

Tutoriel d'introduction à JUICE 7.0

(CC)by-nc-sa *, *Florent Beck*,
étudiant à l'université de Göttingen

a/ Présentation de JUICE :

JUICE est un logiciel de traitement de données phytosociologiques. Il permet une manipulation très facilitée des tableaux à travers une interface adaptée aux besoins de la phytosociologie. La conduite de nombreuses analyses et des tests statistiques, finissent d'en faire un outils de travail efficace pour le phytosociologue. Ce logiciel ainsi que son manuel¹ ne sont disponibles qu'en langue anglaise². Il nécessite un système d'exploitation Microsoft Windows^(R).

JUICE est développé par le chercheur tchèque Lubomir Tichý de l'université Masaryk, à Brno.

¹ JUICE program for management, analysis and classification of ecological data, Tichý & Holt, 2006

b/ Objectifs du tutoriel :

Cette fiche doit vous permettre d'aborder rapidement et simplement les principales fonctionnalités de JUICE. Elle explique deux méthodes simples pour l'import de tables phytosociologiques brutes, les principales fonctions de manipulation de la table à la souris et aborde rapidement les principes d'analyses statistiques disponibles dans le logiciel.

² Il n'est pas nécessaire de parler anglais pour suivre ce tutoriel, et donc par conséquent, pour utiliser les fonctions de base de JUICE. Cependant il est nécessaire de maîtriser cette langue pour aller plus loin et exploiter toutes les fonctionnalités de ce logiciel. *NB: Comme je vais traduire ou expliquer toutes les inscriptions en anglais nécessaires à l'utilisation de JUICE, certaines parties des textes sembleront aux anglophone parfois évidentes, mais cela permettra aux non-anglophone d'aborder aussi l'utilisation de ce logiciel merveilleux dont vous reviez depuis si longtemps.*

Ceci est un tutoriel SIMPLE, à la portée de n'importe qui (des notions basiques en phytosocio- sont tout de même nécessaires). Vous êtes GUIDES PAS A PAS dans chaque étape (et même avec des images !). Et tout ce qu'il faut pour comprendre est écrit EN FRANCAIS !

Table des matières pour débutants :

Chapitre I : Acquisition du logiciel et import d'une table phytosociologique brute	2
I.1/ Installation	2
I.2/ Import d'un tableau brut	2
a) à partir d'un fichier texte	2
b) à partir d'un fichier Cornell Condensed (TURBOVEG)	4
Chapitre II : Premiers pas dans la manipulation phytosociologique sous JUICE	8
II.1/ Manipulation de base	9
a) les boutons, ils servent à quoi ?	9
b) déplacer les espèces et les relevés à la souris	10

Vous trouverez la suite du sommaire en page 11

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

Vous êtes également libre de modifier ce document puis de le diffuser sous les mêmes conditions.

Visitez : <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.0/fr/>

Chapitre I : Acquisition du logiciel et import d'une table phytosociologique brute :

I.1/ Installation :

Le logiciel est distribué gratuitement par son développeur : M. Tichý.

Vous pouvez le télécharger légalement à l'adresse suivante :

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

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.

I.2/ Import d'un tableau brut :

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

Ce tutoriel n'aborde que deux façons d'importer un tableau de données phytosociologiques et les deux formats de fichiers correspondant, pour une plus large information et d'autres méthodes, reportez vous au manuel.

a) 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, BlocNote). 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.

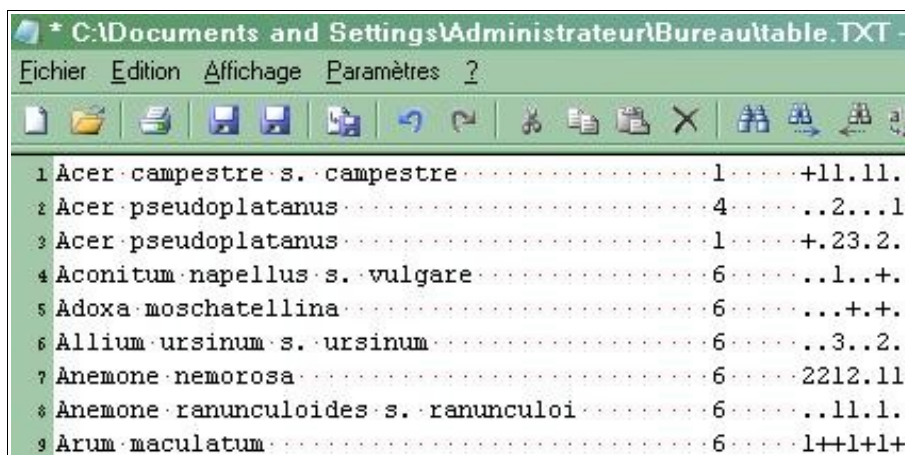
> Le fichier doit être articulé en 3 colonnes :

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.

Exemple 1 :

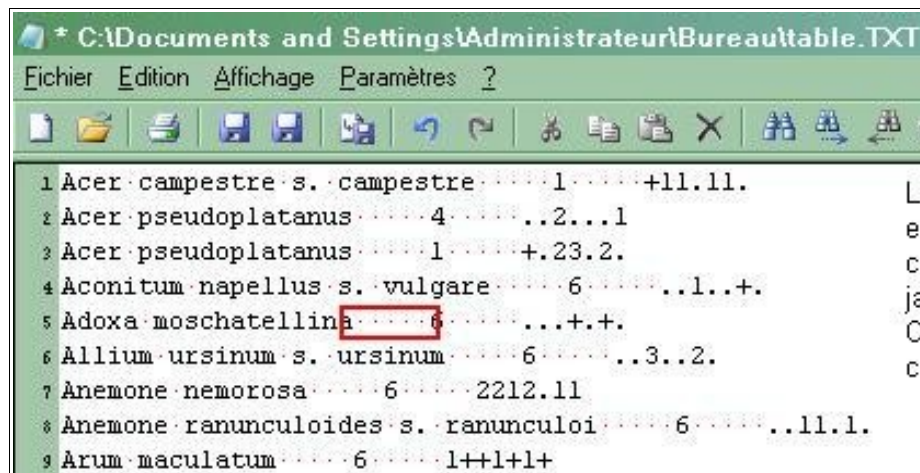
ceci est
correctement
structuré



```
* 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+
```

Exemple 2 :

ceci est
correctement
structuré



```
* 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.

(*) 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 **8** = semence (moins de 1 an) **0** = strate non renseignée
7 = juvéniles (plus de 1 an) **9** = strate muscinale

(**) La manière d'indiquer l'indice de recouvrement est relativement libre (utilisez tout de même 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!

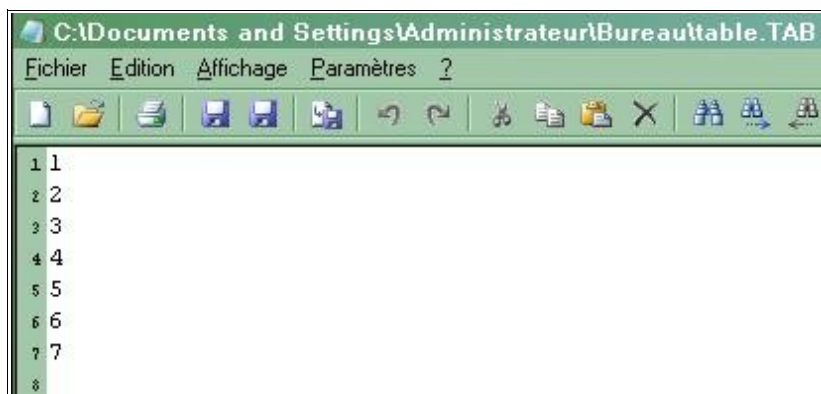
NB : on peut indiquer simplement la présence ou l'absence de l'espèce dans le relevé avec "1" et ".".

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.

Exemple :



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, **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 ») !

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

Rendez-vous au chapitre II, page 8, pour commencer à manipuler vos tableaux.

b) 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.

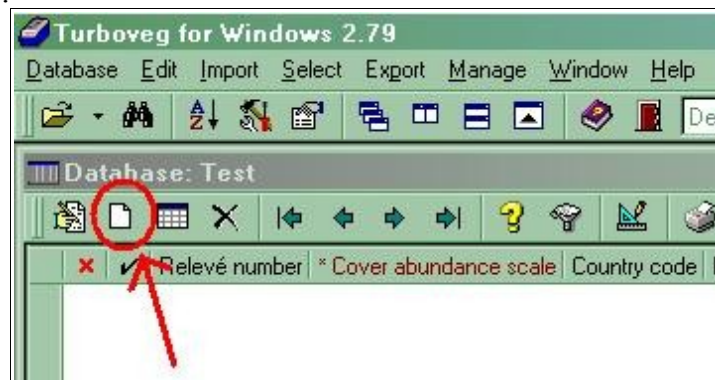
Voir : <http://www.synbiosys.alterra.nl/turboveg/> section « Prices » et contactez M. Hennekens (stephan.hennekens@wur.nl) [écrire en anglais ou en allemand].

Créez votre base de donnée :

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

Entrez vos relevés :

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

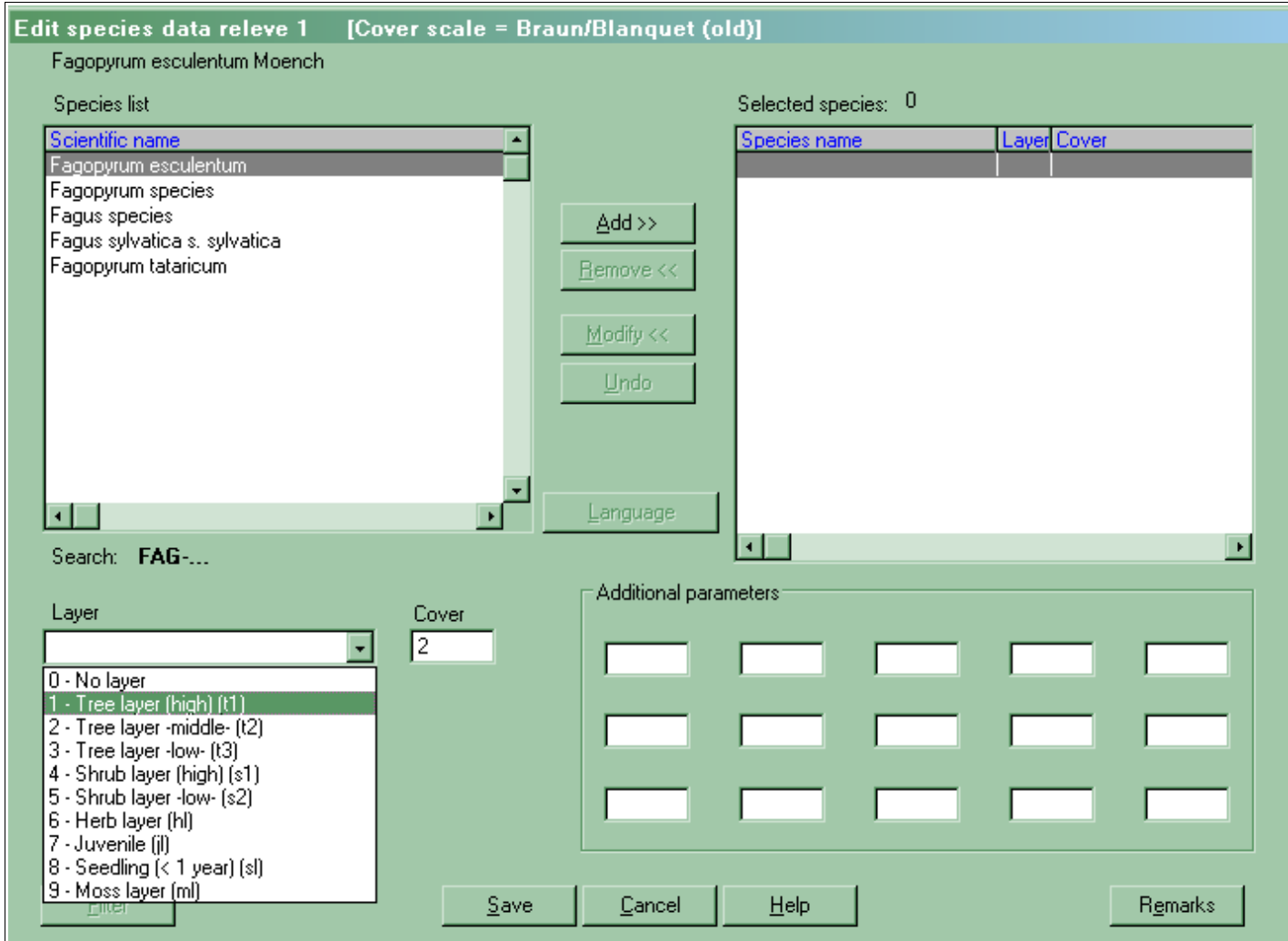


Dans la fenêtre qui s'affiche alors, renseignez le champ obligatoire : « **Cover abundance scale** » (entrez par exemple "1", je ne sais pas à quoi cela correspond mais ça fonctionne et on n'a pas besoin de cette fonctionnalité lorsqu'on utilise TURBOVEG dans la seule fin d'exporter la table vers JUICE), puis cliquez sur le bouton « **Save** ».

Une seconde fenêtre s'affiche grâce à laquelle vous allez pouvoir rentrer votre premier relevé.

A droite se trouve la liste des espèces disponibles (dépend de la liste de travail -par pays- que vous avez demandée lorsque vous avez fait la demande de 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 >>** »

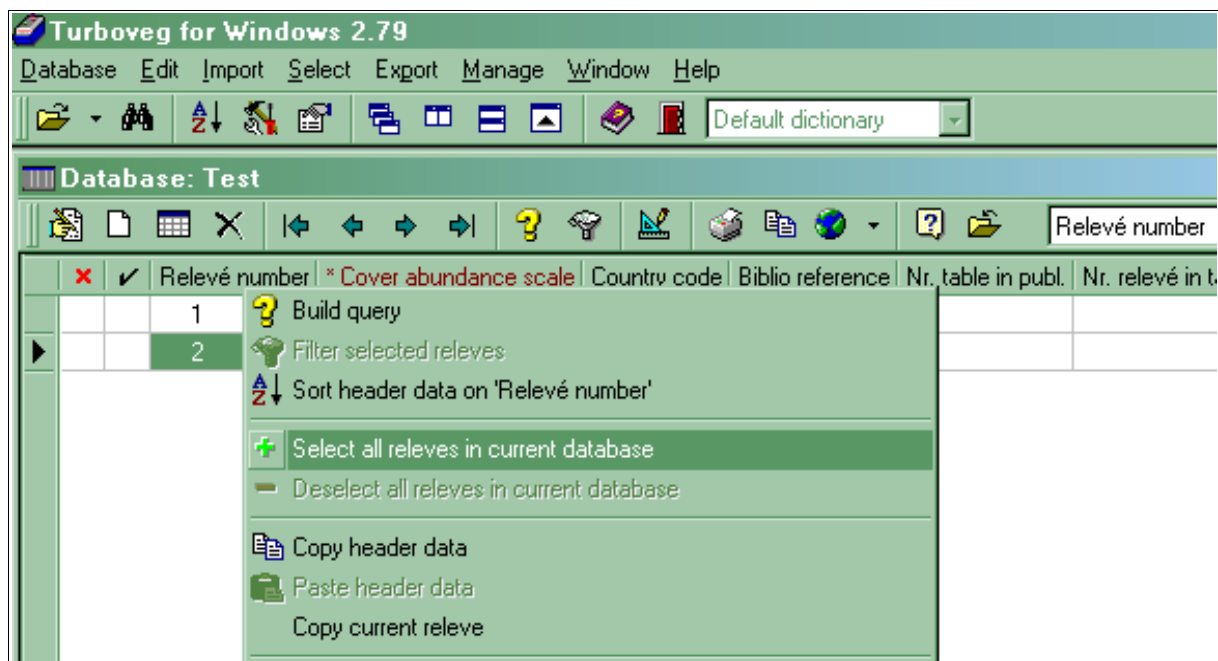
NB : une même espèce peut être ajoutée plusieurs fois dans un relevé en la sélectionnant à nouveau et en indiquant des strates différentes.

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.

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.



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** ».

Exportez la liste des abréviations (!! 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). Je vous conseille 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** ».

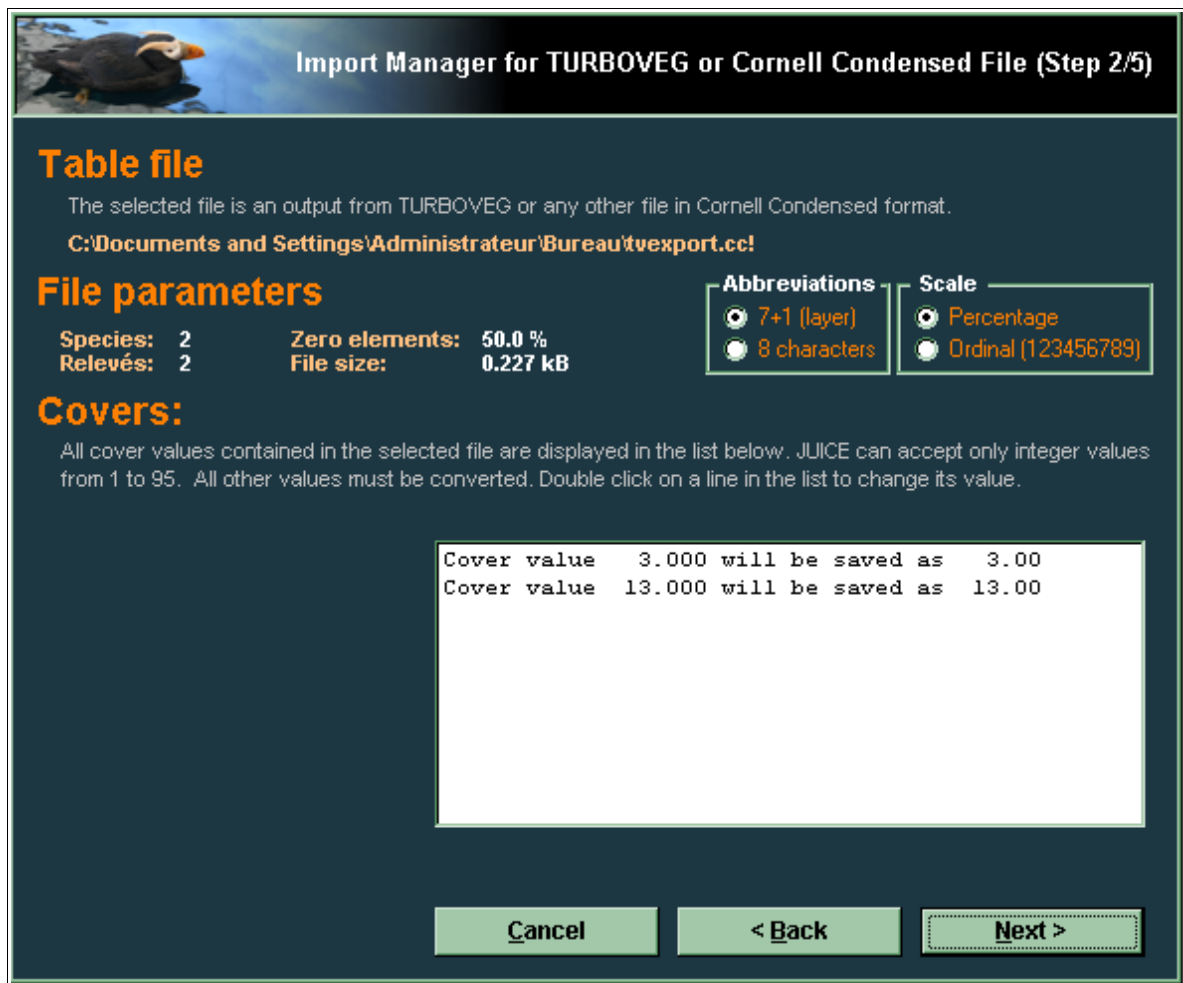
Vous pouvez à présent fermer TURBOVEG (la sauvegarde des informations est automatique).

Import de la table brute dans JUICE :

Ouvrez JUICE, allez dans « **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 mes précédentes recommandations). Cliquez sur le bouton « **Test file structure** » puis sur « **OK** » et enfin sur « **Next >** ».

Le stade 4 ne vous intéresse pas (ou alors quand vous serez des pros de JUICE), pour l'instant on se contente de cliquer gentiment sur « **Next >** ».

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 ! (**File > Save** ou **Ctrl+S**) Choisissez votre dossier de travail et le nom du fichier, celui-ci portera l'extention JUICE : ".wct".

Chapitre II : Premiers pas dans la manipulation phytosociologique sous JUICE

Pour ouvrir un tableau phytosociologique dans JUICE, cliquez sur : « **File > Open** » ou **Ctrl+O**.
Voilà à quoi devrait ressembler votre écran à présent : (l'exemple suivant est constitué par un tableau brut comportant 70 espèces et 7 relevés).

Initial entry number: Zone des "Header Data" dans lesquelles vous ne toucherez pas à grand chose en suivant ce tutoriel

Relevés 7
Species 70 1234567

Species	Count	Abundance	Zone
Rubus fruticosus	4	11.+.+.+	A
Corylus avellana	4	1.+.+.+	A
Evonymus europaeus	4	+.+.+.+	A
Ligustrum vulgare	4	1.+.+.+	A
Rosa arvensis	4	+.+.+.+	A
Lonicera xylosteum	4	+.+.+.+	A
Cornus mas	4	+1..2..	A
Ribes alpinum	4	1..1..	A
Crataegus laevigata	4	21.1.11	A
Carpinus betulus	1	3222112	A
Fagus sylvatica s. s	1	13.11.3	A
Fagus sylvatica s. s	4	2211..2	A
Hedera helix s. heli	6	22+11.1	A
Quercus petraea s. h	1	32+....	A
Quercus robur s. rob	1	1+....	A
Sorbus aria s. aria	1	1..+.+	A
Acer pseudoplatanus	1	+..23.2.	A
Prunus avium v. avium	1	+.+.+.+	A
Acer campestre s. campestre	0	+.+.+.+	A
Anemone nemorosa	6	2212.11	A
Carex digitata	6	+1.+1.+	A
Carex sylvatica s. sylvatica	6	+.+.+.+	A
Euphorbia amygdaloides s. amygdaloides	6	+.+.+.+	A
Lamium galeobdolon s. galeobdolon	6	1..++11	A
Arum maculatum	6	1++1+1+	A
Ranunculus auricomus	6	+.+.+.+	A
Viola reichenbachiana	6	+.+.+.+	A
Luzula pilosa	6	+.+.+.+	A
Potentilla sterilis	6	+.+.+.+	A
Viburnum lantana	4	.1.+.+.+	A
Sorbus torminalis	1	+.+.+.+	A
Acer campestre s. campestre	1	.11.11.	A
Tilia platyphyllos s. platyphyllos	1	.1..2.2	A
Neottia nidus-avis	6	+.+.+.+	A
Carex flacca s. flacca	6	.2.+.+.+	A
Carex montana	6	+.+.+.+	A

Liste des espèces contenues dans vos relevés (ici, la strate correspondant est affichée) Cf. Tuto, chap. 12/Import d'un tableau brut

Zone d'affichage : c'est principalement dans ce champ et dans la liste des espèces que vous allez travailler en suivant ce tutoriel.

En fonction de ce que vous êtes en train de faire avec JUICE, différentes informations peuvent s'afficher ici (que vous n'avez pas, ou peu, la possibilité de modifier). Par défaut, lors de l'import d'un tableau brut, ce sont les informations concernant les indices d'abondances des espèces dans chaque relevé qui sont affichées (pour rappel, un point "." signifie l'absence de l'espèce dans le relevé).

Zone de données concernant les espèces. On peut y afficher divers informations concernant l'espèce vous avez même la possibilité d'en importer à l'aide de fichiers texte. Il peut s'agir de n'importe quelle donnée stockée sous forme de code numérique et caractérisant les espèces.
Cela peut être :
- la strate occupée par l'espèce
- les indices d'Ellenberg (L, T, K, F, R, N, S)
- autres ...

3. Evonymus europaeus [4] Frequency: 1 Relative No.: Row:
Relevé No.: Relevé No.: Column:

Zone des « Header Data » : ne fait pas l'objet de ce tutoriel

Zone de « liste des espèces » : ZONE E

Zone de « données » : ZONE D (c'est la bande grisée entre les zones E et A)

Zone d' « affichage » : ZONE A

choix ou sélectionnez la dans le menu déroulant.

- Vous pouvez regrouper côte à côte plusieurs espèces colorées 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, faite un clic-droit sur la ligne correspondante tout en maintenant la touche « Ctrl » enfoncée. 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 » de votre clavier et en cliquant simultanément sur la couleur désirée dans la barre des couleurs.
- Le bouton « **Sort species** » est un autre bouton magique que vous allez adorer : il permet de trier les espèces (toutes les espèces ou les espèces d'une couleur définie, en fonction de tous les relevés ou en fonction des relevés d'une couleur définie).
- Je n'ai malheureusement pas encore compris comment fonctionnent les deux boutons suivant : « **Merge species** » et « **Divide species** », je vous conseille donc de ne pas les utiliser dans un premier temps. Ça fait disparaître des espèces, puis ça créer des lignes dont je ne sais pas à quoi elles servent et après je n'arrive plus à réafficher mes espèces disparues. Si vous avez envie de bidouiller avec, à vos risques et périls, tenez moi au courant (florent.beck@stud.uni-goettingen.de) si vous découvrez les mystères de leur fonctionnement et de leur utilité.
- X : Le bouton « **Reset selected species colours** » permet d'effacer la couleur (colorie en noir) les espèces colorée 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).

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).

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 cliquer 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+clic**" 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, sélectionné celui ci dans le menu déroulant.
- X : 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* ». Le concept de « *groupe* » ainsi définit, est utilisé dans certaines fonctions de JUICE.

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 de la souris enfoncée, glissez l'espèce ou le relevé jusqu'à la place choisie, relâchez le bouton ! Ô miracle, ô joie, ô bonheur, plus besoin de faire « couper », « insérer », « nouvelle colonne », « coller » comme dans un tableur !

Partie II

à la découverte plus approfondie des entrailles de « la bête »
ou : quand on rentre de manière plus poussée dans les petits menus écrits tout en anglais
(explications en français)

Table des matières pour apprentis juicers :

Chapitre I : Acquisition du logiciel et import d'une table phytosociologique brute	
I.1/ Installation	2
I.2/ Import d'un tableau brut	2
a) à partir d'un fichier texte	2
b) à partir d'un fichier Cornell Condensed (TURBOVEG)	4
Chapitre II : Premiers pas dans la manipulation phytosociologique sous JUICE	
II.1/ Manipulation de base	9
a) les boutons, ils servent à quoi ?	9
b) déplacer les espèces et les relevés à la souris	10
II.2/ Manipulation des menus	12
a) liste des menus et de leur contenu	12
--- Menus « File » & « Edit »	12
--- Menu « Species »	13
--- Menus « Relevés » & « Table » & « Head »	14
--- Menus « Sorting » & « Separators » & « Synoptic Table »	15
--- Menus « Indicator Values » & « Analysis » & « Table Simulation » & « Help »	16
b) Description approfondie des fonctionnalités	16
--- File > Export	17
--- File > Options	19
--- Species > Species Data	21
--- Layer View & Indicator Value	22
--- External Species Data	23
--- Cover Value	27
--- Frequency	28
--- <i>fonctions</i> : Sequence & Species Colour Number & Calculator & Constant Value for [couleur] Species & Make Separators & Species Data Averages & export Species Data & Species Group Table	29
--- Clear All Species Data	30
--- Indicator Values > Initiation	31

II.2/ Manipulation des menus :

a) liste des menus et de leur contenu :

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

Menu « File » :

- **Open** : permet d'ouvrir un fichier de travail de JUICE (donc une table phytosociologique)
- **Append** : menu qui fait buger 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** : Cf. Chap. I, p. 2 du présent tutoriel.
- **Export** : permet (une fois le travail accompli) de récupérer les beaux tableaux des groupements végétaux et de les utiliser dans d'autres logiciels (bloc-note, tableur). Expliqué en détail dans le paragraphe II.2.b).
- **Conversion** : à découvrir par soit-même, pour utilisateur expérimenté.
- **Options** : un mal nécessaire, Cf. Chap. II.2.b), p. 19 du présent tutoriel.
- **End** : vous avez besoin d'un commentaire là ?
- liste des 4 derniers fichiers utilisés par JUICE

Menu « Edit » :

- **Undo** : permet d'annuler la dernière action
- **Find Species** : Ctrl+F : même fonction que le bouton loupe. Cf. Chap. II.1, p. 9 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 and Group Numbers to Clipboard** : idem mais pour les relevés, copie les informations : « numéro de relevés », « header data » et « nombre de groupes »
- **Past Clipboard to [couleur] Species Name** : fonction non testée
- **Past Clipboard to [couleur] Short Headers** : fonction non testée

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 « X » dans la zone de gestion des couleurs.
- **Find Species** : Ctrl+F : même fonction que le bouton loupe (Cf. Chap. II.1)
- **Merge [couleur] Species** : Idem que le bouton du même nom (Cf. Chap. II.1)
- **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)** : fonction non testée
- **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** : fonction non testée.
- **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 affecter une couleur définie.
- **Species Data** : l'une des fonction 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 paragraphe II.2.b).
- **Mark Layer** : attribue une couleur (à définir) à chaque strate (efface donc toute les 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 plusieurs informations statistiques relatives aux espèces, à essayer. Pour retrouver la table de travail, 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.

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 du aux strates)
 - fourni l'indice de Shannon-Wiener pour le relevé
 - fourni la « evenness »
 - 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 degré de recouvrement
 - par ordre alphabétique
 - par ?
 - permet d'ajouter une espèce au relevé, de supprimer une espèce du relevé et d'éditer les Header Data
- **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** : fonction non testée.
- **[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.

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.

Menu « Head » :

ne fait pas l'objet de ce tutoriel.

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
- **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 (Cf. Chap. II.1.a)
- **Sort Relevés** : idem que le bouton du même nom.

Pour les 4 fonctions précédentes, mieux vaut utiliser les boutons présentés au paragraphe II.1.a) !

- **Sort Short Headers** : ne fait pas l'objet de ce tutoriel
- **Sort Relevés by Header Data** : ne fait pas l'objet de ce tutoriel
- **Sort Species Alphabeticaly** : permet de trier les espèces par ordre alphabétique, soit les espèces sélectionnées avec la couleur active, soit toutes les espèces, ou toutes les espèces à l'intérieur d'une strate définie.
- **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) vues que ces informations sont très aisément manipulables et qu'on peut y insérer a peu près toutes les informations que l'on souhaite, cela fait de cette fonctionnalité un outil puissant.
- **Sort Species in Synoptic Table** : réalisable lorsque l'on travaille avec les tables synoptiques (Menu « Synoptic Table » dont l'utilisation sera décrite ultérieurement dans ce tutoriel).
- **Sort Species by Decreasing Association with Other Species** : fonction non testée
- **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.

Menu « **Separators** » :

Apporte peu de fonctionnalités supplémentaires par rapport aux boutons de la barre d'outils. Menu simple à exploré en cas de nécessité (utilisateurs avancés de JUICE). Ne fait pas l'objet de ce tutoriel. Cf. Chap. II.1.a)

Menu « **Synoptic Table** » :

- **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** : concept complexe que ce tutoriel n'a pas pour vocation d'aborder, pour plus d'information, voir le manuel. [Traduction de l'anglais : *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]
- **Cover Values** : fonction non testée
- **Sort Species in Synoptic Table** : idem que la fonction du même nom dans le menu « Sorting »
- **Analysis of Columns of Synoptic Table** : fonction non testée
- **Average Value of Frequency Columns in Synoptic Table** : fonction non testée
- **No. of Species in Columns of Synoptic Table** : fonction non testée
- **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.

Menu « Indicator Values » :

- **Initiation** : permet de charger les valeurs indicatrices d'Ellenberg sous JUICE. Cf. Chap. II.2.b)
- **Calculation for Relevés** : calcule la valeur moyenne des indices d'un relevé.
- **Correction for Species Values** : fonctionnalité avancée, ne fait pas l'objet de ce tutoriel.

Menu « Analysis » :

Ce menu permet d'accéder à la conduite d'analyses statistiques sur le jeu de données. Il fait appel à de bonnes (voir très bonnes) connaissances dans ce domaine. Ce menu constitue l'échelon supérieur de l'utilisation de JUICE et en conséquence, ne fait pas l'objet de ce tutoriel. (Et surtout parce que je ne maîtrise pas moi-même suffisamment pour faire un tutoriel là-dessus, s'il y a des volontaires pour rédiger un complément à ce tutoriel pour l'utilisation des analyses statistiques, merci de me contacter : florent.beck@stud.uni-goettingen.de).

Pour de plus amples informations, reportez vous au manuel d'utilisation de JUICE.

Menu « Table Simulation » :

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

Menu « Help » :

Renvoie à différentes aides en ligne : page principale du programme, manuel d'utilisation, pages Internet renseignant sur certains concepts utilisés par JUICE.

Permet 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).

Permet d'accéder aux terrifiantes « Extended Hidden Functions » (nécessite un mot de passe). Ce niveau du jeu n'est pas accessible aux jeunes padawans, mais seulement aux chevaliers jedi 72e dan de JUICE. En bref, seuls les maîtres ont accès à cet univers.

b) Description approfondie des fonctionnalités

Menu : « File > Export »

Dans le cadre de ce tutoriel, je ne présenterai 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).

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 : **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. (Mais a priori, je ne vous ai pas appris à le faire dans le cadre de ce tutoriel : travaillez un peu vos noms latins, bande de fainéants !)
- 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 **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.

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 : **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. (Mais a priori, je ne vous ai pas appris à le faire dans le cadre de ce tutoriel : travaillez un peu vos noms latins, bande de fainéants !)
- 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 je vous conseille vivement 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.

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 logiciel de traitement de texte (type Microsoft Word^(R) ou Open Office Writer). Pour cela, JUICE créer 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'affilé 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 : **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, 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. (Mais a priori, je ne vous ai pas appris à le faire dans le cadre de ce tutoriel : travaillez un peu vos noms latins, bande de fainéants !)
- 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.

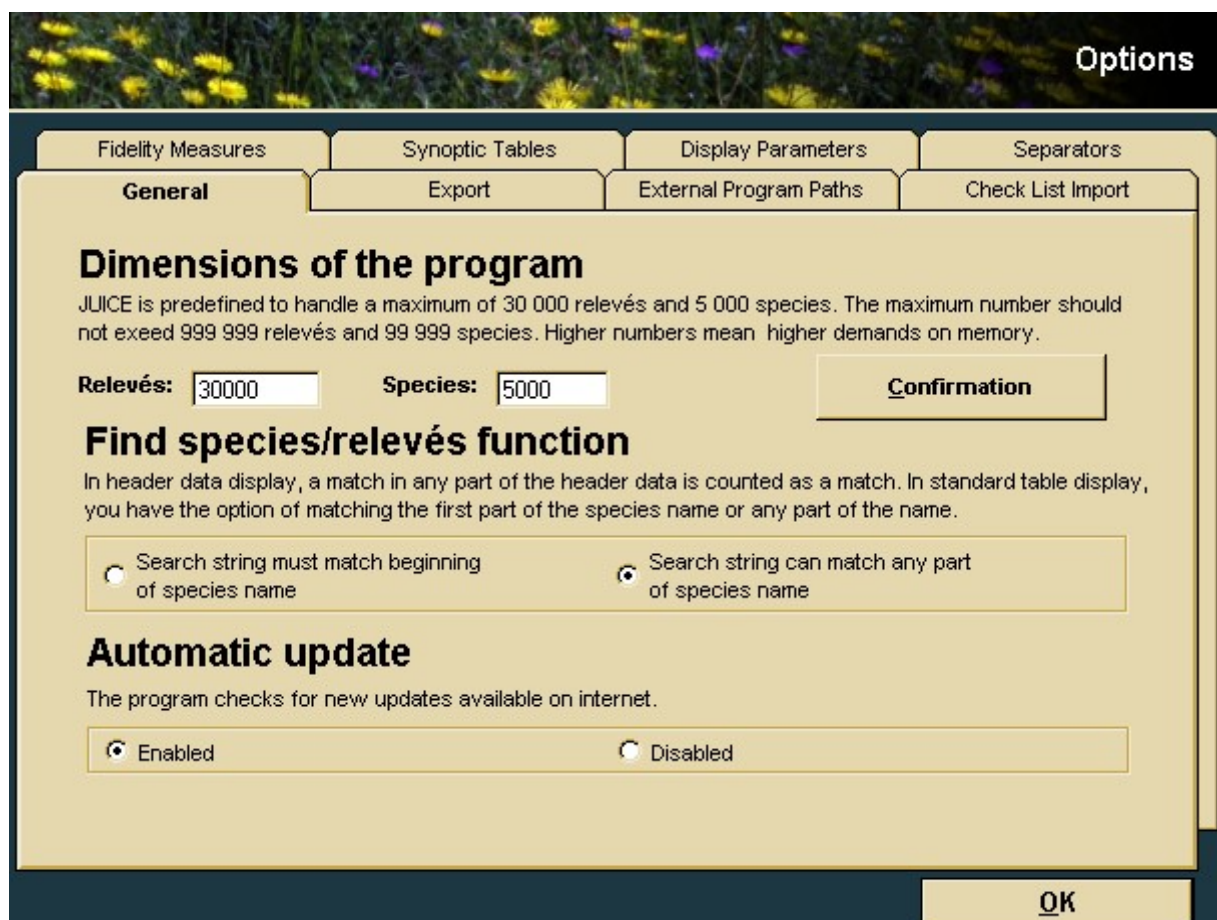
N'oubliez pas d'aller ouvrir ce fichier, puis de choisir la fonction « enregistrer sous » afin de sauvegarder votre travail.

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.

Menu : « File > Options »

La fenêtre d'options comporte 8 onglets :

General, Export, External Program Paths, Check List Import, Fidelity Measures, Synoptic Tables, Display Parameters et Separators.



>> 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 relevés 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, milieu ou fin).

>> Onglet « **Export** » : permet de paramétrer l'emplacement du fichier au format de texte enrichi pour l'export des tables. Cf. section précédente du chapitre II.2.b), p. 18 du présent tutoriel.

>> 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. (Pour plus de renseignement sur les fonctions de ces logiciels, voir : **Beck, F., (2008) Les bases de données phytosociologiques - Applications à la recherche et à l'enseignement, Université de Metz – UFR SCIFA** - bah oui quoi, j'ai bien le droit de me faire un peu de pub non ? ;-p

>> Onglet « **Check List Import** » : permet de définir le chemin d'accès au fichiers des abréviations des noms d'espèces lors de l'import de fichiers au format Cornell Condensed. Cf : Chap. I.2.b), p. 6 du présent tutoriel.

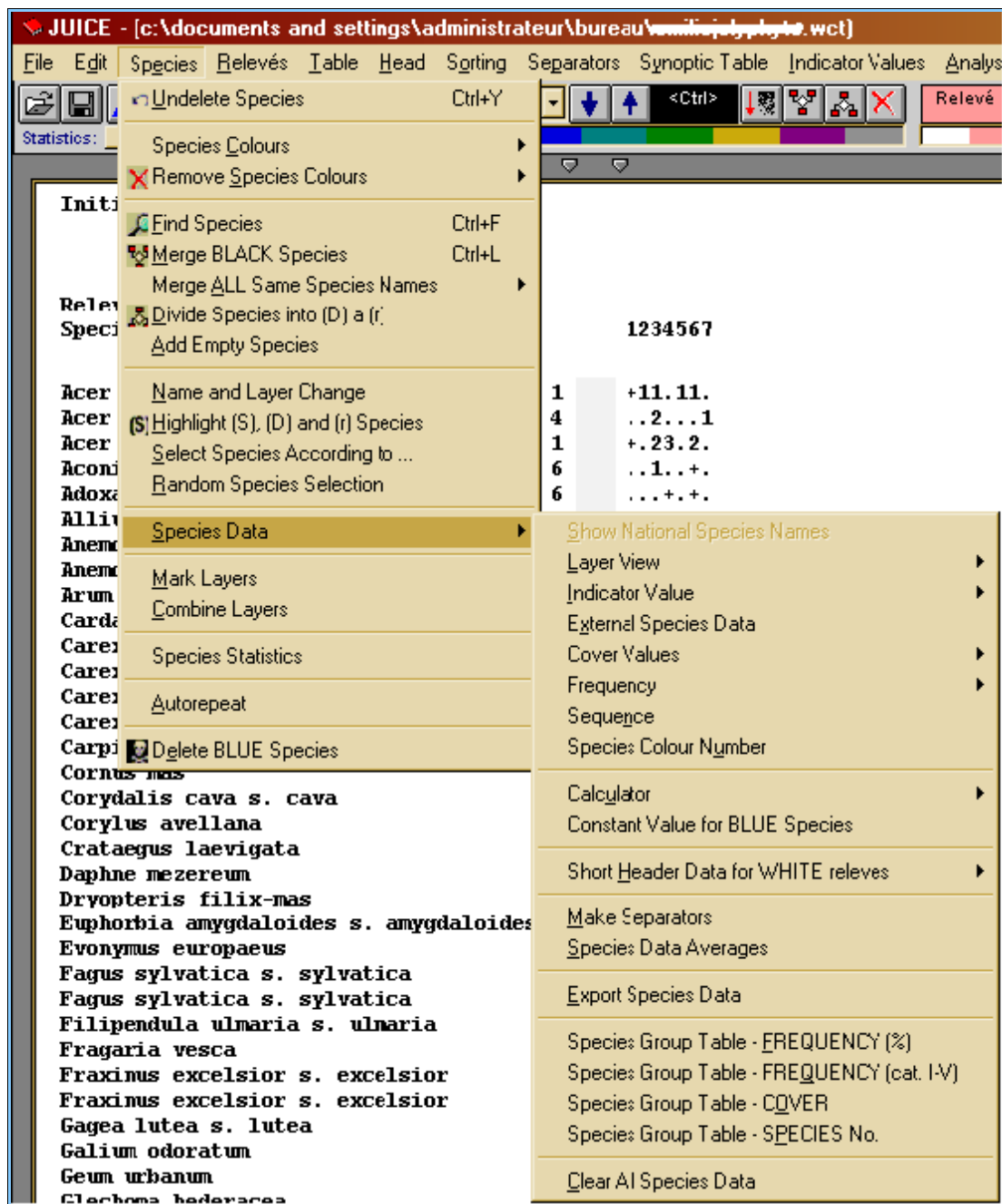
>> Onglet « **Fidelity Measures** » : permet de paramétrer l'affichage de la mesure de fidélité. Cf. Chap. II.2.a) > Menu « Synoptic Tables », p.15 du présent tutoriel. La mesure de fidélité fera l'objet d'une mise-à-jour de ce tutoriel dès que j'en aurais moi-même compris les tenants et aboutissants et la manière d'en user dans JUICE.

>> Onglet « **Synoptic Tables** » : à venir.

>> Onglet « **Display Parameters** » : Cf. Chap. II.2.a) > Menu « Edit », p. 12 du présent tutoriel.

>> Onglet « **Separators** » : Cf. Chap. II.1.a) > Zone de paramétrage des séparateurs, p. 10 du présent tutoriel.

Menu : « Species > Species Data »

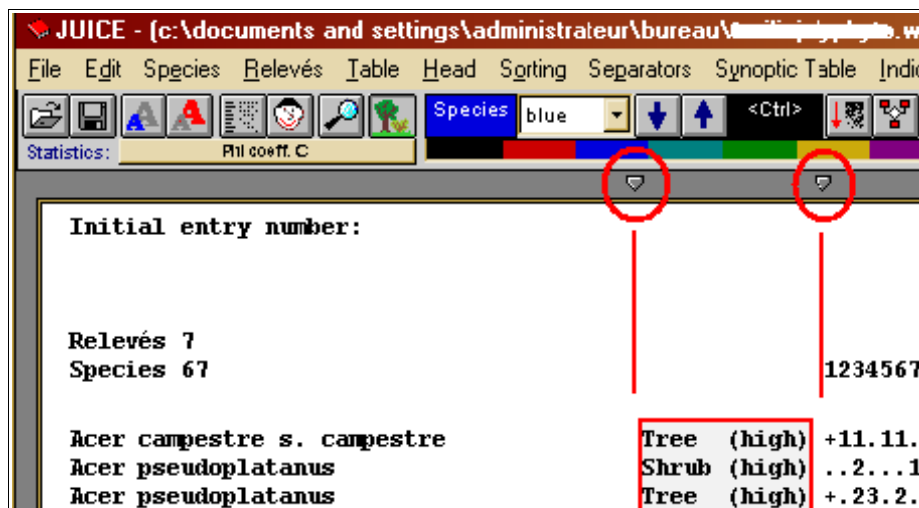


Le menu « **Species > Species Data** » permet de manipuler la colonne de la zone de données (Zone D) Cf. p. 8 du présent tutoriel. Celle-ci permet d'afficher un grand nombre d'informations concernant les espèces présentes dans votre tableau. Comme cette colonne peut faire l'objet de tri, cela confère à la compréhension de cette zone et la manipulation de ces données une importance toute particulière pour le phytosociologue averti (que vous êtes sûrement, je n'en doute pas :D).

>> « **Layer View** » : permet d'afficher la strate sous forme de code numérique, Cf. Chap. I.2.a), p.3 du présent tutoriel, 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".

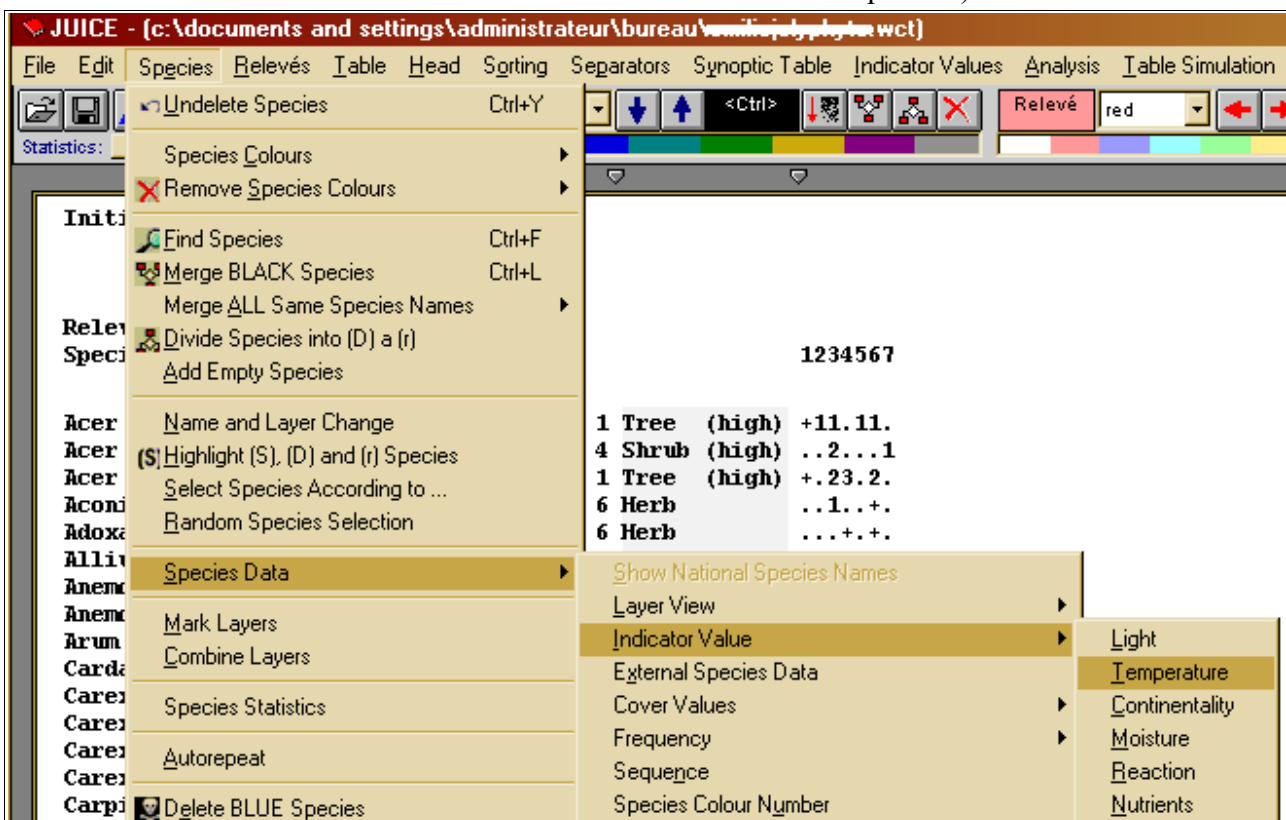


Une fois l'affichage sous forme de texte sélectionné, vous aurez sans doute besoin de modifier la largeur de la colonne, soit en faisant glisser les repères (encadrés en rouge) à l'aide de la souris, soit en passant par « File > Options > Display Parameters > Length of additional species information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

>> « **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 végétales).

Nécessite l'initialisation de ces valeurs. Cf. section suivante : Chap.II.2.b).

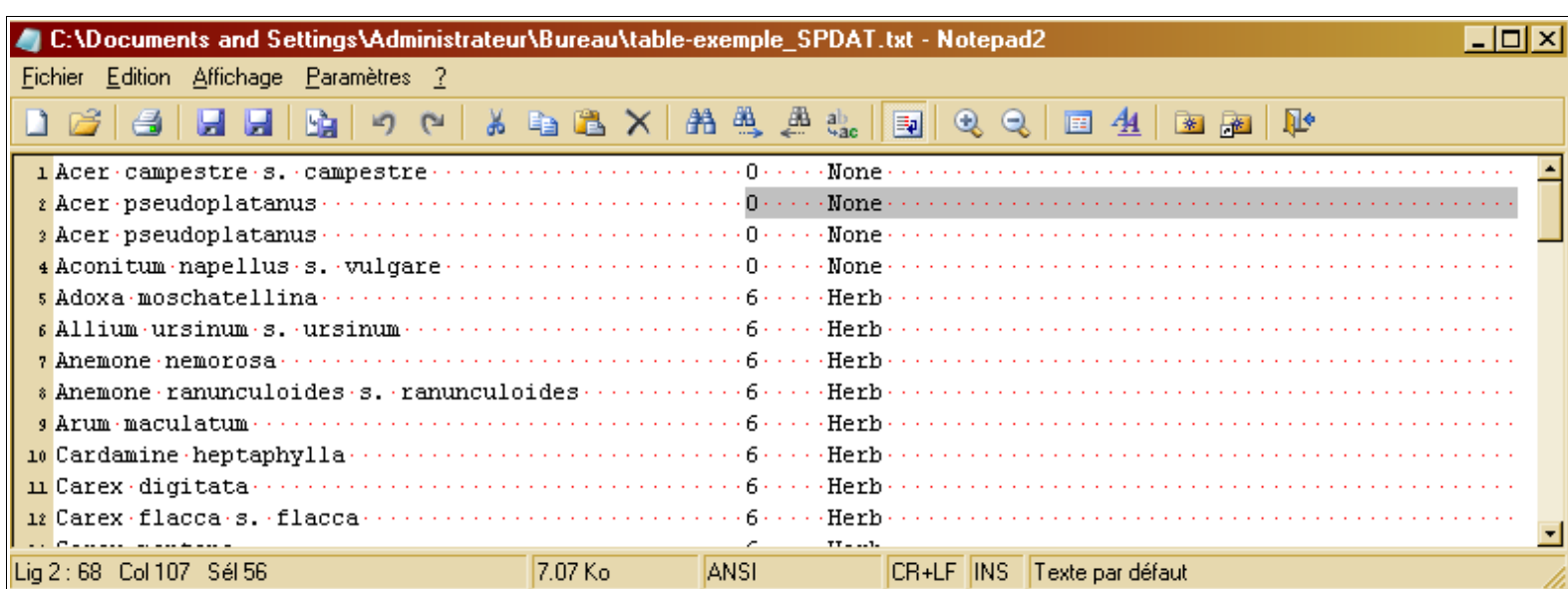


>> « **External Species Data** » : permet d'importer des données depuis un fichier texte. Cette partie du tutoriel nécessite la maîtrise des logiciels type bloc note et des fichiers au format texte (*.txt) OU l'utilisation du logiciel Notepad2.

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 valeur 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 JUICE, allez dans le menu : « **Species > Species Data > 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* » : une comprenant vos noms d'espèces et 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.

```
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
```

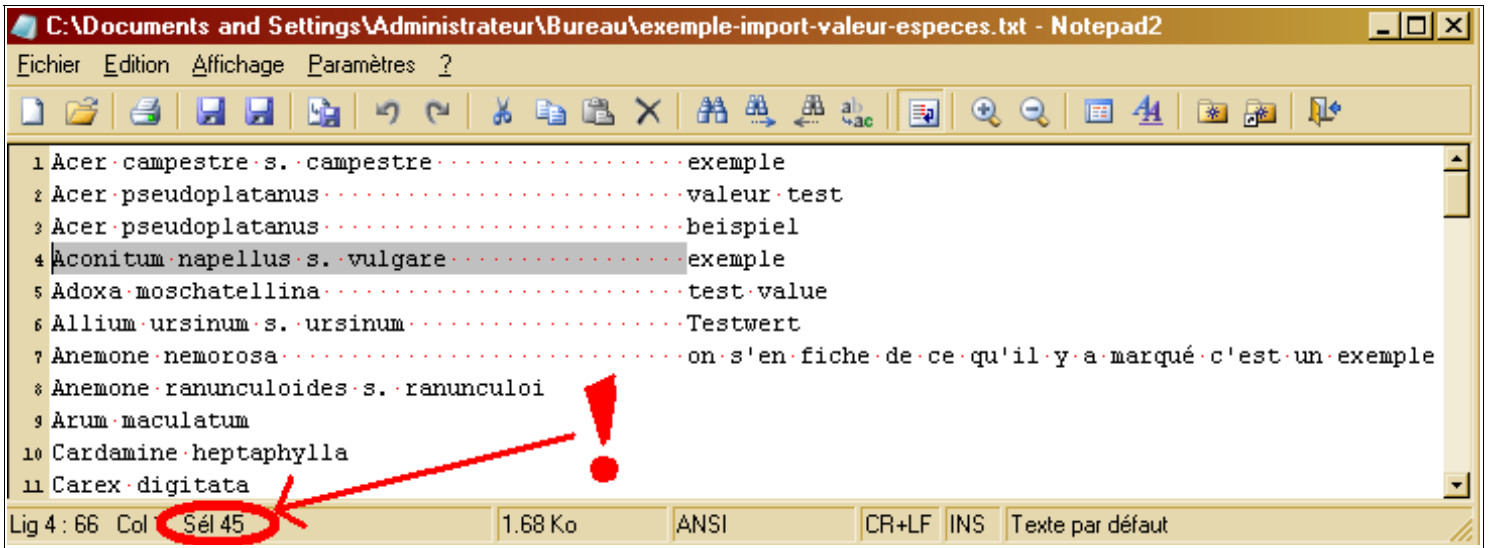
Chaque espèce ne pourra adopter lors de l'importation **qu'une seule valeur**, même si vous avez deux lignes pour la même espèce (i.e. : parce que vous aviez une espèce présente dans deux strates dans votre tableau).

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 précédant la colonne « valeur » inclus. (Cf. figure ci-après).



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.

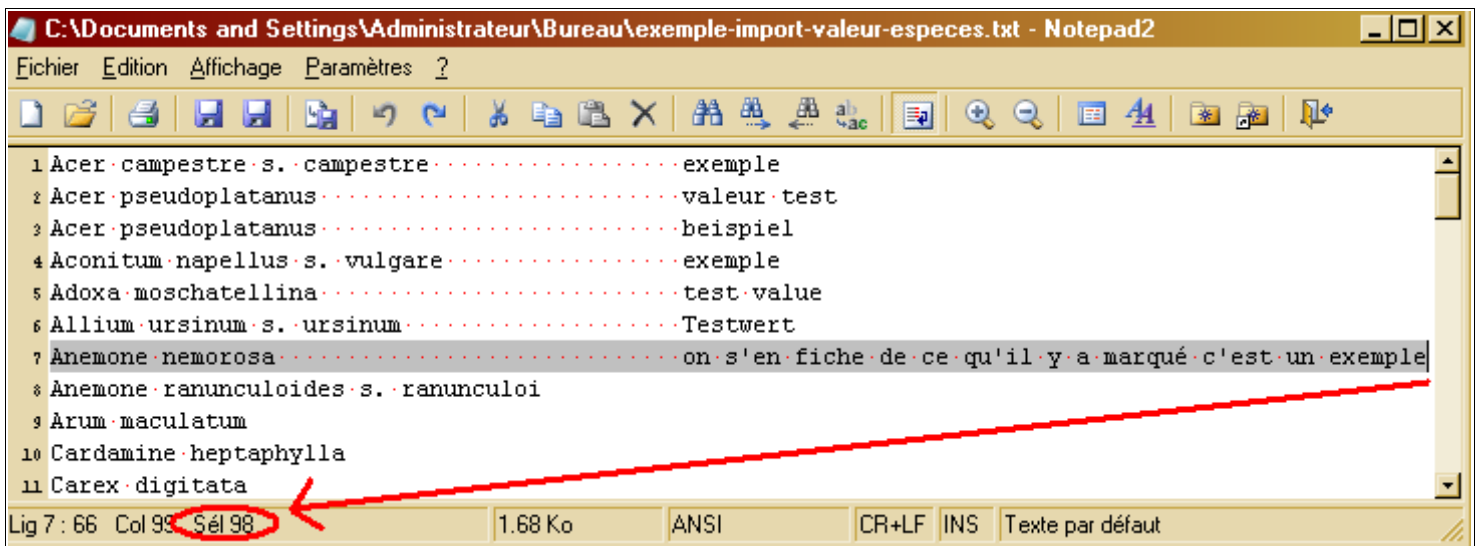
« Sél xx » correspond au nombre de caractères que vous avez sélectionné.

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.



Nous allons maintenant pouvoir procéder à l'importation des données dans JUICE. (Et cessez un peu de penser « c'est pas trop tôt, ça fait trois pages que tu nous bassine avec tes âneries », bon !) Donc, 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 :

Species Data from External File

-----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

Import data for species

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.

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 >>>

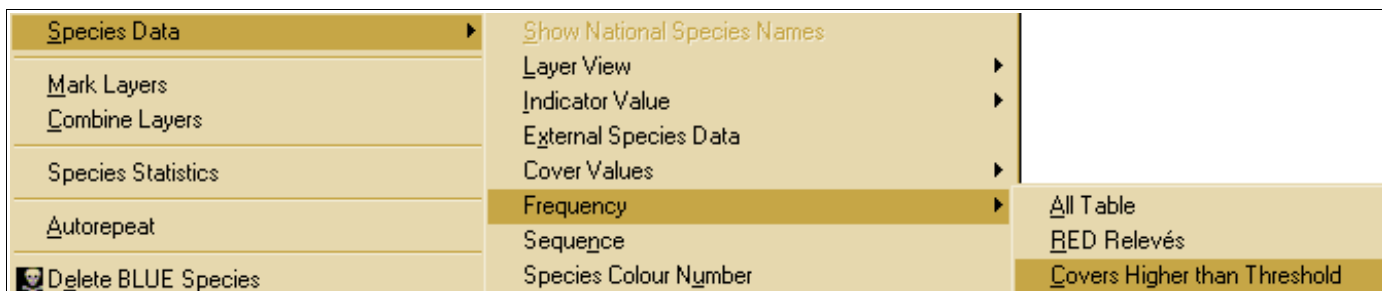
C'est là que vous comprenez toute l'utilité de la démarche effectuée jusqu'à présent : dans le cadre « **Parameters for species selection** » entrez le premier et le dernier caractère de votre colonne « espèces », dans le cadre « **Species information** » entrez le premier et le dernier caractère de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

A présent il vous reste à choisir :

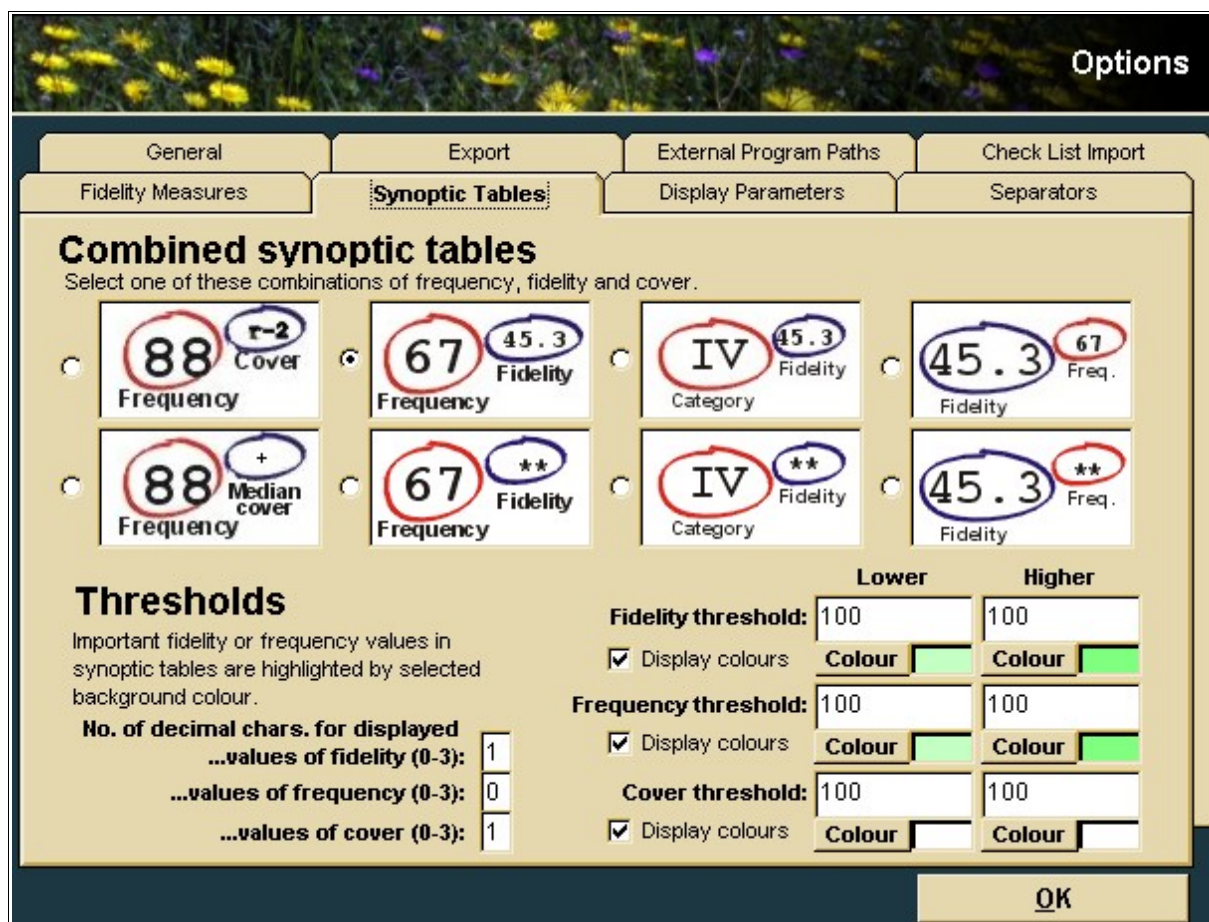
- soit d'utiliser ces valeurs pour effectuer un marquage de couleur dans votre tableau. Pour cela cochez la première option : « **Mark [couleur] species with the value [valeur] with the colour [couleur]** » qui signifie : "marquer les espèces de couleur [couleur] avec la valeur [valeur] en [couleur]" 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.
- soit 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 >>>** ».

Cochez 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 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.

>> « **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).



>> « **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.

>> « **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).

>> « **Calculator** » : permet de réaliser des opérations mathématiques simples sur une valeur numérique enregistrée dans la colonne « Données ».

>> « **Constant Value for [couleur] Species** » : permet d'attribuer une valeur constante aux espèces de la couleur active.

>> « **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.

>> « **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.

>> « **Export Species Data** » : permet d'exporter la liste des espèces avec leurs valeurs correspondantes dans un fichier texte (*.txt).

>> « **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 de base ci-dessous :

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.

Ordinal number:		
Relevés 7		
Species 67		1234567
Acer campestre s. campestre	1 1	+11.11.
Acer pseudoplatanus	4 3	..2...1
Acer pseudoplatanus	1 1	+.23.2.
Aconitum napellus s. vulgare	6 3	..1...+
Adoxa moschatellina	6 4	...+..+
Allium ursinum s. ursinum	6 3	..3..2.
Anemone nemerosa	6 1	2212.11
Anemone ranunculoides s. ranunculoides	6 3	..11.1.
Arum maculatum	6 1	1++1+1+
Adoxa moschatellina	6 4	..1...1

--- « **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		
Acer campestre s. campestre	XXX	1 6303363
Total: 3		7303373
GROUP		
Aconitum napellus s. vulgare	XXX	1 63 0
Total: 3		0073000
GROUP		
Anemone nemorosa	XXX	11 1 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).

--- « **Species Group Table - FREQUENCY (cat. I-V)** » : affiche le même résultat sous forme de catégories de I à V.

--- « **Species Group Table - COVER** » : à venir.

--- « **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	2131121
Total: 3		
GROUP		
Aconitum napellus s. vulgare	XXX	0021030
Total: 3		
GROUP		
Anemone nemorosa	XXX	2233132
Total: 3		

>> « **Clear All Species Data** » : efface les valeurs de la colonne « Données ». Celle-ci apparaît alors vide.

Menu : « Indicator Values > Initiation »

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

Ces valeurs sont au nombre de six :

- L : lumière (Lichtzahl),
- T : température (Temperaturezahl),
- K : continentalité (Kontinentalitätzahl),
- F : humidité (Feuchtezahl),
- R : pH (Reaktionzahl),
- N : nutriments (Nährstoffzahl).

La salinité n'est pas paramétrable sous JUICE en tant que valeur indicatrice. Cependant, vous pouvez très facilement l'importer en tant que valeurs attribuées aux espèces dans la zone de données. Cf. Section précédente « External Species Data », p. 23 et suivantes du présent tutoriel.

Pour utiliser les valeurs d'Ellenberg, celles-ci doivent être initialisées. Pour cela, allez dans le menu « **Indicator Values > Initiation** » une fenêtre JUICE va s'ouvrir. Cliquez sur le bouton « **Initiation of indicator values** ». JUICE va vous demander où se trouve le fichier texte dans lequel sont enregistrées les valeurs d'Ellenberg. Indiquez lui le chemin vers celui-ci et laissez le logiciel charger les valeurs.

Vous pouvez obtenir un fichier tout prêt contenant les valeurs indicatrices d'Ellenberg à l'adresse suivante :

Ellenberg indicator values : ELLENB.txt

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