

WIELOSTOPNIOWA ANALIZA TAKSONOMICZNA W BADANIACH ZESPOŁÓW OTWORNIC MIOCEŃSKICH

UKD 563.12.024:551.782.1(498—13)

Analiza taksonomiczna, stosowana w interpretacji wyników badań mikropaleontologicznych, ułatwia prowadzenie wszechstronnych studiów nad zespołami mikrofauny, a zwłaszcza pozwala na ocenę możliwości zastosowania zespołów otwornic (i innych mikroskamieniałości) dla korelacji stratygraficznej i dla rekonstruowania warunków paleoekologicznych. Analiza ta prowadzi do typizacji zespołów mikroskamieniałości pod względem ich składu, opierając się na listach gatunków (taksonów), częstotliwości ich występowania lub ilościowym (procentowym) udziale poszczególnych składników w zespole. W normalnym toku analizy taksonomicznej, zbiór wszystkich danych (np. listy gatunków ze wszystkich badanych próbek) jest dzielony na podzbiory, które jako mało zróżnicowane i względnie jednolite reprezentują zespoły mikroskamieniałości, będące następnie podstawą do wnioskowania geologicznego. Taki model analizy taksonomicznej został zastosowany dla typizacji zespołów otwornic mioceńskich w wierceniach z obszaru śląsko-krakowskiego (3).

Studia nad rozszerzeniem możliwości interpretacyjnych analizy taksonomicznej w zastosowaniu do badań mikropaleontologicznych wskazują następujące kierunki wnioskowania:

- 1) dzielenie zbioru na podzbiory (typizacja zespołów mikrofauny),
- 2) ocena różnic i podobieństw pomiędzy podzbiórami (zespołami),
- 3) ocena stopnia jednorodności lub różnorodności podzbioru (zespołu),

4) porządkowanie podzbiorów w hierarchiczne systemy taksonomiczne,

5) wydzielanie elementów (próbek) najbardziej typowych dla podzbioru (zespołu).

Realizacja tak sformułowanych wniosków, a zwłaszcza możliwość obiektywnego i ilościowego ich ujęcia stwarza perspektywę właściwego i pełnego wykorzystania wyników opracowań mikropaleontologicznych.

Podstawową cechą analizy taksonomicznej jest fakt, że działa ona w zamkniętym układzie danych. W związku z tym każda interpretacja wyników odnosi się wyłącznie do zbioru, który został przyjęty jako przedmiot obliczeń. Względem niego wydzielane są np. podzbiory (zespoły mikrofauny) lub elementy typowe (próbki reprezentatywne dla zespołu). Wprowadzenie do zbioru serii nowych elementów powoduje konieczność podjęcia analizy od początku. W związku z tym badania taksonomiczne powinny być rozpoczynane po zakończeniu badań mikropaleontologicznych, a nie w trakcie gromadzenia materiału podstawowego.

Jedną z głównych trudności w stosowaniu metod taksonomicznych jest ich znaczna pracochłonność. Wzrasta ona niepomieranie wraz z powiększaniem liczby elementów (próbek), wchodzących do analizy. Liczba operacji obliczeniowych przy prostej analizie

zbioru wyraża się wzorem: $L = \frac{n}{2} (n - 1)$, gdzie

n oznacza liczbę elementów (próbek) w zbiorze. Oznacza to, że w zbiorze złożonym z 10-ciu próbek liczba

operacji wynosi 45, w zbiorze o liczebności 50 wynosi ona 1225 operacji, przy 100 próbach — 4950 operacji, a przy 200 — 19 900 operacji. Ze względu na bardzo proste formuły matematyczne i wielką liczbę danych, posługiwanie się elektroniczną techniką obliczeniową jest tu mało efektywne.

Niedogodność wynikającą z dużej pracochłonności można w pewnym stopniu ograniczyć przez wprowadzenie wielostopniowej analizy taksonomicznej. Umożliwia ona objęcie badaniami dużej liczby próbek (elementów) bez znacznego powiększania liczby koniecznych obliczeń. Główna zaleta takiej analizy polega jednak na możliwości uzyskania dodatkowych danych dla wszechstronnej interpretacji wyników badań. Tok takiej wielostopniowej analizy można przedstawić na przykładzie opracowania zespołów otwornic z osadów miocenu zachodniej części zapadliska przedkarpackiego.

Podobieństwa i różnice pomiędzy zespołami otwornic zostały obliczone na podstawie spisów gatunków, bez uwzględnienia częstotliwości ich występowania, czyli tzw. „metoda jakościowa”. Plościowym wyrazem tych różnic jest „odległość taksonomiczna” określona formułą matematyczną, zaproponowaną przez H. Steinhausa (6, 8):

$$d_{st} = \frac{A + B - 2C}{A + B - C}$$

gdzie A i B oznaczają liczby gatunków w dwóch porównywanych próbkach, a C oznacza liczbę gatunków wspólnych dla obu próbek. Przy dwóch identycznych listach mikroskamieniałości $d_{st} = 0$, natomiast dla próbek nie mających ani jednego gatunku wspólnego $d_{st} = 1$. Celem uniknięcia liczb mniejszych od jedności, dla wszystkich d_{st} zastosowano mnożnik 1000. Liczebności A, B i C były ustalane z zastosowaniem kart perforowanych.

Opisywana wielostopniowa analiza taksonomiczna obejmuje 4 etapy („stopnie”): typowanie próbek, analizę całego zbioru, analizę podzbiorów przy wykorzystaniu najmniejszych odległości taksonomicznych oraz analizę podzbiorów z uwzględnieniem wszystkich danych liczbowych (ryc. 1).

MATERIAŁY MIKROPALAEONTOLOGICZNE

Wielostopniową analizę taksonomiczną przeprowadzono w celu określenia charakteru zróżnicowania zespołów otwornic z osadów miocenu zachodniej części zapadliska przedkarpackiego. Ogółem przedmiotem analizy było 105 próbek (list mikrofauny) reprezentujących 11 zespołów, pochodzących ze wszystkich poziomów stratygraficznych badanu z uwzględnieniem zróżnicowania facjalnego osadów. Zespoły te zostały szczegółowo opisane w kilku pracach autora (1, 2) wraz z podaniem przykładowych spisów gatunków i z zestawieniem nazw, którymi były one określane w literaturze geologicznej. Są to następujące zespoły mikroskamieniałości:

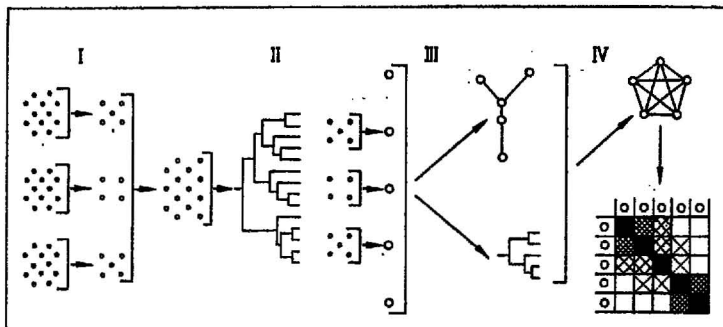
- zespół II A, bogata mikrofauna ze spągowych ilów marglistych (dolna część warstw skawińskich) z rejonu Krakowa i z Zagłębia Górnośląskiego, 10 próbek;
- zespół II α, mikrofauna z ilów marglistych, występująca jako osady transgresyjne, pokrywające fliszowe utwory Karpat Zewnętrznych, 9 próbek;
- zespół II B, mikrofauna z ilów marglistych (z warstw skawińskich) występująca bezpośrednio ponad zespołem II A, 10 próbek;
- zespół II β, mikrofauna z wapieni i margli litotamniowych z wiercenia w Czechowicach koło Gliwic, 8 próbek;
- zespół „PH”, mikrofauna z piasków heterosteginowych z okolic Krakowa i Miechowa, 7 próbek;
- zespół „żw”, mikrofauna ze żwirowców ilastych (z osuwisk podmorskich) z wiercenia w Przeciszowie koło Oświęcimia, 9 próbek;
- zespół II C, mikrofauna bardzo uboga, z ilów piaszczystych ze środkowej części warstw skawińskich rejonu śląsko-krakowskiego, 10 próbek;
- zespół II D, mikrofauna ze stropowej części warstw skawińskich rejonu śląsko-krakowskiego, 10 próbek;
- zespół III A, mikrofauna z warstw chodenickich z okolic Wieliczki i Bochni oraz z ich odpowiedników z rejonu Gliwic, 10 próbek;
- zespół III B, mikrofauna z warstw grabowieckich z okolic Wieliczki i Bochni oraz z ich odpowiedników z rejonu Gliwic, 10 próbek;
- zespół „PB”, mikrofauna z piasków bogucickich z okolic Wieliczki, 10 próbek.

Wymienione 11 zespołów uzupełniono o dwie próbki, pochodzące ze żwirowców ilastych z dwóch stanowisk: z odsłonięcia w Benczynie koło Wadowic i z wiercenia w Brzezówce koło Cieszyna. Probki te reprezentują dwunasty „zespół mikrofauny”, oznaczony w dalszym toku analizy symbolem „BB”.

TYPOWANIE ELEMENTÓW REPREZENTATYWNYCH

Pierwszy stopień analizy polega na wydzieleniu próbek, które można uznać za najbardziej charakterystyczne dla każdego zespołu mikrofauny (podzbioru). Operacja ta prowadzi do znacznego zmniejszenia liczby elementów, rozpatrywanych w następnych etapach obliczeń, a zarazem eliminuje ona z dalszego toku analizy te próbki, które ze względu na swój skład można uznać za mniej typowe. W praktyce badań mikropaleontologicznych zadanie takie jest często rozwiązywane przez preferowanie próbek o najbogatszej mikrofaunie, a więc obejmujących największą liczbę taksonów. Postępowanie takie nie jest uzasadnione, w danym bowiem zespole mikroskamieniałości zarówno próbki odznaczające się wybitnym zubożeniem, jak też wybitnym wzbogaceniem liczby taksonów mogą wyraźnie odbiegać od najczęściej powtarzającego się typu asocjacji.

Zastosowanie metody taksonomicznej dla realizacji omawianego zadania polega na obliczeniu odległości



Ryc. 1. Schemat wielostopniowej analizy taksonomicznej.

I — typowanie elementów reprezentatywnych, II — analiza zbioru, III — analiza podzbiorów, IV — analiza zmienności i zróżnicowania podzbiorów.

Fig. 1. Scheme of multistage taxonomical analysis.

I — selection of representative elements, II — analysis of population, III — analysis of subpopulations, IV — analysis of variability and differentiation of subpopulations.

taksonomicznych między wszystkimi próbkami, reprezentującymi dany zespół mikroskamieniałości. Wyniki tych obliczeń zapisane w formie tabelarycznej pozwalają na konstrukcję diagramu interpretacyjnego; najprostszym takim diagramem jest dendryt wrocławski (5, 9). Przez przerywanie największych połączeń dendrytu następuje dyskryminacja badanego zbioru, której przebieg decyduje o możliwości typowania próbek charakterystycznych. W wypadku gdy pierwsze trzy rozdzielania dendrytu prowadzą do jego rozpadania się na duże, wielopróbkowe czony, należy uznać, że analizowany zespół mikrofauny jest niejednorodny, a zatem wyodrębnianie z niego próbek reprezentatywnych nie ma sensu. Nasuwa się wtedy potrzeba merytorycznego zinterpretowania indywidualności podzbiorów, utworzonych przez rozdzielanie dendrytu i ewentualnie — potraktowanie ich jako oddębne zespoły mikroskamieniałości.

W wypadku gdy pierwsze trzy działania dendrytu (a często również następne) powodują jedynie odłączanie się pojedynczych próbek od zbioru należy uznać, że mamy do czynienia z jednolitym zbiorem mikroskamieniałości. Taki właśnie wynik uzyskano, badając dendryty poszczególnych zespołów otwornic miocenkich (ryc. 2). Na tej podstawie można było przystąpić do typowania próbek reprezentatywnych. Sposób postępowania został zilustrowany na przykładzie zespołu II A.

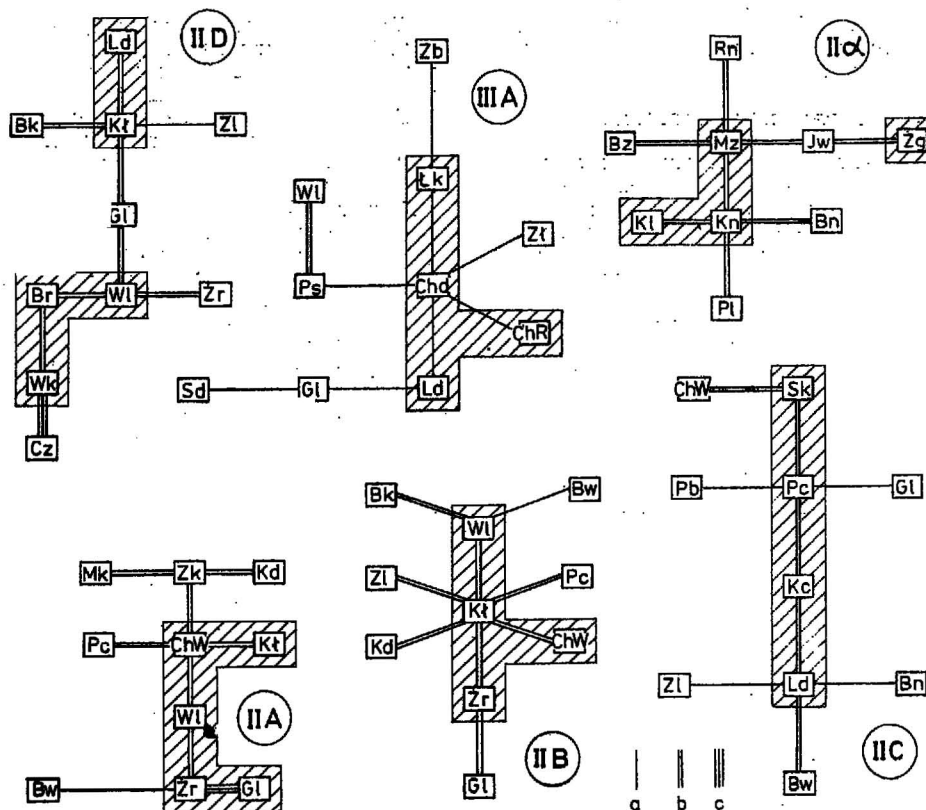
Zbiór obejmował 10 próbek, scharakteryzowanych przez spisy gatunków otwornic. Na podstawie cytowanego uprzednio wzoru Steinhausa obliczono odległości taksonomiczne między wszystkimi próbkami. W zamkniętym układzie tego zbioru każda próbka wykazuje ilościowo określone podobieństwa (odległości) do wszystkich dziewięciu pozostałych próbek. Po zsumowaniu tych wartości obliczono $\bar{d}_{st}$ — średnią odległość taksonomiczną każdej próbki w stosunku do pozostałych. Za najbardziej typową próbkę

zbioru można uznać tę, która charakteryzuje się najmniejszą wartością $\bar{d}_{st}$, czyli która najmniej różni się od innych (w omawianym przykładzie jest to próbka z wiercenia w Zorach). Do dalszego toku analizy wytypowano 5 próbek (elementów) odznaczających się najmniejszymi wartościami $\bar{d}_{st}$: Żory, Golejów, Chełm Wielki, Zakrzówek, Kłodnica. Na dendrycie wrocławskim zajmują one centralne położenie (ryc. 2).

W pierwszym stopniu analizy, stosując opisaną procedurę wybrano po 4 lub po 5 elementów (próbek) z każdego zespołu (ryc. 2). W ten sposób ze 103 próbek wytypowano 48 charakterystycznych, reprezentujących 11 zespołów mikroskamieniałości. Liczba ta została uzupełniona dwoma dodatkowymi próbkami (zespół BB — Benczyn, Brzezówka), o niedostatecznie wyjaśnionej pozycji taksonomicznej. Tak utworzony zbiór obejmuje 50 elementów grupujących w sobie 12 podzbiorów; jest on przedmiotem dalszego toku badań.

ANALIZA ZBIORU

Drugi stopień analizy polega na obliczeniu odległości taksonomicznej d_{st} pomiędzy wszystkimi próbkami (elementami) zbioru. Uzyskane wartości, zestawione tabelarycznie są podstawą dla taksonomicznego uporządkowania próbek. Operację tę realizuje się w dwojaki sposób: przez zestawienie dendrytu wrocławskiego oraz przez obliczenie i zestawienie dendrogramu (w polskiej literaturze diagram ten zwany jest również drzewem połączeń — 4). Opuszczanie najdłuższych połączeń w tych wykresach umożliwia dokonanie podziału niejednorodnego zbioru na podzbiory jednolite. W wypadku gdy dendryt i dendrogram rozdziela się na podzbiory, odpowiadające zespołom mikrofauny wprowadzonym do zbioru, zespoły te można uznać za dobrze zindywidualizowa-



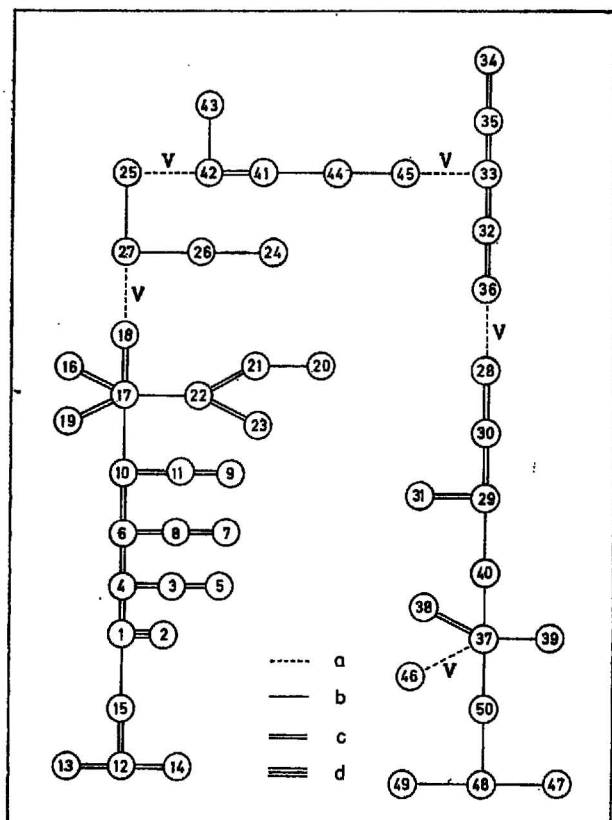
Ryc. 2. Dendryty wrocławskie z wybranych podzbiorów wyjściowych — pierwszy stopień analizy.

a — $d_{st} = 501-700$, b — $d_{st} = 301-500$, c — $d_{st} = 101-300$. W zakreskowanych polach ujęto próbki wytypowane do dalszych etapów obliczeń.

Fig. 2. Wrocław dendrites from selected entrance subpopulations. — the first stage of the analysis.

a — $d_{st} = 501-700$, b — $d_{st} = 301-500$, c — $d_{st} = 101-300$. Samples selected for successive stages of calculation are confined to hatched areas.

Analiza zbioru 50 próbek, reprezentujących zespoły otwornice miocenińskie została obrazowana zarówno dendrytem wrocławskim (ryc. 3), jak i dendrogramem (ryc. 4). Na pierwszym z tych wykresów zespoły są wyraźnie zindywidualizowane, a jedynie jedna z próbek piasków bogucickich (PB) jest przyłączona do próbki z warstw chodenickich (III A). Bardzo bliskie połączenia pomiędzy sobą wykazują elementy z zespołów IIA, II α i BB. Drugi wykres uwidacznia takie same powiązania. W sumie prowadzi one do



V — najdłuższe połączenia dendrytu, a — $d_{st} = 701-900$,
b — $d_{st} = 501-700$, c — $d_{st} = 301-500$, d — $d_{st} = 101-300$;
numery próbek: 1-5 — zespół II A, 6-9 — zespół II, 10-11 —
zespół BB, 12-15 — zespół II B, 16-19 — zespół II,
20-23 — zespół PH, 24-27 — zespół 2W, 28-31 — zespół II C,
32-36 — zespół II D, 37-40 — zespół III A, 41-45 — ze-
sąd III B, 46-50 — zespół PB.

V - the longest connection of dendrite, $a - d_{st} = 701 - 900$, $b - d_{st} = 591 - 790$, $c - d_{st} = 301 - 500$, $d - d_{st} = 101 - 300$; sample numbers: 1-5 - population II A, 6-9 - population II, 10-11 - population BB, 12-15 - population II B, 16-19 - population II, 20-23 - population PH, 24-27 - population 2w, 28-31 - population II C, 32-36 - population II D, 37-40 - population III A, 41-45 - population III B, 46-50 - population PB.

ANALIZA PODZBIORÓW

Trzeci stopień analizy dotyczy podzbiorów, których wyodrębnienie potwierdzono w poprzednim etapie obliczeń. Każdy podzbiór (zespół mikrofauny) jest tu potraktowany jako jedna próbka, obejmująca wszystkie taksony, występujące w wytypowanych listach mikrofauny, reprezentujących ten podzbiór. Odległości taksonomiczne pomiędzy zespołami, obliczone według wzoru Steinhausa, zestawione tabelar-

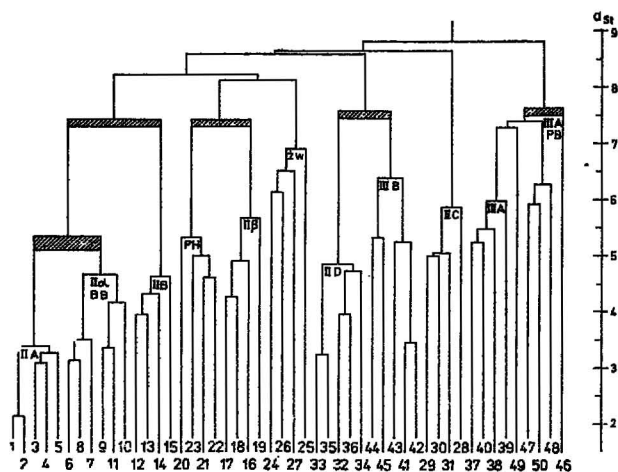
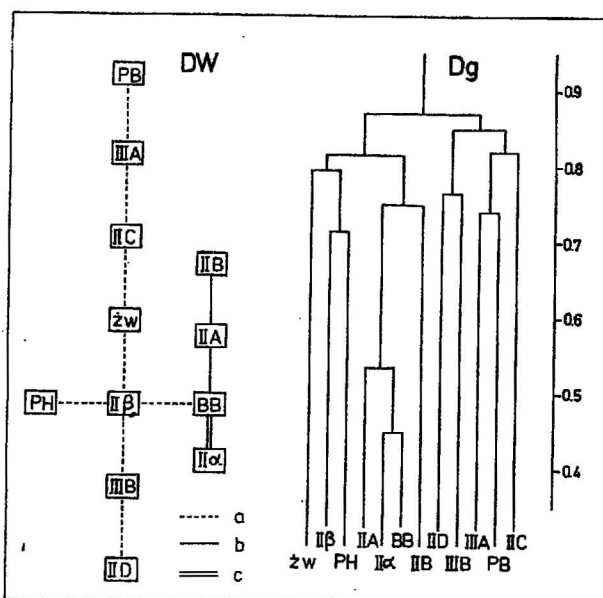


Fig. 4. Dendrograph of population of representative samples — second stage of the analysis; sample numbers as given in Fig. 3.


$$a - d_{St} = 701 - 900, b - d_{St} = 501 - 700, c - d_{St} = 301 - 500.$$

rycznie są następnie interpretowane graficznie, podobnie jak w drugim stopniu analizy. Umożliwia to bezpośrednie określenie wzajemnych relacji między poszczególnymi zespołami oraz wydzielenie grup zespołów, podobnych do siebie.

Obliczenie odległości taksonomicznych d_{st} między dwunastoma zespołami otwornic mioceńskich było poprzedzone ustaleniem wielkości A, B i C dla każdej pary zespołów przy zastosowaniu kart perforowanych. Po tabelarycznym ujęciu danych wykreślono: dendryt wrocławski i dendrogram (ryc. 5). Pierwszy z nich, po dwóch dzieleniach ujawnia obecność trzech grup zespołów otwornic. Drugi wykres ujawnia te same grupy zespołów i ukazuje ponadto sposób ich wzajemnego powiązania. Wyniki trzeciego stopnia analizy umożliwiają sformułowanie wszystkich ważniejszych wniosków, ilościowo ich ujęcie jest jedną przedmiotem kolejnego etapu badań.

ANALIZA ZMIENNOŚCI I ZRÓŻNICOWANIA PODZBIORÓW

Czwarty stopień analizy uwidacznia istotność różnic pomiędzy podzbiorami, na tle ich zmienności. Podstawowe dane pochodzą z tabeli zestawionej w drugim stopniu analizy. Tabela ta obejmuje wszystkie odległości taksonomiczne d_{st} pomiędzy poszczególnymi próbkami, wytypowanymi w pierwszym stopniu analizy. Zgrupowanie tych elementów w podzbiory wyodrębnione w toku analizy (w stopniu drugim) umożliwia zestawienie wielkości d_{st} pomiędzy wszystkimi elementami (próbkami) danego podzbiory (zespołu mikrofauny) oraz pomiędzy wszystkimi elementami tego zespołu a wszystkimi elementami każdego, kolejnego zespołu. W wyniku takiego postępowania można uzyskać wartości: x i s (średnia arytmetyczna i odchylenie standardowe) dla odległości taksonomicznych d_{st} w obrębie podzbiorów i pomiędzy poszczególnymi podzbiorami. Zestawienie tych wartości ujawnia możliwości interpretacyjne analizy taksonomicznej. Są one szczególnie korzystne, gdy d_{st} w obrębie podzbiorów jest znacznie mniejsze niż

d_{st} pomiędzy podzbiorami, a zatem gdy zmienność składu mikrofauny w zespołach jest nieznaczna w porównaniu z różnicami między zespołami. Wartość odchylenia standardowego obrazuje zarazem stopień zróżnicowania zmienności zespołów.

Obliczenie średnich arytmetycznych odległości taksonomicznych d_{st} według omawianego schematu umożliwia pełne wykorzystanie wszystkich danych liczbowych, zawartych w analizie. Dalsza interpretacja może być prowadzona przez zestawienie tych wartości średnich w formie dendrytu wrocławskiego lub dendrogramu, najbardziej pełny obraz można jednak uzyskać stosując tabelaryczne uporządkowanie danych według metody opracowanej przez J. Czekanowskiego (4, 7, 10). Uporządkowanie takie jest pracochłonne i uciążliwe, ale ujawnia wszystkie relacje ilościowe pomiędzy zespołami mikrofauny oraz uwidacznia ich wzajemne powiązania (9).

Realizacja omawianego etapu obliczeń w zbiorze obejmującym zespoły otwornic mioceńskich polegała na obliczeniu x i s na podstawie wartości d_{st} zawartych w polach tabeli, obejmujących poszczególne zbiory. Uzyskano w ten sposób średnie arytmetyczne odległości taksonomicznych, charakteryzujące „zmienność wewnętrzną” zespołów otwornic oraz odpowiednie średnie, ilustrujące relacje pomiędzy zespołami. Dyspersja tych wartości średnich jest wyrażona odchyleniami standardowymi. Uporządkowanie taksonomiczne uzyskanych wartości polega na takim ustawieniu kolejności zespołów, aby najmniejsze średnie odległości d_{st} były zgrupowane przy głównej przekątnej tabeli. Operację tę ułatwia nadawanie symbolicznych oznaczeń określonym przedziałom wartości d_{st} . W wyniku takiego uporządkowania powstaje tabela Czekanowskiego, uwidaczniająca związki pomiędzy poszczególnymi zespołami otwornic oraz liczbowe relacje między nimi (ryc. 6).

WNIOSKI

Przeprowadzona wielostopniowa analiza taksonomiczna upoważnia do sformułowania następujących wniosków:

	BB	II α	IIA	IIB	II β	PH	zw	IID	IIIB	IIC	IIIA	PB
BB	412 (32)	450 (38)	587 (27)	798 (43)	733 (38)	807 (44)	816 (32)	883 (24)	829 (52)	925 (23)	952 (18)	943 (12)
(L ₁) II α		339 (39)	487 (61)	751 (38)	740 (31)	816 (29)	838 (28)	865 (48)	839 (38)	822 (22)	935 (22)	936 (16)
IIA			323 (42)	722 (30)	791 (32)	850 (35)	899 (25)	887 (13)	888 (14)	932 (22)	980 (13)	964 (11)
(L ₂) IIB				439 (30)	788 (37)	823 (70)	842 (44)	848 (27)	878 (16)	833 (43)	941 (15)	941 (16)
II β					507 (75)	716 (45)	772 (46)	823 (29)	803 (48)	855 (32)	903 (25)	889 (38)
(L ₃) PH						509 (29)	817 (30)	883 (39)	862 (31)	886 (39)	913 (46)	858 (49)
zw							685 (35)	860 (21)	846 (63)	801 (43)	859 (39)	883 (49)
IID								459 (57)	767 (41)	806 (39)	844 (48)	873 (49)
W IIIB									572 (95)	894 (22)	863 (44)	838 (36)
IIC										542 (66)	799 (55)	837 (60)
G IIIA											572 (67)	741 (78)
PB												708 (75)

Ryc. 6. Tabela Czekanowskiego, obrazująca zmienność i zróżnicowanie podzbiorów (zespółów mikrofauny) — czwarty stopień analizy.

1 — wewnętrzna zmienność zespołów: średnie odległości taksonomiczne d_{st} i ich odchylenia standardowe, 2 — różnice pomiędzy zespołami mikrofauny: średnie odległości taksonomiczne d_{st} i ich odchylenia standardowe, 3 — $d_{st} = 400-500$, 4 — $d_{st} = 500-600$, 5 — $d_{st} = 600-700$, 6 — $d_{st} = 700-800$, 7 — $d_{st} = 800-900$, 8 — $d_{st} = 900-1000$, L₁, L₂, L₃ — etapy łączenia zespołów grupy fauny lancendorfskiej, W — grupa zespołów mikrofauny górnobadenckiego etapu rozwoju otwornic, G — grupa zespołów mikrofauny zubożalej.

Fig. 6. Czekanowski's table illustrating variability and differentiation of subpopulations (microfaunal assemblages) — fourth stage of the analysis.

1 — internal variability of populations; mean taxonomical distances, d_{st} , and their standard deviations, 2 — differences between microfaunal assemblages: mean taxonomical distances, d_{st} , and their standard deviations, 3 — $d_{st} = 400-500$, 4 — $d_{st} = 500-600$, 5 — $d_{st} = 600-700$, 6 — $d_{st} = 700-800$, 7 — $d_{st} = 800-900$, 8 — $d_{st} = 900-1000$, L₁, L₂, L₃ — stages of union of assemblages of Lancendorfsian faunal group, W — group of microfaunal assemblages of Late Badenian stage in development of foraminifers, G — group of impoverished microfaunal assemblages.

1. Zespoły otwornic, występujące w osadach badenu zachodniej części zapadliska przedkarpackiego są dobrze zindywidualizowane i wyraźnie różnią się od siebie.

2. Zespoły te łączą się w trzy grupy, odpowiadające etapom rozwoju mikrofauny mioceńskiej i zróżnicowaniu warunków paleoekologicznych.

3. Pierwsza grupa obejmuje zespoły: II A, II B, II α, BB, PH, II β i żw, występujące w ilach marglistych, ilach, wapieniach, piaskach i żwirowcach ilastych. Są to zespoły odpowiadające różnym odmianom „fauny lancendorfskiej” (ryc. 6 — L₁, L₂, L₃).

4. Druga grupa łączy dwa zespoły: II D i III B, występujące w ilach marglistych i piaszczystych. Reprezentują one w sumie drugi etap rozwoju mikrofauny w morzu badeńskim (ryc. 6 — W). Na obszarze Polski jest on przerwany epizodem sedymentacji chemicznej, natomiast poza zasięgiem poziomu gipsowego (np. w basenie wiedeńskim) etapowi temu odpowiada jednolity zespół otwornic.

5. Trzecia grupa łączy dwa zespoły: II C, III A i PB, występujące w ilach i w piaskach. Zespoły te odpowiadają zapewne epizodom, w czasie których niekorzystne warunki ekologiczne powodowały zubożenie mikrofauny (ryc. 6 — G).

6. W grupie fauny lancendorfskiej bardzo zbliżone do siebie są zespoły II A, II α i BB, w dalszej kolejności do trzech wymienionych dołącza się zespół II B. Wszystkie one prezentują tzw. zespoły globigerinowo-lagenidowe i globigerinowe poziomu *Orbulina suturalis*. Na dalszym stopniu hierarchicznym grupa ta łączy się z zespołami: PH, II β i żw, a zatem z mikrofauną rozwijającą się w osadach bardziej płytkowodnych tego samego poziomu stratygraficznego. Obraz taki uzyskano na dendrycie wrocławskim i na dendrogramie (ryc. 5); tabela Czekanowskiego uwidacznia dodatkowo możliwość wydzielenia trzech etapów grupowania zespołów fauny lancendorfskiej: L₁, L₂ i L₃ (ryc. 6).

7. Mikrofauna z Benczyna i Brzeźówki (zespół BB) jest bardzo podobna do zespołu II α. Wskazuje to na bliski związek żwirowców ilastych, występujących jako osady allochtoniczne (osuwniska podmorskie) w ilach z zespołem II C — z osadami z południowej, przybrzeżnej strefy morza mioceńskiego, transgredującego na flisz karpaccy.

8. Odmienność pozycja taksonomiczna żwirowców z Przeciszowa (zespół żw) wskazuje na zróżnicowanie zespołów mikrofauny we wspomnianej, południowej strefie morza mioceńskiego, mieszczące się jednak w ramach zmienności fauny lancendorfskiej.

9. Mikrofauna występująca w piaskach z różnych poziomów stratygraficznych różni się od siebie wyraźnie i nie wykazuje bezpośrednich związków.

10. Bardzo charakterystyczny jest związek mikrofauny z piasków heterosteginowych (zespół PH) z mikrofauną wapieni i margli litotamniowych z Czechowic (zespół II β), oznaczający podobieństwo zespołów otwornic dolnego badenu ze środowiska płytkomorskiego, występujących w osadach różnie wykształconych.

W podsumowaniu należy podkreślić celowość stosowania metod taksonomicznych, a zwłaszcza proponowanej analizy wielostopniowej, przy wszechstronnej interpretacji wyników badań mikropaleontologicznych. Przedstawiony przykład dobrze uwidacznia możliwość formułowania wniosków, nie wynikających bezpośrednio z prostego zestawienia i przejrzenia składów zespołów otwornic. Taki sam tok analizy może być z równym powodzeniem stosowany do uogólniania wyników badań mineralogicznych, petrograficznych, chemicznych, palinologicznych itp.

LITERATURA

1. Alexandrowicz S. — Zarys stratygrafii mikrofaunistycznej miocenu śląsko-krakowskiego. Kwart. geol., 1958, nr 1.
2. Alexandrowicz S. W. — Stratygrafia osadów mioceńskich w Zagłębiu Górnośląskim. Pr. Inst. Geol., 1963, T. 39.

3. Alexandrowicz S. W. — Taxonomische Analyse der Foraminiferenfaunen in den Skawina Schichten. Bull. Acad. Pol. Sc. Ser. Sc. Terre, 1975, nr 3/4.
4. Jedut R. — Problemy porządkowania i podziału jednostek terytorialnych przy użyciu zespołu metod taksonomicznych. Ann. UMCS Sect. B, 1970, Vol. 25.
5. Kopociński B. — Dyskryminacja za pomocą dendrytów. Zastos. Matem., 1960, t. 5, nr 3.
6. Marczewski E., Steinhaus H. — O odległości systematycznej biotopów. Ibidem, 1959, t. 4, nr 2.
7. Młynarczyk W. — Metody taksonomiczne w przestrzennym badaniu rolnictwa. Biul. Kom. Przestrz. Zag. Kraju PAN, 1970, nr 61.
8. Perkal J. — Porządkowanie przedmiotów. Kosmos, s. B, 1959, z. 3 (19).
9. Perkal J. — Matematyka dla przyrodników i rolników. PWN, 1967.
10. Wasiliewicz W. I. — Statisticheskie metody w gieobotanice. Izd. Nauka, 1969.

SUMMARY

The paper presents multistage model of taxonomical analysis enabling interpretation of results of micropaleontological studies and especially differentiation of microfaunal assemblages, estimation of differences between them, arranging the assemblages in a hierarchical system and selection of samples representative of an assemblage. The analysis is carried out in 4 stages (fig. 1). During the first stage representative samples characterized by the least mean values, d_{st} , are selected using computed taxonomical distances, d_{st} , between samples in entrance populations (Fig. 2). During the second stage all the samples selected for 12 assemblages analysed are arranged according to their indices d_{st} . The degree of individuality of the assemblages is subsequently determined by discrimination of Wrocław dendrite and dendrogram (Figs. 3, 4). In the third stage the assemblages are grouped in a unified taxonomic system which makes possible to distinguish three groups of assemblages: Lancendorian faunal group, benthic faunal group corresponding to Late Badenian cycle in the development of foraminifers and a group of impoverished fauna living under unsuitable paleoecological conditions (Fig. 5). The fourth stage of calculations is connected with quantitative characterization of differences and similarities between the groups of assemblages and evaluation of internal differentiation of the assemblages on the basis of all the quantitative data (Fig. 6). The studies cast some light on phases of development of microfauna in Badenian sea of the western part of the Carpathian Foredeep. The results obtained indicate a remarkable usefulness of multistage taxonomical analysis in interpretation of results of micropaleontological and, indirectly, mineralogical, petrographical and chemical studies.

РЕЗЮМЕ

Представлена модель многостепенного таксономического анализа делающего возможной интерпретацию результатов микропалеонтологических исследований, а особенно: выделение групп микрофауны, оценку разниц между ними, упорядочение групп в иерархическую систему, а также выбор представительных образцов для каждой группы. Анализ вмещает 4 этапа (ступени) (фиг. 1). В первом этапе на основании вычисленных таксономических расстояний d_{st} между образцами в пределах исходных групп — выбираются представительные образцы, которые характеризуются самыми малыми средними величинами d_{st} (фиг. 2). Во втором этапе проводится упорядочение всех образцов выбранных из 12 групп

путем вычисления между ними показателей d_{st} . В результате дискриминации вроцлавского дендрита и дендрограммы (фиг. 3, 4) определена степень индивидуальности этих групп. В третьем этапе все группы были составлены в однородную таксономическую систему, что позволило выделить три сообщества: фауны ланцдорфской, фауны бентонической, соответствующей верхнебаденскому циклу развития фораминифер и микрофауны обедненной, развивающейся в невыгодных палеоэкологических условиях (фиг. 5). Четвертый этап вычислений заключался в количественной характеристике различий

и сходств между выделенными сообществами, а также в распознавании их внутренней неоднородности на основании всех числовых данных (фиг. 6). В результате проведенных исследований были определены предложения касающиеся стадии развития микрофауны в баденском море западной части предкарпатского прогиба. Эти предложения подтверждают большую пригодность многостепенного таксономического анализа для интерпретации результатов микропалеонтологических исследований, а косвенным образом также для минералогических, петрографических, химических и др. исследований.