

Turboveg for Windows

Einführung

Turboveg for Windows (im folgenden TV) ist ein Software-Paket zur Datenbankverwaltung und Analyse von Vegetationsdaten. Es enthält neben anderen Optionen solche zur Eingabe, Speicherung, Auswahl, Darstellung, zum Export und zur Auswertung von Daten. Ergebnisse können als Tabellen oder in gewissem Umfang als Graph oder Verbreitungskarte dargestellt werden. Die Datenbankverwaltung obliegt dem Windows-gestützten Programmteil, der unter TURBOWIN aufgerufen werden kann, die Tabellenbearbeitung kann unter MEGATAB durchgeführt werden (wir jedoch verwenden statt dieses DOS-Programmteils das erst vor kurzem entwickelte JUICE; hier also nur Hinweise zum Gebrauch von TURBOWIN. Der Umgang mit einer Windows-Benutzeroberfläche wird Ihnen vertraut sein, im folgenden also gleich zu einzelnen wichtigen Menüpunkten der oberen Menüleiste. Hilfe zu den meisten Menüpunkten wird, wie überwiegend üblich, unter F1 angeboten.

Entwickelt wurde Turboveg for Windows von Stephan Hennekens, Wageningen. (vgl. <http://www.synbiosys.alterra.nl/turboveg/> und HENNEKENS, S.M. & J.H.J. SCHAMINEE (2001). Turboveg, a comprehensive database management system for vegetation data. - Journal of Vegetation Science 12: 589-591.)

Datenbanken

Database Open
New
Modify structure
Organise header data
Backup/Restore

Öffnen

Unter **Database|Open** wählen Sie zunächst eine Artenliste. TV unterstützt mehrere solcher meist länderspezifischer Listen. In Freiburg ist zur Zeit eine für Deutschland und eine für Griechenland verfügbar. Datenbanken, die mit verschiedenen Artenlisten verknüpft sind, sind nicht untereinander kompatibel. Sie öffnen (**Open**) die gewünschte Datenbank (falls schon vorhanden), nachdem Sie sie mit der Maus angeklickt oder mit der Space-Taste ausgewählt haben. Sie können auch mehrere Datenbanken oder alle gleichzeitig auswählen (**Select all**).

Neu

Unter **Database|New** erstellen Sie eine neue Datenbank.  Vermeiden Sie hier und im folgenden Umlaute und Satzzeichen bei Dateinamen. Wählen Sie die Artenliste, mit der Ihre Datenbank verknüpft werden soll. Die Spanne der Aufnahmeummern der Datenbank ist anzugeben. Jede Datenbank sollte einen nur ihr eigenen Satz Aufnahmeummern enthalten, wenn Datenbanken kombiniert benutzt werden.

Ändern

Unter **Database|Modify structure** können Sie die Standardliste der Kopfdatenfelder (Header file) und die der Artenfelder (Species file) erweitern, etwa wenn Sie Geländedaten erhoben haben, die unter den Standardfeldern fehlen. Zum neuen Kopfdatenfeld müssen Sie Feldname, Feldtyp (numerisch N oder Zeichen C), Feldlänge und Zahl der Dezimalen angeben.

Unter den Kopfdatenfeldern (Standard + ggf. selbst neu eingeführte) benötigen Sie meist nur bestimmte, und nur von diesen wollen Sie, dass sie im Tabellenkopf auftauchen. Welche das sind, bestimmen Sie unter **Database|Organise header data**, indem sie aus einer Liste der verfügbaren Felder die gewünschten auswählen.

!Achtung: Man kann die Struktur der Header Felder nachträglich ändern (z. B. „Len“ = Anzahl der möglichen Stellen); was man aber keinesfalls ändern darf ist der Field Name (andernfalls sind alle im betreffenden Headerfeld eingegebenen Daten unwiederbringlich verloren)!

Um Datenbanken von Festplatte auf Diskette zu kopieren oder umgekehrt, verwenden Sie die entsprechende Option in **Database|Backup/Restore**.

Weitere Optionen im Menüpunkt Database betreffen die Ermittlung von Doppeleingaben (was bei Auswertung von verschiedenen Quellen passieren kann) und einfache statistische Auswertungen.

Edit

Edit Modify header data
Replace header data
Replace species
Add a relevé
Add a table
Modify species data
Search a relevé
Filter

Über **Edit|Modify header data** und **|Modify species data** können Sie die Kopf- und Art Daten einer Aufnahme aufrufen und bearbeiten. Über **Edit|Replace header data** führen Sie Änderungen für eine Reihe von Aufnahmen gleichzeitig durch. Das kann erforderlich sein, wenn Sie identische Feldinhalte im Tabellenkopf zeitsparend eingeben wollen, zum Beispiel bei der Eingabe ganzer Tabellen. Über **Edit|Replace species** ändern Sie Taxoneinträge für mehrere Aufnahmen gleichzeitig, etwa wenn Sie nachträglich eine Fehlbestimmung korrigieren wollen.

Sie können Einzelaufnahmen (**Edit|Add a relevé**) oder ganze Tabellen auf einmal (**Edit|Add a table**) eingeben. Zunächst zu Einzelaufnahmen. Befinden sich schon welche in der Datenbank, werden Sie gefragt, ob Sie die Kopfdaten der vorherigen Aufnahme übernehmen wollen. Das ist sinnvoll, wenn sich viele Einträge wiederholen sollten. In jedem Fall landen Sie zuerst bei den Kopfdaten. Von den hier vorgesehenen Standardfeldern **muss** nur das Feld (**Cover abundance scale**) ausgefüllt werden. Hier und bei einigen anderen Feldern gibt es Popup-Menüs (**markiert durch anklickbare gelbe Fragezeichen**), aus denen die Auswahl zu treffen ist. Unnötig, auf alle Felder hier einzugehen, doch ein paar Anmerkungen zu den folgenden:

Mit Feldern wie {Biblioreference}, {Project code}, {Author code} oder {Syntaxon code} können Sie eine Aufnahme mit einer Literaturquelle, einem Projekt, einem Autor (d.i. derjenige, der die Aufnahme angefertigt hat) und/oder einem Syntaxon verknüpfen, was zum einen der Ordnung und Übersicht dient, zum anderen der späteren leichten Auffindung der Aufnahme über Suchparameter. Das Datum muss in der Form Jahr/Monat/Tag angegeben werden, nur Jahr oder Jahr/Monat geht auch. Die Exposition (Aspect) ist ein numerisches Feld. Über das Popup-Menü kann man die Kompassrichtung, z. B. NNW, in eine Gradzahl transformieren. Auch die Inklination (Neigung, Slope) wird in Grad angegeben. Bei den Deckungswerten werden nur ganze (Prozent-)Zahlen akzeptiert. Deckungsangaben wie <1%, <5%, >95%, denen man ab und zu begegnet, müssen sinnvoll übertragen werden, zum Beispiel als 1%, 3% bzw. 97%. Für die genaue Lokalisation einer Aufnahme gibt es standardmäßig ein Feld für UTM-Rasterangaben. Benutzt man andere Koordinatensysteme, z. B. Längen-/Breitengrade oder in Deutschland das TK 25-System, so legt man dafür mit **Database|Modify structure** neue Kopffelder an, wie oben gezeigt. (Tipp: bewährt hat sich die Angabe in Grad also z. B. 24,4019° in 2 getrennten Feldern – für Längen- und Breitengrade - eine Angabe die z. B. mit ArcGIS kompatibel ist.) Nicht codierbare Information legt man im Feld Remarks ab. Über Save gelangen Sie zur nächsten Seite: **Edit species data**. Taxa geben Sie mittels eines 3/3-Codes ein, indem Sie die ersten 3 Buchstaben des Gattungsnamens und die ersten 3 Buchstaben des Artepithetons eintippen. Der Cursor springt jeweils zur ersten Art mit den betreffenden Anfangsbuchstaben. Gibt es mehr als ein Taxon mit gleichen 3/3-Codes, was nicht selten ist, wählen Sie das gewünschte Taxon mit den Pfeiltasten und Enter. Nun wird ein Feld hervorgehoben, das die Vegetationsschicht (Layer) des Taxons spezifiziert: Wählen Sie aus 10 Optionen aus. Danach geht es zum Feld Cover, in das der Abundanz- bzw. Deckungswert einzutragen ist. Mit Add erscheint die Eingabe mit Species name, Layer und Cover im rechten Fenster, und die Anzahl der bereits ausgewählten Arten steht darüber. Bevor eine Aufnahme komplett mit Save gespeichert wird, sollten Sie die Anzahl der so ausgewählten Arten und Ihren Aufnahmezettel vergleichen. Haben Sie eine Art nicht korrekt eingegeben, so können Sie sie wieder entfernen (Remove) oder austauschen (Modify). Natürlich können Sie auch Änderungen vornehmen, wenn Aufnahmen bereits gespeichert worden sind (**Edit|Modify header data** bzw. **|Modify species data**).

Wollen Sie ganze Tabellen auf einmal eingeben, zum Beispiel aus Literaturquellen, müssen Sie zunächst die Zahl der Aufnahmen angeben. Eventuell müssen Sie die Spanne der Aufnahmenummern Ihrer Datei anpassen. Bei großen Tabellen wird empfohlen, sie in Stücken von 20-25 Aufnahmen aufzuteilen, da nur eine begrenzte Anzahl an Aufnahmen auf dem Bildschirm Platz hat. Für das erste Stück der Tabelle geben Sie erst alle Taxonnamen ein (danach save anklicken) und dann die Abundanzwerte (->dabei nicht zwischendurch save anklicken. Als Access-basierte Datenbank speichert Turboveg die eingegebenen Daten sofort beim Verlassen der jeweiligen Zellen mit Enter. Wenn man exit anklickt kann man Tabelle und Programm schließen und bei der nächsten Sitzung weitermachen. Sobald man save anklickt, beendet das Programm den aktuellen Tabelleneingabevorgang irreversibel). Markieren Sie die Option Restore species list from previous table, dann haben Sie die Taxonnamenliste auch für das folgende Tabellenstück bewahrt. Anschließend geben Sie die Kopffelder ein, gemeinsame Kopffelder der Tabelle am besten über **Edit|Replace header data**, individuelle Kopffelder der Aufnahmen über **Edit|Modify header data**.

Wenn Sie eine Auswahl an Aufnahmen ändern oder bearbeiten wollen (**Edit|Replace header data**, **|Replace species**) oder in ihnen etwas suchen wollen (**Edit|Search a relevé**), nutzen Sie die Filter-Funktion unter **Edit|Filter**.

Import

Import Cornell condensed file Free format species data table Free format header data table

Mit **Import|Cornell condensed file** importieren Sie Computerdateien vom Cornell-condensed-Format (CC-file), das Eingabeformat für Programme wie TWINSPAN und CANOCO. Wählen Sie die CC-Datei über die [...] -Taste aus anstatt den Dateinamen direkt einzugeben. Stellen Sie sicher, dass der Dateiname keine Umlaute oder Satzzeichen enthält. Und: Importieren geht nur, wenn Sie vorher eine Datenbank erstellt und geöffnet haben. TV versucht, die Taxon-Codes der Importdatei einem Taxonnamen der TV-Artenliste zuzuordnen. Beim Importieren mag TV feststellen, dass bestimmte Taxon-Codes nicht in einen vollen Taxonnamen übersetzt werden können. Diese müssen von Ihnen einem Namen der TV-Artenliste zugeordnet werden. Zu empfehlen ist generell, die Taxonnamen der importierten Tabelle zu überprüfen, da ähnliche Codes (CAREXPAN oder CAREPANI) verschiedene Taxa betreffen können (Carex panicea und Carex paniculata).

Auch Importe von anderen Tabellenformaten sind möglich (**Import|Free format species data table** bzw. **|Free format header data table**), doch liegen hierzu keine eigenen Erfahrungen vor. Mit F1 wird die Help-Funktion aufgerufen.

Select

Sie können per Hand oder Menüführung Einzelaufnahmen oder ganze Gruppen von Aufnahmen der aktuellen Datei auswählen, Zufallsauswahlen treffen, Aufnahmen einer oder mehrerer Dateien nach Kriterien der Kopf- oder Taxondaten auswählen und Ihre Auswahl wieder löschen:

Select Select current relevé, Select all relevés in current database, Flip selection in current database Random select Build query Clear.

Operatoren

Es gibt begrenzende (and, and not) und erweiternde Operatoren (or). Häufig wird man eine Vorauswahl in einer Datei nach Vorhandensein oder Fehlen von Arten, ggf. mit bestimmten Einschränkungen bei den Deckungswerten, treffen wollen.

	<i>AND</i>		<i>OR</i>	
	Wahr	Falsch	Wahr	Falsch
Wahr	W	F	W	W
Falsch	F	F	W	F

Export

Export TURBOVEG databases Standard XML file Cornell condensed species file User defined header data file TABHEAD input file Spreadsheet table SDF formatted database JUICE input files ESPRESSO/TAB input file MULVA input file SYNTAX input file File with detailed information Graphics Distribution map

Ausgewählte Aufnahmekollektive können als verschiedene Dateiformate exportiert werden, als -

- **Turboveg database:** nützlich, wenn Sie Kollektive aus verschiedenen Datenbanken in eine überführen wollen oder wenn Sie damit zu einem anderen PC gehen, auf dem TV installiert ist.
- **Cornell condensed species file:** Dies Format wird für MEGATAB, TWINSPAN und CANOCO gebraucht. Sie müssen Zielverzeichnis und Name der Export-Datei angeben, voreingestellt ist *tvexport.cc!*. Manche Programme, z. B. TWINSPAN, scheitern, wenn leere Aufnahmen, d. h. solche ohne Arten, enthalten sind. Diese Aufnahmen kann man ausschließen (Exclude empty relevés). Arten, die in verschiedenen vorkommen, können kombiniert oder ausgeschlossen werden. Als Format sollte Classic gewählt werden. Deckungswerte werden transformiert, voreingestellt sind Prozentwerte. Verschiedene Transformationen können durchgeführt werden, etwa indem hohe Deckungswerte heruntergewichtet werden, logarithmische oder Wurzeltransformation oder eine Standardisierung *by site total*, bei der jeder Deckungswert einer Art durch die Summe der Deckungswerte der Arten in der Aufnahme dividiert wird.
- **User defined header data file:** Wollen Sie Kopfdaten-Dateien exportieren, sind verschiedene Formate möglich:
 - SDF - Spalten mit bestimmter Breite, wie es MEGATAB verlangt, wenn Sie Ihren Tabellen Kopfdaten hinzufügen wollen. Wichtig ist auch hier, dass Sie die Option "Exclude relevés that have no species" markieren.

- Delimited - Die Spalten haben keine bestimmte Breite, sondern sind durch Zeichen abgegrenzt. Sie geben an, welches Zeichen verwendet werden soll, und in welcher Weise numerische Werte mit Dezimalen dargestellt werden sollen. Delimited-Formate können von sogenannten Spreadsheet-Programmen wie Excel gelesen werden.
- dBaseIII+-Format
- Cornell condensed - wenn Sie mit CANOCO eine Kanonische Korrespondenzanalyse durchführen wollen.
- **TABHEAD input file:** Hiermit exportieren Sie einen festgelegten Satz an Kopfdaten zur Verwendung in MEGATAB.
-
- **Spreadsheet table:** Sie können ausgewählte Aufnahmen samt Kopfdaten und optional Zeigerwertspalten exportieren und in Spreadsheet-Programme wie Excel einlesen.
- **JUICE input files:** 3 Export-Dateien werden erstellt, die die Daten der eigentlichen Tabelle (*.cc!), die Kopfdaten (*.exp) sowie die Datenstruktur (*.str) transportieren. Zum Export der Artenliste siehe S. 7.

Unter den vielen weiteren Export-Dateiformaten ist für uns besonders noch SYNTAX wichtig. 4 Exportdateien werden hier erstellt. **Export|File with detailed information** kreiert eine Datei mit den vollständigen Informationen einschließlich eventueller Zeigerwert- und Statistik-Daten. **Export|Graphics** ermöglicht die graphische Darstellung der Beziehung zweier Kopfdaten-Parameter in einem Diagramm. Dieses kann bearbeitet und ausgedruckt werden. Verbreitungskarten (**Export|View distribution map**) sind gegenwärtig nur für Europa und Griechenland verfügbar.

Manage

Hiermit können die folgenden Popup-Listen erstellt und bearbeitet werden:

Manage Popup lists References, Cover scales, Countries, Authors, Projects, Syntax

Die jeweilige **Artenliste verändern** kann man unter **Manage |Species lists |Edit** (wenn man als Manager eingeloggt ist) was nur für wenig erforschte Gebiete oder Taxa nötig ist und, zwecks Kompatibilität mit anderen Arbeiten, mit gebotener Sorgfalt erfolgen sollte.

Export der Turboveg-Artenliste nach JUICE:

Manage |Species lists |Edit |... Dann anklicken: **Export und limited list for JUICE** "ankreuzen".

Pflanzensoziologische Klassifikation mit JUICE - eine Einführung -



Inhalt

1 Woher?	1
2 Wozu?	1
3 Import	2
4 Grundlegende Funktionen	3
5 Manuell sortieren und synoptische Tabelle: Übersicht über Tastenbelegung und Befehle	5
6 Automatisiert sortieren	6
7 Kopfdaten	7
8 TWINSPAN	8
9 Export	9
10 Was ist eine diagnostische Art?	10
11 Arten zusammenfassen	11
12 Vorgehensweise beim Sortieren großer Tabellen	11

1 Woher?

JUICE ist ein Freeware-Programm der Arbeitsgruppe für Vegetationskunde, Institut für Botanik, Masaryk-Universität, Brno, Tschechien, das von folgender Webseite heruntergeladen werden kann: <http://www.sci.muni.cz/botany/juice.htm>. Dort findet man auch ein ausführlicheres englischsprachiges "Handbuch". Wenn mit JUICE gearbeitet worden ist, sollte in der Veröffentlichung der Artikel von TICHÝ 2002 zitiert werden.

2 Wozu?

JUICE dient zur Bearbeitung, Klassifikation und Analyse großer pflanzensoziologischer Tabellen. Diese können bis zu 65.000 (!) Aufnahmen und 15.000 Arten beinhalten. Für die Klassifizierung bietet das Programm die Werkzeuge TWINSPAN, COCKTAIL und PC-ORD-Methoden. Außerdem stehen zur Verfügung: Ellenberg-Zeigerwerte, Ähnlichkeits-Indices, β -Diversität,...

3 Import

Das Programm ist für den Import aus dem Eingabeprogramm TURBOVEG optimiert, man kann aber auch andere Tabellen in Cornell Condensed-Format (*.cc!), z. B. aus TABWIN, importieren. Auch der Import im „spreadsheet data“-Format, z. B. aus EXCEL, ist möglich.

Import der in TABWIN erstellten Datei:

File | Import | Table | From TURBOVEG XML Format File

oder

File | Import | Table | From TURBOVEG or Cornell Condensed File

A Pfad einstellen

- die gewünschte *.xml (oder *.cc!) Datei auswählen und öffnen

B Dateiparameter einstellen (nur bei cc!)

- **Abbreviations:** 7+1 (layer) [Abkürzungen: 7+1 Stellen, davon eine für die Schichtangabe]
- **Scale:** Percentage (JUICE speichert alle Angaben in Prozent, die Anzeige kann man trotzdem später auf die ursprünglich verwendete Skala einstellen)

C Auswahl der Arten-Checkliste (nur bei cc!)

- „Open new check list file“ [Pfad einstellen, um GERMAN_S.TXT zu öffnen]
- „Test file structure“ erlaubt eine Überprüfung der Checkliste. Sie sollte der Abbildung entsprechen; andernfalls hat das Öffnen nicht geklappt.

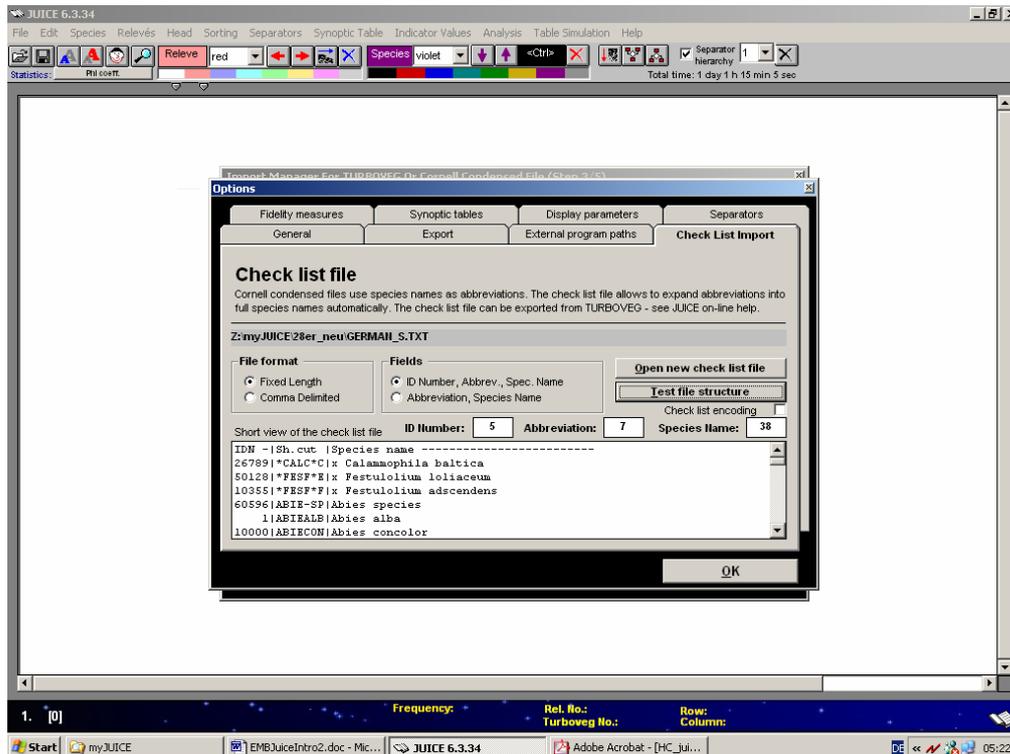


Abb. 1: Dialogfeld zum Einlesen der Checkliste

D Kopfdaten auswählen (XML) oder einbinden (cc! - siehe E)

- die gewünschten Kopfzeilen im linken Auswahlfeld markieren und über die Schaltfläche „Add>>>“ hinzufügen. Über „Finish“ bestätigen.

E Daten in JUICE einlesen (nur bei cc!)

- „Next“ Nun erscheint die eingelesene Tabelle im JUICE-Arbeitsfenster. Als Kopfdaten sind vorerst nur die Aufnahmeummern dargestellt.

F Speichern im JUICE-Tabellenformat: *.wct

- JUICE befindet sich weiterhin in der Entwicklung. Daher ist mit gelegentlichen Programmabstürzen zu rechnen. Häufiges Speichern wird dringend empfohlen. Es empfiehlt sich auch, wichtige Zwischenstände der Klassifikations-Arbeit jeweils als eigene Dateien abzuspeichern, z. B. mit fortlaufender Nummerierung versehen.

4 Grundlegende Funktionen

In Abbildung 2 sind wesentliche Bedienelemente angemerkt. Die meisten Funktionen, die in der Benutzeroberfläche über Symbole abgebildet sind, sind auch im Menü zu finden.

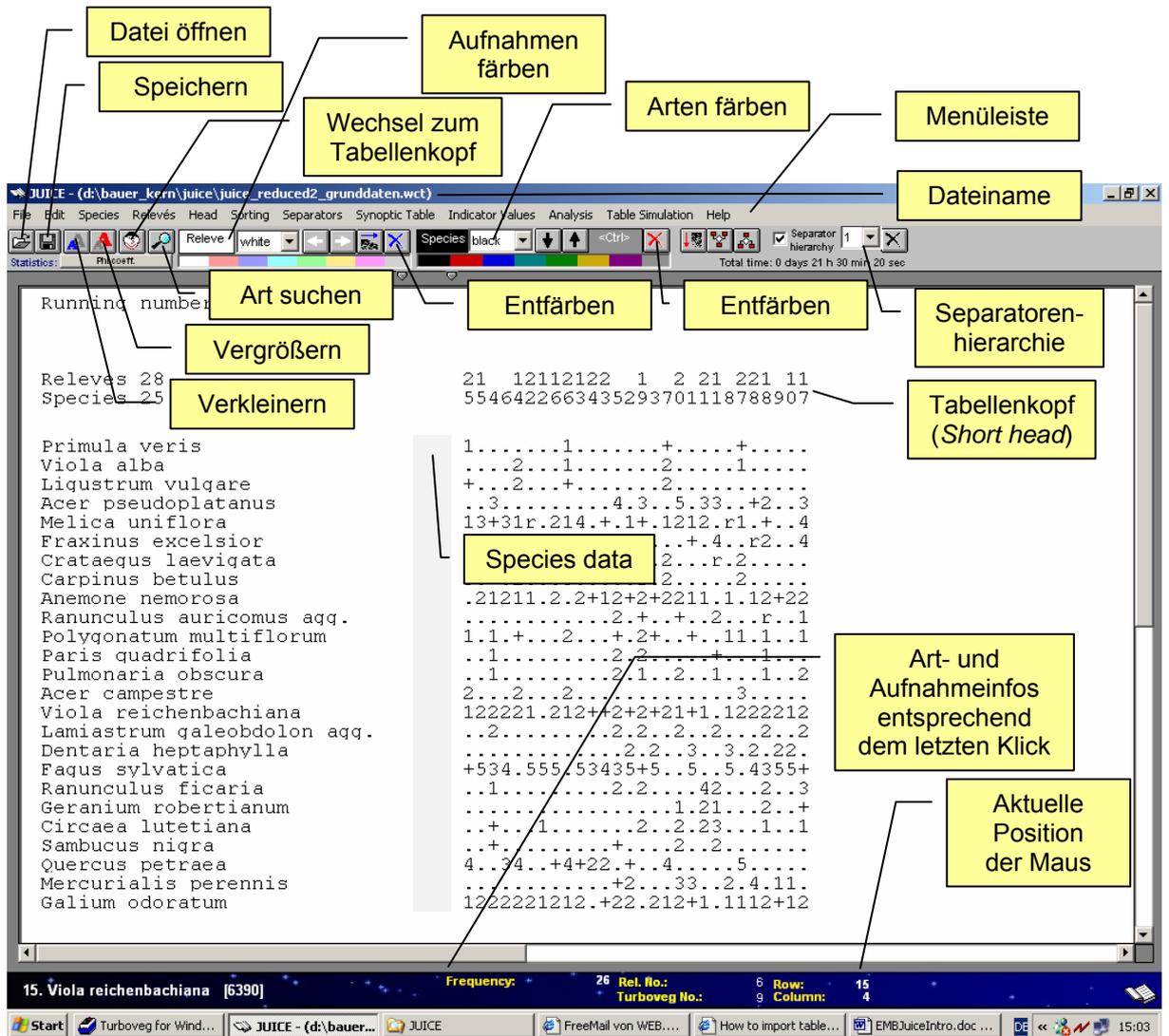


Abb. 2: Tabellenansicht in JUICE

Schichtangaben anzeigen:

Species | Species Data | Layer View | Number

- 0 – ohne Angaben zur Schicht (= Krautschicht)
- 1 – Baumschicht 1
- 2 – Baumschicht 2
- 3 – Baumschicht 3
- 4 – Strauchschicht 1
- 5 – Strauchschicht 2
- 6 – Krautschicht
- 7 – Juvenile
- 8 – Sämlinge
- 9 – Mooschicht

Korrekte Deckungs-Skala einstellen:

File | Options | Display Parameters

Im Feld "Actual scale" überprüfen, ob die richtige Skala eingestellt ist. Auf derselben Registerkarte (Display parameters) können auch Textgröße und Bildschirmkontrast eingestellt werden.

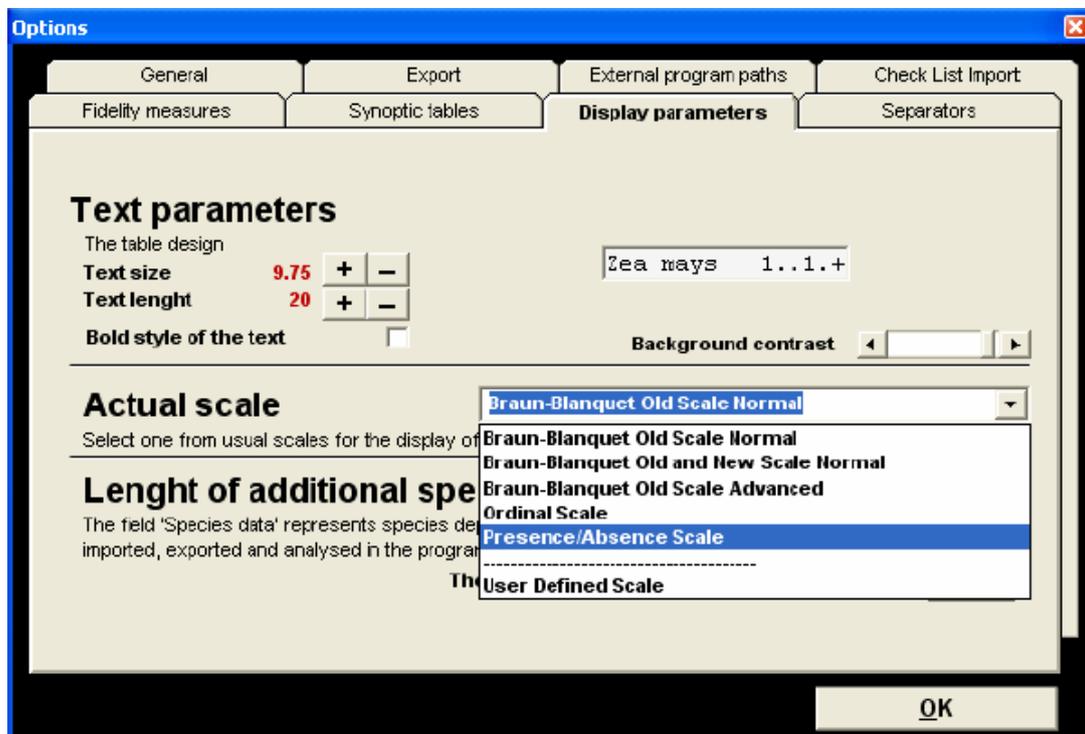


Abb. 3: Dialogfenster zu den Programmeinstellungen, hier Karteikarte „Display parameters“

5 Manuell sortieren und synoptische Tabelle: Tastenbelegung / Befehle

Nur in Gesamttabelle möglich (*)

Nur in synoptischer Tabelle möglich (**)

Hervorheben und auswählen

Art hervorheben und auswählen	linker Mausklick in Artenliste
Aufnahme hervorheben und auswählen (*)	linker Mausklick in Tabellenkopf
Art und Aufnahme hervorheben und auswählen (*)	linker Mausklick im Datensatz

Synoptische Tabelle

einzelnen Separator setzen/entfernen (*)	Hochsteltaste + linke Maustaste in Tabellenkopf ->rechts von ausgewählter Spalte erscheint bzw. verschwindet Separator
alle Separatoren gleichzeitig entfernen	schwarzes X, rechts in der Menüleiste drücken
Synoptische Tabelle ansehen / schließen	Synoptic Table Percentage (z. B.)
Aufnahmeblock (1 Spalte) verschieben(**)	Im Tabellenkopf linke Maustaste drücken und Spalte mit gedrückter Taste an gewünschte Stelle ziehen

Markierungen anbringen / entfernen

eine Art in der aktuellen Artenfarbe einfärben	rechter Mausklick
eine ganze Artengruppe einfärben	erste Art der gewünschten Gruppe einfärben (siehe oben), danach auf der letzten Art des Blocks: Hochsteltaste + rechter Mausklick
aktuelle Farbe ändern	Gewünschte Farbe in Farbbalken anklicken
Art „dauerhaft“ einfärben (aktuelle Farbe siehe Knopf <Ctrl> in Symbolleiste)	Strg + rechter Mausklick
aktuelle Farbe für „Dauermarkierung“ ändern	Linker Mausklick auf den Knopf <Ctrl> in der Symbolleiste
Farbmarkierung für Arten entfernen	linker Mausklick auf Knopf mit rotem X
Farbmarkierung der „Dauermarkierung“ entfernen	Doppelklick auf Knopf mit rotem X
eine Aufnahme in der aktuellen Aufnahmefarbe einfärben (*)	rechter Mausklick im Tabellenkopf
einen ganzen Aufnahmeblock einfärben(*)	Linke Aufnahme des gewünschten Blocks einfärben (siehe oben), danach auf der rechten Aufnahme des Blocks: Hochsteltaste + rechter Mausklick im Tabellenkopf
Farbmarkierung für Aufnahmen entfernen (*)	linker Mausklick auf Knopf mit blauem X

Arten bzw. Aufnahmen verschieben

Art verschieben	In Artenliste linke Maustaste drücken und die Art mit gedrückter Taste an gewünschte Stelle ziehen
Mehrere Arten , die in der Tabelle verstreut sind,	Gewünschte Gruppe mit einer Farbe markieren + Klick auf gleichfarbigen Pfeil

zusammenstellen	in der Symbolleiste: [↓]oder [↑]
Aufnahme verschieben (*)	Im Tabellenkopf linke Maustaste drücken und Aufnahme mit gedrückter Taste an gewünschte Stelle ziehen
Mehrere Aufnahmen , die in der Tabelle verstreut sind, zusammenstellen (*)	Gewünschte Gruppe mit einer Farbe markieren + Klick auf gleichfarbigen Pfeil in der Symbolleiste: [←] oder [→]

6 Automatisiert sortieren (nach CULMSEE 2005, leicht verändert)

Tabellen können auf zwei Weisen sortiert werden: Sortierung von Arten nach Aufnahmen (Zeilen) und Sortierung von Aufnahmen nach Arten (Spalten). Im Menü `SORTING` werden verschiedene automatisierte Sortier-Funktionen angeboten. Acht verschiedene Farben unterstützen eine partielle Sortierung von Zeilen und Spalten. D.h. der Sortiervorgang kann auf einzelne Farben beschränkt werden, was dann der Bearbeitung von Teiltabellen entspricht.

Vorgehen: Arten nach Aufnahmen sortieren:

1. Wählen Sie eine Artenfarbe (`species colour`) und markieren Sie die Arten (Zeilen), die sortiert werden sollen.
2. Wählen Sie eine Aufnahmefarbe (`relevé colour`) und markieren Sie die Aufnahmen (Spalten), nach denen die markierten Arten sortiert werden sollen.
3. Starten Sie: `Sorting | Sort Species`

Entsprechend können auch **Aufnahmen nach Arten** sortiert werden: `Sorting | Sort Relevés`

Weitere Sortierungsfunktionen sind z. B.:

Alphabetische Sortierung: `Sorting | Sort Species Alphabetically`

Sortierung nach **Schichten**: `Sorting | Sort Species by Species Data` (->All, ->Numerically)

`Species data` sind die in der grauen Spalte hinter den Artnamen eingeblendeten Werte wie z.B. Schichtung oder Zeigerwerte.

7 Kopfdaten (nach CULMSEE 2005, leicht verändert)

Die Kopfdaten können über das Menü HEAD betrachtet, bearbeitet und ausgewertet werden. (vgl. Abb. 4)

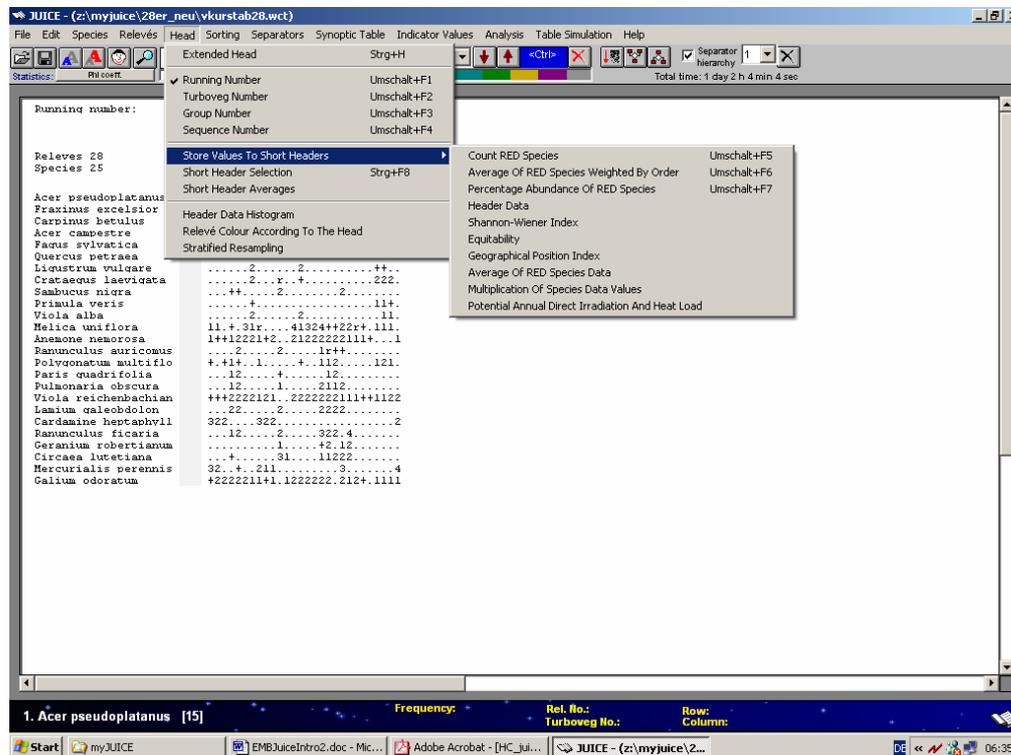


Abb. 4: Menü „Head“, zum Zuweisen von Werten für den kurzen Tabellenkopf (Short headers)

Die wichtigsten Funktionen:

Extended head (kompletter Kopfdatensatz):

Hier kann der komplette Kopfdatensatz angezeigt werden; alternativ über das Symbol ☺ (vgl. Abb. 2).

Nummerierung:

Mindestens eine Zeile Kopfdaten gibt es immer: die Nummerierung. Alternativ können hier

z. B. angezeigt werden: RUNNING NUMBER (= Laufende Nummer, Nummer aus der importierten XML- oder cc!-Datei in der ursprünglichen Reihenfolge), GROUP NUMBER (= Gruppen-Nummer, entsprechend den durch Separatoren getrennten Aufnahmegruppen), ...

Short header (= Begrenzte Darstellung von Kopfdaten im Haupt-Arbeitsfenster):

Bis zu 6 Zeilen können für jede Aufnahme im Hauptfenster als SHORT HEADER angezeigt werden (z. B. Count species of selected colour, Shannon-Wiener index, Equitability, Ellenberg indicator values, Similarity indices, Header data). Die Zuweisung der entsprechenden Werte zum kurzen Tabellenkopf erfolgt über den Menüpunkt Header|Store Values to Short Headers (vgl. Abb. 4).

8 TWINSPAN (Two Way Indicator SPecies ANalysis) (Hill 1979)

- Hierarchisches divisives Klassifikationsverfahren mit Elementen der Ordination
- Verfahren basiert auf der Annahme, dass einzelnen Kennarten es erlauben, den Datensatz in Gruppen zu unterteilen (ähnlich dem pflanzensoziologischen Ansatz)
- Basiert auf "Reciprocal averaging" (RA), das Ergebnis der RA entspricht dem einer Korrespondenzanalyse (CA). Der Datensatz wird entlang der ersten Achse einer RA aufgeteilt. Diese Aufteilung erfolgt nach mehreren unterschiedlichen Rechenschritten, um die beste Zuordnung einer Aufnahme zu einer Gruppe zu finden. Z.B. weitere Berechnung mit „preferential species“.
- TWINSPAN ist für Datensätze, in welchen ein starker Gradient steckt, gut geeignet. Das Ergebnis führt i.d.R. zu einer diagonalen Anordnung in der Tabelle.
- Die ersten Aufteilungen beeinflussen das Ergebnis maßgeblich und können von wenigen Arten abhängen, daher sind diese Schritte im Ergebnis genau zu überprüfen!
- Qualitativer Ansatz (presence/absence), wird erweitert um quantitativen Aspekt durch das Konzept der Pseudo-Arten (*pseudo-species*). Der/die Anwender/in legt Grenzwerte fest (*cut levels*), anhand derer das Vorkommen einer Art in mehrere Pseudo-Arten aufgeteilt wird. Anzahl und Wert der Grenzen sind festzulegen.
- Der unterste Grenzwert liegt üblicherweise bei 0. Die erste Pseudo-Art erhält eine 0, falls der Dominanzwert der Art 0 ist (kein Vorkommen) und sonst eine 1. Setzen Sie nun einen weiteren Schwellenwert z.B. bei 10%, dann erhält die zweite Pseudo-Art eine 1 bei mehr als 10% Dominanz und sonst eine 0 usw. (vgl. Tabelle)
- Die beste Aufteilung erhalten Sie nur durch Versuch und Irrtum. Überlegung kann aber helfen. So zählt für den Algorithmus jede Pseudo-Art bzgl. des Ähnlichkeitsmaßes ebensoviel wie eine Art, die aufgrund geringer Abundanzen ohne weitere Pseudo-Art verrechnet wird.
- Festzulegende Parameter:
 - Anzahl der Grenzwerte (*Pseudospecies cut levels*)
 - Grenzwerte (*Cut levels*)
 - Mindestgröße einer Gruppe für weitere Unterteilung (*Minimum group size*)
 - Maximale Anzahl von Aufteilungsschritten (*Maximum level of divisions*)
- TWINSPAN wird als ausführbare Datei mit JUICE mitgeliefert. (TWINSPAN.EXE)¹

Originaldatensatz			TWINSPAN (Cut levels 0,5,25,50)		
Fagus sylvatica	4 (63%)	3 (37%)	Fagu sylv1	1	1
			Fagu sylv2	1	1
			Fagu sylv3	1	1
			Fagu sylv4	1	0
Quercus petraea	1 (5 %)	2 (15%)	Quer petr1	1	1
			Quer petr2	0	1
Hieracium laevigatum	0 (0%)	+ (1%)	Hier laev 1	0	1

Für die separate Anwendung steht auch WinTwins zur Verfügung (mit pdf-Handbuch).

(<http://www.canodraw.com/wintwins.htm>)

¹ Im CIP-Pool Bio I gilt: Diese Datei muss ins persönliche Verzeichnis kopiert werden und in JUICE muss bei den Optionen der Pfad zum Twinspan-Verzeichnis angegeben werden. (Notwendig, da die Benutzer/innen im CIP-Pool auf dem Laufwerk C: keine Schreibrechte haben.)

9 Export nach Excel

Um die sortierte Tabelle auszudrucken oder für anderweitige Publikation zu formatieren, muss die Tabelle exportiert werden (gilt auch für die Stetigkeitstabellen). Sie müssen sich bereits im Menü entscheiden, in welchem Format Sie exportieren möchten. Je nach Format haben Sie unterschiedliche Möglichkeiten, in einem Dialogfeld Festlegungen zu treffen (vgl. Abb. 5). Für den Export nach Excel empfiehlt sich die neuere Spreadsheet-File Version, da dann die Kopfzeilen direkt oberhalb der Vegetationsdaten ausgegeben werden und nicht als 2. Block.

File | Export | Table | to Spreadsheet Format File (2nd Version)

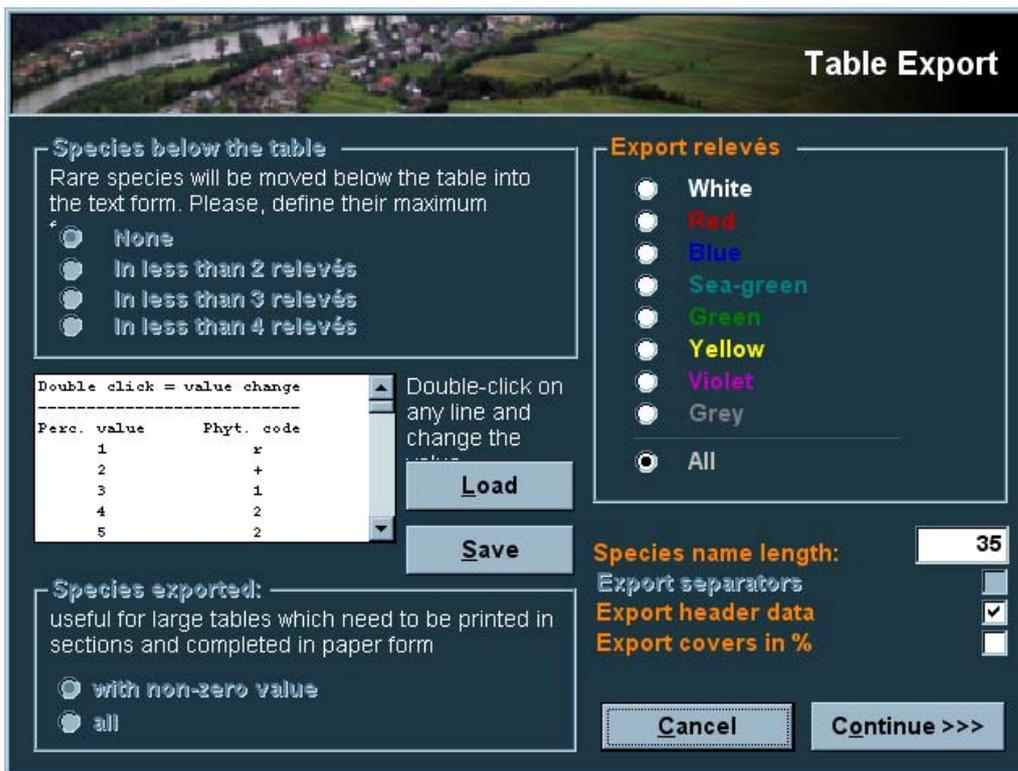


Abb. 5: Dialogfenster zum Tabellenexport

Die exportierte Datei wird im CSV-Format gespeichert, die von allen Tabellenkalkulationsprogrammen gelesen werden kann. Sie werden beim Export zusätzlich gefragt, in welcher Skala exportiert werden soll und ob die Schichtangaben mit erscheinen sollen. Die Datei hat die Endung TXT, die Werte sind durch Semikolon voneinander getrennt. Um diese Datei richtig zu öffnen, sollten Sie Ihr Tabellenkalkulationsprogramm starten und dann die exportierte Tabelle öffnen bzw. abhängig vom Programm importieren. In jedem Fall müssen Sie im Dialogfenster den passenden Filter wählen (CSV-Tabelle) und ggf. in weiteren Dialogfeldern Semikolon als Trennzeichen setzen. Wenn Sie Ihre Tabelle dann im eigenen Format des Programms abspeichern, können Sie zum einen alle Formatierungen mit abspeichern, die Sie evtl. vornehmen und zum anderen die Tabelle normal öffnen.

Ein Export im RTF-Format wird an die Standardausgabe-Datei (export.rtf) angehängt. Sie können diese neu (leer) erzeugen, in einem Verzeichnis Ihrer Wahl mit einem Namen Ihrer Wahl, indem Sie im Menü **File | Export | Current File** auswählen. Anschließend sollten Sie dann den Export im RTF-Format vornehmen. Das RTF-Format kann von vielen Textverarbeitungsprogrammen gelesen werden.

10 Was ist eine diagnostische Art?

Wir suchen nach Arten, die eine Gruppe von Aufnahmen (bzw. ein Syntaxon) kennzeichnen und von anderen unterscheiden. Um eine diagnostische Art zu finden, muss man zwischen der kompletten Tabelle und der Stetigkeitstabelle hin- und herwechseln.

Tab. 1: Stetigkeitsklassen (üblicherweise für Aufnahmegruppen von ≥ 5 Aufnahmen verwendet; bei < 5 Aufnahmen sollte man als Stetigkeit die absolute Aufnahmezahl angeben)

V	> 80 % und \leq 100 %	Nach Dierschke (1994) sind nur Arten mit hier grau unterlegten Stetigkeiten (\geq II) „gute“ diagnostische Arten. Die selteneren bezeichnet er als „Schwache“ diagnostische Arten und fordert, dass sie nur zusätzlich zu „guten“ Arten verwendet werden.
IV	> 60 % und \leq 80 %	
III	> 40 % und \leq 60 %	
II	> 20 % und \leq 40 %	
I	> 10 % und \leq 20 %	
+	> 5 % und \leq 10 %	
r	> 0 % und \leq 5 %	

Im Folgenden werden die Kriterien von BERGMIEER et al. 1991 verwendet:

Definition:

Eine Art gilt dann als diagnostische Art eines Syntaxons „gegenüber anderen Syntaxa...“, wenn sie in den Aufnahmen dieses Syntaxon um wenigstens zwei Stetigkeitsklassen höher und mindestens doppelt so häufig auftritt wie in Aufnahmen der gegenübergestellten Syntaxa (vgl. Abb. 6)“

Stetigkeit der Art im betrachteten Syntaxon	Stetigkeit der Art in dem zu vergleichenden Syntaxon							
V	.	r	+	I	II	III	IV	V
IV	.	r	+	I	II	III	IV	V
III	.	r	+	I	II	III	IV	V
II	.	r	+	I	II	III	IV	V
I	.	r	+	I	II	III	IV	V
+	.	r	+	I	II	III	IV	V
r	.	r	+	I	II	III	IV	V

- Die Art ist eine diagnostische Art
- Die Art ist nur dann eine diagnostische Art, wenn sie im betrachteten Syntaxon mindestens doppelt so häufig auftritt wie in dem zu vergleichenden Syntaxon
- Die Art ist keine diagnostische Art

Abb. 6: Stetigkeitskriterien für eine diagnostische Art (nach Bergmeier et al. 1991, verändert)

Tab. 2: Mini-Beispieltabelle mit Stetigkeiten (hier ausnahmsweise mit römischen Ziffern dargestellt, wie später in den größeren Tabellen) **Sind alle Arten „diagnostische Arten“?**

Carex sylvatica	2a	2b	2a	2a	+	1						V	V		
Lamium galeobdolon	2a	1	2b		2a	2a							IV	V	
Oxalis acetosella	2a	1	2a	3									V		
Carex remota	+	1	+										IV		
Acer pseudoplatanus B					4	2a								V	
Ficaria verna					2a	2b								V	
Dentaria heptaphyllos							2b	2a	2a						V
Mercurialis perennis					+		2m	1	1					III	V
Quercus petraea B												2b	2a		V
Crataegus monogyna S	r			+								+	2a		V

11 Arten zusammenfassen

In den Tabellen sind gelegentlich Arten zusammenzufassen, z.B. Sammelart und eng gefasste Art. Dazu empfiehlt sich eine alphabetische Sortierung der Arten. Arten, die zusammengefasst werden sollen, werden mit [Strg] + rechter Maustaste markiert. Über das Symbol Merge Species oder über den Menüpunkt **Species | Merge FARBE Species** wird das Zusammenfassen ausgelöst. *Bitte beachten Sie, dass sich der Befehl auf Arten bezieht, die in der Farbe markiert sind, die im <CTRL> Feld der Arten angezeigt wird.*

12 Vorgehensweise beim Sortieren großer Tabellen

Schritt 1: TWINSPAN-Durchgang über alle Arten und alle Aufnahmen hinweg (vgl. S. 8)

Danach sieht das Tabellenbild ungefähr so aus (Abb. 7):

The screenshot shows the JUICE software interface. The main window displays the results of a TWINSPAN analysis. At the top, it shows 'TWINSPAN category:' followed by a grid of 1s and 0s. Below this, it lists 'Relevés 66' and 'Species 211'. The species list is sorted alphabetically and includes the following species: Cornus sanguinea, Ligustrum vulgare, Convallaria majalis, Lathyrus niger, Crataegus monogyna, Ligustrum vulgare, Crataegus laevigata, Cephalanthera rubra, Pinus sylvestris, Plagiochila porelloii, Cephalanthera damaso, Mycelis muralis, Lonicera xylosteum, Neottia nidus-avis, Cirsium arvense, Ctenidium molluscum, Galium album, Euphorbia amygdaloid, Epipactis helleborin, Hieracium sylvaticum, Fragaria vesca, Festuca altissima, Euphorbia dulcis, Franqula alnus, Lathyrus linifolius, Digitalis lutea, Daphne mezereum, Daphne mezereum, Hypnum cupressiforme, Homomallium incurvat, Juglans regia, Isothecium species, and Sorbus torminalis. The table shows the results of the TWINSPAN analysis, with species grouped into categories. The interface includes a menu bar, a toolbar, and a status bar at the bottom showing '10. Anemone nemorosa [435]' and 'Frequency: 47'.

Abb. 7: Tabellenbild nach einem TWINSPAN-Lauf mit Sortieren der Arten und Einziehen von Separatoren

Schritt 2: Synoptische Tabelle anzeigen lassen

Synoptic Table | Categorical Constancy (vgl. Abb. 8)
 oder Synoptic Table | Percentage Constancy

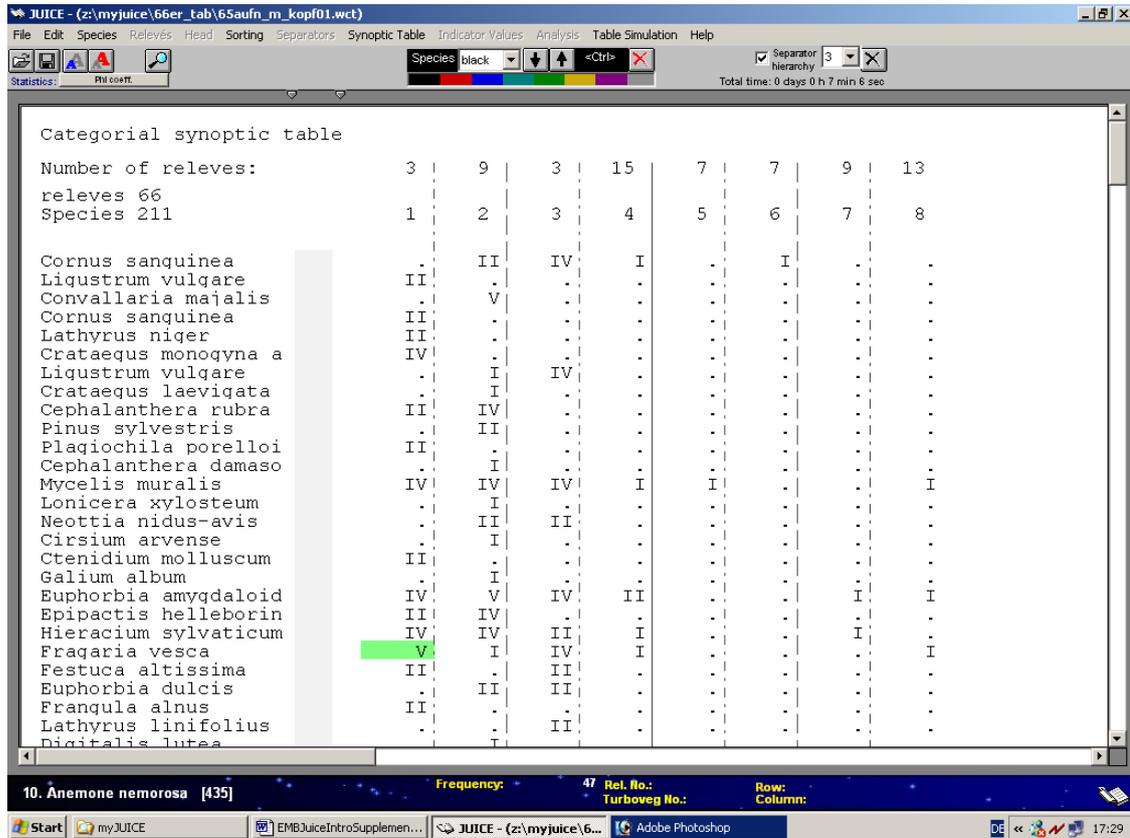


Abb. 8: Stetigkeitstabelle mit kategorialer Darstellung

Schritt 3: die Arten nach ihrer Stetigkeit in der ersten Spalte sortieren:

Sorting | Sort Species in Synoptic Table
 -> All | Relative frequency | Single column (Column 1) (vgl. Abb. 9)



Abb. 9: Dialogfenster zum Sortieren der Stetigkeitstabelle

Sie erhalten eine teilweise sortierte Stetigkeitstabelle (Abb. 10). Die Sortierung wirkt sich immer direkt auf die Gesamttabelle aus.

Schritt 4: Diagnostische Arten für die betrachtete Spalte suchen (vgl. S. 10)

Schritt 5: die diagnostischen Arten nach oben stellen

Schritt 6: überprüfen, ob mindestens zwei diagnostische Arten für die betrachtete Spalte (= Vegetationseinheit) vorhanden sind

Categorical synoptic table

Number of releves: 3 | 9 | 3 | 15 | 7 | 7 | 9 | 13

releves 66

Species 211

Species	1	2	3	4	5	6	7	8
Fagus sylvatica	V	V	V	V	V	V	V	V
Fagus sylvatica	V	V	V	V	III	IV	V	IV
Hedera helix	V	V	IV	IV	II	V	IV	IV
Rosa arvensis	V	III	V	.	.	.	I	.
Fragaria vesca	V	I	IV	I	.	.	.	I
Galium odoratum	V	V	V	III	V	III	V	V
Viola reichenbachian	V	II	V	III	I	V	II	V
Melica uniflora	V	I	IV	II	III	V	I	IV
Anemone nemorosa	V	V	IV	IV	III	IV	IV	IV
Acer campestre	V	I	IV	I	.	I	II	I
Ajuqa reptans	IV	IV	.	I	.	.	.	II
Carex sylvatica	IV	.	IV	I	.	II	V	V
Solidago virgaurea	IV	III
Rubus species	IV	I	II	III
Quercus petraea	IV	.	IV	I	I	III	II	I
Prunus avium	IV	III	V	I	II	III	.	II
Ilex aquifolium	IV	V	IV	IV	II	III	III	I
Bromus benekenii	IV	.	.	.	II	.	.	.
Fagus sylvatica	IV	III	V	III	II	V	V	IV
Sanicula europaea	IV	.	II	I	.	I	.	I
Prunus spinosa	IV	I	II
Mycelis muralis	IV	IV	IV	I	I	.	.	I
Euphorbia amygdaloid	IV	V	IV	II	.	.	I	I
Crataegus monogyna a	IV	IV	.
Hieracium sylvaticum	IV	IV	II	I	.	.	I	.
Eurhynchium striatum	II	I
Plagiocchia borealis	II

10. Anemone nemorosa [435] Frequency: 47 Rel. No.: Turboveg No.: Row: Column:

Abb. 10: Sortierte Stetigkeitstabelle mit kategorialer Darstellung

Schritt 7: in die Gesamttabelle zurückwechseln und überprüfen, ob die Vegetationseinheit nochmals unterteilt werden muss (dies ist der Fall, wenn es für Aufnahmegruppen *innerhalb* der betrachteten Vegetationseinheit wiederum mindestens 2 diagnostische Arten gibt)

Schritt 8: wie „Schritt 2“

Schritt 9: wie „Schritt 3“, nun für die folgende Spalte u. s. w.

Die im ersten TWINSPAN-Durchgang gesetzten Separatoren dürfen natürlich versetzt oder gelöscht werden, wenn das dem Ziel dient, klare diagnostische Artenblöcke zu finden. Lieber weniger Vegetationseinheiten ausscheiden und dafür eine klare und überzeugende Differenzierung erarbeiten.

Abschluss:

- Ökologische(n) Gradienten suchen, anhand derer/dessen die Vegetationseinheiten voneinander getrennt sind. Gegebenenfalls die Vegetationseinheiten so miteinander vertauschen, dass ein wichtiger Gradient von links nach rechts zu- oder abnimmt. Die Artenblöcke von links oben nach rechts unten anordnen.

- Alle nicht-diagnostischen Arten stehen als „Begleiter“ am Tabellenende

BERGMEIER, E., HÄRDTLE, W., MIERWALD, U., NOWAK, B. & PEPPLER, C. (1991): Vorschläge zur syntaxonomischen Arbeitsweise in der Pflanzensoziologie. – Kieler Notizen zur Pflanzenkunde in Schleswig-Holstein und Hamburg 20(4): 92-103.

CULMSEE, H. (2005): An introduction to JUICE 6.3 for Windows. <<http://www.geobotanik.uni-goettingen.de/culmsee/>> Accessed 13 June 2005. (*gemischt en-de, ausführlicher als die vorliegende Einführung*)

TICHY, L. (2002): JUICE, software for vegetation classification. J. Veg. Sci. 13: 451-453.

Tichy, L. & Holt, J. (2006): JUICE program for management, analysis and classification of ecological data. Program manual. . <http://www.sci.muni.cz/botany/juice/JUICEman_all.pdf> Accessed 18 June 2007.