

Importieren von Analysen/Methoden/Parametern in DiversityCollection

1.) Einrichten der Analyse in DC

Die Analyse (hier: *Barcode* Abb.1/1) muss zuerst unter Administration/Analysis erstellt werden. Wichtig ist dabei, dass sie auch dem richtigen Projekt zugeordnet wird (hier: *GBOL-SMNK-Pucc* Abb.1/2) und für die richtigen taxonomischen Gruppen freigegeben wird (hier: *fungus* und *plant* Abb.1/3). Die roten Kreuze (Abb.1/4) zum Addieren einer neuen taxonomischen Gruppe oder eines Projektes, sieht man nur mit Administratorrechten. In diesem Fenster kann man sich auch die dazugehörigen IDs (Abb.1/5) anzeigen lassen, indem man am rechten Fensterrand auf den Button ID (Abb.1/6) klickt. Beim Umbenennen der Analyse bleiben diese dieselben.

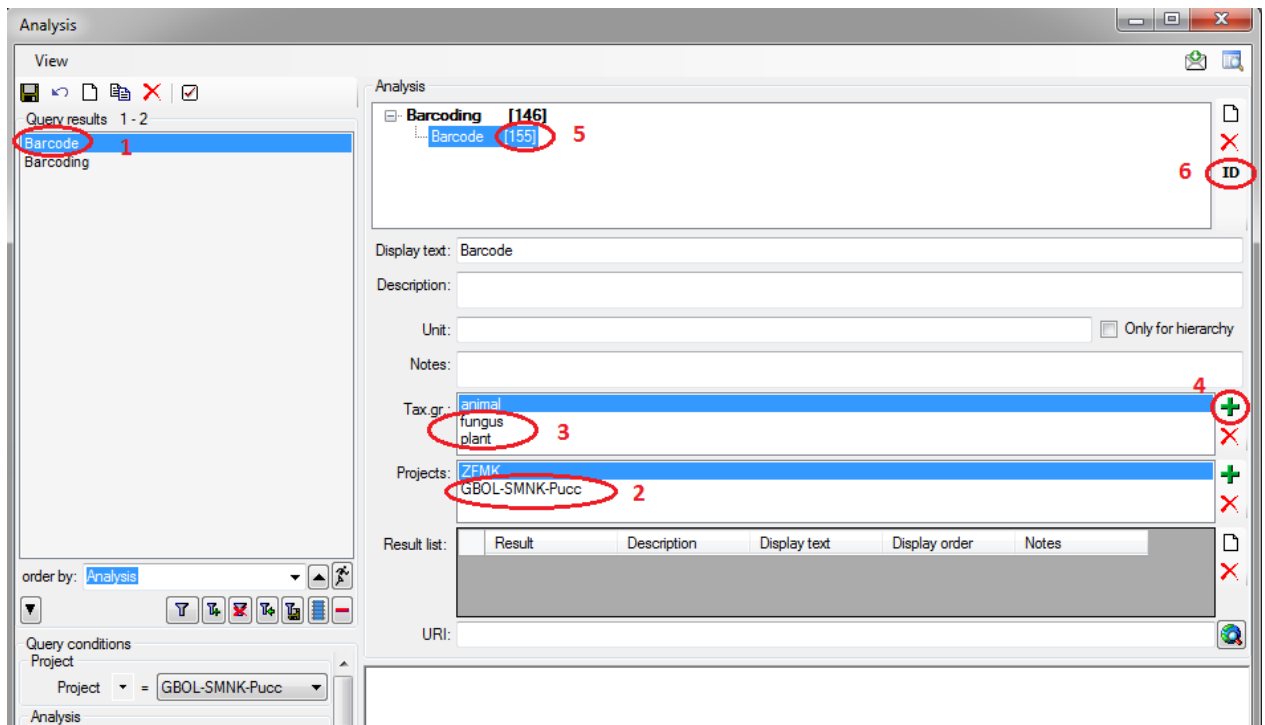


Abb. 1. Administration/Analysis in DC.

2.) Einrichten der Methode und Parametern in DC

Die Methode (hier: *Barcode* Abb.2/1) muss zuerst unter Administration/ Methods erstellt und dann der richtigen Analyse (hier: *Barcode* Abb.2/2) zugeordnet werden. Es gibt in diesem Fall zwei Untermethoden (*Sequencing_Fwd* (Abb.2/5) und *Sequencing_Rev* (Abb.2/6)). Danach müssen alle verwendeten Parameter für die jeweilige Methode angelegt werden (in diesem Fall sind es für beide Untermethoden die gleichen Parameter). Auch hier kann man sich die jeweiligen IDs (Abb.2/ 3, 5, 6) anzeigen lassen (Button rechts, Abb.2/4).

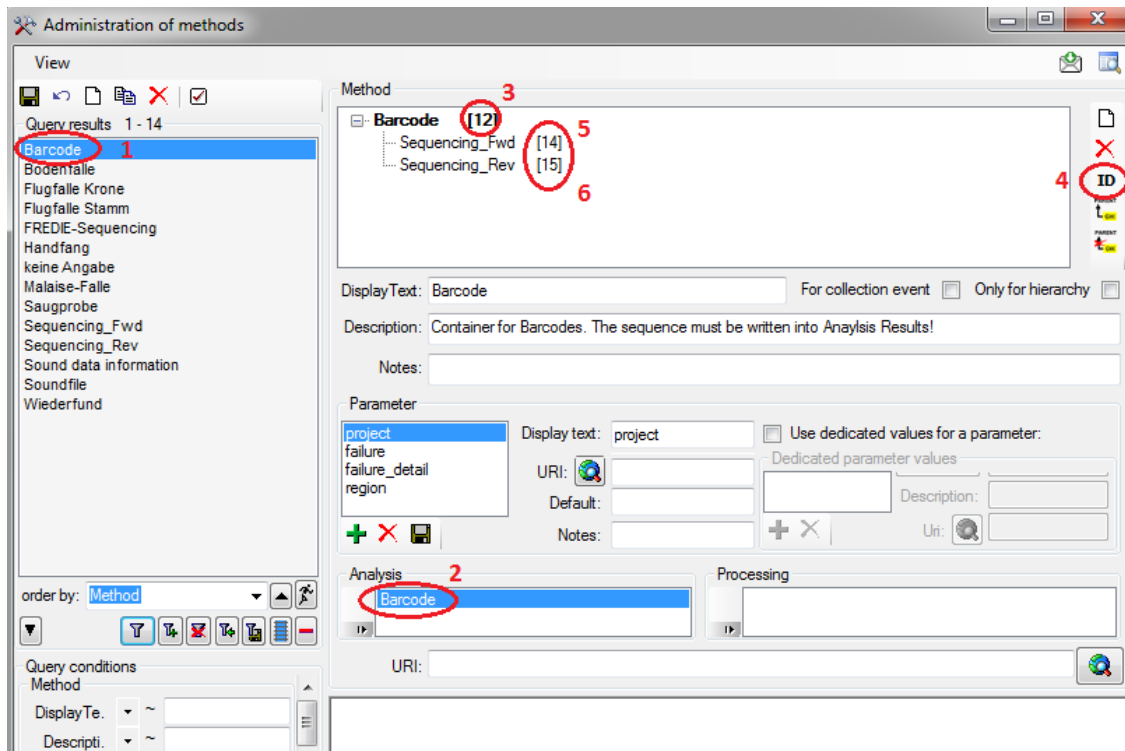


Abb.2. Administration/Methods in DC.

3.) Importeinstellungen zur Analyse

a. AnalysisID

Die Analyse soll nur eingefügt werden, wenn eine Analyse gemacht worden ist und deshalb sowohl die Barcode-Sequenz (Spalte 19) als auch der Primer (Spalte 6) angegeben sind. Dazu wird für die AnalysisID eine Transformation angelegt (s. Abb. 4). Als AnalysisID wird nicht der Wert der Spalte 19 (also der Barcode) eingefügt, sondern die Analysen-ID (hier: 155), die man unter Administration/Analysis auslesen kann (s. unter 1.).

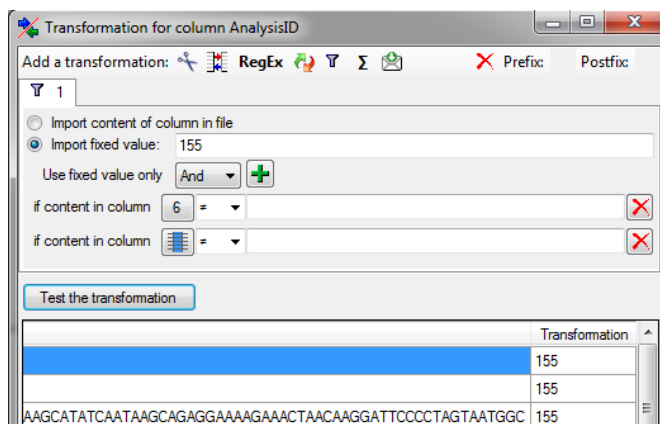


Abb. 4. Transformation zu AnalysisID.

b. AnalysisNumber

Für alle Analysen wird die Nummer 123 eingefügt.

c. AnalysisResult

Hier wird der Barcode eingetragen (Spalte 19, „Barcode-Sequenz“).

d. ResponsibleName

Der die Analyse durchgeführt hat (hier Spalte 16, „Edited by“).

	Analysis 1.1 ResponsibleName	Specimen InternalNotes	Specimen Problems	Analysis 1.1 AnalysisID	Analysis 1.1 AnalysisResult	Parameter 1.1.1.8 Value	Parameter 1.1.3.8 Value
1	Edited by	Annotations	Problems	Barcode-Sequenz	Rohdatenfile fwd 1	Rohdatenfile fwd 2	Rohdatenfile rev 1
2				AGAAGGATCAT...	AT_gbol4_c12_I...		AT_gbol4_c12_I...
3				TAGGTGAACCT...	AT_gbol4_c12_I...		AT_gbol4_c12_I...
4				TAGGTGAACCT...	AT_gbol4_c12_I...		AT_gbol4_c12_I...

Abb. 5. Importeinstellungen für Analysis im Import Wizard

4.) Importeinstellung der Methoden

Die Methoden, die man zuvor unter Administration/Methods angelegt hat, können hier nun eingefügt werden. Pro Analyse sind mehrere möglich, die auf der linken Seite mit dem grünen Plus (s. Pfeil) hinzugefügt werden. Desgleichen können so die Parameter zu jeder Methode hinzugefügt werden.

Organism 1 +
Identification 1.1 +
Organism in part 1.1 +
Geoanalysis 1.1 +
Analysis 1.1 +
Method 1.1.1 +
Parameter 1.1.1.1 +
Parameter 1.1.1.2 +
Parameter 1.1.1.3 +
Parameter 1.1.1.4 +
Parameter 1.1.1.5 +
Parameter 1.1.1.6 +
Parameter 1.1.1.7 +
Parameter 1.1.1.8 +
Parameter 1.1.1.9 +
Method 1.1.2 +
Parameter 1.1.2.1 +
Parameter 1.1.2.2 +
Parameter 1.1.2.3 +
Parameter 1.1.2.4 +

Abb. 6. Hinzufügen mehrerer Methoden

Im ImportWizard kann man dann beim Punkt „MethodID“ mit „For all“ die entsprechende Methode auswählen. Eine Transformation ist hier nicht nötig.



Abb. 7. Auswahl der Methode

5.) Importeinstellungen der Parameter

Zu jedem Parameter muss zuerst der Name bzw. die ID ausgewählt werden und dann der eigentliche Wert.

a. ParameterID:

Die ParameterID (bzw. den Namen des Parameters) kann man aus der Dropdown-Liste wählen. Hier heißt der Parameter „*pcr_primer_forward_name*“ und zwar der der Methode „*Sequencing_Fwd*“.

Achtung: es gibt sowohl zur Methode „*Sequencing_Fwd*“ als auch zur Methode „*Sequencing_Rev*“ die beiden Parameter „*pcr_primer_forward_name*“ und „*pcr_primer_reverse_name*“.

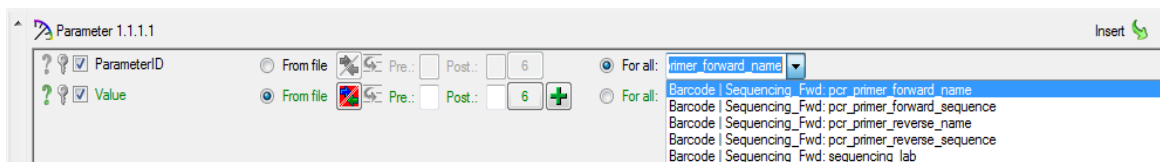


Abb. 8. Auswahl der ParameterID über die Dropdown-Liste

b. Parameter Value

Hier wird nun die passenden Spalte zum Parameter ausgewählt und der Wert eingetragen. In diesem Fall steht der Wert des Parameters „*pcr_primer_forward_name*“ in der Spalte „*pcr_for-primer-name*“ (Spalte 6). Um eine Fehlermeldung abzufangen, wird auch hier eine Transformation eingefügt und auf das Vorhandensein eines Wertes in Spalte 19 („Barcode-Sequenz“) abgefragt (s. Abb.9).

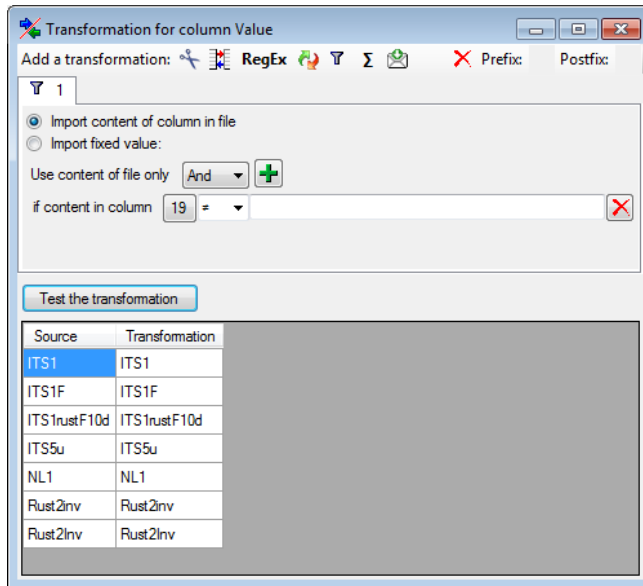


Abb 9.

Transformation zum Parameterwert
„Barcode/ Sequencing_Fwd/
pcr_primer_forward_name“

So müssen nun alle Parameter dieser Methode und der beiden weiteren Methoden angelegt werden. Jedes Mal ist an die Transformation zu denken.