trutta</i>
AUC	0.98	0.87	0.97	0.94	0.98	0.76	0.89

اثرات محیط غیر زنده

نتایج مدل همانگونه که در شکل ۴ دیده می‌شود، نشان داد که متغیرهایی مانند دما و بارش از عوامل کلیدی غیر زیستی تعیین‌کننده پراکنش ماهیان هستند. به طور کلی، متغیرهای کمکی محیطی عموماً پیش‌بینی‌کننده‌های خوبی از حضور ماهیان رودخانه بودند و اثرات قابل توجهی در پراکنش داشتند. همبستگی‌های محیطی باقی‌مانده و مشترک همبستگی‌های بین گونه‌ها می‌تواند به دلیل پاسخ مشترک به شرایط محیطی و یا همبستگی‌های باقی‌مانده دوتایی باشد که تعامل زیستی بالقوه را نشان می‌دهد. همبستگی‌های محیطی مشترک نشان می‌دهد که جفت گونه‌ها به دلیل پاسخ آنها به شرایط غیرزیستی یکسان با هم (منفی یا مثبت) متفاوت هستند که می‌توانند نشان‌دهنده روابط اکولوژیکی مهمی از جمله رقابت، هم‌زیستی، یا وابستگی‌های زیستگاهی باشند.

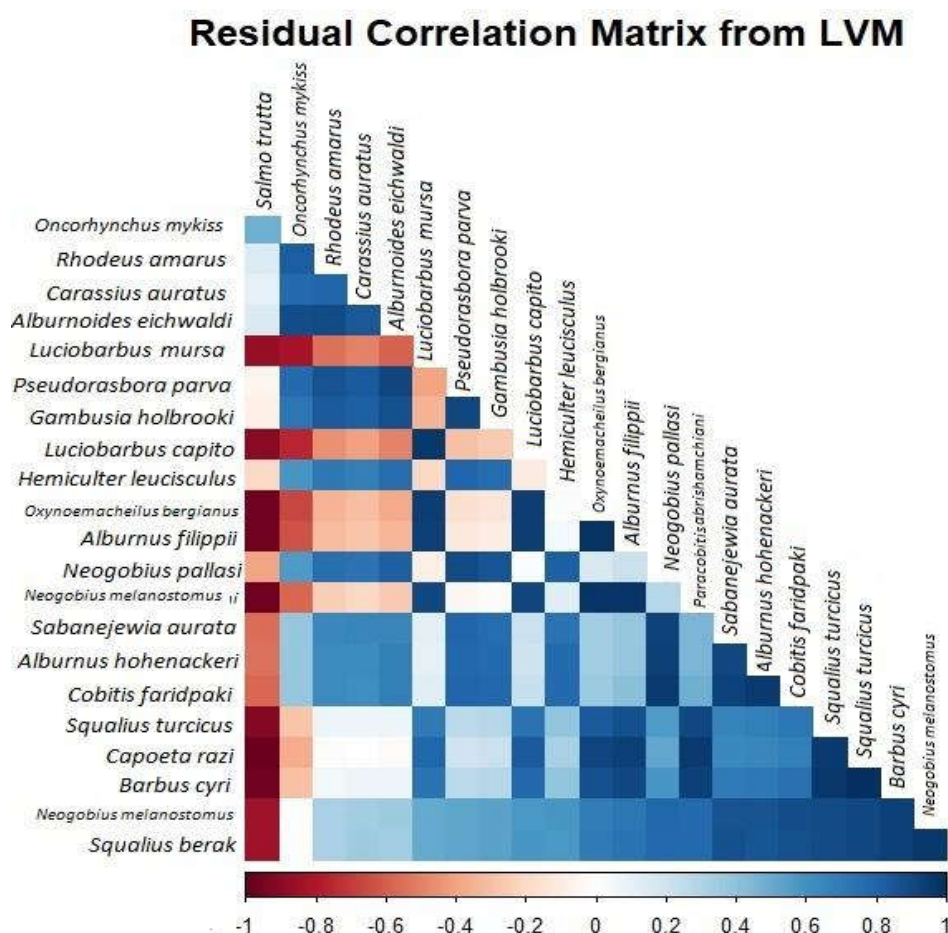


شکل ۴. تاثیر متغیرهای محیطی بر پراکنش ماهیان منطقه مورد مطالعه

Figure 4. The effect of environmental variables on the distribution of fish in the study area

همبستگی‌های محیطی باقیمانده و مشترک

همبستگی بین گونه‌ها می‌تواند به دلیل پاسخ مشترک به شرایط محیطی و/یا همبستگی‌های باقی‌مانده دوتایی باشد که تعامل زیستی بالقوه را نشان می‌دهد. همبستگی‌های زیست‌محیطی مشترک نشان می‌دهد که جفت گونه‌ها منفی یا مثبت هستند (شکل ۵).



شکل ۵. ماتریس همبستگی باقی‌مانده از مدل متغیرهای پنهان، رنگ آبی نشانگر زیستگاه یا نیازهای زیستگاهی مشترک است و رنگ قرمز نشانگر رقابت است و رنگ‌های خنثی نشانگر عدم وجود تعامل یا زیستگاه مشترک

Figure 5. Residual correlation matrix from the latent variable model, blue indicates shared habitat or habitat requirements, red indicates competition, and neutral colors indicate the absence of interaction or shared habitat

ماتریس همبستگی باقیمانده^۱ مدل متغیرهای پنهان^۲ به این معناست که مدل متغیرهای پنهان سعی کرده است که بخشی از الگوهای همبستگی بین گونه‌ها را از طریق متغیرهای پنهان (عوامل محیطی یا بیولوژیکی پنهان) تبیین کند. آنچه در این ماتریس مشاهده می‌شود، همبستگی‌هایی است که پس از در نظر گرفتن آن متغیرهای پنهان، همچنان بین گونه‌ها باقی مانده است. بنابراین، ضرایب بالا (مثبت یا منفی) در این ماتریس می‌توانند بیانگر موارد زیر باشند:

- تعاملات مستقیم بین گونه‌ها مانند رقابت، طعمه‌خواری یا همزیستی

^۱ Residual Correlation Matrix

^۲ Latent Variable Model

- عوامل محیطی یا انسانی اندازه‌گیری نشده که در مدل اصلی وارد نشده‌اند (برای مثال تغییرات ریزمقیاس در ساختار زیستگاه، آلودگی‌های نقطه‌ای، حضور شکارچیان خاص و غیره).
- اثرات جانبی یا سینرژیک: گاه چندین عامل کوچک دست به دست هم می‌دهند و موجب افزایش/کاهش هم‌زمان یک یا چند گونه می‌شوند.

تحلیل همبستگی گونه‌ها

مقادیر موجود در این ماتریس، اجتماع^۱ یا همبستگی^۲ باقیمانده بین گونه‌ها پس از در نظر گرفتن اثر متغیرهای محیطی مدل را نشان می‌دهند. بنابراین: آبی: اجتماع مثبت، قرمز: اجتماع منفی، سفید: اجتماع نزدیک به صفر، رنگ‌های تیره‌تر: شدت بیشتر اجتماع.

همبستگی‌های منفی که در ماتریس با رنگ قرمز نشان داده شده است، نشان‌دهنده رقابت بالقوه بین گونه‌ها هستند، به ویژه اگر قرمز پررنگ باشند احتمالاً برای گونه‌های مهاجم هستند که ممکن است تأثیرات اکولوژیکی منفی داشته باشند و همبستگی‌های مثبت که با رنگ آبی در تصویر دیده می‌شود، می‌توانند نشانگر استفاده مشترک از زیستگاه‌ها یا نیازهای اکولوژیکی مشابه باشند (Inoue et al., 2017).

گونه‌ها قزل‌آلای خال قرمز، مخرج لوله‌ای، ماهی کاراس و قزل‌آلای رنگین‌کمان دارای همبستگی مثبت و همگی با زردک قلمی همبستگی منفی دارند و با سایر گونه‌ها همبستگی منفی یا خنثی دارند. همچنین در نیمه پایین ماتریس بیشتر گونه‌ها شامل سیاه‌ماهی رازی، سوفیوس ترکی، سوفیوس بین‌النهرین، سگ‌ماهی جویباری طلایی، لوچ ابریشم‌چیان، سگ‌ماهی فریدپاکی و مرواریدماهی همبستگی مثبت دارند و همگی با قزل‌آلای خال قرمز همبستگی منفی دارند. به عنوان مثال سوفیوس ترکی و سوفیوس بین‌النهرین همبستگی مثبتی دارند، که می‌تواند نشان‌دهنده تمایل آن‌ها به حضور در زیستگاه‌های مشابه باشند و همچنین به نظر می‌رسد که ماهی کاراس و خیاطه خزر یک همبستگی منفی قوی دارند که ممکن است ناشی از رقابت غذایی یا زیستگاهی باشد. پس از کنترل اثر متغیرهای محیطی موجود در مدل، هنوز یک الگوی منفی قوی در وقوع هم‌زمان دو گونه باقی مانده است که این الگو می‌تواند ناشی از موارد مختلف زیر باشد: رقابت بین گونه‌ها، تفاوت در زیستگاه‌هایی که در مدل اندازه‌گیری نشده‌اند، تفاوت در منابع غذایی، تفاوت در ویژگی‌های زیستی و بوم‌شناختی، ساختار فضایی یا مکانی، اثر متغیرهای محیطی حذف‌شده از مدل و تفاوت در قابلیت آشکارسازی-نمونه‌برداری است. بنابراین همبستگی باقیمانده^۳ را نباید به‌تنهایی به‌عنوان تعامل زیستی قطعی تفسیر کرد.

یکی از برجسته‌ترین نتایج شکل، الگوی بسیار منفی قزل‌آلای خال قرمز با تعدادی از گونه‌های دیگر است. در ستون مربوط به این گونه تعداد زیادی خانه قرمز تیره از جمله زردک، زردک قلمی، تیزه‌کولی، سگ‌ماهی فریدپاکی، سگ‌ماهی برگ، مروارید ماهی، سیاه‌ماهی رازی، سس ماهی، سوفیوس ترکی و چند گونه دیگر دیده می‌شوند. این نتیجه بسیار جالب است و نشان می‌دهد حضور قزل‌آلای خال قرمز در یک سایت، پس از کنترل متغیرهای محیطی مدل، با حضور برخی از این گونه‌ها الگوی باقیمانده بسیار متفاوتی دارد اما این نتیجه را نباید فوراً «رقابت» دانست.

مثلاً اگر بین الگوی وقوع این دو گونه یک اجتماع باقیمانده بسیار منفی وجود دارد که توسط متغیرهای محیطی واردشده به مدل توضیح داده نشده است، این موضوع می‌تواند نشانه‌ای برای بررسی رقابت، تفاوت در ریززیستگاه یا متغیر محیطی حذف‌شده باشد.

¹ association

² correlation

³ Residual correlation

در بخش قابل توجهی از ماتریس، بین گونه‌هایی مثل مخرج لوله‌ای، قزل‌آلای رنگین‌کمانی، آمورچه، ماهی کاراس و خیاطه خزر و تعدادی از گونه‌های دیگر، همبستگی‌های مثبت قوی با رنگ آبی متوسط تا تیره دیده می‌شود. این گونه‌ها در سایت‌هایی که یکی از آن‌ها احتمال وقوع بالاتری دارد، پس از کنترل متغیرهای محیطی مدل، تمایل بیشتری به وقوع گونه دیگر نیز نشان می‌دهند. این می‌تواند ناشی از نیازهای زیستگاهی مشابه، منابع غذایی مشابه، شرایط هیدرولوژیکی مشابه، تحمل مشابه نسبت به شرایط محیطی، یا یک متغیر محیطی مهم که در مدل وارد نشده، باشد بنابراین این بخش از ماتریس می‌تواند یک گروه بوم‌شناختی^۱ احتمالی را نشان دهد.

چند رابطه بسیار قوی مثبت دیگر نیز که در شکل دیده می‌شود که عبارتند از: مرواریدماهی، سس ماهی، سوفیوس بین‌النهرین، سوفیوس ترکی، سگ‌ماهی فریدپاکی و سگ‌ماهی جویباری طلایی. که این رابطه می‌تواند نشان دهنده‌ی این باشد که جفت گونه‌ها در سایت‌های مورد مطالعه الگوی وقوع مشابهی دارند که کاملاً توسط متغیرهای محیطی مدل توضیح داده نشده است. این می‌تواند نشان‌دهنده نیازهای زیستگاهی مشابه این دو ماهی باشد، ولی باز هم همبستگی به معنی رابطه مستقیم^۲ نیست. از نظر اکولوژیک چنین رابطه‌ای می‌تواند ناشی از نیازهای زیستگاهی مشابه باشد، اگرچه برای نتیجه‌گیری درباره علت باید اطلاعات زیستگاه و پراکنش مکانی آنها بررسی شود.

بحث

گونه‌های با همبستگی مثبت قوی مثل کولی کورا و سگ‌ماهی برگ دارای همبستگی مثبت‌اند، که احتمالاً به دلیل زیستگاه‌های مشابه یا رفتارهای هم‌زیستانه است سیاه‌ماهی رازی و سوفیوس بین‌النهرین. همبستگی مثبت دارند که ممکن است نشان‌دهنده هم‌زیستی در نواحی با جریان‌های آبی مشابه باشد. همچنین بین قزل‌آلای خال قرمز قزل‌آلای رنگین‌کمانی نیز همبستگی زیستگاهی وجود دارد که با مطالعات عبدلی همخوانی دارد (Abdoli, 2016). همبستگی مثبت میان برخی از گونه‌ها، مانند سوفیوس ترکی و سوفیوس بین‌النهرین می‌تواند نشان‌دهنده‌ی اشتراک زیستگاهی یا استراتژی‌های تغذیه‌ای مشابه باشد. مطالعات قبلی نشان داده‌اند که گونه‌هایی با نیازهای اکولوژیکی مشابه معمولاً هم‌زیستی قوی‌تری دارند و می‌توانند منابع را به‌صورت مشترک بهره‌برداری کنند (Ovaskainen et al., 2017). این همبستگی‌های مثبت می‌توانند همچنین نشان‌دهنده‌ی وابستگی‌های متقابل، مانند تأثیرات تسهیل‌کننده در زیستگاه‌های مشابه، باشد (Barberán et al., 2012).

همبستگی منفی بین مخرج لوله‌ای و آمورچه وجود دارد که این همبستگی منفی ممکن است ناشی از رقابت برای منابع یا تأثیرات منفی آمورچه به‌عنوان گونه‌ای مهاجم بر مخرج لوله‌ای باشد. بر اساس مطالعات مرتبط آمورچه به‌عنوان گونه‌ای مهاجم شناخته شده است که می‌تواند بر تنوع زیستی بومی تأثیر منفی بگذارد (Tabasinezhad et al., 2023). همچنین همبستگی منفی بین قزل‌آلای رنگین‌کمانی گاوماهی دم‌گرد که می‌تواند نشان‌دهنده رقابت بر سر منابع یا زیستگاه‌های مشابه باشد. مطالعات پیشین نشان داده‌اند که گاوماهی دم‌گرد به‌عنوان گونه‌ای مهاجم می‌تواند بر جوامع بومی تأثیر منفی بگذارد. گونه‌هایی مانند ماهی کاراس و خیاطه خزر همبستگی منفی قوی نشان می‌دهند که می‌تواند ناشی از رقابت بر سر منابع محدود باشد. رقابت زیستی یکی از عوامل کلیدی در تعیین پراکنش گونه‌هاست و معمولاً زمانی رخ می‌دهد که دو گونه منابع مشابهی را مورد استفاده قرار دهند (Tilman, 1982). این نتایج با فرضیه رقابت انحصاری^۳ همخوانی دارد، که بیان می‌کند گونه‌هایی که دارای آشیان‌های اکولوژیکی مشابه هستند، نمی‌توانند در یک زیستگاه برای مدت طولانی هم‌زیستی داشته باشند (Gause, 1971). قزل‌آلای خال قرمز و ماهی کاراس گونه با

¹ assemblage

² facilitation

³ Competitive Exclusion Principle

همبستگی مثبت ضعیف هستند. ماهی کاراس به دلیل تحمل بالای شرایط محیطی، از جمله دماهای متغیر و کمبود اکسیژن، می تواند در زیستگاه های متنوعی زندگی کند. این ویژگی ها به آن امکان می دهد تا در رقابت با سایر گونه ها، به ویژه در محیط های با شرایط سخت، موفق باشد ولی قزل آلاي خال قرمز در آب های سرد و زلال زندگی می کند و به عنوان گونه ای حساس به تغییرات محیطی شناخته می شود. حضور گونه های مهاجم یا تغییرات در زیستگاه می تواند بر جمعیت این ماهی تأثیر منفی بگذارد. ماهی کاراس به دلیل تحمل بالای شرایط محیطی، می تواند در زیستگاه های متنوعی زندگی کند، در حالی که قزل آلاي خال قرمز به آب های سرد و زلال نیاز دارد. بنابراین، احتمال رقابت مستقیم بین این دو گونه در زیستگاه های طبیعی کمتر است. تغییرات در کیفیت آب، مانند افزایش دما یا کاهش اکسیژن، می تواند به نفع ماهی کاراس و به ضرر قزل آلاي خال قرمز باشد. در چنین شرایطی، ممکن است جمعیت ماهی کاراس افزایش یافته و به طور غیرمستقیم بر منابع غذایی و زیستگاه های قزل آلاي خال قرمز تأثیر بگذارد. همچنین با توجه به رژیم غذایی قزل آلاي خال قرمز که شامل حشرات آبی و ماهی های کوچکتر است، حضور بیش از حد ماهی کاراس می تواند با تغییر در ساختار زنجیره غذایی، بر دسترسی به منابع غذایی قزل آلاي خال قرمز تأثیرگذار باشد.

نتیجه گیری

همبستگی های مثبت و منفی مشاهده شده بین گونه های مختلف می تواند نشان دهنده روابط پیچیده اکولوژیکی مانند رقابت، همزیستی یا تأثیرات گونه های مهاجم باشد. با توجه به اینکه ترکیب جوامع به شدت با عوامل غیرزیستی و همبستگی های باقیمانده مرتبط بود، نتایج پیامدهای قابل توجهی برای حفظ و احیای جوامع آبی دارد. این مطالعه ضرورت در نظر گرفتن همزمان عوامل محیطی و حضور گونه ها را در مدل سازی توزیع گونه ها و مجموعه های جوامع رودخانه ای برجسته می کند. داده ها نشان می دهند که پراکنش ماهیان خزر به شدت تحت تأثیر متغیرهای محیطی (مانند دما و بارش) و رقابت بین گونه هاست. چنین رویکرد حفاظت از جامعه می تواند شباهت ها و تفاوت های اکولوژیکی بین گونه ها را آشکار کند، که می تواند به ما کمک کند از تضاد بین برنامه های حفاظت از گونه های هدف جلوگیری کنیم. همچنین، این تحلیل می تواند به مدیران حفاظت منابع آبی در تدوین استراتژی های حفاظتی مانند احیای رودخانه های منتهی به خزر در حفاظت از گونه های بومی و کنترل گونه های مهاجم کمک کند.

References

- Abdoli, A. (2016). *The inland water fishes of Iran*. Iranshenasi. (In Persian)
- Barberán, A., Bates, S. T., Casamayor, E. O., & Fierer, N. (2012). Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities. *The ISME journal*, 6(2), 343-351.
- Bokhutlo, T., Cunha, E. R., & Winemiller, K. O. (2023). Inference of Fish Community Assembly in Intermittent Rivers Using Joint Species Distribution Models and Trophic Guilds. *Open Journal of Ecology*, 13(7). DOI: 10.4236/oje.2023.137030
- Cardoso, A. C., Solimini, A. G., Premazzi, G., Birk, S., Hale, P., Rafael, T., & Luisa, M. (2005). Report on Harmonisation of freshwater biological methods. *European Commission, Joint Research Centre, Ispra, Italy*. DOI: 10.1371/journal.pwat.0000502
- Clark, J. S., Nemergut, D., Seyednasrollah, B., Turner, P. J., & Zhang, S. (2017). Generalized joint attribute modeling for biodiversity analysis: Median-zero, multivariate, multifarious data. *Ecological Monographs*, 87(1), 34-56. <https://doi.org/10.1002/ecm.1241>
- da Silva, J. P., Goncalves, D. V., Garcia-Raventós, A., Lopes-Lima, M., Varandas, S., Froufe, E., Teixeira, A., Hui, F. K., Filipe, A. F., & Sousa, R. (2023). Joint species distribution models unveil co-occurrences between freshwater mussels and their fish hosts. *Journal of Biogeography*, 50(4), 730-742. DOI: 10.1111/jbi.14565

- Esmaeli, H. R., Brian, W. C., Mehraban, H. R., Masoudi, M., Khaefi, R., Abbasi, K., Mostafavi, H., & Vatandoust, S. (2014). An updated checklist of fishes of the Caspian Sea basin of Iran with a note on their zoogeography. *Iranian journal of Ichthyology*, 1(3), 152-184. <https://doi.org/10.22034/iji.v1i3.18>
- Gause, G. (1971). The struggle for existence, Williams and Wilkins, Baltimore, 1934. Online: <http://www.gause.com/Contgau.htm>
- Guisan, A., Thuiller, W., & Zimmermann, N. E. (2017). *Habitat suitability and distribution models: with applications in R*. Cambridge University Press.
- Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., & Jarvis, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology: A Journal of the Royal Meteorological Society*, 25(15), 1965-1978.
- Hui, F., & Poisot, T. (2016). Boral-Bayesian ordination and regression analysis of multivariate abundance data in R. *Methods Ecol Evol* 7: 744–750.
- Inoue, K., Stoeckl, K., & Geist, J. (2017). Joint species models reveal the effects of environment on community assemblage of freshwater mussels and fishes in European rivers. *Diversity and Distributions*, 23(3), 284-296.
- Karp, M. A., Cimino, M., Craig, J. K., Crear, D. P., Haak, C., Hazen, E. L., Kaplan, I., Kobayashi, D. R., Moustahfid, H., & Muhling, B. (2025). Applications of species distribution modeling and future needs to support marine resource management. *ICES Journal of Marine Science*, 82(3), fsaf024. DOI: 10.1093/icesjms/fsaf024
- Korhonen, P., Hui, F. K., Niku, J., Taskinen, S., & van Der Veen, B. (2024). A comparison of joint species distribution models for percent cover data. *Methods in Ecology and Evolution*, 15(12), 2359-2372. DOI: 10.1111/2041-210X.14437
- Langdon, R. W. (2001). A preliminary index of biological integrity for fish assemblages of small coldwater streams in Vermont. *Northeastern Naturalist*, 8(2), 219-232. DOI:10.1577/1548-8675(1996)016<0241:DAVOAI>2.3.CO;2
- Lazagabaster, I. A., Thomas, C. D., Spedding, J. V., Ikram, S., Solano-Regadera, I., Snape, S., & Bro-Jørgensen, J. (2024). Evaluating species distribution model predictions through time against paleozoological records. *Ecology and evolution*, 14(10), e70288. DOI: 10.1002/ece3.70288
- McLaughlin, P., Krause, K., Maloney, K., Woods, T., & Wagner, T. (2024). Evaluating the effectiveness of joint species distribution modeling for freshwater fish communities within large watersheds. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 81(9), 1248-1263. DOI: 10.1139/cjfas-2023-0385
- Mostafavi, H., Schinegger, R., Melcher, A., Moder, K., Mielach, C., & Schmutz, S. (2015). A new fish-based multi-metric assessment index for cyprinid streams in the Iranian Caspian Sea Basin. *Limnologia*, 51, 37-52. DOI: 10.1016/j.limno.2014.10.006
- Mostafavi, H., Teimori, A., Schinegger, R., & Schmutz, S. (2019). A new fish based multi-metric assessment index for cold-water streams of the southern Caspian Sea Basin in Iran. *Environmental Biology of Fishes*, 102, 645-662. DOI: 10.1016/j.limno.2014.10.006
- Norberg, A., Abrego, N., Blanchet, F. G., Adler, F. R., Anderson, B. J., Anttila, J., Araújo, M. B., Dallas, T., Dunson, D., & Elith, J. (2019). A comprehensive evaluation of predictive performance of 33 species distribution models at species and community levels. *Ecological Monographs*, 89(3), e01370. <https://doi.org/10.1002/ecm.1370>
- Ovaskainen, O., Tikhonov, G., Norberg, A., Guillaume Blanchet, F., Duan, L., Dunson, D., Roslin, T., & Abrego, N. (2017). How to make more out of community data? A conceptual framework and its implementation as models and software. *Ecology letters*, 20(5), 561-576. DOI: 10.1111/ele.12757
- Pollock, L. J., Tingley, R., Morris, W. K., Golding, N., O'Hara, R. B., Parris, K. M., Veski, P. A., & McCarthy, M. A. (2014). Understanding co-occurrence by modelling species simultaneously with a Joint Species Distribution Model (JSDM). *Methods in Ecology and Evolution*, 5(5), 397-406. DOI: 10.1111/2041-210X.12180

- Seifali, M., Arshad, A., Moghaddam, F. Y., Esmaeili, H. R., Kiabi, B. H., Daud, S. K., & Aliabadian, M. (2012). Mitochondrial genetic differentiation of Spirilin (Actinopterygii Cyprinidae) in the south Caspian Sea basin of Iran. *Evolutionary Bioinformatics*, 8, EBO. S9207. DOI: 10.4137/EBO.S9207
- Stolf, F., & Dunson, D. B. (2025). Infinite joint species distribution models. *Biometrika*, 112(4), asaf055. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2402.13384>
- Tabasinezhad, N., Mosavi-Sabet, H., & Mostafavi, H. (2023). Predicting the impact of climate change on the distribution of non-native Stone moroko fish (*Pseudorasbora parva*) in the rivers of the southern basin of the Caspian Sea [Research]. *Iranian Journal of Applied Ecology*, 12(2), 1-10. <https://doi.org/10.47176/ijae.12.2.14701>
- Taberlet, P., Coissac, E., Hajibabaei, M., & Rieseberg, L. H. (2012). Environmental DNA. *Molecular ecology*, 21(8).
- Thuiller, W., Münkemüller, T., Lavergne, S., Mouillot, D., Mouquet, N., Schiffrers, K., & Gravel, D. (2013). A road map for integrating eco-evolutionary processes into biodiversity models. *Ecology letters*, 16, 94-105. <https://doi.org/10.1111/ele.12104>.
- Tikhonov, G., Opedal, Ø. H., Abrego, N., Lehikoinen, A., De Jonge, M. M., Oksanen, J., & Ovaskainen, O. (2020). Joint species distribution modelling with the R-package Hmsc. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(3), 442-447. DOI: 10.1111/2041-210x.13345
- Tilman, D. (1982). *Resource competition and community structure*. Princeton university press.
- Tobler, M. W., Kéry, M., Hui, F. K., Guillera-Arroita, G., Knaus, P., & Sattler, T. (2019). Joint species distribution models with species correlations and imperfect detection. *Ecology*, 100(8), e02754. DOI: 10.1002/ecy.2754
- Valavi, R., Guillera-Arroita, G., Lahoz-Monfort, J. J., & Elith, J. (2022). Predictive performance of presence-only species distribution models: a benchmark study with reproducible code. *Ecological monographs*, 92(1), e01486. DOI: 10.1002/ecm.1486
- Vogt, J., Soille, P., de Jaeger, A., Rimaviciute, E., Mehl, W., Foisneau, S., Bódis, K., Dusart, J., Paracchini, M., & Haastруп, P. (2007). A pan-European river and catchment database. EC-JRC (report EUR 22920 EN) Luxembourg.
- Warton, D. I., Blanchet, F. G., O'Hara, R. B., Ovaskainen, O., Taskinen, S., Walker, S. C., & Hui, F. K. (2015). So many variables: joint modeling in community ecology. *Trends in ecology & evolution*, 30(12), 766-779. DOI: 10.1016/j.tree.2015.09.007