

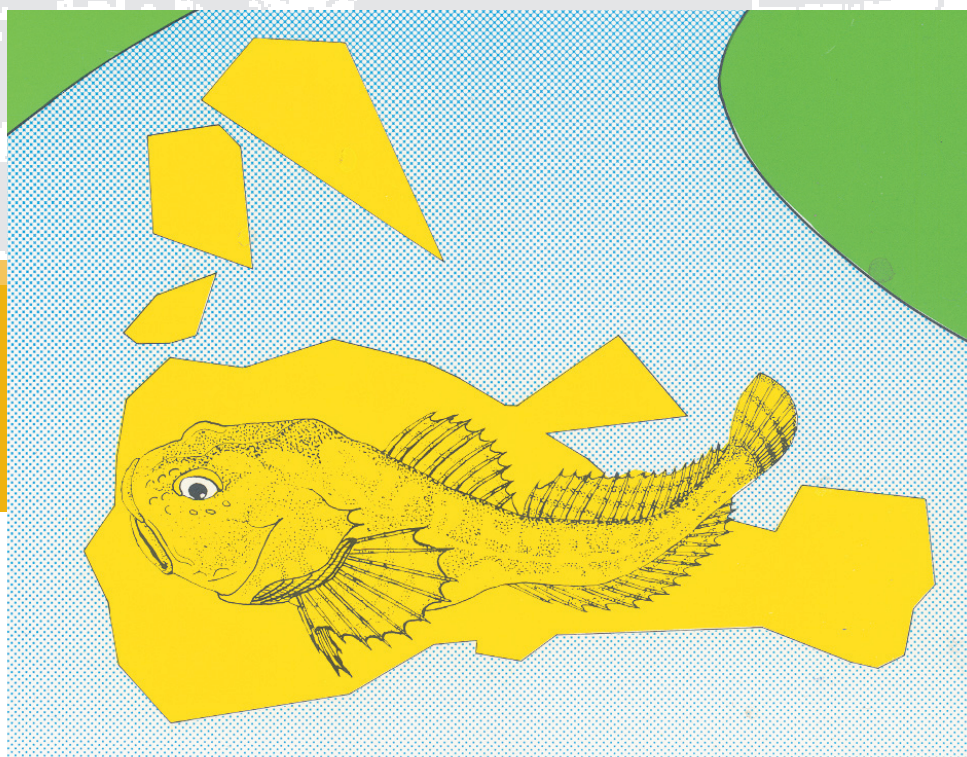


ALTEERRA

WAGENINGEN UR

Gebruikersinstructie voor de Ecologische Karakterisering van Oppervlaktewateren (EKO 4.7)

H.E. Keizer-Vlek
P.F.M. Verdonschot



Alterra-rapport 1509, ISSN 1566-7197

Gebruikersinstructie voor de Ecologische Karakterisering van Oppervlaktewateren (EKO 4.7)

Gebruikersinstructie voor de Ecologische Karakterisering van Oppervlaktewateren (EKO 4.7)

**H.E. Keizer-Vlek
P.F.M. Verdonschot**

Alterra-rapport 1509

Alterra, Wageningen, 2007

REFERAAT

H.E. Keizer-Vlek & P.F.M. Verdonshot, 2007. Gebruikersinstructie voor de Ecologische Karakterisering van Oppervlaktewateren (EKO 4.7). Wageningen, Alterra, Alterra-rapport 1509. blz. 102; 29 fig.; 9 tab.; 56 ref.

In dit rapport wordt uitleg gegeven over het gebruik van het programma Ecologische Karakterisering Oppervlaktewateren (EKO). Het programma EKO omvat een landelijk en regionaal ecologisch kader van oppervlaktewateren. Dit kader, een netwerk van cenotypen, is gebaseerd op de samenstelling van de macrofaunagemeenschap en abiotische toestandsvariabelen van een grote verzameling oppervlaktewateren. Met de module Toedeling kan een nieuw monster worden toegevoegd aan het netwerk van cenotypen. Met de module Karakterisering is het mogelijk monsters te karakteriseren op basis van de kennis van de ecologie van de aanwezige soorten. De module Voorspelling kan worden gebruikt om op basis van fysische en chemische toestandsvariabelen een voorspelling te geven van de levensgemeenschap die zich zal ontwikkelen. Binnen de module Referentie kan de ecologische toestand van een water worden vergeleken met het gewenste streefbeeld/referentietype. De module Beheer geeft inzicht in (herstel)maatregelen die kunnen worden genomen om de gewenste ontwikkelingsrichting/referentie van een water te realiseren. De door het programma gegenereerde output draagt bij aan de ontwikkeling en invulling van het regionale en nationale waterbeheer.

Trefwoorden: oppervlaktewater, herstelmaatregelen, macrofauna, waterbeheer, EKO, referentie, waterkwaliteit, hydrologie, morfologie, voorspelling, cenotype.

ISSN 1566-7197

Dit rapport is digitaal beschikbaar via www.alterra.wur.nl. Een gedrukte versie van dit rapport, evenals van alle andere Alterra-rapporten, kunt u verkrijgen bij Uitgeverij Cereales te Wageningen (0317 46 66 66). Voor informatie over voorwaarden, prijzen en snelste bestelwijze zie www.boomblad.nl/rapportenservice

© 2007 Alterra

Postbus 47; 6700 AA Wageningen; Nederland

Tel.: (0317) 474700; fax: (0317) 419000; e-mail: info.alterra@wur.nl

Niets uit deze uitgave mag worden veelevoudigd en/of openbaar gemaakt door middel van druk, fotokopie, microfilm of op welke andere wijze ook zonder voorafgaande schriftelijke toestemming van Alterra.

Alterra aanvaardt geen aansprakelijkheid voor eventuele schade voortvloeiend uit het gebruik van de resultaten van dit onderzoek of de toepassing van de adviezen.

Inhoud

Samenvatting	7
1 Inleiding	9
1.1 Algemeen	9
1.2 Installatie van EKO	10
1.3 Leeswijzer	11
2 Opstarten van EKO	13
3 Inlezen van data	15
3.1 Openen van een bestand	15
3.2 Controle opbouw bestand	16
3.3 Controle taxoncodering	18
3.4 Monsterlengte correctie	20
3.5 Opslaan van log files	21
3.6 Ingelezen data bekijken	22
3.7 Monsters selecteren voor analyse	24
4 Toedeling	27
4.1 Methode van toedeling	27
4.2 Resultaten toedeling	27
5 Karakterisering	33
5.1 Het genereren van een karakterisering	33
5.2 Resultaten karakterisering	34
6 Voorspelling	37
7 Referentie	39
8 Beheer	43
8.1 Het genereren van een beheersadvies	43
8.2 Resultaten beheer (nationale modules)	47
9 (Cenotype) Info	49
9.1 Informatie opvragen	49
9.2 Beschrijving cenotypen	49
9.3 Beschrijving referentietypen	52
9.4 Beschrijving maatregelen	53
Literatuur	55

Bijlage 1 Opmaak bestanden	59
Bijlage 2 Gebruikershandleiding ASSOCIA	61
Bijlage 3 Achtergrondinformatie biotische karakteristieken	85
Bijlage 4 Prioritering van de stuurfactoren	95
Bijlage 5 Prioritering maatregelen	97

Samenvatting

In dit rapport wordt uitleg gegeven over het gebruik van het programma Ecologische Karakterisering Oppervlaktewateren (EKO). Het programma EKO omvat een landelijk en regionaal ecologisch kader van oppervlaktewateren. Dit kader, een netwerk van cenotypen, is gebaseerd op de samenstelling van de macrofaunagemeenschap en abiotische toestandsvariabelen van een grote verzameling oppervlaktewateren. Het programma kan gebruikt worden om een nieuw monster aan het netwerk van cenotypen toe te delen. Dit gebeurt aan de hand van de samenstelling van de macrofaunagemeenschap. In het netwerk is vervolgens af te lezen welke milieuv variabelen van belang zijn voor het cenotype waaraan het monster is toegedeeld en of er sprake is van menselijke beïnvloeding. Daarnaast is het mogelijk monsters te karakteriseren op basis van de kennis van de ecologie van de aanwezige soorten. Afhankelijk van de geselecteerde module (= beheersgebied of nationale module) is het verder mogelijk om:

- de soortensamenstelling van monsters te vergelijken met de soorten die zouden moeten worden aangetroffen in een bepaald watertype onder referentieomstandigheden;
- op basis van de fysische en chemische toestandsvariabelen een voorspelling te geven van het de levensgemeenschap die zich zal ontwikkelen;
- aan de hand van een cenotype en een referentietype/ontwikkelingsrichting een advies te genereren ten aanzien van te nemen (herstel)maatregelen waarmee het opgegeven referentietype/ontwikkelingsrichting kan worden gerealiseerd.

De door het programma gegenereerde output kan dienen als basis bij het opstellen van een beheersplan en draagt daarmee bij aan de ontwikkeling en invulling van het regionale en nationale waterbeheer.

1 Inleiding

1.1 Algemeen

Achtergrond

In 1981 is de Provincie Overijssel in samenwerking met de het Waterschap Regge en Dinkel en het Waterschap Groot Salland gestart met het project 'Ecologische Karakterisering van Oppervlaktewateren in Overijssel' (EKOO). Sinds 1985 is ook het toenmalige Rijksinstituut voor Natuurbeheer (nu Alterra) betrokken bij het project. Het doel van EKOO is het ontwikkelen van een regionaal ecologisch kader van oppervlaktewateren in Overijssel.

Het project is gebaseerd op veldonderzoek waarbij 664 verschillende Overijsselse oppervlaktewateren (met zo groot mogelijke spreiding in milieu-omstandigheden) bemonsterd zijn. De macrofaunasamenstelling is gekozen als belangrijkste parameter. Deze groep is een goede indicator voor de waterkwaliteit in samenhang met eigenschappen van de directe omgeving, zoals bodem, oevers en stroomgebied. Daarnaast zijn circa 135 fysische, chemische en biologische parameters bepaald.

Aan de hand van alle verzamelde biotische en abiotische gegevens zijn de wateren ingedeeld in 40 cenotypen (Verdonschot, 1990). Voor de indeling in cenotypen is een combinatie van multivariate analyse technieken (clusteranalyse en canonische ordinatietechnieken) gebruikt. De 40 groepen zijn gebaseerd op overeenkomende leefmilieus (gemiddelde milieu-omstandigheden) en macrofauna (taxasamenstelling en abundantie).

De relaties tussen de cenotypen zijn weergegeven in het netwerk van cenotypen. Dit netwerk geeft de onderlinge positie van de cenotypen, de overgangen tussen de cenotypen en daarmee de belangrijkste milieugradiënten weer. De cenotypen vormen de grondslag voor waterkwaliteitsbeoordeling, voor het aangeven van effecten van voorgenomen waterbeheersmaatregelen en voor het ecologisch vriendelijk inrichten en onderhouden van wateren. De beschrijving van de cenotypen en het netwerk zijn te vinden in Verdonschot (1990).

Inmiddels zijn ook regionale typologieën ontwikkeld en opgenomen in EKO voor de stromende wateren in de beheersgebieden Limburg en Veluwe/Utrecht (omvat feitelijk het beheersgebied van het Waterschap Veluwe en het Waterschap Vallei & Eem). Bovendien zijn naast de regionale modules ook nationale modules voor beken en sloten beschikbaar.

Doel

Het doel van het software pakket Ecologische Karakterisering Oppervlaktewateren is het toepassen van een ecologisch kader van oppervlaktewateren, zowel regionaal als nationaal. Dit kader is gebaseerd op de macrofaunasamenstelling en draagt bij aan de

ontwikkeling en invulling van het regionale en nationale waterbeheer, met inbegrip van de zorg voor aquatische natuurwaarden.

Toepassing

Het programma kan gebruikt worden om een nieuw monster aan een netwerk van cenotypen toe te delen. Dit gebeurt aan de hand van de samenstelling van de macrofaunagemeenschap. In het netwerk is vervolgens af te lezen welke milieuv variabelen van belang zijn voor het cenotype waaraan het monster is toegedeeld en of er sprake is van menselijke beïnvloeding. Daarnaast is het mogelijk monsters te karakteriseren op basis van de kennis van de ecologie van de aanwezige soorten. Afhankelijk van de geselecteerde module (= beheersgebied of nationale module) is het verder mogelijk om:

- de soortensamenstelling van monsters te vergelijken met de soorten die zouden moeten worden aangetroffen in een bepaald watertype onder referentieomstandigheden;
- op basis van de waarden voor abiotische toestandsvariabelen een voorspelling te geven van het cenotype dat zich zal ontwikkelen;
- aan de hand van een cenotype en een referentietype/ontwikkelingsrichting een beheersadvies te genereren waarmee het opgegeven referentietype/ontwikkelingsrichting kan worden gerealiseerd.

De door het programma gegenereerde output draagt bij aan de beoordeling van de ecologische toestand waarin een water zich bevindt en de mogelijke oorzaken daarvan. Daarnaast kan het beheersadvies dienen als basis bij het opstellen van een beheersplan. Vervolgens kan door middel van monitoring worden bepaald of het oppervlaktewater zich in de gewenste richting ontwikkelt. Het beheer kan op basis van monitoringsresultaten al dan niet bijgestuurd worden.

Om de resultaten van toekomstig onderzoek te kunnen vergelijken met de gepresenteerde typologie is het noodzakelijk een vergelijkbare bemonsteringsmethode toe te passen. Voor de beschrijving van de gehanteerde bemonsteringsmethoden wordt verwezen naar Verdonschot & Nijboer (2004), Nijboer *et al.* (2003), Verdonschot *et al.*, (2000c), Koopmans *et al.* (1999) en Verdonschot (1990).

1.2 Installatie van EKO

Bij deze instructie wordt ervan uitgegaan dat u een computer gebruikt waarop EKO geïnstalleerd kan worden. EKO kan alleen draaien binnen een Microsoft Windows omgeving. Het installatie pakket van EKO bestaat uit één CD-ROM. Plaats de CD-ROM in de CD-ROM drive en start de installatie door de file setup.exe te activeren. Tijdens de installatie kunt u aangeven waar u EKO wilt installeren. Kies de directory C:\EKO. Afhankelijk van de Windows versie op uw PC is het nodig om de PC na het installeren van het programma de PC opnieuw op te starten. Voor Windows XP en latere versies van Windows is dit niet noodzakelijk.

Verwijderen van EKO

Om EKO van uw PC te verwijderen dient u de volgende stappen te doorlopen:

1. Selecteer uit het Start Menu, Settings, Controle Panel (Instellingen, Configuratiescherm).
2. Kies Add/Remove programs (Software, Installeren en verwijderen).
3. Selecteer "EKO" in de lijst
4. Klik op de knop "Add/Remove" (Toevoegen/Verwijderen)

1.3 Leeswijzer

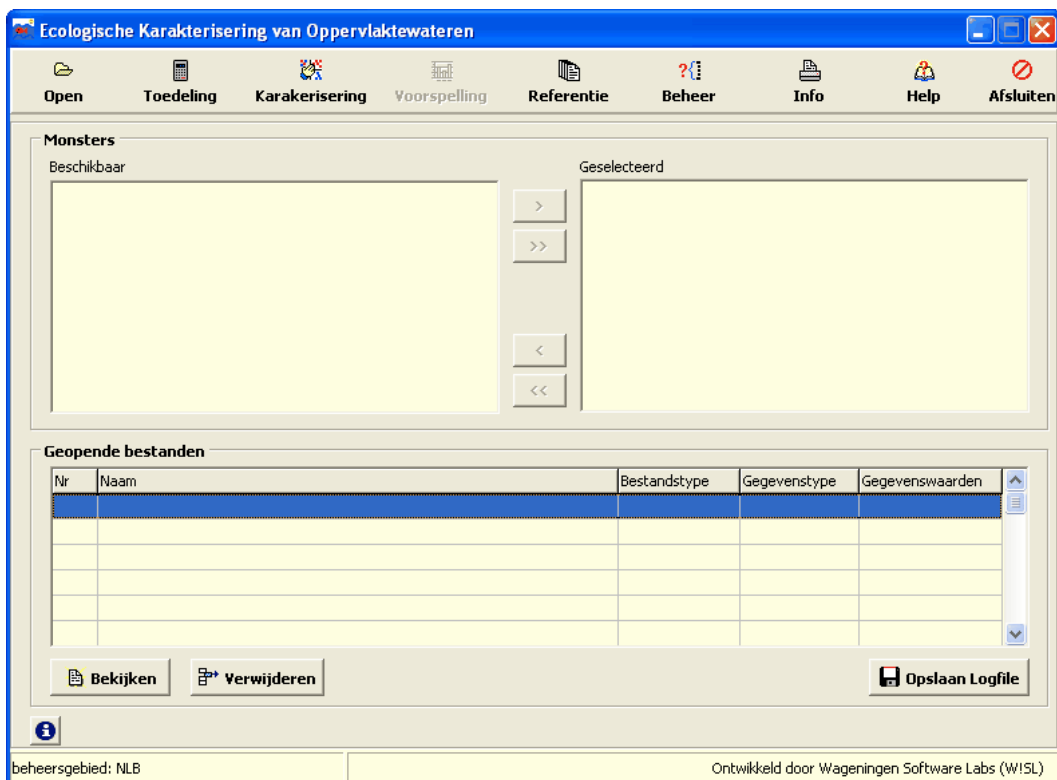
De EKO gebruikersinstructie is analoog aan de basismodules van het programma opgesteld. Het gaat hierbij om het inlezen van bestanden en de daarbij behorende bewerkingen, het analyseren van de data en het genereren van resultaten in de modules **Toedeling, Karakterisering, Voorspelling, Referentie** en **Beheer**. Voor de werking van de verschillende modules en de interpretatie van de uitkomsten wordt verwezen naar de relevante literatuur (Verdonschot & Nijboer, 2004; Elbersen & Verdonschot, 2003; Nijboer *et al.*, 2003; Verdonschot & Goedhart, 2000; Verdonschot *et al.*, 2000a; Verdonschot *et al.*, 2000b; Koopmans *et al.*, 1999; Verdonschot, 1990).

2 Opstarten van EKO

Door het activeren van het pictogram voor EKO op de desktop of het programma te kiezen uit het Start/Programs menu, wordt de applicatie opgestart. Na het opstarten van het programma verschijnen twee vensters: het venster **Selecteer Module** en het **Hoofdvenster**.

In het venster **Selecteer Module** worden de modules weergegeven die gekozen kunnen worden: de nationale bekenmodule, de nationale slotenmodule, of één van de regionale modules. Welke modules u kunt selecteren hangt af van het EKO pakket dat u heeft aangeschaft. Selecteer de gewenste module en druk op **OK**. Het **Hoofdvenster** (Figuur 1) verschijnt.

Via het **Hoofdvenster** (Figuur 1) kunt u door de verschillende modules van het programma navigeren.



Figuur 1. Het Hoofdvenster van EKO.

Het **Hoofdvenster** is opgebouwd uit de volgende onderdelen:

Menubalk: Hiermee kunnen de verschillende modules van EKO gekozen worden. De inhoud achter de knoppen op de menubalk wordt in de navolgende hoofdstukken besproken. Modules in grijs zijn voor de gekozen module (nationaal/regionaal) niet beschikbaar. Via de knop **Help** verschijnt de helpfile. Met de knop **Afsluiten** wordt het programma beëindigd.

Monsters: Hier kunt u zien welke monsters beschikbaar zijn uit het gekozen bestand. De monsters die tijdens de analyses worden meegenomen, kunnen hier worden geselecteerd, nadat met behulp van de knop **Open** een bestand is geselecteerd (zie paragraaf 3.1).

Geopende bestanden: Na het openen van een bestand staan hier de geopende bestanden opgesomd en zijn de mogelijkheden gegeven om deze te bekijken, te verwijderen en op te slaan als logfile.

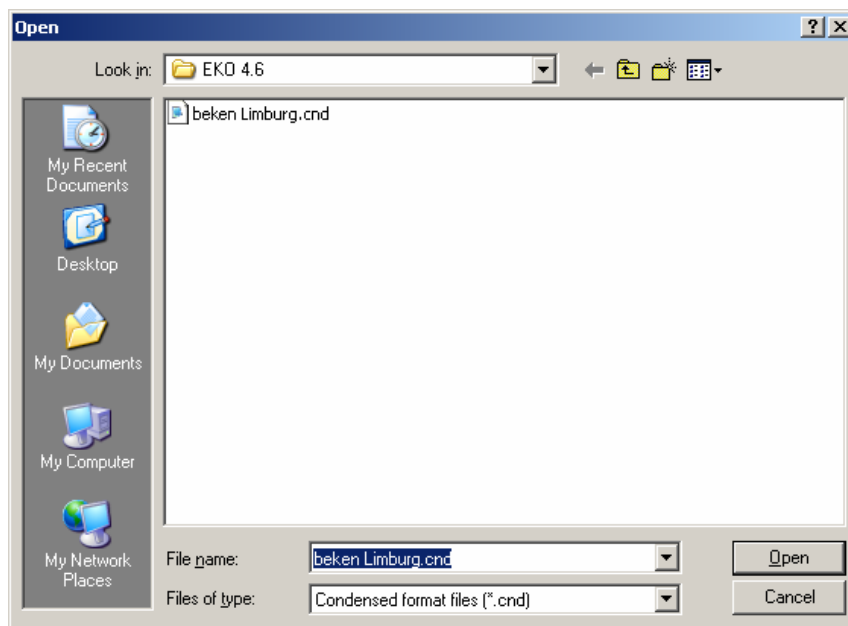
Met de  onder **Geopende bestanden** kunt de copyright informatie bekijken.

Helemaal linksonderin het **Hoofdvenster** kunt u zien welke module is opgestart, in dit geval de nationale beken module (NLB).

3 Inlezen van data

3.1 Openen van een bestand

U kunt een nieuw bestand openen door op de menubalk in het **Hoofdvenster** op de knop **Open** te klikken (Figuur 1). Het venster **Open** verschijnt (Figuur 2).



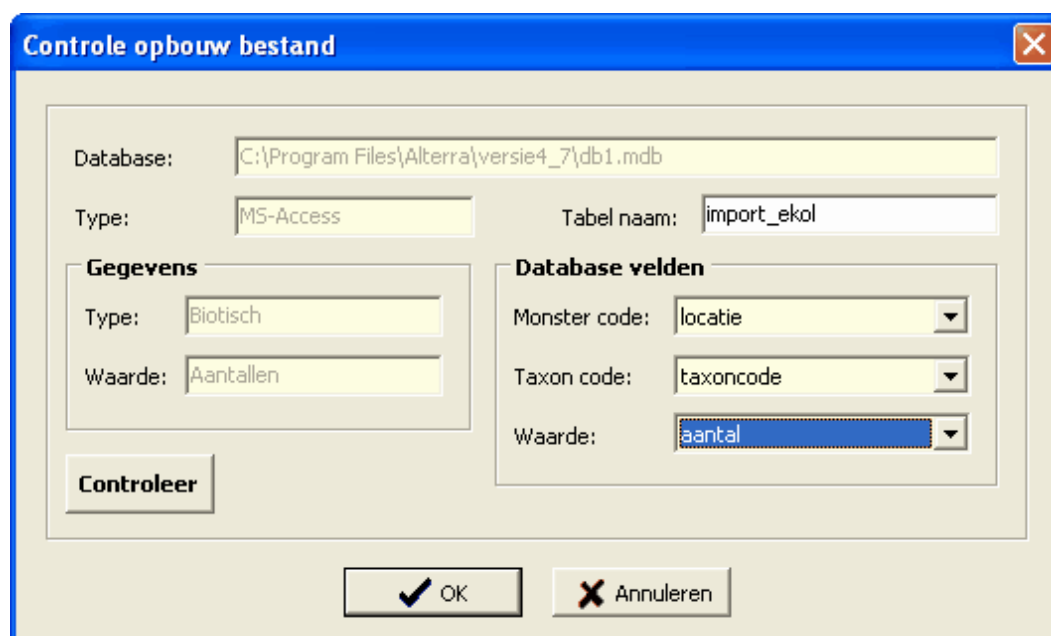
Figuur 2. Invoerscherm voor het openen van bestanden.

In dit venster kunt u naar de invoerbestanden in de juiste directory zoeken op de in Windows gebruikelijke manier. Met de optie **Files of type** kunt u aangeven welke type file u in wilt lezen. U heeft de keuze uit condensed format files (*.cnd), MS-access files (*.mdb) of log files (*.log). De wijze waarop deze files moeten worden opgemaakt is uiteengezet in bijlage 1. Ongeacht het type file dat wordt ingelezen, dienen de waarden voor de abundantie van de taxa weergegeven te zijn in aantallen. Wanneer u een access tabel wilt importeren kunt u deze tabel import_ekol noemen, het programma kan deze tabel dan direct vinden bij het selecteren van de database. U hoeft dit echter niet te doen. U krijgt dan een mededeling dat de tabel import_ekol niet is gevonden, daarna kunt u de naam van de tabel intikken achter **Tabel naam** in het venster **Controle opbouw bestand** (paragraaf 3.2). Vervolgens dient u de kolommen met de monstercodes, taxoncodes en aantallen te selecteren. Bij het inlezen van access bestanden kan daarnaast extra meetpuntinfo worden ingelezen. Het programma zoekt automatisch of er kolommen aanwezig zijn met de titels MPNIDENT (Meetpunt Code), MPNOMSCH (MeetpuntOmschrijving) en MDat (MeetpuntDatum). Indien er kolommen met deze namen aanwezig zijn worden ze automatisch ingelezen. Log files kunnen tijdens het gebruik van EKO worden

aangemaakt en registreren de selecties en bewerkingen die de gebruiker heeft uitgevoerd. Door het inlezen van een eerder aangemaakte log file kunt u doorgaan met een eerder uitgevoerde sessie. Een meer gedetailleerde beschrijving over het gebruik van log files is gegeven in paragraaf 3.5.

Heeft u de juiste file geselecteerd, klik dan eenmaal op **Open**. Het venster **Controle opbouw bestand** verschijnt (Figuur 3).

3.2 Controle opbouw bestand



Figuur 3. Controle van het te openen bestand.

In het venster **Controle opbouw bestand** verschijnt de naam van het geselecteerde bestand of de geselecteerde database. Wat voor type file u heeft ingelezen wordt aangegeven bij **Type**. Wanneer u een database heeft ingelezen verschijnt daarnaast de tabel die is ingelezen (import_ekol) of de opgegeven tabelnaam (paragraaf 3.1).

In het kader **Gegevens** staat aangegeven wat voor type gegevens u heeft ingelezen. Momenteel is het alleen mogelijk biotische data in te lezen, daarom wordt bij **Type** automatisch biotisch weergegeven. Bij **Waarde** staat automatisch aangegeven dat de abundantie van de taxa in de bestanden is weergegeven in aantallen (een vereiste van het programma, paragraaf 3.1). De aantallen worden automatisch op de juiste wijze geransformeerd in de module **Toedeling**.

Binnen het kader **Database velden** wordt bij het inlezen van condensed format files automatisch aangegeven dat de monsters in rijen, de taxa in kolommen en de waarden in de cellen van de matrix staan. Dit dient wel te worden gecontroleerd. Bij het inlezen van access files moet in het kader **Database velden** worden aangegeven welke kolommen uit de access file overeenkomen met de monstercode, de taxoncode

en de waarde. Dit kan behulp van het drop-down menu. In drop-down menu worden alle kolommen opgenomen uit de access file.

Met de knop **Controleer** kunt u een controle uitvoeren op de door u geselecteerde bestand. Er verschijnt een venster met de inhoud van het bestand (Figuur 4).

The screenshot shows a window titled 'import_ekol'. At the top, there is a dropdown menu for 'Monster:' set to 'GASTP 02'. Below it, statistics are shown: '# Taxa: 0 - 69' and '# Individuen: 0 - 8714.9805'. There are 'Print' and 'Sluiten' buttons. The main area is a table with the following columns: 'Taxon [ruw]', 'Waarde', 'Controleer', 'Vervangen', 'Taxon [afgestemd]', and 'Waarde'. The table contains 25 rows of data, with the first row 'ABLABESP' highlighted in blue.

Taxon [ruw]	Waarde	Controleer	Vervangen	Taxon [afgestemd]	Waarde
ABLABESP	18.58				
ANSUVOTE	2.5				
APSETRIF	65.04				
ASELAQUA	12.33				
ASELLIAE	98.63				
ATHRATER	5				
ATHRCINE	32.5				
AUDRPLUR	267.4				
CAENHORA	722.5				
CALOSPLE	35				
CEPOGOAE	30				
CHSOCAET	5				
CLOEDIPT	2.5				
CLTANERV	37.16				
CONAGRAE	7.5				
CONCMELA	83.62				
DEMIVULN	27.87				
DITASPEC	2.5				
DUGETIGR	60				
EISETETR	23.25				
GALBTRUM	2.5				
GAMMARSP	418.02				
GAMMPULE	1446.98				
GLSICOMP	2.5				
GYRAALBU	2.5				
HYPSENGU	2.5				
UNNEWEN	2.5				

Figuur 4. Controle van de opbouw van de velden in het ingelzen bestand.

Met het drop-down menu naast het kopje **Monster** kunt u de monsters selecteren die in het bestand zijn opgenomen. Onder het kopje **Monster** vindt u informatie over het aantal taxa en het aantal individuen dat in het monster is opgenomen. In de eerste twee kolommen van de tabel kunt u de **Taxoncode** en de **Waarde** controleren. De laatste vier kolommen in deze tabel zijn op dit moment nog niet van toepassing.

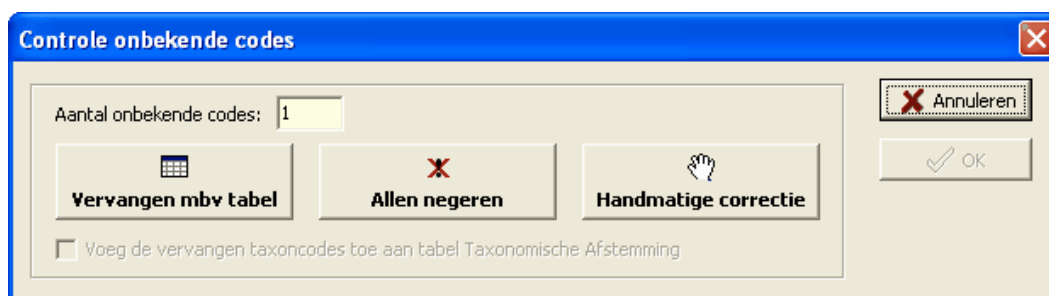
Met de knop **Print** kunt u een uitdraai maken van het monster dat op dat moment is geselecteerd.

U sluit het controle venster door op **Sluiten** te klikken.

De knop **Controleer** stelt u in staat de opmaak van het bronbestand te controleren. Als bijvoorbeeld het taxon en de monstercode zijn omgewisseld kunt u dit veranderen onder **Database velden**. Bij **Monstercode**, **Taxoncode** en **Waarde** vult u de juiste aanduiding in.

Heeft u bij **Controle opbouw bestand** de juiste keuze gemaakt en bent u tevreden met het resultaat klik dan op **OK**. Het venster **Controle onbekende codes** verschijnt nu (Figuur 5).

3.3 Controle taxoncodering



Figuur 5. Mogelijkheid tot het controleren van onbekende taxoncodes..

Binnen het kader **Aantal onbekende codes** wordt aangegeven hoeveel taxoncodes uit het geïmporteerde bestand niet door EKO zijn herkend. U heeft de mogelijkheid om de taxa met onbekende codes te negeren (**Allen negeren**) of de codes handmatig te corrigeren door ze te vervangen door bekende Taxoncodes (**Handmatige correctie**).

Indien u kiest voor de optie **Handmatige correctie** kunt u zelf de onbekende codes vervangen door codes die bekend zijn binnen het programma EKO. Nadat u op deze knop geklikt heeft, verschijnt het tweede deel van het venster (Figuur 6).

Figuur 6. Het vervangen van de onbekende codes door middel van handmatige correctie.

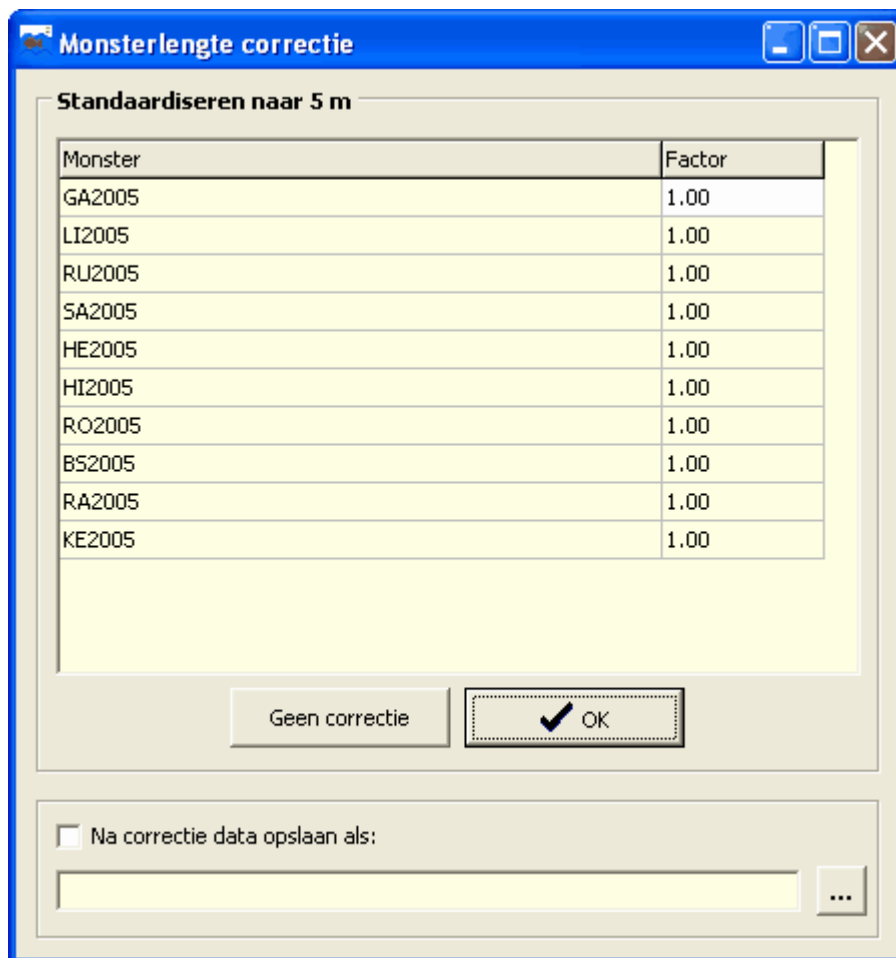
Hier heeft u de mogelijkheid om onbekende taxoncodes die in het bestand voorkomen, te vervangen door binnen EKO bekende taxoncodes. De onbekende taxoncode staat linksboven in het venster. EKO stelt automatisch de taxoncode voor die het meest lijkt op de onbekende taxoncode. Binnen het kader **Classificatie** wordt het fyllum, de klasse, orde, familie, geslacht en soort (wanneer van toepassing) behorende bij de 8-lettercode voluit geschreven. U kunt kiezen of u met dit voorstel akkoord gaat (vink aan **Vervangen door**), zelf een andere code selecteert (▼), of dit taxon negeert (vink aan **Negeren**). Met de knop **Volgende <PgUp>** gaat u naar de volgende onbekende code. U kunt ook weer terug in de lijst navigeren met **Vorige <PgDn>**. Wanneer alle onbekende taxoncodes zijn gecorrigeerd (zichtbaar aan de volle balk onderaan het venster en de verspringende nummers onder **Onbekende code**), kunt u deze keuzes definitief opslaan voor gebruik bij toekomstige monsters door **Voeg de vervangen codes toe aan tabel Taxonomische Afstemming** aan te vinken. Bedenk goed dat iedere vervanging die op deze manier wordt opgeslagen in de toekomst automatisch uitgevoerd wordt wanneer de knop **Vervangen mbv tabel** wordt gebruikt. Om verder te gaan klikt u **OK**. Het venster **Monsterlengte correctie** verschijnt (Figuur 7).

De mogelijkheid **Vervangen mbv tabel** kunt u gebruiken nadat u handmatig heeft afgestemd en de veranderingen heeft opgeslagen (zie boven). De volgende keer

worden de codes die u al een keer heeft vervangen herkend en op dezelfde manier vervangen.


Indien u kiest voor de optie **Allen negeren** worden alle onbekende codes binnen het bestand genegeerd. Dit betekent dat taxa met onbekende codes uit de monsters worden genegeerd en niet meedoen tijdens de toedeling van monsters aan de cenotypen. Nadat u op de knop **Allen negeren** heeft geklikt, verschijnt het venster **Monsterlengte correctie** (Figuur 7).

3.4 Monsterlengte correctie



Figuur 7. Mogelijkheid tot het corrigeren van de monsterlengte.

Met het venster **Monsterlengte correctie** (Figuur 7) bent u verplicht om de monsterlengte te corrigeren naar het standaard (gesommeerde) bemonsterde oppervlak van 1.25 m². Bij het gebruik van een net van 0.25 m breedte komt dit overeen met een monsterlengte van 5 meter (standaard lengte). In de kolom **Monster** staan de ingelezen monsterpunten. In kolom **Factor** kunt u desgewenst de monsterlengte corrigeren. Hiervoor moet vooraf de bemonsterde lengte van elk

monster bekend zijn. Klik op de cel met het getal 1.00 naast het monster dat u wilt standaardiseren en vul desgewenst een andere factor in. De factor die wordt ingevuld is de vermenigvuldigingsfactor voor de aantallen. Een bemonsterde lengte van bijvoorbeeld 10 meter wordt omgerekend naar 5 meter door een factor 0.5 te kiezen. Het programma berekent de gestandaardiseerde aantallen per taxon door te vermenigvuldigen met de ingevulde factor. In dit venster heeft u de mogelijkheid om na correctie de data onder een andere naam in een nieuw bestand op te slaan. Om te zoeken naar het juiste pad klikt u op . Het gecorrigeerde bestand als condensed format file opgeslagen. Klik daarna op **OK**, waarna een venster verschijnt dat bevestigt dat het gewijzigde bestand is opgeslagen. Het programma geeft een bevestiging dat een gecorrigeerde file is opgeslagen (indien voor deze optie is gekozen) waarna het **Hoofdvenster** met de ingelezen monsters verschijnt.

Wanneer een correctie van de monsterlengte niet noodzakelijk is, klikt u vanzelfsprekend op **Geen correctie**.

Let op! Het opgeslagen bestand na correctie van onbekende taxoncodes en monsterlengte correctie bevat niet de ingelezen, maar de afgestemde taxoncodes. Voor de module **Toedeling** (Hoofdstuk 4) wordt namelijk gebruik gemaakt van een afgestemd bestand. Het gaat om afstemming naar de taxa die in de oorspronkelijke data zijn gebruikt voor de ontwikkeling van het netwerk van cenotypen. Indien op een later tijdstip het opgeslagen bestand wordt ingelezen, waarbij er geen onbekende of niet afgestemde codes zullen worden herkend, zullen de resultaten van de overige modules (bijvoorbeeld **Karakterisering** en **Referentie**) automatisch gebaseerd zijn op deze afgestemde gegevens. Overigens kunnen deze modules ook werken met niet afgestemde taxoncodes. Om met deze modules te werken wordt bij voorkeur alleen het originele databestand gebruikt om alle keuze mogelijkheden open te houden. Bij herhaalde bewerkingen gaat de voorkeur daarom uit naar het gebruik van een log file (paragraaf 3.6).

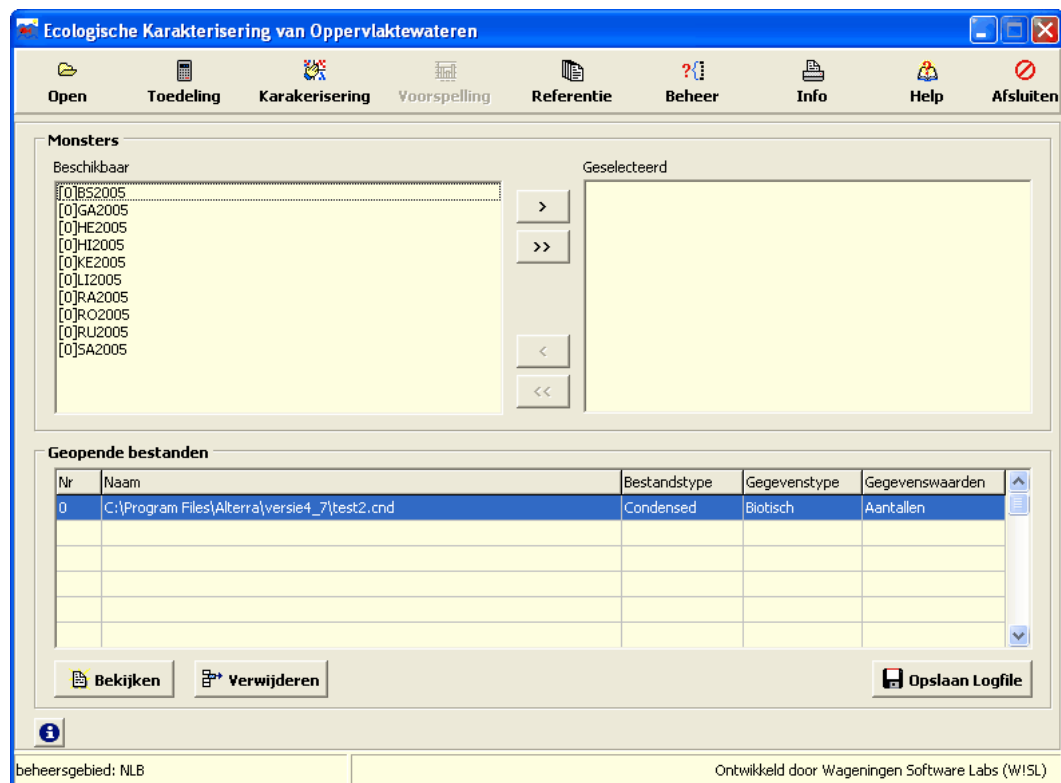
3.5 Opslaan van log files

Na het inlezen van het databestand kunt u de keuzes die u tijdens de inleesprocedure maakt, vastleggen in een log file. Dit kan eenvoudig door (na het inlezen van het bestand) in het **Hoofdvenster** (Figuur 1) op de knop **Opslaan Logfile** te klikken. Er verschijnt een venster waarin u de plaats en naam van de log file kunt aangeven. Het is mogelijk om deze log file tijdens een nieuwe sessie in te lezen, waarbij de correcties en afstemmingen aan het originele bestand automatisch op dezelfde manier worden uitgevoerd zoals dat de eerste keer handmatig is gedaan. Het is hierbij belangrijk dat het originele databestand niet van naam veranderd of naar een andere directory/folder wordt verplaatst. De log file gaat uit van de originele naam en plaats van dit bestand.

3.6 Ingelezen data bekijken

In het kader **Geopenden bestanden** van het **Hoofdvenster** (Figuur 8) kunt u zien welk bestand is ingelezen (het is mogelijk om meerdere bestanden tegelijkertijd open te hebben). De naam van het ingelezen bestand die getoond wordt, is nog steeds de naam van de originele file, ook als u tijdens het inlezen taxoncodes heeft gecorrigeerd of de monsterlengte heeft aangepast en dit onder een ander naam heeft opgeslagen. Het programma werkt nu echter wel met de gekozen aanpassingen in het bestand. Binnen het kader **Geopende bestanden** wordt informatie gegeven over het bestand in de kolommen **Bestandstype** (cnd, mdb, of log), **Gegevenstype** (biotisch) en **Gegevenswaarden** (aantallen). Deze informatie wordt tijdens inleesprocedure automatisch gegenereerd.

Met de knop **Verwijderen** kan een ingelezen bestand worden verwijderd.



Figuur 8. Het hoofdvenster met weergave van de geopende bestanden.

Klik op de knop **Bekijken** om de inhoud van de monsters te bekijken. In het venster dat verschijnt (Figuur 9) kunt u het ingelezen bestand met correcties en afstemmingen bekijken. Naast **Monster** kunt u elk willekeurig monster binnen het bestand selecteren met behulp van het drop-down menu). Onder dit kader wordt aangegeven hoeveel taxonomische eenheden in het originele monster zaten (in het voorbeeld waren dit 66 taxa) en hoeveel taxa er na het corrigeren en afstemmen nog over zijn (61 in het voorbeeld). Analoog wordt deze informatie gegeven over het

aantal individuen. De informatie over het aantal individuen wijzigt nog indien de monsterlengte met behulp van de vermenigvuldigingsfactor wordt aangepast. In de kolommen wordt per taxon aangegeven of de codes zijn gecorrigeerd, afgestemd of zonder correctie overgenomen. In de kolom **Taxon[ruw]** en **Waarde** staan de codes en waarden uit het originele monster. In de kolommen **Controleer** en **Vervangen** staan welke vervangende taxoncodes zijn toegepast en of er taxa uit het bestand voor analyse zijn verwijderd (ignore). Een lege cel betekent dat het taxon zonder correctie is overgenomen. In de kolom **Vervangen** staat of een taxon ten behoeve van de module **Toedeling** naar een andere taxonomische eenheid is vertaald (afgestemd). In het voorbeeld is dit het geval voor DIXEAMPH dat is afgestemd naar DIXELLSP. De abundantie van een dergelijk taxon wordt opgeteld bij de eventueel aanwezige overige individuen van het taxon DIXELLSP in het monster. In de kolommen **Taxon[afgestemd]** en **Waarde** staan de resulterende taxoncodes en waarden. Met de 'scroll bar' kan het gehele monster worden bekeken. In de regionale module Limburg verschijnen twee extra kolommen: **Taxon[Limburg]** en **Waarde**. **In deze kolommen** staan de resulterende taxoncodes en waarden van een afstemming die kan worden gebruikt voor de module **Biotische karakteristieken** binnen de regionale module Limburg. Deze Limburgse afstemming wordt niet gebruikt voor de module **Toedeling**.

De overzichtslijst kan worden uitgeprint via **Print**. Klik op **Sluiten** om weer naar het **Hoofdvenster** terug te keren.

C:\Program Files\Alterra\versie4_7\test2.cnd

Monster: LI2005

Taxa: 66 - 61

Individuen: 2104.5801 - 1813.0698

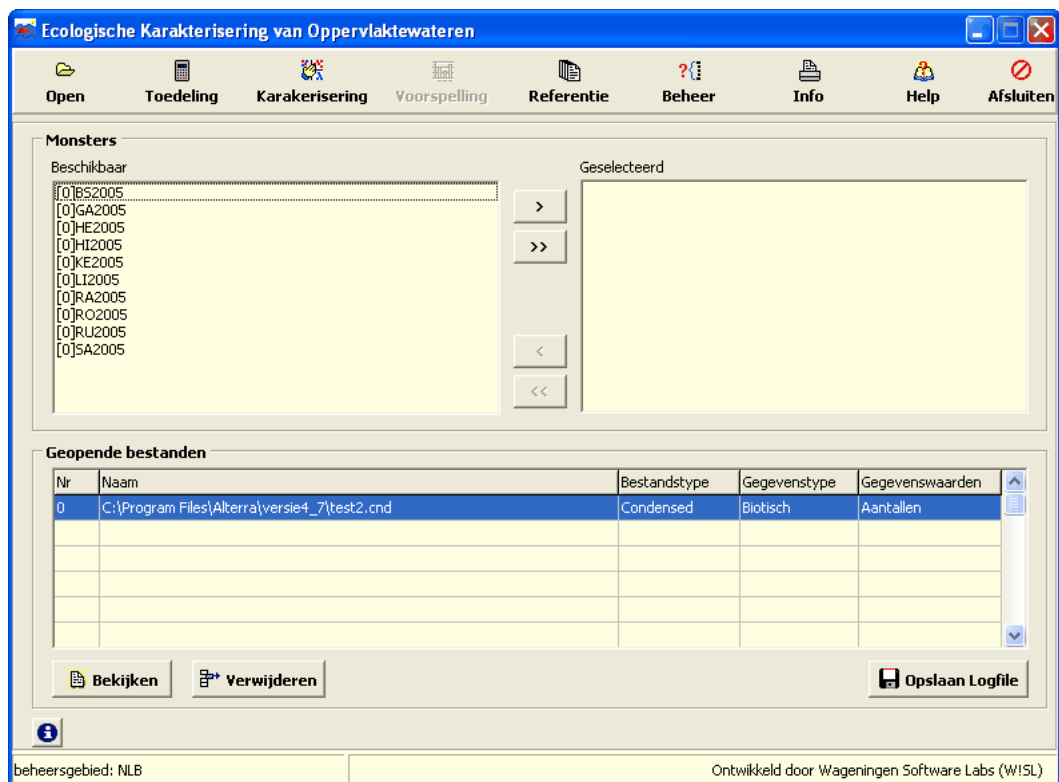
Print Sluiten

Taxon [ruw]	Waarde	Controleer	Vervangen	Taxon [afgestemd]	Waarde
CYRNFLAV	2.5			CYRNFLAV	2.5
CYRNTRIM	7.5			CYRNTRIM	7.5
DEMIVULN	14.42			DEMIVULN	14.42
DERODIGI	4.58			DERODIGI	4.58
				DIXELLSP	2.5
DIXEAMPH	2.5		DIXELLSP		
ENEIDAE	4.58	ENCHYTAE	ENCHYTAE	ENCHYTAE	4.58
EPRAVULG	37.5			EPRAVULG	37.5
ERPONIGR	2.5		ERPOTEST		
ERPOOCTO	10			ERPOOCTO	10
				ERPOTEST	2.5
GAMMPULE	26.67			GAMMPULE	26.67
GLSICOMP	5			GLSICOMP	5
GYRAALBU	5			GYRAALBU	5
GYRISUBS	2.5			GYRISUBS	2.5
HEBDSTAG	10			HEBDSTAG	10
HEXATOAE	2.5	ignore	ignore		
HYMESTAG	2.5			HYMESTAG	2.5
HYPSEANGU	5			HYPSEANGU	5
HYTELOPA	12.5			HYTELOPA	12.5
ISCHNUJSP	2.5		ignore		
LAPHMINU	2.5			LAPHMINU	2.5
LEBEINSI	7.5			LEBEINSI	7.5
LIDRCLAP	9.17			LIDRCLAP	9.17
LIDRHOFF	32.08			LIDRHOFF	32.08
LILURHOM	5			LILURHOM	5
LVMNSTAG	7.5			LVMNSTAG	7.5

Figuur 9. Het bekijken van de ingelezen data na de toegepaste correcties.

3.7 Monsters selecteren voor analyse

In het kader **Monsters** van het **Hoofdvenster** (Figuur 10) kunt u een selectie maken van monsters die u wilt analyseren. In het kader **Monsters** is zichtbaar welke monsters beschikbaar zijn. Wilt u een monster selecteren, klik dan op het te selecteren monster. Klik daarna op > . Het monster wordt nu verplaatst van **Beschikbaar** naar **Geselecteerd**. Wilt u alle monsters ineens selecteren, klik dan op >>. Het verwijderen van geselecteerde monsters verloopt via < of << .



Figuur 10. Het hoofdvenster met weergave van de monsters in de geopende bestanden.

Nadat de monsters zijn geselecteerd kunnen de verschillende modules van het programma worden aangeroepen door op de betreffende knoppen te klikken (**Toedeling**, **Karakterisering**, **Voorspelling**, **Referentie**, **Beheer** en **(Cenotypen) Info**). Welke modules beschikbaar zijn hangt af van het door de gebruiker aangeschafte pakket en de geselecteerde module (= beheersgebied of nationale module). Door op de knop **Help** te drukken verschijnt de helpfile. Met **Afsluiten** wordt het programma beëindigd.

4 Toedeling

4.1 Methode van toedeling

De monsters worden in EKO toegedeeld aan vooraf gedefinieerde cenotypen met behulp van het programma ASSOCIA. ASSOCIA is een programma oorspronkelijk ontwikkeld voor de identificatie van vegetatie-opnamen. Het programma is opgenomen in EKO omdat is gebleken dat macrofaunamonsters goed kunnen worden toegedeeld aan eerder omschreven cenotypen (Verdonschot *et al.*, 2003). In bijlage 2 is de gebruikershandleiding van ASSOCIA opgenomen. In de handleiding wordt uitgelegd op welke wijze ASSOCIA monsters toedeelt aan cenotypen en wordt achtergrondinformatie gegeven over de interpretatie van de uitkomsten.

Zijn de juiste monsters voor analyse geselecteerd, klik dan op de knop **Toedeling**. Het venster **Resultaten toedeling** verschijnt (Figuur 11).

4.2 Resultaten toedeling

ASSOCIA

In het venster **Resultaten toedeling** (Figuur 11) worden de resultaten weergegeven van de toedeling met ASSOCIA. Voordat de monsters kunnen worden toegedeeld, worden de gegevens eerst getransformeerd. In het kader **Transformatie** is weergegeven welke transformatiemethode door het programma is toegepast. De toegepaste transformatiemethode hangt af van de geselecteerde module (= beheersgebied of nationale module).

Monster	Cenotype	Combined Index	Incompleteness	Weird Species
1104	R9	487.2	0.9	14.8
1121	S7	326.8	-0.1	9.4
1088	S7	251.4	1.4	6.6
1120	R9	391.3	1.0	13.9

Figuur 11. De resultaten van de toedeling.

In het venster **Resultaten toedeling** worden meerdere tabbladen weergegeven (**Keuze 1** t/m **Keuze 5**). Elk tabblad is op dezelfde wijze opgebouwd: naast het monster staat het cenotype waaraan het monster is toegedeeld, gevolgd door waarden voor de combined index, incompleteness en weird species. In bijlage 2 worden zijn deze drie indices beschreven. Het kan zijn dat een monster aan meerdere centypen is toegedeeld. In dit geval zijn meerdere tabbladen gevuld met informatie. In het tabblad **Keuze 1** is het cenotype weergegeven waar het monster met de grootste aannemelijkheid toe behoort (laagste waarde voor de combined index). Hoe minder tabbladen zijn gevuld met informatie, des te eenduidiger de toedeling.

Standaard rekt het programma met default instellingen. Onder de knop **Instellingen** kunnen deze echter gewijzigd worden. Na het wijzigen van de instellingen kunnen met de knop **Bereken** opnieuw uitkomsten worden gegenereerd met de nieuwe instellingen. Om alle resultaten van het programma te bekijken, klik op **Bekijk uitvoerbestand**.

U kunt de resultaten van de toedeling met ASSOCIA exporteren naar een tekst-file , of naar excel . Met de knop **Sluiten** komt u weer in het **Hoofdvenster**.

In de regionale modules is er ook nog de mogelijkheid om de **Coördinaten van de ordinarie niveaus** te bekijken (Figuur 12).

Grafische weergave resultaten




Een grafische weergave van de resultaten is alleen mogelijk in de regionale modules. De grafische weergave van de resultaten is gebaseerd op de ordinarie van de oorspronkelijke data. Voor een nadere toelichting wordt verwezen naar Nijboer (1996).

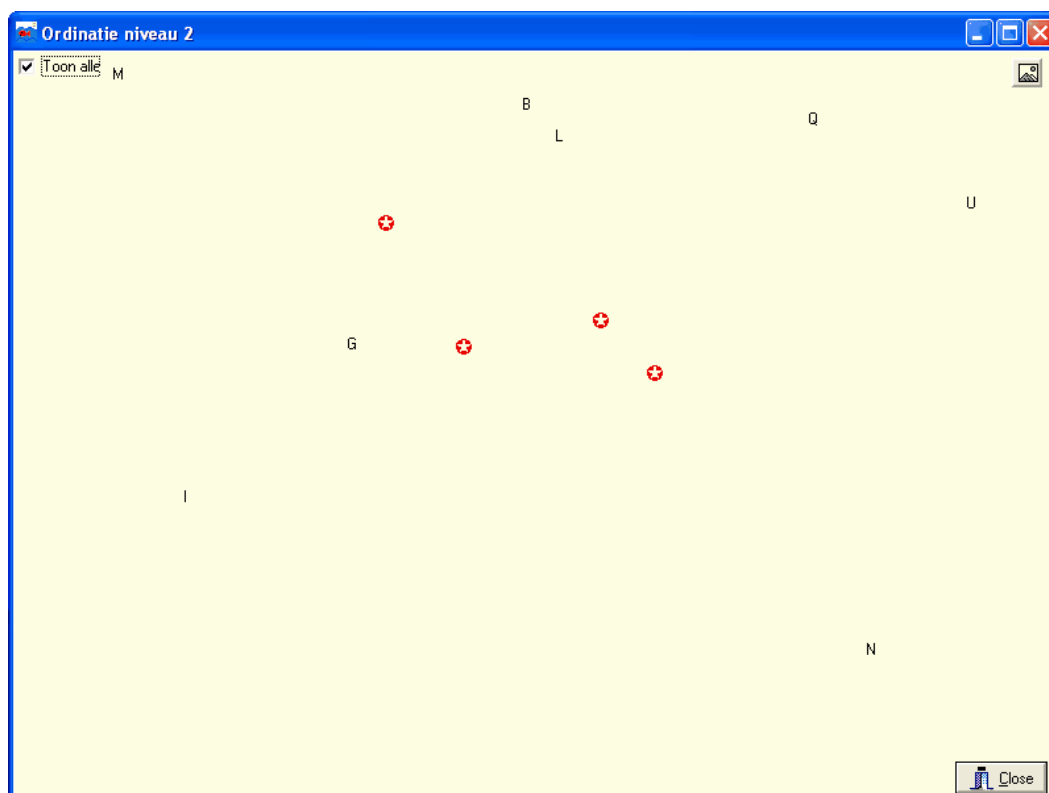
Regionale modules Overijssel en Veluwe/Utrecht

De uitkomsten van de ordinaties van de monsters en de cenotypen worden getoond via de knop **Coördinaten ordinarie niveaus**. Het venster **Coördinaten ordinarie niveaus** verschijnt (Figuur 12).

Cenotype/Monster	As1	As2	As3	As4
1104	8.616	2.386	12.202	-8.777
1121	-38.329	3.789	13.672	22.699
1088	-1.624	-4.297	30.720	-1.806
1120	-25.542	-2.596	5.720	14.882
A	107.600	-25.210	8.406	-2.700
B	-22.990	-14.530	-33.940	-2.607
C	52.820	134.800	4.805	-10.010
G	13.730	-2.808	9.219	17.890
I	48.750	-15.400	20.340	45.870
L	-27.480	16.020	-4.720	-11.690
M	61.350	0.650	3.196	-18.360
N	-76.080	-12.740	71.560	1.739
O	123.400	58.390	-11.950	21.860
P	88.880	-115.500	-9.872	-17.200
Q	-70.640	3.042	-24.170	-0.240
S	138.300	-110.500	-58.220	-15.920
U	-92.390	-4.853	10.410	-4.337

Figuur 12. Coördinaten van de ordinarie op niveau 1.




In dit venster worden onder kolom **Cenotype/Monster** zowel de geanalyseerde monsters als ook de cenotypen van het cenotypennetwerk getoond. In de kolommen **As1** t/m **As4** staan de coördinaten van de monsters en cenotypen binnen het netwerk. In de tabbladen **Niveau 1** t/m **Niveau 5** kunnen de coördinaten van monsters en cenotypen op verschillende niveau's geraadpleegd worden. Met ieder volgend niveau zijn de cenotypen die het meest afweken van het centrum van het netwerk niet meer weergegeven, conform de oorspronkelijke typologische analyses. Op deze manier kan als het ware worden ingezoomd op het centrum van het netwerk. De coördinaten van alle niveaus kunnen worden geëxporteerd naar een tekst-file , of naar excel . Een grafische weergave van de coördinaten kan worden geraadpleegd via de knop **Diagram** (Figuur 13). Alleen het diagram behorende bij het niveau dat geselecteerd is (Tabbladen **Niveau 1** t/m **Niveau 5**) wordt getoond. U krijgt op deze wijze een grafische weergave van de ordinatie en de positie van het (de) toegedeelde monster(s) (geïndiceerd met ) ten opzichte van de cenotypen. Door met het pijltje van de muis een monster aan te wijzen wordt de naam van het monster getoond. Door **Toon alle** aan te vinken verschijnen in het diagram alle toegedeelde monsters. Vink **Toon alle** uit en alleen het monster dat in het drop-down menu van het venster is geselecteerd, wordt getoond in het diagram.



Figuur 13. Projectie van een viertal monsters  in het netwerk van cenotypen.

Met de knop **Sluiten** komt u weer in het **Hoofdvenster**.

Regionale module Limburg

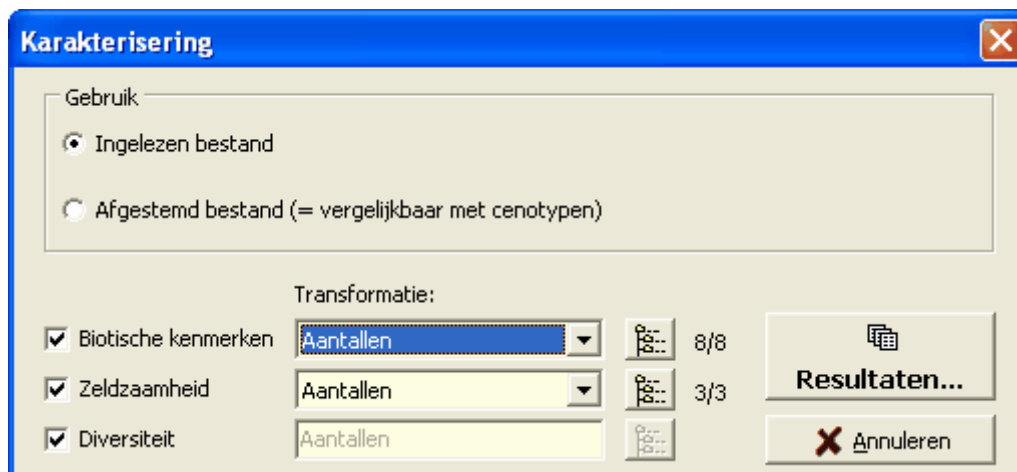
De uitkomsten van de ordinaties van de monsters en de cenotypen worden getoond via de knop **Coördinaten ordinatie niveaus** in het venster **Resultaten toedeling**. In het venster **Coördinaten ordinatie niveaus** (Figuur 12) worden onder de kolom **Cenotype/Monster** in het tabblad **Niveau 1** zowel de geanalyseerde monsters als ook de hoofdgemeenschapstypen van het cenotypennetwerk getoond. In de kolommen **As1** t/m **As4** staan de coördinaten van de monsters en hoofdgemeenschapstypen binnen het netwerk. In het tabblad **Niveau 2** kunnen de coördinaten van monsters en cenotypen per hoofdgemeenschapstype geraadpleegd worden. Om de coördinaten van de monsters en cenotypen per hoofdgemeenschapstype te raadplegen moet in het tabblad **Niveau 1** het gewenste hoofdgemeenschapstype worden geselecteerd. De coördinaten van beide niveaus kunnen worden geëxporteerd naar een tekst-file , of naar excel . Een grafische weergave van de coördinaten kan worden geraadpleegd via de knop **Diagram** (Figuur 13). Alleen het diagram behorende bij het niveau dat is geselecteerd (Tabbladen **Niveau 1** t/m **Niveau 2**) wordt getoond. U krijgt op deze wijze een grafische weergave van de ordinatie waar de positie van het monster (geïndiceerd met ) ten opzichte van de cenotypen is weergegeven. Door met het pijltje van de muis een monster aan te wijzen wordt de naam van het monster getoond. Door **Toon alle** aan te vinken verschijnen in het diagram alle toegedeelde monsters. Vink **Toon alle** uit en alleen het monster dat in het drop-down menu van het venster **Coördinaten ordinatie niveaus** is geselecteerd, wordt getoond in de diagram.

Met de knop **Sluiten** komt u weer in het **Hoofdvenster**.


5 Karakterisering

5.1 Het genereren van een karakterisering

Door de knop **Karakterisering** aan te klikken in het **Hoofdvenster** verschijnt het venster **Karakterisering** (Figuur 14). Met behulp van de module **Karakterisering** worden de monsters gekarakteriseerd op basis van kennis van de ecologie van de aanwezige soorten. Binnen het kader **Gebruik** (Figuur 14) kan gekozen worden voor karakterisering op basis van het originele bestand, de aangepaste code (na correctie en afstemming) of (alleen voor de beheersmodule Limburg) een aangepaste code gebaseerd op een afstemmingsbestand opgesteld door het Waterschap Roer en Overmaas. Deze keuze heeft gevolgen voor de resultaten van de karakterisering. Bij de taxonomische afstemming vindt aggregatie van taxa naar hogere taxonomische eenheden plaats. Dit betekent doorgaans een kleiner aantal taxa, bij een gelijk aantal individuen. Voor een aantal indexen die binnen deze module worden berekend kan dit effect hebben op de uitkomsten.



Figuur 14. Het venster Karakterisering.

Bij de **Karakterisering** is het mogelijk om afzonderlijk voor **Biotische kenmerken** en **Zeldzaamheid** transformaties toe te passen. U heeft de keuze uit: aantallen, logaritmisch, prestonwaarden en (alleen voor de beheersmodule Limburg) limburg_prestonwaarden. Gebruik  om de gewenste transformatiemethode te selecteren. In tabel 1 staat aangegeven op welke wijze de transformaties binnen EKO worden uitgevoerd.

Tabel 1. Wijze waarop transformaties binnen EKO worden uitgevoerd.


Waarde	Transformatiemethode
aantallen	Geen
logaritmisch	$\ln(x+1)$
prestonwaarden	$2\log(x+1)$
limburg_Prestonwaarden	$2\log(x+1)$ met een maximum van 4

De karakterisering bestaat uit de onderdelen **Biotische kenmerken**, **Zeldzaamheid** en **Diversiteit**. Door ze aan of uit te vinken bepaalt u zelf welke worden berekend. Hieronder zijn ze verder uitgesplitst:

Biotische kenmerken: abiotisch, bewegingsgedrag, functionele voedingsgroep, habitat, saprobie, stroomsnelheid, taxonomische hoofdgroep, trofisch niveau.


Zeldzaamheid: zeldzaamheid beheersgebied, zeldzaamheid regionaal, zeldzaamheid landelijk.

Diversiteit: Shannon index, reciproke Simpson index, Alatalo index.

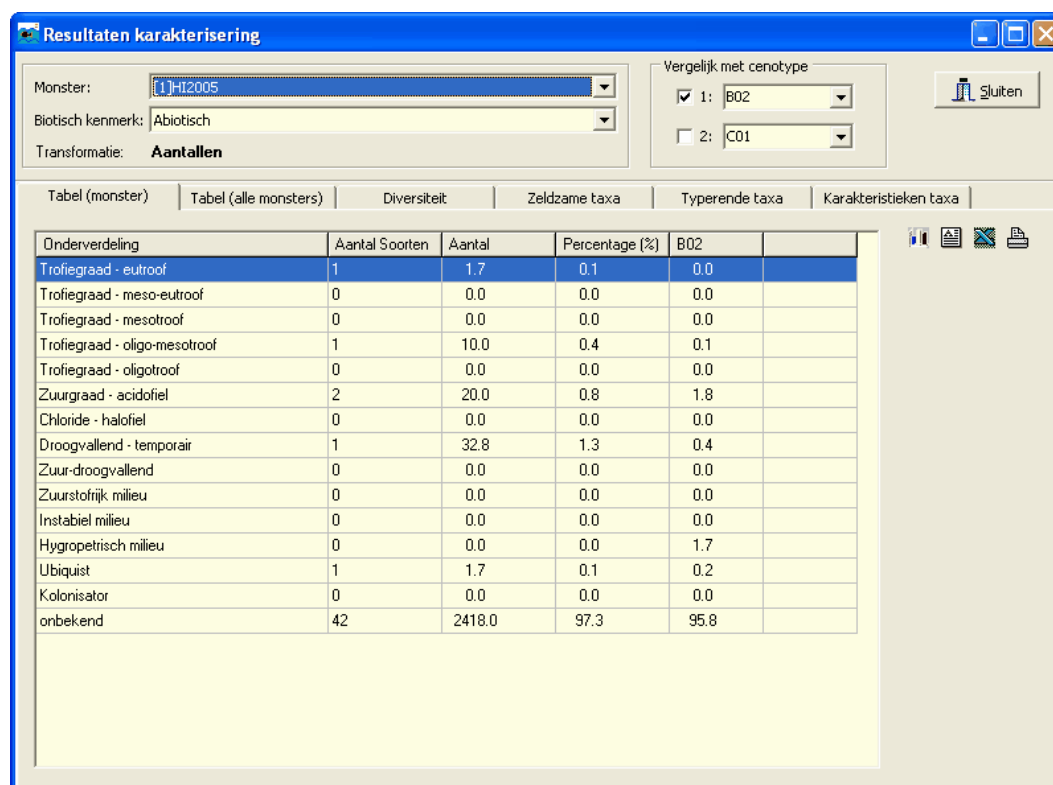
Voor **Biotische kenmerken** en **Zeldzaamheid** kunt u zelf kiezen welke onderdelen worden meegenomen. Klik hiervoor op . Het toevoegen/verwijderen van mogelijkheden doet u met >, >> resp. <, <<. Standaard worden alle onderdelen berekend.

Heeft u de juiste keuze gemaakt, klik dan op **Resultaten**. EKO gaat nu rekenen. Dit kan naar gelang de grootte van het bestand en de snelheid van uw PC, enige tijd duren. Het venster **Resultaten karakterisering** verschijnt (Figuur 15).



5.2 Resultaten karakterisering

In het venster **Resultaten karakterisering** (Figuur 15) vindt u de resultaten van de karakterisering. Indien meerdere monsters tegelijk zijn geanalyseerd, kunt u de resultaten van elk **Monster** selecteren in het kader in de linker bovenhoek (). Op dezelfde manier kunt u de onderdelen van de karakterisering selecteren bij **Biotisch kenmerk**. Daaronder staat aangegeven welke **Transformatie** is gebruikt tijdens de berekeningen. In het kader **Vergelijk met cenotype** kunt u het monster vergelijken één of twee cenotypen door deze aan te vinken. De mogelijkheid om te vergelijken met de cenotypen is alleen beschikbaar wanneer u voor **Afgestemd bestand** en de transformatie **Aantallen** heeft gekozen in het venster **Karakterisering** (Figuur 14). Indien u cenotypen aanvinkt waarvoor informatie beschikbaar is, worden de resultaten vermeld in de laatste twee kolommen naast de resultaten van het monster in het tabblad **Tabel (monster)**. In dit tabblad worden in de kolom **Onderverdeling** de onderdelen van het geselecteerde kenmerk weergegeven. In de kolom **Aantal Soorten** staat het aantal taxa met het specifieke kenmerk. In de kolom **Aantal** staat de cumulatieve abundantie van de taxa met het specifieke kenmerk. In de kolom **Percentage (%)** staat het percentage van het totaal aantal


individuen in het monster met het betreffende kenmerk. In figuur 15 zijn er bijvoorbeeld 20 individuen van 2 taxa die kenmerkend zijn voor een zuur milieu (zuurgraad-acidofiel) en deze individuen maken 0.8 % van de totale abundantie van het monster uit. De informatie met betrekking tot de aangevinkte cenotypen betreft eveneens het **Percentage (%)**.



Figuur 15. De resultaten van de karakterisering.

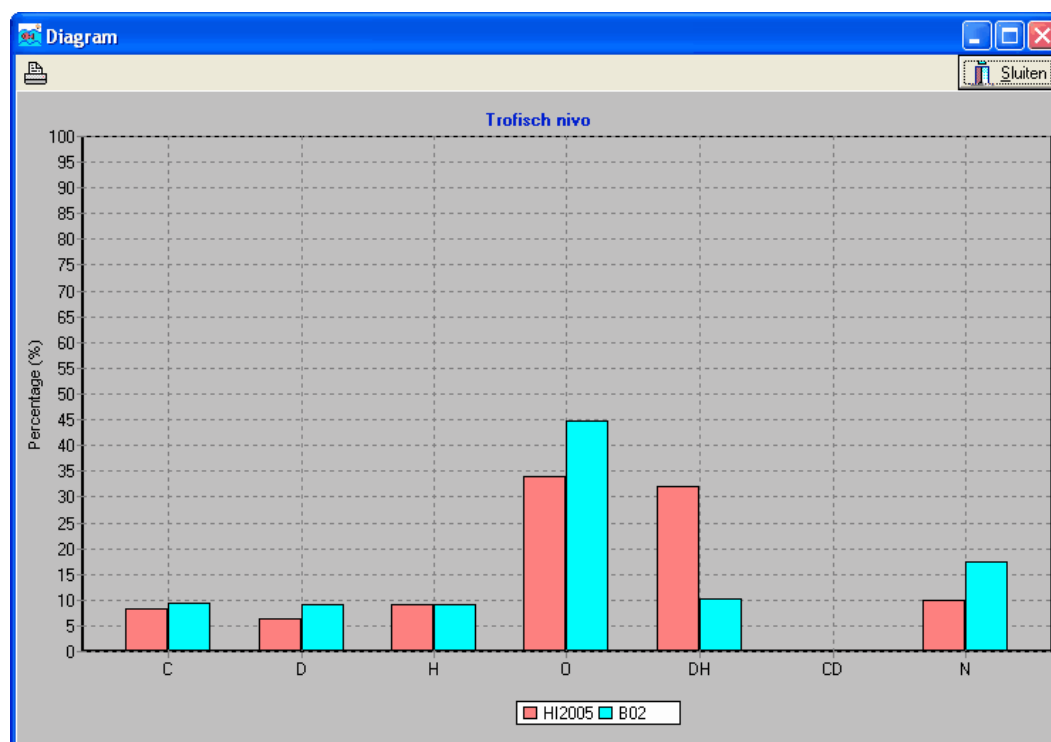
In het tabblad **Tabel (monster)** kunt u met het icoon  de resultaten van de biotische karakterisering visualiseren in een staafdiagram (Figuur 16). Dit diagram kan worden uitgeprint door op het icoon  te klikken. Als voorbeeld is in figuur 16 de procentuele verdeling voor het trofisch niveau weergegeven. Voor een verklaring van de codering van de groepen wordt verwezen naar paragraaf 5.3 of Verdonschot (1990).

Het tabblad **Tabel (alle monsters)** geeft de resultaten weer van alle monsters die tegelijkertijd zijn geanalyseerd. U kunt kiezen tussen een weergave in aantallen individuen, in percentages of in aantal taxa.

Het tabblad **Diversiteit** geeft de resultaten van de verschillende diversiteits- en evenness-indexen die zijn berekend (Shannon index, Reciproke Simpson index en Alatalo index). U kunt het monster selecteren in het kader linksboven (**Monster** ).




Het tabblad **Zeldzame taxa** geeft de zeldzaamheid aan van taxa op basis van de **nationale, regionale** en **beheersgebied** zeldzaamheidslijsten (indien van toepassing en beschikbaar). Alleen de taxa die bekend staan als zeer zeldzaam, zeldzaam of vrij zeldzaam worden weergegeven. Achter elk taxon staat de abundantie tussen haakjes.

In het tabblad **Typerende taxa** staan voor de (in het kader **Vergelijk met cenotypen**) aangevinkte cenotypen de typerende taxa (hoog, matig, laag) weergegeven. De taxa die worden weergegeven komen zowel voor in het toegedeelde monster als in het geselecteerde cenotype en zijn respectievelijk hoog, matig of laag typerend voor het cenotype.



Figuur 16. Staafdiagram van het trofisch niveau voor monster HI2005 en cenotype B02.

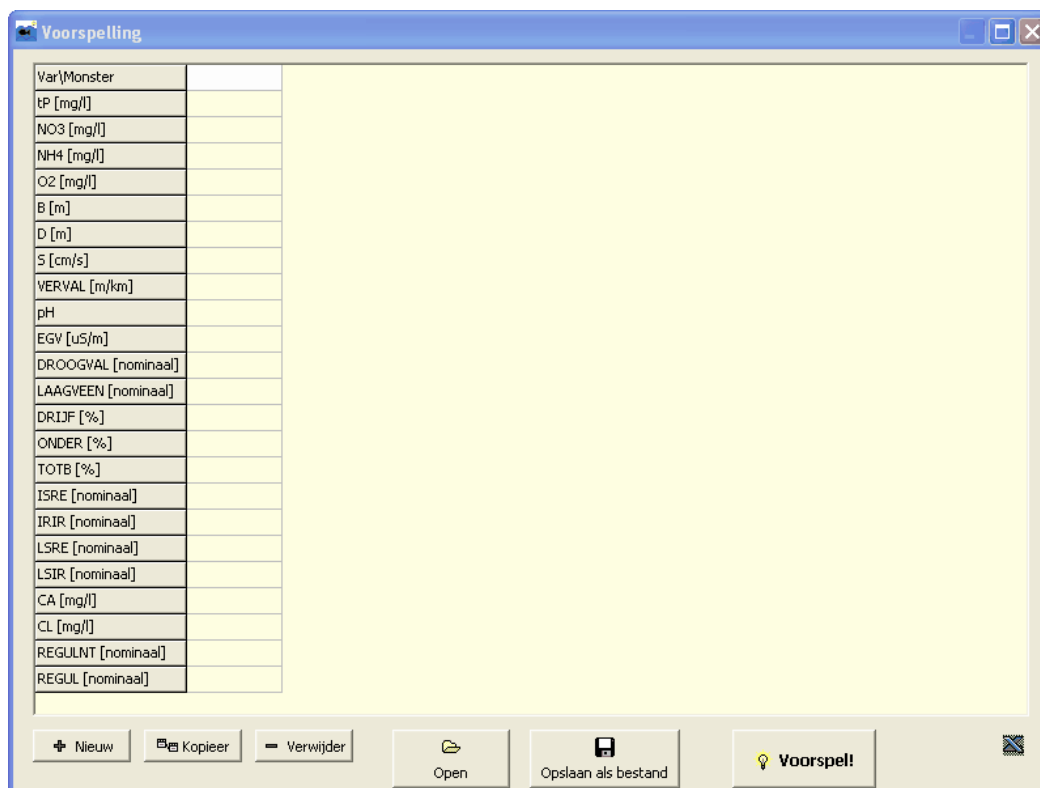
In het tabblad **Karakteristieken taxa** staan de karakteristieken weergegeven van alle taxa die in de monsters zijn aangetroffen. Per monster is aangegeven met hoeveel individuen een taxon in een monster aanwezig was. Voor een verklaring van de codering van de kolommen en de codering per karakteristiek wordt verwezen naar bijlage 3 en Verdonschot (1990).

Alle besproken tabbladen bieden de mogelijkheid de uitkomsten te exporteren naar een tekst-file , of naar excel . De resultaten in het tabblad **Tabel (monster)** kunnen ook worden uitgeprint ().

6 Voorspelling

Met de module **Voorspelling** is het mogelijk om op basis van fysische en chemische toestandsvariabelen een voorspelling te doen over de cenotypen die mogelijk zouden kunnen voorkomen. Achtergrondinformatie over de werking van deze module kunt u vinden in Verdonschot & Goedhart (2000). **Voorspelling** is vooralsnog alleen beschikbaar voor de regionale module Overijssel.

Klik op de knop **Voorspelling** op de menubalk van het **Hoofdvenster**. Het venster **Voorspelling** verschijnt (Figuur 17).



Figuur 17. Venster voor het invoeren van waarden voor fysische en chemische variabelen.

De eerste kolom van dit venster bevat alle variabelen waarvoor waarden nodig zijn om een voorspelling te kunnen uitvoeren. Met de knop **Open** kunt een bestand inlezen waarin de waarden voor deze fysische en chemische variabelen zijn opgenomen. Standaard wordt met het programma een bestand *scenario.in* meegeleverd in de EKO directory *predict*. Naar dit voorbeeld kunt u zelf invoerbestanden genereren. U kunt ook direct gegevens invoeren in het venster **Voorspelling**. Klik hiervoor met de muis in één van de vakjes naast de variabelen. Om een nieuwe kolom toe te voegen, klikt u op **Nieuw**. Om een bestaande kolom te kopiëren, klikt

u op **Copy**. Om een kolom te verwijderen, klikt u op **Verwijder**. Ingevoerde of aangepaste gegevens kunnen worden opgeslagen via **Opslaan als bestand**. De gegevens worden automatisch in het juiste format (*.in) opgeslagen. Nadat de gegevens zijn ingevoerd klikt u op **Voorspel!** waarna het resultaat van de voorspelling in een nieuw venster wordt getoond (Figuur 18).

Hoofdgroep	Groep		Cenotype								
	3170	620	5830	8983	153	8510	4799	8531	4823	6674	1830
BronBoven	0.0500	0.4862	0.1118	0.0168	0.0653	0.2051	0.2323	0.1571	0.3426	0.2416	0.14
MiddenBeneden	0.5999	0.4698	0.3086	0.5890	0.2179	0.7621	0.7299	0.7803	0.6122	0.6824	0.75
SlootKanaal	0.2332	0.0117	0.0153	0.2930	0.0255	0.0303	0.0322	0.0536	0.0061	0.0106	0.01
PoelMeer	0.1169	0.0322	0.5643	0.1011	0.6913	0.0026	0.0056	0.0090	0.0391	0.0655	0.08


Figuur 18. De resultaten van de voorspelling.

De resultaten zijn opgedeeld in **Hoofdgroep**, **Groep** en **Cenotype**. Per monster wordt voor alle weergegeven hoofdgroepen/groepen/cenotypen een getal berekend, dat de mate van overeenkomst aangeeft tussen de opgegeven milieu-omstandigheden en de milieu-omstandigheden behorend bij de betreffende hoofdgroepen/groepen/cenotypen. In het voorbeeld van figuur 18 komen de waarden voor de fysisch en chemische variabelen in monster 3170 het meest overeen met de ranges in waarden voor de fysisch en chemische variabelen in een midden/benedenloop (aangegeven in rood). De resultaten kunnen worden geëxporteerd naar een tekstfile (📄) of naar excel (📊). Voor de werkwijze van de voorspelling en de indeling van hoofdgroep, groep en cenotypen wordt verwezen naar Verdonschot & Goedhart (2000).

7 Referentie

Onder de knop **Referentie** in de menubalk van het **Hoofdvenster** wordt de taxonomische samenstelling van de geselecteerde monsters vergeleken met die van de streefbeelden (regionale modules, Figuur 19) of de referentietypen (nationale modules, Figuur 20). De in het programma opgenomen referentietypen voor de nationale modules zijn afkomstig uit het 'Aquatisch Supplement' (Beers & Verdonschot, 2000; Jaarsma & Verdonschot, 2000; Nijboer, 2000; Verdonschot, 2000). De beschrijving van de referentietypen voor de regionale module Veluwe/Utrecht zijn afkomstig uit Jaarsma *et al.* (2001). Binnen de regionale module Overijssel zijn alleen referentietypen opgenomen voor stormende wateren in het beheersgebied van de Dinkel (Verdonschot *et al.*, 1993). De module **Referentie** is niet beschikbaar binnen de regionale module Limburg.




Nationale modules en de regionale module Overijssel

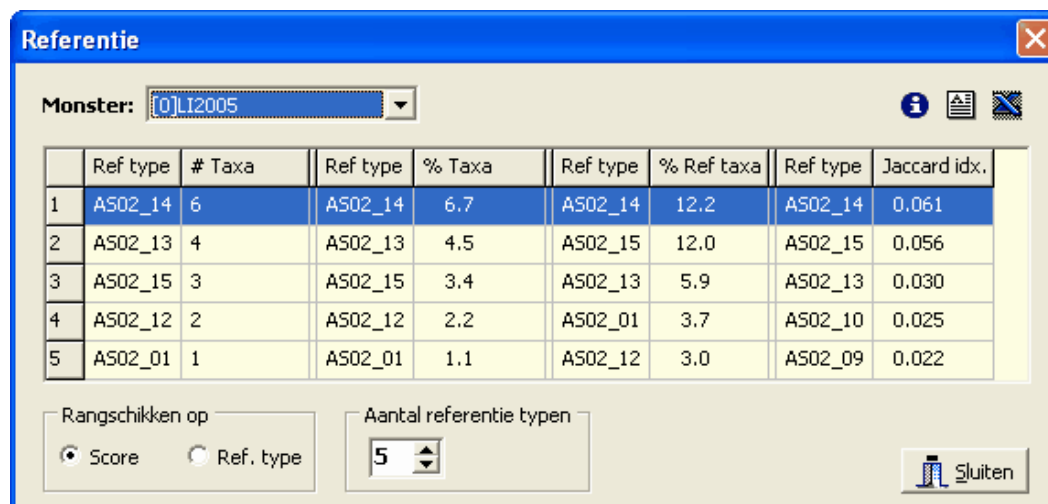
Onder **Monster** kunt u ieder willekeurig monster selecteren (klik op ). U kunt de uitkomst **rangschikken op score** of op **referentietype**. In de module Overijssel zijn naast referentietypen ook streefbeelden opgenomen. De codes voor de referentietypen zijn herkenbaar aan de toevoeging van het **+**-teken en de codes voor de streefbeelden aan het **'**-teken. Bij de rangschikking op **score** wordt per kenmerk (**# taxa**, **% taxa**, **% ref taxa** en **Jaccard idx**) de overeenkomst tussen het monster en het referentietype/streefbeeld gegeven, waarbij het referentietype/streefbeeld met de grootste overeenkomst bovenaan staat. Bij de rangschikking op **referentietype** wordt per referentietype/streefbeeld aangegeven in welke mate het monster overeenstemt met het referentietype/streefbeeld voor de vier kenmerken. **Let op!** De weergave rangschikken op referentietype is geen rangschikking op score, maar een rangschikking per referentietype. Het referentietype/streefbeeld dat het eerst wordt genoemd hoeft niet het meeste op het monster te lijken. **# taxa** is het aantal taxa dat overeenkomt tussen het referentietype/streefbeeld en het monster. **% taxa** is het aantal taxa dat overeenkomt tussen het monster en het referentietype/streefbeeld als percentage van het totaal aantal taxa in het monster. **% ref taxa** is het aantal taxa dat overeenkomt tussen het monster en het referentietype/streefbeeld als percentage van het totaal aantal taxa beschreven voor het referentietype/streefbeeld. De Jaccard index is een maat voor similariteit tussen het monster en het referentietype/streefbeeld:

$$J = \frac{c}{a + b - c}$$

met:

- J = Jaccard index
- a = aantal taxa in monster A
- b = aantal taxa in monster B (referentietype/streefbeeld)
- c = aantal overeenkomende taxa tussen monster A en B

U kunt het aantal getoonde referentie typen verhogen door op de pijltjes te klikken. Met de knop  krijgt u de taxa te zien behorende bij de getoonde referentietypen/streefbeelden. U kunt de uitkomsten exporteren naar een tekst-file , of naar excel .



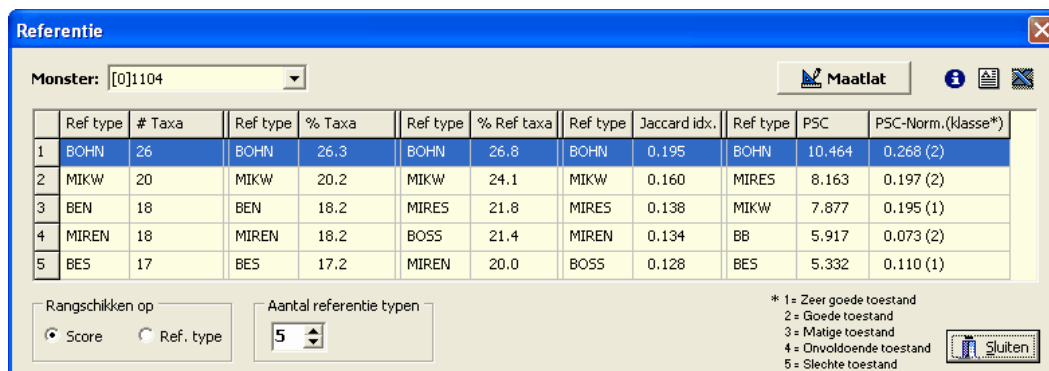
	Ref type	# Taxa	Ref type	% Taxa	Ref type	% Ref taxa	Ref type	Jaccard idx.
1	AS02_14	6	AS02_14	6.7	AS02_14	12.2	AS02_14	0.061
2	AS02_13	4	AS02_13	4.5	AS02_15	12.0	AS02_15	0.056
3	AS02_15	3	AS02_15	3.4	AS02_13	5.9	AS02_13	0.030
4	AS02_12	2	AS02_12	2.2	AS02_01	3.7	AS02_10	0.025
5	AS02_01	1	AS02_01	1.1	AS02_12	3.0	AS02_09	0.022

Figuur 19. De resultaten voor de module referentie van de nationale modules.

Let op!! In de meeste gevallen zullen monsters van beïnvloede wateren slechts weinig taxa bevatten van de referentietypen/streefbeelden. De monsters van beïnvloede wateren zullen daarom vaak op meerdere referentietypen lijken. De module is om deze reden niet geschikt om het referentietype/streefbeeld voor een sterk beïnvloed water te bepalen. De keuze voor een referentietype/streefbeeld van een water dient te allen tijde te worden gemaakt door een expert. De uitkomst van de referentie module kan wel worden gebruikt ter ondersteuning van de keuze.



Regionale module Veluwe/Utrecht

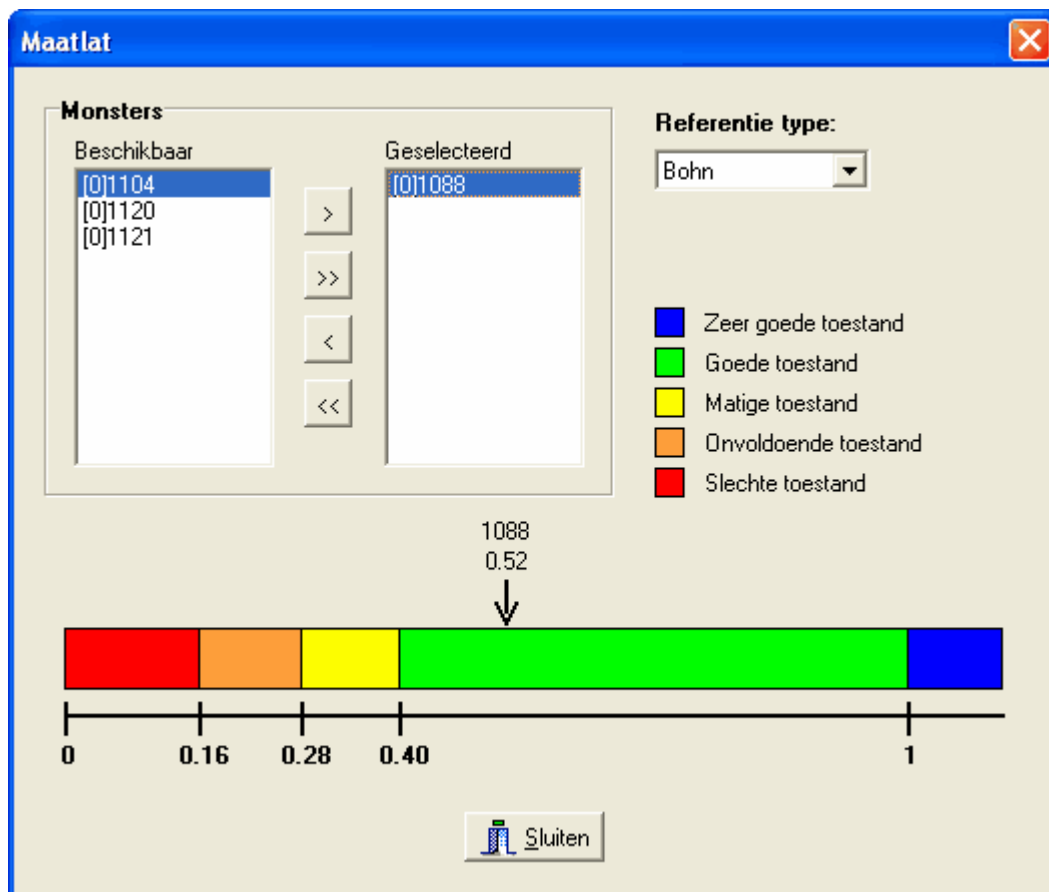
De module **Referentie** voor de regionale module Veluwe/Utrecht is uitgebreider dan voor de overige modules. Naast de kenmerken # taxa, % taxa, % ref taxa en Jaccard idx worden tevens de kenmerken Percent Similarity Coefficient (PSC) en de aan standaard klassegrenzen genormeerde PSC (PSC-Norm) weergegeven. Voor uitleg over deze twee kenmerken wordt verwezen naar Elbersen & Verdonschot (2003). Het nummer tussen haakjes achter de waarde voor de PSC (norm) geeft de kwaliteitsklasse/ecologische toestand weer.



Figuur 20. De resultaten voor de module van de regionale module Veluwe/Utrecht.

Naast de extra kenmerken is aan de module **Referentie** een maatlat toegevoegd, waarmee de mate waarop de monsters lijken op de referentietypen gevisualiseerd kan worden. Deze vergelijking is gebaseerd op de PSC-norm. De berekeningen die ten grondslag liggen aan de maatlat en de interpretatie van de resultaten worden uiteengezet in Elbersen & Verdonschot (2003).

Druk op de knop **Maatlat** in het venster **Referentie**. In het venster **Maatlat** (Figuur 21) dat verschijnt, is in het kader **Monsters** zichtbaar welke monsters beschikbaar zijn. Wilt u een monster selecteren, klik dan op het te selecteren monster. Klik daarna op > . Het monster wordt nu verplaatst van **Beschikbaar** naar **Geselecteerd**. Wilt u alle monsters ineens selecteren, klik dan op >>. Het verwijderen van geselecteerde monsters verloopt via < of << . Indien u het gewenste monster onder het kopje **Geselecteerd** aanklikt, wordt standaard het referentietype met de hoogste PSC-norm op de maatlat weergegeven. Met het drop-down menu **Referentie type** kunnen andere referentietypen worden gekozen om het monster mee te vergelijken. Boven de gekleurde balk wordt met een pijl aangegeven in welke toestand het monster verkeert ten opzichte van de gekozen referentie. De plaats op de maatlat is gebaseerd op de waarde voor de gestandaardiseerde PSC (PSC-norm). Deze waarden staan ook vermeld in de export van de uitkomsten naar een excel of tekst-file (knoppen  en  in het venster **Referentie**).



Figuur 21. Grafische weergave van de mate van overeenkomst in de samenstelling van de macrofaunagemeenschap tussen monster(s) en een referentietype binnen de module *Veluwe/Utrecht*.

Let op!! In de meeste gevallen zullen monsters van beïnvloede wateren slechts weinig taxa bevatten van de referentietypen/streefbeelden. De monsters van beïnvloede wateren zullen daarom vaak op meerdere referentietypen lijken. De module is om deze reden niet geschikt om het referentietype/streefbeeld voor een sterk beïnvloed water te bepalen. De keuze voor een referentietype/streefbeeld van een water dient te allen tijde te worden gemaakt door een expert. De uitkomst van de referentie module kan wel worden gebruikt ter ondersteuning van de keuze.

8 Beheer

8.1 Het genereren van een beheersadvies

De module **Beheer** geeft inzicht in welke maatregelen kunnen worden genomen om de gewenste ontwikkelingsrichting of het gewenste referentietype te realiseren.

U klikt op het pictogram **Beheer** in de menubalk van het **Hoofdvenster** (Figuur 1). In de regionale module verschijnt het venster **Beheersmaatregelen** (Figuur 21). In de nationale modules verschijnt het venster **Beheersmodule (stap 1)** (Figuur 22). De module **Beheer** is niet beschikbaar voor de regionale modules Limburg en Veluwe/Utrecht.

Regionale module Overijssel

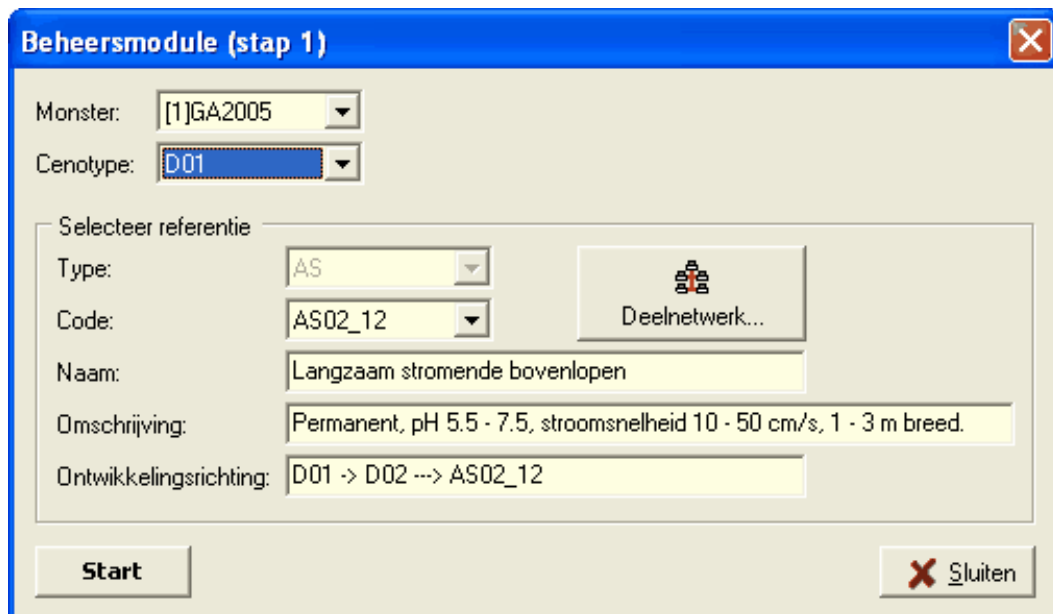
In het venster **Beheersmaatregelen** (Figuur 21) kunt u een monster selecteren, het daaraan te koppelen cenotype en de gewenste ontwikkelingsrichting van het cenotype. Met de optie **Deelnetwerk** kunt u de grafische weergave van het deelnetwerk van het cenotype bekijken om de ontwikkelingsrichting te bepalen.

Figuur 21. Venster voor het genereren van een advies over maatregelen die kunnen worden genomen om de gewenste ontwikkelingsrichting te realiseren.

Het uiteindelijke beheersadvies berust op het principe van vraag en antwoord. Klik op **Start**. De vragenreeks wordt nu geactiveerd om te bepalen welke stressoren in welke mate een rol spelen in het betreffende water. Onder het pictogram **Start** is de **stuurfactor** weergegeven waarover de vraag gaat. Naar aanleiding van een stuurfactor wordt er een vraag gesteld. U dient te antwoorden met **Ja** of **Nee**. Er volgen nu **Maatregelen** die men kan nemen om tot het juiste resultaat te komen betreffende de gewenste ontwikkelingsrichting van het cenotype. Klik op **Volgende vraag**, enz. Met **Stop** kunt u de vragenreeks beëindigen. Aan het eind van de vragenreeks kunt u een overzicht genereren van aanbevolen maatregelen. Klik hiervoor op **Overzicht** en vervolgens op **print/opslaan**. U kunt dan kiezen of u de tekst wilt opslaan of printen.

Nationale modules

Wanneer u bij het starten van de module **Beheer** het monster nog niet heeft toegedeeld aan een cenotype verschijnt er een waarschuwing. Het programma gebruikt de toedeling om mogelijke referenties te beperken (een cenotype kan zich slechts ontwikkelen tot bepaalde referentietypen). U kunt de module overigens wel starten zonder de toedeling te hebben uitgevoerd. In het venster **Beheersmodule (stap 1)** kunt u een monster en het bijbehorende cenotype selecteren (Figuur 22).



Figuur 22. Venster voor de selectie van het cenotype en het gewenste referentietype.

De keuze voor het cenotype is beperkt, wanneer het monster al is toegedeeld aan een cenotype (paragraaf 4.1 en 4.2). In het kader **Selecteer referentie** verschijnen de mogelijke referentietypen gebaseerd op het gekozen cenotype. Bij elke referentie is de **Naam** en een korte **Omschrijving** weergegeven. **Let op!** Bij de keuze van de referentie dient men niet uit te gaan van de huidige toestand, maar van de gewenste toestand. Na de keuze van een referentie verschijnt de gewenste ontwikkelingsrichting. Met de optie **Deelnetwerk** kunt u de grafische weergave van het deelnetwerk van de gekozen referentie en de plaats van het cenotype daarin bekijken.

Het uiteindelijke beheersadvies berust op het gekozen cenotype en referentietype, en wordt verder gespecificeerd naar de betreffende locatie aan de hand van een aantal vragen. Aan de hand van de antwoorden op de vragen wordt bepaald welke stressoren in welke mate een rol spelen in het betreffende water. Klik op **Start** om de vragenreeks te starten. Het venster **Beheersmodule (stap 2)** verschijnt (Figuur 23).

Beheersmodule (stap 2)

Cenotype: D01

Referentie: AS02_13, Langzaam stromende middenlopen

Ontwikkeling: D01 -> D06 ---> AS02_13

Hoofdfactor: Stroming

Stuurfactor: Basisafvoer

Vraag: Is er sprake van (onnatuurlijke) droogval, stagnatie of een te lage basisafvoer?

Antwoord: Ja Nee

Maatregelen:

← Terug Verder →

Overzicht Maatregelen Sluiten

Figuur 23. Venster voor het genereren van een advies over maatregelen die kunnen worden genomen om het gewenste referentietype realiseren.

In het venster is het gekozen **referentietype** weergegeven. Daaronder zijn de **hoofdfactor** en de **stuurfactor** weergegeven, die aangeven waar de vragen over gaan. U dient te antwoorden met **Ja** of **Nee**, of met **1**, **2** of **3**. Na het geven van een antwoord op een vraag kunnen;

- vervolgvragen verschijnen om het probleem nader te definiëren, of;
- worden maatregelen gegenereerd of;
- gaat u verder naar een andere stuurfactor of hoofdfactor.

In de balk onder het vragenscherm staat weergegeven hoe ver u gevorderd bent in de vragenmodule.

Met de knop **Overzicht maatregelen** kunt u een overzicht van de tot dan toe gegenereerde maatregelen geordend en geprioriteerd oproepen (zie paragraaf 8.2). Met de knop **Info maatregelen** kan nadere informatie over de maatregelen opgevraagd worden.

8.2 Resultaten beheer (nationale modules)

Na het aanklikken van de knop **Overzicht maatregelen** verschijnt het venster **Overzicht maatregelen** (Figuur 24). Het overzicht van maatregelen wordt gegenereerd aan de hand van de antwoorden op de vragen die passen bij de specifieke locatie en het gekozen referentietype. In het **Overzicht Maatregelen** zijn de met de vragenmodule gegenereerde maatregelen per stuurfactor geordend op prioriteit. In de eerste kolom is de score van de stuurfactor weergegeven. De hoogte van de score geeft de mate aan waarin een stuurfactor van belang is voor de samenstelling van de macrofaunagemeenschap van het specifieke oppervlaktewater (prioriteit) en de mate waarin deze factor is verstoord in het huidige systeem (bepaald in de vragenmodule). In de derde kolom is de prioriteit van de maatregelen weergegeven. In het voorbeeld van figuur 24 heeft de maatregel "Ontwikkel meandering/natuurlijk lengteprofiel" de hoogste prioriteit. Een nadere uitleg van de geadviseerde maatregel kan opgeroepen worden met de knop **Omschrijving** (paragraaf 9.4).

Score	Stuurfactor	Prioriteit	Maatregel
5	Structuur, Profiel	1	Ontwikkel meandering/natuurlijk lengteprofiel
		2	Verklein het profiel (beekbodem verhogen, versmalling of accoladeprofiel aanleggen)
		3	Ontwikkel micromeanders
		4	Verbeter de substraatvariatie door bijv.: - Aanleggen van een asymmetrisch oeverprofiel - Aanbrengen van grindbedden als deze van nature aanwezig waren - Aanleggen van overhangende oevers/steilranden en depositiezones. - Terugbrengen van zand, wanneer de beek door diepe insnijding te grindig is geworden - Ontwikkelen van stroomkuilen en zandbanken
4	Waterkwaliteit, Nutriënten en	1	Ga (over)bemesting tegen door: - wetgeving en controle, - verwerving van gronden, - verandering van grondgebruik.
		2	Breek de drainagebuizen af of demp de greppels en sloten
		3	Verbreek de verbinding met de beek, en scheid hierdoor de landbouw waterstromen van de natuurwater
		4	Leg horse-shoe wetlands aan
		5	Leg een bufferzone aan waar niet bemest mag worden
		6	Leg een oeverwalletje aan, eventueel in combinatie met een houtwal
		7	Leg een houtwal aan
		8	Maak ploegvoren dwars op de afstroomrichting indien de afstroom van akkerland afkomstig is
		9	Saneer het infiltratiegebied met behulp van wetgeving.
		10	Ga lozing van voedingsstoffen tegen door normering, wetgeving en controle.

Figuur 24: Overzicht maatregelen, die kunnen worden genomen om het gewenste referentietype realiseren, gerangschikt naar prioriteit.

Score

De score per stuurfactor is een combinatie van het belang van de stuurfactoren per watertype (prioritering) en de mate van verstoring van deze stuurfactoren. Voor beken heeft stroming de hoogste prioriteit (prioriteitsscore 3), aangezien stroming

het beekstelsysteem karakteriseert. Zonder stroming bevat een beek niet de karakteristieke beekflora en -fauna, maar die van stilstaande wateren, met name van sloten. Daarna zijn de structuren van belang (prioriteitsscore 2), aangezien deze de habitats bepalen die noodzakelijk zijn voor de beekorganismen. Als derde is de waterkwaliteit van belang (prioriteitsscore 1) aangezien deze, wanneer deze afwijkt van de referentiesituatie, het leefmilieu van de beekflora en -fauna nadelig beïnvloedt. Voor sloten is de waterkwaliteit het belangrijkste (prioriteitsscore 3), aangezien deze in belangrijke mate de samenstelling van flora en fauna beïnvloedt. Daarna zijn de structuren van belang (prioriteitsscore 2), aangezien de structuren de habitats voor de flora en fauna bepalen. Als derde is de waterhuishouding van belang (prioriteitsscore 1), aangezien de mate van wisselingen in het waterpeil en de aan- en afvoer van water het leefmilieu van de flora en fauna beïnvloeden. Voor brakke sloten is een extra hoofdfactor van belang, namelijk het zoutgehalte (prioriteitsscore 3). Deze hoofdfactor is bij brakke wateren het belangrijkste, alle andere hoofdfactoren zijn daaraan ondergeschikt. De mate waarin het betreffende systeem is verstoord wordt bepaald in de vragenmodule, waarbij bij elke stuurfactor een beoordeling van de gebruiker wordt gevraagd over de mate van verstoring (zwak: score 1, matig: score 2 of ernstig score: 3). Zowel de prioritering van een hoofdfactor voor het watertype als de verstoring van de stuurfactoren resulteren ieder in een score. Deze twee scores worden bij elkaar opgeteld om eindscore per stuurfactor te berekenen. In bijlage 4 zijn de scores voor de stuurfactoren weergegeven.

Prioriteit

Naast de prioritering van de stuurfactoren is een ordening van de maatregelen naar effectiviteit per stuurfactor opgesteld. Wanneer een maatregel op meerdere stuurfactoren inwerkt komt de maatregel ook bij al deze stuurfactoren voor. Bij het genereren van het beheersadvies worden alleen die maatregelen geprioriteerd, die relevant zijn voor het betreffende systeem. De maatregelen met de hoogste prioriteit krijgen de laagste score en staan bovenaan. De prioritering van de maatregelen is als volgt opgebouwd:

1. Maatregelen die effect hebben op een groter gebied hebben een hogere prioriteit dan maatregelen die over een kleiner gebied effect hebben.
2. Maatregelen die probleemgericht zijn krijgen een hogere prioriteit dan maatregelen die effectgericht zijn.
3. Maatregelen die een stressor aanpakken die een grote invloed heeft op de stuurfactor krijgen een hogere prioriteit dan maatregelen die een stressor aanpakken die een kleinere invloed heeft op de stuurfactor.
4. Maatregelen die effectiever zijn in het opheffen van de stressor krijgen een hogere prioriteit dan maatregelen die minder effectief zijn.

In bijlage 5 zijn de maatregelen per stuurfactor naar prioriteit gerangschikt.

In sommige gevallen zijn er verschillende vormen van een bepaalde maatregel die verschillen in effectiviteit. Deze maatregelen staan beschreven in de uitgebreide beschrijvingen van de maatregelen (paragraaf 9.4). De vormen met een hogere effectiviteit hebben uiteraard een hogere prioriteit dan de vormen met een lagere effectiviteit.

9 (Cenotype) Info

9.1 Informatie opvragen

In EKO zijn uitgebreide beschrijvingen opgenomen van de cenotypen. In de nationale modules zijn naast beschrijvingen van de cenotypen tevens beschrijvingen opgenomen van de referentietypen en de maatregelen. U kunt de beschrijvingen in de nationale modules raadplegen door de knop **Info** in de menubalk van het **Hoofdvenster** aan te klikken. Het venster **Selecteer Info** verschijnt (Figuur 25).



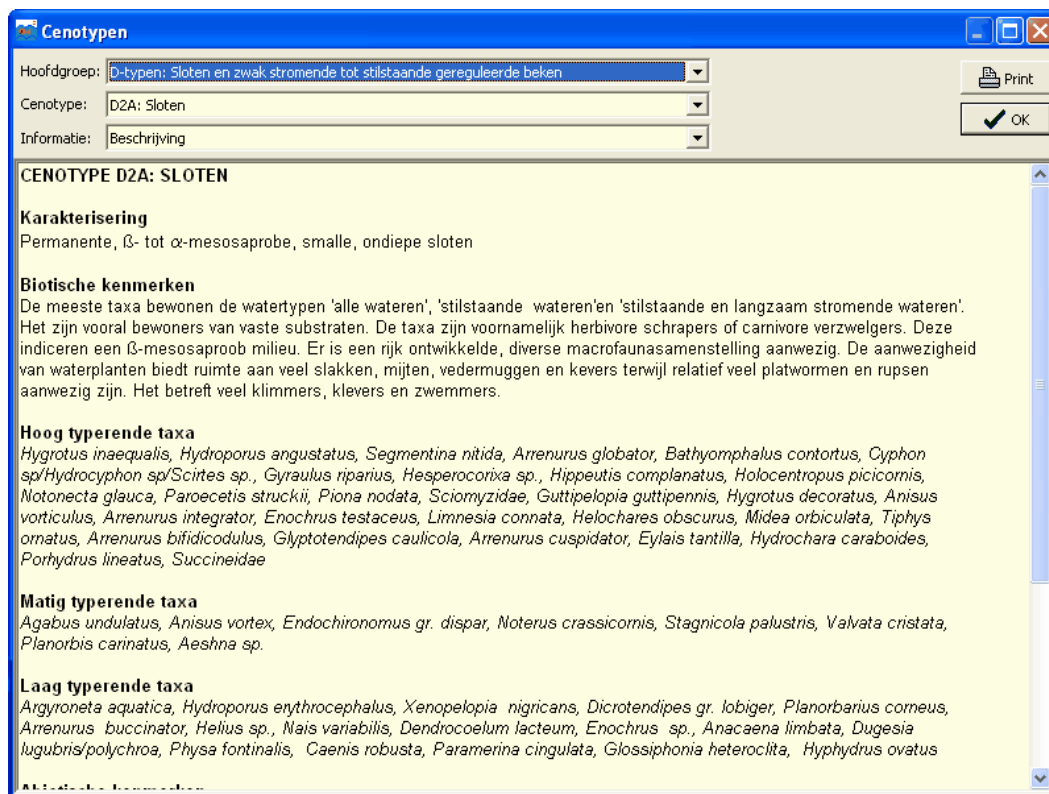
Figuur 25. Mogelijkheid tot het oproepen van de beschrijvingen van de cenotypen, referentietypen en maatregelen.

Selecteer afhankelijk van de gewenste informatie **Cenotypen**, **Referentietypen** of **Maatregelen**.


In de regionale modules kunt u de beschrijvingen raadplegen door op de knop **Cenotype Info** te klikken in het **Hoofdvenster**. Het venster **Cenotypen** verschijnt (Figuur 26).

9.2 Beschrijving cenotypen

Na het aanklikken van de knop **Cenotypen** in het venster **Selecteer info** (nationale modules) of het aanklikken van de knop **Cenotype Info** in de menubalk van het **Hoofdvenster** (regionale modules) verschijnt het venster **Cenotypen** (Figuur 26).



Figuur 26. De beschrijving van cenotype D2A uit de regionale module Overijssel.

Bij **Hoofdgroep**, **Cenotype** en **Variant** (alleen nationale module) kunt u het gewenste cenotype selecteren. Wilt u informatie over een cenotype, bv. R9, dan vult u bij **Hoofdgroep** R-typen in en bij **Cenotypen** R9. Door op  te klikken wandelt u door de hoofdgroep of door de mogelijke cenotypen. Bij **Informatie** kunt u in de nationale modules met het drop-down menu bepalen of u informatie wilt over de hoofdgroep, het cenotype of de variant. In de regionale modules is afhankelijk van de module ook **Informatie** beschikbaar over de verschijningsvorm/gemiddeld ecologisch profiel, interacties (tekst), interacties (figuur) en beheer.

De beschrijving van de cenotypen omvat de onderdelen karakterisering, biotische kenmerken, typerende taxa en abiotische kenmerken.

Karakterisering

Ieder cenotype wordt in algemene termen gekarakteriseerd op basis van de belangrijkste milieukekenmerken. De aanduiding van het trofieniveau is gebaseerd op de indeling van orthofosfaat- en nitraatgehalten naar Leentvaar (1979):

Trofieklasse	Orthofosfaat (mgP/l)	Nitraat (mgN/l)
oligotroof	< 0.01	0
β -mesotroof	0.01 – 0.025	0 – 1
α -mesotroof	0.025 – 0.05	1 – 1.5
eutroof	0.05 – 0.1	1.5 – 2
hypertroof	> 0.1	> 2

De saprobie-indicatie is gebaseerd op het ammoniumgehalte naar (Wegl 1983):

Saprobieklasse	Ammonium (mgN/l)
oligosaproob	< 0.1
β -mesosaproob	0.1 – 0.5
α -mesosaproob	0.5 – 4.0
polysaproob	> 4.0

De totale ionenconcentratie is ingedeeld naar Olsen (1950):

Klasse	Elektrisch geleidingsvermogen (μ S/cm)
oligo-ionisch	< 200
β -meso-ionisch	200 – 500
α -meso-ionisch	500 - 1000
poly-ionisch	> 1000

Biotische kenmerken

Op basis van de macrofaunasamenstelling van een cenotype zijn een aantal biotische karakteristieken berekend (zie Hoofdstuk 5).

Typerende taxa

In de beschrijvingen van de cenotypen zijn typerende taxa opgenomen. Typerende taxa zijn taxa die het verschil tussen de gemeenschappen binnen een gegevensbestand uitmaken. Per cenotype zijn voor alle taxa typerende gewichten berekend. De berekening geschiedt met het programma NODES en combineert drie syntaxonomische soortkenmerken:

1. de mate van constantheid: de frequentie van het taxon in het cenotype
2. de mate van trouw aan het cenotype: de verhouding tussen de frequentie van voorkomen van de soort in het gehele bestand
3. de relatieve aantalsverhouding: de verhouding tussen de gemiddelde abundantie van de soort in het cenotype en de gemiddelde abundantie in het totale gegevensbestand.

Komt een taxon in slechts één cenotype met hoge frequentie en in grote aantallen voor, dan is het taxon zeer kenmerkend (hoog typerend gewicht) voor het betreffende cenotype. De taxa kunnen op basis van de typerende gewichten worden verdeeld in vier groepen:

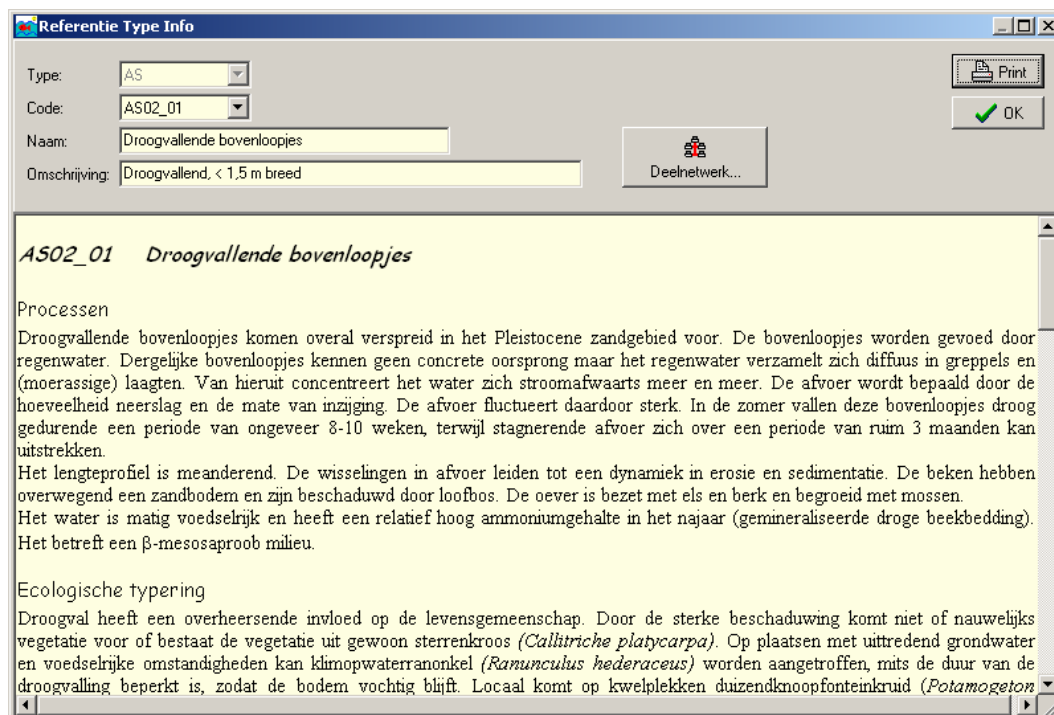
- 1 - 3: indifferente of niet-kenmerkende taxa
- 4 - 6: laag typerende taxa
- 7 - 9: matig typerende taxa
- 10 - 12: hoog typerende soorten

Abiotische kenmerken

In de regionale modules worden voor ieder cenotype waarden van de belangrijkste milieuv variabelen weergegeven. Afhankelijk van het beheersgebied wordt het gemiddelde, de standaard deviatie, het minimum, het maximum, het 25-percentiel en/of het 75-percentiel weergegeven.

9.3 Beschrijving referentietypen

Na het aanklikken van de knop **Referentietypen** in het venster **Selecteer info** verschijnt het venster **Referentie Type Info** (Figuur 27). Bij **Type** is het referentietype weergegeven. Bij **Code** is het mogelijk een referentietype te selecteren. Na selectie van het referentietype wordt een uitgebreide beschrijving van het geselecteerde type gegeven. De beschrijving van de referentietypen zijn letterlijk overgenomen uit het 'Aquatisch Supplement (Beers & Verdonschot, 2000; Jaarsma & Verdonschot, 2000; Nijboer, 2000; Verdonschot, 2000). Door op de knop **Deelnetwerk** te drukken verschijnt een grafische weergave van relaties tussen het geselecteerde referentietype en de centypen die zich kunnen ontwikkelen tot het geselecteerde referentietype. In het deelnetwerk is aangegeven welke abiotische toestandvariabelen moeten veranderen om de overgang van een bepaald cenotype naar het referentietype te kunnen realiseren.



Figuur 27. Beschrijving van het referentietype droogvallende bovenloopjes.

9.4 Beschrijving maatregelen

Na het aanklikken van de knop **Maatregelen** in het venster **Selecteer info** wordt een helpfile geopend waarin achtergrondinformatie met betrekking tot de maatregelen is opgenomen. U kunt de gewenste maatregel selecteren. De achtergrondinformatie met betrekking tot de maatregel is als volgt opgebouwd:

Naam:

Naam van de maatregel en korte achtergrondinformatie over de maatregel.

Stuurfactoren:

Hier zijn de stuurfactoren genoemd waar de maatregel op ingrijpt. Er is onderscheid gemaakt tussen de volgende factoren:

1. Hoofdfactor Stroming (=Hydrologie), waaronder de stuurfactoren basisafvoer, afvoerdynamiek en stuwning. Deze factoren gelden alleen voor beken.
2. Hoofdfactor Structuren (=Morfologie), waaronder de stuurfactoren profiel, beschoeiing, onderhoud en schaduw. Deze factoren gelden zowel voor beken als voor sloten, behalve de stuurfactor schaduw die uitsluitend geldt voor beken.
3. Hoofdfactor Stoffen (=Waterkwaliteit), waaronder de stuurfactoren nutriënten en organische belasting, en toxische stoffen. Deze factoren gelden voor zowel beken als sloten.
4. Hoofdfactor Waterhuishouding (=Hydrologie), waaronder de stuurfactor waterpeil. Deze factor geldt alleen voor sloten.

Effecten:

Onder de kop effecten zijn de effecten van de maatregel op het aquatisch systeem beschreven. Eventueel is ook naar andere maatregelen verwezen.

Toepassing:

Beschrijving van de wijze waarop en waar de maatregel kan worden toegepast.

Ontwikkelingsperiode:

Hier is een inschatting gemaakt van de tijd die nodig is om: (1) de maatregel toe te passen en (2) voordat de effecten van de maatregel volledig tot uiting komen.

Kosten:

Geschatte kosten in kwalitatieve termen van gering, matig tot aanzienlijk.

Literatuur

- Alatalo, R.V., 1981. Problems in the measurement of evenness in ecology. *Oikos* 37(2): 199-204.
- Beers, P.W.M. & P.F.M. Verdonschot, 2000. Natuurlijke levensgemeenschappen van de Nederlandse binnenwateren deel 4, Brakke binnenwateren. Rapport EC-LNV nr. AS-04, Wageningen.
- Cairns, J., 1977. Quantification of biological integrity. In: Ballentine, R.F. & L.J. Guarraia. *The integrity of Water*. EPA publications, New York.
- Cummins, K.W., 1973. Trophic relations of aquatic insects. *Ann. Rev. Entomol.* 18: 183-205.
- Cummins, K.W., 1974. Structure and function of stream ecosystems. *Bioscience* 24: 631-641.
- Cummins, K.W. & M.J. Klug, 1979. Feeding ecology of stream invertebrates. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 10: 147-172.
- DIN, 1987. Biologisch-okologische Gewässeruntersuchung. Bestimmung des Saprobienindex. Concept Deutsche Einheitsverfahren zur Wasser-, Abwasser- und Schlammuntersuchung. Deutsches Institut für Normung, Berlin. 28 p.
- Elbersen, J.W.H. & P.F.M. Verdonschot, 2003. Implementatie van een maatlat in het programma EKOV : ontwikkeling van een rekenmethodiek voor bepaling van de afstand tot een ecologische referentie voor de stromende wateren van Veluwe en Vallei. Wageningen, Alterra Research Instituut voor de Groene Ruimte.
- Gauch, H.G., 1982. *Multivariate analysis in community ecology*. Cambridge University Press, Cambridge. 298 p.
- Hill, M.O., 1973. Reciprocal Averaging, an eigenvector method of ordination. *J. Ecol.* 61: 237-249.
- Jaarsma, N.G., P.F.M. Verdonschot, R.C. Nijboer & M.W. van den Hoorn, 2001. Ecologische streefbeelden voor stromende wateren Veluwe & Vallei. Wageningen, Alterra, Research Instituut voor de Groene Ruimte, Alterra-rapport 377.
- Jaarsma, N.G. & P.F.M. Verdonschot, 2000. Natuurlijke levensgemeenschappen van de Nederlandse binnenwateren deel 10, Regionale kanalen. Rapport EC-LNV nr. AS-10, Wageningen.

- Keefe, T.J. & E.P. Bergersen, 1977. A simple diversity index based on the theory of runs. *Water Res.* 11: 689-691.
- Kolkwitz, R. & M. Marsson, 1908. *Ökologie der pflanzlichen Saprobien.* Ber. Dt. Botan. Ges. 261: 505-519.
- Kolkwitz, R. & M. Marsson, 1909. *Ökologie der tierischen Saprobien.* Int. Rev. Hydrobiol. 2: 126-152.
- Koopmans, M., R.C. Gerritsen & P.F.M. Verdonschot, 1999. *Ecologisch maatweb stromende wateren Veluwe & Vallei.* IBN-rapport 439, IBN-DLO, Waterschap Vallei & Eem, Waterschap Veluwe.
- Leentvaar, P., 1979. Comparison of hypertrophy on a seasonal scale in Dutch inland waters. In: Barica, J. & L.R. Mur (eds.). *Developments in hydrobiology.* 2: 45-55.
- Mahalanobis, P.C., 1936. On the generalized distance in statistics. *Proc. Nat. Inst. Sci. India*, 2:49-55.
- Margalef, R., 1958. Information theory in ecology. *Gen. Syst.* 3: 36-71.
- Mauch, E., 1976. *Leitformen der Saprobien für die biologische Gewässeranalyse.* Cour. Fors. Inst. Senckenberg 21, Frankfurt am Main.
- Merrit, R.W. & K.W. Cummins, 1978. *An introduction to the aquatic insects of North America.* Kendall/Hunt Publ. Comp., Dubuque. 441 p.
- Merrit, R.W. & K.W. Cummins, 1984. *An introduction to the aquatic insects of North America.* Second edition. Kendall/Hunt Publ. Comp., Dubuque. 722 p.
- Nijboer, R.C., 1996. *Ecologische karakterisering van oppervlaktewateren in Overijssel: toetsing van een expertsysteem voor regionaal waterbeheer.* Nijmegen, Katholieke Universiteit Nijmegen, 75p.
- Nijboer, R.C., 2000. *Natuurlijke levensgemeenschappen van de Nederlandse binnenwateren deel 6, Sloten.* Rapport EC-LNV nr. AS-06, Wageningen.
- Nijboer, R.C. & P.F.M. Verdonschot (redactie), 2001. *Zeldzaamheid van de macrofauna van de Nederlandse binnenwateren.* Werkgroep Ecologisch Waterbeheer, 77 p.
- Nijboer, R.C., P.F.M. Verdonschot & M.W. van den Hoorn, 2003. *Macrofauna en vegetatie van de Nederlandse sloten: een aanzet tot de beoordeling van de ecologische toestand.* Wageningen, Alterra, Research Instituut voor de Groene ruimte, Alterra-rapport 668.
- Olsen, S., 1950. Aquatic plants and hydrospheric factors. -*Svensk. Bot. Tidskr.* 44: 1-34.

- Peet, R.K., 1974. The measurement of species diversity. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 5: 285-307.
- Pielou, E.C., 1966. The measurement of diversity in different types of biological collections. *J. theoret. Biol.* 13: 131-144.
- Shannon, C.E. & W. Weaver, 1949. The mathematical theory of communication. The University of Illinois Press, Urbana, IL. p 19-27, 82-83, 104-107.
- Simpson, E.H., 1949. Measurement of diversity. *Nature* 163 (4148): 688.
- Sladeczek, V., 1973. System of water quality from the biological point of view. *Arch. Hydrobiol. Suppl.* 7: 1-218.
- Ter Linde, N. & P.B. Worm, 1996. Indices in de aquatische ecologie: een overzicht. Tauw, civiel en bouw, Deventer, 43 p.
- Tolkamp, H.H., 1980. Organism-substrate relationships in lowland streams. Thesis, Wageningen. 211 p.
- Tolkamp, H.H., 1983. Berekening saprobie-index. Ongepubliceerde notitie, 1 p.
- Tolkamp, H.H., 1983. Beken in Zuid-Limburg. -*Natura* 80: 102- 108.
- Tolkamp, H.H., 1984. A bibliography of publications for the identification of freshwater organisms in The Netherlands. -*Hydrobiol. Bull.* 18: 141-155.
- Tolkamp, H.H. & J.J.P. Gardeniers, 1977. Hydrobiological survey of lowland streams in the Achterhoek by means of a system for the assessment of waterquality and stream character based on macroinvertebrates. -*Mitt. Inst. wasserwirtschaft, Hydrologie und Landwirtschaft TU Hannover* 41: 215-235.
- Van Tongeren, O.F.R., 2000. PROGRAMMA ASSOCIA. Gebruikershandleiding en voorwaarden.
- Verdonschot, P.F.M., 2000. Natuurlijke levensgemeenschappen van de Nederlandse binnenwateren deel 2, Beken. Rapport EC-LNV nr. AS-02, Wageningen.
- Verdonschot, P.F.M., 1990. Ecologische karakterisering van oppervlaktewateren in Overijssel: het netwerk van cenotypen als instrument voor ecologisch beheer, inrichting en beoordeling van oppervlaktewateren. Zwolle, Provincie Overijssel, 301 p.
- Verdonschot, P.F.M., J.W.H. Elbersen & M.W. van den Hoorn, 2003. Voorspelling van effecten van ingrepen in het waterbeheer op aquatische gemeenschappen: Validatie van de cenotypenvoorspellingsmodellen voor regionale watertypen

(Overijssel) en voor beken en sloten in Nederland. Wageningen, Alterra, Research Instituut voor de Groene Ruimte, 80 p.

Verdonschot, P.F.M. & P.W. Goedhart, 2000. Voorspelling van effecten van ingrepen in het waterbeheer op aquatische levensgemeenschappen. Wageningen, Alterra Research Instituut voor de Groene Ruimte.

Verdonschot, P.F.M. & R.C. Nijboer, 2004. Macrofauna en vegetatie van de Nederlandse beken: Een aanzet tot beoordeling van de ecologische toestand. Wageningen, Alterra, Alterra-rapport 756, 326 p.

Verdonschot, P.F.M., R.C. Nijboer, S.N. Janssen & M.W. van den Hoorn, 2000a. Ecologische typologie, ontwikkelingsreeksen en waterstreefbeelden Limburg. IIa: Ecologisch-typologische analyses. Wageningen, Alterra, Alterra-rapport 171.2, 166 p.

Verdonschot, P.F.M., R.C. Nijboer, S.N. Janssen & M.W. van den Hoorn, 2000b. Ecologische typologie, ontwikkelingsreeksen en waterstreefbeelden Limburg. IIa: Cenotypenbeschrijvingen. Wageningen, Alterra, Alterra-rapport 171.3, 236 p.

Verdonschot, P.F.M., R.C. Nijboer & S.N. Janssen, 2000c. Ecologische typologie, ontwikkelingsreeksen en waterstreefbeelden Limburg. I: Ruwe indeling in beektypen. Wageningen, Alterra.

Verdonschot, P.F.M., J.A. Schot & M.R. Scheffers, 1993. Potentiële ecologische ontwikkelingen in het aquatisch deel van het Dinkelsysteem. IBN-rapport 004, 128 p.

Verdonschot, P.F.M. & R. Torenbeek, 1988. Lettercodering van de Nederlandse aquatische macrofauna voor mathematische verwerking. Leersum, Instituut voor Bos- en Natuuronderzoek, 75 p.

Verdonschot, P.F.M., M. van der Vlies & B. van de Werf, 1995. De ontwikkeling van methoden voor het operationeel maken van het netwerk van cenotypen (concept). Leersum, Instituut voor Bos- en Natuuronderzoek.

Washington, H.G., 1984. Diversity, biotic and similarity indices: A review with special relevance to aquatic ecosystems. *Water Res.* 18(6): 653-694.

Wegl, R., 1983. Index für die Limnosaprobitat. *Wasser und Abwasser* 26: 1-176.

Wiener, N., 1948. *Cybernetics, or control and communication in the animal and the machine.* The M.I.T. Press, Cambridge, MA. p 10-11, 60-65.

Bijlage 1 Opmaak bestanden

Let er vooral op dat uw originele data geen taxoncodes en monstercodes met meer dan 8 karakters bevat. Bij het maken van de *.CND file worden deze codes op 8 karakters afgekapt en dit kan aanleiding zijn tot problemen (verschillende taxa worden bij elkaar opgeteld). Daarnaast kan ASSOCIA, dat onderdeel is van EKO, alleen rekenen met 8 lettercodes.

Access files

Het inlezen van access files geeft de gebruiker de mogelijkheid om naast de monstercode, taxoncode en aantallen ook informatie in te lezen met betrekking tot: de omschrijving van het meetpunt, de datum van monsternamen en de meetpuntcode. De informatie in een access file kan niet worden weergegeven in de vorm van een matrix (zoals de gegevens vaak in excel worden gepresenteerd). De informatie moet zodanig worden gepresenteerd dat elke rij in access informatie bevat van één taxon (Figuur 1).

De kolommen kunnen in een willekeurige volgorde worden gerangschikt. De kolommen met de meetpuntomschrijving, datum en meetpuntcode moeten een vaste naam krijgen:

- meetpuntomschrijving - MPNOMSCH
- datum - MDAT
- meetpuntcode – MPNIDENT

De velden van de kolommen met de meetpuntomschrijving, datum en meetpuntcode mogen gevuld zijn met informatie, maar dit is niet verplicht.

De naamgeving van de kolommen monstercode, taxoncode en aantallen kunnen een willekeurige naam krijgen. Alle velden van deze kolommen moeten gevuld zijn met informatie.

Microsoft Access - [import_ekol : Tabel]

Bestand Beveiligen Beeld Invoegen Opmaak Records Extra Venster Help

Typ een vraag voor hulp

MONSTERCODE	TAXONCODE	AANTAL	MFFNOMSCH	MDAT	MPPNDENT
007w5p	ACLOLOAU	1			
0057n	ACRILUCE	3			
007c5h	AGABUSS6	1			
007m9i	AGABUSS6	4			
007w9j	AGABUSS6	1			
007k9g	AGABUSS6	3			
007m9h	ALBOQLSP	1			
007w7n	ALBOQLSP	3			
005c9g	ANACGLOB	1	Swalm	6-5-1978	C1
0057n	ANCYFLUV	1			
0057e	ANCYFLUV	2			
0057h	ANCYFLUV	1			
0057j	ANCYFLUV	11			
007m9i	ANCYFLUV	10			
007m9q	ANCYFLUV	1			
007w6p	ANCYFLUV	6			
007w7n	ANCYFLUV	10			
007w5p	ANTOVITR	8			
0057e	APSETRIF	4			
007c5h	APSETRIF	3			
007w9j	APSETRIF	1			
007c9g	APSETRIF	15			
005m2a	ASELAQUA	2	Roer		B2
007b	ASELAQUA	1			
007m5i	ASELAQUA	5			
007m9h	ASELAQUA	2			
007m9i	ASELAQUA	8			
007m9j	ASELAQUA	7			
007m9q	ASELAQUA	3			
007w7n	ASELAQUA	47			
007w9j	ASELAQUA	5			
005c9g	BAETHOOD	11	Swalm	6-5-1978	C1
005m2a	BAETHOOD	164	Roer		B2
0057b	BAETHOOD	1			
0057n	BAETHOOD	29			
0057h	BAETHOOD	67			
0057j	BAETHOOD	41			
007c5h	BAETHOOD	10			
007c9d	BAETHOOD	119			
007m5i	BAETHOOD	176			
007m5g	BAETHOOD	8			
007m9h	BAETHOOD	38			
007m9i	BAETHOOD	230			
007m9j	BAETHOOD	130			
007m9n	BAETHOOD	113			
007m9o	BAETHOOD	30			
007w7n	BAETHOOD	3			
007w9h	BAETHOOD	88			

Record: 11 van 509

Gegevensbladweergave

Start Postvak BN - Micro... M:EXO-Imburg az... Handleiding DKO 4... test_invoer_acces... import_ekol : TA... Document2 - Micro... 11:36

Figuur 1. Voorbeeld van de opmaak van een access file.

Bijlage 2 Gebruikershandleiding ASSOCIA

PROGRAMMA ASSOCIA

Gebruikershandleiding en voorwaarden

Data-Analyse Ecologie
Onno van Tongeren

Inleiding

ASSOCIA is een programma voor de identificatie van vegetatie-opnamen. Op het moment van schrijven van deze handleiding is het nog volop in ontwikkeling, hoewel de basisprincipes reeds enkele jaren niet gewijzigd zijn. De huidige versie draait als zogenaamd console-programma onder Windows 95, Windows 98 en Windows NT. Dit betekent dat het programma direkt onder Windows gedraaid wordt in een MS-DOS-venster en er ook uitziet als een klassiek DOS-programma. In combinatie met Turboveg voor Windows (Hennekens) merkt de gebruiker hier echter weinig van. De gebruikers die het programma vanuit Turboveg aanroepen behoeven slechts enkele opties in te stellen. Voor gebruikers met een beperkte licentie zal een aparte versie gemaakt worden die minder mogelijkheden biedt dan het huidige programma.

Voorwaarden

Gebruik van ASSOCIA is uitsluitend toegestaan indien hiervoor een overeenkomst is aangegaan met adviesbureau Data-Analyse Ecologie.

Per verstrekte licentie is gebruik en installatie op 1 personal computer toegestaan.

Op de licentie zijn alle wettelijke regels betreffende copyright in Nederland en in het land waar de licentiehouders gevestigd is van toepassing. Het is derhalve onder meer verboden het programma te kopiëren, behalve om hiervan een backup voor eigen gebruik te maken.

Het is, tenzij uitdrukkelijk schriftelijk overeengekomen, verboden het programma commercieel te gebruiken, dat wil zeggen om ermee te werken in opdracht van derden. Gebruik in opdracht van derden is wel toegestaan indien zowel opdrachtgever als opdrachtnemer in het bezit is van een licentie voor het gebruik van ASSOCIA.

Beperkte licentie: Uitsluitend gebruik mogelijk met de bij Turboveg geleverde synoptische tabellen van "de Vegetatie van Nederland". Zeer goedkoop (per gebruiker thans fl 100,= exclusief BTW) voor instanties en personen die een substantiële bijdrage (naar de mening van Schaminee, Hennekens en/of van Tongeren) geleverd hebben aan "de Vegetatie van Nederland" in de vorm van vegetatie-opnamen, deelname aan begeleidings-commissies en/of (co-)auteurschap. Voor andere gebruikers kost deze versie fl 500,= exclusief BTW.

Uitgebreide licentie: Gebruik van eigen synoptische tabellen (lokale typologie e.d.) en vergelijking met andere, bijvoorbeeld handmatige, identificatie mogelijk. Per gebruiker fl 1000,= exclusief BTW, bij meer gebruikers binnen één organisatie wordt korting gegeven.

Licentie voor gebruik in opdracht van derden en aangepaste versie van het programma voor gebruik voor andere doeleinden dan het identificeren van vegetatie-opnamen: Van geval tot geval nader overeen te komen.

Installatie

Het programma kan eenvoudig worden gekopieerd van de floppy en vervolgens gedraaid worden, bijvoorbeeld vanuit de Windows Verkenner. Indien gebruikt in combinatie met Turboveg voor Windows, dient het programma gekopieerd te worden naar de directory van het Turboveg programma, meestal is dit C:\turbowin\bin\

In- en uitvoerbestanden

ASSOCIA werkt met ASSOCIA-systeembestanden, waarvan de inhoud niet voor andere programmatuur leesbaar is, met Cornell-condensed bestanden en met vertaal- en synoniemlijsten, die eenvoudig aangemaakt kunnen worden met elke editor of tekstverwerker. Waar nodig wordt in het vervolg van deze handleiding nader beschreven hoe deze bestanden eruit dienen te zien.

ASSOCIA systeembestanden

ASSOCIA systeembestanden worden aangemaakt door het programma, wanneer (uitsluitend in de uitgebreide versie) synoptische tabellen worden ingelezen of wanneer soortscodes met behulp van een vertaallijst worden gewijzigd. Met deze tabellen worden per type berekeningen uitgevoerd, waarvan het resultaat wordt weggeschreven. Dit bespaart later veel rekentijd.

Cornell condensed bestanden

Voor veel van de in de vegetatiekunde gebruikte programmatuur (o.a. CANOCO, ter Braak, TWINSPAN, Hill en CEDIT, van Tongeren) worden Cornell condensed bestanden gebruikt. Een beschrijving van de bestandsstructuur van deze bestanden is te vinden in de handleiding van deze programma's. ASSOCIA maakt gebruik van dit bestandsformaat voor het inlezen van synoptische tabellen en voor het inlezen van tabellen van te identificeren vegetatie-opnamen. In combinatie met Turboveg worden deze bestanden automatisch aangemaakt.

Vertaal- en synoniemlijsten

Lijsten met soortscodes, aan te maken met een gewone editor of tekstverwerker.

Identificatie

Voor identificatie (diagnose) maakt ASSOCIA gebruik van kwalitatieve (soortenlijst) en kwantitatieve kenmerken van de vegetatie-opnamen. Belangrijk voor het begrijpen van het programma is het principe van de grootste aannemelijkheid (maximum likelihood) en de wijze waarop dit principe in dit programma gebruikt wordt en het begrip dissimilariteit (afstand), waarvoor in dit programma een nieuwe index gebruikt wordt. Daar de uiteindelijke identificatie geschiedt op basis van zowel kwalitatieve als kwantitatieve kenmerken worden beide indices gewogen gecombineerd tot een gecombineerde index, op grond waarvan de identificatie plaatsvindt. Daarnaast worden nog enkele indices berekend die aangeven in welke mate een vegetatietype compleet is en in welke mate vreemde soorten voorkomen.

Maximum likelihood

Het principe van de grootste aannemelijkheid berust op de kansberekening. Normaliter wordt het in de synecologie gebruikt om uit de soortensamenstelling standplaatskenmerken af te leiden: We weten bijvoorbeeld uit ervaring dat brandnetels in het algemeen voorkomen op plaatsen waar een goede toelevering is van stikstof. Op grond van het feit dat ergens brandnetels staan kunnen we dus aannemelijk maken dat er een goede nalevering is van stikstof. Naarmate meer soorten hetzelfde standplaatskenmerk aannemelijk maken zijn we er zekerder van dat standplaatskenmerk ook werkelijk ter plekke aanwezig is.

In het programma ASSOCIA wordt het maximum likelihoodprincipe echter op een volledig andere wijze gebruikt: Met behulp van de soortenlijst wordt berekend hoe groot de kans is dat de soortensamenstelling van een vegetatie-opname voorkomt binnen een vegetatietype, met andere woorden welk percentage van de opnamen van een vegetatietype precies de soortensamenstelling heeft van de opname. Ik leg dit uit aan de hand van een eenvoudig voorbeeld met drie soorten en enkele vegetatietypen:

	Opname	Presentie in type A	Presentie in type B
Soort 1	present	80% (0.8)	90% (0.9)
Soort 2	present	20% (0.2)	15% (0.15)
Soort 3	absent	40% (0.4)	0% (0)

Wanneer we uitsluitend aanwezige soorten in de overweging betrekken en onder de aanname dat de soorten zich onafhankelijk van elkaar gedragen is de kans op de combinatie van soort 1 en 2 in een opname van type A $0.8 \times 0.2 = 0.16$ en de kans op de combinatie van beide soorten in type B $0.9 \times 0.15 = 0.135$. Op grond hiervan zouden we dus besluiten dat het waarschijnlijker is dat de soortencombinatie in type A voorkomt en dat de opname dus tot type A behoort.

We kunnen echter ook nog de afwezigheid van soort 3 in de overweging betrekken. De kans op presentie van soorten 1 en 2 gecombineerd met afwezigheid van soort 3 (in type A is de kans daarop 60% (100%-40%)) en in type B 100% (100%-0%) is echter voor type A $0.8 \times 0.2 \times (1 - 0.4) = 0.096$ en voor type B $0.9 \times 0.15 \times (1 - 0) = 0.135$. We besluiten dus nu dat de gevonden soortencombinatie waarschijnlijker is in type B dan in type A.

Ingewikkelder wordt het, wanneer de soorten niet onafhankelijk van elkaar zijn: Wanneer bijvoorbeeld soort 2 in type A uitsluitend voorkomt in afwezigheid van soort 3 hebben we te maken met afhankelijke kansen: Als soort 3 afwezig is, is de kans op aanwezigheid van soort 2 $0.2 / 0.6 = 0.33$. De kans op het voorkomen van de combinatie soort 1 en soort 2 bij afwezigheid van soort 3 is dan: $0.8 \times 0.33 \times 0.6 = 0.16$, dus we zouden besluiten dat het aannemelijker is dat de gevonden soortencombinatie een representant is van type A.

Het programma ASSOCIA maakt, omdat de berekeningen daardoor veel ingewikkelder worden geen gebruik van afhankelijke kansen, hoewel dit theoretisch wel beter zou zijn. Dit kan gerechtvaardigd worden, omdat op het laagste hiërarchische niveau (associatie en subassociatie) afhankelijkheid van kansen nauwelijks een rol speelt: indien duidelijk afhankelijke kansen aanwezig waren, zouden er nieuwe soortengroepen gevonden worden die een verdere opsplitsing van het laagste niveau zouden rechtvaardigen.

Er wordt wel gebruik gemaakt van de afwezigheid van soorten, hoewel dit in de vegetatiekunde niet gebruikelijk is. Voor het merendeel van de afwezige soorten is de consequentie echter nihil, daar hun afwezigheid in de kansberekening resulteert in een vermenigvuldiging met 1.

Uit het bovenstaande zal duidelijk zijn dat bij langere soortenlijsten de berekende kansen in het algemeen zeer laag zullen worden. Daarom, en omdat de resulterende index in de statistiek gebruikt wordt, worden de berekende kansen getransformeerd door $2x$ de negatieve logaritme van de kans te berekenen (deze is gelijk aan $2x$ de som van de negatieve logaritme van de kansen op aan- respectievelijk afwezigheid van de betrokken soorten). Omdat de logaritme van 0 niet genomen kan worden wordt voor de kans 0 een arbitrair lage kans gesubstitueerd.

Bij onafhankelijke kansen, die we op het laagste hiërarchisch niveau mogen aannemen, kan $-2\ln(\text{likelijkheid})$ gebruikt worden, zij het met de grootst mogelijke voorzichtigheid, om te toetsen of er een significant verschil is tussen de kans dat een opname afkomstig is uit een type of een ander type. Vooralsnog lijkt het verstandiger deze toets niet te gebruiken en de uitvoer van ASSOCIA te beoordelen met goed verstand en kennis van zaken.

Bovenstaande heeft vooral te maken met het feit, dat er grote verschillen zijn tussen vegetatietypen wat betreft homotoniteit (homogeniteit). Het programma berekent daarom naast de gebruikelijke maat $-2\ln(\text{likelijkheid})$ ook een met behulp van de verwachte likelijkheid genormaliseerde $-2\ln(\text{likelijkheid})$: $-2\ln(\text{likelijkheid})$ wordt daartoe eerst verminderd met de gemiddelde likelijkheid van de opnamen van het type en vervolgens gedeeld door het gemiddelde. De resulterende genormaliseerde likelijkheid is negatief voor opnamen die meer dan gemiddeld 'lijken op' het type en in toenemende mate positief voor opnamen die minder dan gemiddeld 'lijken op' het type. In de uitvoer van het programma wordt de genormaliseerde maat vermenigvuldigd met 10.

$-2\ln(\text{likelijkheid})$ kan beschouwd worden als een afstandsmaat voor kwalitatieve verschillen. Bij presenties van 100% voor alle soorten in een type en aanwezigheid van al deze soorten is de waarde 0, wanneer de presenties afwijken van 100%, hetgeen vrijwel altijd het geval is, of wanneer soorten uit een type niet voorkomen in de opname neemt de waarde toe.

Afstandsmaat (kwantitatief)

Binnen de vegetatiekunde worden vele afstandsmaten gebruikt o.a. voor clustering. De euclidische afstand tussen een vegetatie-opname en een type wordt bijvoorbeeld in centroid sortering wel gebruikt. Deze afstand is dan gedefinieerd als de wortel uit de som van de kwadratische verschillen tussen de abundanties in de vegetatieopname en de gemiddelde abundantie in het type. Aan deze afstandsmaat zijn verscheidene nadelen verbonden, waaronder het verschijnsel dat de gemiddelde abundantie van een soort met lage frequentie laag is, terwijl in de omstandigheden waarin de soort voorkomt de abundantie veel hoger is. Voor alle opnamen waarin de soort voorkomt levert deze soort een grote bijdrage aan de afstand, terwijl de abundantie van de soort 'normaal' is. Door nu voor de soorten in de vegetatieopname de abundantie te vergelijken met de karakteristieke abundantie (de gemiddelde abundantie in de opnamen waarin de soort voorkomt, gelijk aan de gemiddelde abundantie gedeeld door de frequentie van de soort) wordt dit nadeel ondervangen. Voor de soorten die afwezig zijn in de opname, maar in het type wel voorkomen wordt vergeleken met de gemiddelde abundantie.

ASSOCIA biedt de mogelijkheid de aanwezige soorten een ander gewicht te geven dan de afwezige soorten. Wanneer het gewicht voor afwezige soorten 0 is, is de scheiding tussen kwalitatieve en kwantitatieve informatie maximaal.

In ASSOCIA wordt de kwadratische afstand gebruikt om grotere verschillen in abundantie meer gewicht te geven

Gecombineerde index

De kwalitatieve en kwantitatieve index kunnen op verschillende wijze gecombineerd worden tot een index, die vervolgens bepalend is voor de toewijzing aan een type. Beide nemen toe met toenemende verschillen tussen opname en type, dus het ligt voor de hand de maten te sommeren (cf. Hill, 1988) of ze met elkaar te vermenigvuldigen. Daar de range voor beide maten in grote mate verschilt is voor sommering een standaardisatieprocedure nodig. In ASSOCIA is daarom gekozen voor vermenigvuldiging, waarbij verschillend gewicht aan beide maten wordt gegeven door machtsverheffing met een macht tussen 0 en 1.

Een nadeel van deze werkwijze is, dat de kwantitatieve afstand (bij veronachtzaming van de afwezige soorten, dus volledige scheiding tussen kwalitatieve en kwantitatieve informatie) 0 kan zijn, terwijl er aanzienlijke verschillen zijn in soortensamenstelling tussen opname en type. Dit bezwaar wordt ondervangen door in de kwantitatieve maat de afwezige soorten ook enigszins te laten meetellen.

De gecombineerde index kan bovendien nog gemodificeerd worden door in de kwalitatieve maat extra gewicht toe te kennen aan de aanwezige soorten, daar afwezige soorten in de klassieke vegetatiekunde min of meer genegeerd worden.

Extra indices

De bijdragen aan $-2\ln(\text{likelijkheid})$ kunnen opgesplitst worden naar bijdragen van soorten die tot een type behoren (compleetheid) en bijdragen van soorten die niet tot een type behoren (vreemde soorten).

Hiervoor zijn twee indices ontwikkeld, de incompleetheidsindex (incompleteness) en de vreemde soortenindex (weirdness). De incompleteness is gedefinieerd als de som van $-2\ln(p(\text{absent}))$ voor de tot het type behorende soorten, die niet in de opname voorkomen. De weirdness is gedefinieerd als de som van $-2\ln(p(\text{present}))$ voor de tot het type behorende soorten die in de opname voorkomen en de soorten die niet in het type voorkomen, maar wel in de opname. Ook hier wordt een arbitrair lage kans op presentie gebruikt om het nemen van de logaritme uit 0 te vermijden.

Ook van incompleteness en weirdness is een genormaliseerde versie gemaakt om voor verschillen in homotoniteit en soortenrijkdom te corrigeren.

Alle boven genoemde indices zijn te interpreteren als afstandsmaat, de minimale waarde geeft de grootste gelijkenis aan, de maximale waarde de laagste gelijkenis.

Uitvoeren van het programma

ASSOCIA kan worden aangeroepen vanuit Turboveg voor Windows of als zelfstandig programma.

In onderstaande tekst wordt alles besproken dat met de uitgebreide versie van het programma mogelijk is. De dialoog zal in een volgende versie aangepast worden om de extra mogelijkheden expliciet naar voren te laten komen.

N.B. Zie voor details betreffende transformaties, opties, bestandsformaten etc. de begrippenlijst en de bijlagen (Slechts ten dele gereed. Bel bij vragen 026-3112583)

Vanuit Turboveg: Kies methode voor identificatie in menu 'Manage', selecteer de te identificeren opnamen en kies in het menu 'Database' Identification. Vul de gevraagde opties in en voer het programma uit. Turboveg laat vervolgens de belangrijkste resultaten zien in de database en in een extra venster.

Als zelfstandig programma: Dubbelklik op het icoon van Associa.exe en beantwoord de vragen in de dialoog:

INLEZEN EN VOORBEREIDING SYNOPTISCHE TABELLEN

Enter name of ASSOCIA system file

Enter blank line for condensed input files

De volgende antwoorden kunnen worden gegeven

** <ENTER> (voorafgaand aan bestandsnaam ASSOCIA systeembestand) om het programma te laten berekenen welke typen veel op elkaar gelijken*

t <ENTER> (voorafgaand aan bestandsnaam ASSOCIA systeembestand) als uw opnamebestand al eerder geïdentificeerd is en de opnamen gelabeld zijn met typenaam. Het programma berekent dan de overeenstemming tussen de meegegeven classificatie en de door ASSOCIA gevonden typen

filenaam (van een ASSOCIA systeembestand) <ENTER>

<ENTER> als u synoptische tabellen in Cornell Condensed formaat hebt en een nieuw ASSOCIA systeembestand wilt aanmaken

INDIEN EEN ASSOCIA SYSTEEMBESTAND IS INGELEZEN KUNT U DEZE SECTIE OVERSLAAN

input table synoptic frequencies?

(Cornell condensed)

Deze vraag wordt gesteld als u de eerste met uitsluitend <ENTER> beantwoord hebt. Hier moet de naam van de tabel met de presenties (frequenties) van de soorten ingevuld worden, gevolgd door <ENTER>

What type of presences is in this table?

1 : Presence as percentages (0-100)

2 : Presence as fractions (0-1)

3 : Presence as presence classes (1-5)

Antwoord met 1, 2 of 3, gevolgd door <ENTER> (<ENTER> zonder antwoord betekent 1, dus presenties als percentages)

Als u een verkeerd antwoord geeft volgt de mededeling/vraag

Try again, answer should be 1, 2 or 3

Geef dan het correcte antwoord, gevolgd door <ENTER>

Als het programma aangeeft:

type number exceeds maxt

dan hebt u een te hoog typennummer gebruikt en stopt het programma. U dient dan uw tabellen aan te passen (hernummering van typen) of te vragen om een versie die meer typen aankan

Als het programma aangeeft:

number of data entries exceeds maxdat

kunnen niet meer gegevens over de synoptische tabel ingelezen worden en dient u tabellen op te splitsen of te vragen om een versie die meer gegevens aankan

De melding:

species number exceeds nmax

betekent dat het hoogste soortnummer te hoog is. Soorten hernummeren of vragen om een versie die meer soorten aankan

input table characteristic cover?

Hier dient u de bestandsnaam op te geven van het bestand waarin de karakteristieke bedekkingen staan. Dit bestand moet per type exact dezelfde soortenlijst te hebben als het bestand met presenties

Make your choice:

0 = no transformation, 1 = log-transformation

U kunt nu de karakteristieke bedekkingen desgewenst logaritmisch transformeren. Indien u de beschikking hebt over de originele gegevens is het echter verstandiger de bedekkingen in de oorspronkelijke tabel te transformeren voordat u de karakteristieke bedekking uitrekent. <ENTER> of 0<ENTER> laat de gegevens onverlet, 1<ENTER> zorgt ervoor dat de bedekkingen logaritmisch getransformeerd worden

Indien u een fout antwoord geeft krijgt u nogmaals de gelegenheid te antwoorden:

Enter 0 for no transformation, 1 for log transformation

Het programma stopt onmiddellijk wanneer zich een van de volgende problemen voordoet:

Als de typenummers niet overeenkomen met de typenummers in de tabel met presenties volgt de foutmelding:

type numbers differ

Als teveel gegevens worden ingelezen meldt het programma

number of data entries exceeds maxdat

Als de soortnummers binnen een type niet overeenkomen met de soortnummers in de tabel met presenties wordt gemeld:

species differ

Als er een hoger soortnummer wordt aangetroffen dan in de tabel met presenties meldt het programma:

species numbers differ

Als het aantal typen in beide tabellen niet overeenkomt wordt gemeld

number of types different

Als er door onduidelijke oorzaak een verschil is in aantal gegevens in beide tabellen volgt de foutmelding:

synoptic tables differ

Als de namen van de soorten of de namen van de typen verschillen volgt een van de meldingen:

species names differ

type names differ

Het programma vervolgt als alles goed gaat met de vraag:

Enter name of synonym file or

press <ENTER> if no synonyms requested

U kunt hiermee zorgen dat synoniemen van de soortnamen in de te identificeren tabellen mogen voorkomen. Indien geen bestandsnaam wordt opgegeven zullen synoniemen niet herkend worden

Tot besluit van de procedure voor het inlezen van nieuwe tabellen wordt een bestandsnaam gevraagd voor het opslaan van de gegevens:

Enter name of associa file to write

blank if no file should be written

Het is niet verstandig hier geen bestandsnaam op te geven, daar tijdens het inlezen ook vele berekeningen gemaakt worden, waarvan het resultaat in het bestand wordt weggeschreven. U bespaart dus veel rekentijd bij herhaald uitvoeren van het programma

GA HIER VERDER NA INLEZEN VAN EEN SYSTEEMBESTAND

Het programma vraagt vervolgens om eventueel een vertaallijst van de soortnamen op te geven:

Enter name of translation file or

press <ENTER> if no translation requested

De soortcodes in de tabellen worden vervangen door nieuwe soortcodes en een nieuw bestand kan worden geschreven voor herhaald gebruik:

Enter name of new associa file to write

Press <ENTER> if no file should be written

Op basis van de typenamen wordt vervolgens de relatie tussen de typen uitgezocht. Er wordt vanuit gegaan, dat de codering van de typen de hiërarchie volgens de Frans-Zwitserse school volgt met de in Nederland gebruikte codering: 2 cijfers voor de klasse, gevolgd door twee letters voor orde en verbond, dan twee cijfers voor associatie en tenslotte een letter voor de subassociatie. De hiërarchie wordt gebruikt om later een selectie te maken in de gevonden typen: Als bijvoorbeeld een lagere orde syntaxon goed blijkt te passen worden vaak de syntaxa waartoe dit syntaxon behoort verwijderd uit de lijst van mogelijke typen.

HET PROGRAMMA VERVOLGT NU MET DE IDENTIFICATIE

Als eerste wordt gevraagd om de tabel met opnamen die getypeerd moeten worden, het formaat van dit bestand moet Cornell condensed zijn en de soortcodes (dus niet de nummers) moeten overeenkomen met de soortcodes in het systeembestand.

table to identify?

Geef de bestandsnaam, gevolgd door <ENTER>

Het programma meldt vervolgens de titelregel van het bestand

Title of releve table:

Daarna meldt het programma of de synoptische tabel getransformeerd is of niet:
Table with characteristic cover has been transformed'
of: Table with characteristic cover has NOT been transformed'

Vervolgens kunt u kiezen of de abundanties in de opnamen getransformeerd moeten worden
Make your choice for the releve table:

0 = no transformation, 1 = log-transformation

Geef het gewenste antwoord. In het algemeen moeten schalen die lineair zijn in bedekking of percentage bedekking getransformeerd te worden, de van der Maarel-schaal (1-9) heeft geen transformatie nodig (Bij uitvoering van het programma vanuit Turboveg wordt automatisch de juiste transformatie toegepast. Karakteristieke bedekkingen dienen dan wel berekend te zijn na log-transformatie van de bedekkingsschaal in procenten)

Als u een verkeerd antwoord geeft vraagt het programma nogmaals:
Enter 0 for no transformation, 1 for log transformation

Het programma controleert vervolgens de opnametabel, bij een grote tabel dient u enig geduld te betrachten:

Scanning table, please wait

De foutmelding
species number exceeds nmax
leidt tot afbreken van het programma. Hernummer de soorten of vraag om een aangepaste versie van het programma

HIERNA VOLGT DE DIALOOG VOOR DE BELANGRIJKSTE OPTIES:

Er wordt gevraagd om de gewichten voor de verschillende afstandsmaten te specificeren

WEIGHTS for quantitative index:

Enter weight for present species (0-1, preferent value 0.5-1.0)

Weight for absent species will be set to

1-weight for present species

Op basis van testen met het oorspronkelijke materiaal van "de Vegetatie van Nederland" wordt bij gebruik van de tabellen van "de Vegetatie van Nederland" de waarde 0.75 geadviseerd. In andere gevallen kan een andere waarde beter resultaat opleveren, afhankelijk van de opsteller van de typologie.

Waarde kleiner dan 0 en groter dan 1 zijn niet toegestaan, dus als zo'n waarde opgegeven wordt vraagt het programma nogmaals om de waarde op te geven na de foutmelding:
Error, weight should have a value between 0 and 1

WEIGHTS for combined index

a. Likelihood (qualitative index):

Enter extra weight for present species (0-1)

Daar het in de vegetatiekunde gebruikelijk is weinig te letten op ontbrekende en meer op aanwezige soorten wordt hier de mogelijkheid geboden de aanwezige soorten zwaarder te laten meewegen, door hun bijdrage aan de likelihood extra te wegen. Het komt erop neer dat bij $-2\ln(\text{likelihood})$ voor de aanwezige soorten nogmaals hun bijdrage wordt meegeteld met een gewicht g . De niet aanwezige soorten tellen dus met gewicht 1 en de aanwezige soorten met gewicht $1+g$. Op basis van de

resultaten met het materiaal van 'de Vegetatie van Nederland' lijkt een extra gewicht van 1 voorlopig de beste waarde. In andere gevallen kan een andere waarde beter zijn.

Als u een verkeerde waarde opgeeft verschijnt de melding
Error, weight should have a value between 0 and 1
waarna de voorgaande vraag weer gesteld wordt

b. Qualitative index vs. quantitative index:

Enter power of qualitative index (0-1, preferred value 0.5-1.0)

Power of quantitative index will be set to

1-power qualitative index

Hier wordt gevraagd om de weging tussen de kwalitatieve index (inclusief het extra gewicht voor presente soorten) en de kwantitatieve index. Op basis van de opnamen uit 'de Vegetatie van Nederland' wordt geadviseerd bij gebruik van de tabellen van 'de Vegetatie van Nederland' hier de waarde 0.67 in te vullen (de kwalitatieve index tot de macht p wordt vermenigvuldigd met de kwantitatieve index tot de macht $1-p$). De resulterende index wordt gebruikt om te beslissen tot welke typen een opname kan behoren.

Als u een verkeerde waarde opgeeft verschijnt de melding
Error, power should have a value between 0 and 1
waarna de voorgaande vraag weer gesteld wordt

Tot slot volgen enkele opties die geen of nauwelijks effect hebben op het eindresultaat, voorzover het de eerste en tweede keus van het programma voor elke opname betreft:

Maximum difference in distance for alternatives (4-100)?

Met behulp van deze optie specificeert u het maximale verschil in afstand tot de eerste keus van het programma: bij een lagere waarde zijn er minder alternatieven, bij hogere waarde zijn er meer alternatieven. Met deze optie beperkt u het aantal alternatieven op een logische wijze.

Als u een verkeerde waarde opgeeft verschijnt de melding
Error, distance should be between 4 and 100
en wordt de vraag opnieuw gesteld

Maximum number of alternatives (2-10)?

Met behulp van deze optie wordt het maximum aantal alternatieven gespecificeerd. Dit is een arbitraire wijze om het aantal alternatieven te beperken.

Als u hier een verkeerd antwoord geeft, wordt het aantal automatisch aangepast naar 2 of 10
Error, maximum number adjusted

Het programma gaat nu rekenen en laat achtereenvolgens de opnamenummers zien, zodat u kunt nagaan hoe ver het programma is gevorderd. Na beëindiging van het programma zijn er output-bestanden, waarin u de resultaten kunt bekijken. Indien u vanuit Turboveg werkt, wordt ook het gewenste aantal mogelijke typen bij de opnamen bijgeschreven. Binnen Turboveg krijgt u niet de volledige output te zien, maar wel de essentiële informatie.

De outputbestanden

Daar ASSOCIA nog geen volledig uitontwikkeld programma is, is de uitvoer zeer uitgebreid. Dit geeft veel mogelijkheden tot controle. Voor diegenen die daarin geïnteresseerd zijn kan meer informatie gegeven worden over de inhoud van de uitvoerbestanden. In deze handleiding beperk ik me tot twee uitvoerbestanden: typall.out en test.out.

Uitvoerbestand typall.out

Dit bestand geeft de meest uitgebreide informatie. Hieronder wordt de informatie per vegetatie-opname besproken, daarna volgen een aantal situaties waarin de interpretatie op het eerste gezicht minder duidelijk is. Allereerst de volledige uitvoer van een opname, beperkt tot de eerste 7 kolommen:

```
1"29AA02A "  
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):  
29AA02A 49.2 29AA02 53.4 29AA03A 59.2 26RG01 71.4 29AA 84.5 29AA02B 95.4 29AA03 96.8  
norm.lh -0.8 norm.lh -2.9 norm.lh -1.4 norm.lh 5.0 norm.lh -2.5 norm.lh 0.0 norm.lh -0.9  
Distance index:  
29AA02A 8.0 29AA 11.0 29AA02 11.5 29AA03A 18.8 29AA03 19.3 29AA02B 20.3 08A 24.0  
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction):  
29AA02A 24.3 29AA03A 34.9 29AA02B 45.6 26RG01 52.6 26AB01B 66.2 08AA 66.4  
norm.lh -0.8 norm.lh -1.4 norm.lh 0.0 norm.lh 5.0 norm.lh 15.7 norm.lh 5.0  
Inc. -0.8 Inc. 0.7 Inc. 6.9 Inc. -0.2 Inc. 1.4 Inc. 1.1  
Weird -0.8 Weird -2.4 Weird -3.6 Weird 7.0 Weird 23.1 Weird 6.5  
Incompleteness:  
08BB03D 5.5 03AA 6.6 02AA 9.6 08BB02 10.0 24AA 10.9 10AA01 10.9 05AA 11.0  
Weird species:  
29AA02 30.5 29AA02A 34.6 29AA03A 35.6 29AA02B 40.2 29AA 49.0 29AA03 54.7 26RG01 57.9
```

De eerste regel geeft het opnamenummer en opnamelabel. In dit geval waren de opnamen gelabeld met het type dat ze in het project “de Vegetatie van Nederland” hadden gekregen.

```
1"29AA02A "
```

De daarop volgende regels geven informatie over $-2\ln(\text{likelihood})$ en de genormaliseerde versie daarvan.

De typen zijn gerangschikt naar opklimmende waarde van $-2\ln(\text{likelihood})$. Wanneer alle soorten uit de opname voorkomen in de genoemde typen (er zijn dan geen bijdragen van arbitrair lage presenties, gebruikt om $\ln(0)$ te vermijden) en de soorten onafhankelijk van

elkaar mogen worden beschouwd (dit laatste is vermoedelijk alleen het geval op het laagste hiërarchisch niveau) is een verschil van 3.86 (Chi-kwadraat met 1 vrijheidsgraad) significant.

Onder elk type staat op de volgende regel norm.lh, de afkorting voor de genormaliseerde waarde van $-2\ln(\text{likelijkheid})$. Deze waarden zijn vermenigvuldigd met 10. Een negatieve waarde geeft aan dat de opname meer dan gemiddeld “lijkt op” het type, een positieve waarde een toenemende afwijking van het type, gecorrigeerd voor de heterogeniteit van het type.

```
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
29AA02A    49.2 29AA02    53.4 29AA03A    59.2 26RG01    71.4 29AA    84.5 29AA02B    95.4 29AA03    96.8
norm.lh    -0.8 norm.lh    -2.9 norm.lh    -1.4 norm.lh    5.0 norm.lh    -2.5 norm.lh    0.0 norm.lh    -0.9
```

We mogen dus voorzichtig concluderen dat het het meest waarschijnlijk is dat de opname behoort tot type 29AA02A, wanneer we uitsluitend naar de kwalitatieve index kijken. Op basis van de genormaliseerde likelihood komen echter meer typen eventueel in aanmerking. Met name 20AA03A en 29AA02B

Vervolgens informatie over de kwantitatieve index, die in dit geval 3x zoveel gewicht geeft aan in de opname aanwezige soorten als aan in de opname afwezige soorten (gewicht presente soorten 0.75, dus gewicht absente soorten 0.25). Ook hier zijn de typen gerangschikt naar opklimmende waarde van de index.

```
Distance index:
29AA02A    8.0 29AA    11.0 29AA02    11.5 29AA03A    18.8 29AA03    19.3 29AA02B    20.3 08A    24.0
```

Op basis van de bedekkingen concluderen we dus hetzelfde: vermoedelijk behoort de opname tot type 29AA02A, op basis van abundanties komen 29AA03A en 29AA02B duidelijk minder in aanmerking.

In de volgende regels zijn de typen gerangschikt naar opklimmende waarde van de gecombineerde index, daaronder zijn per type de genormaliseerde likelihood, de genormaliseerde incompleteness en de genormaliseerde weirdness weergegeven.

```
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction):
29AA02A    24.3 29AA03A    34.9 29AA02B    45.6 26RG01    52.6 26AB01B    66.2 08AA    66.4
norm.lh    -0.8 norm.lh    -1.4 norm.lh    0.0 norm.lh    5.0 norm.lh    15.7 norm.lh    5.0
Inc.    -0.8 Inc.    0.7 Inc.    6.9 Inc.    -0.2 Inc.    1.4 Inc.    1.1
Weird    -0.8 Weird    -2.4 Weird    -3.6 Weird    7.0 Weird    23.1 Weird    6.5
```

Wanneer zowel $-2\ln(\text{likelijkheid})$ als de kwantitatieve afstandsindex een type aangeven is de kans zeer groot dat ook de gecombineerde index dat type aangeven (met extra gewicht voor presente soorten gelijk aan 0 is het type in dit geval altijd hetzelfde). Het betrekkelijk grote verschil tussen de waarde voor 29AA02A en 29AA03A geeft aan dat we zeer waarschijnlijk te maken hebben met 29AA02A, hoewel 29AA03A ook niet geheel onwaarschijnlijk is. Vermoedelijk ontbreken juist de soorten die 29AA02B onderscheiden van 29AA02A.

Tenslotte wordt nog informatie gegeven over de incompleteness en weirdness, gerangschikt naar opklimmende waarde van deze indices. Daar soortenarme typen al snel verzadigd zijn geeft de incompleteness vaak een ander type aan dan de voorgaande indices. Deze index is dus op zichzelf minder informatief.

Incompleteness:

08BB03D	5.5	03AA	6.6	02AA	9.6	08BB02	10.0	24AA	10.9	10AA01	10.9	05AA	11.0
---------	-----	------	-----	------	-----	--------	------	------	------	--------	------	------	------

Voor de weirdness index geldt mutatis mutandis hetzelfde: Voor soortenrijke typen is de weirdness vaak betrekkelijk hoog

Weird species:

29AA02	30.5	29AA02A	34.6	29AA03A	35.6	29AA02B	40.2	29AA	49.0	29AA03	54.7	26RG01	57.9
--------	------	---------	------	---------	------	---------	------	------	------	--------	------	--------	------

Zuiver type, mengsel of overgang?

Het is moeilijk om op basis van enkele getallen een onderscheid te maken tussen zuivere typen, mengsels en overgangen.

Het aantal mogelijke soortencombinaties en vooral het aantal mogelijke combinaties van abundanties binnen een type is zeer groot, met name binnen heterotone typen.

Een zuiver type kenmerkt zich door een zeer duidelijk verschil in likelihood, incompleteness, weirdness en/of dominantie.

Een overgang tussen twee typen kenmerkt zich door zowel incompleteheid als verhoogd aantal vreemde soorten voor tenminste één van beide typen.

Een mengsel van twee typen, bijvoorbeeld als gevolg van heterogeniteit van het milieu, wordt gekenmerkt door een verhoogd aantal vreemde soorten bij beide typen.

Het besluit om een opname te identificeren op een hoger hiërarchisch niveau wordt genomen, wanneer kenmerkende soorten op lager hiërarchisch niveau ontbreken. Dit uit zich vooral in een betrekkelijk klein verschil in $-2\ln(\text{likelihood})$ tussen de typen op lager hiërarchisch niveau, terwijl het hogere hiërarchisch niveau duidelijk waarschijnlijker is. Voor meerdere typen op het lagere niveau is er een verhoogde mate van incompleteheid.

De hierna volgende voorbeelden maken vooral duidelijk, dat de beslissingen moeilijk te nemen zijn, behalve voor duidelijk zuivere typen, die ook in het veld kennelijk duidelijk omgrensd zijn. In hoeverre deze in de praktijk voorkomen of uitsluitend in het materiaal van 'de Vegetatie van Nederland', als gevolg van het selectief maken van vegetatie-opnamen is moeilijk vast te stellen.

Zuiver type

Een zuiver type kenmerkt zich door een zeer duidelijk verschil in likelihood, incompleteness, weirdness en/of dominantie.

In onderstaande voorbeeld is vet aangegeven, waarom ik duidelijk vind dat de opname tot het gekozen type behoort, en niet tot de overige typen in de lijst.

```

13"07AA01C "
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
07AA01      93.3 07AA01C      93.5 07AA      108.0 07AA02      141.5
norm.lh      3.3 norm.lh      3.0 norm.lh      1.1 norm.lh      8.7
Distance index:
28AA      11.0 07AA01C      13.5 07AA01      14.0 28AA02A      15.0 29AA      15.0 08A      19.0 07AA01D      19.1
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction):
07AA01C      43.0 07AA01D      85.0 28AA02A      85.0 08      89.1 08AA      92.3 07AA01A      92.5
norm.lh      3.0 norm.lh      36.7 norm.lh      30.5 norm.lh      12.1 norm.lh      17.8 norm.lh      21.6
Inc.      2.9 Inc.      0.8 Inc.      18.6 Inc.      1.6 Inc.      1.0 Inc.      1.1
Weird      3.0 Weird      59.3 Weird      37.8 Weird      16.0 Weird      24.4 Weird      33.4
Incompleteness:
03AA      6.6 02AA      9.9 10AA01      10.9 05AA      11.3 04BA      11.4 04CA01      11.6 05RG03      11.9
Weird species:
07AA01C      58.7 07AA01      68.3 07AA      78.7

```

Er is nauwelijks verschil in $-2\ln(\text{likelihood})$ tussen 07AA01 en 07AA01C, evenals in de kwantitatieve index. Daar 07AA01 in de hiërarchie boven 07AA01C staat is 07AA01 weggelaten uit de lijst van de gecombineerde index.

```

16"14BB01A "
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
14BB01A      184.3 14BB01      192.5 14BB      214.5 14B      227.6
norm.lh      6.0 norm.lh      6.4 norm.lh      6.5 norm.lh      5.4
Distance index:
14BB01A      33.3 14      34.0 14BB01      36.0 14B      37.7 14BB      39.3 14BB01B      39.5 14BC01      42.4 14BA01      42.7 30
44.1 14BC01A      44.2
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction):
14BB01A      98.2 14BB01B      127.2 14BC01      129.2 14BC01A      130.3
norm.lh      6.0 norm.lh      13.7 norm.lh      7.0 norm.lh      9.3
Inc.      -1.7 Inc.      -1.6 Inc.      0.7 Inc.      0.8
Weird      10.1 Weird      21.9 Weird      10.5 Weird      14.2
Incompleteness:
03AA      6.6 02AA      9.9 10AA01      10.9 05AA      11.3 04BA      11.4 04CA01      11.6 05RG03      11.9 10AA01A      12.3 24AA
12.4 08BB01A      13.0
Weird species:

```

14BB01A 150.7 14BB01 162.1 14BB 178.3 14B 187.1 14BC01 195.9 14BC01A 196.3

14BB01B komt niet voor in de lijst $-2\ln(\text{likelijkheid})$, dus de soortensamenstelling is duidelijk die van 14BB01A, de abundanties verschillen ook duidelijk van die in 14BB01B, de gecombineerde index wijkt ook zeer duidelijk af van die voor 14BB01A.

Mengsel van 2 of meer typen, bijvoorbeeld door heterogeen milieu

```

14"14BA01 " 314.3 29.5 137.5
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
14          313.1 14BA01  314.3 14B          315.5 14BB          339.6 14C          352.9 14BB02          354.7 14BB02A          361.0 14BB01          362.7
norm.lh     10.8 norm.lh     20.1 norm.lh     11.3 norm.lh     16.2 norm.lh     14.4 norm.lh     19.0 norm.lh     23.9 norm.lh     20.9
Distance index:
28AA        20.2 14CA          20.2 14CA01          21.1 14CA01C          21.2 31BA01A          21.4 14CA01A          21.4 12AA03B          21.5 12AA03          21.7
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction)!2!:
14CA        137.1 14BA01          137.5 14CA01          142.0 28AA          143.6 13AA          147.3 14BB          147.7 14BB02          148.8
norm.lh     23.7 norm.lh     20.1 norm.lh     32.3 norm.lh     18.1 norm.lh     21.1 norm.lh     16.2 norm.lh     19.0
Inc.         2.1 Inc.         2.8 Inc.         3.8 Inc.         2.2 Inc.         3.1 Inc.         2.3 Inc.         3.1
Weird        33.8 Weird          28.0 Weird          46.8 Weird          24.2 Weird          30.7 Weird          22.5 Weird          26.7
Incompleteness:
03AA         6.6 02AA           9.9 10AA01          10.9 05AA          11.3 04BA          11.4 04CA01          11.6 05RG03          11.9 10AA01A          12.3
Weird species:
14B          264.2 14           268.7 14BA01          272.4 14BB          289.4 14BC          297.9 14CB          298.1 14BC01          298.1 14C          298.5

```

De eerste en tweede keus van de gecombineerde index liggen zeer dicht bij elkaar, wat betreft dominantie komt 14CA(01) duidelijk meer in aanmerking dan 14BA01, maar 14CA is kwalitatief duidelijk minder waarschijnlijk. Zowel 14CA(01) als 14BA zijn compleet, maar voor beide typen komen ook veel vreemde soorten voor. Vermoedelijk is hier dus sprake van een mengsel van 14BA01 en 14CA(01). Opgemerkt dient te worden dat alle indices hoge waarden vertonen, dus dat deze opname slecht te plaatsen is!!!

Hoger hiërarchisch niveau

Het besluit om een opname te identificeren op een hoger hiërarchisch niveau wordt genomen, wanneer kenmerkende soorten op lager hiërarchisch niveau ontbreken. Dit uit zich vooral in een betrekkelijk klein verschil in $-2\ln(\text{likelijkheid})$ tussen de typen op lager hiërarchisch niveau, terwijl het hogere hiërarchisch niveau duidelijk waarschijnlijker is. Bij de gecombineerde index wordt het hogere niveau weggelaten, maar blijkt duidelijk dat er weinig verschil is tussen de typen op lager niveau.

```

15"14BB01A "
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
14BB01 109.6 14BB 120.1 14BB01A 124.9 14BB01B 130.4 14B 133.4 14 152.7
norm.lh -0.7 norm.lh -0.7 norm.lh 0.8 norm.lh 2.8 norm.lh -1.0 norm.lh 0.2
Distance index:
14BB01B 13.0 31 17.8 14BB01 19.0 14B 19.2 14 19.6 14CA02 19.7 14BB 19.7 14BB01A 20.0
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction)!2!:
14BB01B 54.7 14BB01A 59.8 14BC01A 74.1 14BB02A 80.6
norm.lh 2.8 norm.lh 0.8 norm.lh 2.9 norm.lh 6.3
Inc. 0.9 Inc. 1.1 Inc. 2.5 Inc. 1.8
Weird 3.8 Weird 0.7 Weird 3.1 Weird 8.6
Incompleteness:
03AA 6.6 02AA 9.9 10AA01 10.9 05AA 11.3 04BA 11.4 04CA01 11.6 05RG03 11.9 10AA01A 12.3
Weird species:
14BB01 70.2 14BB 80.1 14BB01A 80.2 14B 88.5 14BB01B 91.6 14BC01A 106.4 14BC01 109.0 14 111.4

```

$-2\ln(\text{likelijkheid})$ geeft duidelijk een associatie aan, beide subassociaties zijn veel minder waarschijnlijk, maar wel compleet en zonder veel vreemde soorten. Er zijn dus geen duidelijke kenmerken aanwezig van een van de subassociaties, het associatieniveau is dus beter.

```

5319"06AC03 " 91.2 15.1 45.9
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
06AC 82.1 06A 84.2 06AC01 88.3 06AC03 91.2 06AC02 94.7 06AB 120.3 06RG02 122.0 06AD01 123.2
norm.lh 2.2 norm.lh 3.3 norm.lh 8.4 norm.lh 5.9 norm.lh 9.6 norm.lh 15.0 norm.lh 22.3 norm.lh 16.4
Distance index:
04 9.9 06RG04 11.2 10AA 11.6 04AA01 11.9 06AC02 12.2 10AA01 12.2 06AC01 12.7 10AA01B 13.6
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction)!3!:
06AC01 40.6 06AC02 44.9 06AC03 45.9 04 59.0 06RG04 59.6 06AB 59.9 08BD 60.5 28AA 62.5
norm.lh 8.4 norm.lh 9.6 norm.lh 5.9 norm.lh 23.1 norm.lh 59.0 norm.lh 15.0 norm.lh 4.8 norm.lh -0.3
Inc. 10.6 Inc. 1.6 Inc. 2.4 Inc. 0.7 Inc. 4.4 Inc. 1.4 Inc. 2.7 Inc. 1.9
Weird 7.3 Weird 13.6 Weird 7.6 Weird 31.4 Weird 85.0 Weird 21.7 Weird 5.7 Weird -1.1
Incompleteness:
01RG01 5.3 03AA 6.6 06RG04 9.4 02AA 9.6 10AA01 9.9 05AA 10.4 04BA 11.0 05RG03
11.0

```

Weird species:
06AC01 55.7 06AC 60.8 06A 66.9 06AC03 67.5 06AC02 76.1 28AA02 85.9 28AA02B 86.3 28AA 91.7

In dit geval is het orde-niveau duidelijk beter dan het associatieniveau. Op basis van abundantie komen 06AC02 en 06AC01 meer in aanmerking dan 06AC03. Ook qua soortensamenstelling is 06AC01, hoewel niet duidelijk, waarschijnlijker dan 06AC03. Mijns inziens 06AC, indien toch een associatie benoemd wordt: 06AC01

Overgang

Een overgang wordt gekenmerkt door het verdwijnen van soorten van een type en het verschijnen van soorten van een ander type. Dit uit zich vooral in het toenemen van de incompleetheid, soms ook in het toenemen van de vreemde soorten voor elk van beide typen. Ook komt voor dat de soortensamenstelling wijst op een type, terwijl de abundanties meer conform die van een ander type zijn.

29845"30BA01A "
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
30BA01 76.3 30BA01B **79.2** 30BA 82.2 30B 82.8 30BA01A **84.5** 30 88.6 28AA 91.1 28AA04 98.2
norm.lh -0.8 norm.lh 0.8 norm.lh -1.5 norm.lh -2.1 norm.lh -0.5 norm.lh -2.7 norm.lh -3.6 norm.lh 1.8
Distance index:
30B 17.2 30 17.2 30BA01B 18.1 30BA 18.5 30BA01 19.3 30BA01A 19.4 14 20.4 14BB 22.2
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction):
30BA01A 39.0 30BA01B 39.8 30BA02C 48.9 28AA 52.6 30BB 53.6
norm.lh -0.5 norm.lh 0.8 norm.lh 1.5 norm.lh -3.6 norm.lh 1.7
Inc. 8.4 Inc. 6.4 Inc. 11.1 Inc. 1.5 Inc. 7.1
Weird -5.5 Weird -2.1 Weird -4.4 Weird -5.6 Weird -1.3
Incompleteness:
03AA 6.6 02AA 9.9 10AA01 10.9 05AA 11.2 04BA 11.3 05RG03 11.5 04CA01 11.6 10AA01A 12.3
Weird species:
30BA01A 25.3 30BA01 29.5 30BA 30.2 30BA02C 32.2 30B 33.0 30 35.1 30RG06 37.5 30BA01B 38.1

Deze opname vertoont een lichte incompleetheid voor twee typen, terwijl bij beide geen verhoogde vreemde soortenindex aanwezig is. Opvallend is, dat 30BA01A in de gecombineerde index voor 30BA01B komt, terwijl zowel -2ln(likelihood) als de kwantitatieve index lagere waarden vertonen voor 30BA01B. Dit is het gevolg van het extra gewicht voor de aanwezige soorten (die kennelijk bij 'de Vegetatie van Nederland' ook zwaarder gewogen hebben toen deze opname beoordeeld werd).

1008"26AA02 " (opnamen 'Westhoff')
-2ln(likelihood) and normalised -2ln(likelihood):
26AA01A **33.4** 26AA 34.9 26AA01 35.3 26RG04 35.5 24AA02 38.0 25AA01 38.6 24AA 40.4 25AA 40.7
norm.lh 3.5 norm.lh 2.5 norm.lh 1.7 norm.lh 4.5 norm.lh 16.2 norm.lh 10.6 norm.lh 16.7 norm.lh 5.4
Distance index:

26AA02	9.5	26AA	12.4	26AA01A	13.5	26AA01	13.8	26A	15.6	26RG03	25.6	25AA	29.5		
Combined index, normalized likelihood, incompleteness and weird species (after reduction):															
26AA02	21.4	26AA01A	22.2	26RG03	33.3	25AA	34.5	25AA01	34.7	26AA03	35.2	26RG04	35.4		
norm.lh	13.0	norm.lh	3.5	norm.lh	9.3	norm.lh	5.4	norm.lh	10.6	norm.lh	15.4	norm.lh	4.5		
Inc.	12.0	Inc.	0.4	Inc.	-0.9	Inc.	-3.0	Inc.	-4.4	Inc.	19.6	Inc.	-3.2		
Weird	13.8	Weird	5.4	Weird	16.1	Weird	10.3	Weird	19.2	Weird	12.3	Weird	9.2		
Incompleteness:															
24AA02	2.2	24AA	2.4	25AA01	3.8	03AA	5.8	26RG04	6.2	25AA	6.8	26RG03	8.0	38AA03D	8.0
Weird species:															
26AA02	23.1	26AA01A	23.2	26AA	23.8	26AA01	24.1	26AA03	24.2	26RG04	29.3	26A	30.8	26RG03	33.8

Deze opname is een overgang omdat de soortensamenstelling duidelijk meer lijkt op die van 26AA01A, terwijl de abundanties overeenkomen met die van 26AA02. 26AA02 is echter duidelijk incompleet en heeft veel vreemde soorten (soorten van 26AA01A)

Uitvoerbestand test.out

Dit uitvoerbestand dient ervoor om met de trainingsset te controleren hoeveel van de opnamen (met bekend type) er worden geïdentificeerd overeenkomstig het type waaraan ze toegewezen waren. Het onderstaande voorbeeld is de set van 'de Vegetatie van Nederland' zonder de bosopnamen, waarbij ook de tabel gebruikt is waarin de bostypen niet opgenomen zijn.

```
1 Selection: 30254 relevés                               T
2 Options:
3 Quantitative, weight present species: 0.7500000
4 Qualitative, extra weight present species: 1.0000000
5 Power of qualitative index: 0.6700000
6 Maximum difference in distance: 50.00000
7 Maximum number of types in lists: 10
8
9 nright: 24926
10 nllh: 11305
11 ndom: 3192
12 nboth: 9217
13 ncomonly: 2791
14 nlicom: 10333
15 nbothcom: 9197
16 ndocom: 2605
17 in sel: 24926 2909 731 312 141 70 45 9 0 0
18 nerror: 526
19 nparent: 70 within first two choices
20 nchild: 515 within first two choices
21 ndoubt: 29797
```

Regel 1 geeft de titel van de tabel met te identificeren opnamen

Regel 2 t/m 7 geven de gekozen opties

Regel 9 geeft aan van hoeveel opnamen de eerste keus op grond van de gecombineerde index overeenkomt met het type. Meestal is dit tussen de 75% en 80% van de opnamen

Regel 10 geeft aan van hoeveel opnamen de eerste keus $-2\ln(\text{likelikhoo})$, maar niet de kwantitatieve index, overeenkomt

Regel 11 geeft aan van hoeveel opnamen de eerste keus kwantitatieve index, maar niet $-2\ln(\text{likelikhoo})$, overeenkomt

Regel 12 geeft aan hoeveel opnamen door beide indices juist geïdentificeerd worden

Regel 13 geeft aan hoeveel opnamen uitsluitend door de gecombineerde index juist geïdentificeerd worden

Regel 14 geeft het aantal opnamen dat door $-2\ln(\text{likelihood})$ en de gecombineerde index juist geïdentificeerd wordt, maar niet door de kwantitatieve index

Regel 15 het aantal juiste identificaties voor $-2\ln(\text{likelihood})$, kwantitatieve maat en gecombineerde index alle drie. Men zou kunnen verwachten dat dit aantal tenminste zo hoog moet zijn als het aantal bij 12. Dit is niet het geval, omdat in de gecombineerde index een extra gewicht voor presente soorten is meegenomen.

Regel 16 het aantal juiste identificaties door kwantitatieve maat en gecombineerde index, maar niet door $-2\ln(\text{likelihood})$

Regel 17 het aantal malen dat 1e t/m 10e keus overeenstemmen met het type. In het algemeen komt de som van eerste en tweede keus juist overeen met 85% tot 95% van het aantal opnamen

Regel 18 het aantal malen dat het correcte type niet gevonden is bij de gecombineerde index

Regel 19 het aantal malen dat een type hoger in de hiërarchie gevonden is binnen keuze 1 en 2, terwijl het correcte type niet gevonden is

Regel 20 het aantal malen dat een type lager in de hiërarchie gevonden is binnen keuze 1 en 2, terwijl het correcte type niet gevonden is

Regel 21 het aantal opnamen waarvoor meer dan 1 keuze opgegeven wordt.

Appendix Synoniembestanden en vertaallijsten

Synoniembestanden

Synoniembestanden zijn lijsten van soorten met hun mogelijke synoniemen. Als het programma een soort in een opname niet tegenkomt bij een type, wordt gecontroleerd of een van de mogelijke synoniemen van deze soort voorkomt in het type.

Per soort waarvoor synoniemen gedefinieerd zijn bevat het bestand een aantal regels (minimaal 3):

1e regel: soortscore (positie 1 t/m 8)

2e regel: aantal synoniemen (geheel getal)

3e en volgende regels: synoniem van de soortscore (positie 1 t/m 8)

Het bestand ziet er dus bijvoorbeeld zo uit:

SRTCOD01

1

SYNO0101

SRTCOD02

3

SYNO0201

SYNO0202

SYNO0203

etc.

N.B.

De synoniemen uit deze lijst dienen dus voor te komen in de typen, de soortcodes behoeven niet in de synoptische tabel voor te komen.

Uitsluitend wanneer een soort niet voorkomt in een type wordt de lijst van synoniemen nagekeken, de eerste die in het type voorkomt wordt gekozen. In een type mogen dus nooit twee synoniemen van 1 soortscore voorkomen. Het programma controleert dit niet!!!!

Vertaallijsten

Met behulp van vertaallijsten worden de soortcodes in de synoptische tabellen vervangen door andere soortcodes. Dit kan gebruikt worden, wanneer de te identificeren opnamen in een bestand staan dat gebruikt maakt van andere codering voor de soorten.

Vertaallijsten hebben 1 regel per soort, waarvan de code veranderd moet worden. In deze regel staan de oude en de nieuwe code (8 tekens) gescheiden door een spatie.

Bijvoorbeeld:

```
PTERAQU0 adelvare  
CAREARE0 zandzeg  
ANTXODO0 reukgras
```

om een tabel met soorten met Nederlandse soortcodes te identificeren. Wanneer de soortcodes binnen een projekt dus afwijken van de soortcodes gebruikt in “de Vegetatie van Nederland” kunnen op eenvoudige wijze nieuwe synoptische tabellen gemaakt worden.

Bijlage 3 Achtergrondinformatie biotische karakteristieken

Algemeen

Biotische karakterisering kan in EKO niet gebruikt worden voor de toedeling van monsters aan een cenotype. Wel kan deze analyse aanvullende informatie geven over een monsterpunt. Het geeft de belangrijkste milieufactoren en gedragskenmerken van de verschillende taxa weer. Deze kenmerken indiceren een bepaald ecologisch profiel dat vergeleken kan worden met het cenotype. De volgende kenmerken worden bij de biotische karakterisering weergegeven: habitat, saprobie, stroomsnelheid, zeldzaamheid (regionaal, landelijk en beheersgebied), diversiteit, taxonomische hoofdgroep, trofisch niveau, functionele voedingsgroep, bewegingsgedrag, abiotisch (en watertype). Ieder kenmerk is onderverdeeld in een aantal klassen. Habitat heeft bijvoorbeeld als klassen: wateroppervlak, waterkolom, littoraal, sediment, vaste substraten waterkolom en littoraal. Per kenmerk berekent het programma welk percentage van de taxa uit een monster tot iedere klasse behoort. De uitvoer kan zowel grafisch (in histogrammen) als getalsmatig weergegeven worden.

Voor de biotische karakterisering is autecologische informatie verzameld en in een aantal categorieën gebundeld. Vaak gaat het om vertaalde informatie, enerzijds letterlijk overgenomen uit buitenlandse bronnen en anderzijds informatie bekend van een hogere of verwante taxonomische eenheid. Wel moet worden opgemerkt, dat de autecologie van een taxon in een andere geografische regio kan verschillen met die van dat taxon in onze regio. Het gebruik van informatie van hogere of verwante taxonomische eenheden moet eveneens met de nodige voorzichtigheid gebeuren.

Aan de hand van de autecologische informatie kan de specifieke plaats en functie van de macrofauna in een ecosysteem worden beschreven en daarmee kan een belangrijk deel van de structuur en het functioneren van een macrofaunagemeenschap in beeld worden gebracht. De specifieke plaats en functie van een organisme in een ecosysteem is afhankelijk van de fysiologie van het organisme (bijvoorbeeld zuurstofopnamecapaciteit, osmoregulatie, temperatuurregulatie), het aanwezige en beschikbare voedsel, de fysische structuur en de biologische interacties zoals predatie en concurrentie. Al deze aspecten zijn verweven in de verschillende biotische karakteristieken. De opgenomen biotische karakteristieken worden in de volgende paragrafen toegelicht.

Saprobie

Gezien het belang van dood organisch materiaal als voedsel voor veel macrofauna-organismen ligt een relatie tussen beide voor de hand. Het is de vraag of de macrofauna onderscheid kan maken tussen organisch materiaal afkomstig uit natuurlijke bronnen (bijvoorbeeld afgestorven waterplanten of bladeren) of uit menselijke bronnen (bijvoorbeeld effluentlozingen). De toestand van het aangeboden organisch materiaal is wel van belang. Rijk met bacteriën en andere micro-organismen begroeid organisch materiaal is voor de meeste soorten aantrekkelijker, mogelijk vanwege een hogere voedingswaarde van de bacteriën. Echter te grote hoeveelheden organisch materiaal leiden tot sterke zuurstofdalings als gevolg van een grote microbiële activiteit. De belasting van het oppervlaktewater met organisch

materiaal is al lange tijd een probleem. In het begin van deze eeuw stelden Kolkwitz & Marsson (1908, 1909) de relatie vast tussen aquatische planten en dieren en organische belasting of saprobiteit. De lijst met soorten die een indicatieve waarde hebben voor de saprobiteit, is in de loop van de eeuw sterk gegroeid en aangepast. Voor de in EKO opgenomen lijst is gebruik gemaakt van Sladeczek (1973), Mauch (1976), Tolkamp (1983) en DIN (1987). De in EKO onderscheiden klassen staan in de tabel 2.

Tabel 2. Indeling naar saprobiteit.

Saprobiteitsklasse	Code
oligosaproob	OS
oligo- β -mesosaproob	OB
β -mesosaproob	BS
mesosaproob	MS
α -mesosaproob	AS
polysaproob	PS
onbekend	N
indifferent	IN

Habitat

Bij de beschrijving van het habitat (de woonruimte) gaat het om de aanwezige fysische structuur in het water. Er wordt nogmaals op gewezen dat bij de bemonstering in meer of mindere mate rekening dient te worden gehouden met alle aanwezige habitatstructuren. In tabel 3 staan de habitats die in EKO zijn onderscheiden.

Tabel 3. Indeling naar habitat.

Habitat	Code
wateroppervlak	1
waterkolom en littoraal	2
open waterkolom	3
littoraal	4
sediment (organisch en mineraal)	5
vaste substraten (waterplanten, stenen, takken, etc.)	6
onbekend	N
indifferent	IN

Stroomsnelheid

Tolkamp & Gardeniers (1977) hebben de zogenaamde stroomsnelheidsindex ontwikkeld. Voor deze index is de macrofauna naar de mate van stromingsminnend karakter ingedeeld in vijf klassen (Tabel 4).

Tabel 4. Indeling naar stroomsnelheid.

Stroomsnelheidsklasse	Code
niet of bij uitzondering in stromend water	1
minder in stromend dan in stilstaand water	2
weinig voorkeur wat betreft stroming	3
meer in stromend dan in stilstaand water	4
alleen in stromend water	5
onbekend	N

Zeldzaamheid

In EKO zijn drie soorten zeldzaamheid gehanteerd: de landelijke zeldzaamheid, de regionale zeldzaamheid en de zeldzaamheid per beheersgebied. De indeling in landelijke zeldzaamheidsklassen is gebaseerd op de Nijboer & Verdonschot (2001). De regionale zeldzaamheid is bepaald door taxa per regio een frequentieklasse te geven. Deze frequentieklasse is gebaseerd op het al dan niet voorkomen van een taxon in de monsters die zijn gebruikt voor het opstellen van het netwerk van cenotypen. Deze frequentie van voorkomen geeft een indicatie van de regionale zeldzaamheid. De frequentie wordt echter ook door andere factoren bepaald, zoals de selectie van monsterplaatsen (bijvoorbeeld het aantal bemonsterde brongebieden en het aantal bemonsterde sloten staan niet in gelijke verhouding tot het totale aantal bemonsterde locaties), de invloed van het tijdstip (seizoen) van monsternamen en de wijze van monsternamen. De zeldzaamheid per beheersgebied is op dezelfde wijze vastgesteld als de regionale zeldzaamheid, alleen zijn voor het bepalen van de frequentieklassen de monsters van één beheersgebied gebruikt in plaats van de monsters van een hele regio. De gehanteerde frequentieklassen zijn gegeven in tabel 5, deze klassenindeling is overgenomen van Nijboer & Verdonschot (2001).

Tabel 5. Indeling naar frequentie van voorkomen.

Zeldzaamheidsklasse	Code
zeer zeldzaam (0-0.15%)	1
zeldzaam (0.15-0.5%)	2
vrij zeldzaam (0.5-1.5%)	3
vrij algemeen (1.5-4%)	4
algemeen (4-12%)	5
zeer algemeen (>12%)	6
onbekend	N

Diversiteit

Soortdiversiteit is een functie van het aantal soorten in een levensgemeenschap (soortenrijkdom) en de mate van gelijkmatigheid waarmee de individuen over de soorten verdeeld zijn, ook wel 'evenness' genoemd (Margalef, 1958, Alatalo, 1981). De diversiteit kan worden uitgedrukt in de mate van onzekerheid over de identiteit van een willekeurig getrokken individu. Hoe groter het aantal soorten en hoe

gelijkmatiger de verdeling van de individuen over deze soorten des te groter is de onzekerheid en daarmee de diversiteit (Pielou, 1966). Diversiteit is een parameter die de structuur van de levensgemeenschap weergeeft (Washington, 1984). Deze structuur wordt uitgedrukt in een getal. Diversiteit kan gebruikt worden om vergelijkingen te maken tussen levensgemeenschappen (Cairns, 1977). Doordat diversiteit niet alleen afhangt van soortenrijkdom maar ook van evenness is het mogelijk dat de diversiteit toeneemt terwijl de soortenrijkdom licht afneemt. In dit geval is de verdeling van de individuen over de soorten gelijkmatiger geworden (Washington, 1984). Vaak wordt als nadeel van diversiteitsindices het onderwaarderen van zeldzame soorten genoemd. Diversiteitsindices beschrijven echter de structuur van een levensgemeenschap. Daarin hebben zeldzame soorten geen structurele maar een functionele rol (Washington, 1984). Het is niet mogelijk diversiteitsindices in EKO als toedelingstechniek te gebruiken om een monster aan het netwerk van cenotypen toe te delen. In plaats van het uitdrukken van de mate van overeenkomst tussen monster en cenotypen, zoals bij similariteitsindices het geval is, geven ze slechts voor het monster zelf een waarde. Van iedere index wordt deze score voor het monster in de uitvoer weergegeven. Met het programma kunnen drie diversiteitsindices bepaald worden, de Shannon index, de reciproke Simpson index en de Alatalo index.

Shannon index

De bekendste diversiteitsindex is de Shannon index (Shannon & Weaver, 1949; Wiener, 1948). De formule is gebaseerd op de kans dat een individu dat willekeurig getrokken wordt tot een nieuw taxon behoort (Ter Linde & Worm, 1996). De indexwaarden lopen van 0 tot oneindig (Washington, 1984). De Shannon index is logaritmisches gerelateerd aan het aantal soorten. Een nadeel hiervan is echter dat bij een hoge diversiteit meer soorten nodig zijn om een zelfde toename van de index te geven als bij een lage diversiteit (Verdonschot *et al.*, 1995).

$$H' = -\sum_{i=1}^k p_i \log p_i$$

met:

k = het aantal soorten in een monster

p_i = de relatieve abundantie van soort i in het monster

Reciproke Simpson index

De door Simpson (1949) opgestelde index geeft de kans weer dat in een populatie twee individuen, willekeurig en onafhankelijk gekozen, uit dezelfde groep komen (tot hetzelfde taxon behoren). Williams heeft in 1964 de reciproke Simpson index gebruikt. Hierdoor loopt de range niet van 0 tot 1 maar van 1 tot oneindig. Deze index is niet of nauwelijks afhankelijk van de grootte van het monster. (Keefe & Bergersen, 1977). De diversiteit is groot als de uitkomst van de reciproke Simpson index hoog is.

$$rSI = \frac{1}{\sum_{i=1}^{i=p} \frac{n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}}$$

met:

- rSI = reciproke Simpson index (dimensieloos)
- N = totaal aantal individuen van het monster
- n_i = totaal aantal individuen van taxon i
- p = totaal aantal taxa van het monster

Alatalo index

Hill (1973) bracht diversiteitsindices samen in een serie, beginnend bij N0 (soortenrijkdom), via N1 (antilogaritmische Shannon index) naar N2 (de reciproke Simpson index). Verdergaand in deze serie wordt steeds minder gewicht gegeven aan de zeldzaamste soorten. Anders gezegd rekent N0 met het totaal aantal individuen en soorten, N1 legt de nadruk op de abundante soorten en N2 op de zeer abundante soorten. De Hill's ratio maakt gebruik van de eerste twee getallen; N1/N0 (Hill, 1973). Deze ratio is door Peet (1974) als volgt aangepast; (N1-1)/(N0-1). Rotenberry (1978) heeft vervolgens als ratio N2/N1 gebruikt. Dit is de ratio tussen de aantallen van de zeer abundante en de abundante soorten. Ten slotte wordt door Alatalo deze formule veranderd in (N2-1)/(N1-1), de Alatalo index (Alatalo, 1981). Bij de bepaling van de diversiteit blijkt de Alatalo index het meest geschikt te zijn. Deze ratio is gebaseerd op zowel de Shannon als de reciproke Simpson index. Met het gebruik van de Hill's ratio wordt het nadeel van de Shannon index (het gebruik van logaritme waardoor bij hogere diversiteit meer soorten nodig zijn om een zelfde toename in diversiteit op te leveren) ondervangen. Bovendien is de index niet afhankelijk van de monsternamen. Het aantal soorten wordt namelijk vaak onderschat als monsters genomen worden van levensgemeenschappen. Hierdoor is het moeilijk grote levensgemeenschappen te vergelijken wat betreft de evenness (indien in de diversiteitsindex ook het aantal soorten is opgenomen). Doordat het aantal soorten vaak wordt onderschat wordt de evenness overschat. Bij de Hill's ratio (Rotenberry, 1978) is dit niet het geval, de variatie is klein, doordat N1 en N2 ongevoelig zijn voor zeldzame soorten en alleen rekening houden met veel voorkomende soorten. Indien een levensgemeenschap wordt uitgebreid met soorten waarvan de abundanties ongelijk zijn aan de abundanties van de veel voorkomende soorten zal de diversiteit afnemen. De aanpassing aan de Hill's ratio (1 er van af trekken) is vooral gunstig bij levensgemeenschappen met lage soorten diversiteit, zo is gebleken uit experimenten met fictieve levensgemeenschappen (Alatalo, 1981).

$$Al = \frac{(N_2 - 1)}{(N_1 - 1)}$$

met:

- Al = Alatalo index
- N1 = exp (H) = exp (Shannon index)

$$N_2 = \frac{1}{SI} = \text{reciproke Simpson index}$$

Taxonomische hoofdgroep

Alle taxa zijn ingedeeld naar taxonomische hoofdgroep. De in EKO gehanteerde hoofdgroepen zijn weergegeven in tabel 6.

Tabel 6. Indeling naar taxonomische hoofdgroep.

Watertype	Code
platwormen (Turbellaria)	TURB
wormen (Oligochaeta)	OLIG
bloedzuigers (Hirudinea)	HIRU
kreeftachtigen (Malacostraca)	MALA
eendagsvliegen (Ephemeroptera)	EPHE
steenvliegen (Plecoptera)	PLEC
libellen (Odonata)	ODON
slijk- en gaasvliegen (Megaloptera/Neuroptera)	MEGA
kevers (Coleoptera)	COLE
vliegen en muggen (Diptera)	DIPT
vedermuggen (Chironomidae)	CHIR
kokerjuffers (Trichoptera)	TRIC
wantsen (Heteroptera)	HETE
rupsen (Lepidoptera)	LEPI
mijten (Acarina)	ACAR
slakken (Gastropoda)	GAST
tweekleppigen (Bivalvia)	BIVA
onbekend	N

Trofisch niveau

Een ecosysteem kan onderverdeeld worden in producenten (de groene planten), consumenten (de fauna) en destruenten (de bacteriën en schimmels). De consumenten kunnen wat de macrofauna betreft onderverdeeld worden naar trofisch niveau afhankelijk van de aard van het voedsel. De in EKO onderscheiden categorieën zijn gegeven in tabel 7.

Tabel 7. Indeling naar trofisch niveau.

Trofisch niveau	Code	Aard van het voedsel
carnivoren	C	levend dierlijk materiaal
detritivoren	D	dood organisch materiaal
herbivoren	H	levend plantaardig materiaal
omnivoren	O	levend dierlijk en plantaardig materiaal
detritiherbivoren	DH	levend plantaardig en dood organisch materiaal
carnidetritivoren	CD	levend dierlijk en dood organisch materiaal
onbekend	N	

Functionele voedingsgroep

Veel aquatische dieren voeden zich met dood organisch materiaal waarbij niet alleen het organisch materiaal maar ook de geassocieerde schimmels, bacteriën, microfauna, diatomeeën en andere algen worden gegeten. In feite kunnen de meeste van deze dieren omnivoor (zie trofisch niveau) worden genoemd. De verschillen in trofische relaties tussen de macrofauna-organismen zijn in voedingsgroepen ingedeeld op basis van de morfologie en de beweging van de monddelen ten behoeve van het verzamelen van voedsel door Cummins (1974). Binnen een voedingsgroep kunnen tegelijkertijd verschillende trofische niveaus voorkomen (Tabel 8). De in EKO gehanteerde voedingsgroepen staan weergegeven in tabel 8. De manier van voeden kan ook per stadium, per habitat en per seizoen verschillen. De meeste eerste stadia of juveniele dieren hebben een voedingsgedrag van verzamelaar/vergaarder (opname van kleine organische deeltjes); naarmate ze verder ontwikkelen wordt de voedingswijze en het voedingsgedrag steeds specifiek. De indeling in voedingsgroepen alsmede de invulling hiervan is geldig voor het laatste en volwassen stadium en is gebaseerd op Cummins (1973, 1974), Cummins & Klug (1979) en Merrit & Cummins (1978, 1984).

Tabel 8. Indeling naar functionele voedingsgroep.

Voedings- groep	Code	Voedingsmechanisme	Voedsel (hoofdbestanddeel)	partikel- grootte (micron)	
knippers	SH	herbivoor	* kauwer	levend vaatplanten- weefsel	>10 ³
		detritivoor	* mineerder	dood vaatplanten weefsel en/of dood CPOM hout	
			* kauwer		
			* boorder		
filteerders	CF	detritivoor		FPOM	<10 ³
		omnivoor		(zoo)plankton	<10 ³
vergaarder	CG	detritivoor	* verzamelaar * sedimenteter	FPOM	
schraper	S	herbivoor	* grazer op minerale en organische oppervlakken	perifyton; vastzittende algen en geassocieerd materiaal	<10 ³
steker	PI	herbivoor	* sterkers steken plantaardige cellen en weefsel aan en zuigen vloeistof	levend vaatplanten- weefsel en draadalgen	>10 ² -10 ³
		carnivoor	* steken cellen en weefsel aan en zuigen vloeistof	levend dierlijk weefsel	>10 ³
verzwelger	PE	carnivoor	* verzwelgers eten gehele of delen van dieren		>10 ³

Bewegingsgedrag

Het bewegingsgedrag, ofwel de manier waarop de macrofauna zich in zijn habitat voortbeweegt is door Merrit & Cummins (1984) onderverdeeld in zeven groepen:

Schaatsers (SK); De vertegenwoordigers van deze groep zijn aangepast om over het wateroppervlak te bewegen. Ze voeden zich met op het oppervlak drijvende (dode) of in de oppervlaktewaterfilm gevangen dieren (bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Gerridae, Gyrinidae).

Duikers (DI); De vertegenwoordigers zijn aangepast om te kunnen zwemmen door middel van roeiende bewegingen met de (aangepaste) achterpoten. Ze leven in stilstaande wateren en in de depositiezone van stromende wateren. Ze verkrijgen zuurstof aan het wateroppervlak en duiken en zwemmen voor het verkrijgen van voedsel of als vluchtreactie. Ze kunnen zich ook vasthouden aan of kruipen over substraten zoals waterplanten (bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Corixidae, Dytiscidae).

Zwemmers (SW); De vertegenwoordigers zijn aangepast om actief te zwemmen in stilstaande en stromende wateren. Tijdens korte perioden waarin geen zwemactiviteit plaatsvindt houden ze zich vaak vast aan substraten zoals waterplanten (bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Siphonuridae, Leptophlebiae).

Klevers (CG); De vertegenwoordigers hebben morfologische- (zoals klauwen, dorso-ventrale afplatting, zuignap; bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Polycentropidae, Ancyliidae) en/of gedragsaanpassingen (zoals een gefixeerd huisje waarin ze zich kunnen terugtrekken; bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Hydropsychidae) om zich te kunnen vasthouden aan vaste substraten in de stroomdraad en de golfslagzone van respectievelijk stromende en stilstaande wateren.

Spartelaars (SP); De vertegenwoordigers bewonen het bladoppervlak van waterplanten of het oppervlak van fijne sedimenten en hebben hiervoor meestal aanpassingen. Ze kunnen tevens de ademhalingsorganen vrij houden van slib (bijvoorbeeld Caenidae, Libellulidae).

Klimmers (CM); De vertegenwoordigers zijn aangepast aan het leven op waterplanten en grof organisch materiaal zoals takken, wortels, in het water hangende oevervegetatie. Ze hebben aanpassingen om zich in verticale richting over de genoemde structuren te bewegen (bijvoorbeeld Aeschnidae, Lymnaeidae).

Gravers (BU); De vertegenwoordigers bewonen fijne sedimenten in stromende en stilstaande wateren. Sommige vertegenwoordigers bouwen gangen of kokertjes die al dan niet iets boven het bodemoppervlak uitsteken, anderen graven zich in het substraat in of eten zich een weg door het bodemsubstraat (bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Chironomini, Ephemeridae, Tubificidae). Weer andere mineren in plantaardig materiaal (zoals waterplanten, blad of wortels (bijvoorbeeld vertegenwoordigers van Chironomini, Scathophagidae) of in dierlijk materiaal (zoals slakken; bijvoorbeeld Tetanoceridae).

Abiotische hoofdfactoren

Met de abiotische hoofdfactoren worden in dit verband die fysische en chemische factoren verstaan die in belangrijke mate van invloed zijn op de overlevingsrespons van een taxon. In tabel 9 is de in EKO gehanteerde indeling naar abiotische hoofdfactoren weergegeven.

Tabel 9. Indeling naar fysische en chemische hoofdfactoren.

Fysisch-chemische factor	Code
eutroof	EUTR
meso-eutroof	MEEU
mesotroof	MESO
oligo-mesotroof	OLME
oligotroof	OLIG
acidofiel	ACID
halofiel	HALO
temporair	TEMP
zuur-droogvallend	ACTE
zuurstofrijk milieu	OXYB
instabiel milieu	INST
hygropetrisch milieu	HYGR
ubiquist	UBIQ
kolonisorator	KOLO
onbekend	N

Bijlage 4 Prioritering van de stuurfactoren

De prioritering van de stuurfactoren is gebaseerd op de prioriteitsscore van de stuurfactor en de mate van verstoring. Bij de prioriteitsscore is 3 de hoogste score en 1 de laagste score. Bij de mate van verstoring staat 3 voor ernstig, 2 voor matig en 1 voor zwak. Op grond van de eindscore worden de stuurfactoren op prioriteit gerangschikt, waarbij de hoogste score de hoogste prioriteit heeft.

Watertypen	Hoofdfactoren	Stuurfactoren	Prioriteitsscore	Mate van verstoring	Eindscore
beken	stroming	basisafvoer	3	3	6
				2	5
				1	4
		afvoerdynamiek	3	3	6
				2	5
				1	4
		stuwing	3	3	6
				2	5
				1	4
	structuur	profiel	2	3	5
				2	4
				1	3
		onderhoud	2	3	5
				2	4
				1	3
		profielverdediging	2	3	5
				2	4
				1	3
		schaduw	2	3	5
				2	4
				1	3
waterkwaliteit	nutriënten en organische belasting	1	3	4	
			2	3	
			1	2	
	toxische stoffen	1	3	4	
			2	3	
1	2				
sloten	zoutgehalte	zoutgehalte (bij brakke sloten)	7	0	7
	waterkwaliteit	nutriënten en organische belasting	3	3	6
				2	5
				1	4
		toxische stoffen	3	3	6
				2	5
				1	4
	structuur	profiel	2	3	5
				2	4
				1	3
		onderhoud	2	3	5
				2	4
				1	3
		profielverdediging	2	3	5
				2	4
				1	3
	waterhuishouding	waterpeil	1	3	4
				2	3
1				2	

Bijlage 5 Prioritering maatregelen

Beken

Stuurfactor	Maatregel	Prioriteit
Basisafvoer	Voorkom aantasting als gevolg van ploegen, herstellingrepen e.d.	1
	Koppel het bovenstroomse traject aan op de beek	2
	Verplaats de winning naar een minder kwetsbaar gebied.	3
	Verminder de hoeveelheid wateronttrekking.	4
	Verminder de wateronttrekkingen door:	5
	Beperk beregening door verordening	5
	Beregen met niet toxisch verontreinigd effluent	5
	Verhogen van de grondwaterstand	5
	Verminder de wateronttrekking door:	6
	Verplicht de industrie niet-verontreinigd-(koel)water opnieuw te infiltreren.	6
	Vervang grondwater door aangevoerd oppervlaktewater.	6
	Verplaatsen van de industrie.	6
	Verplicht de industrie gebruikt water te zuiveren en hergebruiken.	6
	Leg een hydrologische bufferzone aan om het effect van waterwinningen en wateronttrekkingen tegen te gaan.	7
	Infiltrer extra gezuiverd effluent	8
	Afvoerdynamiek	Verwijder drainagesystemen en/of demp greppels en sloten óf verminder de drainagegraad óf koppel de greppels/sloten/drainagebuizen af.
Leg een hydrologische bufferzone aan		2
Bevorder de infiltratie van regenwater in de grond d.m.v: open bestrating		3
rechtstreekse afvoer van daken in de bodem		4
gescheiden riolering met regenwatervijvers		5
Verlaag overstortfrequentie door vergroting van de berging		6
Verplaats de overstort(en)		7
Maak ploegvoren dwars op de afstroomrichting indien de afstroom van akkerland afkomstig is		8
Ontwikkel een loofbos of een houtwal op de oevers		9
Ontwikkel loofbos op de oevers		10
Zet naaldbos om in loofbos		11
Leg een oeverwallepje aan, eventueel in combinatie met een houtwal		12
Ontwikkel meandering/natuurlijk lengteprofiel		13
Vergroot de retentie door bijv.:		14
vasthouden van water in sloten en greppels (bovenstrooms)		15
verhogen grondwaterpeil (bovenstrooms)		15
aankoppelen oude meanders (benedenstrooms)		15
aanleggen poelen (benedenstrooms)		15
Leg een inundatiezone aan	16	
Leg een accoladeprofiel aan	17	
Leg een nevengeul aan	18	
Stuwning	Vervang de stuw door meandering	1
	Vervang de stuw door bodemsprongen met keien, vistrappen, verlengde cascades o.i.d.	2
Profiel	Ontwikkel meandering/natuurlijk lengteprofiel	1
	Verklein het profiel (beekbodem verhogen, versmalling of accoladeprofiel aanleggen)	2
	Ontwikkel micromeanders	3
	Verbeter de substraatvariatie door bijv.:	4
	Aanleggen van een asymmetrisch oeverprofiel	4

Stuurfactor	Maatregel	Prioriteit
	Aanbrengen van grindbedden als deze van nature aanwezig waren	4
	Aanleggen van overhangende oevers/steilranden en depositiezones.	4
	Terugbrengen van zand, wanneer de beek door diepe insnijding te grondig is geworden	4
	Ontwikkelen van stroomkuilen en zandbanken	4
	Breng afrastering aan	5
	Wijs mensen door voorlichting op de kwetsbaarheid van het gebied (bijv. borden aanbrengen)	6
Beschoeiing	Zorg voor een gelijkmatigere afvoerdynamiek (indien van toepassing) en verwijder de beschoeiing	1
	Verwijder reeds aanwezig vuil en puin	2
	Vervang de beschoeiing door oeververdedigende beplanting zonodig tezamen met tijdelijke oeververdediging en/of grind/stenen op zeer kwetsbare plaatsen.	3
Onderhoud	Laat deze werkzaamheden zoveel mogelijk achterwege.	1
Schaduw	Laat (machinaal) onderhoud aan de bosbestanden achterwege.	1
	Ontwikkel een loofbos of een houtwal op de oevers	2
Nutriënten en Organische belasting	Ga (over)bemesting tegen door: verandering van grondgebruik.	1
	verwerving van gronden,	1
	wetgeving en controle,	1
	Ga lozing van voedingsstoffen tegen door normering, wetgeving en controle.	2
	Saneer het infiltratiegebied met behulp van wetgeving.	3
	Verscherp effluentnormen en verbeter de RWZI.	4
	Verplaats de industrie	5
	Verschraal de aanliggende gronden	6
	Verplaats effluentlozing naar een minder kwetsbaar punt.	7
	Verplaats de overstort(en)	8
	Aansluiten op de riolering	9
	Wanneer aansluiten op de riolering (nog) niet mogelijk is, aanleg septic tanks, evt in combinatie met een helofytenfilter	10
	(Na)zuivering m.b.v. helofytenfilters of moerasbosjes.	11
	Verlaag overstortfrequentie door vergroting van de berging	12
	Bevorder de infiltratie van regenwater in de grond d.m.v. gescheiden riolering met regenwatervijvers	13
	rechtstreekse afvoer van daken in de bodem	13
	open bestrating	13
	Breek de drainagebuizen af of demp de greppels en sloten	14
	Verbreek de verbinding met de beek, en scheid hierdoor de landbouw waterstromen van de natuurwaterstromen	15
	Leg horse-shoe wetlands aan	16
	Leg een bufferzone aan waar niet bemest mag worden	17
	Leg een oeverwalleetje aan, eventueel in combinatie met een houtwal	18
	Leg een houtwal aan	19
Maak ploegvoren dwars op de afstroomrichting indien de afstroom van akkerland afkomstig is	20	
Toxische stoffen	Ga lozing van toxische stoffen tegen door normering, wetgeving en controle.	1
	Voorkom eventuele toxische lozingen	2
	Stop met het gebruik van chemische middelen op de oever of in de watergang	3

Sloten

Stuurfactor	Maatregelen	Prioriteit
Zoutgehalte	Laat geen gebiedsvreemd water in zodat de brakke kwel meer invloed krijgt	1
Profiel	Breng verschil in dimensies aan in de breedte en diepte van de sloot	1
	Creer een onregelmatig talud	2
	Leg plasbermen aan	3
	Verminder de hellingshoek van het talud	4
	Breng afrastering aan, evt met drinkplekken	5
Beschoeiing	Verwijder de beschoeiing	1
Onderhoud	Zorg voor een optimaal onderhoudsregime	1
Nutriënten en Organische belasting	Ga overbemesting tegen door wetgeving en controle	1
	Ga lozing van voedingsstoffen tegen door normering, wetgeving en controle.	2
	Verschep effluentnormen en verbeter de RWZI.	3
	Verplaats de industrie	4
	Verplaats effluentlozing naar een minder kwetsbaar punt.	5
	Aansluiten op de riolering	6
	Scheid gebiedseigen en ingelaten water	7
	Reguleer de inlaat	8
	Voorkom doorspoeling	9
	Verleng de weg van het ingelaten water	10
	Wanneer aansluiten op de riolering (nog) niet mogelijk is, aanleg septic tanks, evt in combinatie met een helofytenfilter	11
	Verschraal de aanliggende gronden	12
	Leg bufferstroken aan, bijv. een strook riet of onbemest akker	13
	Vergroot de filterfunctie van de oeervegetatie	14
	(Na)zuivering m.b.v. helofytenfilters of moerasbosjes.	15
	Leg een oeverwal of houtwal aan, of beide	16
	Maak ploegvoren dwars op de afstroomrichting indien de afstroom van akkerland afkomstig is	17
	Hoog het waterpeil in de sloten op	18
	Bevorder de infiltratie van regenwater in de grond d.m.v:	19
	gescheiden riolering met regenwatervijvers	19
	rechtstreekse afvoer van daken in de bodem	19
	open bestrating	19
	Verlaag overstortfrequentie door vergroting van de berging	20
Bagger gefaseerd en voer de bagger af	21	
Pas gefaseerd schoning en baggeren toe	22	
Voer maaisel en bagger af	23	
Toxische stoffen	Ga lozing van toxische stoffen tegen door normering, wetgeving en controle.	1
	Spoor de bron op bijv:	2
	dakgoten,	2
	uitspoeling a.g.v. verdroging/verzuring,	2
	nalevering uit belaste bagger,	2
	e.d.	2
	Beperk het gebruik van chemische middelen op de oever en in de watergang	3
Verwijder de verontreinigde oever- en/of waterbodembodem en breng schone bodem terug.	4	
Waterpeil	Voorkom/verminder wateronttrekking in het inzigtgebied	1
	Maak de berging van gebiedseigen water zo groot mogelijk door:	2
	Ophogen van het waterpeil	2
	Verminderen van de drainage	2
	Vergroting van de isolatie	2