

JUICE for Windows

Software zur Editierung und Klassifikation großer pflanzensoziologischer Datensätze

Eine Anleitung.

Englischer Text aus dem online-manual von Lubomír Tichý
(<http://www.sci.muni.cz/botany/man3.htm>)
mit deutschen Übersetzungen, Ergänzungen und Modifizierungen für die
Aufgabenstellungen des pflanzensoziologischen Methodenkurses an der Universität
Freiburg von Heike Culmsee.

Aktueller Stand des Skriptes: Juni 2003.

Aktuelle Software-Version: JUICE 6.066 (Stand: 05.06.2003).

Über Verbesserungsvorschläge wären wir sehr dankbar. Bitte senden Sie diese an:

Heike Culmsee: heike@culmsee.de

1. Allgemeine Informationen über das Programm

The program JUICE was designed as WINDOWS application for editing and classifying large phytosociological tables. This software with the maximum capacity of 30.000 relevés in one table utilizes many user's functions for easy manipulation of phytosociological tables, including header data. Various options include calculation of average Ellenberg indicator values for relevés, export of table data into other applications, mapping of species occurrence from actual data set etc. JUICE is optimized for using in association with TURBOVEG (Hennekens 1996) which has recently become the most widespread database program for storing phytosociological data in Europe.

The JUICE 4.1 program and its later versions also include widely used classification method TWINSPAN (Hill 1979) which is implemented as an external procedure and particularly recommended for smaller datasets. This method, used in a selected part of the table, is helpful for the preliminary relevé sorting and can be effectively combined with synoptic table sorting and some other JUICE functions.

However, the main utility of the program JUICE is the Cocktail classification method (Bruehlheide 1995, 2000). This method tests the statistical coincidence of species occurrence in order to find reasonable groups of diagnostic species, as they are traditionally used in phytosociology. Vegetation classification is subsequently created by combination of different species groups.

Copyright Information: JUICE 6.0 program is a freeware which can be freely distributed as an original package. The program download on www.sci.muni.cz/botany/juice.htm expects correct filling of your name, address and e-mail. These data will be used only for internal registration of users and for sending information on program updates. No official warranty and support is provided – infrequent questions can be answered on the address tichy@sci.muni.cz. In publications or reports containing outputs from the program, the Software User's Guide should be always referred to.

2. Datentransport von Tabellen aus TURBOVEG nach JUICE

Der Datentransport von der TURBOVEG-Datenbank nach JUICE erfolgt in Form von *Cornell condensed files* (Dateiendung *.cc!).

Tabelle 1 gibt ein Beispiel für einen solchen *Cornell condensed file* für drei der 127 Schönberg-Aufnahmen (Aufnahmen Nr. 1, 13 und 49). Die erste Spalte gibt jeweils die Aufnahme Nummer an, die folgenden Spalten listen Deckungsgrade in Prozent auf. Die Arten sind im Fuß der Reihenfolge nach verschlüsselt und mit Informationen zur Schichtung (*layer*) versehen. Die letzte Zeile beinhaltet die Aufnahme Nummern in der TURBOVEG-Datenbank. Zum Vergleich sind in **Tabelle 2** die Aufnahmen 1, 13 und 49 mit vollständigem Artnamen und in der erweiterten Braun-Blanquet-Skala ausgelesen.

**Tabelle 1: Cornell condensed file
(Muster von 3 Aufnahmen der Schönberg-Daten)**

```

Selection: 3 relevés
(I5,5(I5,F8.1))
                                                    T
1      1      8.0    2      3.0    3      1.0    4      2.0    5      3.0
1      6      3.0    7      38.0   8      1.0    9      88.0  10     2.0
1     11      3.0   12      1.0   13      2.0   14      3.0   15     2.0
1     16      2.0   17      1.0   18      3.0   19     38.0  20     2.0
1     21      2.0   22      1.0   23      2.0
2      1     38.0    2      3.0    3      3.0    4      2.0    5      8.0
2      6      3.0    9      8.0   10     8.0   11      3.0   13     2.0
2     14      4.0   16      4.0   20      2.0   22      2.0   23     3.0
2     24      2.0   25      3.0   26      2.0   27     18.0  28     2.0
2     29      4.0   30      2.0   31      2.0   32      1.0   33     8.0
2     34      3.0   35      1.0   36      2.0   37      3.0   38     2.0
2     39      2.0   40      1.0   41      2.0   42      2.0
3      6      4.0    8      2.0    9     68.0  11      3.0   15     4.0
3     16      4.0   18     38.0  19      1.0   23      8.0   43     3.0
3     44      2.0   45      8.0   46      2.0   47      1.0   48     3.0
3     49      2.0   50      3.0   51      3.0   52      3.0   53     2.0
3     54      2.0   55      2.0   56      2.0   57      4.0   58     3.0
3     59      2.0   60      2.0   61      1.0   62      3.0   63     1.0
3     64      4.0   65      4.0   66      2.0   67      1.0   68     1.0
3     69      2.0   70      2.0   71      8.0   72      2.0   73     3.0
3     74      1.0   75      2.0   76      3.0   77      2.0   78     3.0
3     79      4.0   80      2.0   81      2.0   82      8.0   83     8.0
0000
ABIEALB1ABIEALB6ACERPLA6ACERPSE4ACERPSE6ANEMNEM0DENTHEP0EUPHAMY0FAGUSYL1FAGUSYL4
FAGUSYL6FRAGVES0FRAXEXC1FRAXEXC6GALUODO0HEDEHEL6MELINUTOMELIUNI0MERCPER0POLDMUL0
RUBU#FR6ULMUGLA4VIOLREI0ACERPLA4ARUMMAC0ATHYFIL0CARIBET1CARIBET4CIRCLUT0CORLAVE4
DRYOFILOEUNEUR6LAMI#GA0PARSQUA0PRIMELAOQUERPET1QUERPET6RANUFIC0TILIPLA4RUBU-SP6
ATRIUND0FISSTAX0ACERCAM6AJUGREP0AVEEFLE0BRACSYL0BROMERE0BROMBEN0CALMCLI0CAMPPE0
CAMPROT0CAREMON0CEPHRUB0CRAT#MO4DACT#GLOEPIPHEL0GALUSYLOHIERSYL0IILEXAQU4LATYNG0
LUZUPILOMYCEMUR0NEOTNID0PHYTSPI0POA NEMOPOA PRA0PRUAVI6PULMOBS0ROSAARV6SANIEUR0
SOLIVIROSORBARI6TANACOR0ULMUGLA6VALE#OF0VEROCHA0VEROOFF0VICISEP0VINCMIN0BRAHVEL0
HOMLLUT0HYPNC;L0PLAIA=E0
1      13      49

```

Tabelle 2: Die drei vollständigen Aufnahmen zum Vergleich mit dem Cornell condensed species file

=> Relevé number: 1

Cover abundance scale : Braun/Blanquet (new)

Orig. relevé nr: 11

Abies alba-hl	1	Fraxinus excelsior-hl	1
Abies alba-t1	2a	Fraxinus excelsior-t1	+
Acer platanoides-hl	r	Galium odoratum	+
Acer pseudoplatanus-hl	1	Hedera helix-hl	+
Acer pseudoplatanus-s1	+	Melica nutans	r
Anemone nemorosa	1	Melica uniflora	1

Tabelle 2 Fortsetzung

Dentaria heptaphylla	3	Mercurialis perennis	3
Euphorbia amygdaloides	r	Polygonatum multiflorum	+
Fagus sylvatica-hl	1	Rubus fruticosus agg.-hl	+
Fagus sylvatica-s1	+	Ulmus glabra-s1	r
Fagus sylvatica-t1	5	Viola reichenbachiana	+
Fragaria vesca	r		

=> Relevé number: 13

Cover abundance scale : Braun/Blanquet (new)

Orig. relevé nr: 35

Abies alba-hl	1	Fagus sylvatica-s1	2a
Abies alba-t1	3	Fagus sylvatica-t1	2a
Acer platanoides-hl	1	Fissidens taxifolius	+
Acer platanoides-s1	+	Fraxinus excelsior-hl	2m
Acer pseudoplatanus-hl	2a	Fraxinus excelsior-t1	+
Acer pseudoplatanus-s1	+	Hedera helix-hl	2m
Anemone nemorosa	1	Lamium galeobdolon agg.	2a
Arum maculatum	1	Paris quadrifolia	1
Athyrium filix-femina	+	Polygonatum multiflorum	+
Atrichum undulatum	+	Primula elatior	r
Carpinus betulus-s1	+	Quercus petraea-hl	1
Carpinus betulus-t1	2b	Quercus petraea-t1	+
Circaea lutetiana	2m	Ranunculus ficaria	+
Corylus avellana-s1	+	Rubus species-hl	r
Dryopteris filix-mas	+	Tilia platyphyllos-s1	+
Euonymus europaea-hl	r	Ulmus glabra-s1	+
Fagus sylvatica-hl	1	Viola reichenbachiana	1

=> Relevé number: 49

Cover abundance scale : Braun/Blanquet (new)

Orig. relevé nr: 133

Acer campestre-hl	1	Ilex aquifolium-s1	+
Ajuga reptans	+	Lathyrus niger	+
Anemone nemorosa	2m	Luzula pilosa	r
Avenella flexuosa	2a	Melica uniflora	3
Brachypodium sylvaticum	+	Mercurialis perennis	r
Brachythecium velutinum	+	Mycelis muralis	1
Bromus benekenii	1	Neottia nidus-avis	r
Bromus erectus	r	Phyteuma spicatum	2m
Calamintha clinopodium	+	Plagiomnium affine + ellipticum	2a
Campanula persicifolia	1	Poa nemoralis	2m
Campanula rotundifolia	1	Poa pratensis	+
Carex montana	1	Prunus avium-hl	r
Cephalanthera rubra	+	Pulmonaria obscura	r
Crataegus monogyna agg.-s1	+	Rosa arvensis-hl	+
Dactylis glomerata agg.	+	Sanicula europaea	+
Epipactis helleborine	+	Solidago virgaurea	2a
Euphorbia amygdaloides	+	Sorbus aria-hl	+
Fagus sylvatica-hl	1	Tanacetum corymbosum	1
Fagus sylvatica-t1	4	Ulmus glabra-hl	r
Galium odoratum	2m	Valeriana officinalis agg.	+
Galium sylvaticum	2m	Veronica chamaedrys	1
Hedera helix-hl	2m	Veronica officinalis	+
Hieracium sylvaticum	1	Vicia sepium	1
Homalothecium lutescens	+	Vinca minor	2m
Hypnum cupressiforme var. lacunosum	2a	Viola reichenbachiana	2°

1. Schritt: Erstellen einer *Species Checklist*

Die Verschlüsselung der Artnamen (*abbreviations of species names*), die von TURBOVEG durchgeführt wird, muss von JUICE verstanden werden, um in der Tabelle die Abkürzungen wieder in vollständige Artnamen umwandeln zu können. Hierzu braucht JUICE eine *checklist*, die in Textform aus TURBOVEG exportiert werden kann.

Exportfunktion in TURBOVEG: MANAGE >>> SPECIES LIST >>> EDIT >>> *Germany* oder beliebige andere Liste öffnen >>> EXPORT >>> LIMITED LIST FOR JUICE...

Hier einige Beispiele für das Format des Species checklist:

```
6458ABIE-SPAbies species
    1ABIEALBAbies alba
.....
14ACERPLAAcer platanoides
    15ACERPSEAcet pseudoplatanus
.....
```

Wir verwenden im folgenden die bereits erstellte checklist: **Taxa_d.txt**.

2. Schritt: Export von Tabellen- und Kopfdaten aus TURBOVEG

Sic! Die folgenden Exportfunktionen können nur angesteuert werden, wenn zuvor eine Selektion erfolgt ist!

Markieren der Datensätze, die aus TURBOVEG exportiert werden sollen:

(a) falls nur einzelne Aufnahmen selektiert werden sollen, muss jeweils eine Aufnahme aktiviert sein (blau hinterlegt), dann SELECT >>> (De)select current relevé (gelb hinterlegt); diesen Vorgang wiederholen, bis alle gewünschten Aufnahmen markiert (gelb hinterlegt) sind.

(b) falls alle Aufnahmen selektiert werden sollen: SELECT >>> select all relevés of current database (alle Aufnahmen sind gelb hinterlegt).

Der eigentliche Datenexport kann nun beginnen. Es gibt zwei Möglichkeiten des Datenexports.

- a) Es werden zwei getrennte Dateien nacheinander erzeugt (diese Methode wird in der Hilfefunktion von JUICE erläutert):

Erstens: einen *Cornell condensed species file*, in dem die Tabellendaten enthalten sind (Arten mit Deckungsgrade) über: EXPORT >>> Cornell condensed species file.

Legen Sie den Zielordner fest (target directory), in den Ihre Exportdatei gespeichert werden soll und vergeben Sie als Namen für den output file **kurs127.cc!** Für weitere Erläuterungen zu den einzelnen Abfragefeldern der Registerkarte nutzen Sie bitte die TURBOVEG-Dirkethilfe.

Zweitens: eine Kopfdatendatei über: EXPORT >>> User defined header data file. Die beiden Dateiname im SDF-Format müssen denselben Namen tragen wie die *.cc! Datei, also: **kurs127.exp** und **kurs127.str** und in demselben Ordner abgelegt werden.

- b) Es gibt aber auch noch eine einfachere Methode, die bisher nicht in JUICE erläutert wird. Hier werden die drei Dateien ***.cc!**, ***.exp** und ***.str** gleichzeitig

erzeugt und automatisch in ein gemeinsames Verzeichnis, das Sie wiederum selbst festlegen müssen, eingelesen:

EXPORT >>> Export to JUICE input files.

Bitte geben Sie auch hier wieder als Namen **kurs127** an und speichern Sie die Dateien in Ihr Arbeitsverzeichnis.

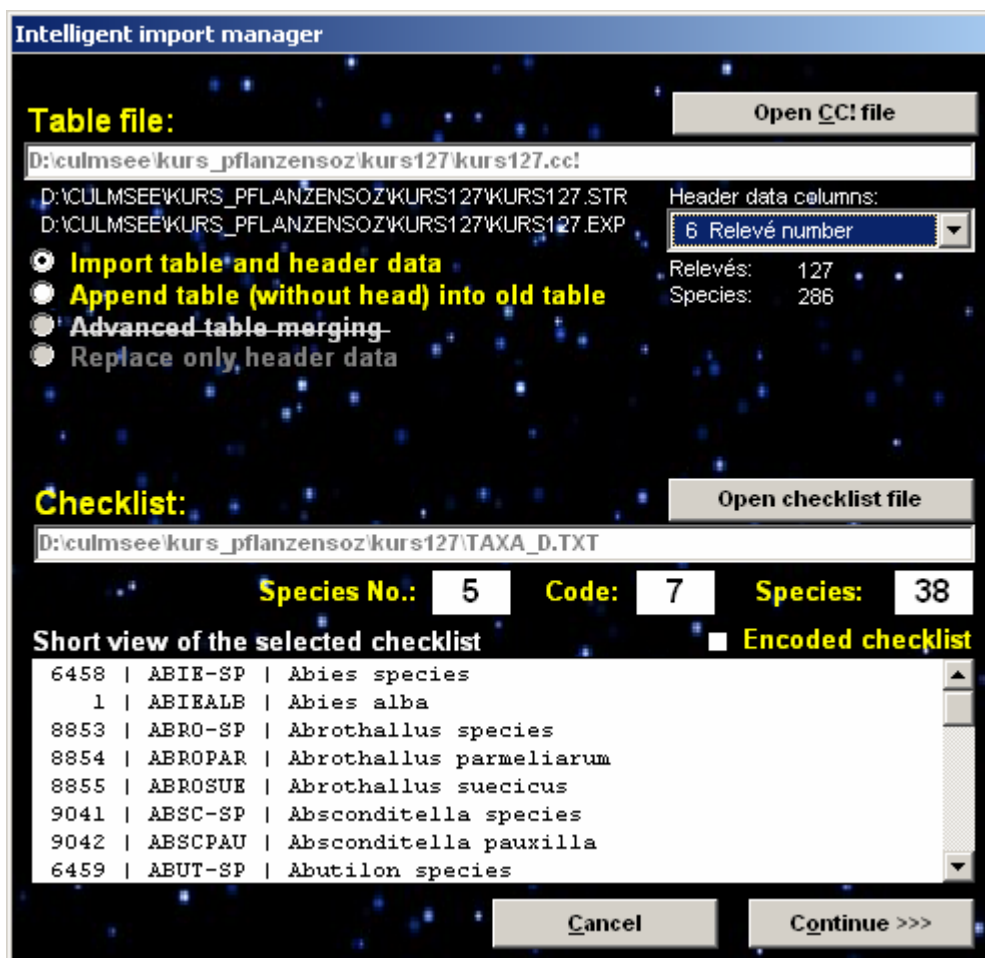
Die Kopfdaten (header data), die Sie mit exportieren wollen, müssen Sie zuvor auswählen.

Über *Load* und *Save* können Sie zuvor benutzte Kopfdatenkombinationen abrufen bzw. die jetzt ausgewählten Kopfdaten als Kombination speichern.

3. Schritt: Datenimport in JUICE

In JUICE erfolgt der Datenimport über: FILE >>> IMPORT >>> TURBOVEG

Es öffnet sich die *Intelligent import manger* Registerkarte:



Suchen Sie die CC! Datei **kurs127.cc!** in Ihrem Arbeitsverzeichnis und importieren Sie die Checklist **Taxa_d.txt**. In dem unteren Sichtfeld können Sie überprüfen, ob die Checklist richtig dargestellt ist. Sollte dies nicht der Fall sein, ist die falsche Checklist geladen.

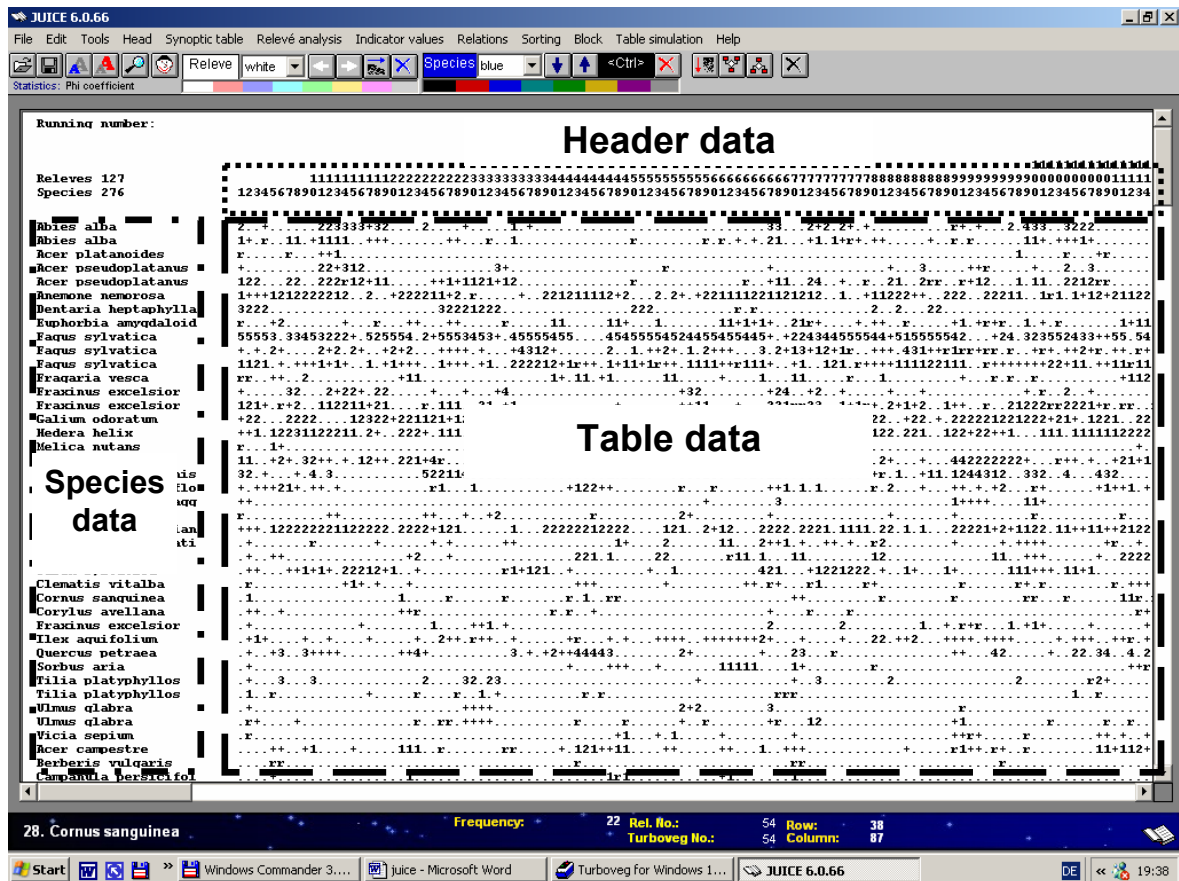
Setzen Sie den Datenimport über CONTINUE >>> fort. Sie sehen bereits im Hintergrund die in JUICE erzeugte Tabelle. Speichern Sie diese in dem programmeigenen Tabellenformat ***.wtc** als **kurs127.wtc**.

Achtung! Anders als in TURBOVEG, in dem das Programm selbst ständig nachspeichert, müssen Sie in JUICE Ihre Daten regelmäßig über die **Save**-Funktion sichern. Dies ist insbesondere deshalb empfehlenswert, da sich das Programm noch in der Entwicklung befindet und es immer noch zu unvorhersehbaren Programmabstürzen kommen kann. **Deshalb: wichtige Zwischenstände immer abspeichern!**

3. Parameter für das Erscheinungsbild der Arbeitsfläche festlegen

“The JUICE program can easily manage and analyse your phytosociological data. As you will learn, general orientation in large data sets in JUICE is easy and fast. Currently the limits of the program are **30.000 relevés** and **5.000 species.**”

Das Arbeitsfenster ist in drei Einheiten eingeteilt: **Tabellenkopf** (relevé head; gepunkteter Kasten), **Artenliste** (species names; gestrichelt-gepunkteter Kasten) und den **eigentlichen Datensatz** (proper table data; grob gestrichelter Kasten).



Wichtige Grundfunktionen:

The menu EDIT >>> + or - SPECIES NAME LENGHT allows to change length of species strings at the left part of the table.

The text size can be changed from menu FILE >>> TEXT SIZE (oder die Symbolleite).

Über TOOLS >>> LAYER VIEW können die zugehörigen **Schicht-Klassen angezeigt** werden. Für unsere Schönberg-Aufnahmen wurden die in **Tabelle 3** aufgelisteten Schichtklassen verwendet:

Tabelle 3: Schichtung (layers)

für die pflanzensoziologischen Aufnahmen am Schönberg erfolgten die Angaben einer Schicht nur für Phanerophyten (Bäume und Sträucher)(z.B. *Fagus sylvatica*: 1 in der Baumschicht, 4 in der Strauchschicht, 6 in der Krautschicht). Alle anderen Arten, für die keine Schichtzuordnung vorgenommen wurde (= Kategorie 0) sind in der Krautschicht einzuordnen.

Schicht-Kategorien nach TURBOVEG:

- 0 - No layer
- 1 - Tree layer (high) [t1]
- 2 - Tree layer -middle- [t2]
- 3 - Tree layer -low- [t3]
- 4 - Shrub layer (high) [s1]
- 5 - Shrub layer -low- [s2]
- 6 - Herb layer [h1]
- 7 - Juvenile [j1]
- 8 - Seedling (< 1 year) [s1]
- 9 - Moss layer [m1]

Anzeigen der Schätzskala

Alle Werte der Datentabelle werden im Computer Memeroy als percentage values (Prozentwerte) mit äquivalenten ASCII Codes gespeichert. Diese Prozentwerte werden anhand von *True Type Fonts*, die bei der Installation von JUICE mit installiert werden, korrekt visualisiert.

Derzeit können über EDIT >>> SCALE folgende Skalen angezeigt werden:

- Braun-Blanquet old scale (r, +, 1, 2, 3, 4, 5)
- a combination of Braun-Blanquet old and new scale (r, +, 1, 2, m, a, b, 3, 4, 5)
- Advanced font with Braun-Blanquet old scale can display presence of more abundant species in species groups included directly into the table.

Mögliche Fehlerquellen: diese zusätzlichen Schriften werden oftmals nicht korrekt bei der Installation von JUICE (vor allem der älteren Versionen) mit installiert. Sie müssen dann nachinstalliert werden. Siehe die Homepage **troubleshooting**.

Farbige Markierungen:

Von JUICE werden acht verschiedene Farben in drei *combo boxes* (relevés colour, species colour, advanced species colour) angeboten.

Über die Symbolleiste sind zunächst einmal die Farben direkt erhältlich, mit denen Arten (Zeilen) mit farbiger Schrift versehen bzw. Aufnahmen (Spalten) farbig unterlegt werden können. Die *Advanced Species colours* sind in der Box mit der Inschrift <CTRL> abrufbar (Erläuterungen s. Kapitel 5). Die Markierung erfolgt mit der rechten Maustaste, die Markierung kann über das jeweilige Kreuzsymbol wieder aufgehoben werden. Die

Advanced species colours können mit einem Doppelklick auf das Kreuz aufgehoben werden.

Mit Hilfe der Farbmarkierung können folgende Arbeitsschritte durchgeführt werden: Bewegen, Sortieren, Aggregieren von Arten und Aufnahmen. Die kombinierte Benutzung mehrerer oder aller Farben wird insbesondere für die Datenanalyse empfohlen.

4. Mark/move taxa/relevés (Mausfunktionen)

Verschieben, sortieren, aggregieren und löschen von Aufnahmen oder Arten kann auf verschiedene Weisen durchgeführt werden:

- a) mit der Maus
- b) über die Symbolleite
- c) durch farblich differenzierte Blöcke über das Menü.

Die Maus ist mit verschiedenen linken und rechten Tastenfunktionen belegt, je nachdem auf welcher Position des JUICE-Formats oder der Tabelle der Zeiger sich befindet.

Für die Normalansicht gelten folgende Maus-Regeln (s. weitere bei Synoptische Tabellen und Editierung von Header Data):

The cursor is in the header

Left button	Click	Highlight and select current relevé
Left button	Double click	Display list of species in actually selected relevé and save selected relevé in the text form to the clipboard
Left button	Click and draw	Move currently selected relevé
Shift+left button	Click	Make/remove separator line on the right side of the currently selected relevé
Right button	Click	Repaint currently selected relevé by current relevé colour
Shift+right button	Click	Repaint block of species by selected species colour (click on the leftmost relevé to be selected by right mouse button and repaint it by selected relevé colour; press Shift; click on the rightmost relevé in expected block by right mouse button the entire relevé interval will be repainted)

The cursor is in the table part with species names

Left button	Click	Highlight and select current species
Left button	Click and draw	Move currently selected species
Right button	Click	Repaint currently selected species by current species colour
Ctrl + right button	Click	Repaint currently selected species by advanced species colour
Shift + right button	Click	Repaint block of species by selected species colour (click on the first species to be selected by right mouse button and repaint it by selected species colour; press Shift; click on the last species in expected block by right mouse button the entire relevé interval will be repainted)

The cursor is in the proper table data

Left button	Click	Highlight and select current species and relevé
Left button	Double click	Display short list of species in current relevé and save it into the computer Clipboard
Right button	Click	Repaint currently selected species by current species colour
Ctrl + right button	Click	Repaint currently selected species by advanced species colour
Shift + right button	Click	Repaint block of species by selected species colour (click on the first species to be selected by right mouse button and repaint it by selected species colour; press Shift; click on the last species in expected block by right mouse button the entire relevé interval will be repainted)

5. Manuelle Editierung von Artenlisten

Nomenclature is a basic problem of phytosociological tables. Even with a standard species list such as that used in TURBOVEG, further unification of nomenclature is often necessary due to differences in species delimitation by different authors (e.g. records of species both sensu lato and sensu stricto contained in a single table). JUICE has some tools for species aggregation and manipulation:

1. Open the table.
2. Select menu SORTING and SORT SPECIES ALPHABETICALLY and ALL...
3. Select Species colour and Advanced species colour for different selection of species to be aggregated and to be deleted.
4. Mark all species, which should be aggregated into one species (press CTRL and right mouse button). Press CTRL+L or select menu BLOCK and MERGE <selected> SPECIES... . Confirm name and layer of the new aggregated species. All the species contained in the resulting aggregated species are automatically deleted from the dataset. Sometimes it may be advantageous to return some of the deleted species into the table, which can be done with the function EDIT and UNDELETE SPECIES.

6. Tabellen sortieren

Tabellen können auf zwei Weisen sortiert werden: Sortierung von Arten nach Aufnahmen (Zeilen) und Sortierung von Aufnahmen nach Arten (Spalten).

Acht verschiedene Farben unterstützen eine partielle Sortierung von Zeilen und Spalten.

Vorgehen: Arten sortieren (species sorting)

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

Achtung: diese Funktion kann u. U. zu einem Laufzeitfehler mit Programmabsturz führen.

Relevé sorting can be run in a similar way – select relevé colour and mark the relevés to be sorted; select species colour, and mark the species by which the marked relevés should be sorted, and run the function.

Other sort functions

Functions **SORT SPECIES ALPHABETICALLY** and **SORT SPECIES BY LAYERS** perform alphabetical sorting and sorting by layers (e.g. tree layer, shrub layer, etc.). An information about layer can be displayed from the menu SORTING and LAYER VIEW. An other way how to highlight different layers by selected colours is stored in the menu BLOCK and MARK LAYERS.

DEPENDENCE SORTING is a function which uses **interspecific associations** as the main sorting criterion. Interspecific associations between all possible pairs of species are calculated as u-values. For every species average values of selected fidelity measure of the three (five or ten) most similar species are indicated, and the dataset is subsequently sorted by these average values.

7. Kopfdaten (Header Data)

Header part of the table window can display six vertically sorted characters for each relevé. Three possibilities in the menu HEAD allows to display a relevé head as RUNNING NUMBER (Numbers loaded from CC! file), TURBOVEG NUMBER or GROUP NUMBER (according to sequence of separators). EXTENDED HEAD function displays header data selected through export from TURBOVEG.

Mausfunktionen:

The Cursor is in the Text Window (Extended Head)

Left button	Click	Highlight and select current relevé header
Right button	Click	Repaint selected relevé header by selected relevé colour
Right button	Click and drag	Repaint selected block of relevé headers by selected relevé colour
Shift + right button	Click	Repaint block of relevé headers by currently selected relevé colour from the lowermost relevé of the same colour to the selected relevé

8. Synoptische Tabellen

Synoptische Tabellen können über das Menü SYNOPTIC TABLE erstellt werden. Die verschiedenen synoptischen Formate werden durch anklicken aktiviert und durch wiederholtes Anklicken wieder deaktiviert.

Um die Werte für die verschiedenen Einheiten getrennt berechnen zu können, müssen die verschiedenen Typen voneinander getrennt werden. Dies erfolgt über **Separatoren**. Separatoren werden folgendermaßen gesetzt: in den Header Data zwischen zwei Aufnahmeummern, die durch Separatoren getrennt werden sollen mit SHIFT + LINKE MAUSTASTE klicken. Einzelne Separatoren können durch nochmaliges Klicken mit SHIFT + LINKE MAUSTASTE wieder entfernt werden. Alle Separatoren werden durch das Anklicken des am äußersten rechten Rand stehenden Kreuzes in der Symbolleiste entfernt.

Different types of synoptic tables can be displayed with the results of TWINSPAN, COCKTAIL or user-defined classifications. Subsequent fidelity sorting allows the creation of structured tables with a hierarchy of diagnostic species.

8.1 Treuegrad / Fidelity measures

Treuegrad = fidelity

Die Bedeutung der Pflanzenarten für die einzelnen Gesellschaften wird durch den spezifischen Bindungsgrad charakterisiert. Die verschiedenen Stufen der Gesellschaftszugehörigkeit können dabei durch folgende Treuegrade, jeweils bezogen auf eine Gesellschaft, wiedergegeben werden (aus Kratochwil & Schwabe 2001):

- **treu** (exklusiv, „selective“)
- **fest** (mit deutlichem Schwerpunkt, „preferential“)
- **hold** (mit gewissem Schwerpunkt, aber in mehreren Gesellschaften)
- **vag** („indifferent“)
- **fremd** („strange“)

Das Erkennen dieser Merkmale ist nur über einen großräumigen Vergleich möglich. Charakterarten haben deutliche Schwerpunkte in einer Pflanzengesellschaft (zu weiteren Eigenschaften von Charakterarten s. Bergmeier et al. 1990).

Weiter nach Tichy:

Fidelity is the concentration of species occurrence in vegetation units. In fidelity calculations, we count each relevé in which the species is present as an occurrence of the species, disregarding any information about its abundance or density. We compare the distribution of these occurrences within the data set to what would theoretically be expected if such occurrences were independent of the vegetation unit the relevé is taken from. Species occurring mostly in the vegetation unit but rare or absent outside have a high positive fidelity value, whereas species absent in the vegetation unit but frequent outside have negative fidelity value.

Several measures of fidelity (Chytrý, Tichý & Holt, submitted) are available in JUICE. They include chi-square (Sokal & Rohlf 1995), G statistic of the likelihood ratio test (Sokal & Rohlf 1995; Botta-Dukát & Borhidi 1999), u value (Bruehlheide 1995, 2000) which is calculated for two forms of the binomial model and for hypergeometric model, Fisher's

exact test (Sokal & Rohlf 1995), and phi coefficient (Sokal & Rohlf 1995). Chi-square, G statistic, and u value can be calculated both as adjusted, i.e. corrected for continuity, or unadjusted. Continuity correction is particularly recommended when working with small datasets or with vegetation units or species which have few occurrences in the dataset.

Chi-square and G statistic range from zero to infinity. Square-roots of these measures are used in the program. In case of negative fidelity, the program adds the minus sign, in case of positive fidelity the plus sign. The value of u has negative values in case of negative fidelity and positive value in case of positive fidelity. It is close to zero in case of species independence of the vegetation unit. Fisher's exact test calculates probability of species occurrence being concentrated in the vegetation unit. Fidelity is inversely proportional to this probability. In phytosociological datasets, the probabilities are often very close to zero, therefore $-\log$ of the probabilities is calculated in JUICE. While the values of the above mentioned measures increase with the increasing dataset size, phi coefficient is independent of the total number of relevés in the dataset. It ranges from -1 to $+1$, and can be used for comparing fidelity values obtained from datasets of different size.

Default options in JUICE include adjusted u value for hypergeometric model and phi coefficient. Note that only u values > 2 are statistically significant, so lower values should not be given ecological interpretation; species with u values for particular vegetation unit lower than 2 should not be considered as diagnostic. As the u value increases with the dataset size; lower u values are particularly attained in small datasets (in very small datasets, the highest u values may not exceed 2). Thus, u value is important if we want to control statistical significance of fidelity. In cases where we are interested in comparing fidelities calculated in datasets of different size, it is better to use phi coefficient. For further details of fidelity measures we refer to Chytrý, Tichý & Holt (submitted).

8.2 Darstellung synoptischer Tabellen / Synoptic table display

Häufig wird für die Sippen-Stetigkeit folgende Skala verwendet (Dierschke 1994):

V	80-100%
IV	60-80%
III	40-60%
II	20-40%
I	>0 -20% (oder weiter untergliedert in: I = 10-20%, + = 5-10%, r = bis 5%)

The program supports calculation of synoptic columns as percentages (1–100 %), classes (I, II, III, IV, V), maximum cover values (1–100 %) and fidelity (different measures).

The first three options are standard formats of synoptic table display used in phytosociological literature. However, the presentation of synoptic table with fidelity allows species sorting by fidelity, which may be more informative than frequency. In such a way diagnostic species of vegetation units can be identified. In the case of negative fidelity, species is indicated by ---; dots denote missing species, as in the case of traditional synoptic tables with frequencies.

8.3 Species sorting in a synoptic column

Synoptic tables are usually sorted so that species with high frequency or fidelity in particular columns (vegetation units) are placed together, to form groups of diagnostic species. In traditional synoptic tables, these species are usually sorted by decreasing

frequency in the vegetation units; JUICE includes a procedure of fidelity sorting, which ranks the species by decreasing fidelity, i.e. decreasing diagnostic capacity for particular vegetation units.

The sorting form appears after selecting SYNOPTIC TABLE and SPECIES SORTING IN SYNOPT. TABLE.

This form supports sorting of species with the currently selected colour, or of all the species in the table, by (a) species frequency, (b) fidelity or (c) maximum cover. The button Sort single column sorts only one synoptic column selected by horizontal scroll bar. The button Sort all data set prompts the user to fill in a threshold value of frequency, fidelity, or cover for the species to be sorted. Species not exceeding this threshold value are moved to the unsorted bottom part of the table.

Warning! This function repaints colours of all species.

8.4 Mausfunktionen in Synoptischen Tabellen

The Cursor is in the Header (Synoptic Table)

Left button	Click and Drag	Move selected synoptic column to another position
-------------	----------------	---

The Cursor is in the Species Names (Synoptic Table)

Left button	Click	Highlight and select current species
Left button	Click and drag	Move selected species
Right button	Click	Repaint currently selected species by current species colour
Ctrl + right button	Click	Repaint currently selected species by current advanced species colour
Shift + right button	Click	Repaint block of species by currently selected species colour from the lowermost species of the same colour to the selected species. Technique: Click on the first species by right mouse button and repaint it by selected species colour; press Shift; click on the last species in the expected species block by right mouse button the entire species interval will be repainted.

8.5 Analysis of synoptic table

Presence of diagnostic, constant (frequent), and dominant species can be detected in each synoptic column. From the menu SYNOPTIC COLUMN and ANALYSIS OF SYNOPTIC TABLE the respective form with three (initially empty) lists occurs. Fill in appropriate fidelity value, frequency and/or cover thresholds, choose the column to be analysed, then press Refresh to fill the list boxes below. To analyse the next vegetation unit, select the number of synoptic column by the horizontal scroll bar and press the Refresh button.

Contents of list boxes

The first list box displays diagnostic species whose fidelity is higher than the threshold written above the box.

The second list box displays constant species whose minimum percentage frequency is higher than the threshold shown. You can include or exclude diagnostic species in this list by clicking the check box below.

The third list box shows dominant species whose minimum cover value is higher than the threshold shown. The values next to the species name are the percentage frequency in the vegetation unit of relevés, in which the species cover is higher than the threshold.

Quality of delimitation of vegetation unit

This function calculates the average of positive fidelity values for all species of the vegetation unit. This average is high if many species have their occurrence concentrated in the vegetation unit, and is relatively low if the vegetation unit mostly includes generalist species with a broad ecological range. The function is called from the menu SYNOPTIC TABLE and AVERAGE FIDELITY.

Synoptic table with validity

This advanced function shows synoptic tables with percentage frequencies or frequency categories, with all species with fidelities higher than a selected threshold indicated by an asterisk. The function is called from the menu SYNOPTIC TABLE and PERCENTAGE WITH VALIDITY or CATEGORIES WITH VALIDITY. Enter an appropriate u-value threshold, which will depend on the maximum u-value shown.

9. TWINSPAN

TWINSpan (two way indicator species analysis) ist ein numerisches Verfahren zur pflanzensoziologischen Klassifikation.

Numerische Verfahren sind **objektiv** in dem Sinne, dass sie wiederholbar sind. Ein in der Pflanzensoziologie angewandtes numerisches Klassifikationsverfahren gruppiert immer Individuen oder Quadrate nach bestimmten Regeln. Mit einem bestimmten Datensatz, auf den ein bestimmtes numerisches Verfahren angewendet wird, wird man also immer zum gleichen Ergebnis kommen. Das subjektive Element in der Vegetationsklassifikation wird dabei ausgeschlossen.

Verschiedene numerische Methoden führen zu verschiedenen Ergebnissen mit demselben Datensatz. Diese Unterschiede beruhen auf verschiedenen mathematischen Eigenschaften der einzelnen Methoden. Es besteht daher zwar eine Objektivität aufgrund der Wiederholbarkeit der einzelnen Verfahren, trotzdem gibt es aber keine einzigartige Lösung und nicht die einzig richtige Lösung bei der Klassifikation eines Datensatzes.

Verschiedene Klassifikationsmethoden, die in der Vegetationskunde zur Anwendung kommen (aus Kratochwill & Schwabe 2001):

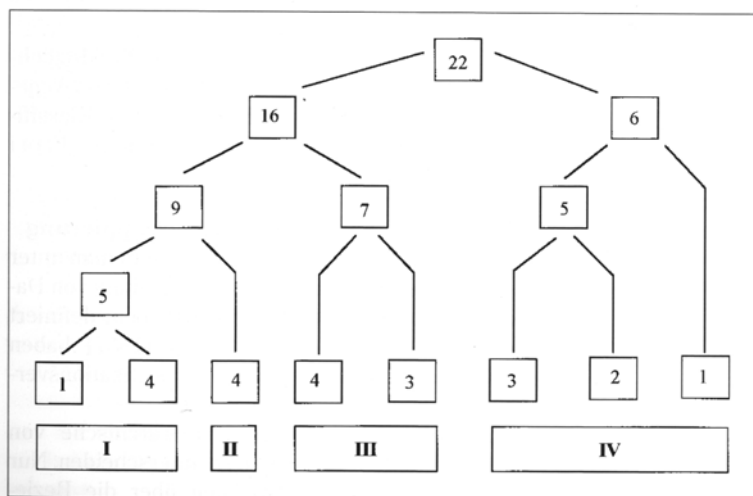


Abb. 5.18: Dendrogramm der TWINSpan-Tabelle (nach Tab. 5.16): I: Xerobrometum, II: Mesobrometum, III: Arrhenatheretum, IV: Molinietum; arabische Zahlen in den Kästen: Anzahl der Aufnahmen.

Beispiele für einen mit TWINSPAN klassifizierten Datensatz (aus Kratochwil & Schwabe 2001):

Tab.5.16: Beispiel einer TWINSPAN-Tabelle (two-way indicator species analysis): 1-5 = Xerobrometum, 6-9 = Mesobrometum; vermittelnde Ausbildung zum Xerobrometum mit *Sedum sexangulare* (Milder Mauerpfeffer, Crasulaceae) und *Echium vulgare* (Natternkopf, Boraginaceae); die Grenze ist nicht sehr deutlich, 16-22 = Arrhenatheretum, 10-15 = Molinietum; nach Aufnahmen von SCHALL & LUTZ (1982) aus dem Naturschutzgebiet „Taubergießen“, Südliche Oberrheinebene (s. auch Kasten 5.6).

Die Nummern der Aufnahmen stammen aus einer konventionell geordneten Tabelle. Alle Einheiten wurden auch von TWINSPAN – entsprechend der konventionellen Gliederung – zugewiesen, lediglich innerhalb der „Blöcke“ 1 bis 5, 6 bis 9 usw. ist die Reihenfolge anders gewählt worden. Das Molinietum wurde hinter das Arrhenatheretum gestellt.

	21345	6789	1122112	111111		21345	6789	1122112	111111
			6802791	123450				6802791	123450
<i>Festuca ovina</i>	32222	2-33	2-2-2	-2	<i>Tragopogon pratensis</i>	---	---	2-22222	---
<i>Anthyllis vulneraria</i>	---22	-3-	---	---	<i>Trisetum flavescens</i>	---	-22	2222222	---
<i>Arenaria serpyllifolia</i>	---	-2-	---	---	<i>Achillea millefolium</i>	---	---	2222	---
<i>Centaurea scabiosa</i>	---	---2	---	---	<i>Allium vineale</i>	---	---	-2	---
<i>Cirsium arvense</i>	---	2---	---	---	<i>Avena pubescens</i>	---	---	2222-2	---
<i>Dianthus carthusianorum</i>	22-2	2222	---	---	<i>Campanula rotundifolia</i>	---	---	-2	---
<i>Echium vulgare</i>	2---	222-	---	---	<i>Crepis biennis</i>	---	---	-2	---
<i>Heracleum sphondylium</i>	---	1	---	---	<i>Ononis spinosa</i>	---	---	2	---
<i>Hippocrepis comosa</i>	22222	2223	---	---	<i>Primula veris</i>	---	---	-22	---
<i>Koeleria macrantha</i>	-2	2222	-2	-2	<i>Rhinanthus alectoroloph.</i>	---	---	2222-22	---
<i>Medicago x varia</i>	---	-2	---	---	<i>Veronica chamaedrys</i>	---	---	-22-2	---
<i>Ophrys holoserica</i>	---2	12-2	---	---	<i>Festuca pratensis</i>	---	---	2222222	---
<i>Ophrys militaris</i>	-1-1-	2212	---	---	<i>Anthoxanthum odoratum</i>	---	-2	2-22222	-2
<i>Orchis ustulata</i>	---	---2	---	---	<i>Brachypodium pinnatum</i>	---	---	2-2	---
<i>Platanthera bifolia</i>	---	1	---	---					
<i>Prunella grandiflora</i>	---	-2	---	---	<i>Cirsium tuberosum</i>	-1	---	2222222	22-2-2
<i>Sedum sexangulare</i>	22222	2222	---	---	<i>Taraxacum officinale</i>	---	-1	-2-2-1	1-2
<i>Senecio jacobaea</i>	-1	112	---	---	<i>Trifolium campestre</i>	---	---	-2	-2
<i>Silene vulgaris</i>	---	2---	---	---	<i>Centaurea jacea</i>	2	-2	-222-22	-2-1
<i>Thymus pulegioides</i>	22222	2222	-2	---	<i>Holcus lanatus</i>	---	2	2322222	22-2
<i>Allium scorodoprasum</i>	1	---	---	---	<i>Ranunculus nemorosus</i>	---	-2	22-2222	22-2
<i>Asperula cynanchica</i>	2222-	---2	---	---	<i>Rhinanthus minor</i>	---	-2	2-222-	2
<i>Carex caryophylla</i>	22222	-2	---	---					
<i>Euphorbia cyparissias</i>	-222-	---2	---	---	<i>Lotus corniculatus</i>	2222-	2222	2-22222	22-222
<i>Euphorbia seguieriana</i>	-22-2	-22	---	---	<i>Trifolium pratense</i>	---1	22-2	3-22223	22-2
<i>Globularia punctata</i>	-2222	---	---	---	<i>Poa pratensis</i>	2	---	2222-2	2222-
<i>Helianthemum obscurum</i>	22222	-2	---	---					
<i>Hieracium pilosella</i>	222-2	-22-	-2	---	<i>Prunella vulgaris</i>	---	---	-2	-2
<i>Hypericum perforatum</i>	-2	---	---	---	<i>Equisetum arvense</i>	---	---	-222	-2-2
<i>Ophrys sphegodes</i>	---21	-1-	---	---	<i>Lathyrus pratensis</i>	---	---	-2-222	222222
<i>Potentilla heptaphylla</i>	-2-2-	---	---	---	<i>Trifolium repens</i>	---	---	-2-22	22-2
<i>Potentilla tabernaemontani</i>	22222	-22	---	---	<i>Vicia cracca</i>	---	---	-2-2-2	222222
<i>Prunus spinosa</i> juv.	-222-	---	---	---	<i>Carex flacca</i>	22	---	---	323222
<i>Teucrium montanum</i>	2-22-	---	---	---					
<i>Viola hirta</i>	-12-	---	---	---	<i>Colchicum autumnale</i>	---	---	-2	221222
					<i>Galium verum</i>	---	---	---	-2
<i>Polygala comosa</i>	-2222	22-2	22	-2	<i>Gymnadenia conopsea</i>	---	---	---	-2
<i>Quercus robur</i> juv.	11121	---	---	11	<i>Ophioglossum vulgatum</i>	---	---	---	1-22-
<i>Daucus carota</i>	-22-	2-22	2	-222	<i>Parnassia palustris</i>	---	---	---	-2
<i>Linum catharticum</i>	222-	2222	2-2	-21	<i>Valeriana dioica</i>	---	---	---	222232
<i>Pimpinella saxifraga</i>	212-	2222	-22	-222	<i>Allium angulosum</i>	---	---	---	222-
<i>Scabiosa columbaria</i>	---	-2-1	---	-2	<i>Calamagrostis epigejos</i>	---	---	---	-22-2
<i>Bromus erectus</i>	32322	2222	3232222	---	<i>Carex acutiformis</i>	---	---	---	223223
<i>Dactylis glomerata</i>	222-2	2222	2222222	---	<i>Carex panicea</i>	---	---	---	222222
<i>Plantago lanceolata</i>	22222	2222	22-2222	---	<i>Carex tomentosa</i>	---	---	---	222222
<i>Salvia pratensis</i>	22222	2222	222-222	---	<i>Dactylorhiza incarnata</i>	---	---	---	2-2
<i>Sanguisorba minor</i>	2222-	-222	2222-22	---	<i>Deschampsia cespitosa</i>	---	---	---	222222
<i>Briza media</i>	22-22	2222	2-22222	22	<i>Epipactis palustris</i>	---	---	---	22222-
<i>Chrysanthemum leucant.</i>	-2212	2222	2222222	---	<i>Equisetum palustre</i>	---	---	---	222222
					<i>Festuca arundinacea</i>	---	---	---	22
<i>Festuca rubra</i>	---	-2-	---	-2-2	<i>Juncus articulatus</i>	---	---	---	2
<i>Koeleria pyramidata</i>	2	-2-2	2-2-222	---	<i>Lysimachia vulgaris</i>	---	---	---	-22-2
<i>Medicago lupulina</i>	222-2	-2-2	2-22323	---	<i>Lythrum salicaria</i>	---	---	---	222-2
<i>Vicia angustifolia</i>	---	2-2	-22-22	---	<i>Mentha aquatica</i>	---	---	---	-222-2
<i>Cerastium holosteoides</i>	---	2222	2222-2	---	<i>Molinia arundinacea</i>	---	---	---	233332
<i>Plantago media</i>	-22-	22-2	2222-22	---	<i>Phragmites australis</i>	---	---	---	222222
<i>Arrhenatherum elatius</i>	---	-22	2223222	---	<i>Potentilla erecta</i>	---	---	---	222222
					<i>Sanguisorba officinalis</i>	---	---	---	222222
<i>Corylus avellana</i> juv.	---	---	---	1	<i>Selinum carvifolia</i>	---	---	---	22-2-2
<i>Knautia arvensis</i>	---	---	-2-22-	---	<i>Solidago gigantea</i>	---	---	---	-1-1-
<i>Pastinaca sativa</i>	---	---	-22	---	<i>Stachys officinalis</i>	---	---	---	-2
<i>Phyteuma o. tenerum</i>	---	---	-222	---	<i>Succisa pratensis</i>	---	---	---	222-2
<i>Ranunculus acris</i>	---	---	2	---	<i>Trifolium montanum</i>	---	---	---	22-2
<i>Silaum silaus</i>	---	---	2	---	<i>Galium palustre</i>	---	---	---	2-2
<i>Trifolium dubium</i>	---	---	22	---	<i>Lysimachia nummularia</i>	---	---	---	2-2
<i>Ajuga reptans</i>	---	---	22-2222	---	<i>Agrostis stolonifera</i>	---	---	---	-2
<i>Galium album</i>	---	---	2222222	---	<i>Carex gracilis</i>	---	---	---	-2
<i>Leontodon hispidus</i>	---	---	2222222	---	<i>Carex spicata</i>	---	---	---	-2
<i>Poa trivialis</i>	---	---	-222222	---	<i>Juncus compressus</i>	---	---	---	-2
<i>Senecio erucifolius</i>	---	---	2-2-	---	<i>Lychnis flos-cuculi</i>	---	---	---	-2
					<i>Symphytum officinale</i>	---	---	---	-2

TWINSPAN (Hill 1979) is one of the classification utilities most widely used by phytosociologists and vegetation ecologists. This application is included as an external, free program managed by JUICE. Before running the program open the input form (menu RELATIONS and TWINSPAN), make sure the appropriate colour is set (you can TWINSPAN all relevés or a selected group), and specify the cut levels, minimum group size and maximum level of divisions (values of pseudospecies cut levels must be separated by one space). Check Species sorting if you want to have the species rearranged by TWINSPAN (we recommend that you sort species after running TWINSPAN by Synoptic table sorting). Check Make separators, if you want to show TWINSPAN groups. After pressing Run TWINSPAN a temporary Cornell condensed file is created and the TWINSPAN application is started. After classification is terminated JUICE loads the results and sorts the table. Standard TWINSPAN output and solution files (*.TWI and *.PUN) are created in the working directory. The solution file contains both sample and species classifications in a form which can be loaded into a database or statistics program for further analysis.

Warning! TWINSPAN is an external application. Any problems with TWINSPAN running, however, will not affect the JUICE program (JUICE only loads TWINSPAN results). In case of problems try to test the following:

- By switching keys CTRL + TAB make sure the TWINSPAN finished without problems.
- Control if selected relevés to be classified are repainted by the current colour.
- Finish program, delete JUICE.INI file (usually in c:\Program files\JUICE 4.1) and restart it from the program directory (the same one as mentioned). Run the application only by using installed icon.

10. Exports

The JUICE program allows you to export selected parts of tables, header data, latitude and longitude coordinates for the mapping program DMAP (Morton 2001), fidelity values for Interspecific associations of COCKTAIL group functions, Cornell condensed files, synoptic tables and average Ellenberg values. Generally, there are two export types. The first type uses ad hoc defined files, usually in *.TXT format. The second type uses *.RTF format into which you can make several exports of data of different type. This file remains open until you end your session or make a new selection under FILE and EXPORT and CURRENT FILE: <path and file name>.

Table export

- The table is exported into an *.RTF file to facilitate editing and presentation.
- Select relevé colour and mark the relevés to be exported
- Check the *.RTF file setting (menu FILE and EXPORT and CURRENT FILE: <any path and file name>)
- Press FILE and EXPORT and EXPORT TABLE
- Choose colour of relevés to be exported and frequency threshold for species to be placed below the table.
- If you want to change the cover scale used in the output file, double-click in the list box on any percentage value which needs a new character value and change the output character.

Synoptic table export

The full synoptic table can be exported into the *.RTF file for editing and presentation.

- Select relevé colour and mark the relevés to be exported
- Check the *.RTF file setting (menu FILE and EXPORT and CURRENT FILE: <any path and file name>)

- Display the table in the form of synoptic table (menu SYNOPTIC TABLE and PERCENTAGE or CATEGORIES)
- Press FILE and EXPORT and EXPORT SYNOPTIC TABLE

Export of all interspecific associations

Interspecific association (expressed as species-to-species fidelity value) can be calculated for all pairs of species present in the data set. Selected species and a list of the most associated species, sorted by decreasing fidelity, can be exported into *.RTF file. This procedure is repeated for all species in the data set whose frequency is higher than selected threshold.

- Select relevé colour and mark relevés to be exported
- Check the *.RTF file setting (menu FILE and EXPORT and CURRENT FILE: <path and file name >)
- Press FILE and EXPORT and EXPORT ALL INTERSPECIFIC ASSOCIATIONS
- Select the number of associated species to be exported and the frequency threshold for species to be considered. If you want to export all values set the first column to the maximum and second to the minimum value possible. The program will calculate interspecific associations for all species and export the species meeting the selected criteria, along with their fidelity values.

Table export in Cornell condensed format

A table modified by JUICE can be exported into a Cornell condensed file which is an input file for several other applications.

- Select relevé colour and mark relevés to be exported
- Press FILE and EXPORT and EXPORT CC! FILE FOR <colour> RELEVÉS and save the file.

Table header export

This function creates a text file with selected items. For example, latitude/longitude export can be used for automatic distribution mapping of relevés belonging to the same group.

- Select relevé colour and mark relevés to be exported
- Press FILE and EXPORT and EXPORT HEADER DATA FOR <colour> RELEVÉS
- Select header items to be exported (use mouse and CTRL or Shift button) and save the file.

Export of DMAP coordinates

The JUICE program can create the *.DIS and *.NAM files necessary for mapping with DMAP- (Morton 2001). There are three ways how to do this: (1) export species (and also saved species groups) of a selected colour, (2) relevés of a selected colour or (3) export the entire table. All variants of DMAP export are available in the menu FILE and EXPORT and EXPORT DMAP FILE.

Warning! The program is possible to run DMAP automatically in the case you have DMAP installed in the directory [C:\DMAPW](#).

Export of fidelity values

Synoptic tables PERCENTAGE, CATEGORIAL and FIDELITY VALUE can be saved into the selected RTF file and replaced into some text editor for final editing. Before export display the synoptic table in required form and then select FILE and EXPORT and EXPORT SYNOPTIC

TABLE. The synoptic table will be added into the current file (menu FILE and EXPORT and CURRENT FILE: <file name>).

11. References

Botta-Dukát, Z. & Borhidi, A. 1999. 1999. New objective method for calculating fidelity. *Ann. Bot. (Roma)* 57: 73–90.

Bruelheide, H. 1995. Die Grünlandgesellschaften des Harzes und ihre Standortsbedingungen. Mit einem Beitrag zum Gliederungsprinzip auf der Basis von statistisch ermittelten Artengruppen. *Diss. Bot.* 244: 1–338.

Bruelheide, H. 1997. Using formal logic to classify vegetation. *Folia Geobot. Phytotax.* 32: 41–46.

Bruelheide, H. 2000. A new measure of fidelity and its application to defining species groups. *J. Veg. Sci.* 11: 167–178.

Bruelheide, H. & Jandt, U. 1995. Survey of limestone grassland by statistically formed groups of differential species. *Coll. Phytosoc.* 23: 319–338.

Bruelheide, H. & Chytrý, M. 2000. Towards unification of the national vegetation classifications: a comparison of two methods for the analysis of large datasets. *J. Veg. Sci.* 11: 295–306.

Chytrý, M., Tichý, L. & Holt, J., submitted. On the fidelity, synoptic tables, and diagnostic species in phytosociology. *J. Veg. Sci.*

Ellenberg, H., Weber, H.E., Düll, R., Wirth, W., Werner, W. & Paulißen, D. 1992. Zeigerwerte von Pflanzen in Mitteleuropa. 2nd ed. *Scr. Geobot.* 18: 1-258.

Hennekens, S.M. 1996. TURBO(VEG). Software package for input, processing, and presentation of phytosociological data. IBN-DLO, Wageningen & University of Lancaster.

Hennekens, S.M. 2001. Turboveg for Windows. Web site at

Hill, M.O. 1979. TWINSpan - A FORTRAN program for arranging multivariate data in an ordered two-way table by classification of the individuals and attributes. Cornell University, Ithaca.

Jandt, U. 1999. Kalkmagerrasen am Südharrand und im Kyffhäuser. Gliederung im überregionalen Kontext, Verbreitung, Standortsverhältnisse und Flora. *Diss. Bot.* 322: 1–246.

Kratochwil, A. & Schwabe, A. 2001: Ökologie der Lebensgemeinschaften. Ulmer, 756 S.

Morton, A. 2001. DMAP Distribution mapping software. Web site at

Sokal, R.R. & Rohlf, F.J. 1995. Biometry: the principles and practice of statistics in biological research. 3rd ed. W.H. Freeman and Company, New York.

Tichý, L. 2001. JUICE – program for vegetation analysis and classification. *Ann. Bot. (Roma)*.

Tichý, L. 2001. JUICE 4.1 Software user's guide. - Masaryk University, Brno.