

# РАЗНООБРАЗИЕ И СТРУКТУРА СООБЩЕСТВ: ВВЕДЕНИЕ В МЕТОДЫ АНАЛИЗА

ВСЕ, ЧЕГО НЕЛЬЗЯ ВЫРАЗИТЬ В ЦИФРАХ,  
НЕ НАУКА, А ПРОСТО МНЕНИЕ

Роберт Хайнлайн

ЗАКОНЫ МАТЕМАТИКИ, ИМЕЮЩИЕ КАКОЕ-ЛИБО  
ОТНОШЕНИЕ К РЕАЛЬНОМУ МИРУ, НЕНАДЕЖНЫ;  
А НАДЕЖНЫЕ МАТЕМАТИЧЕСКИЕ ЗАКОНЫ  
НЕ ИМЕЮТ ОТНОШЕНИЯ К РЕАЛЬНОМУ МИРУ

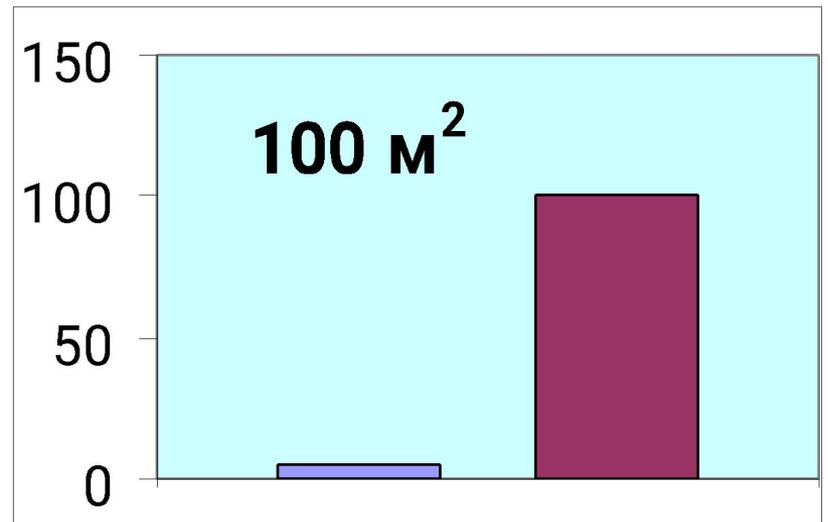
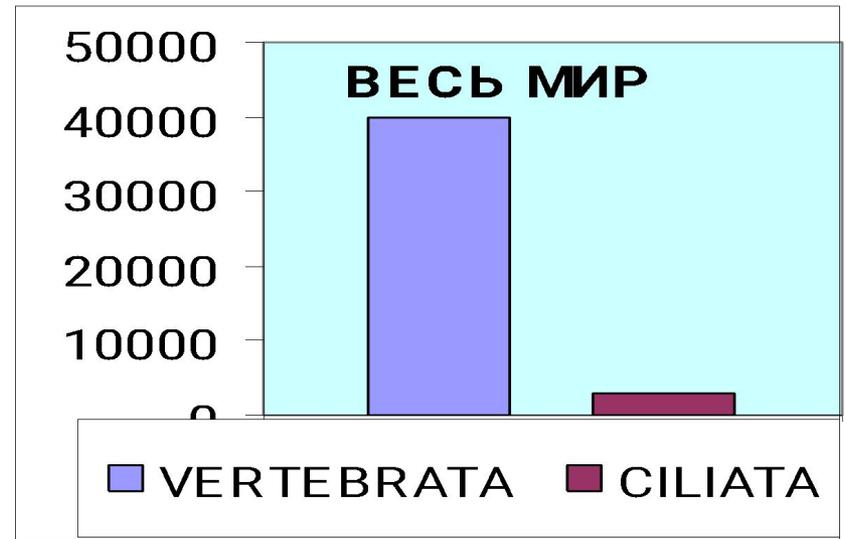
Альберт Эйнштейн

ГОРАЗДО ЛЕГЧЕ ЧТО-ТО ИЗМЕРИТЬ, ЧЕМ ПОНЯТЬ,  
ЧТО ИМЕННО ВЫ ИЗМЕРЯЕТЕ

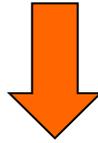
Дж. Салливен

# ВИДОВОЕ БОГАТСТВО: КАК ЕГО ОЦЕНИТЬ?

- КАКАЯ ГРУППА БОГАЧЕ ВИДАМИ: ИНФУЗОРИИ ИЛИ ПОЗВОНОЧНЫЕ?



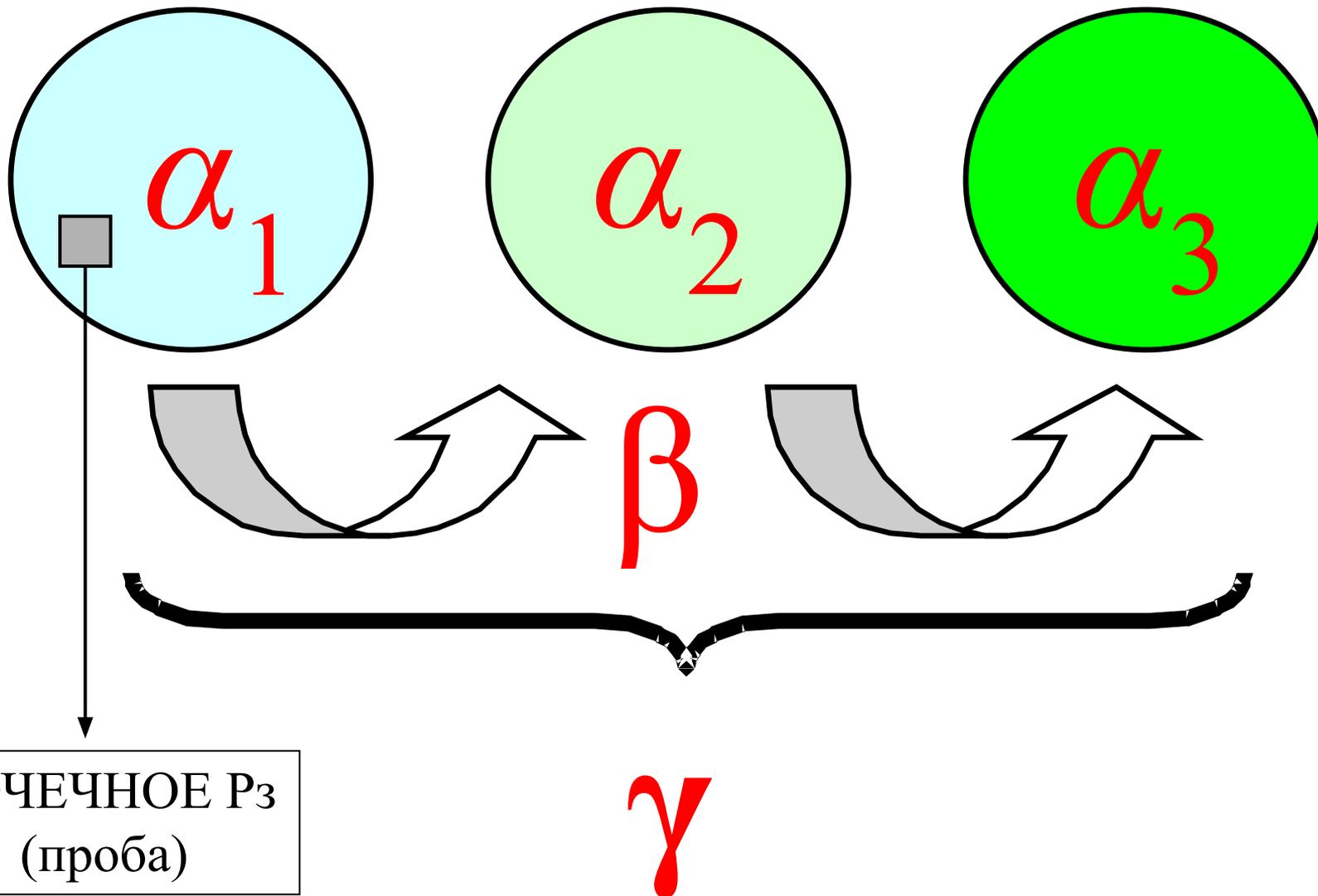
# **ВИДОВОЕ БОГАТСТВО ЗАВИСИТ ОТ МАСШТАБА**



**ЕГО НУЖНО НОРМИРОВАТЬ. КАК?**

- НА ПЛОЩАДЬ (НА  $m^2$  ? НА ГЕКТАР?)
- НА РАЗМЕР ОСОБИ?
- НА ЧИСЛО ОСОБЕЙ?

# УРОВНИ РАЗНООБРАЗИЯ по УИТТЕКЕРУ



# НАКОПЛЕНИЕ ВИДОВ («КРИВАЯ СБОРЩИКА»)

Число  
ВИДОВ  
 $S$

ВИДОВОЕ БОГАТСТВО

$$d_{MENH} = \frac{S}{\sqrt{N}}$$

$$d_{MARG} = \frac{S - 1}{\log N}$$

$$d = \frac{\log S}{\log N}$$

**ЧИСЛО ВИДОВ:**

- на пробу:  $S_{\text{sample}}$
- на  $n$  особей:  $ES(n)$

Объем выборки,  $N$   
(пробы или особи)

# ОЦЕНКИ $\beta$ -РАЗНООБРАЗИЯ

□ ПО СООТНОШЕНИЮ  $\alpha$ - и  $\gamma$ -РАЗНООБРАЗИЯ:

$$\beta = \gamma - \alpha \text{ (аддитивный метод)}$$

$$\beta = 1 - \alpha / \gamma \text{ (мультипликативный метод)}$$

**НЕДОСТАТОК: ЗАВИСИТ ОТ ОБЪЕМА ВЫБОРКИ**

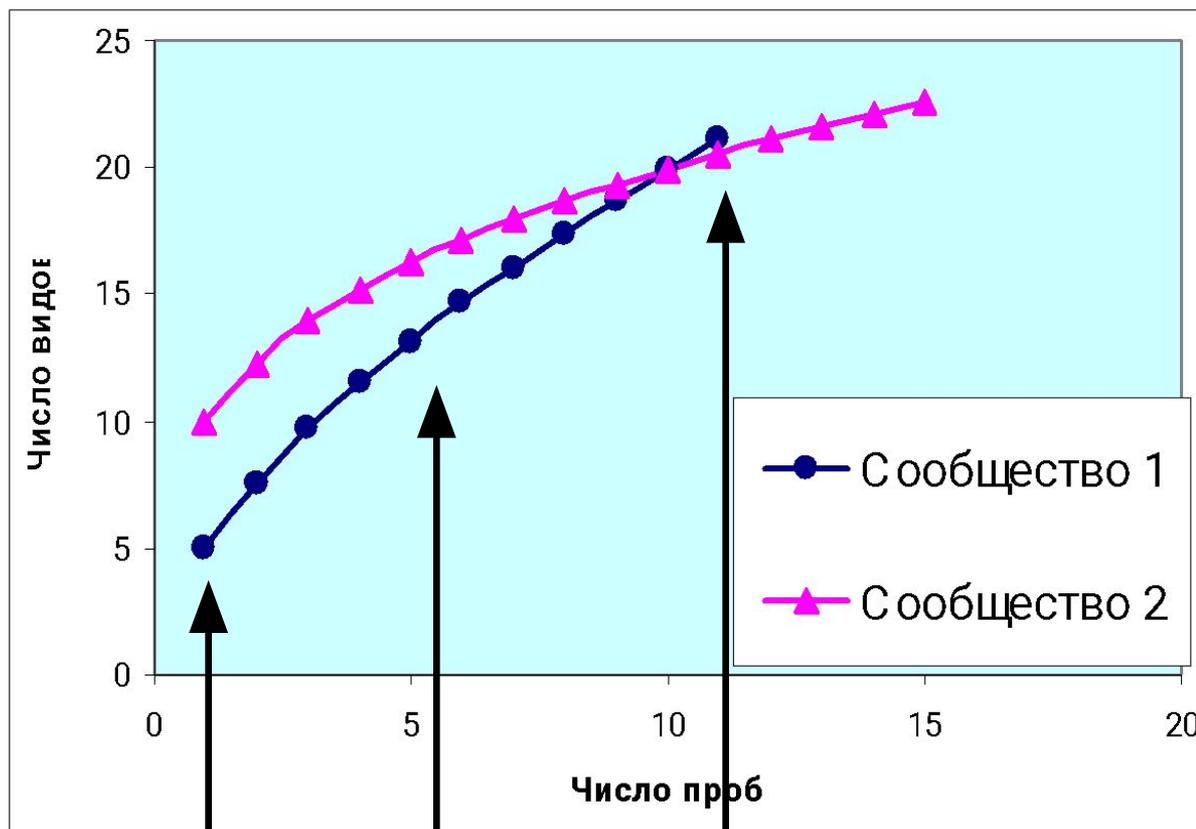
□ НА ОСНОВЕ ИНДЕКСОВ СХОДСТВА:  $\beta = 1 - SIMIL$

**НЕДОСТАТОК: ЗАВИСИТ ОТ ИНДЕКСА**

□ ПО СКОРОСТИ РОСТА КРИВОЙ НАКОПЛЕНИЯ ВИДОВ

**НЕДОСТАТКИ: 1) ЗАВИСИТ ОТ СПОСОБА АППРОКСИМАЦИИ КРИВОЙ; 2) НАДО СЧИТАТЬ ВРУЧНУЮ**

# СРАВНЕНИЕ КРИВЫХ НАКОПЛЕНИЯ ВИДОВ



РАСЧЕТ ПО  
СТЕПЕННОЙ  
АППРОКСИМАЦИИ:

$$S = a N^b$$

$$\log S = \log a + b \log N$$

$$a = \alpha;$$

$$b = \beta \text{ (угол наклона)}$$

$$\alpha_2 > \alpha_1$$

$$\beta_1 > \beta_2$$

$\gamma_1 = \gamma_2$  (при  
сопоставимых объемах  
выборки)

# ОЦЕНКИ «ПОЛНОГО» ЧИСЛА ВИДОВ ПО ВЫБОРКЕ

Пусть взято  $N$  проб, вид найден в  $n$  проб.

Встречаемость такого вида

(вероятность найти его в пробе):  $n/N$

Вероятность НЕ найти его в пробе:  $1-n/N$

Вероятность пропустить такой вид (не найти ни в одной из проб):  $(1-n/N)^N$

**Метод Chao** (оценка полного числа видов с учетом «пропущенных»):

$$S_{\text{ПОЛН}} = S + \frac{S_1(S_1 - 1)}{2(S_2 + 1)}$$

# ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ

ПРОБА 1:



ПРОБА 2:



Индекс Среднего  
Таксономического Разнообразия:  $\Lambda^+ = \left( 2 \sum \omega_{ij} \right) / (S (S - 1))$

# АНАЛИЗ СХОДСТВА

R ВИДОВ  $\times$  Q ПРОБ





R  $\times$  R ВИДОВ




Q  $\times$  Q ПРОБ

# ТРЕБОВАНИЯ К МЕРАМ СХОДСТВА

- МАСШТАБ:  $0 \leq S \leq 1$
- СИММЕТРИЯ:  $S_{AB} = S_{BA}$
- ВЕРХНИЙ ПРЕДЕЛ:  $S_{AA} = 1$
- НИЖНИЙ ПРЕДЕЛ:  
 $S_{AB} = 0$ , ЕСЛИ  $A \cap B = \emptyset$

# СХОДСТВО ДЛЯ КАЧЕСТВЕННЫХ ДАННЫХ (ЕСТЬ/НЕТ)

## 4-ХПОЛЬНАЯ ТАБЛИЦА

		I ПРОБА	
		+	-
II ПРОБА	+	a	b
	-	c	d

$$R_I = a + c \quad R_{II} = a + b$$

$$R_{I+II} = a + b + c$$

$$R_{\text{ОБЩ}} = a + b + c + d$$

# ИНДЕКСЫ СХОДСТВА ДЛЯ КАЧЕСТВЕННЫХ ДАННЫХ

- СЪЁРЕНСЕНА-ЧЕКАНОВСКОГО

$$S_{s-cz} = \frac{2a}{2a + b + c} \quad \left( = \frac{a}{\frac{(a + b) + (a + c)}{2}} \right)$$

ЧУВСТВИТЕЛЕН

ПРИ НИЗКОМ СХОДСТВЕ ( $a < b, c$ )

- ЖАККАРА  $S_J = \frac{a}{a + b + c}$

ЧУВСТВИТЕЛЕН ПРИ

ВЫСОКОМ СХОДСТВЕ ( $a > b, c$ )

# ИНДЕКСЫ СХОДСТВА ДЛЯ КАЧЕСТВЕННЫХ ДАННЫХ

- СИМПСОНА 
$$S_{SIM} = \frac{a}{a + \min(b, c)}$$

НЕЧУВСТВИТЕЛЕН К РАЗЛИЧИЯМ В ДЛИНЕ СПИСКОВ ( $a+b \gg a+c$ )

- БАРОНИ-УРБАНИ и БЮССЭ

$$S_{BUB} = \frac{a + \sqrt{ad}}{a + b + c + \sqrt{ad}}$$

ЧУВСТВИТЕЛЕН К КЛЕТКЕ  $d$  !

# ИНДЕКСЫ СХОДСТВА ДЛЯ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ДАННЫХ

- БРЕЯ-КЁРТИСА (BRAY-CURTIS):

$$S_{B-C} = 1 - \frac{\sum_R |n_{1i} - n_{2i}|}{\sum_R (n_{1i} + n_{2i})} \quad \left( = \sum_R \min(p_{1i}; p_{2i}) \right)$$

- ПИАНКИ (PIANKA) (ЧУВСТВИТЕЛЕН К  
РАЗЛИЧИЯМ В ДОМИНАНТАХ)

$$S_{PI} = \frac{\sum n_{1i} \cdot n_{2i}}{\sqrt{\sum n_{1i}^2 \cdot \sum n_{2i}^2}}$$

- ЭВКЛИДОВО РАССТОЯНИЕ:

$$D_{EU} = \sqrt{\sum (n_{1i} - n_{2i})^2}$$

# МЕТОДЫ МНОГОМЕРНОЙ СТАТИСТИКИ (много объектов со многими признаками)

РАЗБИЕНИЕ НА КЛАССЫ

ТРЕБУЕТСЯ *a priori*

КЛАССИФИКАЦИЯ  
(кластер-анализ)

НЕ ТРЕБУЕТСЯ

ДААННЫЕ О ФАКТОРАХ  
СРЕДЫ ИСПОЛЬЗУЮТСЯ?

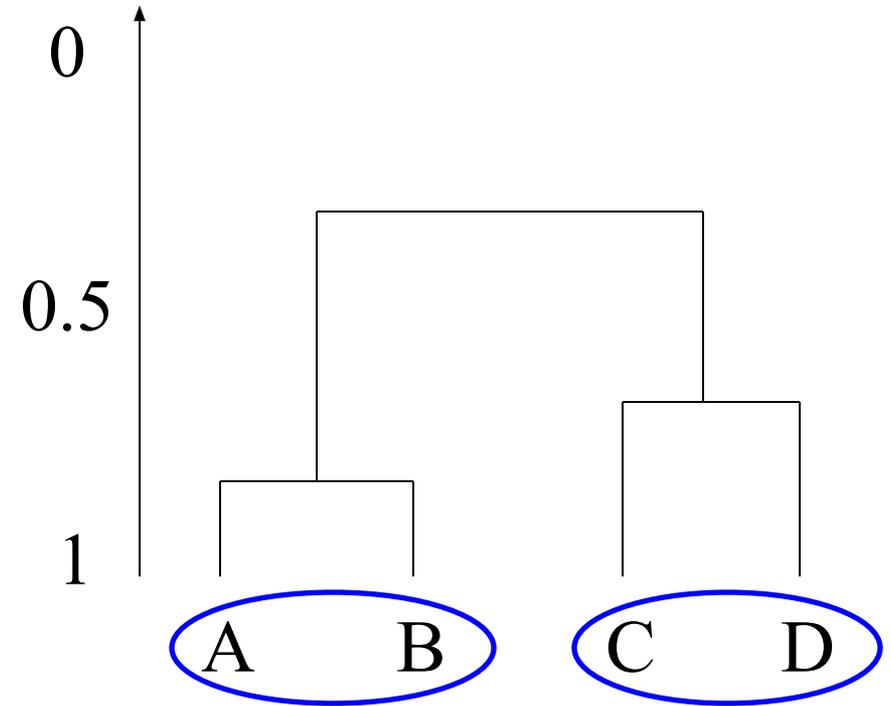
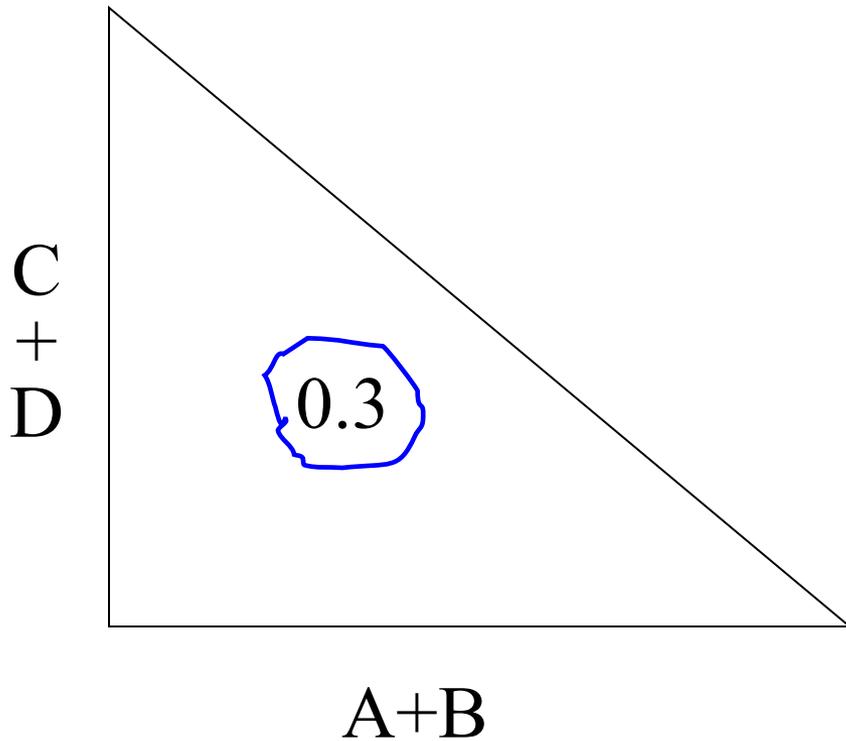
ДА

ПРЯМОЙ ГРАДИЕНТНЫЙ  
АНАЛИЗ (ССА, RSM)

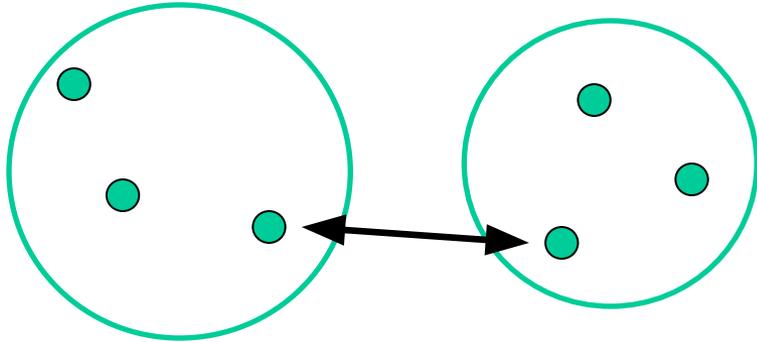
НЕТ

ОРДИНАЦИЯ  
(РСА, СА, ДСА, МДС)

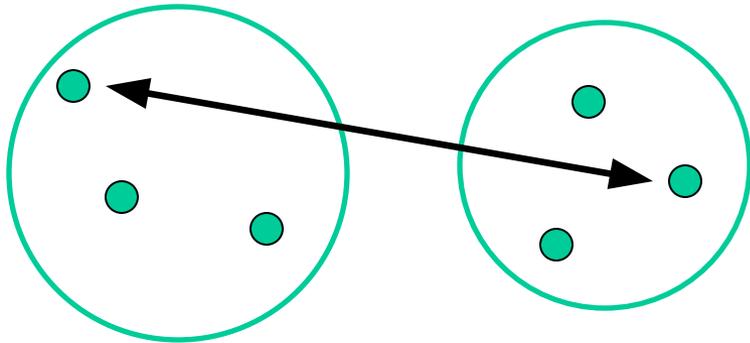
# ИЕРАРХИЧЕСКАЯ КЛАССИФИКАЦИЯ: КЛАСТЕР-АНАЛИЗ (CLUSTER-ANALYSIS)



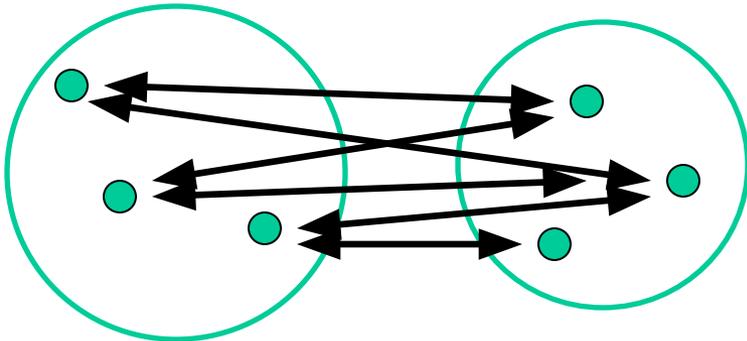
# СПОСОБЫ ОБЪЕДИНЕНИЯ ГРУПП ОБЪЕКТОВ



МЕТОД  
БЛИЖАЙШЕГО СОСЕДА  
(SINGLE LINKAGE)



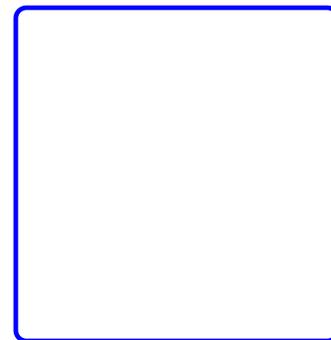
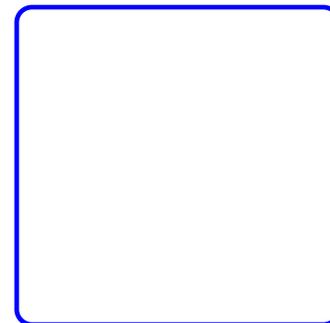
МЕТОД  
ДАЛЬНЕГО СОСЕДА  
(COMPLETE LINKAGE)



МЕТОД СРЕДНЕГО  
ПРИСОЕДИНЕНИЯ  
(GROUP AVERAGE)

МЕТОД  
БЛИЖАЙШЕГО  
СОСЕДА

МЕТОД  
ДАЛЬНЕГО  
СОСЕДА



# МЕТОДЫ ОРДИНАЦИИ

**ИСХОДНАЯ ИДЕЯ:** ЛЮБОЙ ОБЪЕКТ С  $n$  ПРИЗНАКАМИ  
МОЖНО ПРЕДСТАВИТЬ КАК ТОЧКУ В  $n$ -МЕРНОМ ПРОСТРАНСТВЕ

ЗАДАЧИ:

- ОТРАЗИТЬ ВЗАИМНОЕ ПОЛОЖЕНИЕ ОБЪЕКТОВ
- УМЕНЬШИТЬ РАЗМЕРНОСТЬ ПРОСТРАНСТВА ПРИЗНАКОВ
- ВЫЯВИТЬ «СКРЫТУЮ СТРУКТУРУ» ДАННЫХ

МОДЕЛЬ СВЯЗИ ПРИЗНАКОВ  
МЕЖДУ СОБОЙ И СО «СКРЫТЫМИ ФАКТОРАМИ»



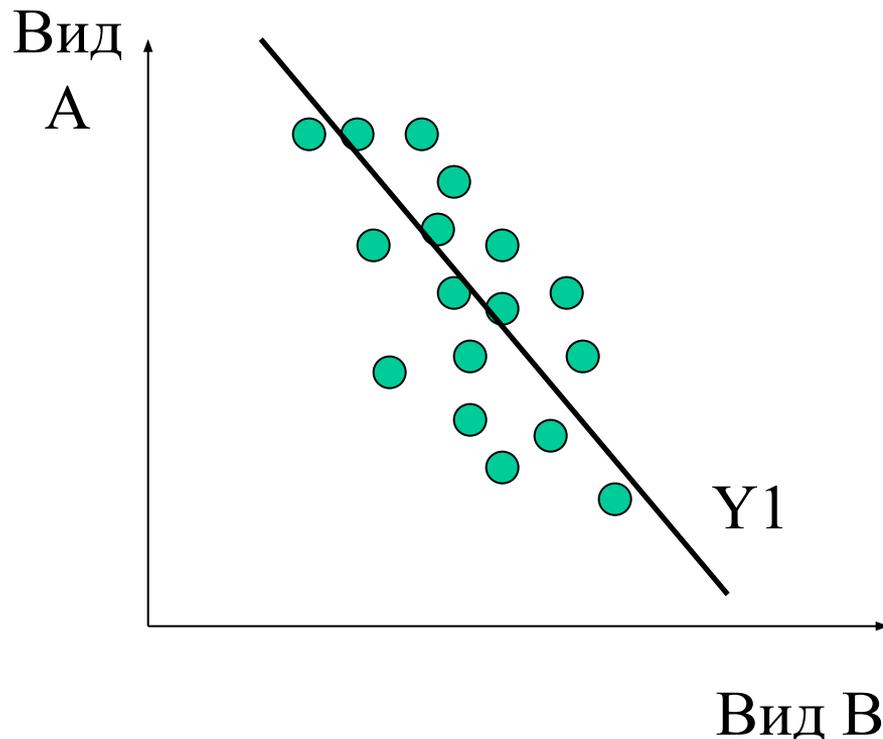
СПОСОБ ПОСТРОЕНИЯ  
ОСЕЙ ОРДИНАЦИИ



ОПРЕДЕЛЕНИЕ  
ПОЛОЖЕНИЯ ОБЪЕКТОВ  
В НОВЫХ ОСЯХ

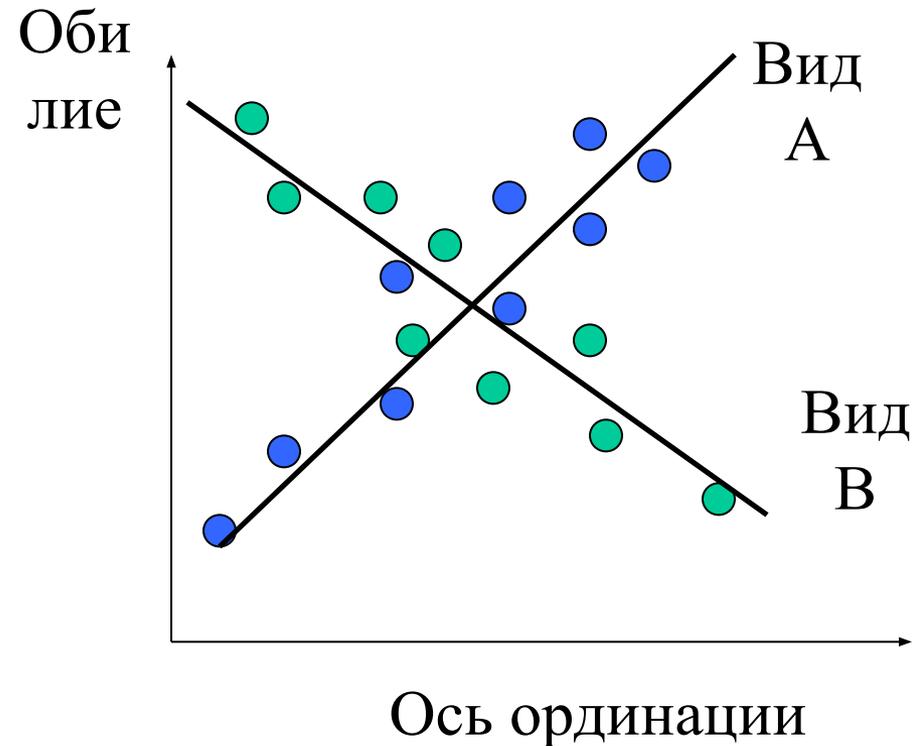
# МЕТОД ГЛАВНЫХ КОМПОНЕНТ (PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS, PCA)

ПРЕДПОЛАГАЕТСЯ, ЧТО  
ПРИЗНАКИ СВЯЗАНЫ  
МЕЖДУ СОБОЙ ЛИНЕЙНО



ТОГДА ОСИ - ЛИНЕЙНЫЕ  
КОМБИНАЦИИ ПРИЗНАКОВ

$$Y_1 = a_1 X_A + b_1 X_B$$

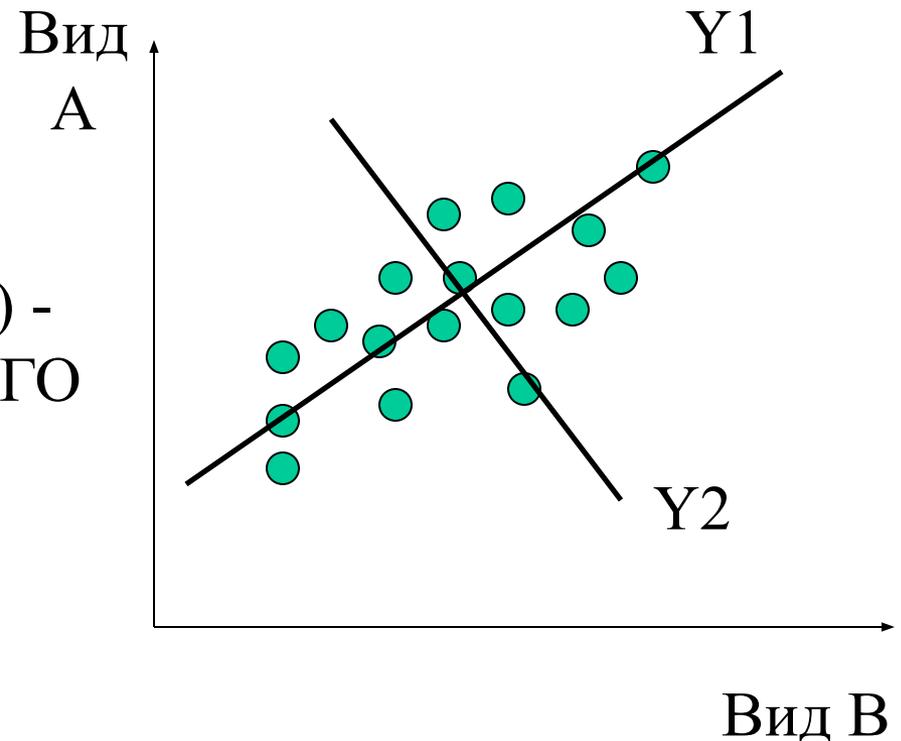


# МЕТОД ГЛАВНЫХ КОМПОНЕНТ (PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS)

ОСИ - ЛИНЕЙНЫЕ  
КОМБИНАЦИИ ПРИЗНАКОВ

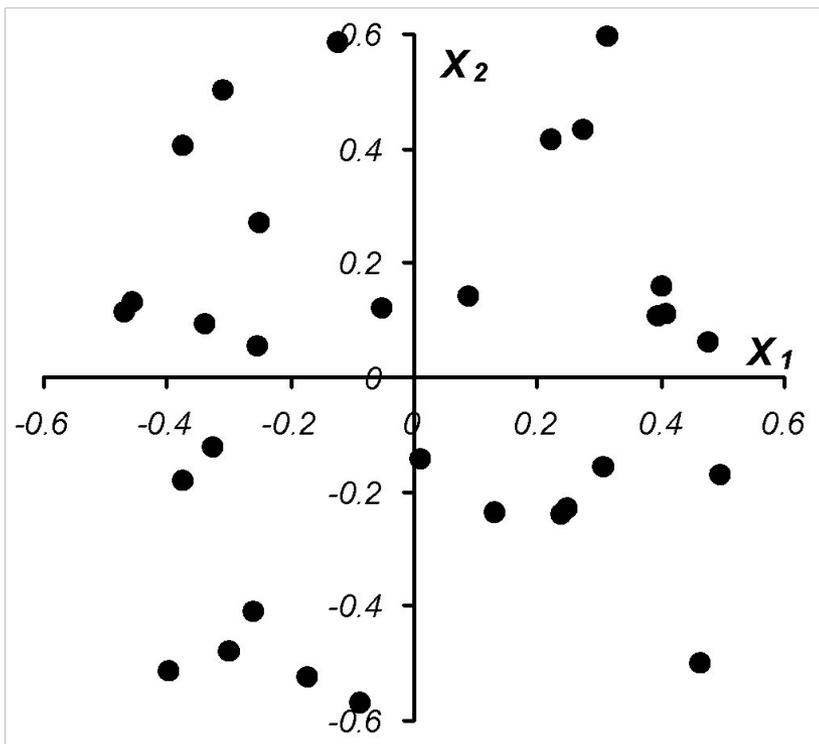
ПЕРВАЯ ОСЬ (КОМПОНЕНТА) -  
НАПРАВЛЕНИЕ НАИБОЛЬШЕГО  
РАЗБРОСА ТОЧЕК

$$Y1 = a_1 X_A + b_1 X_B$$

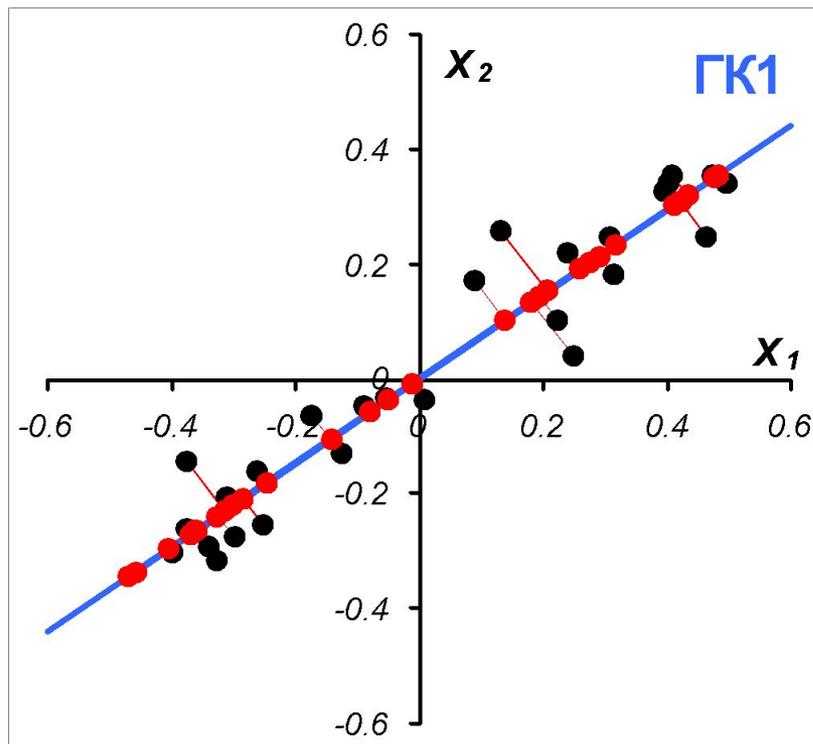


# МЕТОД ГЛАВНЫХ КОМПОНЕНТ (PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS)

Данные без структуры

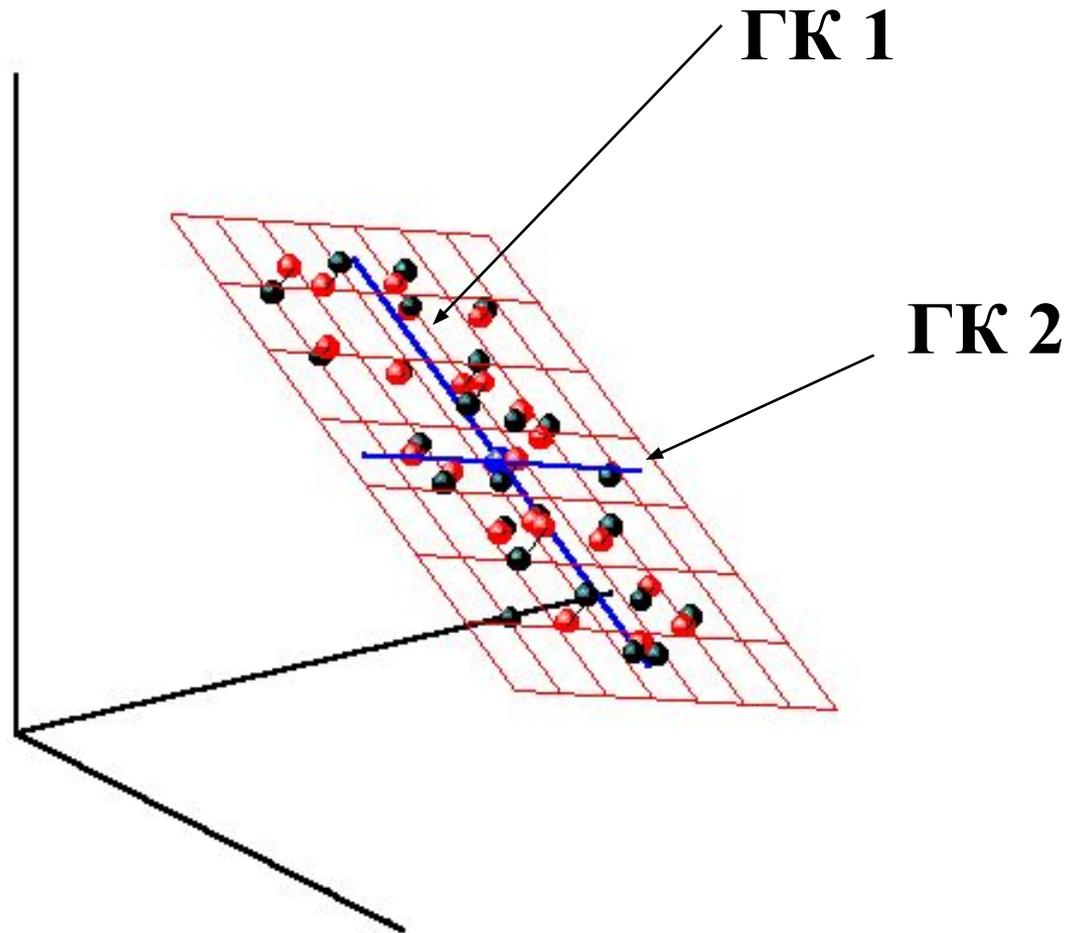


Данные со скрытой структурой



# МЕТОД ГЛАВНЫХ КОМПОНЕНТ (PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS)

ВТОРАЯ ОСЬ -  
НАПРАВЛЕНИЕ  
НАИБОЛЬШЕГО  
РАЗБРОСА ТОЧЕК,  
ПЕРПЕНДИКУЛЯР-  
НОЕ ПЕРВОЙ



# ПРИМЕР: ОРДИНАЦИЯ СТАНЦИЙ ПО ФАКТОРАМ СРЕДЫ

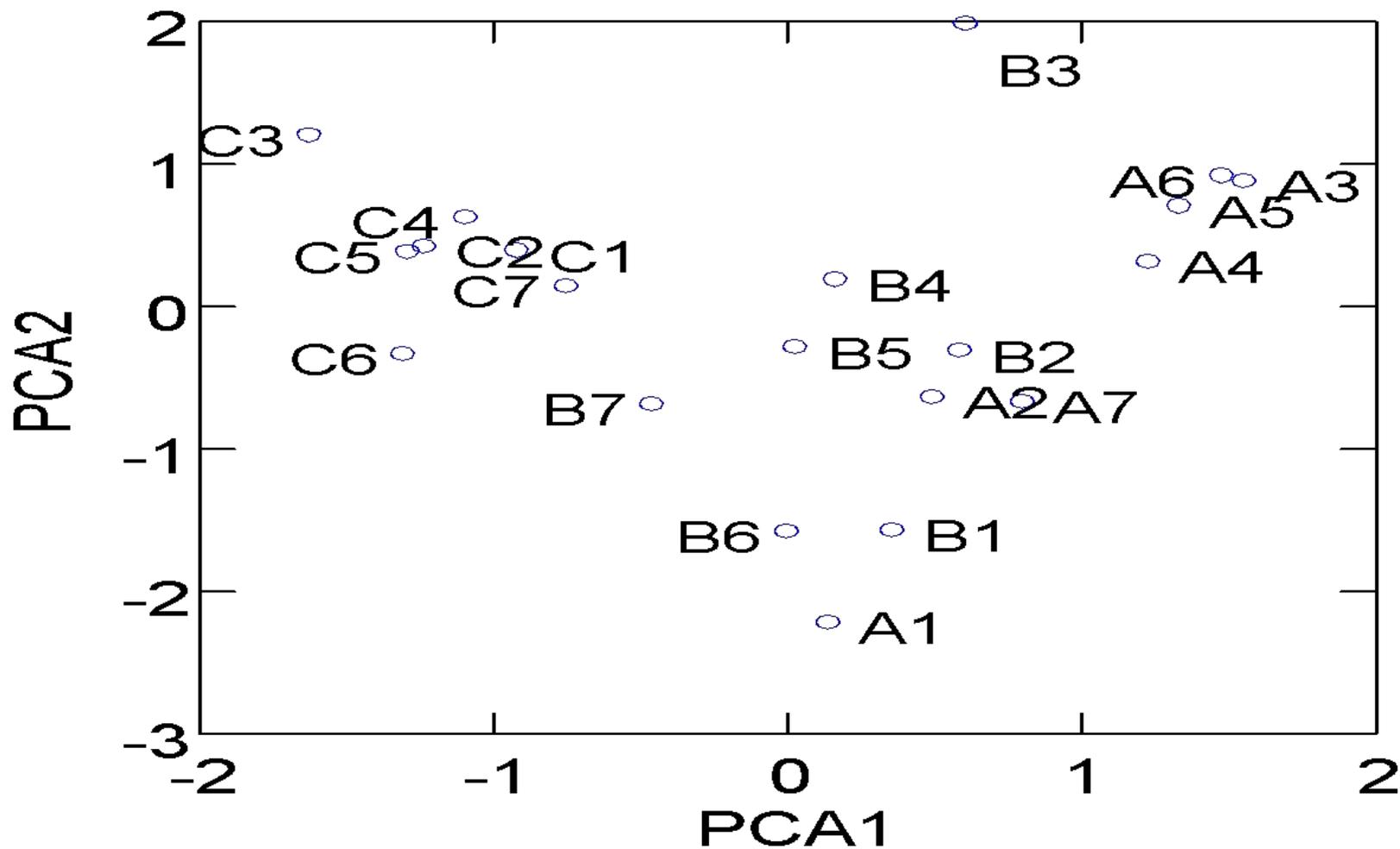
## НАГРУЗКА

(ВКЛАД В КОМПОНЕНТУ)

ПЕРЕМЕННАЯ      1-АЯ (44%)    2-АЯ (19%)

РАЗМЕР ЧАСТИЦ	<b>0.936</b>	0.245
РАЗБРОС РАЗМЕРОВ	<b>0.967</b>	0.073
ВРЕМЯ ОСУШЕНИЯ	<b>0.911</b>	-0.212
ВЛАЖНОСТЬ ГРУНТА	<b>-0.671</b>	0.066
МОЩН. СОВР. ОСАДКА	<b>-0.609</b>	0.364
PH	<b>-0.561</b>	0.058
СТЕПЕНЬ СОРТИРОВКИ	<b>0.555</b>	<b>-0.747</b>
% ИЛОВОЙ ФРАКЦИИ	-0.522	<b>-0.673</b>
АЭРИРОВАННЫЙ СЛОЙ	0.137	<b>0.723</b>
EH	0.216	<b>0.564</b>

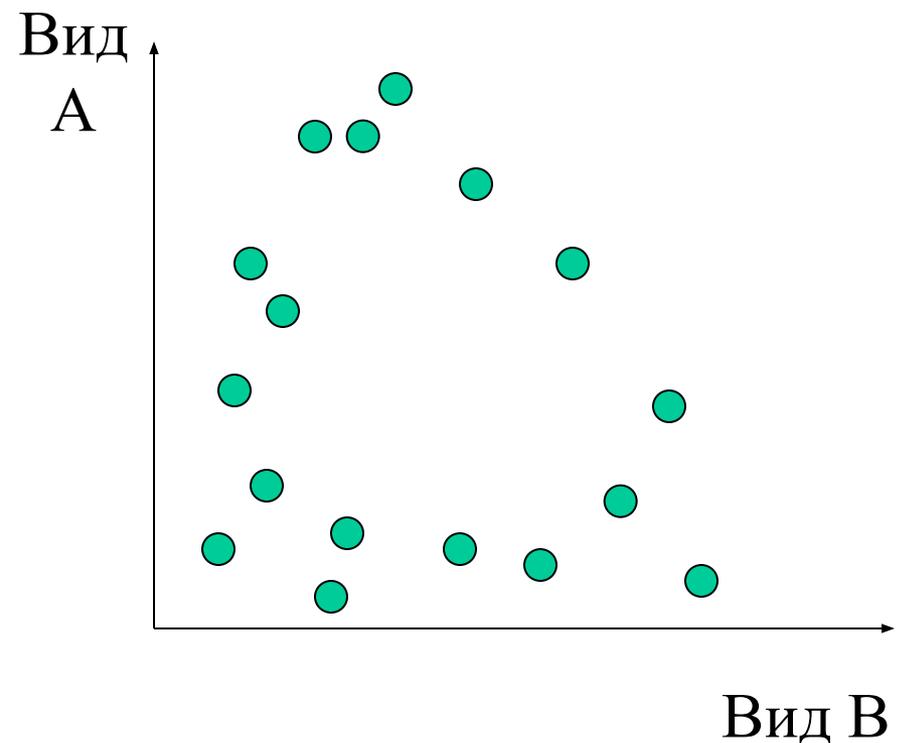
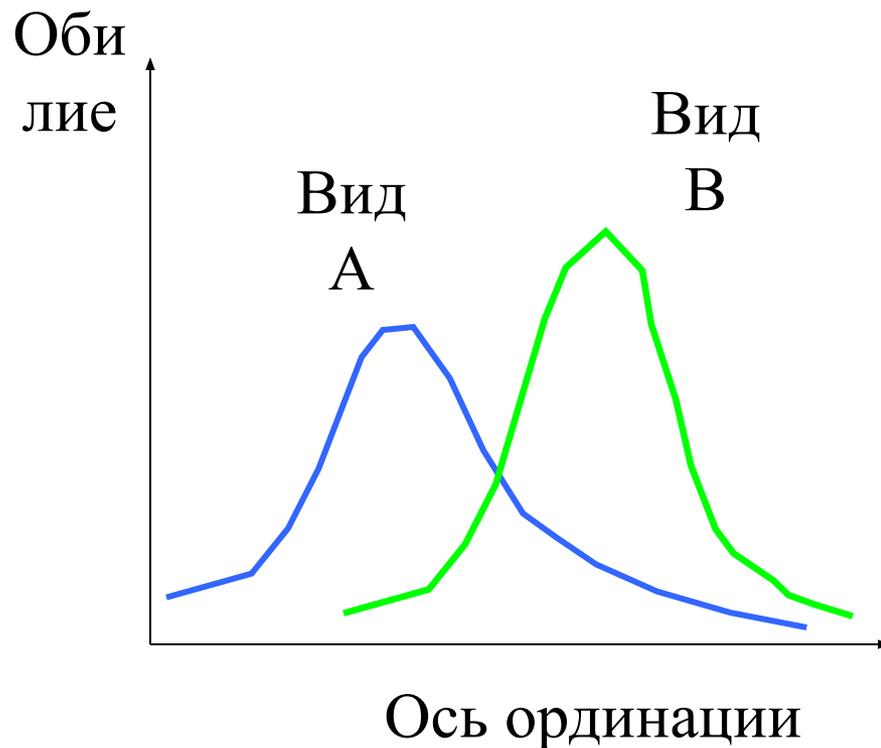
# ПРИМЕР: ОРДИНАЦИЯ СТАНЦИЙ ПО ФАКТОРАМ СРЕДЫ



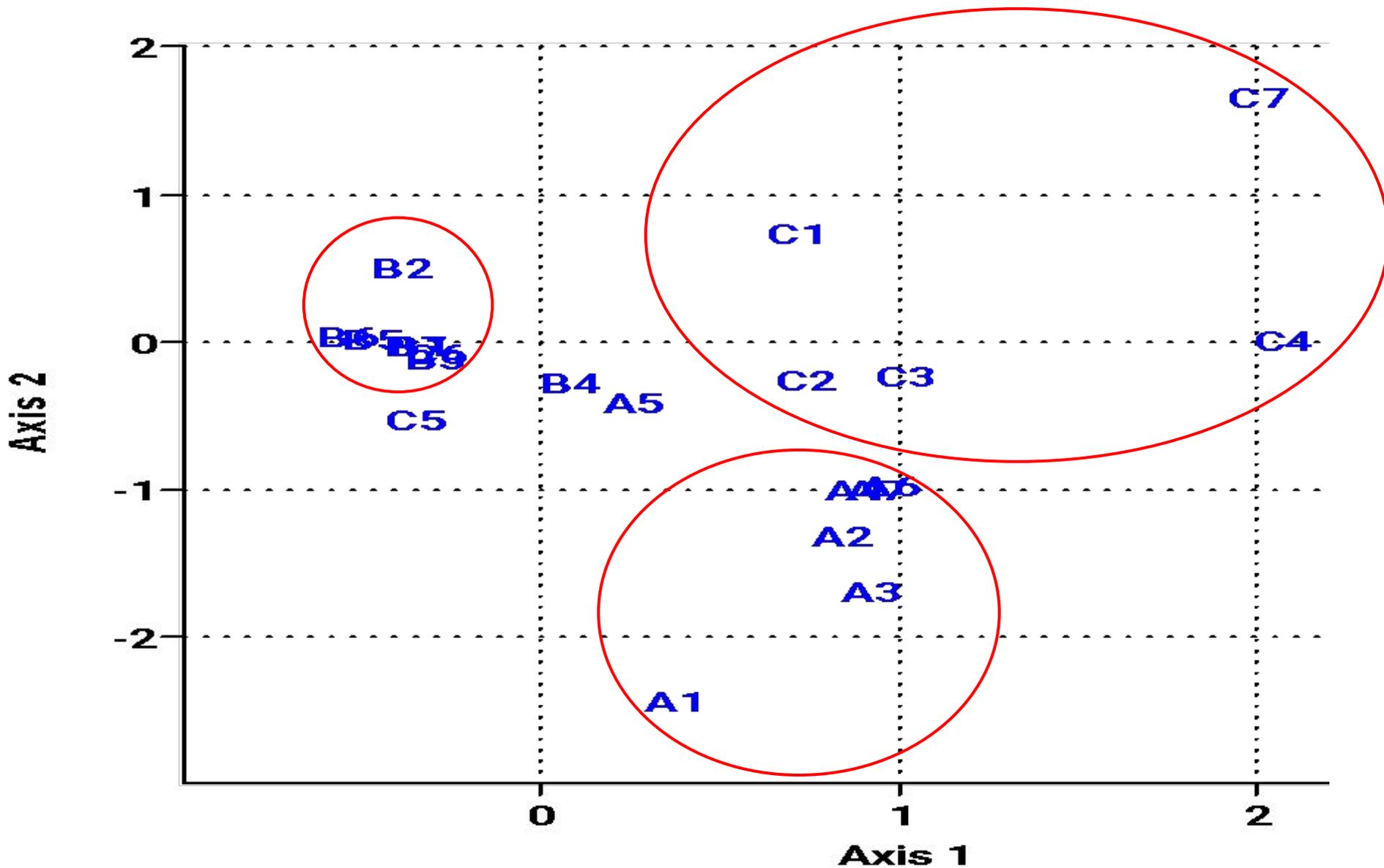
# АНАЛИЗ СООТВЕТСТВИЙ (CORRESPONDENCE ANALYSIS, CA-DCA)

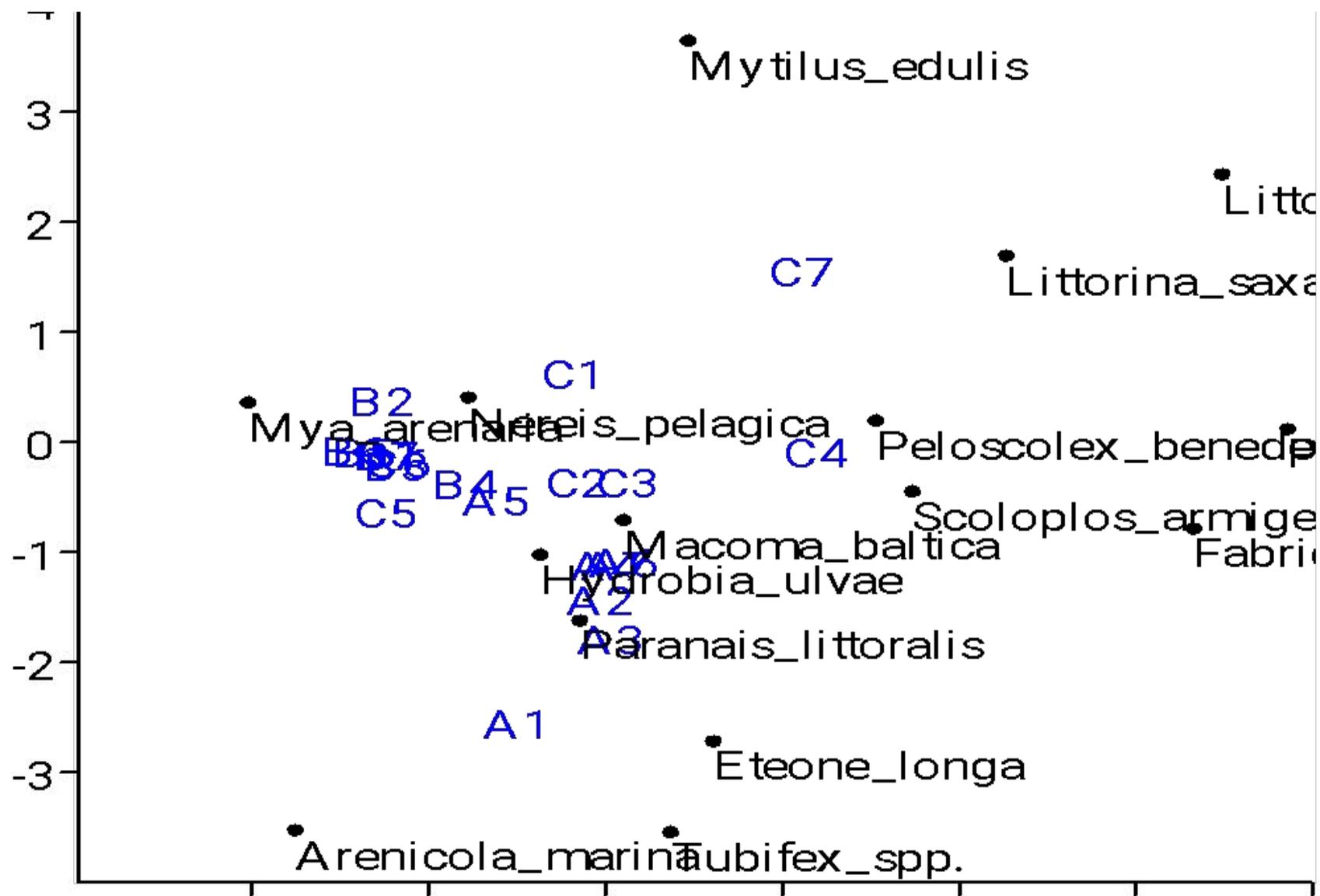
ВИДЫ (ПРИЗНАКИ)  
РАСПРЕДЕЛЕННЫ  
ВДОЛЬ ОСЕЙ  
УНИМОДАЛЬНО

ЭТО ПРЕДПОЛАГАЕТ, ЧТО  
САМИ ПРИЗНАКИ СВЯЗАНЫ  
МЕЖДУ СОБОЙ НЕЛИНЕЙНО



# ПРИМЕР АНАЛИЗА СООТВЕТСТВИЙ: ОРДИНАЦИЯ СТАНЦИЙ ПО ОБИЛИЮ ВИДОВ





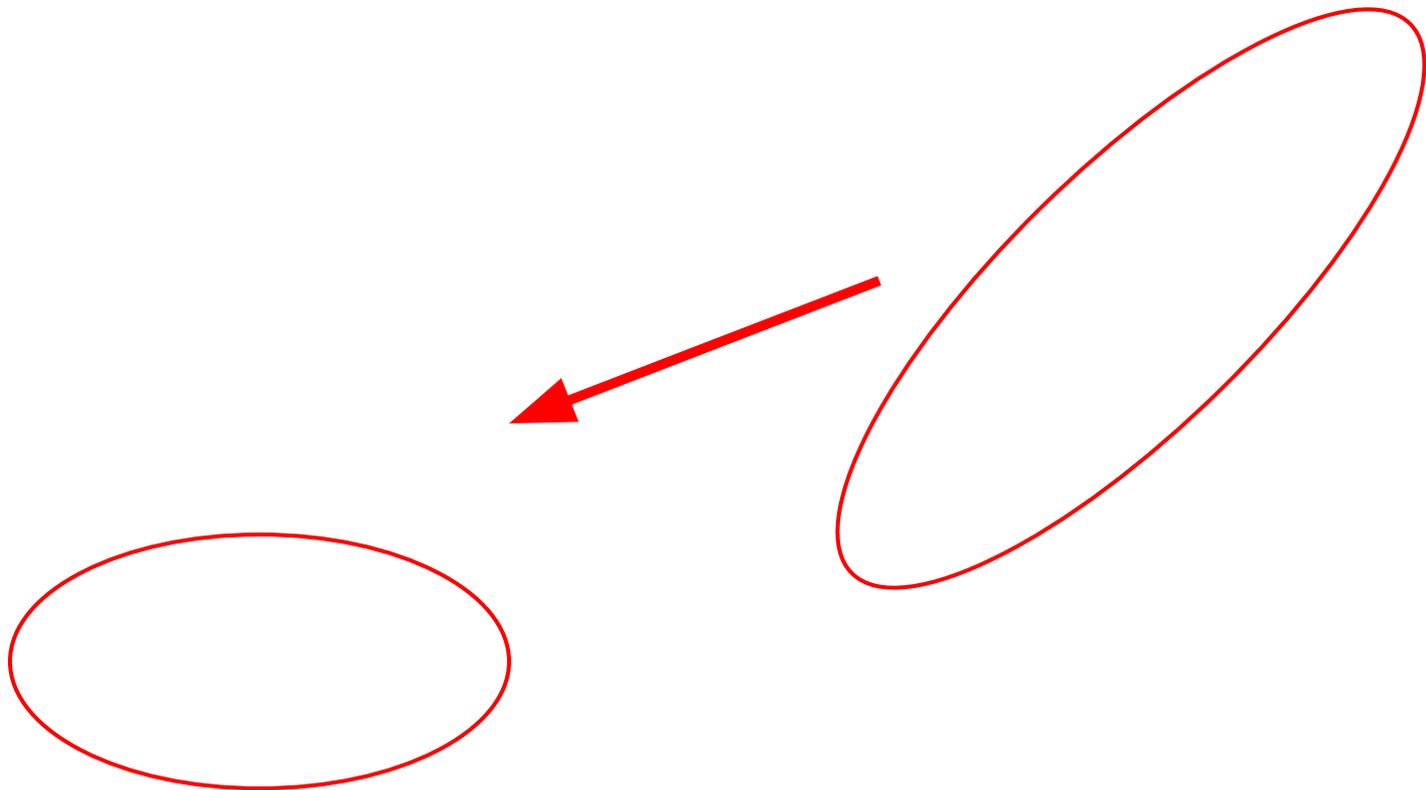
# МНОГОМЕРНОЕ ШКАЛИРОВАНИЕ (MULTIDIMENSIONAL SCALING)

ЗАДАЧИ:

- ВИЗУАЛИЗАЦИЯ ДАННЫХ О СХОДСТВЕ
- УМЕНЬШЕНИЕ РАЗМЕРНОСТИ

РАСПОЛАГАЕТ ОБЪЕКТЫ ТАК, ЧТОБЫ  
РАССТОЯНИЯ МЕЖДУ НИМИ  
СООТВЕТСТВОВАЛИ ВЕЛИЧИНАМ  
НЕСХОДСТВА

# ПРИМЕР МНОГОМЕРНОГО ШКАЛИРОВАНИЯ: ОРДИНАЦИЯ СТАНЦИЙ ПО ОБИЛИЮ ВИДОВ

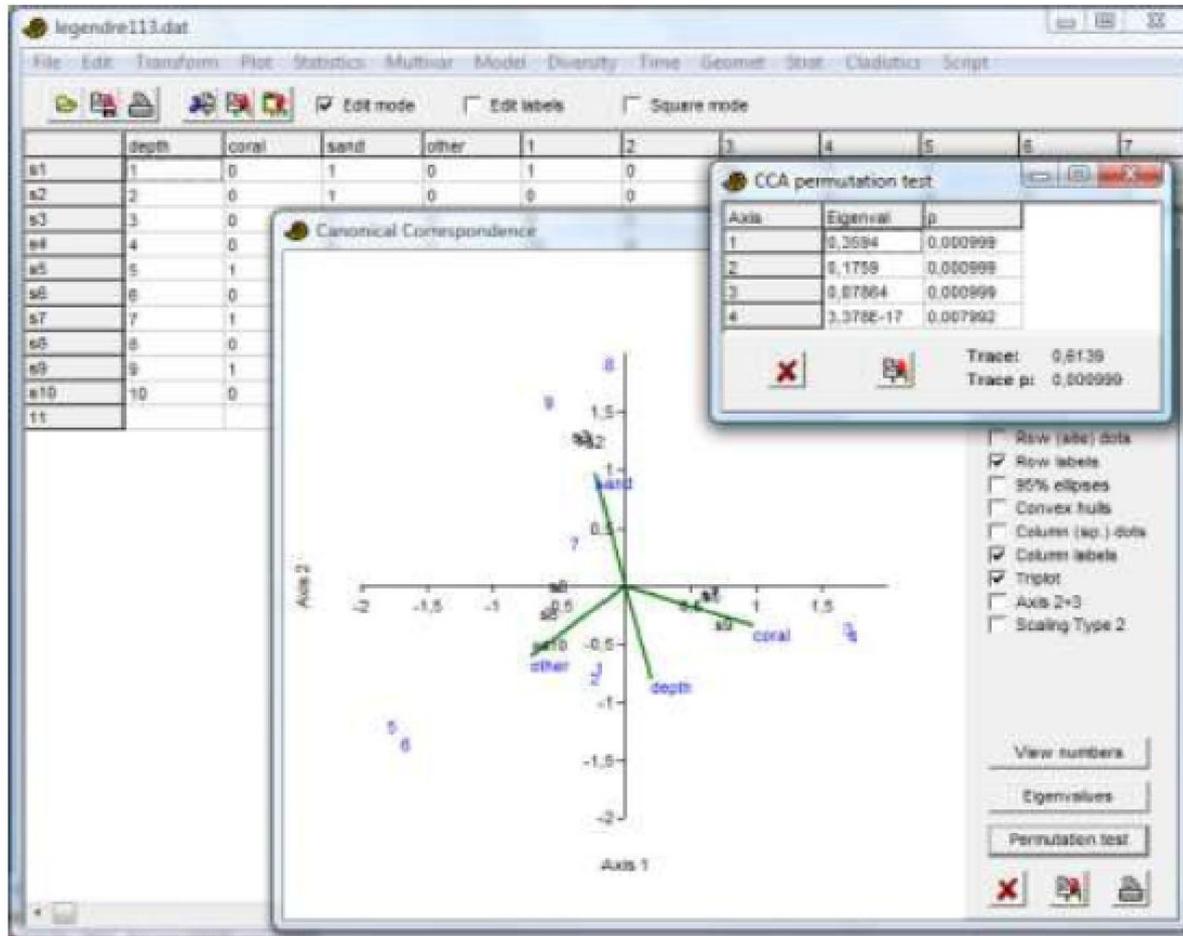


# ВЫЯВЛЕНИЕ СВЯЗИ МЕЖДУ СТРУКТУРОЙ СООБЩЕСТВ И ФАКТОРАМИ СРЕДЫ

- Корреляционный анализ (недостатки: нелинейность, выбросы, мультиколлинеарность, множ-ть сравнений)
- Прямой градиентный анализ  
(канонический анализ соответствий, ССА)
- Регрессия на матрицах сходства (RSM)
- Группы проб выделяются (ординацией или классификацией) – ANOSIM (проверка гипотез)
- Ординация дает четкие результаты (высок % объясненной дисперсии PCA или DCA), факторов немного – корреляция координат проб на осях с факторами среды

# КАНОНИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СООТВЕТСТВИЙ (CANONICAL CORRESPONDENCE ANALYSIS, CCA)

АНАЛОГ ССА, НО ОСИ ОРДИНАЦИИ КОНСТРУИРУЮТСЯ  
КАК ЛИНЕЙНЫЕ КОМБИНАЦИИ ФАКТОРОВ СРЕДЫ.

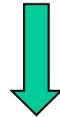


ЭТИ ОСИ  
ПОДБИРАЮТСЯ  
ТАК, ЧТОБЫ  
ОПИСЫВАТЬ  
РАСПРЕДЕЛЕНИЕ  
ВИДОВ ВДОЛЬ НИХ  
(ОТКЛИК ВИДОВ –  
УНИМОДАЛЬНЫЙ)

# МАТРИЦЫ СХОДСТВА – ПРОВЕРКА ГИПОТЕЗ

## ПРОБЛЕМА:

ВЕЛИЧИНЫ СХОДСТВА В МАТРИЦЕ **ВЗАИМОСВЯЗАНЫ**  
(ЕСЛИ **A** похоже на **B** и **B** похоже на **C**,  
то **A** не может сильно отличаться от **C**)



К ИНДЕКСАМ СХОДСТВА НЕПРИМЕНИМЫ  
ОБЫЧНЫЕ МЕТОДЫ ОЦЕНКИ ДОСТОВЕРНОСТИ



## РЕШЕНИЕ:

ДЛЯ ОЦЕНКИ НЕСЛУЧАЙНОСТИ КАКОЙ-ЛИБО ВЕЛИЧИНЫ,  
СРАВНИВАЕМ ЕЕ РЕАЛЬНОЕ ЗНАЧЕНИЕ С ПОЛУЧЕННЫМИ В  
РЕЗУЛЬТАТЕ СЛУЧАЙНЫХ ПЕРЕСТАНОВОК (PERMUTATION  
TEST)

# ГИПОТЕЗА О СООТВЕТСТВИИ МЕЖДУ ДВУМЯ МАТРИЦАМИ СХОДСТВА (ПЕРЕСТАНОВОЧНЫЙ ТЕСТ МАНТЕЛЯ, MANTEL' PERMUTATION TEST)

2 МАТРИЦЫ СХОДСТВА (ПО РАЗНЫМ ПРИЗНАКАМ)  
ДЛЯ ОДНОГО И ТОГО ЖЕ НАБОРА ОБЪЕКТОВ



МЕРА СООТВЕТСТВИЯ - КОРРЕЛЯЦИЯ  
МЕЖДУ ПАРАМИ  $(S_{ij}, P_{ij})$

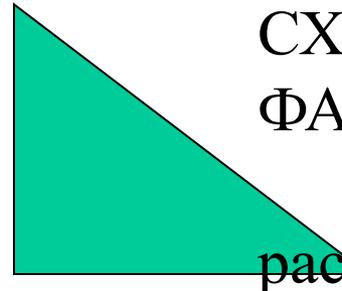
## ПРИМЕР:

СООТВЕТСТВУЕТ ЛИ СХОДСТВО  
СТАНЦИЙ ПО БЕНТОСУ СХОДСТВУ ПО АБИОТЕ?

1-я матрица:  
СХОДСТВО ПО  
БЕНТОСУ (индекс  
Чекановского)



2-я матрица:  
СХОДСТВО ПО  
ФАКТОРАМ  
(Эвклидово  
расстояние)



Rank correlation method: Spearman

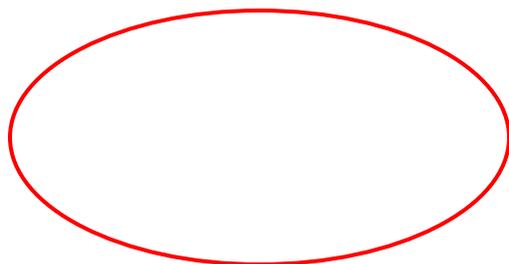
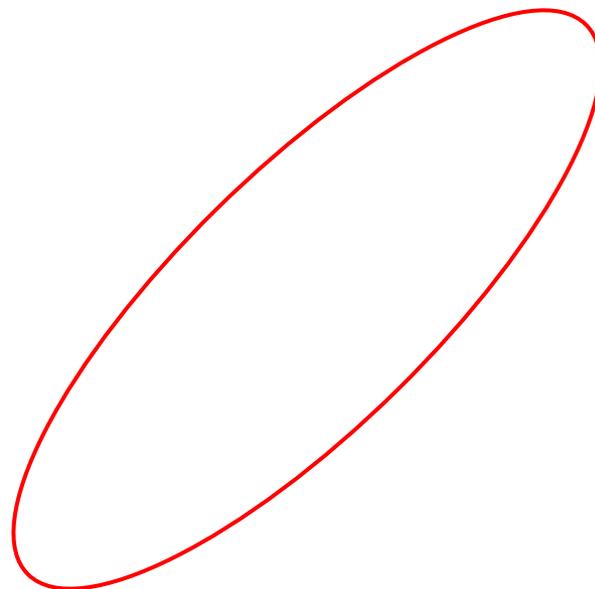
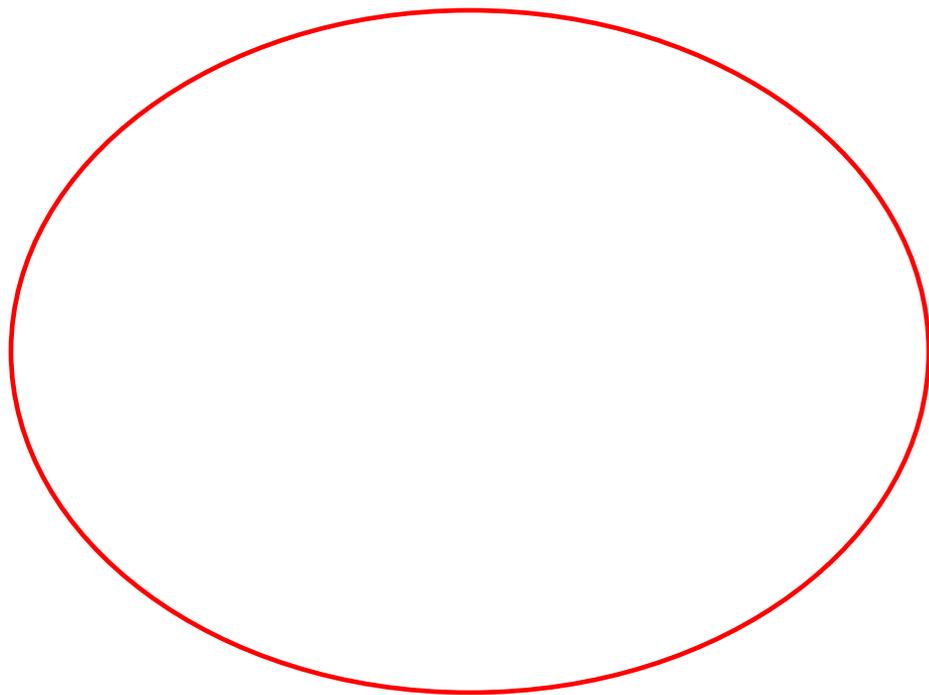
Sample statistic (Rho): **0.257**

Significance level of sample statistic: **0.7 %**

Number of permutations: 999

Number of permuted statistics greater than or equal to Rho: **6**

# ОРДИНАЦИЯ СТАНЦИЙ ПО ОБИЛИЮ ВИДОВ (МНОГОМЕРНОЕ ШКАЛИРОВАНИЕ)



# НЕСЛУЧАЙНОСТЬ ГРУППИРОВКИ ОБЪЕКТОВ (Analysis Of Similarities, ANOSIM)

ДЕЙСТВИТЕЛЬНО ЛИ СТАНЦИИ ОДНОГО  
ГОРИЗОНТА БОЛЕЕ ПОХОЖИ, ЧЕМ СТАНЦИИ  
РАЗНЫХ ГОРИЗОНТОВ?

- 1) РАНЖИРУЕМ ВСЕ ВЕЛИЧИНЫ СХОДСТВА  
(ПО УБЫВАНИЮ)
- 2) СЧИТАЕМ СРЕДНИЕ РАНГИ:
  - ДЛЯ ВСЕХ ПАР **ВНУТРИ ГРУПП** ( $S_{ВН}$ )
  - ДЛЯ ВСЕХ ПАР **ИЗ РАЗНЫХ ГРУПП** ( $S_{Меж}$ )
- 3) СЧИТАЕМ R-СТАТИСТИКУ: 
$$R = \frac{S_{Меж} - S_{ВН}}{n(n-1)/4}$$

- $R$  меняется от  $-1$  до  $+1$
- $R = +1$ , если **ВСЕ** пробы из одной группы более схожи, чем **ЛЮБАЯ** пара проб из разных групп
- $R = 0$ , если **нет различий** между сходством проб внутри групп и между группами

### ОЦЕНКА ДОСТОВЕРНОСТИ:

- СЧИТАЕМ  $R_{случ}$  ДЛЯ СЛУЧАЙНЫХ ПЕРЕТАСОВОК ПРОБ ПО ГРУППАМ
- СРАВНИВАЕМ РЕАЛЬНОЕ  $R$  СО МНОЖЕСТВОМ  $R_{случ}$

## *Global Test*

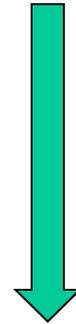
Sample statistic (Global R): 0.558

Уровень значимости R: 0.1%

Число случайных вариантов: 999

Число случайных вариантов, давших значение R,  
больше или равное наблюдаемому: 0

РЕАЛЬНОЕ R



Global  
R

## *Pairwise Tests*

Groups	R Statistic	Significance Level %	Actual Permutations	Number $\geq$ Observed
A, B	0.828	0.4	999	3
A, C	0.514	0.3	999	2
B, C	0.341	0.5	999	4

## **ВЫДЕЛЕНИЕ ХАРАКТЕРНЫХ И ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИХ ВИДОВ ДЛЯ ГРУПП СТАНЦИЙ**

- **ХАРАКТЕРНЫЕ ВИДЫ:** ОПРЕДЕЛЯЮТ СХОДСТВО  
ПРОБ ВНУТРИ ГРУППЫ
- **ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИЕ ВИДЫ:** ОПРЕДЕЛЯЮТ  
РАЗЛИЧИЯ МЕЖДУ СТАНЦИЯМИ

Процедура SIMPER  
(Similarity percentages - species contributions)

## ХАРАКТЕРНЫЕ ВИДЫ

**Group A** Average similarity: **59.57**

Species	Av.Abund	Contrib%	Cum.%
Hydrobia ulvae	573.58	63.78	63.78
Macoma baltica	403.01	21.17	84.95
Tubifex spp.	106.70	8.94	93.90

---

**Group B** Average similarity: **80.52**

Mya arenaria	3130.74	72.68	72.68
Hydrobia ulvae	663.32	13.88	86.56
Macoma baltica	303.65	6.51	93.06

---

**Group C** Average similarity: **50.70**

Mya arenaria	1336.32	28.50	28.50
Macoma baltica	645.24	28.19	56.69
Hydrobia ulvae	527.11	27.47	84.16
Littorina spp.	214.29	5.26	89.41
Mytilus edulis	191.32	2.82	92.24

## ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИЕ ВИДЫ

**Groups A & B** Average dissimilarity = **68.22**

	Group A	Group B	
Species	Av.Abund	Av.Abund	Contrib%
Mya arenaria	219.76	3130.74	43.66
Hydrobia ulvae	573.58	663.32	23.70
Tubifex spp.	106.70	17.67	6.79
Arenicola marina	43.08	4.17	4.37

**Groups B & C** Average dissimilarity = **46.86**

Mya arenaria	3130.74	1336.32	39.77
Macoma baltica	303.65	645.24	15.10
Mytilus edulis	169.59	191.32	10.47
Littorina spp.	20.36	214.29	9.95
Nereis pelagica	279.11	157.68	7.18
Peloscolex benedeni	10.48	80.99	3.56