

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/241700788>

Guide d'utilisation pour JUICE 7.0 logiciel de gestion, analyse et classification de données écologiques.

Book · April 2011

CITATION

1

READS

6,198

2 authors, including:



[Florent Beck](#)

Georg-August-Universität Göttingen

3 PUBLICATIONS 1 CITATION

[SEE PROFILE](#)

Guide d'utilisation pour

JUICE 7.0

logiciel de gestion, analyse et classification
de données écologiques

Florent Beck, étudiant en Master à l'université de Göttingen, Allemagne
Jan-Bernard Bouzillé, professeur à l'université de Rennes I, France



Présentation de JUICE :

JUICE est développé par M. Lubomir Tichý, chercheur au sein de l'université Masaryk, à Brno (République Tchèque).

Bien que présenté de manière large comme « un programme de gestion, d'analyse et de classification de données écologiques » dans le manuel d'utilisation en anglais de TICHÝ & HOLT (2006 & 2011), il est avant tout destiné au traitement de données phytosociologiques. En effet, il permet une manipulation très facilitée des tableaux à travers une interface adaptée aux besoins spécifiques de l'étude de la végétation.

Au côté d'autres logiciels similaires tels que GINKGO (développé par Miquel De Cáceres au sein de l'université de Barcelone, Espagne) ou de TABWIN (Dr. Cord Pepler-Lisbach université d'Oldenburg, Allemagne) et en complément à TURBOVEG (Dr. Stefan Hennekens, université de Wageningen, Pays-Bas) JUICE est destiné à remplacer l'utilisation des tableurs comme outil de base pour le traitement des données relatives à la végétation.

La conduite de nombreuses analyses et de tests statistiques, finissent d'en faire un outil de travail efficace pour le phytosociologue.

Bien que ce logiciel soit programmé pour fonctionner nativement sous le système d'exploitation Microsoft Windows^(R), il est possible de l'utiliser sous les systèmes d'exploitation Macintosh et Linux, par exemple, grâce à des « intermédiaires » tels que « PlayOnMac » ou « WINE ».

Le logiciel et son manuel d'utilisation officiel sont disponibles uniquement en langue anglaise. Le présent guide d'utilisation a pour objectif principal de combler le manque de documentation en langue française et ainsi encourager l'utilisation de ce logiciel en France (Cf. Carte en [Annexe I](#)).

Remarque :

Pour trouver le site officiel de JUICE dans un moteur de recherche sur Internet, un très bon résultat est obtenu en combinant «JUICE » et « Tichy », le seul mot clé « *juice* » signifiant « jus » en anglais, le résultat pour ce seul terme est bien évidemment insatisfaisant.

Présentation du guide et de ses objectifs :

Le présent ouvrage était au départ (en avril 2009), un petit tutoriel étudiant sans grande ambition d'une trentaine de pages écrit à la suite d'un stage en 3^e année de licence (Cf. BECK 2008) et destiné à aider les camarades de classes à appréhender l'utilisation du logiciel. Il avait été mis en lien sur le site officiel de JUICE.

Le professeur Jan-Bernard Bouzillé de l'université de Rennes 1, qui proposait d'ores et déjà des indications pour l'utilisation de JUICE dans son livre « Gestion des habitats naturels et biodiversité », s'est proposé de reprendre l'écriture, afin de présenter les fonctionnalités plus complexes qui n'étaient pas abordées dans le tutoriel de 2009.

Ce document ayant vu sa taille augmenter considérablement suite aux apports du professeur Bouzillé, c'est un véritable guide d'utilisation que nous proposons aujourd'hui.

Il doit permettre l'appréhension des principales fonctionnalités de JUICE. Pour cela il présente des méthodes simples pour réaliser l'importation de tableaux phytosociologiques bruts (chapitre I), donne des indications sur l'usage de la souris dans le logiciel, propose une liste exhaustive des fonctionnalités testées (chapitre II), et enfin explique comment utiliser la plupart des fonctions listées ainsi que certaines des principales analyses statistiques disponibles, et pour finir, comment exporter les tableaux de végétation vers d'autres logiciels.

Cependant nous avons choisi de ne pas le faire exhaustif. M. Tichý a développé de très nombreuses fonctions et ce document ne les présente pas toutes. Nous avons choisi de nous limiter à celles qui sont utilisables sans licence propriétaire de logiciel (il exclut donc, entre autre, l'usage de CANOCO). Certaines fonctionnalités très complexes ou n'ayant d'intérêt que dans une étude phytosociologique de grande ampleur ont également été exclues de ce guide d'utilisation.

Ce document est susceptible d'évoluer. Pour toute suggestion ou question, merci de prendre contact à l'adresse suivante : beckflorent@gmail.com.

NB : Ce guide n'est pas une traduction du manuel d'utilisation de Tichý & Holt (2006), il est une création originale en langue française.

Pour le manuel d'utilisation officiel reportez vous à :
JUICE program for management, analysis and classification of ecological data,
Tichý & Holt, 2006 [2nd Edition, 1st part, 2011]

0.A Licence du document

Ce document est diffusé sous licence **Creative Commons by-nc-nd**. Cela signifie que vous êtes libre de copier et de diffuser ce document, à condition d'en nommer les auteurs et à l'exclusion de tout usage commercial.

Toute modification par des tiers est soumise à autorisation préalable et ne saurait engager les auteurs.

Pour plus de détails, visitez : <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/2.0/fr/>



0.B Version du document

À la date du 13/04/11, ce manuel se trouve dans sa version : 1.0

Vérifiez les mises à jour à l'adresse suivante :

<http://european-flo.blogspot.com/2010/08/phytosociologie.html>

0.C Convention graphique adoptée

Des termes en anglais sont repris dans ce document pour une plus grande cohérence entre la lecture et l'utilisation du logiciel. Ceux-ci sont généralement traduits une première fois afin d'en faciliter la compréhension pour les non-anglophones, mais par la suite souvent simplement donnés tels quels. Ils sont signalés par un texte en italique ombré et des guillemets :

« *english terms* »

Les noms des menus, boutons et fonctions à utiliser dans le logiciel sont signalés par la police de caractère « DejaVu Sans Mono », un sur- et soulignement et un fond gris clair.

Menu : File

Bouton : Layer

Fonction : Copy WHITE releves to clipboard

Un enchaînement de menus et de sous-menus est signalé par l'utilisation de chevrons droits (>) :

Menu : File > Import > Table > From TURBOVEG XML Format File

Cette typographie est utilisée pour **signaler une interaction** avec le logiciel.

Table des matières

- Page de garde.....	1
- Présentation de JUICE :.....	2
- Présentation du guide et de ses objectifs :.....	3
0.A - Licence du document.....	4
0.B - Version du document.....	4
0.C - Convention graphique adoptée.....	4
I - Démarrage.....	9
I.A - Installation.....	9
I.A.1 - Sous Microsoft Windows.....	9
I.A.2 - Sous Macintosh.....	9
I.A.3 - Sous Linux.....	9
I.B - Import d'un tableau brut.....	10
I.B.1 - À partir d'un fichier Microsoft Excel(R).....	10
1.a - Import de la matrice des relevés.....	10
1.b - Import des « Header Data ».	12
I.B.2 - À partir d'un fichier Cornell Condensed (logiciel TURBOVEG, format .cc!).....	14
2.a - Créez votre base de donnée :.....	14
2.b - Entrez vos relevés :.....	14
2.c - Exportez la base au format Cornell Condensed (.cc!) :.....	16
2.d - Exportez la liste des abréviations.....	17
2.e - Import de la table brute dans JUICE.....	17
I.B.3 - À partir d'un fichier XML (logiciel TURBOVEG, format .xml).....	19
I.B.4 - À partir d'un fichier texte (logiciel bloc-note, format .txt).....	20
II - Prise en main.....	23
II.A - Boutons et manipulation à la souris.....	24
II.A.1 - Zone de gauche : Affichage.....	24
II.A.2 - Zone de paramétrage des couleurs des espèces	25
II.A.3 - Zone de paramétrage des couleurs des relevés.....	26
II.A.4 - Zone de paramétrage des séparateurs.....	27
II.B - Déplacer les espèces et les relevés à la souris.....	27

II.C - « À quoi ça sert ... ? » Liste des menus et de leur contenu :.....	28
II.C.1 - Menu « File » :.....	28
II.C.2 - Menu « Edit » :.....	29
II.C.3 - Menu « Species » :.....	30
II.C.4 - Menu « Relevés » :.....	32
II.C.5 - Menu « Table » :.....	33
II.C.6 - Menu « Head ».....	33
II.C.7 - Menu « Sorting » :.....	35
II.C.8 - Menu « Separators » :.....	38
II.C.9 - Menu « Synoptic Table » :.....	38
II.C.10 - Menu « Indicator Values » :.....	40
II.C.11 - Menu « Analysis » :.....	40
II.C.12 - Menu « Table Simulation » :.....	43
II.C.13 - Menu « Help » :.....	43
III - « Comment ça marche ? », chapitre d'approfondissement.....	44
III.A - Menu : « File > Export ».....	44
III.A.1 - Export vers le tableur M.Excel(R) :.....	44
III.A.2 - Export vers un fichier texte (format *.txt) :.....	45
III.A.3 - Export vers un fichier texte enrichi (format *.rtf) :.....	46
III.B - Menu : « File > Options ».....	47
III.B.1 - Onglet « General » :.....	48
III.B.2 - Onglet « Export » :.....	48
III.B.3 - Onglet « External Program Paths » :.....	48
III.B.4 - Onglet « Check List Import » :.....	48
III.B.5 - Onglet « Fidelity Measures » :.....	48
III.B.6 - Onglet « Synoptic Tables » :.....	49
III.B.7 - Onglet « Display Parameters » :.....	49
III.B.8 - Onglet « Separators » :.....	49
III.C - Menu : « Species > Species Data ».....	50
III.C.1 - « Layer View » :.....	51
III.C.2 - « Indicator Value » :.....	51
III.C.3 - « External Species Data » :.....	52
III.C.4 - « Cover Value » :.....	55

III.C.5 - « Frequency » :.....	57
III.C.6 - « Sequence » :.....	58
III.C.7 - « Species Color Number » :.....	58
III.C.8 - « Calculator » :.....	58
III.C.9 - « Constant Value for [couleur] Species » :.....	59
III.C.10 - « Make Separators » :.....	59
III.C.11 - « Species Data Averages » :.....	59
III.C.12 - « Export Species Data » :.....	59
III.C.13 - « Species Group Table - ... » :.....	59
13.a - « Species Group Table - FREQUENCY (%) » :.....	60
13.b - « Species Group Table - FREQUENCY (cat. I-V) » :.....	60
13.c - « Species Group Table - COVER » :.....	60
13.d - « Species Group Table - SPECIES No. » :.....	60
III.C.14 - « Clear All Species Data » :.....	61
III.D - Menu « Head » (Tête).....	62
III.D.1 - « Extended Head » (Tête étendue).....	63
III.D.2 - « Initial Entry Number ».....	63
III.D.3 - « Original Number ('Relevé number') ».....	63
III.D.4 - « Group Number ».....	63
III.D.5 - « Ordinal Number (in Current table) ».....	64
III.D.6 - « Store Values to Short Headers ».....	64
III.D.7 - « Short Header Selection ».....	69
III.D.8 - « Short Header Averages ».....	69
III.D.9 - « Add Short Headers to Header Data ».....	70
III.D.10 - « Header Data Histogram ».....	70
III.D.11 - « Relevé Colour According to the Head ».....	71
III.D.12 - « Resampling ».....	71
12.a - Random Resampling.....	72
12.b - Geographical Stratification.....	73
12.c - Constrained Resampling (Ré-échantillonnage sous contrainte)...74	
III.D.13 - « Delete Extended Head ».....	75
III.E - Menu : « Indicator Values > Initiation ».....	76
III.F - Menu « Synoptic Table ».....	77

III.F.1 - Le concept de « fidélité ».....	77
III.F.2 - Les valeurs seuils (threshold values).....	78
III.F.3 - Définition des espèces diagnostiques, constantes et dominantes..	80
III.F.4 - “Average Value of Frequency Columns in Synoptic Table”	82
III.F.5 - “No. of Species in Columns of Synoptic Table”	83
III.F.6 - “Uniqueness ” et “Crispness of Classification”	83
III.F.7 - “Compare Two Synoptic Tables”	83
III.F.8 - “Merge Two Nearest Columns”	84
III.F.9 - “Threshold Values”	84
III.G - Menu « Analysis ».....	85
III.G.1 - « TWINSpan (Hill 1979) ».....	85
III.G.2 - « Ordinations ».....	88
2.a - « DCA Analysis ».....	89
III.G.3 - « Co-occurring species ».....	92
III.G.4 - « Interspecific Associations ».....	94
- Bibliographie.....	95
- Annexe I - État des citations en 2011.....	96
- Annexe II - Script d'installation de JUICE sous Linux via PlayOnLinux.....	97

I Démarrage

I.A Installation

Le logiciel est distribué gratuitement par son développeur :

Lubomir Tichý

Vous pouvez le télécharger légalement à l'adresse suivante :

<http://www.sci.muni.cz/botany/JUICE/>

I.A.1 Sous Microsoft Windows

Vous obtenez un fichier exécutable Windows (format *.exe) qu'il vous suffit de lancer pour procéder à l'installation. Pour la configuration minimale nécessaire et l'aide à l'installation, voir le site internet et le manuel d'utilisation en anglais [[lien valide avril 2011](#)].

I.A.2 Sous Macintosh

Non testée

I.A.3 Sous Linux

Le fonctionnement de JUICE sous Linux reste problématique mais n'est pas impossible.

Le fichier exécutable Windows peut être lu grâce au logiciel " Wine ". L'installation se déroule donc comme sous Windows. Dans la version 7.x de JUICE, l'exécutable pour TWINSPAN est inclus et lié de manière automatique. Pour l'instant aucune solution n'a été trouvée pour lier R (Voir [Chap. III.B.3](#))

Installation testée avec succès sous les configurations suivantes :

- **Ubuntu 9.10 / wine1.2-gecko** version 1.1.31-0ubuntu3 / **playonlinux** version 3.6-1

NB : l'installation à l'aide de PlayOnLinux peut être simplifiée grâce à l'utilisation du script donné en [Annexe II](#).

- **Ubuntu 10.10 / wine** version 1.2.2-1ubuntu1~maverick1

Dans les deux configurations proposées ci-dessus, JUICE fonctionne mais travaille « au ralenti ». Ce problème n'a malheureusement pas encore été résolu.

- **Fedora 14 / wine** version 1.3.16-1.fc14 (i686)

JUICE fonctionne au ralenti et de gros problèmes d'affichages rendent son utilisation quasiment impossible dans cette configuration.

I.B Import d'un tableau brut

JUICE ne supporte pas la numérisation des données phytosociologiques, celles-ci doivent être importées depuis un autre logiciel (tableur, TURBOVEG ou bloc-note).

I.B.1 À partir d'un fichier Microsoft Excel^(R)

Pour procéder à cette opération il faut considérer qu'un tableau brut classique de relevés (comme l'exemple fourni ci-dessous), comprend deux parties :

- 1- des informations relatives aux relevés floristiques (numéro, surface, recouvrement...) constituant les « *Header Data* » (données de tête) ;
- 2- la matrice proprement dite des relevés composée des espèces et des coefficients d'abondance-recouvrement.

Numéro du relevé	1	2	3	4	5
Surface (en m ²)	10	10	10	5	10
Recouvrement (en %)	80	100	80	100	80
Nombre d'espèces	11	8	5	10	8
<i>Juncus gerardi</i>	1	2		3	1
<i>Parapholis strigosa</i>	2	+	3	+	1
<i>Hordeum marinum</i>	1	2		2	
<i>Alopecurus bulbosus</i>	1	2		3	
<i>Agrostis stolonifera</i>		2	+	1	

} Header Data

} Matrice des relevés

L'import du tableau doit être effectué en deux étapes en commençant par l'import de la matrice des relevés. Pour cela il convient de préparer le fichier Excel pour qu'il soit compatible avec le logiciel JUICE.

1.a Import de la matrice des relevés

Préparation du fichier Excel

Dans un premier temps il ne faut coller dans un nouveau fichier Excel que la matrice des relevés (strictement sélectionnée pour éviter d'éventuels « parasites » dans des cellules extérieures au tableau). Ensuite, il convient d'ajouter un titre au tableau, de préciser l'entrée générale, par exemple « Numéro des relevés » (ou une autre formulation), d'indiquer les numéros des colonnes. Ainsi, le tableau précédent doit se présenter comme ci-dessous :

Tableau relevés <i>Juncus gerardi</i>					
Numéro des relevés	1	2	3	4	5
<i>Juncus gerardi</i>	1	2		3	1
<i>Parapholis strigosa</i>	2	+	3	+	1
<i>Hordeum marinum</i>	1	2		2	
<i>Alopecurus bulbosus</i>	1	2		3	
<i>Agrostis stolonifera</i>		2	+	1	

Ensuite, il faut l'enregistrer sous un format compatible avec JUICE. Pour cela, il faut, dans le menu « Edition » de Excel, cliquer sur « enregistrer sous », ce qui ouvre une nouvelle fenêtre qui va permettre de choisir le « type de fichier » dans le menu déroulant situé en bas de la fenêtre. Il faut retenir un fichier « csv », ce qui correspond à l'option « CSV (séparateur : point-virgule)(* .csv) ». Avant d'enregistrer vous pouvez attribuer un nom de fichier qui vous convient pour le retrouver ensuite facilement quand vous allez avoir à l'importer.

Importation de la matrice de relevés

Il faut revenir au logiciel JUICE, cliquer sur le menu File, puis choisir l'option *Import* suivie de *table* et enfin cliquer sur from Spreadsheet File (ce qui correspond à une option de tableur).

Une fenêtre intitulée IMPORT TABLE s'ouvre ; il faut rechercher dans le menu déroulant « Regarder dans » (parcourir) le fichier ou le dossier dans lequel vous avez enregistré votre tableau au format « CSV ». Il faut ensuite cliquer sur le fichier correspondant de manière à ce que son nom s'affiche en bas de la fenêtre, puis cliquer sur « Ouvrir ».

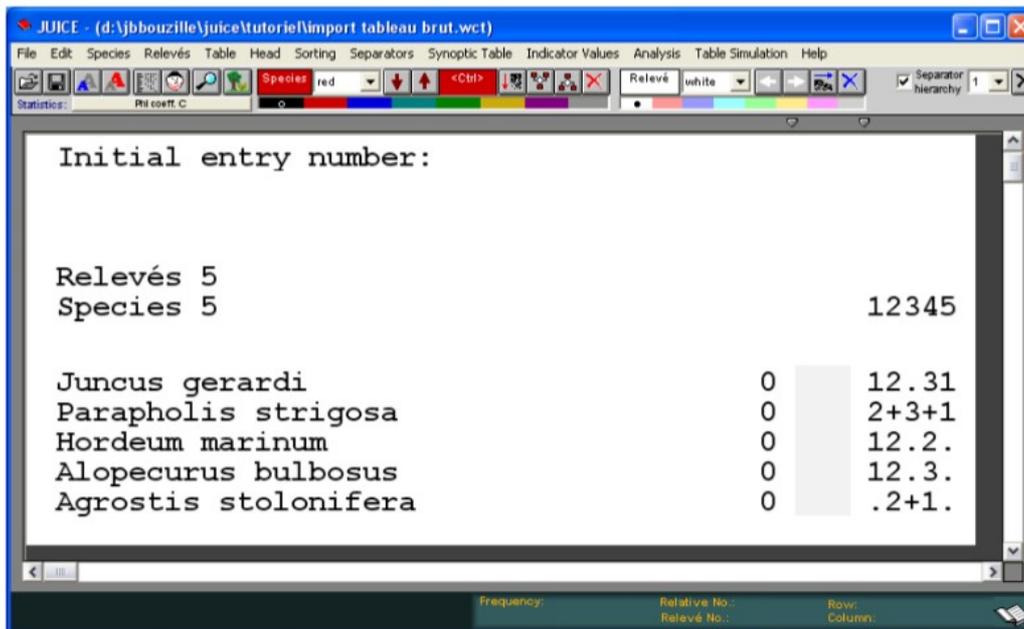
Une nouvelle fenêtre apparaît : Import Manager For Spreadsheet Format File (Step 1/7) avec le titre de « *Table file* ». En cliquant par étapes sur Next situé en bas de la fenêtre, plusieurs informations sont proposées. Il convient de les vérifier avec attention à chaque étape. Lors de l'étape intitulée « *Layer Information* » il est demandé si l'utilisateur souhaite que dans un tableau ultérieur figure une colonne indiquant la strate à laquelle appartient une espèce du relevé (arborescente, arbustive, etc.).

La dernière étape consacrée à « *Cover Value* » demande de convertir les coefficients d'abondance-dominance en pourcentages moyens de recouvrement. Il importe de faire cette opération pour que le logiciel puisse ensuite poursuivre la gestion des données. Le manuel d'accompagnement de JUICE propose les pourcentages suivants en correspondance avec chaque coefficient :

.	=	0%
r	=	1%
+	=	2%
1	=	3%
2	=	13%
3	=	38%
4	=	63%
5	=	88%

Dans « *Cover values* », en cochant Braun-Blanquet Codes l'opération de conversion se réalise en principe automatiquement. Si tel n'est pas le cas, pour effectuer cette opération, il faut cliquer deux fois sur le coefficient de la fenêtre, remplacer le chiffre qui apparaît dans la petite fenêtre par le pourcentage correspondant au coefficient, par exemple 1 % pour r, puis valider, et ainsi de suite.

Pour terminer, en cliquant sur Finish, le tableau brut de relevés apparaît à l'écran sous sa forme initiale, c'est-à-dire avec les coefficients d'abondance-dominance. Les conversions qui viennent d'être faites seront utilisées dans le cadre du traitement des données.



Remarques :

Si lors de ces opérations des messages de problèmes sont mentionnés, il faut revenir aux tableaux ayant fait l'objet de préparations avec Excel car c'est certainement là que se posent les (ou le) problèmes tels qu'un chiffre qui manque dans une cellule du tableur Excel, ou un chiffre ou une valeur erronée, etc.

A ce stade il est fortement conseillé de sauvegarder le tableau importé, de manière à ne pas avoir à recommencer l'ensemble des opérations précédentes. Pour cela, cliquez sur le menu File, choisissez Save, nommez le fichier à votre convenance et enregistrez le dans le dossier en cours ou dans un autre dossier de travail affecté tout particulièrement à la végétation étudiée.

1.b Import des « Header Data ».

Là aussi il convient auparavant de préparer le fichier Excel.

Préparation du fichier Excel

Cette fois il faut coller dans un nouveau fichier Excel que les « *Header Data* ». Mais, il faut effectuer un collage spécial en choisissant transposer. De plus et SURTOUT il faut remplacer « Numéro des relevés » par « *Releve number* » sinon l'opération échouera au moment de l'importation. Comme pour la matrice des relevés il faut enregistrer sous un format « CSV ».

Le tableau excel « Header Data » doit donc se présenter selon le schéma ci-dessous.

Releve number	Surface (en m ²)	Recouvrement (en %)	Nombre d'espèces
1	10	80	11
2	10	100	8
3	10	80	5
4	5	100	10
5	10	80	8

Importation des « Header Data »

En revenant à JUICE, il faut à nouveau cliquer sur le menu déroulant File, puis cette fois choisir l'option Header Data et cliquer sur From Semi-Colon Delimited File.

Comme précédemment pour la matrice des relevés, une fenêtre s'ouvre et il faut alors rechercher dans le menu déroulant « Regarder dans » (parcourir) le fichier ou le dossier dans lequel vous avez enregistré votre tableau « *Header Data* » au format « CSV ». Il faut ensuite cliquer sur le fichier correspondant de manière à ce que son nom s'affiche en bas de la fenêtre, puis cliquer sur « Ouvrir ». L'importation se fait alors automatiquement.

Pour vérifier que l'opération est réussie, cliquer sur le menu Head, puis sur Extended Head. Doit alors apparaître à l'écran un tableau se présentant comme ci-dessous.

Short head	Surface (en m2)	Recouvrement (en %)	Nombre d'espèces
1	10	80	11
2	10	100	8
3	10	80	5
4	5	100	10
5	10	80	8

Pour revenir au tableau de relevés il suffit de cliquer à nouveau sur Extended Head.

Remarque :

L'exemple considéré ici se limite à quelques informations mais il est tout à fait possible d'en intégrer beaucoup d'autres telles que les dates de réalisation des relevés, les coordonnées géographiques des relevés, etc.

I.B.2 À partir d'un fichier Cornell Condensed (logiciel TURBOVEG, format .cc!)

Le logiciel TURBOVEG permet l'élaboration (numérisation) de bases de données phytosociologiques.

Il est développé par le chercheur néerlandais Stephan Hennekens ; il fonctionne sous système d'exploitation Microsoft Windows^(R) et est disponible en langue anglaise. Une licence utilisateur peut être délivrée à titre gracieux pour : les étudiants, un usage privé ou les instituts ou université n'ayant pas les moyens financiers nécessaires.

Voir : <http://www.synbiosys.alterra.nl/TURBOVEG/> section « *Prices* » et contactez M. Hennekens.

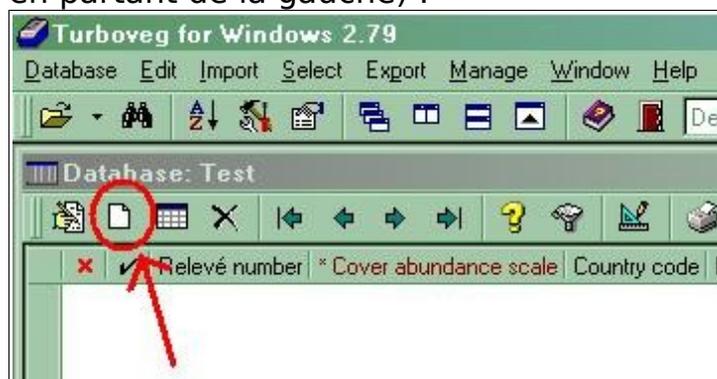
NB : TURBOVEG peut également être installé sous Linux en utilisant la même technique qu'avec JUICE. Voir le [Chap. I.A.3.](#)

2.a Créez votre base de donnée :

Ouvrez le logiciel TURBOVEG, dans le menu Database choisissez New puis renseignez le nom de fichier dans « *Database name* » et dans le cadre « *Range of releves numbers* » indiquez l'intervalle dans lequel doivent être compris les numéros des relevés (en général de 1 à n).

2.b Entrez vos relevés :

Dans la fenêtre « *Database : Nom_de_votre_base* » cliquez sur Add a new releve (2e icône en partant de la gauche) :



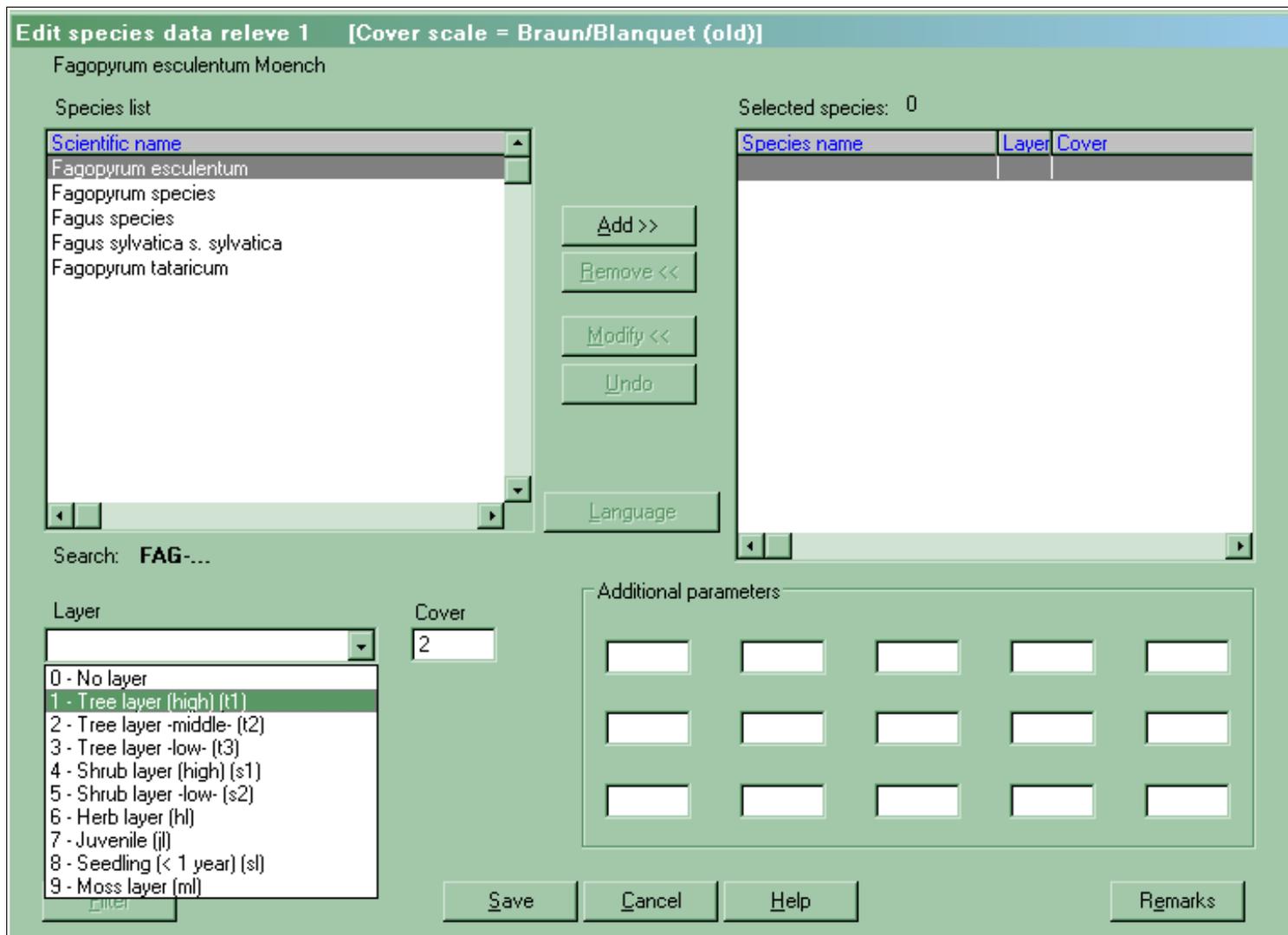
Dans la fenêtre qui s'affiche alors, renseignez le champ obligatoire : Cover abundance scale.

Il y a plusieurs systèmes de codification de l'abondance ou dominance utilisés internationalement comme « *Domin* » aux États-Unis, « *ordinate scale* » aux Pays-Bas, mais on peut aussi entrer des données en pourcentage, etc. Le plus souvent c'est l'indice classique de « *Braun-Blanquet (old)* » qui est utilisé et cela correspond au code 01.

Pour terminer, cliquez sur le bouton Save.

Une seconde fenêtre s'affiche grâce à laquelle on peut rentrer le premier relevé.

A droite se trouve la liste des espèces disponibles (dépend de la liste de travail -par pays- que vous avez demandée avec la licence). Il suffit de taper au clavier les trois premières lettres des noms de genre et d'espèce de l'espèce que vous recherchez pour la trouver. (e.g. : tapez "**fag syl**" pour *Fagus sylvatica*)



Dans l'onglet déroulant Layer sélectionner la strate correspondante, puis dans la case Cover indiquez votre indice de recouvrement, enfin cliquez sur le bouton Add >>

NB : une même espèce peut être ajoutée plusieurs fois dans un relevé en la sélectionnant à nouveau et en indiquant des strates différentes.

Une fois que toutes les espèces du relevé ont été entrées, cliquez sur Save.

Pour entrer les relevés suivant, recommencez la manipulation (cliquez successivement sur Oui et sur Save dans les deux premières fenêtre qui s'affichent, puis entrez votre relevé et sauvegardez en cliquant à nouveau sur Save.

NB : il ne vous est pas demandé le numéro du relevé, le logiciel enregistre les relevés dans l'ordre ordinal. Vous ne pouvez donc pas renseigner le relevé 1 puis le relevé 3 puis le relevé 2. Cependant vous pouvez à tout moment revenir sur un relevé renseigné précédemment et y effectuer des modifications.

2.c Exportez la base au format Cornell Condensed (.cc!) :

Lorsque vous avez fini d'enregistrer vos relevés, faites un clic droit sur l'un d'entre eux dans la fenêtre « Database : Nom_de_votre_base » et choisissez Select all releves in current database : ceux-ci seront surlignés en jaune.

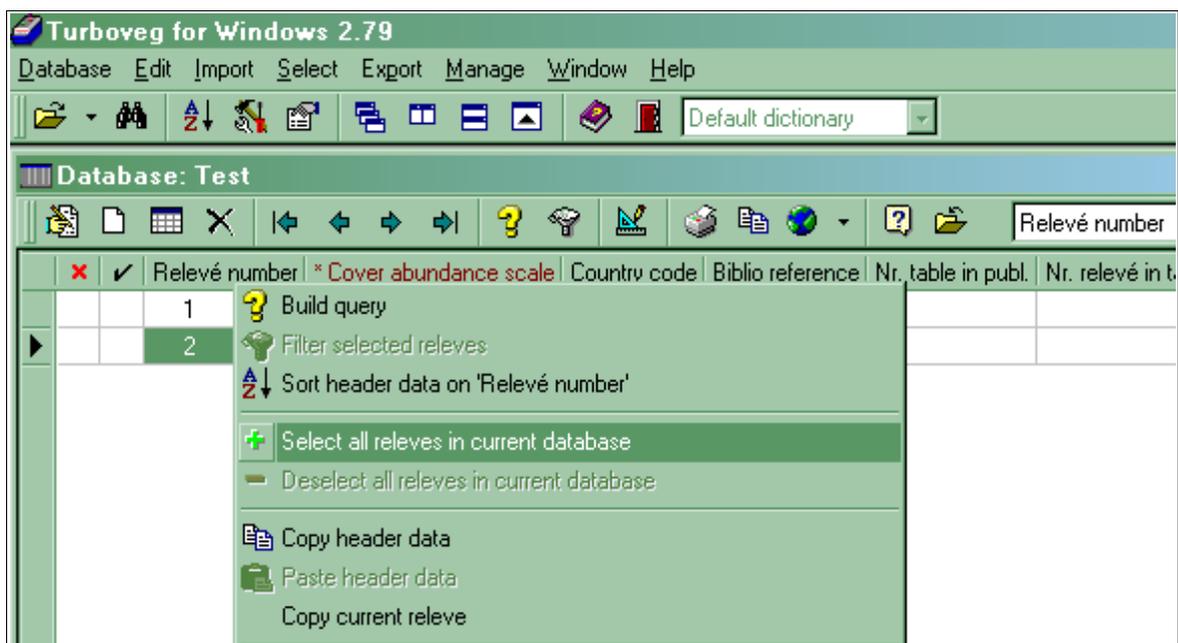


Figure ci-dessus : Sélection des relevés avant export dans le logiciel TURBOVEG

Dans la fenêtre principale, cliquez sur Export puis Cornell condensed species file, dans la fenêtre qui s'affiche, choisissez le dossier dans lequel votre fichier .cc! doit être exporté (Target directory) et le nom de ce fichier. NE TOUCHEZ A AUCUN AUTRE PARAMETRE, cliquez simplement sur le bouton Export.

2.d Exportez la liste des abréviations

Cette étape est indispensable car le fichier .cc! ne transmettra les noms des espèces **qu'en abrégé** à JUICE. Ce dernier a donc besoin de cette liste pour réattribuer son nom correct à chaque espèce.

Vos deux relevés sont normalement toujours sélectionnés (et donc surlignés en jaune). Dans la fenêtre principale cliquez sur Export puis sur Species check list. Une fenêtre s'ouvre. Choisissez le dossier de travail que vous souhaitez (« *Target directory* »). Il est conseillé de ne pas modifier le nom proposé par défaut (checklst.txt) et de sauvegarder ce fichier dans le dossier où est installé JUICE (probablement : C:\Program Files\JUICE).

Dans le cadre « *Format output file* » sélectionnez SDF (fixed length) puis cliquez sur le bouton Export.

Vous pouvez à présent fermer TURBOVEG (la sauvegarde des informations est automatique).

2.e Import de la table brute dans JUICE

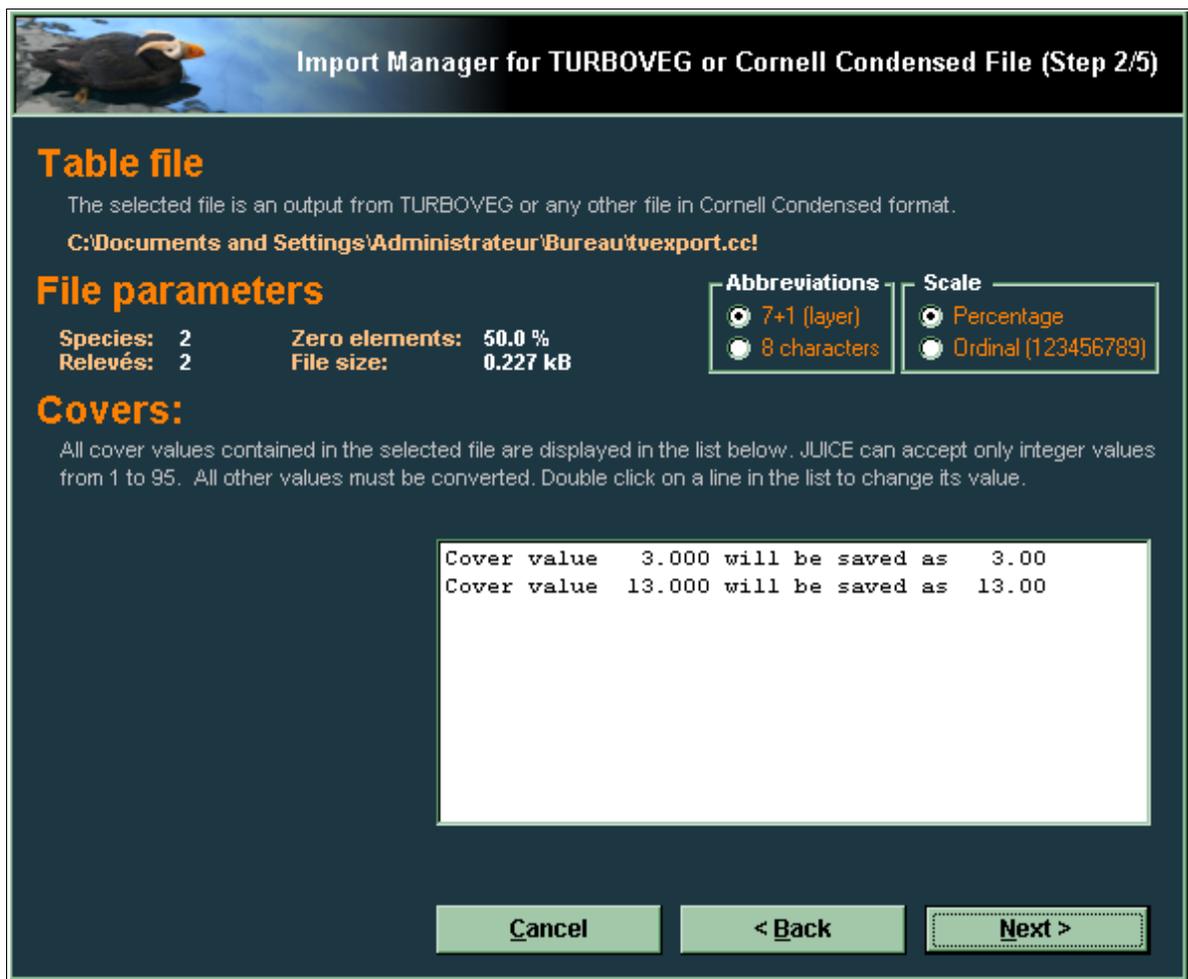
Ouvrez JUICE, allez dans le menu File > Import > Table > From TURBOVEG or Cornell Condensed File, ou utilisez simplement le raccourci clavier « **Ctrl+T** ».

Une fenêtre de navigation apparaît, sélectionnez le fichier *.cc! que vous avez exporté depuis TURBOVEG.

Une fenêtre de paramétrage de JUICE s'ouvre : « *Import Manager for TURBOVEG or Cornell Condensed File (Step 1/5)* », cliquez sur le bouton Next >

Vous passez au stade 2 (*Step 2/5* - en haut à droite).

NE CHANGEZ RIEN ! Le paramètre « *Abbreviations* » devrait être par défaut sur « *7+1 (layer)* » et le paramètre « *Scale* » devrait être par défaut sur « *Percentage* ». C'est ce qu'on souhaite ! Cliquez sur Next >



Vous passez au stade 3 ; indiquez à JUICE où se trouve la fichier d'export de la liste des abréviations : cochez la case Use check list et cliquez sur Append new check list.

La fenêtre d'option de JUICE s'ouvre à l'onglet « *Check List Import* ». Dans le cadre « *File format* » sélectionnez Fixed length et dans le cadre « *Fields* » sélectionnez ID Number, Abbrev., Spec. Name. Cliquez sur Open new check list file et sélectionnez votre fichier (qui doit normalement s'appeler « checklst.txt » et être rangé dans C:\Program Files\JUICE, si vous avez suivi les précédentes recommandations). Cliquez sur le bouton Test file structure puis sur OK et enfin sur Next >.

Le stade 4 n'est pas documenté ici. Passez simplement au stade 5.

Votre table a du être correctement importée dans JUICE (c'est le « stade 5 » : « Step 5/5 »). Vous pouvez commencer à travailler dessus.

NB : Dès maintenant, pensez à sauvegarder votre travail !
 Menu : File > Save ou le raccourcis-clavier: **Ctrl+S**, choisissez votre dossier de travail et le nom du fichier, celui-ci portera l'extention JUICE : **"*.wct"**.

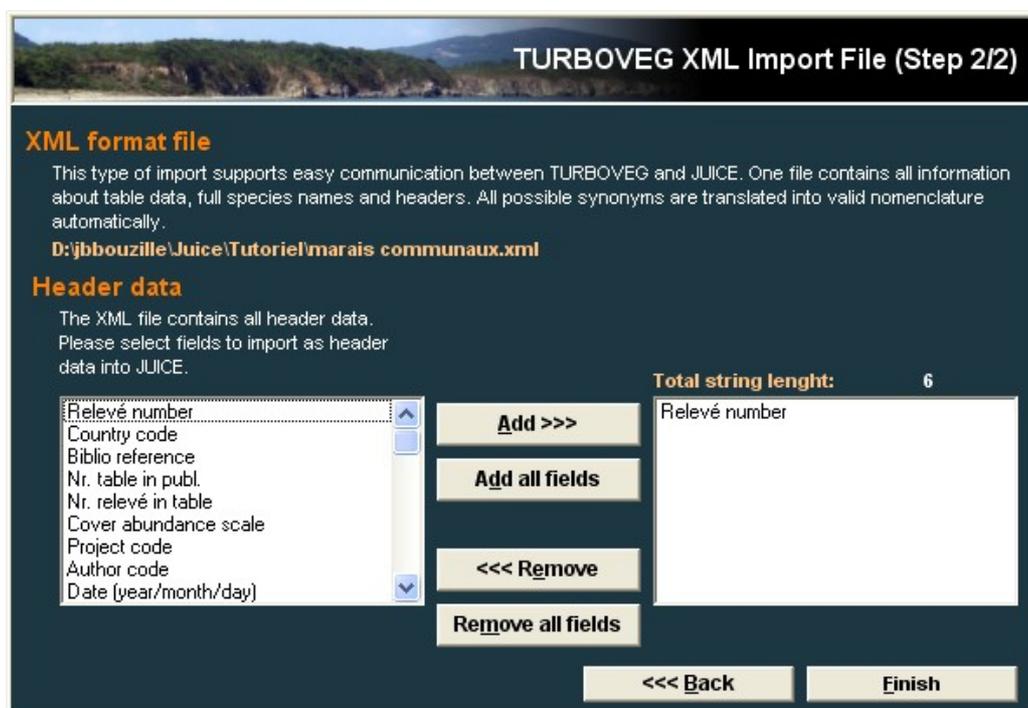
I.B.3 À partir d'un fichier XML (logiciel TURBOVEG, format .xml)

Dans TURBOVEG, après avoir ouvert une base de données correspondant à un tableau phytosociologique, il faut d'abord sélectionner l'ensemble des relevés (ou une partie seulement en fonction de l'analyse que l'on désire effectuer). Pour cela, dans la fenêtre principale, allez dans le menu Select puis Select all relevés in current database (les relevés seront surlignés en jaune).

Ensuite, il faut aller dans le menu Export, puis choisir Standard XML file. Une fenêtre s'ouvre où il faut indiquer :

- dans « *Target directory* » l'emplacement du fichier qui va être exporté (il est possible d'agir sur le bouton à droite pour faciliter l'opération) ;
- dans « *Output file* » le nom du fichier exporté (en veillant à ce que le l'extension *.xml soit bien indiquée, la réécrire si nécessaire).

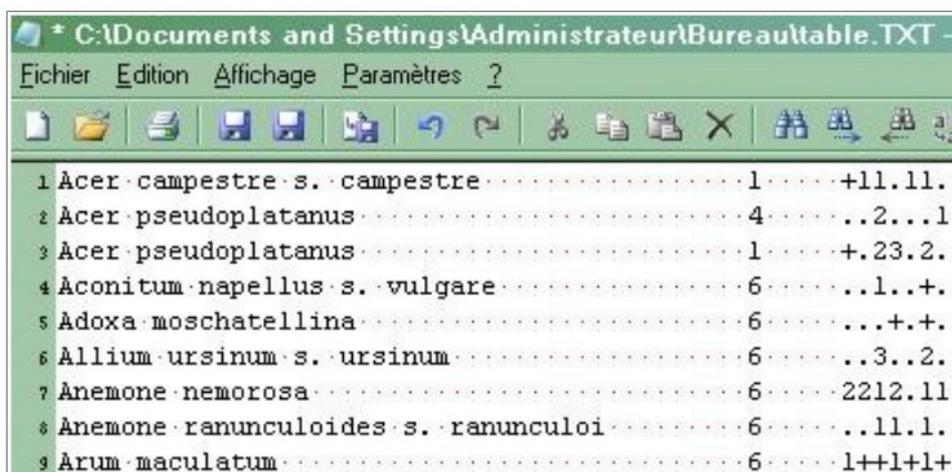
Dans JUICE, allez dans le menu File, allez à Import > Table > From TURBOVEG XML Format File. Une fenêtre de navigation apparaît, sélectionnez le fichier .xml que vous avez exporté depuis TURBOVEG. Le tableau apparaît immédiatement à l'écran et une fenêtre invite à intégrer dans les « *Header data* » les paramètres qui étaient présents dans la base de données TURBOVEG (Cf. figure ci-dessous). Pour cela, il faut cliquer sur le paramètre puis sur Add, ou sur Add all fields si l'on désire intégrer tous les paramètres. En cliquant sur Finish l'ensemble des données est importée dans JUICE.



I.B.4 À partir d'un fichier texte (logiciel bloc-note, format .txt)

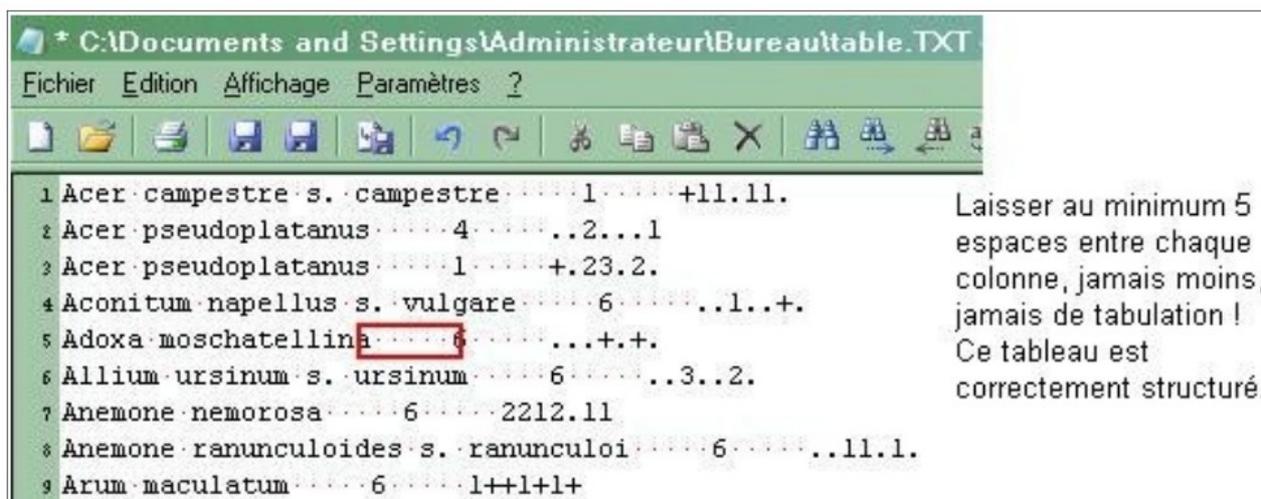
Il faut rédiger (ou coller depuis un tableur) le tableau dans un logiciel de bloc-note (type WordPad, Bloc-Notes). La structure à suivre est simple :

- Commencer le tableau dès la première ligne (sans sauter de ligne, ni insérer de titre, ni de numéros de relevés).
- Chaque ligne correspond à une espèce.
- Le fichier doit être articulé en 3 colonnes :
 1. le nom de l'espèce
 2. le numéro de la strate
 3. l'indice de recouvrement
- Chaque colonne doit être séparée par des espaces (**au moins 5** entre chaque colonne), les colonnes n'ont pas besoin d'être placées les unes au dessus des autres. Cela n'est cependant pas déconseillé afin d'améliorer la lisibilité du tableau.



```
* C:\Documents and Settings\Administrateur\Bureau\table.TXT -
Fichier Edition Affichage Paramètres ?
1 Acer.campestre.s.campestre.....1.....+11.11.
2 Acer.pseudoplatanus.....4......2...1
3 Acer.pseudoplatanus.....1.....+.23.2.
4 Aconitum.napellus.s.vulgare.....6......1..+.
5 Adoxa.moschatellina.....6........+..+.
6 Allium.ursinum.s.ursinum.....6......3..2.
7 Anemone.nemorosa.....6.....2212.11
8 Anemone.ranunculoides.s.ranunculoi.....6......11.1.
9 Arum.maculatum.....6.....1++1+1+
```

Figure ci-dessus : structure correcte du tableau dans un bloc-notes



```
* C:\Documents and Settings\Administrateur\Bureau\table.TXT
Fichier Edition Affichage Paramètres ?
1 Acer.campestre.s.campestre.....1.....+11.11.
2 Acer.pseudoplatanus.....4......2...1
3 Acer.pseudoplatanus.....1.....+.23.2.
4 Aconitum.napellus.s.vulgare.....6......1..+.
5 Adoxa.moschatellina.....6........+..+.
6 Allium.ursinum.s.ursinum.....6......3..2.
7 Anemone.nemorosa.....6.....2212.11
8 Anemone.ranunculoides.s.ranunculoi.....6......11.1.
9 Arum.maculatum.....6.....1++1+1+
```

Laisser au minimum 5 espaces entre chaque colonne, jamais moins, jamais de tabulation !
Ce tableau est correctement structuré.

Figure ci-dessus : structure correcte du tableau dans un bloc-notes

Le numéro de strate doit être renseigné comme suit :

- 1** = strate arborescente haute
- 2** = strate arborescente moyenne
- 3** = strate arborescente basse

Si vous n'avez pas de considération haut/moyen/bas, indiquez simplement : 1

- 4** = strate arbustive haute
- 5** = strate arbustive basse

Si vous n'avez pas de considération haut/bas, indiquez simplement : 4

- 6** = strate herbacée
- 7** = juvéniles (plus de 1 an)
- 8** = plantule (moins de 1 an)
- 9** = strate muscinale
- 0** = strate non renseignée

La manière d'indiquer l'indice de recouvrement est relativement libre. Dans le doute, il est tout de même recommandable d'utiliser les échelles de Braun-Blanquet.

Les indices de recouvrement doivent être indiqués pour chaque relevé, lorsque l'espèce est absente du relevé, signalez le en remplaçant l'indice de recouvrement par un point « . », si cette structure n'est pas respecté votre tableau sera faussé !

NB : on peut indiquer simplement la présence ou l'absence de l'espèce dans le relevé avec "**1**" et "."

Acer campestre s. campestre 1 +11.11.

Cette ligne signifie donc que l'espèce « Acer campestre s. campestre » [insertion de 5 espaces au minimum] située dans la strate arborescente haute (signalée par le premier nombre « 1 ») [insertion de 5 espaces au minimum] apparaît dans : le relevé n°1 avec l'indice de recouvrement « + », dans les relevés n° 2, 3, 5 et 6 avec l'indice de recouvrement « 1 », et n'apparaît pas dans les relevés 4 et 7 (signalés par un point : « . »)

Le fichier au format *.txt doit être obligatoirement accompagné d'un autre fichier texte (réalisable avec le même logiciel) mais au format *.tab (écrire simplement *.tab à la fin du nom du fichier). Ce fichier .tab contient la liste des numéros des relevés. Chaque ligne correspond à un numéro, ils doivent être placés dans le même ordre que dans les indices de recouvrement dans le fichier *.txt.



Figure ci-dessus : Fichier au format *.tab, contenant les numéros des relevés.

Le nom des deux fichiers *.txt et *.tab doivent être rigoureusement identiques. Ils doivent être placés dans le même dossier lors du processus d'import dans JUICE.

Processus d'import :

Ouvrir le logiciel JUICE :

Menu : File > Import > Table > From Simple Texte File

Une fenêtre de recherche s'affiche, parcourez votre dossier de travail et sélectionnez le fichier au format *.txt.

La table s'affiche en arrière plan, tandis qu'une fenêtre au premier plan vous invite à procéder au paramétrage de l'indice de recouvrement. NE SAUTEZ PAS CETTE ETAPE, sinon vous vous retrouverez avec un tableau vide ! Cette fenêtre affiche deux colonnes, la première contient des valeurs de pourcentage, la deuxième correspond aux symboles que vous avez utilisés pour renseigner vos indices de recouvrement.

Pour ajuster cette échelle, cliquez sur la ligne à modifier et indiquez si besoin, pour chaque symbole, le taux de recouvrement associé (exprimé en pourcentage).

Quand vous avez fini cliquez sur Continue >>> (et surtout pas sur « Cancel » ce qui annulerait tout) !

Votre tableau est prêt, vous pouvez commencer à travailler dessus.

Zone des « Données de tête » (Header Data) : Zone T

contient les informations décrivant les relevés (en général : leur numéro)

Zone d' « affichage » : ZONE A

contient les informations décrivant le rapport entre une espèce et un relevé (en général : le coefficient d'abondance/dominance ou un indice de présence/absence ou un indice de fréquence, par exemple lors de l'affichage de tables synoptiques)

Zone des « données » : ZONE D (bande grisée entre les zones A et E)

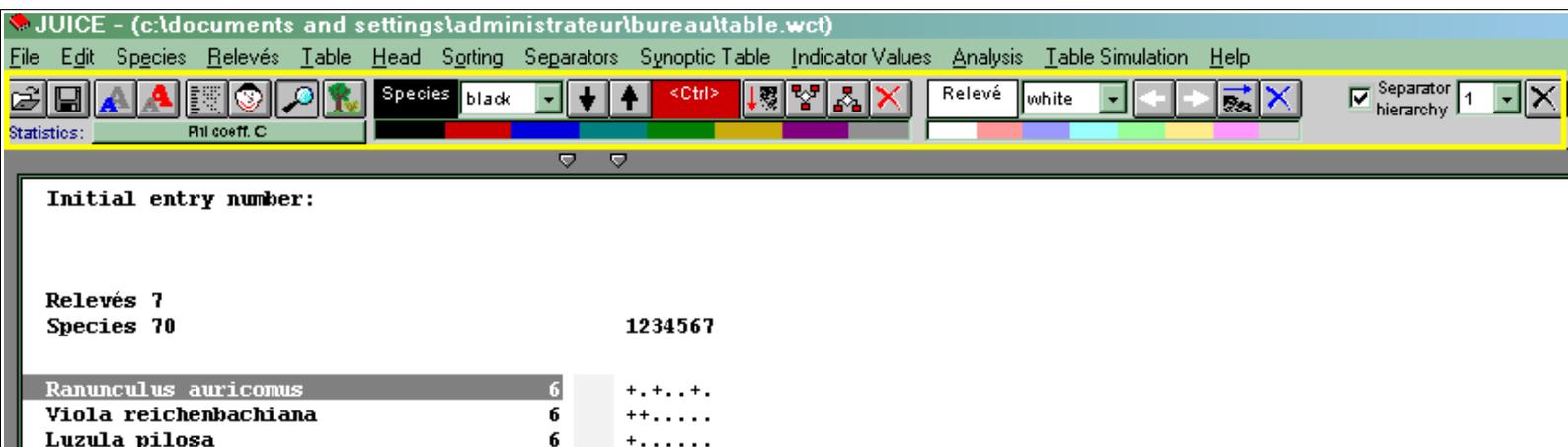
contient des informations additionnelles caractérisant les espèces (en général : leur strate ou bien la valeur d'un des Indices d'Ellenberg)

Zone « liste des espèces » : ZONE E

contient uniquement la liste des espèces

II.A Boutons et manipulation à la souris

Il s'agit de déplacer des relevés ou des espèces les un(e)s par rapport aux autres, d'attribuer des couleurs à des espèces ou à des relevés, d'agréger des espèces et des relevés en blocs, insérer des séparateurs entre ces blocs, etc.



II.A.1 Zone de gauche : Affichage



-  « open » Ouvrir un fichier de travail JUICE (format *.wct).
-  « save » Sauvegarder le travail en cours dans un fichier au format *.wct.

-  « *decrease & increase characters* » servent respectivement à réduire la taille du texte dans la zone de travail (intéressant quand on manipule de grandes bases de données) et à agrandir la taille du texte dans la zone de travail (intéressant pour lire les informations qui s'y trouvent).
-  « *go back to the table* » permet de sortir de l'affichage des informations obtenues dans le menu « *Synoptic Table* » et de retrouver les informations d'abondance/dominance.
-  « *head* » Affiche et masque les informations contenues dans les « *Header Data* », (voir à ce sujet le [chapitre II.C.6.](#)).
-  « *find species* » Affiche le bandeau de recherche d'une espèce (en bas de l'écran à gauche, l'autre gauche, oui, là) il suffit alors de taper les premières lettres du nom de l'espèce et d'appuyer sur la touche « Entrée » pour que JUICE fasse défiler la liste des espèces jusqu'à ce qu'un nom correspondant à votre recherche s'affiche en haut de cette liste, surligné en gris (NB : cela ne modifie pas l'ordre de rangement des espèces dans la liste : la fenêtre défile simplement jusqu'à l'espèce recherchée). Appuyez à nouveau sur la touche « Entrée » pour passer à l'espèce suivante contenant les mêmes lettres.
-  « *layer* » Affiche la strate occupée par chaque espèce dans la zone **D** (zone en grisée).

II.A.2 Zone de paramétrage des couleurs des espèces



- La case dans laquelle il est écrit « *species* » indique la couleur principale actuellement utilisée pour colorier une espèce.
- Pour colorier une espèce faites un clic-droit sur la ligne correspondante.
- Pour changer la couleur principale avec laquelle vous voulez travailler, cliquez dans la case species pour passer à la couleur suivante **ou** cliquez directement sur le rectangle de la couleur de votre choix **ou** sélectionnez-la dans le menu déroulant.
- Vous pouvez regrouper côte à côte plusieurs espèces coloriées dans la même couleur en cliquant sur les flèches « haut » et « bas » dans la zone de paramétrage des couleurs Gather species of the selected colour towards the bottom/the top  . Cela déplace et regroupe toutes les espèces ainsi sélectionnées par leur (même) couleur (et qui doit être actuellement la couleur principale de travail) jusqu'à l'espèce située le plus en haut ou le plus en bas dans la liste.

- La case « *<Ctrl>* » correspond à la couleur secondaire de travail.
- Pour colorier une espèce avec la couleur secondaire, maintenir la touche « **Ctrl** » du clavier enfoncée et faire un clic-droit sur la ligne correspondante. Au lieu d'être coloriée avec la couleur principale, l'espèce choisie sera coloriée avec la couleur secondaire.
- Vous pouvez modifier la couleur secondaire avec laquelle vous souhaitez travailler en cliquant dans la case <Ctrl> ce qui la changera vers la couleur suivante ou en enfonçant la touche « **Ctrl** » du clavier et en cliquant simultanément sur la couleur désirée dans la barre des couleurs.
- Le bouton Sort species  permet de trier les espèces (toutes les espèces ou seulement les espèces d'une couleur définie, en fonction de tous les relevés ou en fonction des relevés d'une couleur définie). Cf. « *Sort Species* » [Chap. II.C.7.](#)
-  Merge species et Divide species, « *merge species* » (fusionner) permet de réunir des lignes ayant pour entrée la même espèce ou des synonymes ; ce qui peut arriver lors de l'élaboration de la base de données ou quand on regroupe des tableaux d'origine différente. Pour « *divide species* » en **D** (dominant) ou **r** (rare) cela permet de distinguer sur deux lignes du tableau les deux situations et donc de mieux repérer les relevés concernés.
-  Le bouton Reset selected species colours permet d'effacer la couleur (colorie en noir) les espèces coloriée avec la couleur principale actuelle de travail (clic simple), ou de supprimer toutes les informations de couleurs des espèces (colorie tout en noir) (double clic).

II.A.3 Zone de paramétrage des couleurs des relevés



Fonctionnement analogue à celui de la zone « *species* ». Pour colorier un relevé, faites un clic-droit au dessus du numéro de relevé correspondant (dans la zone des « *Header Data* », au dessus des indices de recouvrement).

II.A.4 Zone de paramétrage des séparateurs



Vous pouvez insérer des séparateurs (lignes verticales ou horizontales) entre les relevés et les espèces. Pour cela, utilisez le bouton « **MAJ** » (Shift) de votre clavier et cliquez simultanément au-dessus du numéro de relevé, à droite duquel vous souhaitez insérer un séparateur. (Re-cliquez -toujours en enfonçant la touche « **MAJ** »- pour effacer ce même séparateur). Procédez de même : « **MAJ+clac** » sur la ligne d'une espèce pour insérer un séparateur en dessous.

- Si la case Separator hierarchy est cochée, vous avez la possibilité d'insérer différents types de séparateurs afin de réaliser une hiérarchie entre vos différents groupes. Pour insérer des séparateurs du niveau de hiérarchie souhaité, sélectionner celui ci dans le menu déroulant.
- le bouton Reset separators permet d'effacer tous les séparateurs mis en place.

NB : JUICE traite les relevés/les espèces entre chaque séparateur comme un « *groupe* ». Les « *groupes* » ainsi définis, sont utilisés par JUICE pour réaliser certaines opérations de tri.

II.B Déplacer les espèces et les relevés à la souris

Pour déplacer les espèces et les relevés les uns par rapport aux autres à l'aide de la souris. Cliquez sur l'espèce ou le relevé choisi, maintenez le bouton gauche de la souris enfoncé, glissez l'espèce ou le relevé jusqu'à la place choisie, puis relâchez la souris.

II.C « À quoi ça sert ... ? » Liste des menus et de leur contenu :

Les fonctions les plus importantes sont mises en valeur en bleu.

II.C.1 Menu « File » :

- **Open** : permet d'ouvrir un fichier de travail de JUICE (donc une table phytosociologique)
- **Append** : Permet d'ajouter un autre tableau. [*NB : Lors du test ce menu a fait planter JUICE.*]
- **Save** : sauvegarde un fichier de travail de JUICE (format .wct) se comporte systématiquement comme une fonction « enregistrer sous » : il ne va donc pas écraser votre dernier fichier sans vous demander la permission d'abord.
- **Import** : Les procédures d'importation sont décrites au [chapitre I.B.](#)
- **Export** : permet (une fois le travail accompli) de récupérer les tableaux des groupements végétaux et de les utiliser dans d'autres logiciels (bloc-note, tableur). Quelques procédures d'exportation sont présentées plus en détail dans le [chapitre III.A.](#)
- **Conversion** : Permet de transformer le format de fichiers. À utiliser dans des situations particulières pour des transferts de fichiers.
- **Options** : Permet de paramétrer les différentes actions effectuées par JUICE. Voir le [chapitre III.B.](#) Dédié à ce sujet.
- **End** : ferme JUICE
- liste les derniers fichiers utilisés par JUICE

II.C.2 Menu « Edit » :

- **Undo** : permet d'annuler la dernière action
- **Find Species** : Ctrl+F : même fonction que le bouton loupe. Cf. [Chap. II.A.1.](#) du présent tutoriel.
- **Find Relevé** : idem
- **Display parameters** : ouvre la fenêtre d'options de JUICE sur l'onglet « Display parameters » : paramètres d'affichage : taille du texte (boutons), échelle d'abondance/dominance utilisée (menu déroulant), largeur de la colonne de la zone D (données concernant l'espèce).
- **Copy [couleur] Species Name, Layer and Species Data to Clipboard** : copie les informations « nom d'espèce », « strate » et « données de l'espèce » pour les espèces de la couleur actuellement utilisée (couleur principale) dans le presse-papier.
- **Copy [couleur] Relevé Numer, Short Header ans Group Numbers to Clipboard** : Semblable à la fonction précédente mais pour les relevés. Copie les informations : « numéro de relevés », « header data » et « nombre de groupes »
- **Past Clipboard to [couleur] Species Name** : bug détecté
- **Past Clipboard to [couleur] Short Headers** : bug détecté

II.C.3 Menu « Species » :

- **Undelete Species** : annule la suppression d'une espèce.
- **Species colour** : permet de sauvegarder les attributions de couleurs et de charger ces attributions lorsqu'elles ont été sauvegardées.
- **Remove Species colour** : même fonction que le bouton dans la zone de gestion des couleurs.
- **Find Species** : Ctrl+F : même fonction que le bouton loupe (Cf. [Chap. II.A.1.](#))
- **Merge [couleur] Species** : Idem que le bouton du même nom (Cf. [Chap. II.A.2.](#))
- **Merge all SAME Species Name > Within a LAYER**, ou **> Within DATASET** : permet de rassembler en une seule ligne les doublons dans les espèces. Soit en agglomérant les doublons présents au sein d'une seule et même strate (> Within a LAYER) soit en agglomérant les doublons de toute la liste (> Within DATASET).
- **Divide Species into (D) a (r)** : sépare les espèces en fonction de leur statut : Dominante ou rare. Cf. [chapitre II.A.2](#), paragraphe « merge species / divide species »
- **Add empty species** : permet d'ajouter une ligne pour une espèce dont on renseigne le nom et la strate qu'elle occupe, mais pour laquelle on ne peut ajouter d'indices d'abondance/dominance.
- **Name and Layer Change** : permet de modifier le nom et la strate d'une espèce. (possible également en double cliquant sur l'espèce souhaitée).
- **Highlight (S), (D) and (r) Species** : fait apparaître les lettres S, D ou r devant les espèces possédant le statut «Agglomérées*», « Dominant » ou « rare ». (* : Merge all same species)
- **Select Species according to...** : permet de chercher une/plusieurs espèce en entrant une partie de son nom et de la colorier dans la couleur principale de travail active. Affecte toutes les espèces dont le nom comporte la suite de lettre entrées pour la recherche.
- **Random Species Selection** : permet de sélectionner des espèces au hasard (une ou plusieurs d'un seul coup) et de leur affecté une couleur définie.
- **Species Data** : l'une des fonctions les plus importante de ce menu : permet d'afficher des informations concernant les espèces dans la zone de données (zone D, colonne grisée) : cela permet d'affiner le travail de tri dans les

groupes. Les possibilités offertes par cette fonction seront détaillées au [chapitre III.C.](#)

- **Mark Layer** : attribue une couleur (à définir) à chaque strate (efface par là même toutes couleurs précédemment attribuées).
- **Combine Layer** : permet de rassembler plusieurs strates en une seule (utile par exemple pour alléger les strates en cas d'une différenciation trop gênante, comme par exemple : agglomérer les strates arborescentes hautes, moyennes et basse en une seule strate arborescente).
- **Species Statistics** : affiche, pour toutes les espèces, plusieurs informations statistiques : fréquence (Freq.), couverture médiane (Med. Cover) et maximale (Max. Cover) et enfin la richesse spécifique moyenne des relevés où l'espèce est présente (Aver. Rich.). Pour retourner à l'affichage des coefficients d'abondance/dominance, retournez dans le menu « Species » et cliquez à nouveau sur « Species Statistics ».
- **Autorepeat** : fonction non testée.
- **Delete [couleur] Species** : supprime les espèces de la couleur principale active.

II.C.4 Menu « Relevés » :

- **Display Current Relevé** : affiche une fenêtre d'information concernant le dernier relevé sur lequel on a cliqué. (Le clic peut être effectué au niveau du numéro du relevé, comme dans la zone d'affichage (Zone A)).
 - nombre d'espèces dans le relevé (supprime les doublons dûs aux strates)
 - fourni l'indice de Shannon-Wiener pour le relevé
 - fourni la « eveness » c'est à dire l'équitabilité selon la formule de Pielou (calculée à partir de l'indice de Shannon-Wiener) ou de celle de Smith-Wilson.
 - indique le degré de recouvrement (comme un code ou comme un pourcentage)
 - affiche la liste des espèces présentes dans le relevé en les triant :
 - par strate
 - par ordre alphabétique
 - par degré de recouvrement
 - **par séquence* (Seq.)**

* c'est-à-dire l'ordre des espèces dans le tableau
- **Relevé Colours** : équivalent de « Species Colours », affecte les relevés.
- **Remove Relevé Colours** : équivalent de « Remove Species Colours », affecte les relevés.
- **Find Relevé** : équivalent de « Find Species »

Pour les trois fonctions précédentes, reportez vous aux fonctions équivalentes du menu [Species](#).

- **Random Relevé Selection** : sélection de relevés au hasard
- **Mark relevé** :
 - > *from External File* : permet de marquer une liste de relevés avec la couleur choisie [*relevé colour*]. Cette liste devant figurer dans un fichier texte (*.txt), les numéros des relevés à marquer doivent être inscrits chacun sur une ligne, les uns au dessus des autres, sans aucun signe de ponctuation.
 - > *from Clipboard* : permet de marquer un relevé unique avec la couleur choisie [*relevé colour*]. Le numéro de ce relevé doit avoir été copié dans le presse-papier (Clipboard), c'est à dire que vous devez simplement avoir écrit le numéro n'importe où dans l'ordinateur et actionné la fonction **Ctrl+C** ou Edition > Copier.
- **[espèce sélectionnée] Relevés List** : affiche la liste des relevés dans lesquels la dernière espèce sélectionnée (par un clic de souris) est présente, affiche aussi le degré de recouvrement de l'espèce dans chaque relevés.

- **[couleur] Group Relevés List** : affiche la liste des relevés de la couleur de travail des relevés active.
- **Hunting Duplicates** : permet de vérifier que le jeu de donnée ne contient pas de relevés identiques.
- **Delete [couleur] Relevés** : supprime les relevés de la couleur active.

II.C.5 Menu « Table » :

- **List of All Cover and Their Frequency in the Table** : affiche une fenêtre dans laquelle se trouvent des informations de fréquence pour chaque classe de recouvrement.

Table Transformation to Presence/Absence Data : modifie l'information d'abondance/dominance (degré de recouvrement) par une information de présence/absence : attribué à tous les indices de recouvrement la valeur maximale. **Utilisation non recommandée** : mieux vaut utiliser File > Option > Display Parameters > Presence/Absence Scale qui change l'affichage sans modifier l'information de recouvrement, et permet donc de basculer facilement d'un mode en degré de recouvrement à un mode en présence/absence et vice versa.

II.C.6 Menu « Head »

Les « *header data* » ou « données de tête » sont les informations relatives à chaque relevé (généralement : informations écologiques, typologiques et géographiques), stockées dans un fichier à part (format *.dat) et affichables dans JUICE afin de permettre leur exploitation lors de l'analyse des données de végétation.

Ci-après suit la liste commentée des fonctions de ce menu. Pour plus de détail sur leur utilisation, se reporter au [chapitre III.D.](#).

Extended Head (Ctrl+H) : Remplace l'affichage de la table par l'affichage de l'ensemble des « données de tête », il s'agit de la même fonction que celle activée et désactivée grâce au bouton suivant :

Initial entry number (Shift+1) : Affiche le numéro du relevé dans JUICE (Cf. importation)

Original number (Shift+2) : Affiche le numéro original du relevé (au cas où celui-ci serait extrait d'une plus grande table par exemple)

Group number (Shift+3) : si le tableau est divisé grâce à des séparateurs, affiche le numéro (ordinal) des groupes ainsi créés.

Ordinal number (*in current table*) (Shift+4) : attribue un numéro croissant à chaque relevé en suivant l'ordre de leur affichage actuel.

Store value to short header : Permet d'afficher une courte information (valeur statistique quelconque, valeur d'un indice, ou autre information) à la place du numéro de relevé. En cela cette fonction est similaire à l'utilisation des « *species data* » (Cf. [Chap. III.C. Species Data.](#)). Pour plus de détail sur l'utilisation de « *Store value to Short Header* », se reporter au [chapitre III.D.6.](#).

Short Header Selection : permet d'automatiser une sélection dans les données de tête. Particulièrement pratique lorsque combiné à la fonction précédente. Cf. [Chap. III.D.7.](#)

Short Header Average : lorsque des groupes sont distingués à l'aide de séparateurs, cette fonction donne la moyenne pour chaque groupe d'une valeur stockée dans les « *short header* », cf. [Chap. III.D.8.](#).

Add Short Header to Header Data : basiquement, les « *short header* » ne sont pas enregistrés de manière stable. Si on change leur affichage, on peut perdre des informations fraîchement calculées. Si l'on souhaite conserver une information stockée dans les « *short header* » de manière durable, il faut l'enregistrer dans les « *Header Data* » proprement dits. Cf. [Chap. III.D.9.](#).

Header Data Histogram : permet de connaître de nombre de relevés pour chacune des valeurs du paramètre qui est choisi dans la fenêtre qui s'ouvre quand on clique sur cette fonction.

Relevé Colour according to the Head : colorie des relevés en fonction de la valeur d'une des variable stockée dans les « *Header Data* ». Cf. [Chap. III.D.11.](#).

Resampling : permet de ré-échantillonner les relevés. Notamment intéressant dans le cadre de comparaisons entre des groupes de relevés composés d'un nombre différent de relevés, de surcroît si des tests statistiques sont effectués .

Delete Extended Head : supprime les informations stockées comme « *Header Data* » .

II.C.7 Menu « Sorting » :

- **Move Species** : « **Upwards/Downwards [couleur] Species** » même fonction que les boutons flèche haut et flèche bas dans l'onglet de manipulation des couleurs : déplace toutes les espèces de la couleur de travail pour les rassembler au-dessus ou en dessous de l'espèce de cette couleur placée le plus bas ou le plus haut dans la liste.
- **Move Relevés** : idem que pour les espèces, permet également de déplacer des relevés à l'intérieur d'un groupe plutôt que sur tout le jeu de données : a donc un champ d'action plus important que les boutons.
- **Sort Species** : idem que le bouton du même nom (Le paragraphe II.A.2. pointe ici.)
En cliquant sur cette fonction une nouvelle fenêtre (« *Species Sorting* ») apparaît.

Elle montre qu'il est possible de trier toutes les espèces (« *All* » dans la colonne « *Sort species* ») ou seulement des espèces coloriées (il faut alors cocher la couleur correspondante) au sein de l'ensemble des relevés (« *All* » dans la colonne « *by relevé* ») ou au sein d'un ensemble de relevés coloriés (cocher la couleur correspondante).

Les espèces sont triées d'abord en fonction de leur fréquence dans le tableau ou partie de tableau, puis selon leur positionnement dans les relevés et enfin en tenant compte de leur recouvrement.

- **Sort Relevés** : idem que le bouton du même nom. Le principe est le même que celui présenté pour le tri des espèces.

Pour les 4 fonctions précédentes, il est plus rapide et pratique d'utiliser les boutons présentés au [chapitre II.A.1.](#)

- **Sort Short Headers** : Les « *Short Headers* » correspondent aux informations qui se trouvent dans la zone T de la fenêtre principale de JUICE (voir la partie « *Prise en main* »). Le plus souvent il s'agit des numéros de relevés mais on peut aussi transférer d'autres informations telles que surface des relevés, recouvrement total de la végétation, indices d'Ellenberg ou toute autre information.

Pour procéder à cette opération il faut aller dans le menu Head et cliquer sur Store Values to Short Headers (Voir le [chapitre II.C.6. « Head »](#) à ce sujet). En cliquant sur cette fonction (Sorting > Sort Short Headers), la fenêtre suivante apparaît à l'écran.



Elle montre qu'il est possible de trier l'ensemble des « *short headers* » (c'est-à-dire l'ensemble des relevés) ou de ceux qui ont été initialement coloriés (c'est alors le nom de la couleur correspondante qui est affichée au lieu de *White*), ceci alphabétiquement (s'il s'agit d'informations de cette nature) ou numériquement (s'il s'agit de valeurs), dans un ordre croissant (« *in ascending order* ») ou décroissant (« *in descending order* »). Le cas échéant l'opération peut être effectuée au sein de groupes de relevés séparés par des séparateurs (cocher « *Within groups* »).

- **Sort Relevés by Header Data :**

REMARQUE: les “*Short Header*” sont juste une petite partie des “*Header Data*”. Les “*Short Header*” peuvent être affichés à la place des numéros des relevés, alors que les “*Header Data*” sont l'ensemble des informations “de tête” qui caractérisent chaque relevés. Les “*Header Data*” ne peuvent pas être affiché dans leur ensemble en lieu et place du numéro. Pour les visualiser on affiche une fenêtre spéciale. (Se reporter au [chapitre III.D.1. “Header Data”](#))

Cliquer sur cette fonction fait la fenêtre suivante :



On retrouve les différents paramètres qui ont été intégrés dans les « *Header Data* ». Il est par conséquent possible d'effectuer un tri de l'un de ces paramètres après l'avoir sélectionné.

Si l'on clique directement sur Continue >>> sans indiquer davantage de précisions par rapport à ce qui est proposé dans la fenêtre, la fonction va trier les relevés en conservant les numéros de relevés, si bien qu'il est difficile de déterminer sur quel critère le tri a été opéré. Pour obtenir cette information, il est recommandé de cocher « *Add first characters to the short head* » (Cf. « Remarque » ci-dessus).

L'option « *Separators* » permet de séparer les relevés ayant la même valeur ou correspondant à la même chose. Par ailleurs, l'information désirée peut être plus ou moins précise en indiquant le nombre de caractères à retenir dans « *Length ??? characters from 1 position* ». Il en est de même pour le nombre de décimales quand il s'agit d'une valeur numérique.

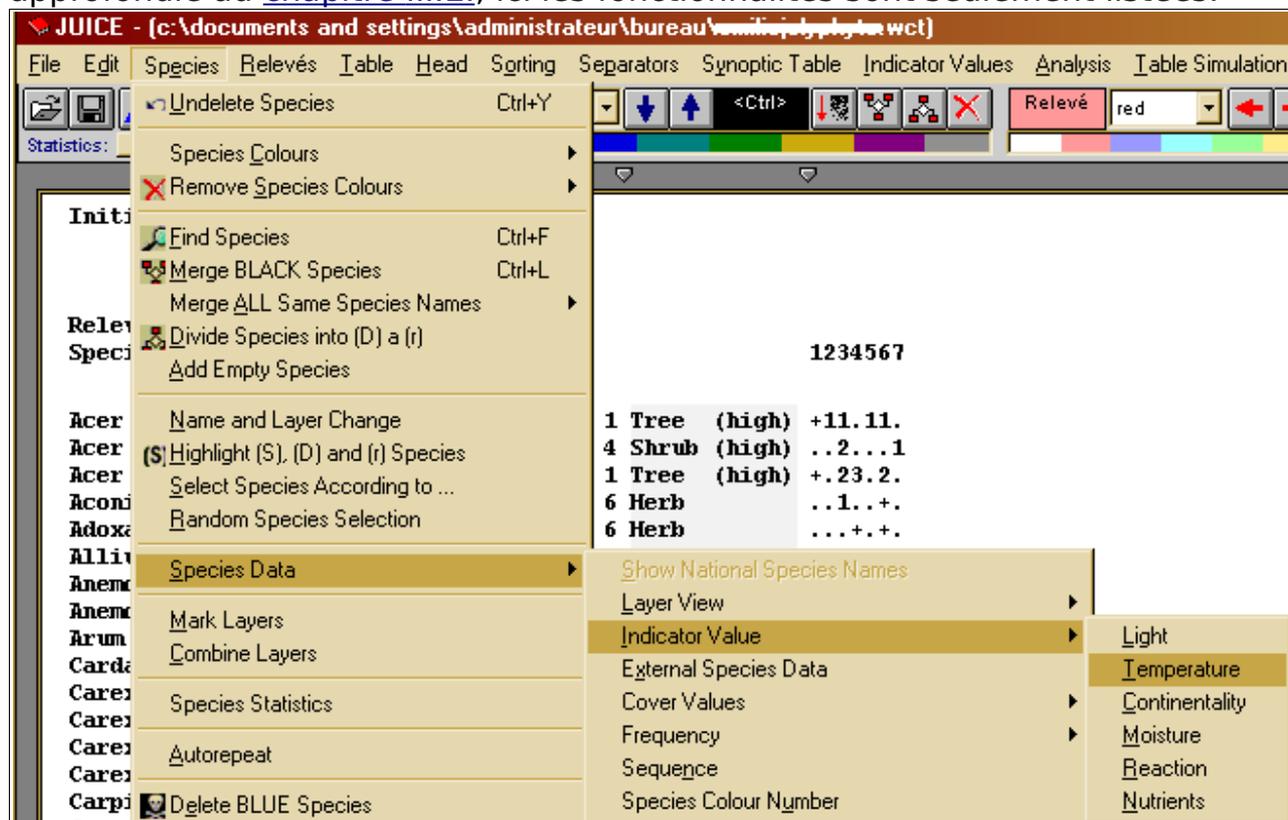
- **Sort Species Alphabeticaly** : permet de trier les espèces par ordre alphabétique, soit les espèces sélectionnées avec la couleur active, et le nom de la couleur apparaît alors dans le choix, soit toutes les espèces (*All*), ou toutes les espèces à l'intérieur d'une strate définie (*All within layer*).
- **Sort Species by Species Data (Layer, EIV, etc.)** : permet de trier les espèces en fonction des informations contenues dans la zones de données (zone **D**, en grisé) vu que ces informations sont très aisément manipulables et qu'on peut y insérer à peu près toutes les informations que l'on souhaite : il peut s'agir de la fréquence des espèces, des indices d'Ellenberg (EIV) ou de toute autre information (Cf. [chapitre III.C.](#)). cela fait de cette fonctionnalité un outil puissant.
Après avoir cliqué sur cette fonction, on constate qu'il est possible d'effectuer le tri pour l'ensemble des espèces, ou pour ceux qui ont été initialement coloriés (c'est alors le nom de la couleur correspondante qui est affichée au lieu de *Black*), ceci alphabétiquement (s'il s'agit d'informations de cette nature) ou numériquement (s'il s'agit de valeurs), dans un ordre croissant ou décroissant (la procédure est similaire à celle vue plus haut pour les *Short Headers*).
- **Sort Species in Synoptic Table** : réalisable lorsque l'on travaille avec les tables synoptiques Cf. [chapitre III.E.](#).
- **Sort Species by Decreasing Association with Other Species** : Cette fonction n'est pas développée car elle est relativement complexe et n'a pas été jugé comme indispensable pour une analyse phytosociologique standard.
- **Sort Relevés by Classification by Other Programs** : nécessite l'installation de programmes complémentaires, avec lesquels JUICE peut travailler en interaction. Ceci ne fait pas l'objet de ce tutoriel.

II.C.8 Menu « **Separators** » :

Apporte peu de fonctionnalités supplémentaires par rapport aux boutons de la barre d'outils. Cf. [Chap. II.A.](#)

II.C.9 Menu « **Synoptic Table** » :

Le menu sur les tables synaptiques est décrit de manière plus approfondie au [chapitre III.E.](#), ici les fonctionnalités sont seulement listées.



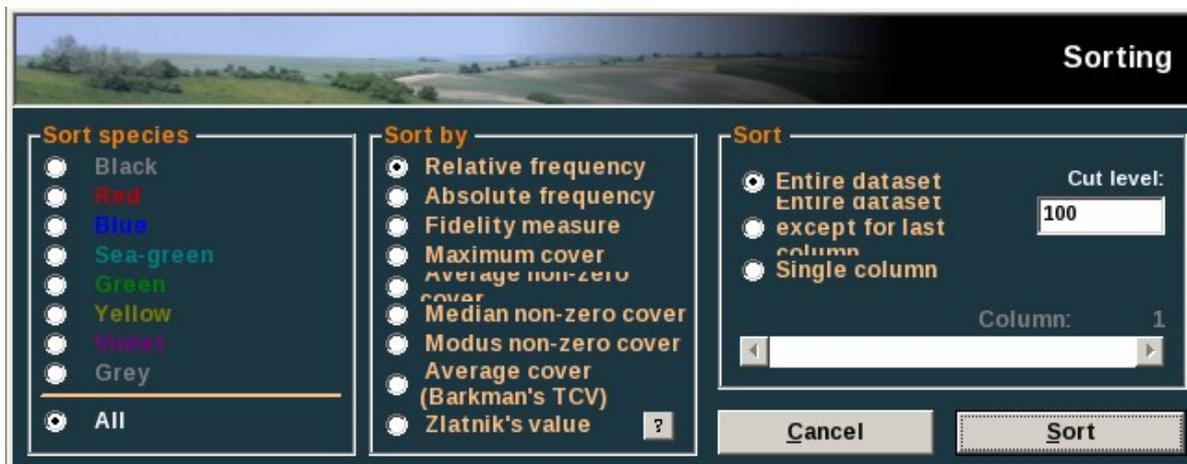
- **Percentage Frequency** : affiche la fréquence relative de chaque espèce, exprimée en pourcentage.
- **Categorical Frequency** : affiche la fréquence de chaque espèce par catégories : V, IV, III, II, I
- **Absolute Frequency** : affiche la fréquence absolue de chaque espèce (nombre d'occurrences).
- **Fidelity** : « Les mesures de fidélité statistique sont utiles pour mesurer la concentration d'espèces dans une unité de végétation et comparer des valeurs diagnostiques entre espèces dans une unité de végétation particulière ou entre unités de végétation pour une espèce particulière. » Issu de « JUICE program for management, analysis and classification of ecological data », Tichy & Holt 2006, section 1.10., page 45 ; traduit de l'anglais.
Voir également le [chapitre III.F.1.](#)

- **Cover Values** : permet d'afficher différentes valeurs relatives aux recouvrements des espèces

- **Sort Species in Synoptic Table** :

Cette fonction s'applique uniquement aux tableaux synoptiques et est également disponible dans le menu Synoptic Table.

En cliquant sur cette fonction une nouvelle fenêtre apparaît :



On peut constater que le tri peut concerner l'ensemble des espèces ou seulement des espèces initialement colorées, que ce tri peut être effectué selon différents critères (« *Relative frequency* », « *Absolute frequency* »...), qu'il peut être réalisé pour l'ensemble des colonnes (éventuellement sauf la dernière) ou par colonne séparément. L'information « *Cut level* » correspond aux seuils des valeurs des différents critères (par exemple 40 pour la fréquence relative), seuil préalablement choisi (voir [chapitre : III.F.2.](#)).

Il s'agit de la même fonction que celle de nom identique dans le menu Sorting.

- **Analysis of Columns of Synoptic Table** : Apporte plus d'information sur les groupes (*clusters*) en fournissant des indices statistiques. Cf. [Chapitre III.E.3.](#) pour plus de détails.

- **Average Value of Frequency Columns in Synoptic Table** : affiche les valeurs moyennes (fréquence, fidélité, couverture) pour chaque groupe. Cf. [chapitre III.E.4.](#).

- **No. of Species in Columns of Synoptic Table** : affiche le nombre d'espèces pour chaque groupe. Cf. [chapitre III.E.5.](#).

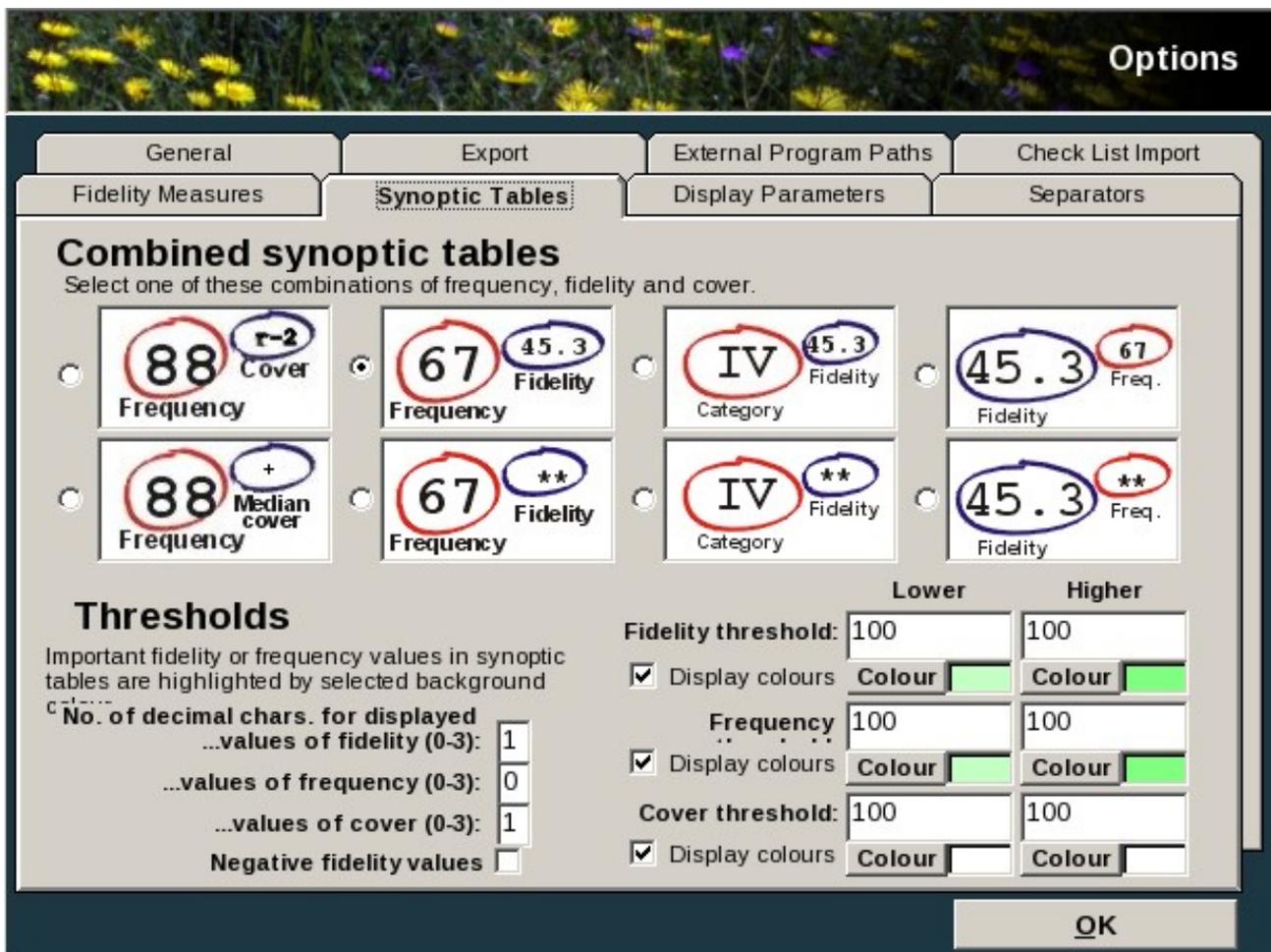
- Uniqueness : fonction non testée . Voir aussi chapitre III.E.

- Crispness of classification : fonction non testée . Voir aussi chapitre III.E.

- Compare two synoptic tables : fonction non testée . Voir aussi chapitre III.E.

- Merge two nearest columns : fonction non testée . Voir aussi chapitre III.E.

- **Threshold Values** : (valeurs seuils), ouvre la fenêtre d'options de JUICE à l'onglet « *Synoptic Table* », permet d'y paramétrer un certain nombre de caractères de l'affichage. Cf. [chapitre : III.F.2.](#)



II.C.10 Menu « **Indicator Values** » :

- **Initiation** : permet de charger les valeurs indicatrices d'Ellenberg sous JUICE. Cf. [Chap. III.D.](#)
- **Calculation for Relevés** : calcule la valeur moyenne des indices au sein d'un relevé.
- **Correction for Species Values** : fonction non testée.

II.C.11 Menu « **Analysis** » :

Ce chapitre présente uniquement la LISTE des analyses potentiellement disponibles sous JUICE. Ces analyses dépendent pour la plupart de logiciels

externes et propriétaires, dont la distribution n'est pas libre. Quelques analyses disponibles au travers de logiciels libres (R-Project, Mulva ...) sont développées plus en profondeur au [chapitre III.F.](#)

NB: La plupart des fonctionnalités du menu « Analysis » font appel aux fonctionnalités de logiciels autres que JUICE pour réaliser des analyses statistiques.

Ces logiciels sont : R, TWINSPAN, MULVA, SYN-TAX 2000, PC-ORD, et enfin CANOCO.

- TWINSPAN (Two-way Indicator Species Analysis)
« *Analyse de Contingence des Espèces Indicatrices* »
<http://www.canodraw.com/wintwins.htm>
 - TWINSPAN (Hill 1979)"
 - Modified TWINSPAN Classification (Rolecek et al. 2009)
- Hierarchical Cluster Analysis
« *Classification Hiérarchique* »
 - PC-ORD (Optimised for Versions 4 and 5)
 - MULVA (Optimised for Version 5.1)
 - SYN-TAX 2000
 - Isopam Method
 - Initialize Isopam
 - Get Isopam Results
- Non-Hierarchical Cluster Analysis
« *Classification Non Hiérarchique* »
 - SYN-TAX 2000
- OPTIMCLASS Analysis
Simultaneous identification of optimal clustering method and optimal number of clusters in vegetation classification studies
« *Recherche du nombre optimal de classes (clusters)* »
- Results of OPTIMCLASS Analysis
- Ordinations
 - CANOCO 4.5 / CANODRAW 4.0
 - DCA Analysis « Detrended Correspondance Analysis »
« *Analyse des Correspondances Détendancées* »
 - CA Analysis « Correspondence Analysis »
« *Analyse Factorielle des Correspondances* »
 - PCA Analysis « Principal Component Analysis »
« *Analyse en composantes principales* »
 - CCA, DCCA, RDA Analysis
 - > Connected Component Analysis (CCA)
« *Analyse Canonique des Correspondances* »
 - > Detrended Connected Component Analysis (DCCA)

« *Analyse Canonique des Correspondances Détendancées* »

-> Representational Difference Analysis

« *Analyse de Redondance* »

- R-PROJECT
 - DCA Analysis
 - PCA Analysis
 - NMDS Analysis « Non-metric multidimensional scaling »
 - « *Gradation non métrique multidimensionnelle* »
- Average ISAMIC Score of Classification (Roberts 2005)
- Co-Occuring Species
 - Of Species <selected> For Relevé
 - <selected COLOUR>
 - All
- Interspecific Association
 - Of Species <selected> For Relevé
 - <selected COLOUR>
 - All
- INI Groups
- COCKTAIL Groups
- Group Aggregation
- Expert System

- Matching to <selected COLOUR> Relevés
 - Frequency-Positive Fidelity Index (FPFI)
 - Positive Fidelity Index (PFDI)
 - Frequency Index (FQI)
 - Normalised Weirdness (ASSOCIA)
 - Normalised Incompleteness (ASSOCIA)
 - Normalised Likelihood
 - Sort Relevés
 - Matching Export Text File
 - Frequency Positive Fidelity Index (FPFI)
 - Positive Fidelity Index (PFDI)
 - Frequency Index (FQI)

- Beals Smoothing
 - for One Relevé
 - Calculated from All Relevés
 - Calculated Only from <selected COLOUR> Relevés

- for <selected COLOUR> Relevé
 - Calculated from All Relevés
- Distance Measures
 - Distance between Relevé Groups
 - Total Inertia/ED/Beta-Div within Relevé Groups
 - Average Jaccard and Sorensen Distances inside Groups
- Diversity
 - Components of Diversity
 - Total Inertia/ED/Beta-Div within Relevé Groups
- Species Response Curves

II.C.12 Menu « **Table Simulation** » :

Permet d'élaborer une table de données factices. Ne fait pas l'objet de ce tutoriel.

II.C.13 Menu « **Help** » :

- Renvoie à différentes aides en ligne :
 - page principale du programme,
 - manuel d'utilisation en anglais,
 - pages Internet renseignant sur certains concepts utilisés par JUICE
- Permet de vérifier la présence de mises à jour.
- Renvoie aux pages web des principaux logiciels que JUICE exploite lors des conduites d'analyses statistiques (JUICE ne réalise pas lui même ces analyses, mais exploite les fonctionnalités de logiciels qui en sont capable).

III « Comment ça marche ? », chapitre d'approfondissement

III.A Menu : « File > Export »

Ce tutoriel ne présente pas toutes les formes d'exportation mais uniquement l'exportation, vers un fichier Microsoft Excel^(R) (format *.xls), vers un fichier texte simple (format *.txt) et vers un fichier texte enrichi (format *.rtf - format similaire au format *.doc).

III.A.1 Export vers le tableur M.Excel^(R) :

Etape 1/2 :

Dans JUICE, mettez vos données en forme, de manière à ce que le tableau que vous allez exporter ait l'aspect voulu.

- Allez dans le menu : File > Export > Table > to Spreadsheet Format
File
- Dans la fenêtre qui s'ouvre vous avez seulement la possibilité :
 - de sélectionner les relevés à exportés (tous, ou seulement ceux de la couleur de votre choix) ;
 - de définir le nombre de caractères maximum à exporter pour les noms d'espèces (en général, il devrait convenir de ne pas modifier ce paramètre, si lors de l'ouverture du fichier exporté, vous constatez des rognures dans les noms des espèces, refaites la manipulation en augmentant d'autant que nécessaire le nombre de caractères à exporter) ;
 - de sélectionner les options suivantes selon vos besoins :
 - Export header data : à cocher si vous avez utilisé les données « Head », ce qui ne devrait pas être le cas si vous vous êtes tenu à ce tutoriel.
 - Export covers in % : à cocher si vous souhaitez afficher les indices de recouvrement en pourcentage de recouvrement.
 - Use national species name : si vous avez importé les noms français des espèces, cocher cette case vous permettra de les exporter.
- Cliquez sur le bouton Continue >>>

Une fenêtre d'enregistrement du fichier d'export s'affiche, vous proposant de choisir le dossier de destination. Naviguez jusqu'à votre dossier de travail et spécifiez le nom de fichier que vous souhaitez utilisé (par défaut il s'agit de **Excl_exp.txt**).

Etape 2/2 :

- Ouvrir Microsoft Excel(R) (NB : a priori l'étape 2 ne fonctionne pas directement avec le tableur de la suite bureautique d'Open Office).
- Allez dans le menu : Fichier > Ouvrir
- Naviguez jusqu'au dossier où vous avez enregistré le fichier Excl_exp.txt (ou tout autre nom que vous lui avez donné).
- Dans type de fichier, utilisez le menu déroulant pour sélectionner tous les fichiers (*.*) ; puis recherchez votre fichier Excl_exp.txt et ouvrez-le.

La fenêtre de l'assistant d'importation de texte d'Excel^(R) va s'ouvrir.

- Dans le cadre *Type de données d'origine*, choisissez Délimité. En dessous de ce cadre, vous avez la possibilité de choisir *Commencer l'importation à la ligne* avec un numéro de ligne et des flèche pour choisir cette ligne. Il est conseillé de commencer l'importation à partir de la première ligne d'espèce (qui devrait être la 5e ligne, vérifiez-le dans l'aperçu de votre fichier). Choisissez donc Commencer l'importation à la ligne : 5 puis cliquez sur Suivant >.
- Dans le cadre *Séparateurs*, décochez Tabulation et cochez Point-virgule puis cliquez sur Suivant >.
- Dans l'étape 3/3 de l'assistant, il n'y a, a priori, rien à modifier. Cliquez sur Terminer.

Votre tableau se trouve à présent dans Microsoft Excel^(R) vous pouvez le mettre en forme comme bon vous semble.

III.A.2 Export vers un fichier texte (format *.txt) :

Dans JUICE, mettez vos données en forme, de manière à ce que le tableau que vous allez exporter ait l'aspect voulu.

- Allez dans le menu : File > Export > Table > To Simple Text File
- Dans la fenêtre qui s'ouvre vous avez seulement la possibilité :
 - de sélectionner les relevés à exportés (tous, ou seulement ceux de la couleur de votre choix) ;
 - de sélectionner l'option suivante selon vos besoins :
 - « *Use national species name* » : si vous avez importé les noms français des espèces, cocher cette case vous permettra de les exporter.
- Cliquez sur le bouton Continue >>>

Une fenêtre d'enregistrement du fichier d'export s'affiche, vous proposant de choisir le dossier de destination. Naviguez jusqu'à votre dossier de travail et spécifiez le nom de fichier que vous souhaitez utilisé (par défaut il s'agit de **table.txt**) ; afin de ne pas risquer d'écraser un fichier de travail au nom similaire, il est vivement conseillé de changer le nom du fichier à exporter !

L'exportation est terminée. Vous pouvez ouvrir votre fichier table.txt avec un logiciel type Bloc-Note / WordPad.

III.A.3 Export vers un fichier texte enrichi (format *.rtf) :

JUICE privilégie l'export au format de texte enrichi (« *Rich Format Text* » : RTF) dont les fichiers (*.rtf) s'ouvrent avec des logiciels de traitement de texte (type Microsoft Word^(R) ou Open Office Writer). Pour cela, JUICE crée automatiquement un fichier au format *.rtf. Celui-ci est vide au démarrage puis se remplit au fur et à mesure de vos exportations vers ce fichier. Lors de l'export au format *.rtf vous n'avez pas la possibilité de choisir le nom du fichier dans lequel vous exportez. Il est donc conseillé de renommer le fichier en utilisant la fonction « enregistrer sous » de votre logiciel de traitement de texte lorsque vous aurez fini de travailler avec celui-ci. De même, évitez de procéder à plusieurs exportations d'affilée vers le fichier RTF, car les tableaux seraient accumulés les uns à la suite des autres dans ce fichier.

Ce fichier prédéfini est nommé **export.rtf** et se trouve par défaut, soit sur le bureau, soit dans le dossier où est installé JUICE - généralement C:\Program Files\JUICE.

Vous pouvez modifier cela en allant dans le menu : File > Options, onglet Export cliquez sur le bouton Change file et en spécifiant un nouveau dossier ou fichier.

Dans JUICE, mettez vos données en forme, de manière à ce que le tableau que vous allez exporter ait l'aspect voulu. Allez dans : File > Export > Table > To RTF File

Dans la fenêtre qui s'ouvre vous avez la possibilité :

- dans le cadre « *Species below the table* » : de choisir de déplacer les espèces rares en dessous de la table, pour ce faire choisissez In less than 2/3/4 relevés, ce qui affectera le cas échéant, les espèces présentes dans moins de 2, 3 ou 4 relevés. Si vous ne souhaitez pas déplacer les espèces rares en dessous de la table, choisissez None.
- dans le cadre « *Species exported* » : choisissez all pour exporter toutes les espèces (recommandé) ou bien with non-zero value pour exporter uniquement les espèces n'ayant pas de valeur(s) nulle(s).
- dans le cadre « *Export Relevés* » : de choisir d'exporter tous les relevés ou seulement ceux de la couleur de votre choix.
- de sélectionner les options suivantes selon vos besoins :
 - Export Separators : pour exporter les lignes de séparation entre les relevés.
 - Use national species name : si vous avez importé les noms français des espèces, cocher cette case vous permettra de les exporter.
- Cliquez sur le bouton Continue >>>

L'exportation est terminée. Vous trouverez votre tableau dans le fichier « **export.rtf** », placé par défaut sur le bureau ou dans le dossier où est installé JUICE.

N'oubliez pas d'aller ouvrir ce fichier, puis de choisir la fonction Enregistrer sous afin de sauvegarder votre travail.

Après cela, supprimer toutes les données du fichier « **export.rtf** » afin que la prochaine exportation se fasse dans un fichier vierge et non à la suite du tableau que vous venez d'exporter.

III.B Menu : « File > Options »

La fenêtre d'options comporte 8 onglets :

General

Export

External Program Paths

Check List Import

Fidelity Measures

Synoptic Tables

Display Parameters

Separators

The screenshot shows the 'Options' dialog box with the 'General' tab selected. The dialog has a title bar with a floral background and the word 'Options' on the right. Below the title bar are four tabs: 'Fidelity Measures', 'Synoptic Tables', 'Display Parameters', and 'Separators'. The 'General' tab is active and contains the following content:

Dimensions of the program
JUICE is predefined to handle a maximum of 30 000 relevés and 5 000 species. The maximum number should not exceed 999 999 relevés and 99 999 species. Higher numbers mean higher demands on memory.

Relevés: Species:

Find species/relevés function
In header data display, a match in any part of the header data is counted as a match. In standard table display, you have the option of matching the first part of the species name or any part of the name.

Search string must match beginning of species name Search string can match any part of species name

Automatic update
The program checks for new updates available on internet.

Enabled Disabled

III.B.1 Onglet « General » :

- « **Dimensions of the program** » permet de paramétrer le nombre de relevés et d'espèces à afficher dans JUICE. Ce paramètre est d'un usage très restreint dans le cadre de ce tutoriel, car les débutants ne seront sûrement pas concernés par des tableaux aux dimensions importantes. Les chiffres dans les cases « *relevés* » et « *species* » indiquent respectivement le maximum de relevés et d'espèces à afficher. Ces valeurs peuvent être élevées jusqu'à respectivement 999 999 relevés et 99 999 espèces, ce qui implique cependant une utilisation plus importante de la mémoire de l'ordinateur.
- « **Find species/relevés function** » : la première option (à gauche) indique que les caractères utilisés pour la recherche d'une espèce ou d'un relevé doivent obligatoirement se trouver au début du nom de l'espèce ou du relevé. La deuxième option (à droite) indique que les caractères utilisés pour la recherche peuvent se trouver n'importe où dans le nom de l'espèce ou du relevé (début, milieux ou fin).

III.B.2 Onglet « Export » :

Permet de paramétrer l'emplacement du fichier au format de texte enrichi pour l'export des tables. Cf. [chapitre III.A.3.](#) du présent tutoriel.

III.B.3 Onglet « External Program Paths » :

Comme expliqué précédemment, JUICE ne réalise pas lui même les analyses statistiques que vous avez la possibilité de lancer dans le programme. Au contraire, il contient une série de scripts qui lui permettent d'utiliser les fonctionnalités de logiciels « amis » comme : Twinspan, D-Map, PC-Ord, Mulva, Syn-Tax 2000, R-Project et Canoco. Une synthèse des fonctions offertes par ces logiciels est proposée dans BECK (2008).

III.B.4 Onglet « Check List Import » :

permet de définir le chemin d'accès aux fichiers des abréviations des noms d'espèces lors de l'import de fichiers au format Cornell Condensed. Cf : [Chap. I.B.2.](#)

III.B.5 Onglet « Fidelity Measures » :

Permet de paramétrer l'affichage de la mesure de fidélité. Cf. [Chap. III.E.1.](#) > Menu *Synoptic Tables*.

III.B.6 Onglet « Synoptic Tables » :

Permet de paramétrer l'affichage des tables synoptiques. À ce sujet, voir le développement au [chapitre III.E.2.](#)

III.B.7 Onglet « Display Parameters » :

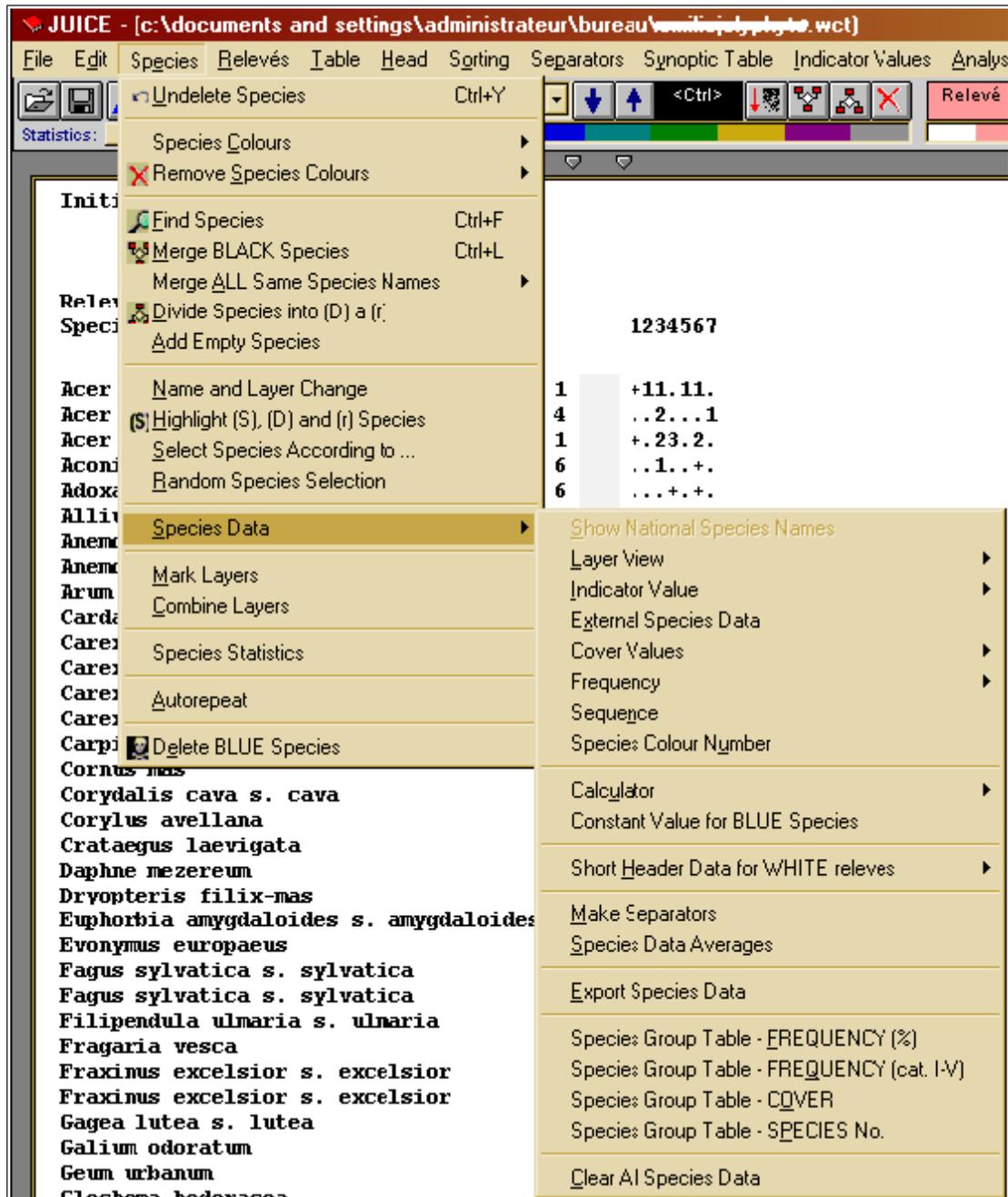
Permet de régler la taille du texte et de choisir l'échelle pour les indices de recouvrement Cf. [chapitre II.A.1.](#) (boutons : decrease & increase characters)

III.B.8 Onglet « Separators » :

Cf. [chapitre II.A.4.](#) Zone de paramétrage des séparateurs.

III.C Menu : « Species > Species Data »

Le menu : Species > Species Data permet de manipuler la colonne de la zone de données (Zone **D**) Cf. [chapitre II](#). Celle ci permet d'afficher un grand nombre d'informations concernant les espèces présentes dans votre tableau. Comme cette colonne peut faire l'objet de tri, cela confère à la compréhension de cette zone et à la manipulation de ces données une importance toute particulière pour le phytosociologue averti.

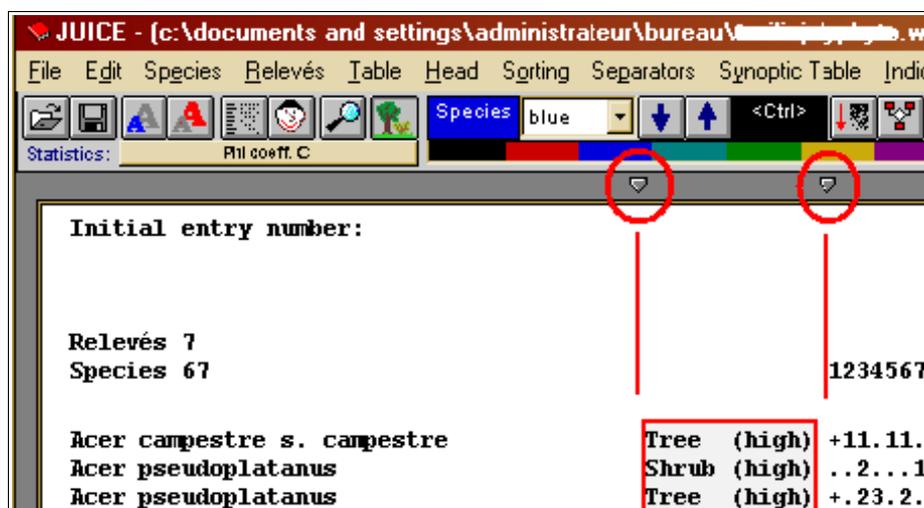


III.C.1 « Layer View » :

Permet d'afficher la strate sous forme de code numérique, Cf. [Chap. II.A.1.](#) , sous forme de texte (en anglais) ou de combiner les deux.

Relevés 7	
Species 67	1234567
Acer campestre s. campestre	1 +11.11.
Acer pseudoplatanus	4 ..2...1
Acer pseudoplatanus	1 +.23.2.

La strate est affichée par défaut sous forme de code numérique dans la zone "Données".



Une fois l'affichage sous forme de texte sélectionné, vous aurez sans doute besoin de modifier la largeur de la colonne, soit en faisant glisser les repères (encadrés en rouge) à l'aide de la souris, soit en passant par « File > Options > Display Parameters > Length of additional species information »

III.C.2 « Indicator Value » :

Permet d'afficher dans la zone de Données **une** des 6 valeurs indicatrices d'Ellenberg : Lumière (*Light*), Température, Continentalité, Humidité (*Moisture*), pH (*Reaction*), Nutriments (*Nutrients*).

Cf. <http://www.tela-botanica.org/projets/18/telechargement/16387>

(base de donnée comprenant les valeurs d'Ellenberg pour un grand nombre d'espèces).

Nécessite l'initialisation de ces valeurs. Cf. section suivante : [Chap.III.D.](#)

III.C.3 « External Species Data » :

Permet d'importer des données depuis un fichier texte.

Cette partie du tutoriel nécessite l'utilisation de logiciels type Bloc-notes (Notepad - Notepad2) et des fichiers au format texte (*.txt).

Le fichier au format texte (*.txt) depuis lequel vous allez importer vos valeurs, doit répondre à une structure très précise.

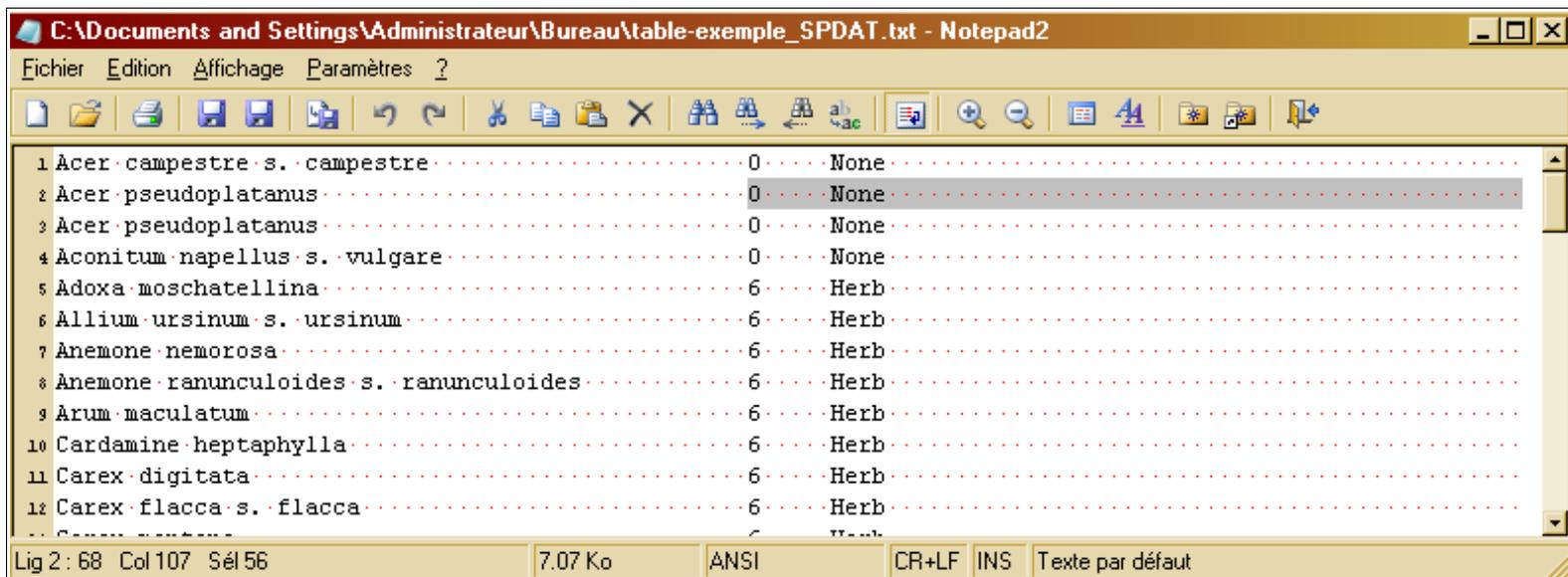
Le nom des espèces pour lesquelles vous voulez importer des valeurs doit être rédigé de manière exactement identique à celle utilisée dans votre table.

NB : il n'est pas nécessaire que toutes les espèces de votre table de travail de JUICE soit présentes dans ce fichier d'importation. Pour éviter toute erreur possible, procédez de la manière suivante :

Dans le menu : Species > Species Data sélectionnez Export Species Data. JUICE va ouvrir une fenêtre vous demandant de sauvegarder le fichier « **nom-de-votre-table_SPDAT.txt** ».

Cliquez sur Sauvegarder puis ouvrez ce fichier. Sa structure correspond exactement à celle qui nous est nécessaire à l'importation : deux « *colonnes fictives* » :

- 1) la première comprenant vos noms d'espèces
- 2) l'autre comprenant les dernières données avec lesquelles vous avez travaillé
(par défaut les indications de strate, prenant la valeur « 0 » et/ou « none » si celle-ci n'est pas renseignée).



Dans Notepad2, allez dans le menu Affichage et sélectionnez Afficher les caractères invisibles (Ctrl+MAJ+8). (**NB** : les espaces apparaissent alors sous la forme de points rouges.)

Sur la figure ci-dessus on distingue bien nos deux « colonnes fictives » : les caractères du début de la ligne jusqu'au dernier point rouge (espace) avant le chiffre forme la « première colonne », les caractères suivant forment la « seconde colonne ». (Sur cet exemple, la « deuxième colonne » est sélectionnée et s'affiche surlignée en gris. La « première colonne » correspond à l'ensemble des caractères insérés avant le début du champ surligné en gris.

Remplacez les valeurs de la « deuxième colonne » par les données que vous souhaitez importer. Vous êtes totalement libre de la quantité de texte à utiliser (pensez tout de même à rester concis afin de faciliter la manipulation et la lisibilité une fois les données importées dans JUICE). Vous pouvez utiliser des mots, des suites de mots ou des suites de caractères numériques ou alphanumériques de votre choix pour coder votre information.

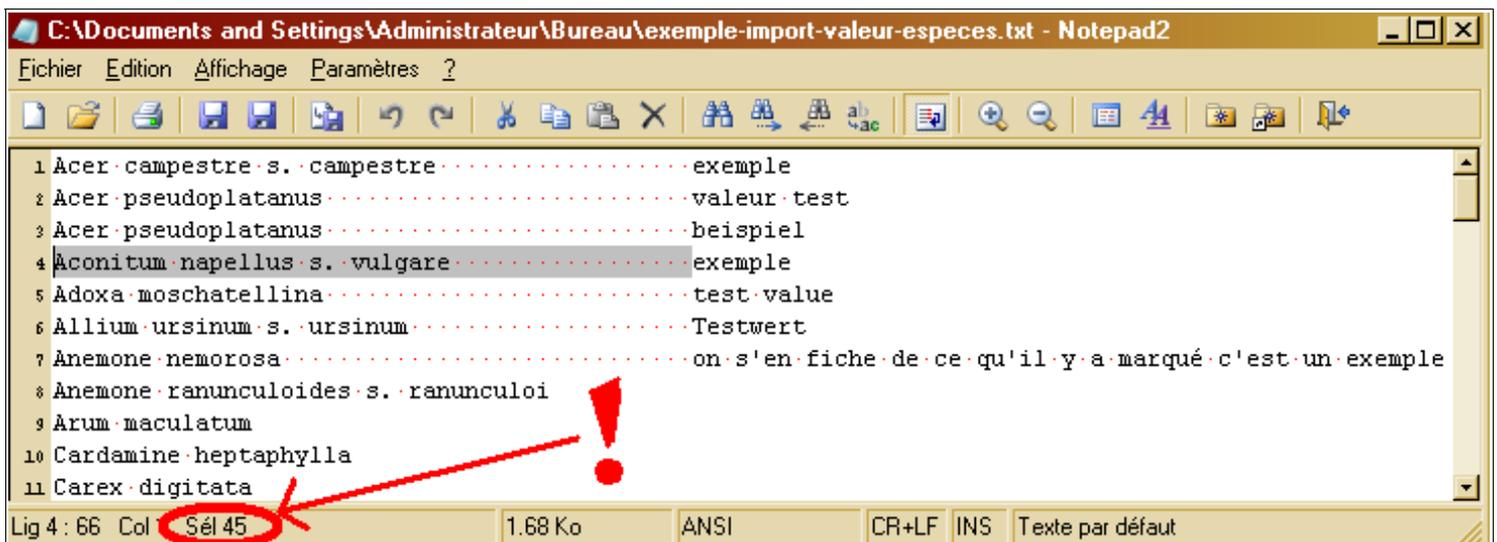
Chaque espèce ne pourra adopter lors de l'importation **qu'une seule valeur**, même si vous avez deux lignes pour la même espèce (i.e. : parce que vous aviez une espèce présente dans deux strates dans votre tableau).

La valeur adoptée sera celle indiquée sur la ligne la plus haut placée pour une espèce en doublon. La valeur indiquée sur un doublon situé plus bas dans la liste ne sera pas importée, mais remplacée par la valeur de la première occurrence de l'espèce. Vous pouvez soit supprimer la ligne de l'espèce soit laisser le champ vide (NB : ceci n'occasionnerait pas une redistribution des valeurs lors de l'import, cet import se faisant en respect de la correction du nom et non de la place de la ligne).

Par exemple, dans la figure de la page précédente, l'espèce « Acer pseudoplatanus » apparaît deux fois : en ligne 2 et en ligne 3. Deux valeurs différentes ont été inscrites pour cette espèce : c'est une erreur : lors de l'import, seule la valeur apparaissant en premier pour cette espèce sera importée. Dans notre cas il s'agira de la valeur « valeur test », la valeur « beispiel » sera ignorée. Lors de l'import, la ligne 3 correspondant à l'espèce « Acer pseudoplatanus » se verra attribuer la valeur « valeur test ». A la place de « beispiel » il aurait fallu laisser un champ vide ou bien écrire : « valeur test ».

Lors de la procédure d'import des données sous JUICE, il vous sera demandé où commence et où s'arrêtent vos deux colonnes (celle des noms d'espèces et celle des valeurs). Pour se faire, adoptez la méthode suivante :

- Surlignez le nom d'une espèce et tous les espaces que vous avez insérés à sa suite jusqu'au dernier espace précédent la colonne « valeur » inclus.



```
C:\Documents and Settings\Administrateur\Bureau\exemple-import-valeur-especes.txt - Notepad2
Fichier Edition Affichage Paramètres ?
1 Acer.campestre.s.campestre.....exemple
2 Acer.pseudoplatanus.....valeur.test
3 Acer.pseudoplatanus.....beispiel
4 Aconitum.napellus.s.vulgare.....exemple
5 Adoxa.moschatellina.....test.value
6 Allium.ursinum.s.ursinum.....Testwert
7 Anemone.nemorosa.....on.s'en.fiche.de.ce.qu'il.y.a.marqué.c'est.un.exemple
8 Anemone.ranunculoides.s.ranunculoi
9 Arum.maculatum
10 Cardamine.heptaphylla
11 Carex.digitata
Lig 4 : 66 Col Sél 45 1.68 Ko ANSI CR+LF INS Texte par défaut
```

Sur la figure précédente s'affiche en grisé la sélection que vous devez opérer. En bas de la fenêtre du logiciel Notepad2, tout à gauche vous trouvez plusieurs informations :

« **Lig xx : xx Col xx Sél xx** »

« **Lig xx** » correspond au numéro de la ligne sur laquelle vous vous trouvez, ou, à celui de la dernière ligne de votre sélection.

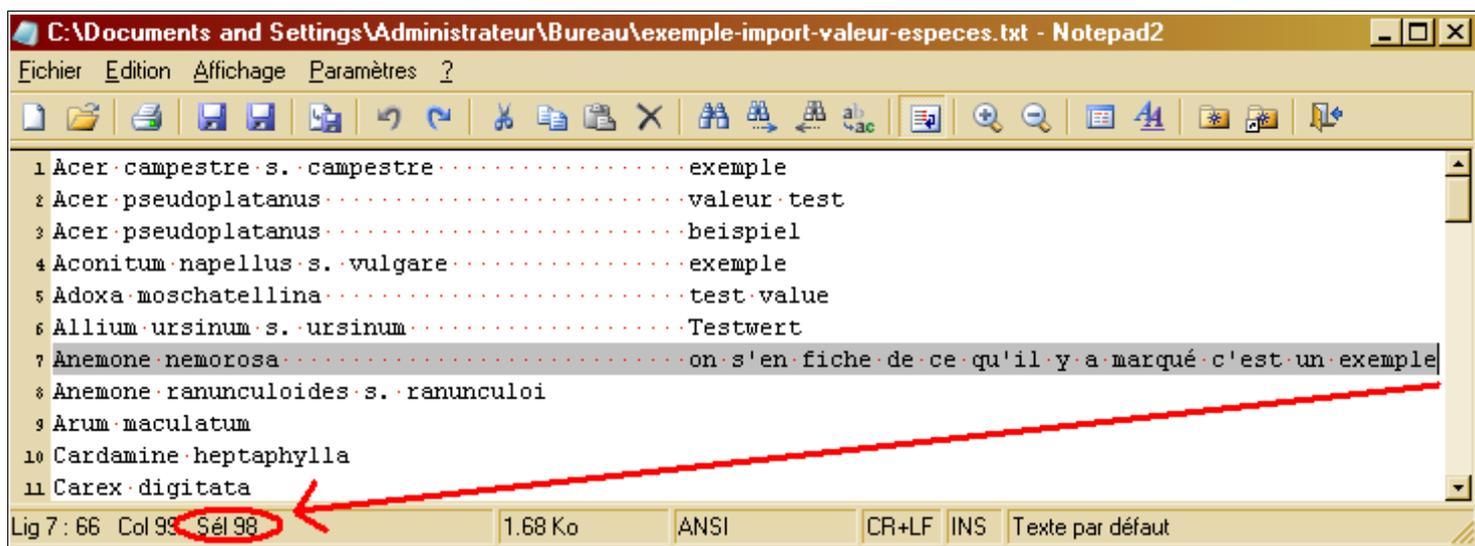
« **: xx** » correspond au nombre total de lignes dans votre document.

« **Col xx** » correspond au numéro de **la colonne devant laquelle** votre curseur est situé.

« **Sél xx** » correspond au nombre de caractères que vous avez sélectionné.

C'est ce dernier nombre qui nous intéresse : il correspond au dernier caractère de votre colonne « espèces ». Lors de la procédure d'import, vous devrez donc renseigner pour la colonne « espèce » : premier caractère = 1^{er}, dernier caractère = 45^e.

Sélectionnez ensuite **la totalité de la ligne la plus longue de votre fichier**, la valeur qui apparaît alors dans « **Sél xx** » correspond au dernier caractère de votre colonne « valeurs ». Dans notre exemple la colonne des valeurs commence donc au 46^e caractère et s'arrête au 98^e.



The screenshot shows a Notepad2 window with the following text:

```
1 Acer.campestre.s.campestre.....exemple
2 Acer.pseudoplatanus.....valeur test
3 Acer.pseudoplatanus.....beispiel
4 Aconitum.napellus.s.vulgare.....exemple
5 Adoxa.moschatellina.....test.value
6 Allium.ursinum.s.ursinum.....Testwert
7 Anemone.nemorosa.....on.s'en fiche.de.ce.qu'il.y.a.marqué.c'est.un.exemple
8 Anemone.ranunculoides.s.ranunculoi
9 Arum.maculatum
10 Cardamine.heptaphylla
11 Carex.digitata
```

The status bar at the bottom indicates: Lig 7: 66 Col 98 Sél 98. A red arrow points to the 'Sél 98' value.

On peut alors procéder à l'importation des données dans JUICE.

Pour rappel, on est en train d'apprendre à se servir du menu Species > Species Data > External Species Data donc allez cliquez dessus. La fenêtre JUICE suivante s'affiche :

C'est là que vous comprenez toute l'utilité de la démarche effectuée jusqu'à présent : dans le cadre « *Parameters for species selection* » entrez le premier et le dernier caractère de votre colonne « espèces », dans le cadre « *Species information* » entrez le premier et le dernier caractère de votre colonne « données » (comme indiqué page précédente).

A présent il reste à choisir :

D'utiliser ces valeurs pour effectuer un marquage de couleur dans votre tableau. Pour cela cochez la première option : Mark [couleur] species with

-----1-----2-	
Acer campestre s. campestre	exemple
Acer pseudoplatanus	valeur test
Acer pseudoplatanus	beispiel
Aconitum napellus s. vulgare	exemple
Adoxa moschatellina	test value
Allium ursinum s. ursinum	Testwert
Anemone nemorosa	on s'en fiche de ce qu'il y a marqué c'est un exemple
Anemone ranunculoides s. ranunculoi	
Arum maculatum	
Cardamine heptaphylla	
Carex digitata	
Carex flacca s. flacca	
Carex montana	
Carex sylvatica s. sylvatica	
Carpinus betulus	

Parameters for species selection**Species name**

Define range of species name.

First character: Last character:

Value: Acer campestre s. campestre

Species information

Define range of Species data information to be added into the table.

First character: Last character:

Value: exemple

 Mark species with the value with the colour

This option selects species by defined colour, if the value field will be the same as in the external file. The 'Species data' field will not be filled.

 Import data for species

The program will import selected species information for all species of the table found in opened external file. This information will appear in the 'Species data' field.

Cancel

Continue >>>

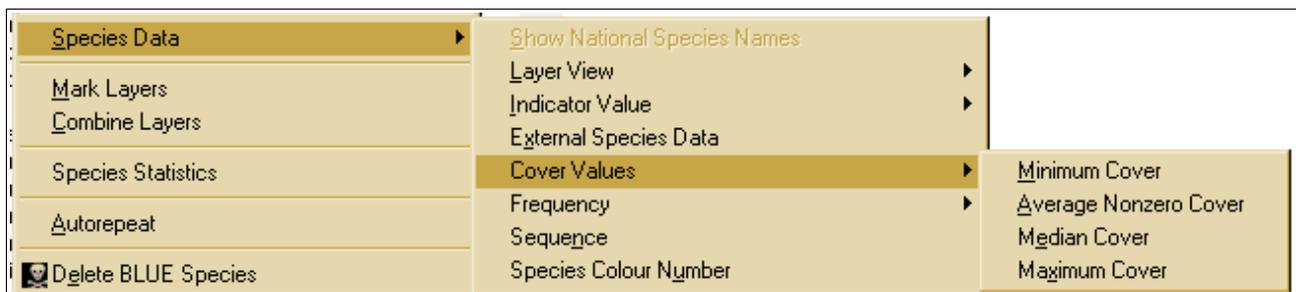
the value [valeur] with the colour [couleur] qui signifie : "marquer les espèces de couleur [couleur] avec la valeur [valeur] en [couleur]" ce qui aurait pour résultat dans notre exemple de marquer en bleu les espèces déjà marquées en rouge pour lesquelles la valeur serait vide. Et valider en cliquant sur le bouton Continue >>>

NB : la fenêtre ne disparaît pas mais si vous cliquez à présent sur le bouton Cancel vous verrez que votre marquage a été effectué.

Ou d'importer vos données pour toutes les espèces (all), ou seulement pour les espèces d'une couleur de votre choix. Pour cela cochez la seconde option : Import data for [couleur] species. Puis cliquez sur le bouton Continue >>>

III.C.4 « Cover Value » :

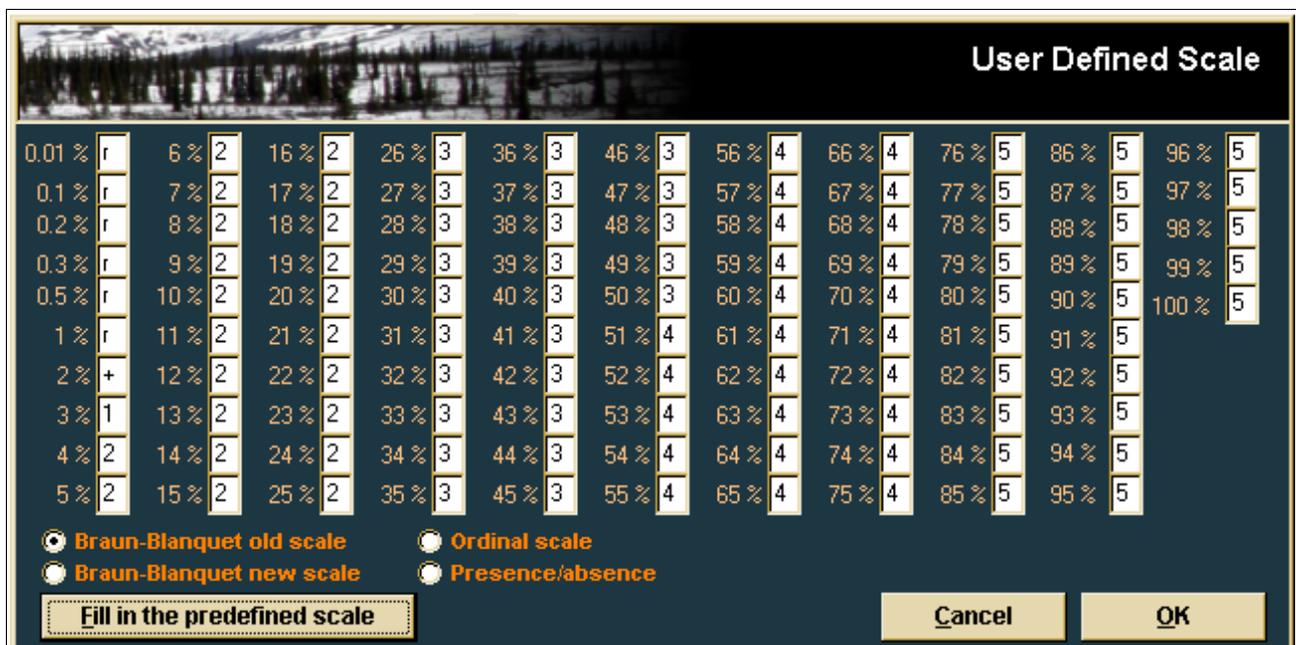
Permet d'afficher une valeur d'abondance/dominance (degré de recouvrement)



- **Minimum Cover** : afficher la plus petite valeur de recouvrement que possède l'espèce au sein de tous les relevés
- **Average Nonzero Cover** : fait la moyenne des valeurs non nulles (donc calcul la moyenne de recouvrement de la plante au sein des relevés où elle est présente - exclue les relevés où la plante est absente).
- **Median Cover** : affiche la valeur de recouvrement médiane
- **Maximum Cover** : affiche la valeur de recouvrement la plus grande

NB : les degrés de recouvrement affichés dans la zone « Données » sont indiqués en pourcentage et non dans le code que vous utilisez (comme par exemple l'échelle « Braun-Blanquet Old Scale Normal »). Si vous ne connaissez pas l'équivalence qui existe, vous pouvez l'obtenir simplement en allant dans : File > Options > Display Parameters > Current scale et en choisissant dans le menu déroulant : User Defined Scale puis en cliquant sur le bouton Modify.

La fenêtre suivante s'ouvre dans JUICE :



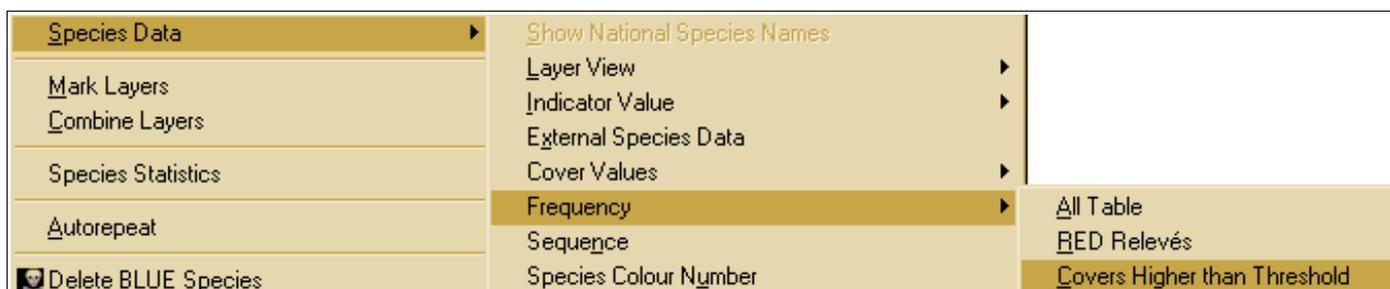
NB : à la première utilisation cette fenêtre affiche des cases vides - que vous pouvez choisir de remplir vous-même si vous travaillez avec une échelle

de recouvrement personnelle.

Cochez (par défaut) la case Braun-Blanquet old scale - c'est l'échelle la plus répandue - (ou tout autre échelle que vous utilisez) puis cliquez sur le bouton Fill in the predefined scale les indices de l'échelle choisie s'affichent alors en face des pourcentages qui leurs correspondent. Vous pouvez utiliser la fonction « **Impr écr** » (située sur une des touches de votre clavier, en général en haut à droite de celui-ci) puis ouvrir le logiciel « **Paint**^(R) » de Microsoft Windows^(R) ou tout autre logiciel de dessin et utiliser la fonction Edition > coller (**Ctrl+V**) pour obtenir une image de votre échelle de correspondance que vous pouvez alors sauvegarder et conserver durablement afin de l'utiliser à côté de JUICE. Ou bien vous servir tout simplement de celle qui figure ci-dessus.

III.C.5 « Frequency » :

Permet d'afficher dans la zone des données la fréquence absolue de l'espèce.



Soit dans toute la table (All Table), soit dans les relevés de la couleur active ([couleur] Relevés), soit la fréquence au sein des relevés pour lesquels la valeur de recouvrement est plus grande qu'une **limite** (« *threshold* ») définie (à définir dans le menu : File > Options, onglet Synoptic Tables, valeurs « *Cover threshold:* » basse (*lower*) et haute (*higher*)).

Options

General
Export
External Program Paths
Check List Import

Fidelity Measures
Synoptic Tables
Display Parameters
Separators

Combined synoptic tables

Select one of these combinations of frequency, fidelity and cover.

88
Frequency

r-2
Cover

67
Frequency

45.3
Fidelity

IV
Category

45.3
Fidelity

45.3
Fidelity

67
Freq.

88
Frequency

+
Median cover

67
Frequency

**
Fidelity

IV
Category

**
Fidelity

45.3
Fidelity

**
Freq.

Thresholds

Important fidelity or frequency values in synoptic tables are highlighted by selected background colour.

No. of decimal chars. for displayed		
...values of fidelity (0-3):	1	
...values of frequency (0-3):	0	
...values of cover (0-3):	1	

	Lower	Higher
Fidelity threshold:	100	100
<input checked="" type="checkbox"/> Display colours	Colour 	Colour
Frequency threshold:	100	100
<input checked="" type="checkbox"/> Display colours	Colour 	Colour
Cover threshold:	100	100
<input checked="" type="checkbox"/> Display colours	Colour 	Colour

OK

III.C.6 « Sequence » :

Attribue un numéro à chaque espèce de votre liste, de 1 à n dans l'ordre dans lequel se trouve votre liste au moment où vous utilisez cette fonction. Le principal usage de cette fonction est sans doute de pouvoir retrouver facilement un agencement spécifique. Une manière de « sauvegarder » l'information de la place des espèces les unes par rapport aux autres, avant d'apporter des modifications à cet agencement.

III.C.7 « Species Color Number » :

Attribue à chaque espèce le numéro de sa couleur (0 pour noir, 1 pour rouge, 2 pour bleu, etc. en suivant l'ordre des couleurs de la barre de tâches).

III.C.8 « Calculator » :

Permet de réaliser des opérations mathématiques simples sur une valeur numérique enregistrée dans la colonne « Données ».

III.C.9 « Constant Value for [couleur] Species » :

Permet d'attribuer une valeur constante aux espèces de la couleur active.

III.C.10 « Make Separators » :

Chaque fois que la valeur de la donnée d'une espèce n'est pas identique à celle de sa voisine du dessous, JUICE insère un séparateur entre ces deux espèces.

III.C.11 « Species Data Averages » :

Lorsque les valeurs dans la colonne des données sont sous forme numérique, ouvre une fenêtre qui donne la moyenne (*average*) ou la valeur minimale ou maximale.

III.C.12 « Export Species Data » :

Permet d'exporter la liste des espèces avec leurs valeurs correspondantes dans un fichier texte (*.txt).

III.C.13 « Species Group Table - ... » :

Permet d'afficher des tableaux récapitulatifs sur la répartition de groupes de végétaux au sein des relevés. Pour illustrer les quatre fonctions suivantes, on considérera les « groupes » suivant :

- groupe « *Acer campestre s. campestre* » comprenant 3 espèces : *Acer campestre* en strate arborescente, *Acer pseudoplatanus* en strate arbustive et *Acer pseudoplatanus* en strate arborescente.
- Groupe « *Aconitum napellus s. vulgare* » comprenant 3 espèces : *Aconitum napellus*, *Adoxa moschatellina* et *Allium ursinum* toutes trois en strate herbacée.
- Groupe « *Anemone nemerosa* » comprenant 3 espèces : *Anemone nemerosa*, *Anemone ranunculoides* et *Arum maculatum*, toutes trois en strate herbacée.

Cf. Tableau page suivante.

NB : La réalité de ces groupes ne nous intéresse pas, il s'agit de montrer le fonctionnement des fonctionnalités. La réalité des résultats n'est pas l'objet !

13.a « Species Group Table - FREQUENCY (%) » :

Affiche (en vertical) pour chaque relevé, la fréquence d'apparition d'espèces au sein de ce relevé (en pourcentage) :

Relevés 7	Species 67	1234567
GROUP		1
Acer campestre s. campestre	XXX	6303363
Total: 3		7303373
GROUP		1
Aconitum napellus s. vulgare	XXX	63 0
Total: 3		0073000
GROUP		11 1
Anemone nemorosa	XXX	6600306
Total: 3		7700307

Dans le groupe un, sur les trois espèces qui composent le groupe, seules deux apparaissent dans le relevé 1 : $2/3 = 67\%$. Une seule espèce apparaît dans le relevé 2 : $1/3 = 33\%$. Les trois espèces sont présentes dans le relevé 3 : $3/3 = 100\%$. etc.

NB : JUICE affiche également le nombre d'espèces présentes dans chaque groupe (Total: 3).

13.b « Species Group Table - FREQUENCY (cat. I-V) » :

Affiche le même résultat sous forme de catégories de I à V.

13.c « Species Group Table - COVER » :

Non testé

13.d « Species Group Table – SPECIES No. » :

Affiche le nombre d'espèce du groupe présentes dans chaque relevés.

Relevés 7	Species 67	1234567
GROUP		
Acer campestre s. campestre	XXX	
Total: 3		2131121
GROUP		
Aconitum napellus s. vulgare	XXX	
Total: 3		0021030
GROUP		
Anemone nemorosa	XXX	
Total: 3		2233132

III.C.14 « Clear All Species Data » :

Efface les valeurs de la colonne « Données » (zone **D**, en grisé dans la fenêtre principale). Celle-ci apparaît alors vide.

III.D Menu « Head » (Tête)

Ce menu permet de manipuler les données numériques et les informations relatives aux relevés de végétation et qui constituent les « *Header data* » (Données de tête). Deux catégories de « *Header data* » peuvent être distinguées :

- les « *Short Headers data* »

qui sont affichées dans la partie supérieure du tableau de relevés. Ce sont par exemple les numéros de relevés mais cela peut être aussi des informations telles que des valeurs calculées à partir des indices d'Ellenberg, sachant que le nombre de caractère est de 6 au maximum, lesquels sont distribués verticalement ;

- les « *Extended Headers data* »

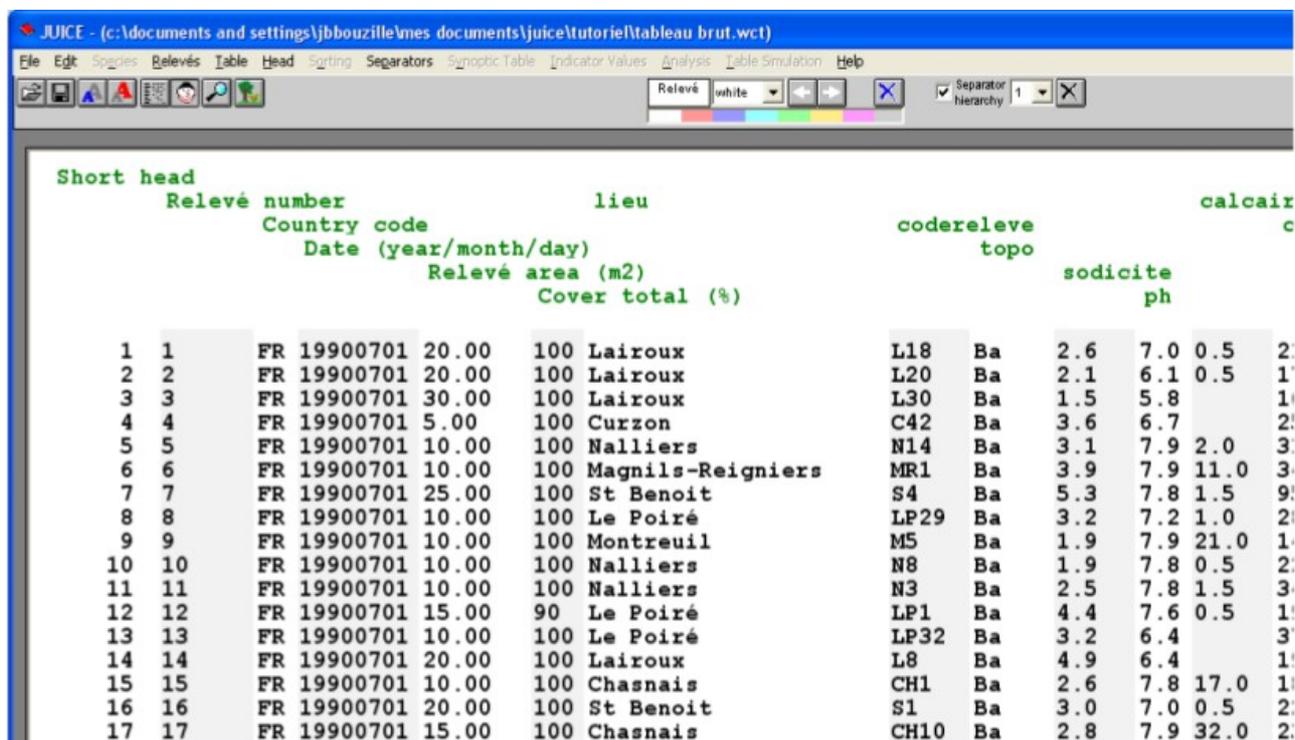
correspondent à l'ensemble des données et informations qui ont été importées dans JUICE mais qui ne sont pas affichées directement à l'écran. Cependant, en cliquant sur le bouton «tête de clown»  dans la barre d'outils, il est possible de visualiser l'ensemble des informations qui ont été réunies.

Outre la possibilité d'afficher en « *Short Headers* » différentes informations, ce menu propose plusieurs fonctions permettant de caractériser chaque relevé ou groupe de relevés en fonction des données disponibles.

III.D.1 « **Extended Head** » (Tête étendue)

Cette fonction permet d'afficher à l'écran l'ensemble des informations qui ont été réunies ; c'est l'équivalent du bouton « tête de clown » .

La figure suivante montre un exemple de « *Extended Head* » :



Short head		Relevé number	Country code	Date (year/month/day)	Relevé area (m2)	Cover total (%)	lieu	codereleve	topo	sodicite	ph	calcaire
1	1	FR	19900701	20.00	100	Lairoux	L18	Ba	2.6	7.0	0.5	2
2	2	FR	19900701	20.00	100	Lairoux	L20	Ba	2.1	6.1	0.5	1
3	3	FR	19900701	30.00	100	Lairoux	L30	Ba	1.5	5.8		1
4	4	FR	19900701	5.00	100	Curzon	C42	Ba	3.6	6.7		2
5	5	FR	19900701	10.00	100	Nalliers	N14	Ba	3.1	7.9	2.0	3
6	6	FR	19900701	10.00	100	Magnils-Reigniers	MR1	Ba	3.9	7.9	11.0	3
7	7	FR	19900701	25.00	100	St Benoit	S4	Ba	5.3	7.8	1.5	9
8	8	FR	19900701	10.00	100	Le Poiré	LP29	Ba	3.2	7.2	1.0	2
9	9	FR	19900701	10.00	100	Montreuil	M5	Ba	1.9	7.9	21.0	1
10	10	FR	19900701	10.00	100	Nalliers	N8	Ba	1.9	7.8	0.5	2
11	11	FR	19900701	10.00	100	Nalliers	N3	Ba	2.5	7.8	1.5	3
12	12	FR	19900701	15.00	90	Le Poiré	LP1	Ba	4.4	7.6	0.5	1
13	13	FR	19900701	10.00	100	Le Poiré	LP32	Ba	3.2	6.4		3
14	14	FR	19900701	20.00	100	Lairoux	L8	Ba	4.9	6.4		1
15	15	FR	19900701	10.00	100	Chasnais	CH1	Ba	2.6	7.8	17.0	1
16	16	FR	19900701	20.00	100	St Benoit	S1	Ba	3.0	7.0	0.5	2
17	17	FR	19900701	15.00	100	Chasnais	CH10	Ba	2.8	7.9	32.0	2

III.D.2 « **Initial Entry Number** »

Cette option affiche en « *Short Header* » la numérotation des relevés qui a été retenue lors de la première étape d'importation.

III.D.3 « **Original Number ('Relevé number')** »

Dans ce cas les « *Short Headers* » peuvent présenter des numéros particuliers qui auraient été affectés aux relevés par l'utilisateur. Si tel n'est pas le cas, « *Initial Entry Number* » et « *Original Number ('Relevé number')* » correspondent aux mêmes numéros. Quand les données ont été importées à partir de TURBOVEG, ce sont les numéros retenus dans cette base de données qui s'affichent sous cette option.

III.D.4 « **Group Number** »

Cette option numérote des groupes de relevés dans la mesure où le tableau est partitionné par des séparateurs.

III.D.5 « Ordinal Number (in Current table) »

Si les relevés et donc leurs numéros ont été redistribués par une opération de classification (p.e. : Twinspan), en sélectionnant cette fonction, JUICE numérote les relevés du tableau dans un ordre croissant sans modifier la position des relevés. Cette fonction est par exemple utile pour rappeler le nombre de relevés qui composent le tableau.

III.D.6 « Store Values to Short Headers »

En cliquant sur cette fonction, plusieurs paramètres sont proposés à l'affichage en « *Short Headers* ».

- **Number of <Colour> Species** permet d'afficher en « *Short Headers* » le nombre d'espèces de la couleur sélectionnée pour chaque relevé. Cela peut être utile pour comptabiliser une catégorie d'espèces (par exemple un types biologique ou un type écologique) au sein des relevés ;
- **Percentage Number of <Colour> Species** donne les mêmes informations que la proposition précédente mais en terme de fréquences relatives ;
- **Percentage Cover of <Colour> Species** correspond aussi au même type d'information mais en prenant en compte les pourcentages de recouvrement des espèces ;
- **Header data.** En cliquant sur cette option, une nouvelle fenêtre apparaît (cf figure suivante) qui liste tous les paramètres retenus dans « *Extended Head* ».

Move Header Field to Short Headers

Select header field:

- Table number
- Relevé number
- Country code
- Date (year/month/day)
- Relevé area (m2)
- Cover total (%)
- lieu
- codereleve
- topo
- sodicite
- ph
- calcaire

Length 21 characters from 1 position

Continue >>>

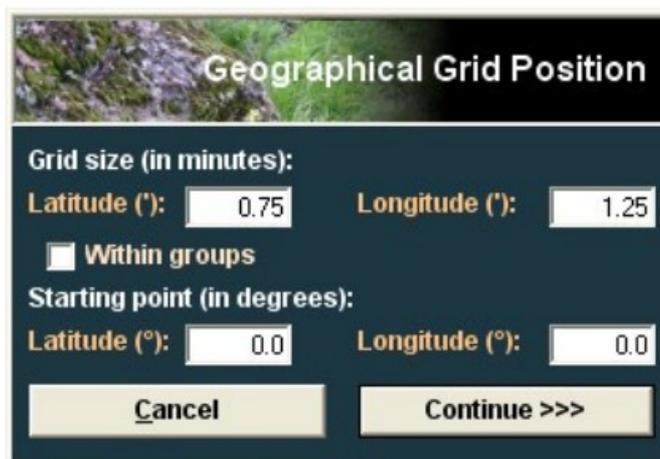
Cancel

En sélectionnant l'un de ces paramètres, le nombre de caractères est affiché dans la case « *Length* », mais compte tenu qu'il apparaîtra en « *Short Headers* » seuls les 6 premiers caractères seront retenus. On peut néanmoins préciser dans « *Length* » le nombre de caractère désiré si celui-ci est inférieur à 6. La deuxième case sert à spécifier si l'on souhaite que l'affichage ne commence pas au premier caractère mais à partir d'un caractère donné.

- « **Diversity Indices** » offre la possibilité d'afficher en « *Short headers* » soit l'indice de Shannon-Wiener, soit l'indice de Simpson.
- **Evenness** exprime l'équitabilité selon la formule de Pielou (calculée à partir de l'indice de Shannon-Wiener) ou de celle de Smith-Wilson.
- **Geographical Grid Position**

Cette fonction nécessite de disposer des coordonnées géographiques des relevés. Elle permet d'afficher en « *Short Headers* » un index indiquant quels sont les relevés qui sont localisés dans une même grille géographique virtuelle. Autrement dit, les relevés pour lesquels le même index est affecté se trouvent dans la même grille. Il s'agit donc d'une information concernant la densité d'échantillonnage des relevés. Le cas échéant l'échantillonnage peut être modifié *via* la fonction « Resampling » intégrée dans le menu « Head » (voir plus loin).

En cliquant sur la fonction, la fenêtre suivante apparaît à l'écran :



Elle permet de modifier (si nécessaire) la taille de la grille en agissant sur les valeurs de latitude et de longitude, de conduire l'analyse en prenant en compte les groupes de relevés (cocher alors « Within groups ») si une classification a été effectuée, de préciser éventuellement la zone géographique pour laquelle la recherche est réalisée.

- **Distance from Selected Relevé** constitue une fonction très intéressante car elle permet de déterminer dans un ordre décroissant les relevés les plus proches d'un relevé qui a été au préalable sélectionné (en cliquant sur celui-ci). Deux possibilités sont offertes :

+ Euclidean Distance

La distance euclidienne permet en effet de mesurer la similarité entre deux relevés ; plus la distance est faible et plus les relevés sont proches sur le plan de la composition floristique et ce, dans ce cas, en tenant compte du recouvrement des espèces (sauf si dans « Data transformation » a été coché « Presence/Absence » ce qui n'est pas judicieux puisque la distance euclidienne peut prendre en compte le « poids des espèces » c'est-à-dire leur recouvrement).

+ Bray-Curtis (Sorensen) Distance

La distance de Bray-Curtis est une version sous forme de distance de l'indice de similarité de Sorensen.

Après avoir cliqué par exemple sur l'option « Euclidean Distance » s'ouvre la fenêtre suivante :

Euclidean Distance from Selected Relevé

Selected relevé: 24 Turboveg No.: 24
Short head value: 24

Data transformation

None
 Square root
 Presence/Absence

Click on some releve at the table.

Save ED into short headers
Close

EucDist	RelID	TurbID	GroupNo	Shhead
0.133	5	5	2	5
0.136	17	17	2	17
0.178	4	4	2	4
0.186	15	15	2	15
0.195	26	26	2	26
0.199	9	9	2	9
0.201	25	25	2	25
0.210	13	13	2	13
0.220	7	7	2	7
0.226	18	18	2	18
0.237	12	12	2	12
0.253	8	8	2	8

Calculate ED and find the most similar relevés

Values were saved into the clipboard.

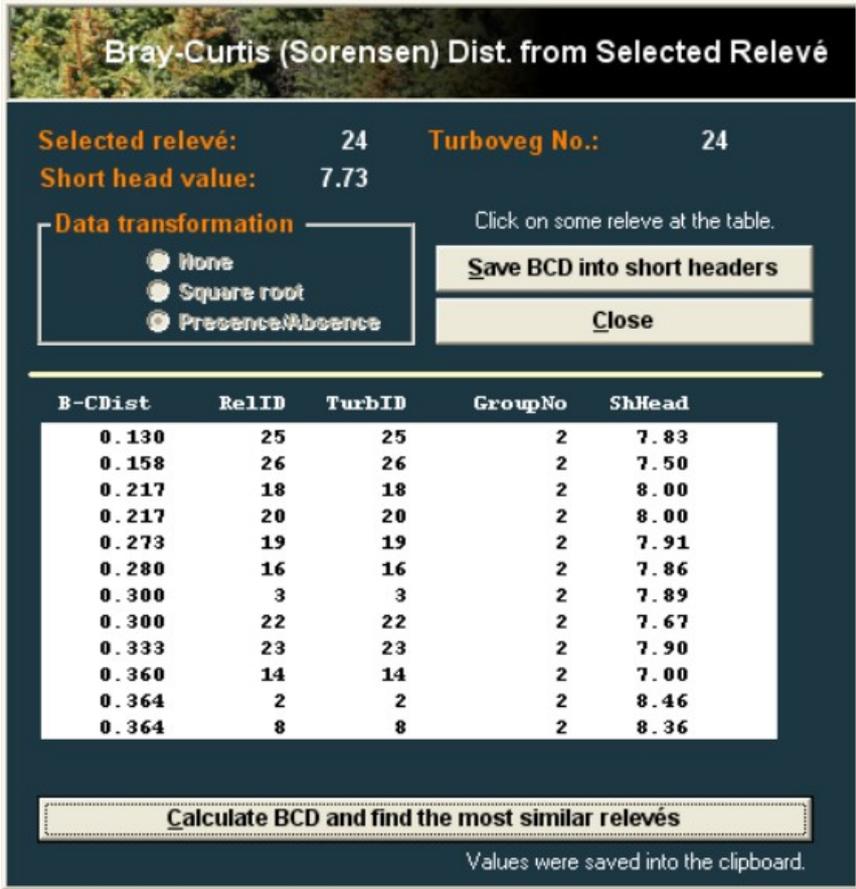
- **Selected relevé** est le relevé sur lequel l'utilisateur a cliqué.
- **TURBOVEG No.** est le numéro du relevé dans la base de données TURBOVEG.
- **Short head value** est le numéro du relevé qui figure en « *Short Headers* » (ici le même que celui de TURBOVEG).
- **Data transformation** : les recouvrements des espèces peuvent être transformés en racines carrés ou en données binaires présence/absence.
- **Save ED (Euclidean Distance) into short headers** permet d'afficher les résultats en « *Short Headers* » (ce qui est logique puisque la fonction

générale de travail est « *Store Values to Short Headers* »).

- **Calculate ED and find the most similar relevés** est le bouton sur lequel il faut cliquer pour que les résultats apparaissent dans la fenêtre.

La première colonne indique la valeur de la distance euclidienne, la deuxième le numéro du relevé correspondant à cette valeur, la troisième le numéro de relevé TURBOVEG, la quatrième correspond au numéro de groupe de relevés (dans l'exemple, le tableau a été auparavant soumis à une analyse Twinspan), la cinquième colonne rappelle la donnée affichée en « *Short Headers* », ici en l'occurrence le numéro de relevé.

À noter que des recoupements peuvent être effectués en affichant en « *Short Headers* » une information extraite des « *Extended Headers data* » (cf « *Store Values to Short Headers* » suivi par « *Header Data* »). Par exemple, si on considère le facteur hygrophilie du milieu (calculé auparavant à partir des indices d'Ellenberg pour chaque relevé) et si on calcule cette fois les distances en choisissant la distance Bray-Curtis, la fenêtre fournira les résultats suivants :



Bray-Curtis (Sorensen) Dist. from Selected Relevé

Selected relevé: 24 Turboveg No.: 24
Short head value: 7.73

Data transformation

None
 Square root
 Presence/Absence

Click on some releve at the table.

Save BCD into short headers

Close

B-CDist	ReID	TurbID	GroupNo	ShHead
0.130	25	25	2	7.83
0.158	26	26	2	7.50
0.217	18	18	2	8.00
0.217	20	20	2	8.00
0.273	19	19	2	7.91
0.280	16	16	2	7.86
0.300	3	3	2	7.89
0.300	22	22	2	7.67
0.333	23	23	2	7.90
0.360	14	14	2	7.00
0.364	2	2	2	8.46
0.364	8	8	2	8.36

Calculate BCD and find the most similar relevés

Values were saved into the clipboard.

On constate que les relevés les plus proches correspondent bien à des valeurs élevées d'hygrophilie (dernière colonne *ShHead*) et qu'ils appartiennent tous au même groupe de relevés (2). Par ailleurs, « *Data transformation* » est « muet » car l'indice est calculé à partir de données binaires en présence/absence.

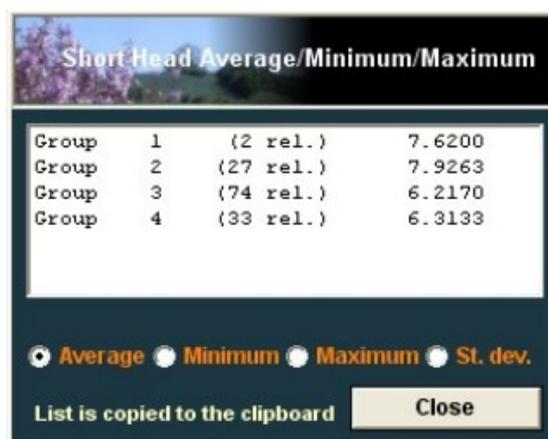
III.D.7 « Short Header Selection ».

Cette fonction permet de sélectionner (par une couleur) les relevés dont les « *Short Headers* » sont inférieures, égales ou supérieures à une valeur donnée quand on coche Numerically. Si les « *Short Headers* » sont composées de caractères il faut cocher Aphabetically.



III.D.8 « Short Header Averages ».

On peut par cette fonction connaître la valeur moyenne d'un paramètre affiché en « *Short Headers* » pour chaque groupe de relevés issu d'une classification.

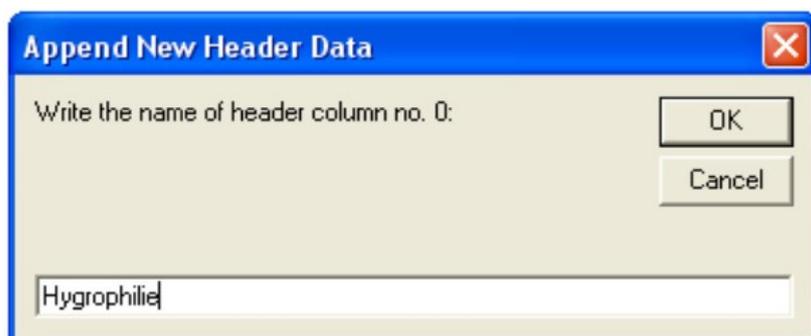


Group		(rel.)	
Group 1	1	(2 rel.)	7.6200
Group 2	2	(27 rel.)	7.9263
Group 3	3	(74 rel.)	6.2170
Group 4	4	(33 rel.)	6.3133

Il est également possible d'afficher la valeur minimum, maximum et la déviation standard pour chaque groupe.

III.D.9 « Add Short Headers to Header Data ».

Par cette fonction, il est possible de sauvegarder des données nouvelles affichées en « *Short Headers* » dans l'ensemble des données constituant les « *Extended Headers data* ». Par exemple, sachant que la fonction Calculations for Relevés du menu Indicator Values permet de connaître et d'afficher les valeurs moyennes des indices d'Ellenberg pour chaque relevé, il est possible avec Add Short Headers to Header Data de rentrer ces valeurs dans «*Header Data*» après avoir, comme le montre la figure suivante, précisé le nom sous lequel elles seront recensées.



III.D.10 « Header Data Histogram »

Permet de connaître de nombre de relevés pour chacune des valeurs du paramètre qui est choisi dans la fenêtre qui s'ouvre quand on clique sur cette fonction.

III.D.11 « Relevé Colour According to the Head »

Cette fonction permet de repérer des relevés à l'aide d'une couleur : dans la fenêtre : 1st Step Select colour en sélectionnant le paramètre qui correspond à l'affichage en « Short Headers » (2nd Step) et en indiquant (3rd Step) la valeur du paramètre ou les caractères d'un paramètre s'il s'agit d'une donnée non-numérique (dans ce dernier cas, utiliser des apostrophes pour encadrer la chaîne de caractères).

Relevé Colour According to Header Data

1st Step **Select colour:** white ▼

2nd Step
Select header field:

Table number
Relevé number
Indice de Shannon
Equitabilité
Salinité
Hygrophilie
pH
Nutriements

3rd Step
Write the value (* stands for character string):

Function LIKE **Function InStr**

Total number of selected relevés: 0

III.D.12 « Resampling »

Cette fonction de ré-échantillonnage peut être très intéressante et pertinente dans le cadre de comparaisons entre des groupes de relevés composés d'un nombre différent de relevés, de surcroît si des tests statistiques sont effectués.

Trois possibilités sont proposées par JUICE.

12.a Random Resampling

Avec cette fonction, il est par exemple possible de sélectionner le même nombre de relevés dans chacun des groupes. La fenêtre qui s'ouvre dans le cadre de cette fonction (figure suivante) offre deux manières de procéder :

Random Relevé Selection

Select relevés with manual switches

Separator group: 2 Total 4

No. of selected relevés: 10 Total 27

Select colour: <Click>

Select relevés automatically

- Random selection across groups
- Equal number randomly from each group
- Equal number from first relevé of each group
- Equal number from last relevé of each group

Number of sel. relevés in the whole table: 1

Max. number of sel. relevés in each relevé group: 1

Cancel Select

+ « **manuellement** » en cochant en haut de la fenêtre qui est apparue Select relevés with manual switches. Il faut ensuite conduire l'opération groupe après groupe en agissant sur le bouton Separator group et en précisant avec le bouton No. of selected relevés le nombre de relevés que l'on désire sélectionner. Le bouton <Click> permet de choisir la couleur des relevés qui seront sélectionnés.

+ « **automatiquement** » en cochant la deuxième possibilité. Plusieurs solutions sont proposées, dans l'ordre :

1. Sélection aléatoire de relevés sans prendre en compte les groupes, le nombre de relevés étant déterminé en cochant en bas Number of sel. Relevés in the whole table et en précisant le nombre ;

2. Sélection aléatoire d'un nombre égal de relevés au sein de chaque groupe, le nombre étant précisé cette fois en cochant en bas Max number of sel. Relevés in each relevé group ;
3. Sélection d'un nombre identique de relevés au sein de chaque groupe en partant du premier relevé des groupes ;
4. Sélection d'un nombre identique de relevés au sein de chaque groupe en partant du dernier relevé des groupes ;

Il faut bien sûr terminer en cliquant sur Select pour que l'opération soit effectuée.

12.b Geographical Stratification

Comme pour la fonction Geographical Grid Position du sous-menu Store Values to Short Headers, cette fonction nécessite de disposer des coordonnées géographiques des relevés.

Il s'agit dans ce cas de procéder à un ré-échantillonnage des relevés sur le plan géographique. Cette fonction est très utile dans le cadre des classifications en permettant de conduire des analyses à partir d'un échantillonnage mieux stratifié lorsque le territoire considéré présente des secteurs sur-échantillonnés. Cela permet d'éviter des pseudorépliques et d'améliorer la représentativité des données.

En cliquant sur cette fonction, la fenêtre suivante apparaît à l'écran :

Stratified Resampling

Parameters:

Colour for relevés to be removed: red

No. of relevés to be retained in each stratum: 5

Geographical grid spacing:

Latitude ('): 0.20 Longitude ('): 0.70

Save geogr. grid code to short headers

Within groups defined by separators

Geographical Grid Spacing Test

Preferably retain relevés with (hierarchy):

- Moses identified (y/n)
- Area > 0
- Bias_min < 11.5
- Cover_trees > -1
- Cover_shrubs > -1
- Cover_herbs > -1
- Cover_moses > -1
- Slope > -1
- Year: maximum
- Do not resample relevé groups with less than 9 relevés

The function selects relevés with similar geographical position and identical syntaxon code.

Close **Continue >>>**

Dans « *Parameters* » on peut choisir la couleur des relevés qui seront éliminés lors du ré-échantillonnage et le nombre de relevés que l'on désire conserver dans chacune des grilles géographiques.

La taille des celles-ci est définie à partir de « *Geographical grid spacing* » selon les mêmes principes que la fonction Geographical Grid Position du sous-menu Store Values to Short Headers. En cochant Save geogr.grid code to short headers pourront être affichés en « *Short Headers* » les mêmes index que ceux obtenus à partir de « *Geographical Grid Position* ». Le cas échéant, le ré-échantillonnage peut tenir compte d'une classification préalable en cochant Within groups defined by separators. Le bouton Geographical Grid Spacing Test permet l'affichage des index en « *Short Headers* ».

Sont aussi proposés un certain nombre de critères (Mousses identifiées, Aire > 0, etc.) pouvant être pris en compte lors du ré-échantillonnage. En l'absence d'informations à ce sujet il convient de décocher chacune des cases.

Le ré-échantillonnage est effectué en cliquant sur Continue >>> et les relevés à éliminer apparaissent dans le tableau selon la couleur qui a été initialement choisie. Il suffit ensuite des les éliminer avec la fonction Delete <Colour> Relevés du menu Relevés.

12.c **Constrained Resampling** (Ré-échantillonnage sous contrainte)

Cliquer sur cette fonction ouvre la fenêtre suivante

Constrained Resampling

No. of relevés in one group		No. of relevés in one group	
No. of relevés:	136	Minimum:	2
No. of groups:	4	Mean:	34.0
No. of 'small' groups:	1	Maximum:	74

Relevé colour of rasampled relevés

red

Data transformation

$b = (X_{i,j})^p$ $p =$

 $p = 0.0$ Presence/Absence Data
 $p = 0.5$ Square Root Transformation
 $p = 1.0$ No Transformation

Resampling parameters

No. of relevés to be selected from each stratum:

Group size under which no selection is allowed:

Number of trials:

Distance measures

Euclidean
 Bray-Curtis (Sørensen)

Help Cancel Calculate

Le ré-échantillonnage est effectué dans ce cas en le contraignant non plus d'un point de vue géographique mais en prenant en compte les distances entre les relevés comme il est indiqué au bas de la fenêtre (*Euclidean* ou *Bray-Curtis* déjà rencontrées dans la fonction Distance from Selected Relevé du sous-menu Store Values to Short Headers).

La fenêtre rappelle un certain nombre d'informations relatives au tableau de relevés et permet de choisir une couleur (« *Relevé colour of resampled relevés* ») pour le repérage des relevés qui seront retenus dans le cadre de cette opération de ré-échantillonnage. Comme toujours quand il s'agit de distances, les données peuvent être transformées (en présence/Absence et il faut alors indiquer 0.0 pour \sqrt{p} , en racines-carrées avec $p = 0.5$) ou non transformées ($p = 1.0$) ou encore être exprimées en log.

Dans la partie « *Resampling parameters* » il convient d'indiquer le nombre de relevés que l'on désire retenir dans chaque groupe : No. of relevés to be selected from each stratum ; la taille du groupe (Groupe size ...) pour laquelle on ne veut pas de sélection de relevés (donc tous les relevés seront colorés par la couleur initialement choisie) ; le nombre d'essais (Number of trials) effectués au cours de cette opération de ré-échantillonnage. En effet, JUICE va chercher à maximiser les distances entre les relevés à sélectionner.

III.D.13 « Delete Extended Head »

Cette fonction permet d'effacer les données de « *Extended Headers data* » et est donc à utiliser avec prudence car cela efface toutes les données !

III.E Menu : « Indicator Values > Initiation »

Le menu « Indicator Values », permet d'utiliser dans JUICE les valeurs indicatrices des végétaux, telles que décrite par Heinz Ellenberg.

Ces valeurs sont au nombre de six :

- L : lumière (Lichtzahl)
- T : température (Temperaturezahl)
- K : continentalité (Kontinentalitätzahl)
- F : humidité (Feuchtezahl)
- R : acidité (Reaktionzahl) *Il ne s'agit pas d'une valeur de pH !*
- N : nutriments (Nährstoffzahl)

NB : La salinité n'est pas paramétrable sous JUICE en tant que valeur indicatrice. Cependant, vous pouvez très facilement l'importer en tant que valeurs attribuée aux espèces dans la zone de données.
Voir chapitre « [External Species Data](#) ».

Pour utiliser les valeurs d'Ellenberg, celles-ci doivent être initialisées. Pour cela, aller dans le menu Indicator Values > Initiation une fenêtre JUICE va s'ouvrir. Cliquez sur le bouton Initiation of indicator values. JUICE demande où se trouve le fichier texte (*.txt) dans lequel sont enregistrées les valeurs d'Ellenberg. Lui indiquer le chemin vers celui-ci et laisser le logiciel charger les valeurs.

Un fichier tout prêt, au format text (*.txt), contenant les valeurs indicatrices d'Ellenberg est mis à disposition à l'adresse suivante :

Document : **Ellenberg indicator values (EIV) : ELLENB.txt**

<http://www.wuala.com/Floppyboy/phytosocio/ELLENB.TXT>

(Source : Georg-August Universität Göttingen, Albrecht-von-Haller-Institut für Pflanzenwissenschaften)

Au besoin, vous pouvez également vous reporter à la base de données maintenue par l'association TELA-BOTANICA et Philippe JULVE à l'adresse Internet suivante:

Document : **Baseflor**

http://www.tela-botanica.org/page:liste_projets?id_projet=18

« Baseflor » contient non seulement les valeurs indicatrices d'Ellenberg mais également les valeurs de « valence écologique » développées par Ph. JULVE.

III.F Menu « Synoptic Table »

Les tableaux synoptiques proposent une présentation synthétique des résultats issus d'une classification des relevés. Ils permettent aussi de vérifier la cohérence des divisions d'une classification, de définir différentes catégories d'espèces (diagnostiques, constantes et dominantes) et d'exprimer quelques informations plus générales.

REMARQUE : il est évidemment nécessaire de disposer au préalable d'un tableau issu d'une classification avec des séparateurs (par exemple un tableau résultant d'une analyse opérée par *twinspan*).

III.F.1 Le concept de « fidélité »

Différentes présentations sont proposées dans le menu, il suffit de cliquer sur la modalité souhaitée. L'une de ces modalités, **la fidélité**, est importante à prendre en compte.

C'est un concept central en phytosociologie, un objectif majeur de cette discipline consistant à définir des combinaisons caractéristiques et originales d'espèces végétales (c'est-à-dire des unités de végétation comme les associations végétales) composant la végétation. Il est par conséquent essentiel d'évaluer l'appartenance plus ou moins forte des espèces à une unité de végétation dans le cadre de la caractérisation de ces unités. La fidélité répond à ce souci et peut être définie comme une mesure de la concentration d'une espèce dans une unité de végétation. Dans la mesure où une espèce est particulièrement fidèle à une unité elle est qualifiée d'**espèce diagnostique** (ou caractéristique) de cette unité. Les mesures de fidélité permettent aussi de comparer les valeurs diagnostiques entre espèces dans une unité de végétation particulière ou entre unités de végétation pour une espèce particulière.

Voir également le chapitre [sur les valeurs seuils](#) pour le paramétrage de la fidélité ou les documents PDF suivant (accessible en ligne) pour plus d'information sur ce concept :

« *The concept of fidelity* » dans la version 2006 du manuel officiel :
http://www.sci.muni.cz/botany/juice/JUICEman_all.pdf (page 45, - pdf p. 50)

« *Determination of diagnostic species with statistical fidelity measures* »
Chytrý, Tichý, Holt & Botta-Dukát (2002) in J.Veg.Sci 13, pp : 79-90
<http://www.sci.muni.cz/botany/juice/JVS2002.pdf>

III.F.2 Les valeurs seuils (threshold values)

Avant de procéder à l'affichage d'un tableau synoptique, il est nécessaire de préciser un certain nombre de paramètres concernant notamment leurs valeurs seuils (« *threshold values* »).

Pour cela, en ce qui concerne **la fidélité**, il faut d'abord vérifier quelques paramètres en suivant : Options dans le menu File, puis cliquer sur l'onglet Fidelity Measures. Plusieurs informations sont fournies ou demandées.

Dans « *Type of Fidelity Measure* » apparaît « phi coefficient » ; il s'agit du coefficient proposé et conseillé par CHYTRY et al. (2002) pour mesurer la fidélité sachant que d'autres modes de calcul peuvent être retenus comme l'affiche le sous-menu déroulant.

Dans le cadre « *Standardisation of Releve Group Size* », plusieurs possibilités sont offertes. En effet, les mesures de fidélité sont dépendantes de la taille relative des groupes de relevés. Il est donc conseillé de conserver ce qui est proposé par défaut (« *C. The size of All groups is standardised..* »).

Enfin, il est possible d'ajouter un test statistique en cochant « *Calculate Fisher's exact test...* » et une valeur $P < \dots$ correspondant au seuil de probabilité que l'on désire retenir pour les valeurs de fidélités. Ce test permet d'éliminer comme espèces diagnostiques celles qui ne diffèrent pas (pour une valeur seuil de fidélité, voir ci-après), au seuil de signification statistique retenu, d'une distribution aléatoire dans l'ensemble des groupes de relevés considérés (hypothèse nulle).

Pour **fixer les valeurs seuils** des différents paramètres, il faut aller dans le menu File > Options > Synoptic Tables (on peut ouvrir aussi la même fenêtre à partir du menu Synoptic Table > Threshold Values).

Dans « *Thresholds* » à droite sont affichés les différents paramètres :

- **Fidelity** : 2 valeurs sont proposées, basse (« *Lower* ») et haute (« *Higher* ») permettant de définir des espèces diagnostiques et hautement diagnostiques. Des exemples de valeurs seuils souvent retenues sont respectivement **25** et **50** ; il suffit de préciser ces nombres en cliquant sur les chiffres indiqués par défaut et en les modifiant. Il est également possible de choisir des couleurs (cocher Display colours) pour surligner les valeurs de fidélité correspondantes aux seuils dans le tableau synoptique ; en cliquant sur Colour la fenêtre qui apparaît permet d'effectuer le choix souhaité ;

- **Frequency** : les principes sont les mêmes que pour la fidélité ; **40%** et **80%** sont des valeurs fréquemment retenues. Ce paramètre est ensuite utilisé pour définir les espèces constantes dans un groupe de relevés ;

- **Cover** : idem avec des valeurs de **25%** et **50%**. Ce paramètre permet de désigner les **espèces dominantes**.

REMARQUE : Les indications fournies sous le titre « *Thresholds* » ne sont pas à modifier sauf si l'on désire un nombre de décimales supérieures à ce qui est indiqué par défaut.

« *Combined synoptic tables* » indiqué dans la même fenêtre permet, quand on clique sur la même expression dans le menu Synoptic Table, d'afficher simultanément 2 paramètres selon la présentation désirée et obtenue en cochant le petit cercle correspondant.

Ci-dessous un exemple de tableau synoptique concernant la fidélité après avoir procédé au tri des espèces (Sort Species in Synoptic Table dans le menu Synoptic Table).

Percentage synoptic table with fidelity {Phi coeff. C } (4 columns)

	2	27	74	33
Number of relevés:	2	27	74	33
Relevés 136				
Species 50	1	2	3	4
Carex cuprina	0	91.0	---	---
Trifolium michelianum	0	84.7	---	---
Juncus articulatus s. articulatus	0	81.6	---	---
Galium debile	0	81.6	---	---
Eleocharis palustris s. palustris	0	---	97.5	---
Ranunculus repens	0	---	90.1	---
Alopecurus geniculatus	0	---	82.6	---
Ranunculus flammula s. flammula	0	---	64.1	---
Glyceria fluitans	0	---	59.7	---
Galium palustre s. palustre	0	---	52.8	---
Mentha pulegium s. pulegium	0	---	47.3	---
Polygonum amphibium	0	---	45.6	---
Oenanthe fistulosa s. fistulosa	0	---	44.6	---
Rorippa amphibia	0	---	42.0	---
Trifolium fragiferum	0	---	40.1	---
Rumex crispus s. crispus	0	---	40.0	---
Potentilla anserina s. anserina	0	---	34.0	---
Cerastium dubium	0	---	34.0	---
Senecio aquaticus	0	---	31.1	---
Baldellia ranunculoides s. ranunculoid	0	---	29.3	---
Agrostis stolonifera	0	---	25.7	---
Cynosurus cristatus	0	---	---	64.5
Lolium perenne	0	---	---	63.7
Alopecurus bulbosus	0	---	---	52.0
Hordeum secalinum	0	---	---	48.0
Gaudinia fragilis	0	---	---	45.4
Oenanthe silaifolia	0	---	---	44.6
Elytrigia repens s. repens	0	---	---	33.6
Trifolium maritimum s. maritimum	0	---	---	31.9
Leontodon autumnalis s. autumnalis	0	---	---	31.5
Ormenis nobilis	0	---	---	29.0
Poa trivialis s. trivialis	0	---	---	28.2
Carex divisa s. divisa	0	---	---	27.7
Bellis perennis	0	---	---	26.8
Lotus species	0	---	---	26.2
Parapholis strigosa	0	---	---	93.0
Hordeum marinum s. marinum	0	---	---	73.2
Plantago coronopus s. coronopus	0	---	---	60.7
Bupleurum tenuissimum s. tenuissimum	0	---	---	54.8
Juncus gerardi s. gerardi	0	---	---	43.4
Spergularia media s. media	0	---	---	34.4
Trifolium resupinatum	0	---	---	34.3
Puccinellia maritima	0	---	---	26.4
Bromus commutatus s. commutatus	0	---	---	24.7
Ranunculus sardous	0	---	---	---
Leontodon hispidus s. hispidus	0	---	---	---
Trifolium repens s. repens	0	---	24.2	---
Ranunculus ophioglossifolius	0	14.1	---	---
Althaea officinalis	0	---	---	---
Potentilla reptans	0	---	---	---

40 Juncus gerardi s. gerardi [0] Frequency: 75 Relative No.: Relevé No.: Row: Column:

III.F.3 Définition des espèces diagnostiques, constantes et dominantes

Comme il a été dit au début, une étape importante dans la démarche du phytosociologue, est la définition de différentes catégories d'espèces (diagnostiques, constantes et dominantes). Pour cela il faut procéder à l'analyse des colonnes du tableau synoptique.

Analyse des colonnes dans la table synoptique

Après avoir cliqué sur Analysis of columns of Synoptic Table dans le menu Synoptic Table, la fenêtre suivante apparaît à l'écran :

The screenshot shows a software window titled "Analysis of Constancy Columns in Synoptic Table". At the top, there is a landscape image. Below it, three columns are displayed, each with a header and a count: "Diagnostic species" (0), "Constant species" (0), and "Dominant species" (0). Above these columns are three input fields for thresholds: "Fidelity threshold:" (40), "Frequency threshold (1-100 %):" (40), and "Cover threshold (1-100 %):" (25). Below the columns, there are two checkboxes: "Include diagnostic species" and "Show references", both unchecked. To the right of these is a "Minimum freq. (1-100 %):" field set to 0. At the bottom, there are three "Mark in the table" buttons, each with a "green" dropdown menu. Below these buttons is a text prompt: "Select a list of species to be marked in an appropriate list window first...". At the very bottom, there is a status bar with "No. of relevés:" (0), "Aver. species No.:", "Aver. positive fidelity:", "Sharpness:", and "Column: 1". To the right of the status bar are "Export", "Cancel", and "Refresh" buttons.

Elle présente 3 colonnes relatives respectivement à la fidélité, à la fréquence et au recouvrement. En face de ces paramètres sont indiquées les valeurs seuils qui ont été retenues (à vérifier si elles correspondent bien aux choix initiaux, sinon se reporter au titre précédent : [III.F.2. Les valeurs seuils.](#)

Au bas de la colonne « *Dominant species* » est indiqué Minimum freq. (1 - 100 %) : 0, il convient d'indiquer là un pourcentage de relevés où l'on peut rencontrer des espèces présentant un recouvrement supérieur à la valeur seuil, par défaut 25 %. Sont en principe retenus **5** voire plutôt **10** %.

Pour que les espèces s'affichent dans chacune des colonnes, il faut cliquer sur le bouton Refresh (sur la figure suivante : ). L'opération est à répéter pour chacune des colonnes du tableau synoptique en agissant sur la barre Column située au bas de la fenêtre (en .

La figure suivante donne un exemple des résultats obtenus dans le cas de la colonne 2 du tableau synoptique (la colonne 1 composée uniquement de 2 relevés mérite d'être écartée au moins provisoirement).

A noter encore que les noms des espèces sont précédés par les valeurs du paramètre concerné et suivi par un nombre entre parenthèses correspondant à la strate de végétation (« *Layer* ») non renseignée dans cet exemple -d'où les valeurs de (0)- et le cas échéant par une abréviation : **Dm** pour dominante, **Dg** pour diagnostique, **C** pour constante, ceci lorsque la case Show references a été coché. Par ailleurs, il est possible de marquer avec une couleur dans le tableau synoptique l'ensemble des espèces d'une colonne (ou une partie) en les sélectionnant avec la souris puis en cliquant sur le bouton Mark in the table.

Enfin, en cliquant sur Export on obtient une présentation synthétique des informations obtenues comme le montre la figure suivante :

Export of Diagnostic, Constant and Dominant Species

Diagnostic species
Threshold value: 40

Constant species
Threshold value: 40

Dominant species
Threshold value: 10

Threshold value (Bold text style) >

Threshold value (Bold text style) >

Threshold value (Bold text style) >

Display layers

Display values

Sort within layers

Sort alphabetically

Compact form

Cluster 2

Diagnostic species:
Galium debile
Polygonum amphibium
Rumex crispus s. crispus

Constant species:
Agrostis stolonifera (Dm)
Alopecurus geniculatus
Eleocharis palustris s. palustris
Oenanthe fistulosa s. fistulosa
Poa trivialis s. trivialis
Ranunculus repens
Senecio aquaticus
Trifolium fragiferum

Dominant species:
Agrostis stolonifera (C)

Warning! Species names containing characters '[', ']' and '()' cannot be displayed properly. These characters are reserved for text formatting.

En cliquant à nouveau sur Export (en bas à droite de cette nouvelle fenêtre) pour une colonne, ou en cliquant sur Export Clusters 1-n pour l'ensemble des colonnes du tableau synoptique, les données sont sauvegardées dans le fichier d'export au format RTF, au préalable introduit dans le dossier de travail via le menu File > Export > Current *.RTF file :

III.F.4 “Average Value of Frequency Columns in Synoptic Table”

Cliquer sur cette fonction (pour rappel : on est dans le menu Synoptic table) ouvre une fenêtre qui indique les valeurs moyennes de chaque colonne du tableau synoptique pour le paramètre retenu (fréquence relative, fidélité, etc.). Ces valeurs peuvent être copiées dans le presse-papier (Copy to clipboard). Il est également possible en cochant l'option qui est offerte au bas de la fenêtre et en cliquant sur le bouton Refresh d'afficher en « *Short Headers* » (quand on revient au tableau analytique) les valeurs moyennes par relevé.

III.F.5 “No. of Species in Columns of Synoptic Table”

Cette fonction permet d'afficher dans une nouvelle fenêtre le nombre d'espèces pouvant être recensé dans chaque colonne d'un tableau synoptique. Pour la fidélité, seules les espèces correspondant aux valeurs seuils sont comptées.

III.F.6 “Uniqueness ” et “Crispness of Classification”

Ces deux fonctions ne sont pas décrites dans cette version du tutoriel car elles sont essentiellement utilisées dans le cadre de la classification hiérarchique des unités de végétation (alliance, ordre, classe), ce qui nécessite théoriquement de disposer d'un très grand nombre de relevés correspondant aux différents types de végétation pouvant être rencontrés à l'échelle d'un territoire relativement vaste, tel régional ou plutôt national. Ces fonctions sont donc pertinentes pour l'élaboration des synsystèmes phytosociologiques.

III.F.7 “Compare Two Synoptic Tables”

Dans la mesure où différents modes de classification (classifications agrégatives, divisives...) d'un même tableau brut de données peuvent conduire à des résultats différents, il peut être utile de les comparer. Cette fonction permet de calculer de façon croisée les distances euclidiennes entre les colonnes de deux tableaux synoptiques (seulement pour les fréquences relatives et les fidélités) et d'indiquer un pourcentage de similarité entre les deux tableaux.

Pour utiliser cette fonction il faut procéder en plusieurs étapes :

- 1- Afficher un premier tableau synoptique obtenu à partir d'un premier mode de classification ;
- 2- Cliquer sur Compare Two Synoptic Tables puis sur Save Image of Synoptique Table pour sauvegarder le tableau dans un fichier de travail ;
- 3- Ouvrir le tableau de données pour le traiter avec une deuxième modalité de classification ; afficher le tableau synoptique correspondant (pour le même paramètre que le premier) ;
- 4- Cliquer à nouveau sur Compare Two Synoptic Tables puis sur Load Image And Compare ;

La fenêtre qui s'ouvre indique le pourcentage de similarité entre les deux tableaux, le détail des calculs étant fourni dans le presse-papier.

III.F.8 “Merge Two Nearest Columns”

En cliquant sur cette fonction, JUICE propose de réunir deux colonnes du tableau synoptique en indiquant les valeurs moyennes de fréquences relatives ou de fidélités ou les distances euclidiennes pour deux groupes de relevés pour lesquels ces valeurs sont les plus proches en considérant l'ensemble du tableau. Il ne s'agit que d'une proposition et la décision dépend des valeurs calculées. Compte tenu que pour les distances euclidiennes, la fenêtre précise que toutes les valeurs sont copiées dans le Presse-Papier (« *All ED values were copied into the Clipboard* ») la décision peut être facilitée par un examen attentif des résultats des différents calculs.

III.F.9 “Threshold Values”

Cette fonction permet de préciser les valeurs seuils des différents paramètres et, comme il a été indiqué au titre [III.F.2. Les valeurs seuils](#), la fenêtre qui s'ouvre est identique à celle obtenue quand on utilise la fonction : Menu File > Options > Synoptic tables.

III.G Menu « Analysis »

Ce menu permet la mise en œuvre d'analyses numériques de tableaux phytosociologiques. Outre les opérations de classification et d'ordination des relevés, JUICE propose des méthodes pour procéder au rattachement de relevés non classés à des unités de classification définies au préalable. Ce menu permet aussi le calcul de divers indices de similarité et de diversité.

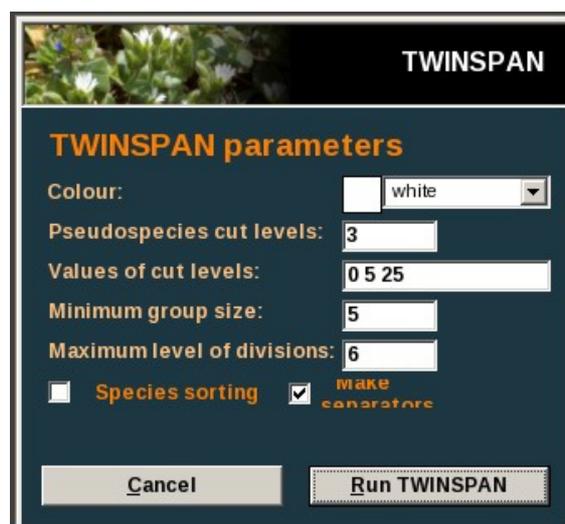
III.G.1 « TWINSPAN (Hill 1979) »

Le menu Analysis > TWINSPAN offre deux options : TWINSPAN (Hill 1979) et Modified TWINSPAN Classification (Rolecek et al. 2009). Dans cette version du tutoriel, seule la première option est décrite car elle correspond à une méthode très classique de classification des relevés phytosociologiques, la seconde, très récente, nécessitant un développement théorique assez conséquent.

NB : Vérifiez si TWINSPAN est automatiquement lié à JUICE dans le menu File > Options, puis à l'onglet External Program Paths, sinon il faut préciser le chemin.

Twinspan est le sigle de “**Two-way Indicator Species Analysis**” : “Two-way Analysis” car la classification concerne à la fois les relevés et les espèces, « Indicator Species » car l'analyse est fondée sur une analyse multivariée des correspondances qui sépare des groupes de relevés composés d'espèces censées correspondre à des conditions écologiques particulières.

Le choix de cette option provoque l'ouverture de la fenêtre suivante :



- Colour : la classification porte sur les relevés correspondant à la couleur indiquée. Ainsi, si aucun des relevés n'a été coloré (*white*) la classification concernera l'ensemble du tableau. Par le menu déroulant

de « *Colour* » et le choix d'une couleur particulière, il est possible de sélectionner une partie seulement des relevés et de procéder à une analyse partielle du tableau.

- Pseudospecies cut levels est le nombre de niveaux de divisions des pourcentages de l'échelle d'abondance-dominance des espèces et
- Values of cut levels sont les valeurs de pourcentages correspondant aux niveaux de divisions, valeurs à séparer par des espaces.

Pour comprendre la signification de ces paramètres il faut savoir que le principe de l'analyse repose sur des données qualitatives en présence-absence. De manière à prendre en considération les données quantitatives d'abondance-dominance, le concept de « *pseudospecies* » a été introduit dans Twinspan. En supposant que les valeurs de **0**, **5** et **25** soient les valeurs retenues de pourcentages de « *cut levels* », et en prenant l'exemple d'une espèce x avec le coefficient 2 (correspondant à un pourcentage de recouvrement moyen de 13% dans l'échelle choisie : ici *Braun Blanquet Old Scale*), cette espèce x sera comptabilisée en présence dans chacune des classes de valeurs, [> **0**] et [> **5**] mais notée absente pour [> **25**]. Cela revient à la reconstruction d'un tableau brut (en présence-absence) où l'espèce x est notée pour le même relevé dans deux lignes avec x1 et x2 (donc des « fausses espèces » ou *pseudospecies*). Dans ce cas de figure, le chiffre affiché dans la fenêtre des paramètres de Twinspan serait de **3** pour « *Pseudospecies cut levels* » et **0**, **5**, **25** pour les « *Values of cut levels* ». Ce sont les valeurs proposées par défaut mais il est évidemment possible de les modifier.

- Minimum group size est le nombre minimum de relevés entrant dans la composition d'une division de la classification.
- Maximum level of divisions : twinspan procédant à une classification hiérarchique des données, il est possible de fixer un niveau donné de divisions. Le nombre maximum proposé par JUICE est de 6 compte tenu du nombre de caractères pouvant être affiché dans la zone **T** : « *Header data* ».

Remarque :

Il est conseillé de retenir cette valeur de **6** car il est toujours possible à l'issue de l'analyse de revenir à un nombre moindre de divisions en modifiant le chiffre indiqué à droite de la barre des menus près de « *Separator hierarchy* ». Le choix de la valeur est très dépendant de la taille du tableau mais, dans beaucoup de situations, la valeur de 3 est très satisfaisante au moins dans une première phase d'analyse.

- Species sorting En cochant cette option, les espèces seront réarrangées en fonction de leur répartition dans les groupes de relevés.
- Make separators En cochant cette option les groupes de relevés issus de la classification seront séparés par des traits verticaux selon des figurés dépendant du niveau de division. Si, toutefois, « *Separator hierarchy* » n'est pas coché dans la barre des menus, tous les séparateurs seront des traits continus.

- approfondir l'analyse par la définition de catégories d'espèces (diagnostiques, constantes, dominantes) ; il faut alors travailler avec des tableaux synoptiques et pour cela aller dans le menu Synoptic Table - voir le titre : III.F.3. Espèces Dg, C et Dm ;
- engager une démarche visant au rattachement de relevés à des unités phytosociologiques définies au préalable (menus Analysis > COKTAIL Groups, > Expert System et > Matching to WHITE Relevés notamment).

REMARQUES

- 1- D'autres fonctions disponibles dans le menu « Analysis » sont présentées dans le cadre d'une approche complémentaire ;
- 2- Le menu « Analysis » offre d'autres possibilités de classification (ou de « clustering ») (PC-ORD, SYN-TAX...) et d'ordination (CANOCO) qui ne sont pas retenues dans ce tutoriel car il s'agit soit de logiciels commerciaux soit de logiciels moins faciles à utiliser que Twinspan et R-PROJECT. Ce tutoriel se limite à ce qui est librement accessible avec JUICE.
- 3- Les sous-menus relatifs à OPTIMCLASS Analysis ne sont pas non plus présentés car ils nécessitent la possession de PC-ORD. Il s'agit toutefois d'analyses très intéressantes, leur objectif étant de déterminer le nombre optimal de groupes de relevés en comparant les résultats de différentes modalités de calculs.

III.G.2 « Ordinations »

L'option retenue est « R-PROJECT » compte tenu de la remarque 2 ci-dessus.

Le recours à des méthodes d'ordinations permet de vérifier la pertinence des résultats issus de la classification réalisée avec Twinspan mais aussi de procéder à leur interprétation écologique dans la mesure où l'on dispose d'informations à ce sujet. Par exemple, les indices d'Ellenberg peuvent être utilisés dans ce cadre.

Pour mettre en œuvre ces analyses avec JUICE, il est nécessaire de disposer du logiciel R-PROJECT installé sur son ordinateur. Dans JUICE suivre le menu : Analysis > Ordinations > R-PROJECT > DCA analysis > Script update et cliquer sur : Installation of R libraries.

Pour plus d'informations se reporter à :
<http://sci.muni.cz/botany/zeleny/install-ord.php>

Remarque :

Enfin, ne pas oublier de vérifier si R-PROJECT a été automatiquement lié à JUICE dans le menu File > Options puis l'onglet External Program Paths, sinon il faut préciser le chemin à cet endroit.

Plusieurs possibilités d'analyse sont offertes :

- DCA (Detrended Correspondence Analysis),
- PCA (Principal Component Analysis)
- NMDS (Non-metric Multidimensional Scaling).

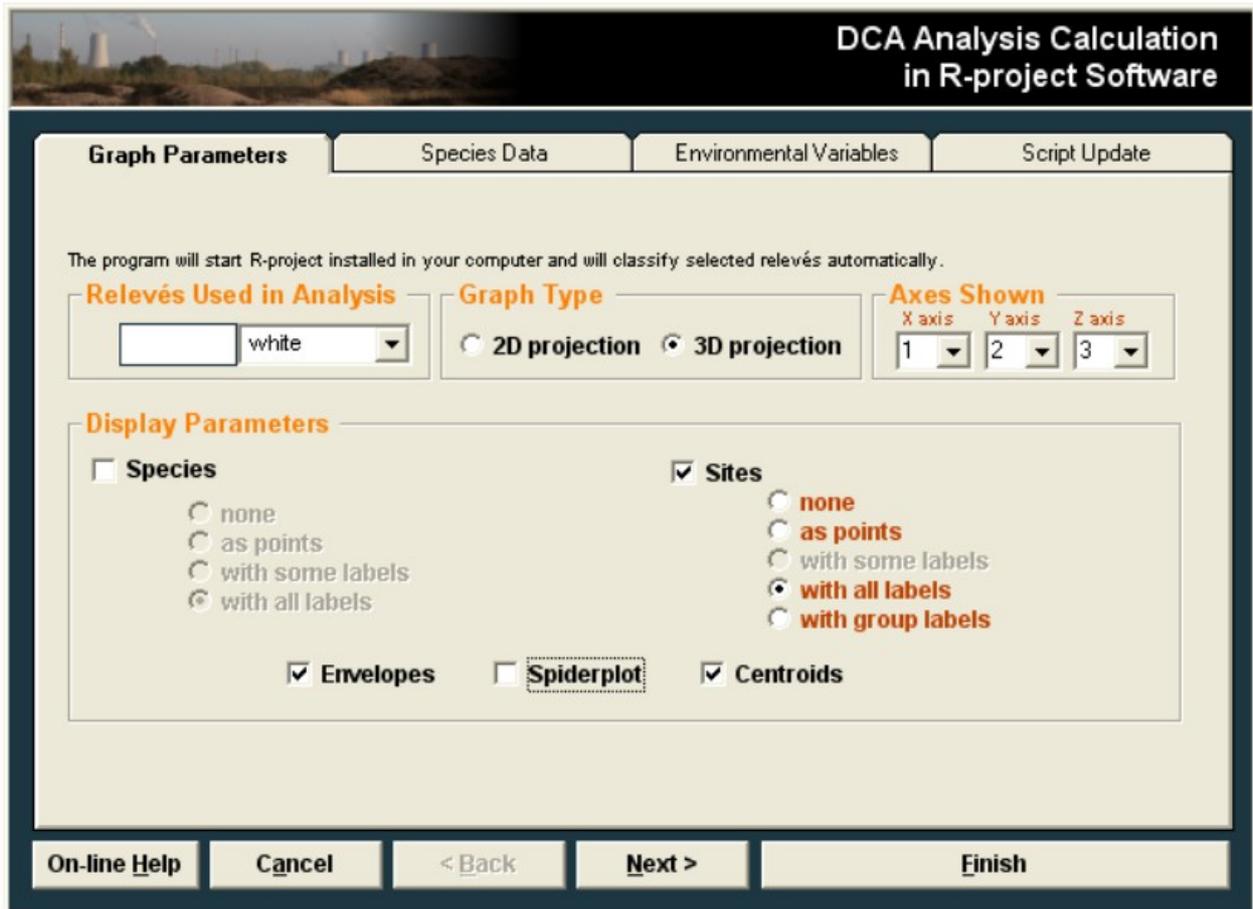
Remarque :

Voir les ouvrages spécialisés pour des informations complémentaires sur ces analyses.

La DCA ou Analyse détendancée des correspondances est l'équivalent d'une analyse classique des correspondances avec cependant des différences permettant notamment de supprimer l'effet Gutman. Ce tutoriel a retenu ce type d'analyse à titre d'exemple.

2.a « DCA Analysis »

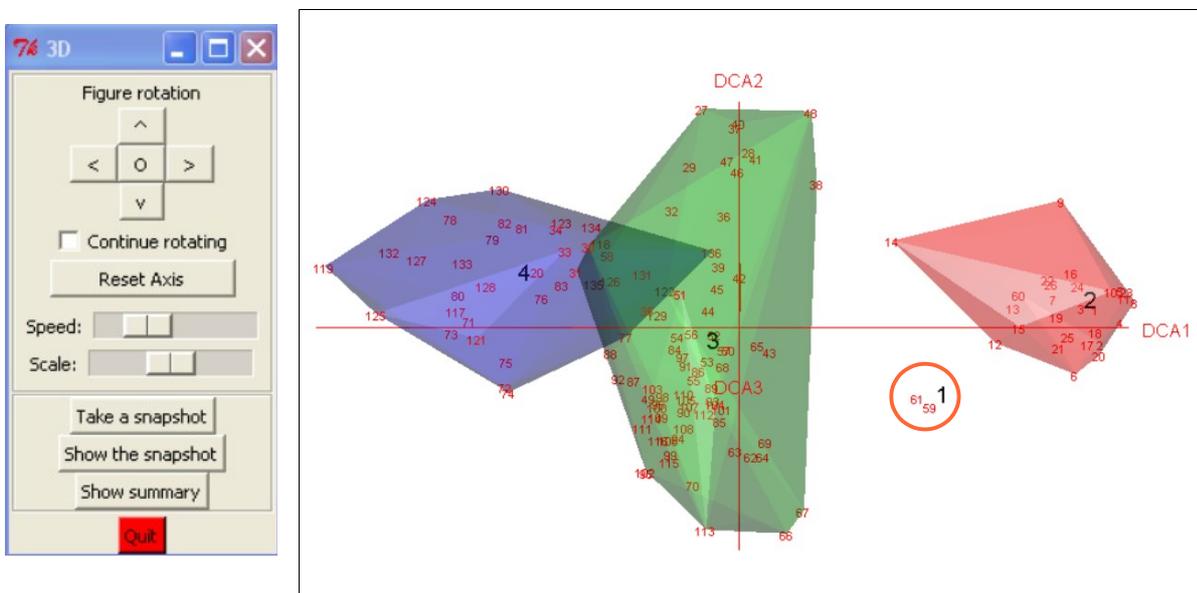
Après avoir cliqué sur cette option, la fenêtre suivante apparaît à l'écran :



Dans l'onglet Graph Parameters il est possible de préciser les conditions de réalisation de l'analyse. L'exemple présenté montre que les relevés soumis à l'analyse n'ont pas été colorés de façon particulière (« *white* »), qu'une projection en 3D a été choisie (donc avec 3 axes), que seule la projection des relevés (« *Sites* ») a été retenue avec mention « *with all labels* » (c'est-à-dire tous les numéros de relevés), que les groupes de relevés soient délimités (« *Envelopes* ») et que les centres de gravité (« *Centroids* ») de ces groupes de relevés soient positionnés dans la projection.

NB : Pour que les enveloppes et les centroïdes apparaissent dans la projection, il est nécessaire de réaliser cette analyse à partir d'un tableau issu d'une classification avec des séparateurs (p.e. Twinspan).

Après avoir cliqué sur Finish, la figure suivante est obtenue :



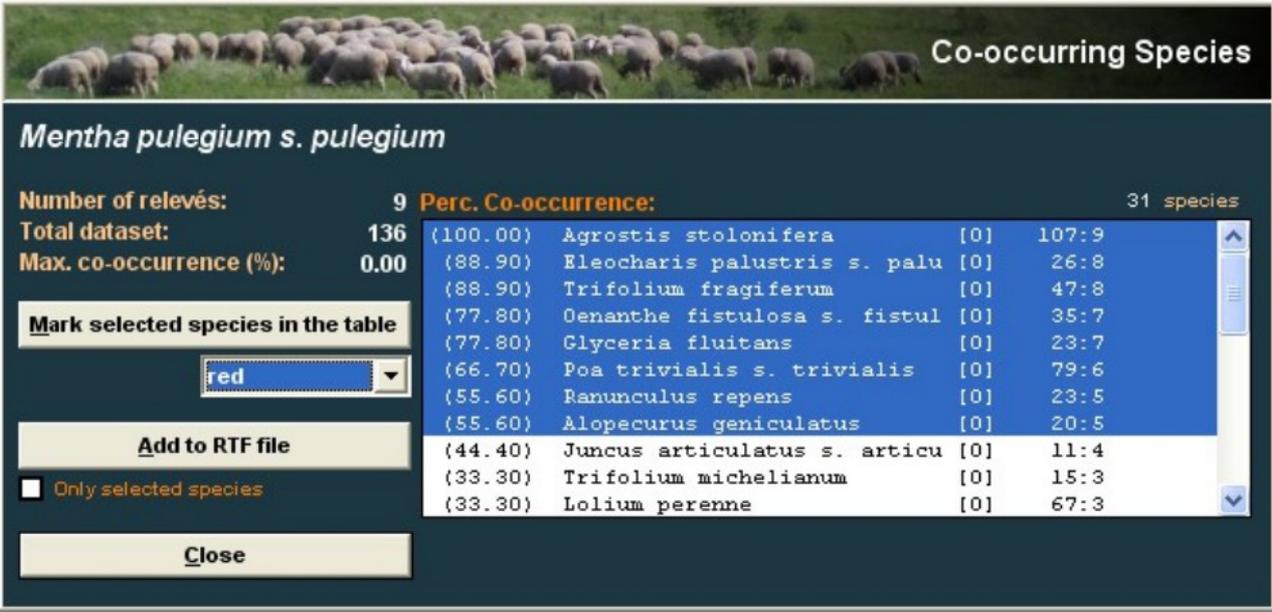
On retrouve bien les 4 groupes de relevés distingués par Twinspan (le groupe ① avec 2 relevés seulement) et relativement bien séparés d'autant qu'en faisant varier l'orientation de la figure (à l'aide de la souris ou en agissant sur les flèches de Figure rotation dans la petite fenêtre qui jouxte le plan de projection) on note qu'il n'y a pas d'importantes zones de chevauchement des groupes de relevés. Cette petite fenêtre permet aussi une rotation continue du plan de projection (cliquer Continue rotating) dont on peut faire varier la vitesse (Speed) et l'échelle (Scale). Il est également possible de copier une image (Take a snapshot) et d'afficher les informations relatives à l'analyse (Show summary).

III.G.3 « Co-occurring species »

Cette fonction permet de lister les espèces qui sont associées à une espèce préalablement choisie en fonction de leurs fréquences d'occurrence.

Avant de mettre en œuvre cette fonction il convient de choisir une espèce (pour cela il faut cliquer dans le tableau sur l'espèce choisie et son nom apparaît alors en bas à gauche de la fenêtre principale de JUICE) pour laquelle on désire connaître les espèces qui lui sont associées.

En cliquant ensuite sur la fonction, la fenêtre suivante apparaît.



Co-occurring Species

Mentha pulegium s. pulegium

Number of relevés: 9 Perc. Co-occurrence: 31 species

Total dataset: 136

Max. co-occurrence (%): 0.00

Mark selected species in the table

red

Add to RTF file

Only selected species

Close

{100.00}	Agrostis stolonifera	[0]	107:9
{88.90}	Eleocharis palustris s. palu	[0]	26:8
{88.90}	Trifolium fragiferum	[0]	47:8
{77.80}	Oenanthe fistulosa s. fistul	[0]	35:7
{77.80}	Glyceria fluitans	[0]	23:7
{66.70}	Poa trivialis s. trivialis	[0]	79:6
{55.60}	Ranunculus repens	[0]	23:5
{55.60}	Alopecurus geniculatus	[0]	20:5
{44.40}	Juncus articulatus s. articu	[0]	11:4
{33.30}	Trifolium michelianum	[0]	15:3
{33.30}	Lolium perenne	[0]	67:3

Le nom de l'espèce choisie figure dans le coin supérieur gauche avec le nombre de relevés où elle est présente. La liste des espèces les plus fréquemment associées est triée dans un ordre décroissant en fonction de leur fréquence dans les relevés où l'espèce choisie est présente.

Ainsi, la première colonne indique le pourcentage de relevés où l'espèce choisie contient également l'espèce listée. Par exemple, dans les résultats affichés dans la fenêtre, *Agrostis stolonifera* est présent dans tous les relevés où se trouve aussi *Mentha pulegium s. pulegium* (100.00). Après le nom de l'espèce, la colonne suivante indique la strate (ici : 0 - car non renseignée) puis 2 chiffres, le premier (ici : 107 pour *Agrostis stolonifera*) correspond au nombre de relevés où se trouve l'espèce dans l'ensemble du tableau, le deuxième au nombre de relevés (ici : 9) où l'espèce coexiste avec l'espèce choisie (ici *Mentha pulegium s. pulegium*).

Par ailleurs, il est possible de colorier dans le tableau les espèces les plus fréquemment associées (en décidant d'une valeur seuil de pourcentage). Pour cela il faut sélectionner avec la souris les espèces correspondant aux valeurs retenues, choisir une couleur (par exemple ici « *red* ») puis cliquer sur Mark selected species in the table. Par la suite, ces espèces coloriées peuvent être regroupées dans le tableau un utilisant le menu Sorting et la fonction Move species ou en cliquant sur le bouton correspondant dans la barre d'outils :



III.G.4 « Interspecific Associations »

Cette fonction est relativement voisine de la précédente mais elle est fondée sur l'indice de fidélité (voir à ce sujet le [titre III.F.1](#)), ce qui évidemment ne donne pas les mêmes résultats.

La mesure de la fidélité est calculée pour chaque paire d'espèces combinant l'espèce choisie et toutes les autres espèces du tableau.

Comme pour la fonction « *Co-occurring Species* » développée ci-avant, il convient d'abord de choisir une espèce puis de cliquer sur [Interspecific Associations](#).

La fenêtre suivante apparaît à l'écran.

Interspecific Associations

Mentha pulegium s. pulegium

Number of relevés: 9
Total dataset: 136
Maximum value: 100.00

Positive association:

			species
(56.42)	Baldellia ranunculoides s	[0]	3:3
(47.23)	Eleocharis palustris s. p	[0]	26:8
(43.22)	Glyceria fluitans	[0]	23:7
(35.50)	Juncus articulatus s. art	[0]	11:4
(31.69)	Oenanthe fistulosa s. fis	[0]	35:7
(30.70)	Alopecurus geniculatus	[0]	20:5
(30.41)	Trifolium fragiferum	[0]	47:8
(30.38)	Cerastium dubium	[0]	4:2
(30.38)	Potentilla anserina s. an	[0]	4:2
(27.44)	Ranunculus repens	[0]	23:5
(23.09)	Rorippa amphibia	[0]	6:2

Negative association:

			species
(-23.57)	Juncus gerardi s. gerardi	[0]	75:1
(-22.72)	Carex divisa s. divisa	[0]	73:1
(-22.72)	Alopecurus bulbosus	[0]	73:1
(-22.31)	Hordeum secalinum	[0]	72:1
(-19.93)	Elytrigia repens s. repens	[0]	66:1
(-17.79)	Hordeum marinum s. marinum	[0]	42:0
(-15.97)	Cynosurus cristatus	[0]	36:0
(-14.77)	Plantago coronopus s. coronop	[0]	32:0
(-14.46)	Parapholis strigosa	[0]	31:0
(-12.43)	Trifolium maritimum s. marit	[0]	45:1
(-10.73)	Gaudinia fragilis	[0]	19:0

Mark selected species in the table: red

Add to RTF file

Only selected species

Mark selected species in the table: green

Close

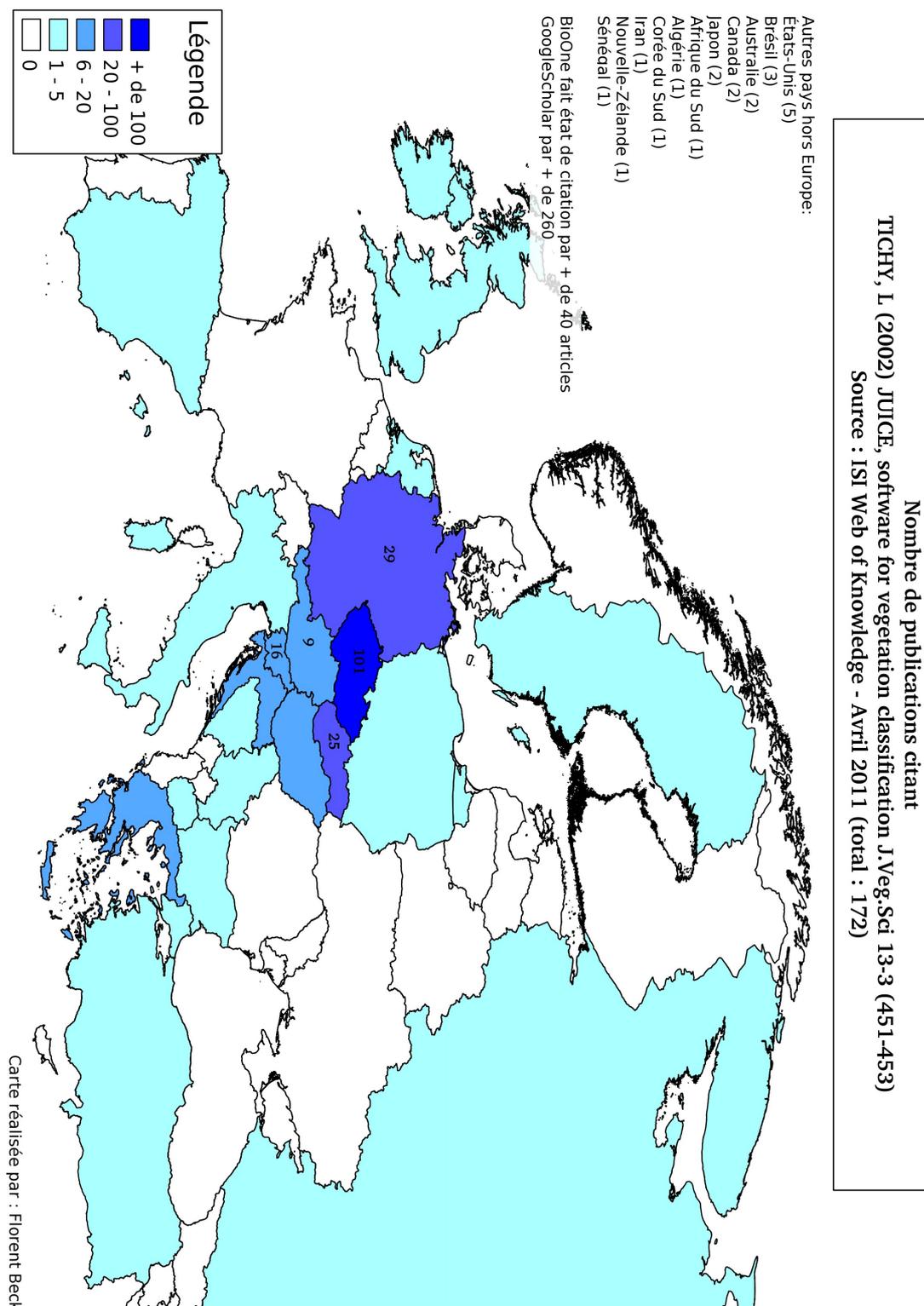
Elle est composée en deux parties : la supérieure correspondant aux espèces positivement associées à l'espèce choisie sur le critère de fidélité, l'inférieure, aux espèces négativement associées.

Les informations fournies et les possibilités de coloriage des espèces sont équivalentes à la fonction « *Co-occurring Species* » avec cependant une différence importante : les valeurs de la première colonne correspondent à l'indice de fidélité.

Bibliographie

- BECK, F. (2008) Les bases de données phytosociologiques - Applications à la recherche et à l'enseignement, Rapport de stage de licence. Université de Metz - UFR SCIFA.
http://www.wuala.com/Floppyboy/phytosocio/Les-bases-de-donnees-phytosociologiques--applications-a-l-enseignement-et-a-la-recherche_juin2008_Florent-Beck.pdf
- BOUZILLÉ, J.-B. (2007) Gestion des habitats naturels et biodiversité : concepts, méthodes et démarches. Tec & Doc, Paris
- CHYTRÝ M. et al. (2002) Determination of diagnostic species with statistical fidelity measures. *Journal of Vegetation Science* 13: 79-90
<http://www.sci.muni.cz/botany/juice/JVS2002.pdf>
- CULMSEE, H. & BECK, F. (2008) Ergänzungen zum JUICE-Skript I - Ellenberg Indicator Values in JUICE 6.5
http://www.geobotanik.uni-goettingen.de/culmsee/dokumente/JUICE_EIV.pdf
- JULVE, Ph. (1998 ff) Baseflor. Index botanique, écologique et chorologique de la Flore de France. Version [30/12/2010]. Programme Catminat.
<http://perso.wanadoo.fr/philippe.julve/catminat.htm>
- TICHY, L. (2002) JUICE, software for vegetation classification. *J. Veg. Sci.* 13: 451-453. <http://www.sci.muni.cz/botany/juice/jvs.pdf>
- TICHY, L. & HOLT, J. (2006) JUICE program for management, analysis and classification of ecological data . Vegetation Science Group, Masaryk University Brno http://www.sci.muni.cz/botany/juice/JUICEman_all.pdf
- TICHY, L., HOLT, J. & NEJEZCHLEBOVÁ M. (2011) JUICE program for management, analysis and classification of ecological data - 2nd Edition of the Program Manual - 1st Part. Vegetation Science Group, Masaryk University Brno http://www.sci.muni.cz/botany/juice/JCman2011_1st.pdf

Annexe I - État des citations en 2011



- Pour comparaison, l'état des citations en 2008 était le suivant :
- sur <http://apps.isiknowledge.com/> : 79 citations enregistrées
 - sur <http://scholar.google.com/> : 95 citations enregistrées
- Source : BECK (2008)

Annexe II - Script d'installation de JUICE sous Linux via PlayOnLinux

Script rédigé par Sylvain POULAIN et adapté par Florent BECK :

```
-----  
= copiez-collez le texte suivant dans un fichier texte =====  
= le nom n'a pas d'importance, il ne doit pas porter d'extension =
```

```
#!/bin/bash  
# Date : (2010-01-26 11-30)  
# Last revision : (2010-08-08 12-07)  
# Wine version used : N/A  
# Distribution used to test : Linux/Ubuntu 10.04 Lucid Lynx  
# Script's Authors : Sylvain POULAIN, Florent BECK  
  
# start PlayOnLinux (afterwards called POL)  
if [ "$PLAYONLINUX" = "" ]  
then  
    exit 0  
fi  
  
source "$PLAYONLINUX/lib/sources"  
  
# open a POL Window  
POL_SetupWindow_Init  
  
# Give informations about the software  
POL_SetupWindow_presentation "JUICE" "Lubomír TICHÝ"  
    "http://www.sci.muni.cz/botany/juice/index.htm" "Sylvain Poulain  
    and Florent Beck" "JUICE"  
  
# Create (or update) a wine prefix for JUICE  
select_prefixe "$REPERTOIRE/wineprefix/JUICE/"  
POL_SetupWindow_prefixcreate  
  
# Download the executable file for JUICE installation from the internet  
POL_SetupWindow_download "Please wait while JUICE is downloaded" "JUICE"  
    "http://www.sci.muni.cz/botany/juice/F7_0_17/JUICE_Setup.exe"  
  
# tell the user JUICE will being installed and execute the setup file  
POL_SetupWindow_wait_next_signal "Please wait while JUICE is installed"  
    "JUICE"  
wine "JUICE_Setup.exe"  
POL_SetupWindow_detect_exit  
  
POL_SetupWindow_reboot  
  
# Ask the user for creating shortcuts  
POL_SetupWindow_make_shortcut "JUICE" "Program Files/JUICE 7.0/"  
    "juice.exe" "JUICE.xpm" "JUICE"  
POL_SetupWindow_message "JUICE has been successfully installed" "JUICE"  
POL_SetupWindow_Close  
exit
```