Guide d'utilisation d'un portail basé sur Symbiota

développé à l'intention des utilisateurs du Portail de la Biodiversité du Gabon

Version 1.1

Rédigé par: Katie D. Pearson & Jenn Yost 16 juin 2021 Traduit par: 2021 Pour toute question, ajout ou suggestion, veuillez contacter Katie Pearson à l'adresse kdpearso@calpoly.edu au sujet du contenu et Greg Jongsma (gregor.jongsma@gmail.com) au sujet de l'amélioration de la traduction française. Le présent projet a été rendu possible par la bourse 1802312 de la National Science Foundation. La traduction a été rendue possible par le Global Biodiversity Information Facility Award BID-AF2020-122-NAC.

Toutes les opinions, résultats, conclusions ou recommandations exprimés dans ce document sont ceux de l'auteur ou des auteurs et ne représentent pas nécessairement les opinions de la National Science Foundation ou du Global Biodiversity Information Facility.

Sommaire

1. Naviguer sur le site du Portail de la Biodiversité du Gabon	4
1.1 Téléchargement des données de l'échantillon	5
2. Créer un nouvel utilisateur	5
3. Gestion de votre profil et de vos collections	6
3.1 Panneau de contrôle de l'éditeur de données	6
3.2 Panneau de contrôle de l'administration	8
4. Ajout d'enregistrements de spécimens	9
5. Recherche et tri des enregistrements de spécimens	9
6. Ajouter des enregistrements squelettiques	11
7. Modification des enregistrements de spécimens existants	13
7.1 Explication des onglets de l'éditeur d'enregistrements	14
7.2 Explication des champs de données sur les événements	14
7.3 Edition par lots des enregistrements de spécimens	17
7.4 Édition par lots des noms scientifiques	18
8. Ajout de données de détermination/annotation	19
10. Relier des ressources externes aux enregistrements de spécimens	20
11. Suppression des enregistrements de spécimens	21
12. Spécimens de géoréférencement par lots	21
13. Gestion des prêts, des cadeaux et des échanges	29
14. Visualisation et vérification des commentaires	30
15. Modification des métadonnées (résumé et informations de contact) de votre collection	30
16. Gestion des autorisations des utilisateurs	33
17. Importation de données d'enregistrement	34
18. Utilisation de la boîte à outils de traitement	37

18.1 Rapports	37
18.2 Exporter	38
19. Publication des archives Darwin Core	39
20. Vérification des modifications apportées aux enregistrements des spécimens	39
21. Regroupement en double	40
22. Outils de Nettoyage des Données	40
22.1 Numéros de catalogue dupliqués	41
22.2 Outils de nettoyage géographique	41
22.2.1 Géographie Visionneuse de distribution	41
22.2.2 Geography Cleaning Tool	42
22.3 Outils de nettoyage taxonomique	42
22.3.1 Analyser les noms taxonomiques	42
22.3.2 Répartitions taxonomiques	44
22.3.3 Spécimens en double avec conflits d'identification potentiels	45
23. Téléchargement d'une copie de votre base de données	45
24. Restauration de votre base de données avec une copie précédemment téléchargée	46
25. Statistiques de la collection	47
Annexe 1 : État du Traitement	48
Annexe 2 : Liste Mensuelle Des Tâches À Effectuer Pour La Gestion Des Données	48
Références	49

1. Naviguer sur le site du Portail de la Biodiversité du Gabon



À partir de la page d'accueil (illustrée ci-dessus), il est possible de rechercher des collections et de visualiser des données et des images, même sans posséder de compte sur le portail, en cliquant sur l'onglet "Search Collections" dans la barre d'outils située en haut à gauche de la page. Vous pouvez utiliser l'onglet "Recherche par carte" pour rechercher des spécimens dans une zone géographique donnée. Les onglets "Recherche d'images" et "Parcourir les images" permettent de localiser des images de certains taxons.

En utilisant l'outil "Search Collections", vous serez invité à sélectionner les collections au sein desquelles la recherche sera effectuée. Cochez ou décochez les cases souhaitées sur cette page, cliquez sur "Rechercher >", puis saisissez les autres paramètres de recherche (par exemple, le nom scientifique du spécimen souhaité) dans les cases appropriées. Vous pouvez afficher les résultats dans une liste, qui présentera la plupart des données sur les spécimens et des vignettes d'images, en cliquant sur "Affichage de la liste" pour effectuer la recherche, ou encore afficher les résultats dans un tableau en cliquant sur "Affichage du tableau".

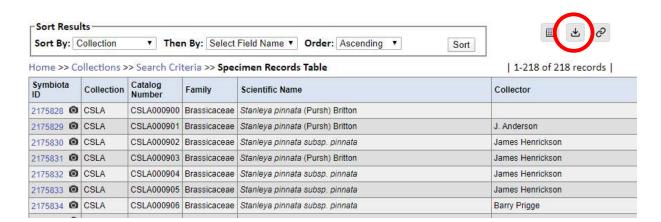
Afin de créer ou d'utiliser votre compte d'utilisateur, de modifier ou d'ajouter des données de spécimen, ou d'utiliser d'autres outils Symbiota, connectez-vous sur le côté droit de la barre d'outils (voir les sections 2 et 3).

Pour un tutoriel vidéo sur les utilisations de base d'un portail basé sur Symbiota, consultez le site Web du TCN SCAN ci-dessous. Veuillez noter que le portail SCAN n'est pas identique au portail GBP, mais que la présentation est similaire.

http://www.lep-net.org/?page id=403

1.1 Téléchargement des données de l'échantillon

Afin de télécharger les données relatives à une série spécifique de spécimens, recherchez les spécimens qui vous intéressent à l'aide de l'outil "Search Collections", tel que décrit ci-dessus, puis cliquez sur "Table Display". Parmi les résultats de la recherche, cliquez sur le bouton de téléchargement (encerclé ci-dessous). Une nouvelle fenêtre s'ouvrira et affichera les options de téléchargement. Sélectionnez les options que vous souhaitez et cliquez sur Télécharger les données



Si l'option Fichier ZIP compressé est cochée, le téléchargement des résultats se fera dans un fichier ZIP, dont vous devrez extraire les données avant de pouvoir accéder aux fichiers qu'il contient et les modifier. Si vous avez coché toutes les cases des extensions de données, vous trouverez les fichiers suivants dans votre fichier ZIP:

- occurences.csv: données de base sur les spécimens (c'est-à-dire le nom scientifique, le collecteur, la localité, etc.)
- **images.csv:** une liste de liens web et de métadonnées concernant les images associées aux enregistrements de spécimens.
- **identifications.csv:** l'historique des annotations (c'est-à-dire les identifications passées) des enregistrements de spécimens.
- eml.xml: fichier texte qui décrit la source des données des spécimens de façon standardisée.
- meta.xml: fichier texte qui répertorie les normes de données appliquées aux champs occurrences, images et identifications (c'est-à-dire où trouver les définitions des champs utilisés dans ces fichiers csv).

2. Créer un nouvel utilisateur

Pour créer leur propre compte, les utilisateurs doivent cliquer sur "Nouveau compte" en haut à droite du site web du portail. Il leur sera demandé de fournir un nom de connexion, un mot de passe et des informations de contact. Lorsque vous créez un compte, veillez à enregistrer votre nom de connexion et votre mot de passe en lieu sûr pour référence ultérieure. Ceux-ci peuvent être récupérés par courrier électronique si nécessaire. Une fois les informations requises saisies, cliquez sur la case à côté de "Je ne suis pas un robot" et cliquez sur "Créer une connexion".

Un nouvel utilisateur ne sera pas en mesure de gérer les données de collecte avant d'avoir obtenu les autorisations appropriées (voir la section 16).

3. Gestion de votre profil et de vos collections

Afin de gérer votre/vos collection(s), cliquez sur "Mon profil" dans le coin supérieur droit sur la page d'accueil du portail. Une page comme celle qui suit s'affiche.



L'onglet "Listes de contrôle d'espèces" vous permet de créer et de partager des listes de contrôle d'espèces personnelles à des fins de recherche, d'éducation ou autres (voir section 26). Vous pouvez lier les espèces de la liste de contrôle à des spécimens de référence, ce qui vous permet de télécharger des listes de contrôle personnalisées de spécimens pour les espèces de votre liste.

L'onglet "Gestion des occurrences" vous permet de gérer vos spécimens et vos données d'observation. Un clic sur cet onglet fait apparaître une boîte "Gestion de la collection". Si vous disposez de droits d'administration ou d'édition des données pour une collection, le nom de la collection sera affiché dans cette boîte. Si vous ne voyez pas votre collection dans cette case, veuillez contacter le gestionnaire ou l'administrateur de votre portail afin qu'il vous accorde les autorisations appropriées.

L'onglet "Profil de l'utilisateur" permet de modifier votre nom, votre adresse électronique, votre affiliation, votre mot de passe et d'autres informations relatives à votre compte.

Selon vos autorisations administratives, lorsque vous cliquez sur le nom de votre collection dans la boîte "Gestion de la collection", vous verrez l'un, les deux ou aucun des panneaux de contrôle suivants.

3.1 Panneau de contrôle de l'éditeur de données

Le panneau de contrôle de l'éditeur de données est utilisé afin d'ajouter et de modifier des enregistrements de spécimens. Il est possible d'accorder des droits d'édition de données à un utilisateur du portail sans pour autant lui accorder des droits administratifs complets (voir section 16). Pour accéder au panneau de contrôle de l'éditeur de données, connectez-vous au portail, cliquez sur "Mon profil", puis sur l'onglet "Gestion des événements". Chaque outil de ce panneau est brièvement décrit à la page suivante.

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI)

Add Naw Coursepes Boosed	- Quick Search
Add New Occurrence Record Croste New Records Heigh Image	Catalog Number
Create New Records Using Image Add Skeletal Records	Catalog Hamber
Edit Existing Occurrence Records	100
Add Batch Determinations/Nomenclatural Adjustments	
Print Specimen Labels	
Print Annotations Labels	
Occurrence Trait Coding Tools	
Batch Georeference Specimens	

Ajouter un nouvel enregistrement d'occurrence - Cet outil permet de créer de nouveaux enregistrements de spécimens à partir des données de l'étiquette. Voir la section 4.

Loan Management

Créer de nouveaux enregistrements à l'aide d'une image - Cet outil permet de créer de nouveaux enregistrements de spécimens en téléchargeant une image puis en saisissant les données du spécimen. Comme cet outil ne sera pas utilisé pour le CAP TCN, il ne sera pas décrit dans ce guide.

Ajouter des enregistrements squelettiques - Cet outil est utilisé afin de créer rapidement des enregistrements de spécimens avec un minimum d'informations, habituellement pendant le processus d'imagerie. Ces enregistrements fournissent des données " squelettiques " qui pourront être complétées lors des étapes ultérieures de transcription, par exemple par des techniciens ou des scientifiques citoyens. Voir la section 6.

Modifier les enregistrements d'occurrences existants - Cet outil est utilisé afin d'ajouter ou de modifier les données des enregistrements déjà existants dans le portail. Voir la section 7.

Ajouter des déterminations/ajustements nomenclaturaux par lot - Cet outil peut servir à ajouter des informations de détermination/annotation et/ou à modifier le nom scientifique d'un certain nombre de spécimens en une seule fois. Il est possible de définir si le changement est dû à une nouvelle détermination (c'est-à-dire une identification et une annotation par un expert taxonomique) ou à une nomenclature ajustée pour le taxon sur la base de recherches taxonomiques. Voir la section 8.

Géoréférencer les spécimens par lots - Cet outil peut être utilisé pour actualiser les coordonnées géographiques d'un certain nombre de spécimens en une seule fois. Voir la section 12.

Gestion des prêts - Cet outil permet de suivre les prêts, les dons et les échanges de spécimens entrants et sortants en utilisant l'onglet approprié du menu principal de la gestion des prêts. Voir la section 13.

3.2 Panneau de contrôle de l'administration

Le panneau de contrôle de l'administration permet d'effectuer des traitements de données de haut niveau et est par conséquent uniquement accessible aux utilisateurs disposant de droits d'administration (voir section 16). Pour y accéder, il faut se connecter au portail, cliquer sur "Mon profil", puis sur l'onglet "Gestion des événements". Les différents outils disponibles dans le panneau de contrôle de l'administration sont décrits ci-dessous.

OBI - Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI)

Add New Occurrence Record Create New Records Using Image Add Skeletal Records Edit Existing Occurrence Records Add Batch Determinations/Nomenclatural Adjustments Print Specimen Labels Print Annotations Labels Cocurrence Trait Coding Tools Batch Georeference Specimens Loan Management	Quick Search Catalog Number
View Posted Comments - 69 unreviewed comments Edit Metadata Manage Permissions Import/Update Specimen Records Processing Toolbox Darwin Core Archive Publishing Review/Verify Occurrence Edits Duplicate Clustering General Maintenance Tasks Data Cleaning Tools Download Backup Data File Restore Backup File Thumbnail Maintenance Update Statistics	

Afficher les commentaires postés - Les utilisateurs du portail ont la possibilité de poster des commentaires sur les enregistrements de spécimens individuels si, à titre d'exemple, ils remarquent une erreur typographique ou une image mal associée, ou encore s'ils soupçonnent qu'un taxon est mal identifié. Grâce à cet outil, l'administrateur peut visualiser les commentaires postés, les marquer comme révisés, les masquer au public ou encore les supprimer en cliquant sur le bouton approprié. Voir la section 14.

Modifier les métadonnées - Cette option permet d'accéder à la page de l'éditeur de métadonnées sur laquelle vous pouvez modifier le nom de votre institution, sa description, ses coordonnées (personne de contact, adresse électronique, etc.), sa page d'accueil, sa licence, la source du GUID ou d'autres informations. Voir la section 15.

Gérer les permissions - Cet outil peut être utilisé afin de gérer quels utilisateurs ont quelles permissions. Voir la section 16.

Importer/mettre à jour des enregistrements de spécimens - Cet outil permet à l'utilisateur d'ajouter ou de mettre à jour par lots des enregistrements de spécimens à partir de l'une des nombreuses sources suivantes: fichier CSV, transcriptions de Notes from Nature, archives DarwinCore, importation IPT, etc. Voir la section 17.

Boîte à outils de traitement - Ce lien permet d'accéder à un ensemble d'outils pour le traitement des spécimens (voir les onglets ci-dessous). Voir la section 18.



Publication d'archives Darwin Core - Cet outil permet à l'utilisateur de publier des données d'occurrence à un agrégateur en téléchargeant une archive Darwin Core. Voir la section 19.

- **Examiner/vérifier les modifications apportées aux occurrences -** Cet outil permet à l'administrateur d'examiner les modifications apportées aux enregistrements de spécimens par d'autres utilisateurs. Voir la section 20.
- Regroupement des doublons Cet outil permet à l'utilisateur de visualiser et d'évaluer les doublons potentiels de spécimens hébergés dans d'autres institutions en faisant correspondre les spécimens ayant le même collecteur, le même numéro de collecteur et la même date de collecte. L'utilisateur peut visualiser tous les spécimens en double ou seulement les spécimens en double avec des identifications contradictoires. Voir la section 21.

Tâches de maintenance générale

- Outils de nettoyage des données Parmi les outils disponibles, citons un outil d'identification des doublons permettant de découvrir les doublons accidentels de numéros de catalogue (section 22.1); un outil de géographie politique pour aider à corriger et à normaliser les désignations des pays, des états/provinces et des comtés (section 22.2); ainsi qu'un outil de taxonomie qui aide à localiser et à corriger les erreurs et les incohérences taxonomiques (section 22.3).
- **Télécharger le fichier de sauvegarde des données -** Cet outil permet à l'utilisateur de télécharger une copie de toutes les données de collecte en plus des images. Ce fichier peut être utilisé à des fins d'archivage ou comme une sauvegarde avant d'effectuer des modifications par lots de la collection. Voir la section 23.
- Restaurer le fichier de sauvegarde En cas de découverte d'erreurs systématiques dans la collection, résultant probablement d'un processus d'édition par lots erroné, les données de la collection peuvent être réinitialisées à une " version " antérieure des données à l'aide de cet outil, à condition que l'utilisateur ait préalablement téléchargé un fichier de données de sauvegarde, de préférence peu de temps avant le processus par lots erroné. Voir la section 24.
- **Maintenance des vignettes -** Cet outil permet de créer des vignettes à partir des images des spécimens.
- Mise à jour des statistiques Cliquez sur ce lien pour mettre à jour les statistiques de la collection, telles que le nombre de spécimens, et pour mettre à jour les champs nuls (par exemple, les champs de nom scientifique pour les spécimens qui n'ont été identifiés que par leur famille) dans la collection. Voir la section 25.

4. Ajout d'enregistrements de spécimens

Vous pouvez ajouter de nouveaux enregistrements de spécimens en naviguant vers Ajouter un nouvel enregistrement d'occurrence (section 7) ou Ajouter des enregistrements squelettiques dans le panneau de contrôle de l'éditeur de données (voir section 6).

5. Recherche et tri des enregistrements de spécimens

(adapté de Skema & Barber 2018)

Le formulaire de recherche des enregistrements dans le portail fournit les moyens de rechercher et de trier l'ensemble de votre collection. Accédez au formulaire en vous rendant sur la page de gestion de votre collection (voir section 3), puis cliquez sur "Editer les enregistrements d'occurrences existants" dans le panneau de contrôle de l'éditeur de données. Un formulaire de recherche d'enregistrement apparaîtra comme dans la capture d'écran suivante.

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI) Record Search Form Collector: Date: Catalog Number: Other Catalog Numbers: Entered by: Date modified: Processing Status: All Records Without images With images Custom Field 1: Select Field Name ▼ EQUALS ▼ ascending ▼ Display Editor Display Table Sort by: Reset Form

Home >> Collection Management >> Editor

Il est possible de saisir un terme de recherche dans n'importe quel champ affiché. Survolez un champ pour voir des instructions particulières sur la meilleure façon de saisir les termes de recherche pour ce champ (par exemple, vous devez saisir un espace avant et après le tiret lorsque vous saisissez une plage dans le numéro de catalogue). Pour faire une recherche à l'aide d'un champ de données qui n'apparaît pas sur le formulaire, sélectionnez un champ dans le menu déroulant à côté de "Champ personnalisé 1", sélectionnez un modificateur dans le menu déroulant à côté, et entrez le terme de recherche dans la dernière case à droite sur cette ligne. Il est possible d'ajouter des champs

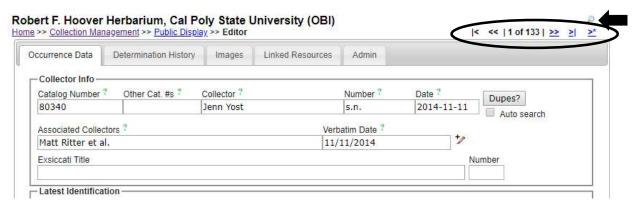
personnalisés supplémentaires en cliquant sur le crayon avec le signe plus () à la fin de la ligne du champ personnalisé 1. La recherche d'enregistrements peut s'effectuer en utilisant autant de champs que vous le souhaitez.

REMARQUE

Un terme de recherche directe ne renvoie que des correspondances exactes. Par exemple, si vous entrez "Edgar T. Wherry" dans le champ "Collectionneur", seules les fiches dont l'orthographe, l'espacement et la ponctuation sont identiques à ceux de votre entrée seront affichées. Utilisez le signe pourcentage (%) pour assouplir les paramètres de recherche. Il s'agit d'une instruction "contient". Par exemple, en entrant "%Wherry", vous obtiendrez tous les noms de collectionneurs contenant Wherry (par exemple, Edgar T. Wherry, E.T. Wherry, Edgar T Wherry, Amelia Wherry Spencer). Rechercher avec des signes de pourcentage peut également être un bon moyen de trouver des erreurs d'orthographe dans les données de votre collection.

Afin de trier les résultats de votre recherche, utilisez le champ "Trier par :" situé dans le coin inférieur droit. Par exemple, si vous sélectionnez "Date de dernière modification" dans le menu déroulant Trier par, puis "Décroissant" dans le menu déroulant à côté, un tableau contenant tous les enregistrements dans l'ordre de leur modification, du plus récent au moins récent, s'affichera.

Vous pourrez visualiser les résultats de votre recherche en cliquant sur "Afficher l'éditeur" ou "Afficher le tableau". En cliquant sur "Afficher l'éditeur", la fenêtre d'édition (voir la section 7) s'affiche pour le premier enregistrement correspondant à votre recherche, et les autres enregistrements correspondant à votre recherche peuvent être visualisés en cliquant sur les flèches en haut à droite du formulaire (entourées en noir ci-dessous). Lorsque vous cliquez sur "Afficher le tableau", vous obtenez les résultats de votre recherche sous la forme d'un tableau qui comprend la plupart des champs de données disponibles pour ces enregistrements.



REMARQUE

Afin de modifier les paramètres de votre recherche, de trier les résultats selon différents critères, et de modifier l'affichage des résultats ou d'effectuer une nouvelle recherche, cliquez sur l'icône de la loupe () dans le coin supérieur droit de la page (voir la flèche sur la capture d'écran précédente).

6. Ajouter des enregistrements squelettiques

(adapté des instructions disponibles sur le portail)

La fonction d'ajout d'enregistrements squelettiques permet aux utilisateurs la création rapide d'enregistrements numériques avec une petite quantité de données pour un grand nombre de spécimens physiques. Cet outil est utile pour les collections qui ont pour objectif de construire une compréhension de base de leurs fonds tout en numérisant rapidement leur collection.

Cet outil peut être utilisé pour recueillir des informations de base sur la collection, par exemple, pendant le processus d'imagerie. L'équipe d'imagerie peut saisir les informations de base de la collection partagées par le lot de spécimens en cours de traitement, et chaque fois qu'elle scanne un code-barres dans le champ du numéro de catalogue, un enregistrement est ajouté au système avec ces données squelettiques. Les données complètes peuvent être saisies en cliquant sur le numéro de catalogue, mais il est recommandé de traiter les données complètes de l'étiquette directement à partir de l'image de l'étiquette du spécimen à un stade ultérieur.

1. Pour ajouter un enregistrement squelettique, accédez à l'outil Ajouter des enregistrements squelettiques via le panneau de configuration de l'éditeur de données (voir section 3.1). Vous verrez une page comme celle ci-dessous.

	Session: 00:05 Count: 0
Protect locality details from general public	Rate: 0 per hour
County/Parish:	
Add Record	Clear Form
	County/Parish:

- 3. Dans le menu déroulant des options, cochez ou décochez les cases situées à côté des champs à afficher. Les champs suivants sont généralement recommandés pour la saisie de données sur les squelettes: Nom scientifique, Famille, État/Province et Comté/Paroisse.
- 4. Sélectionnez l'action préférée que le module de saisie de données utilisera lorsqu'un enregistrement existe déjà pour un numéro de catalogue (code-barres) scanné. Il est recommandé d'utiliser l'option "Restrict entry if record exists" pour le projet CAP TCN.
 Remarque: Même si vous choisissez l'option "Ajouter les valeurs aux enregistrements existants", les données squelettiques ne copieront pas les valeurs des champs existants.
- 5. Si vous utilisez les champs recommandés ci-dessus, saisissez le nom scientifique en commençant par taper le nom de l'étiquette du spécimen, puis en sélectionnant le nom approprié dans la liste déroulante.
- 6. Si vous le souhaitez et/ou si c'est possible (compte tenu des données fournies sur la fiche du spécimen), entrez l'État/Province et le Comté/Paroisse du spécimen si celui-ci a été collecté aux États-Unis ou au Canada. L'auteur et la famille du nom du taxon s'afficheront automatiquement si le taxon figure dans la table des taxons du portail.
- 7. Saisissez le numéro du code-barres dans le champ Numéro de catalogue en cliquant dans le champ Numéro de catalogue et en scannant le code-barres du spécimen.
- 8. Une fois que tous les champs sont remplis, cliquez sur Ajouter un enregistrement.

REMARQUES IMPORTANTES

- Après avoir cliqué sur Ajouter un enregistrement, les données des champs du cadre Données squelettiques ne seront PAS effacées. Seul le champ du numéro de catalogue sera effacé. Ceci est conçu pour faciliter la saisie rapide des données squelettiques pour les dossiers de spécimens similaires (c'est-à-dire les spécimens de la même espèce). Il convient de prêter une attention particulière à ces champs lors de la transition entre les espèces ou les localités des spécimens. Il est facile d'oublier de modifier les données de ces champs.
- Dans le cas où un utilisateur doit modifier un enregistrement squelettique précédemment saisi, vous pouvez cliquer sur le numéro de catalogue de l'enregistrement tel qu'il est répertorié dans la case Enregistrements sous la case Données squelettiques (encerclé ci-dessous). Notez que cette liste disparaîtra si la page est rafraîchie. Vous pouvez également ajouter une image à l'enregistrement à partir de cette page en cliquant sur l'icône à droite du numéro de catalogue listé.

Display Instructions

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University



 La durée de la session d'imagerie, le nombre total de spécimens et le taux d'ajout de spécimens (en unités d'enregistrements par heure) sont visibles dans le coin supérieur droit de la case Données squelettiques. Cela peut s'avérer utile pour évaluer l'efficacité de flux de travail alternatifs.

7. Modification des enregistrements de spécimens existants

(adapté de Skema & Barber, 2018)

- 1. Connectez-vous au portail GBP et accédez au panneau de contrôle de l'éditeur de données en cliquant sur " Mon profil ", l'onglet " Gestion des occurrences ", puis le nom de votre collection dans la case " Gestion de la collection ".
- 2. Sous "Panneau de contrôle de l'éditeur de données", cliquez sur "Modifier les enregistrements d'événements existants". Cliquez sur "Afficher le tableau" pour obtenir un tableau de tous les enregistrements de votre collection OU recherchez un enregistrement spécifique en saisissant des termes de recherche dans les champs appropriés (voir la section 5 pour obtenir de l'aide sur la recherche et le tri des enregistrements de spécimens).
- 3. Pour accéder à un enregistrement, cliquez sur son identifiant Symbiota dans la colonne de gauche, ce qui vous amènera à la page d'édition de l'enregistrement, vue à la page 13. Voir la Section 7.1 pour une explication des onglets de la page de l'éditeur d'enregistrement, et voir la Section 7.2 pour une explication des champs pertinents de l'onglet "Occurrence Data". Vous pouvez cliquer sur le point d'interrogation vert situé à côté de chaque champ pour obtenir des explications supplémentaires sur son utilisation.
- 4. Modifiez un enregistrement en modifiant, ajoutant ou supprimant des données dans les champs de l'onglet "Données sur l'événement". Une fois l'édition de l'enregistrement terminée, modifiez l'état de traitement comme il convient et sauvegardez votre travail en cliquant sur le bouton "Save Edits" à la base de l'onglet "Occurrence Data" dans l'éditeur d'enregistrement ou en appuyant une ou deux fois sur la touche "Enter" de votre clavier, selon le navigateur et/ou le système d'exploitation.

REMARQUES

• Lorsqu'une image du spécimen est disponible, il est possible de la visualiser pour faciliter l'édition de l'enregistrement.

- Pour augmenter la taille de l'image du spécimen, survolez n'importe quelle limite extérieure de l'image jusqu'à ce que vous voyiez une flèche et faites-la glisser jusqu'à la taille souhaitée.
- Pour effectuer un zoom avant sur une zone de l'image, maintenez la touche Ctrl (Cmd sur Mac) enfoncée et cliquez sur une zone qui vous intéresse. Vous pouvez également maintenir la touche Shift enfoncée, faire un clic gauche et faire glisser le curseur vers le haut. Pour effectuer un zoom arrière, procédez de la même manière, mais en faisant glisser le curseur vers le bas.

7.1 Explication des onglets de l'éditeur d'enregistrements

Lors de l'ouverture de la page de l'éditeur d'enregistrement, vous verrez 4-5 onglets, selon votre niveau de permissions. L'image ci-dessous représente la page de l'éditeur d'enregistrements pour un utilisateur disposant de droits administratifs. Une brève explication de chaque onglet est fournie ci-dessous.

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI)

| Occurrence Data | Determination History | Images | Linked Resources | Admin

Données sur l'événement - Voir l'explication des champs dans la section 7.2.

Historique des déterminations - où les annotations sont affichées et peuvent être saisies. Les annotations peuvent également être téléchargées par lots à partir de fichiers séparés. Voir la section 10 pour les instructions d'utilisation de cet outil.

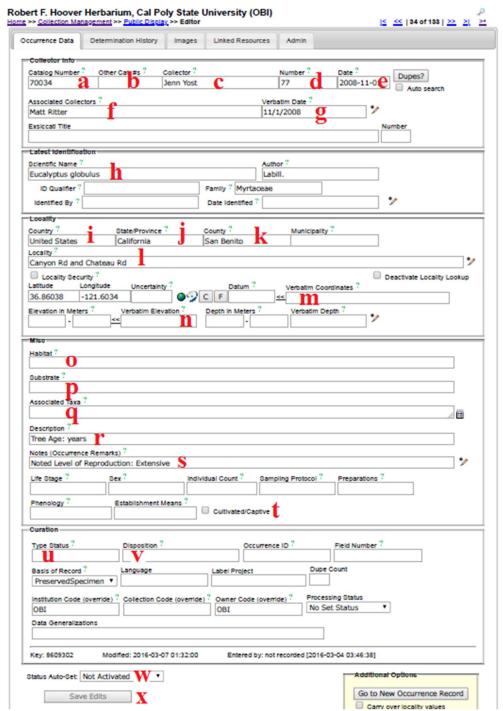
Images - fournit des informations sur la ou les images associées à l'enregistrement. Voir la section 9.
 Ressources liées - permet de lier des listes de contrôle, des doublons et des ressources génétiques au document.

Admin - permet de suivre les modifications apportées à l'historique des modifications, de transférer des spécimens entre collections et de supprimer un enregistrement d'occurrence. Seuls les utilisateurs disposant d'autorisations administratives (voir section 16) peuvent supprimer des enregistrements de spécimens.

7.2 Explication des champs de données sur les événements

(adapté de Skema & Barber 2018)

Les principaux champs d'intérêt sont décrits dans les deux pages suivantes. Dans le portail, il est possible de cliquer sur le point d'interrogation vert à côté de n'importe quel champ pour obtenir des explications supplémentaires sur l'utilisation de ce champ. Des champs supplémentaires sont consultables en cliquant sur l'icône en forme de crayon à droite de certains champs. Pour de plus amples explications sur tous les champs, consultez le site http://symbiota.org/docs/data-entry-guides-foropenherbarium/.



- **Numéro de catalogue** le numéro de code-barres (et le code de l'institution, s'il figure sur l'étiquette du code-barres) du spécimen (par exemple, OBI00045897)
- **b** Autres numéros de catalogue le numéro d'accession du spécimen, le cas échéant. Si votre institution disposait déjà de données dans la NANSH ou le Consortium of California Herbaria, il se peut que ce numéro ait déjà été indiqué dans le champ "Catalog Number".

- **c** Collecteur collecteur principal ou unique. Le nom doit être dans l'ordre de " Prénom Nom de famille ". Sur un spécimen, c'est souvent le nom qui suit "col.", "leg.", et "legit.". Si aucun collecteur n'est présent, il faut inscrire "Inconnu" à la place des autres normes institutionnelles.
- **d** Numéro numéro du collecteur. Si aucun numéro n'est présent, "s.n." (sine numero est le mot latin pour "numéro"). (sine numero signifie "sans numéro" en latin) doit être inscrit à la place d'autres normes institutionnelles. Si des lettres ou des symboles sont inclus dans le numéro du collecteur sur l'étiquette (par exemple, KP-004), ils doivent être inclus.
- **e** Date date à laquelle l'échantillon a été collecté, au format AAAA-MM-JJ. Les normes institutionnelles doivent être suivies pour l'introduction de 0 lorsqu'un jour ou un mois est omis, ou si une série de dates est indiquée. Voir aussi "Date de la signature" (g).
- **Collecteurs associés -** collecteurs suivant le collecteur principal. Chaque nom doit être dans l'ordre "Prénom Nom". Les noms multiples doivent être séparés par un point-virgule (;).
- **Date verbatim** date telle qu'elle apparaît, verbatim, sur l'étiquette (par exemple, 21 juillet 2016). Ceci est particulièrement utile si une partie de la date est omise, si la date est dans une autre langue, ou si une fourchette est indiquée.
- h Nom scientifique le nom scientifique du spécimen. Lorsque vous remplissez ce champ, veillez à sélectionner une option dans la liste déroulante plutôt que de taper le nom. Si le spécimen est classé sous un nom différent de celui qui figure sur le spécimen, cette information doit être notée dans le champ Notes (par exemple, "classé sous...") à la place des autres normes institutionnelles.
- **Pays** le pays dans lequel le spécimen a été collecté. Si le spécimen a été collecté aux Etats-Unis, il faut inscrire "Etats-Unis" dans ce champ.
- **État/Province** État dans lequel le spécimen a été collecté, s'il s'agit des États-Unis, ou province si le spécimen a été collecté au Canada. Le nom de l'État/de la province doit être saisi sous la forme d'un nom complet et non d'une abréviation (par exemple, "California" au lieu de "CA").
- k Comté le comté (Louisiane: paroisse; Alaska : arrondissement) dans lequel le spécimen a été collecté. Les désignations de comtés (par exemple, "Co." ou "County") ne doivent pas être incluses dans ce champ. Cette valeur doit être sélectionnée dans la liste déroulante.
- Localité description géographique de l'endroit où la plante a été collectée. Ce champ ne doit pas inclure d'informations sur le pays, l'état ou le comté, puisque ces données se trouvent dans d'autres champs, à moins que la localité ne comprenne une description d'une zone du comté ou de l'état (par exemple, "coin sud-ouest du comté de Jefferson" ou "nord-est de l'Arizona"). Ce champ doit inclure des indications pour se rendre au lieu de collecte, des noms de villes, des noms de routes, des noms de parcs, etc. Notez que vous pouvez cocher la case "Locality Security" si les informations sur la localité doivent être protégées (par exemple, l'emplacement d'une espèce protégée).
- m Coordonnées verbatim Si la latitude et la longitude sont fournies sur la feuille, elles doivent être saisies dans ce champ et normalisées en cliquant sur << . Les degrés/minutes/secondes lat/longs peuvent être saisis en cliquant sur "Outils", en saisissant Lat/Long dans les cases degrés, minutes, secondes, et en cliquant sur "Insérer les valeurs Lat/Long" pour les convertir en décimales. Si les coordonnées ont été fournies sur la feuille, " Coordonnées enregistrées au moment de la collecte " doit être saisi dans le champ Remarques sur la géoréférence.
- Élévation en mètres si l'élévation en mètres est fournie sur la feuille, elle doit être entrée dans ce champ. Si elle est fournie dans une autre unité, par exemple en pieds, la valeur peut être saisie dans le champ " Verbatim Elevation " avec son unité et convertie en métrique en cliquant sur le <<</p>

- Habitat conditions environnementales dans lesquelles la plante a été trouvée (par exemple, marais, champ herbeux).
- Substrat définitions techniques données pour le substrat, par exemple, type/série de sol ou formation rocheuse.
- **q** Taxons associés autres taxons végétaux répertoriés comme poussant avec le spécimen collecté. Pour favoriser la normalisation et faciliter la saisie dans ce champ, une liste déroulante des noms scientifiques dans la table des taxons du portail est accessible en cliquant sur la petite icône de table à droite du champ de données.
- r Description informations spécifiques à la plante individuelle (par exemple, état, couleur)
- S Notes (Remarques sur l'occurrence) caractéristiques de la population (par exemple, fréquence: rare, commun, etc.) et toute donnée supplémentaire sur l'étiquette qui ne rentre pas facilement dans les autres champs de données. Ce champ peut également être utilisé comme support temporaire pour écrire des notes sur les spécimens qui nécessitent un examen plus approfondi.
- **Case à cocher Cultivé/Captif** elle doit être cochée si l'étiquette indique que l'échantillon provient d'une plante cultivée.
- **Statut du type** le statut du type (par exemple, holotype, isotype) du spécimen. Ce champ ne doit contenir des données que si le spécimen est un type.
- V Disposition l'emplacement du spécimen dans l'herbier ou en prêt. Ce champ est particulièrement utile si le spécimen est utilisé pour une exposition, un projet de recherche ou un usage éducatif, ou si le spécimen comporte deux espèces différentes (c'est-à-dire qu'il ne peut être classé qu'avec l'une des espèces).
- **W** Statut de traitement ce champ est utilisé pour indiquer le stade de l'enregistrement dans le flux de travail du contrôle de la qualité (voir Annexe 1: Statut de traitement pour les instructions).
- **X** Enregistrer les modifications cliquez pour enregistrer l'enregistrement. Si le bouton n'est pas cliquable, cliquez n'importe où sur l'écran en dehors d'un champ, puis cliquez à nouveau sur le bouton "Save Edits".

7.3 Edition par lots des enregistrements de spécimens

(adapté de Skema & Barber 2018)

REMARQUE: Attention!

Il convient d'être prudent lors de l'utilisation de cet outil. Il est déconseillé aux techniciens d'effectuer des modifications par lots. Nous vous recommandons également de télécharger une copie de votre base de données (voir Télécharger un fichier de données de sauvegarde à la page 48 de ce guide) avant d'effectuer des modifications par lots.

Pour l'édition en lot des noms scientifiques, voir la section 8.

1. Il existe deux options pour modifier les enregistrements de spécimens par lots: vous pouvez modifier une valeur pour l'ensemble des enregistrements de votre collection ou modifier une valeur pour un ensemble sélectionné d'enregistrements. Pour modifier tous les enregistrements, cliquez sur "Afficher le tableau" dans le formulaire de recherche d'enregistrements (voir section 5), puis cliquez sur l'icône de modification (**) au-dessus du tableau résultant de tous les enregistrements de votre collection. Passez à l'étape 3.

- 2. Afin de modifier une valeur pour un ensemble sélectionné d'enregistrements, recherchez d'abord les enregistrements qui vous intéressent à l'aide du formulaire de recherche (voir section 5). Une fois que vous avez trouvé le jeu d'enregistrements que vous souhaitez modifier par lots, cliquez sur l'icône de modification () en haut du tableau d'enregistrements que vous avez sélectionné.
- 3. À partir du menu déroulant situé à côté de "Nom du champ" dans Mise à jour par lot, sélectionnez le champ que vous voulez modifier.
- 4. Dans "Valeur actuelle ", entrez le texte qui se trouve actuellement dans le champ que vous voulez modifier.
- 5. Dans "Nouvelle valeur", entrez le texte que vous voulez voir figurer dans le champ modifié.
- 6. Choisissez si vous voulez faire correspondre l'ensemble du champ ou seulement une partie.
- 7. Cliquez sur "Mise à jour du champ par lot" pour mettre en œuvre votre modification par lot. Un écran contextuel vous indique le nombre d'enregistrements à mettre à jour, vous avertit que l'opération de remplacement ne peut être annulée et vous invite à valider la mise à jour. Procédez avec prudence et consultez les exemples ci-dessous.

REMARQUE: Attention!

On peut facilement modifier par inadvertance un texte que l'on n'avait pas l'intention de modifier. En général, plus votre texte "Valeur actuelle:" est précis, moins vous risquez de subir des conséquences involontaires. Si possible, obtenez une estimation, à partir de votre table d'enregistrements, du nombre d'enregistrements qui devraient être affectés, et comparez-la au nombre d'enregistrements cités dans l'avertissement. Si les chiffres ne correspondent pas, repensez votre stratégie.

Il est impossible de vérifier le nombre d'enregistrements en triant d'abord par "Modifié par". En effet, ce tri renvoie un compte du nombre de champs modifiés par l'utilisateur "Modifié par" pour tous les enregistrements à affecter, plutôt que le nombre d'enregistrements à affecter.

Exemples

Exemple d'une utilisation judicieuse du traitement par lots: normalisation des noms de collectionneurs de plantes. Si vous standardisez toutes les collections de Wherry à "Edgar T. Wherry", vous pouvez entrer "E. T. Wherry" dans Valeur actuelle et "Edgar T. Wherry" dans Nouvelle valeur dans le traitement par lots pour le nom du champ du collecteur, et mettre à jour. Répétez l'opération pour les autres formes de ce nom (par exemple, "E T Wherry", "Edgar T Wherry").

Exemple d'une mauvaise utilisation du traitement par lots: modification des directions cardinales. Par exemple, si vous entrez "n." dans Valeur actuelle et "N" dans Nouvelle valeur dans le traitement par lots de la localité pour tenter de modifier les instances abrégées en minuscules de la direction cardinale nord, vous y parviendrez, mais vous modifierez également toute autre chaîne de caractères comportant "n.", comme une phrase se terminant par la lettre n. Cela entraînera des erreurs de placement par lots de "N" là où "n." devrait être. Par exemple, " Next to the station. East side" serait transformé en "Next to the statioN East side."

7.4 Édition par lots des noms scientifiques

(adapté de Skema & Barber 2018)

Il existe deux options pour modifier les noms scientifiques par lots, qui conviennent chacune à des situations différentes.

- Les outils de nettoyage taxonomique sont une façon de modifier les noms scientifiques. Pour les utiliser, cliquez sur "Outils de nettoyage des données " dans votre panneau de configuration de l'administration (voir section 3.2). Faites défiler jusqu'à la section Taxonomie et cliquez sur "Analyser les noms taxonomiques". Sélectionnez la ressource souhaitée en cochant la case à côté (Catalog of Life, Tropicos, ou les deux). Laissez "Noms traités par cycle" à 20 et laissez "Index de départ" vide. Sélectionnez la case d'option à côté de "Semi-Manual" et cliquez ensuite sur "Analyze Taxonomic Names". Regardez attentivement la liste. Lorsque vous trouvez un nom suggéré qui est correct, cliquez sur "remap to this taxon". Ces outils peuvent être utiles si vous avez des noms scientifiques mal orthographiés.
- L'outil d'ajustement de la nomenclature peut être utile si les noms sont correctement orthographiés mais sont par ailleurs incorrects ou périmés. Pour l'utiliser, cliquez sur " Ajouter des déterminations de lots/ajustements de nomenclature " dans votre panneau de contrôle de l'administration. Consultez la section 16 pour obtenir des instructions sur la façon d'utiliser cet outil.

8. Ajout de données de détermination/annotation

Pour naviguer vers cet outil, accédez au panneau de contrôle de l'éditeur de données (voir section 3) et cliquez sur "Add Batch Determinations/Nomenclatural Adjustments". Afin de sélectionner les spécimens auxquels les données de détermination seront ajoutées ("Define Specimen Recordset"), saisissez une liste de numéros de catalogue (séparés par des virgules) dans le champ "Catalog Number :" ou sélectionnez un taxon à évaluer en saisissant son nom dans le champ "Taxon :". Si vous utilisez cette dernière option, un tableau des spécimens du taxon indiqué apparaîtra sous la case "Define Specimen Recordset", comme le montre la capture d'écran suivante. Vous pouvez alors sélectionner tous les spécimens que vous souhaitez annoter en cochant ou décochant les cases de la colonne la plus à gauche du tableau. Utilisez l'option "Select/Deselect all Specimens" pour décocher toutes les cases si vous préférez sélectionner les spécimens un par un plutôt que d'éliminer ceux qui n'ont pas besoin d'être annotés.

	d below or enter a taxon search term to list specimens for to rated by commas. Once list is complete, select/deselect tal	
Catalog Number:	Add Record(s) to Queue	Clear List
Taxon: Nemophila menziesii	List Record(s)	

Select/Deselect all Specimens

	Catalog Number	Scientific Name	Collector/Locality
•		Nemophila menziesii	David Keil 34384; United States, California, San Luis Obispo, Highway 41 between Creston and Shandon at 3220 Highway 41
•	83127	Nemophila menziesii	Viola C. Call 22; USA, California, San Luis Obispo, North- facing rocky slope near entrance to Routzahn park in Arroyo Grande canyon.
~	48660	Nemophila menziesii	Michener & Bioletti s.n.; United States, California, San Francisco, Lake Merced
1	31240	Nemophila menziesii	Julie M. Vanderwier 102; United States, California, San Luis Obispo, Indian Knob Tar Sands
•	64941	Nemophila menziesii	Greg Wilvert 34; United States, California, San Luis Obispo, SE half of the Caliente Range. Approx 1.6 km NNW of Wells Cyn
•	66647	Nemophila menziesii	D. R. Miller 494-162; USA, California, San Luis Obispo, Pine Mt Region. from slope along Ridge Rd between Ridge meadows, Tobacco Crk drainage

Ajoutez des informations sur le changement de nom dans la case "New Determination Details". Ici, vous pourrez indiquer si le changement est dû à une nouvelle identification ("Ajustement/vérification de l'identification") ou à un changement de nomenclature ("Ajustement de la nomenclature"). Un qualificatif d'identification (par exemple, "aff." ou "cf.") peut être ajouté dans le champ "Qualificatif d'identification :". Entrez le nouveau nom scientifique dans le champ "Nom scientifique", et le champ "Auteur:" se remplira automatiquement si le taxon figure déjà dans la table des taxons. Si le taxon n'est pas dans la table des taxons, vous devrez entrer manuellement l'auteur du nom scientifique. Vous devez également saisir le nom du déterminant dans le champ "Déterminant :", ainsi que la date complète de la détermination dans le champ "Date :". Vous pouvez indiquer le degré de confiance de la détermination (faible, moyen ou élevé) dans le champ "Confidence of Determination :", énumérer les références de votre détermination dans le champ "Reference :", ou inclure toute autre note dans le champ "Notes :". Enfin, si vous cochez la case "Make this the current determination", le nom scientifique sera mis à jour pour les enregistrements sélectionnés. Sinon, la détermination sera ajoutée aux enregistrements des spécimens, mais le nom ne sera pas modifié. Vous pouvez également imprimer des étiquettes de détermination/annotation en cochant la case "Add to Annotation Print Queue" et en utilisant l'outil de gestion des étiquettes (décrit ci-dessous).

10. Relier des ressources externes aux enregistrements de spécimens

Les ressources liées à un spécimen donné pourront être enregistrées dans l'onglet Ressources liées de la page Editeur d'enregistrement (voir section 3). Les ressources suivantes peuvent actuellement être liées à un enregistrement de spécimen:

1. Occurrences associées (autres spécimens ou observations associés à un spécimen donné qui ne sont pas nécessairement des doublons de ce spécimen).

- 2. Listes de contrôle pour lesquelles le spécimen est un document de référence (Liste de contrôle des liens avec les bons d'achat).
- 3. Les enregistrements en double, même ceux qui se trouvent dans des collections autres que la vôtre (case Spécimens en double).
- 4. Données génétiques telles que les séquences répertoriées sur GenBank (Boîte des ressources génétiques).

11. Suppression des enregistrements de spécimens

Seuls les utilisateurs disposant de droits d'administrateur sont en mesure de supprimer un enregistrement de spécimen, et seuls les gestionnaires du portail peuvent supprimer plusieurs enregistrements de spécimen à la fois. Cette mesure vise à protéger l'intégrité des données, comme les GUID et les liens vers d'autres tables de la base de données.

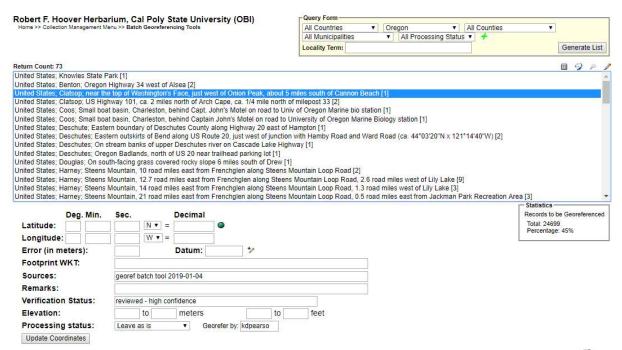
La suppression d'un enregistrement de spécimen n'est appropriée que si ce spécimen n'existe plus ou si l'enregistrement a été ajouté par erreur (par exemple, s'il s'agit d'une copie exacte d'un enregistrement existant). Vous ne devez pas supprimer un enregistrement dans le but de le mettre à jour ou d'ajouter une nouvelle version de l'enregistrement.

Pour supprimer un enregistrement, accédez à la page de l'éditeur d'occurrence (voir section 7) et cliquez sur l'onglet Admin. Cliquez sur le bouton "Évaluer l'enregistrement en vue de sa suppression" pour déterminer si l'enregistrement peut être supprimé en toute sécurité. Si une image existe pour l'enregistrement, vous devrez dissocier l'image du spécimen (voir section 9) avant de supprimer l'enregistrement. S'il n'y a pas d'avertissement à ce stade, cliquez sur le bouton "Supprimer l'événement".

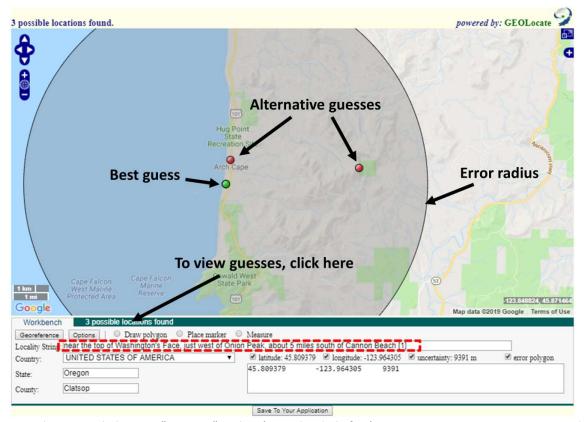
12. Spécimens de géoréférencement par lots

Le protocole suivant a été élaboré pour décrire le géoréférencement par lots des enregistrements de spécimens à l'aide de GeoLocate dans le système GBP.

- 1. Connectez-vous à votre compte dans le portail GBP, cliquez sur "Mon profil", naviguez jusqu'à l'onglet "Gestion des occurrences" et cliquez sur le nom de l'institution pour laquelle vous allez effectuer le géoréférencement.
- 2. Dans le panneau de contrôle de l'éditeur de données, cliquez sur "Lot de spécimens de géoréférencement".
- 3. Dans la boîte du formulaire de requête, sélectionnez le pays, l'état et le comté sur lesquels vous souhaitez vous concentrer et cliquez sur le bouton "Générer la liste". Vous verrez alors une liste de résultats dans la boîte sous le formulaire de requête (voir la capture d'écran suivante).
 - Si aucun résultat n'est renvoyé, sélectionnez un nouveau comté ou un nouvel état dans le formulaire de requête.



- 4. Sélectionnez l'entrée sur laquelle vous voulez travailler et cliquez sur l'icône Géolocaliser () en haut à droite des résultats de la recherche. Cela ouvrira une nouvelle fenêtre GeoLocate (voir la capture d'écran suivante) affichant une carte et, dans certains cas, le ou les emplacements possibles du spécimen que GeoLocate a déduit du texte.
 - Le point vert est la meilleure supposition de GeoLocate pour la localité du spécimen.
 Vous pouvez également voir des points rouges, qui sont des suppositions alternatives.
 - Pour voir les raisons pour lesquelles GeoLocate a sélectionné ces points, cliquez sur l'onglet "# emplacements possibles trouvés" à droite de l'onglet Workbench. Les mots en majuscules sont ceux que GeoLocate a utilisés pour déduire un emplacement.

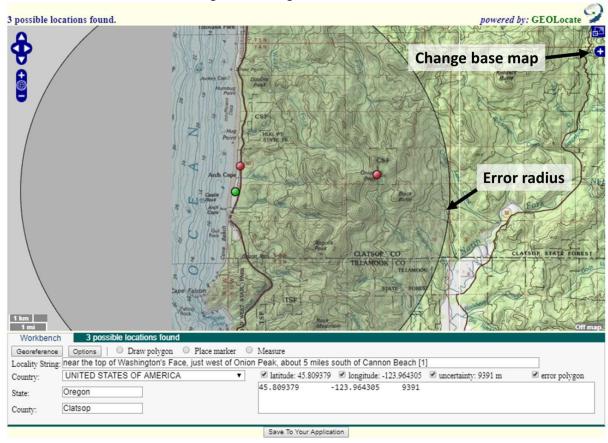


- 5. Cliquez sur le bouton "Options" en bas à gauche de la fenêtre GeoLocate et assurez-vous que la case "Do Uncertainty" est cochée. Fermez la fenêtre des options de géoréférencement.
- 6. Assurez-vous que toutes les cases (latitude, longitude, incertitude et polygone d'erreur) situées en bas à droite de la fenêtre sont cochées.
- 7. S'il y a des points sur la carte, vérifiez si l'un d'entre eux pourrait être un bon point de départ pour votre géoréférencement en comparant l'emplacement des points sur la carte au texte de la chaîne de localisation (voir la case en pointillés dans la capture d'écran ci-dessus). Il est possible qu'aucun des points n'indique la bonne localité. Si c'est le cas, vous pouvez ignorer les points ou les supprimer en cliquant sur l'onglet "# emplacements possibles trouvés" et en cliquant sur le "x" encerclé à gauche de chaque entrée rejetée (voir ci-dessous).
 - Lorsque vous décidez d'utiliser l'un des points GeoLocate, veillez à vérifier que l'état et le comté où le point a été placé correspondent à l'état et au comté indiqués par l'enregistrement.



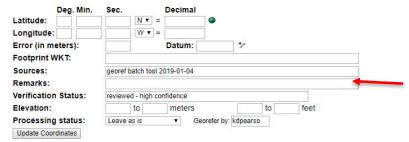
- 8. En commençant par un point GeoLocate, le cas échéant, ou en partant de zéro, utilisez la chaîne Locality pour déterminer un emplacement approximatif du spécimen. Pour ce faire, vous devrez probablement rechercher d'autres références (par exemple, Google Maps) pour les noms de lieux et d'éléments.
 - Vous pouvez changer la couche de base (c'est-à-dire le type de carte affiché dans la fenêtre GeoLocate) en cliquant sur le symbole plus dans le coin supérieur droit de la fenêtre (voir la capture d'écran suivante).

- Pour mesurer une distance sur la carte, cliquez sur le bouton à côté de "Mesurer" et cliquez sur un point de départ sur la carte. Vous pouvez ensuite déplacer votre curseur n'importe où sur la carte et une ligne sera mesurée entre ces deux points. La longueur de la ligne sera indiquée en vert à côté de la ligne. Pour mesurer entre plus d'un point, cliquez à nouveau pour ancrer un autre point. Pour arrêter la mesure, double-cliquez sur le point de fin de votre mesure.
- S'il n'y a pas assez d'informations dans la chaîne de localisation pour attribuer un point approximatif, visualisez l'enregistrement du spécimen en revenant à la page des résultats de la recherche (voir la capture d'écran à la page 22) et en cliquant sur l'icône du crayon () en haut à droite de la boîte des résultats de la recherche. Cela fera apparaître l'enregistrement du spécimen, où vous pourrez voir s'il y a plus d'informations sur la localité dans un autre champ de données (par exemple, l'habitat) ou sur l'image du spécimen (si disponible).
 - o o Si vous n'êtes toujours pas en mesure d'attribuer un point approximatif à partir de ces informations, faites défiler vers le bas de l'enregistrement du spécimen jusqu'à ce que vous voyiez le champ "Processing Status". Sélectionnez "Expert Required" dans le menu déroulant de ce champ. Dans le champ "Notes (Occurrence Remarks)" situé au-dessus et à gauche, saisissez une brève note entre parenthèses, telle que "[Pas assez de données pour géoréférencer]". Cliquez sur le bouton "Save Edits", fermez l'enregistrement et sélectionnez un nouvel enregistrement à géoréférencer.



9. Une fois l'emplacement approximatif de l'enregistrement du spécimen trouvé, cliquez sur le bouton à côté de "Placer un marqueur" et cliquez sur la carte à l'endroit où vous voulez placer le

- point GeoLocate. Suivez les directives fournies dans le Tableau 1 pour décider de l'emplacement du point.
- 10. Définissez le rayon d'erreur et/ou créez un polygone d'erreur pour indiquer l'incertitude de la localité du spécimen. Suivez les instructions du tableau 1 pour déterminer le rayon d'erreur à utiliser pour un point donné et pour décider si vous devez utiliser un polygone d'erreur.
 - Pour modifier la taille du rayon d'erreur, cliquez sur le point vert sur la carte et sélectionnez " Modifier l'incertitude " dans la boîte contextuelle. Cliquez et faites glisser la pointe de flèche grise qui apparaîtra sur le bord extérieur du cercle d'erreur pour redimensionner le rayon d'erreur.
 - Pour créer un polygone d'erreur, cliquez sur le bouton situé à côté de " Créer un polygone " et cliquez sur la carte à l'endroit où vous souhaitez commencer à dessiner le polygone. Un coin du polygone sera créé chaque fois que vous cliquerez sur la carte. Pour terminer le polygone, double-cliquez. Une fois le polygone terminé, cliquez à nouveau sur le point vert et sélectionnez "Redimensionner l'incertitude sur le polygone."
 - o Pour refaire un polygone, cliquez sur le bouton "Clear Polygon" à droite du bouton "Options".
 - Assurez-vous de noter toute incertitude que vous avez rencontrée lors de la définition du rayon d'erreur. Par exemple, si vous géoréférenciez un lieu nommé dont les limites ne sont pas claires, expliquez comment vous avez déterminé un rayon d'erreur approprié en mettant une note dans le champ Remarques de la page de résultats de recherche où vous avez d'abord sélectionné votre enregistrement de spécimen (indiqué par la flèche ci-dessous).



- 11. Lorsque vous êtes sûr de votre point et de votre rayon d'erreur GeoLocate, cliquez sur le bouton "Enregistrer dans votre application" en bas de la fenêtre GeoLocate. Vous serez ramené à la page de résultats de recherche où vous avez sélectionné votre enregistrement de spécimen (voir la capture d'écran à la page 22).
 - Les coordonnées et l'erreur s'affichent désormais sous les résultats de la recherche dans les champs Latitude, Longitude et Erreur appropriés. Si vous avez créé un polygone d'erreur, ses coordonnées seront répertoriées dans le champ WKT de l'empreinte.
- 12. Cliquez sur le bouton "Mettre à jour les coordonnées" en bas de la page.
- 13. Sélectionnez un nouvel enregistrement ou un ensemble d'enregistrements à géoréférencer dans la liste des résultats de la recherche et répétez les étapes 7 à 13.

Tableau 1: Lignes directrices pour le géoréférencement à partir de différents types d'informations de localité. Adapté de Wieczorek et al. 2012 "Georeferencing Quick Reference Guide" (http://manisnet.org/GeoreferencingQuickReferenceGuide.pdf)

Type de localité	Exemple	Comment placer des coordonnées	Comment mesurer un rayon/polygone d'erreur
Zone délimitée : la localité fait référence à une entité géographique dont les limites spatiales sont perceptibles.	"Las Vegas" "Puerto Madryn" "San Fernando"	Estimez le centre géographique des limites du lieu mentionné.	Mesurez la distance entre le centre du lieu nommé et le bord du lieu nommé le plus éloigné du centre.
Zone indéfinie : la localité se réfère à une entité géographique qui n'a pas de limite spatiale claire.	"Hoosier Pass" "Collines au sud de Los Osos"	Déterminez les coordonnées du lieu mentionné aussi bien que possible en utilisant des preuves visuelles près de l'étiquette du lieu mentionné sur la carte.	Utilisez la moitié de la distance mesurée entre les coordonnées sélectionnées et le centre du lieu nommé le plus proche. Notez le lieu nommé auquel vous avez mesuré dans le champ "Remarques" de la page de résultats de la recherche.
Adresse de rue	"1 Orchard Lane, Berkeley, CA" "319 Stadium Dr., Tallahassee, FL"	Localisez l'adresse sur Google maps, par exemple, et trouvez cet emplacement sur la carte dans GeoLocate.	Utilisez la moitié de la distance mesurée entre les coordonnées sélectionnées et l'emplacement d'une adresse située de part et d'autre de l'adresse donnée. Si l'adresse suivante est trop difficile à déterminer, utilisez la moitié de la distance entre les coordonnées de l'adresse et l'extrémité la plus éloignée de l'îlot sur lequel elle se trouve.
Jonction, intersection, croisement	"jonction de Coora Rd. et E Siparia Rd.", "pont sur la rivière	Utilisez les coordonnées du centre de l'intersection.	Utilisez des images satellites ou aériennes pour trouver l'étendue de l'intersection en mesurant la distance

Type de localité	Willamette", "intersection des routes CA 166 et 399."	Comment placer les coordonnées	entre le centre et la partie la plus éloignée de celle-ci. Si cela n'est pas possible, utilisez le nombre de voies de la plus grande des deux routes et multipliez-le par 4 mètres.
Type de localite	Exemple	Comment placer les coordonnées	rayon/polygone d'erreur
Rivière, ruisseau, route, chemin	"Rivière Sacramento", "Route de la vallée de Los Osos", "Rio Parana".	Tracez une ligne droite entre les deux points de l'entité géographique les plus éloignés l'un de l'autre, tout en restant dans les limites administratives (par exemple, le comté) spécifiées dans la description de la localité. Choisissez le point central de la ligne.	Utilisez l'une des extrémités de la ligne droite que vous avez tracée entre les deux points de la caractéristique géographique les plus éloignés l'un de l'autre, tout en restant dans les limites administratives spécifiées.
Embouchure ou source d'une rivière, confluence de cours d'eau, point de départ d'un sentier	"eaux supérieures de la rivière Missouri", "départ du sentier du lac Triangle".	Pour une embouchure de rivière ou un confluent de cours d'eau, sélectionnez le point médian de la ligne reliant les rives opposées où les cours d'eau se rencontrent. Pour une source de rivière, sélectionnez le point le plus élevé de la rivière ou créez une limite autour des multiples cours d'eau qui alimentent la rivière et trouvez le centre géographique de cette zone délimitée. Pour un point de départ de sentier, sélectionnez le point où le sentier commence.	Pour une embouchure de rivière ou un confluent de cours d'eau, utilisez la distance entre le point choisi et la rive. Pour une source unique de rivière ou un point de départ de sentier, utilisez 10 m.
Près d'un lieu nommé	"à proximité du Mont Hood", "près du barrage Hoover".	Déterminez les coordonnées en tant que zone délimitée ou zone indéfinie , selon le cas.	Déterminez la distance comme une zone délimitée ou une zone indéfinie, selon le cas.

Entre deux lieux	"entre Atascadero et	Litilisas la maint médian antra las	Utilisez la moitié de la distance entre
Entre deux lieux		Utilisez le point médian entre les	
	San Luis Obispo"	centres des deux lieux nommés.	les centres des deux lieux nommés.
Direction uniquement,	"Au nord de	Utilisez le point médian entre les	Utilisez la moitié de la distance entre
pas de distance	Berkeley", "au sud-	centres du lieu nommé spécifié et du	les centres des deux lieux nommés.
	ouest de Gainesville".	lieu nommé le plus proche dans la	
		direction spécifiée. Le lieu nommé le	
		plus proche doit être, dans le premier	
		exemple, le lieu nommé le plus proche	
		situé quelque part entre le nord-ouest	
		et le nord-est de Berkeley.	
Type de localité	Exemple	Comment placer les coordonnées	Comment mesurer un
			rayon/polygone d'erreur
Distance spécifiée	"5 km à l'extérieur de	Déterminez les coordonnées comme	La longueur du rayon doit être la
dans une direction non	Calgary", "2 miles de	une zone délimitée ou une zone	même que la distance indiquée dans
nommée	Morro Bay"	indéfinie, selon le cas.	la description de la localité.
Distance spécifiée	"80 km à l'ouest de	Trouvez le centre du lieu mentionné et	Utilisez la moitié de la distance
dans une direction,	Las Vegas", "30 km à	mesurez la distance fournie dans la	mesurée entre les coordonnées
sans chemin donné	l'est de Sacramento"	direction indiquée dans la description	sélectionnées et le centre du lieu
		de la localité.	nommé le plus proche.
			Notez le nom du lieu que vous avez
			mesuré dans le champ "Remarques"
			de la page des résultats de la
			recherche.
Distance spécifiée	"7.9 mi N Beatty, sur	Trouvez le centre géographique de	Utilisez la moitié de la distance
dans une direction,	US 95", "7 mi. W	l'endroit nommé en tant que zone	mesurée entre les coordonnées
chemin donné	Santa Barbara on	délimitée ou zone indéfinie , selon le	sélectionnées et le centre du lieu
	101", "rive gauche du	cas. Utilisez l'outil de mesure pour	nommé le plus proche.
	Mississippi, 16 mi en	suivre l'itinéraire spécifié sur la	Notez le nom du lieu que vous avez
	aval de Paris"	distance donnée. Utilisez le point	mesuré dans le champ "Remarques"
		d'arrivée comme coordonnées.	de la page de résultats de la
			recherche.

13. Gestion des prêts, des cadeaux et des échanges

Naviguez vers l'outil de gestion des prêts en accédant au panneau de contrôle de l'éditeur de données (voir section 3) et en cliquant sur "Gestion des prêts". Vous verrez les onglets suivants:



Pour ajouter un nouveau prêt sortant, cliquez sur le signe plus vert près du côté droit de la page "Prêts sortants". Vous serez invité à entrer un identifiant de prêt (un numéro unique pour marquer l'identité du prêt) et à sélectionner une institution à laquelle le prêt est envoyé dans la liste déroulante. Si l'établissement ne figure pas dans la liste déroulante, cliquez sur le signe plus vert à droite du champ "Envoyer à l'établissement :" et saisissez les informations requises. Cliquez sur "Créer un prêt" lorsque vous avez fini de saisir les informations requises dans le champ "Nouveau prêt sortant".

Une fois que vous aurez cliqué sur " Créer un prêt ", vous serez dirigé vers la page " Détails du prêt sortant ". Vous pouvez y ajouter des informations sur le prêt et générer des documents de prêt en utilisant les cases et boutons appropriés. Notez que vous pouvez imprimer une facture, une liste de spécimens, une étiquette d'envoi et une enveloppe dans la case "Générer les documents du prêt" située en bas de la page.



Pour associer des spécimens au prêt, cliquez sur l'onglet "Spécimens", cliquez sur le signe plus vert, saisissez le numéro de catalogue du spécimen souhaité dans le champ (de préférence en scannant le code-barres du spécimen physique), puis cliquez sur "Ajouter un spécimen". Répétez l'opération si nécessaire.

Pour modifier un prêt sortant ou lier des spécimens au prêt à l'avenir, accédez à l'onglet "Prêts sortants" et cliquez sur l'identifiant du prêt (numéro ou nom donné au prêt) directement à droite de la puce appropriée (voir la flèche dans la capture d'écran suivante).



Pour ajouter un nouveau prêt entrant, répétez la procédure décrite ci-dessus en utilisant l'onglet "Prêts entrants". Notez que les spécimens ne peuvent pas être liés à des prêts entrants.

Pour ajouter un don ou un échange, répétez la procédure décrite ci-dessus en utilisant l'onglet "Dons/Echanges". Vous pourrez saisir le nombre de spécimens dans les cases "don" ou "échange".

Les utilisateurs enregistrés du portail GBP, quel que soit leur niveau de permissions, peuvent poster des commentaires sur les enregistrements de spécimens. Il s'agit d'une fonctionnalité utile pour signaler les problèmes de qualité des données.

Pour afficher et approuver les commentaires publiés sur les enregistrements de votre collection, allez dans le panneau de contrôle de l'administration (voir section 3) et cliquez sur "Afficher les commentaires publiés". S'il n'y a pas de texte orange à droite de cette option, cela signifie qu'il n'y a aucun commentaire qui n'a pas encore été examiné.

-5 of 5 comments	
OBI166400 Walter F. Chesebro #109 1978-05-06 Pearson, Katie posted on 2019-08-21 23:15:59	Filter Options All Commenters
Scientific name doesn't match label. Needs annotation? Hide Comment from Public Mark as Reviewed Delete Comment	Date: mm/dd/yyyy - mm/dd/yyyy Public Non-public Reviewed
84235 Monika Richardson #178 2017-07-26 Kenny, Reed posted on 2019-04-29 23:34:07 Needs verification	All Refresh List
Hide Comment from Public Mark as Reviewed Delete Comment	
83772 Monika Richardson #72 2017-07-12 Kenny, Reed posted on 2019-04-29 23:17:54 A. pedatum east coast native. Likely A. aleuticum	
Hide Comment from Public Mark as Reviewed Delete Comment	

Sur la page des commentaires, vous pouvez masquer le commentaire au public (en cas de données sensibles ou personnelles), marquer un commentaire comme étant examiné (c'est-à-dire que vous avez résolu le problème décrit par le commentaire), ou supprimer le commentaire (en cas de spam ou de contenu inapproprié). Les commentaires de spam sont jusqu'à présent rares dans le portail GBP, mais il convient de vérifier régulièrement les commentaires postés pour s'assurer qu'aucun contenu inapproprié n'a été publié dans votre collection. Si vous trouvez des commentaires inappropriés, veuillez contacter immédiatement le gestionnaire du portail afin qu'il puisse retirer cet utilisateur de GBP. Pour afficher la fiche du spécimen associé à un commentaire, vous pouvez cliquer sur le texte bleu (numéro de catalogue, collectionneur, numéro de collectionneur et date) au-dessus des détails du commentaire.

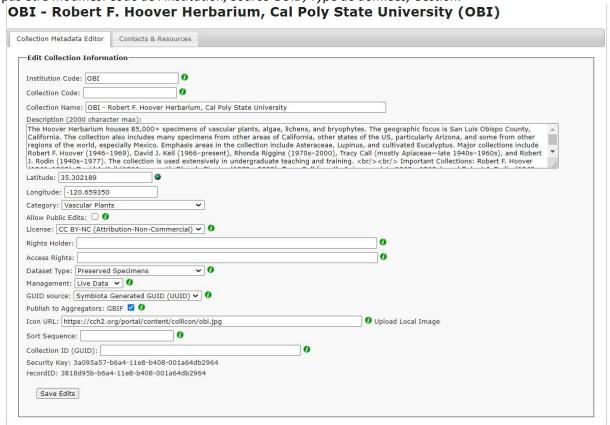
Si vous avez beaucoup de commentaires à examiner, vous pouvez utiliser la boîte d'options de filtrage pour afficher uniquement les commentaires qui ont été publiés par un certain utilisateur, qui ont un certain statut (public/non public/révisé) ou qui ont été publiés dans une certaine période.

15. Modification des métadonnées (résumé et informations de contact) de votre collection

métadonnées (nom): un ensemble de données qui décrit et donne des informations sur d'autres données [source : Dictionnaire en ligne Oxford]

Cette section décrit comment modifier ou mettre à jour les informations sur votre collection présentées sur GBP. Les métadonnées de la collection (voir ci-dessus) peuvent être modifiées en

accédant au panneau de configuration de l'administration (voir section 3) et en cliquant sur "Modifier les métadonnées". Par défaut, vous accédez à l'onglet "Éditeur de la collection de métadonnées". Un certain nombre de champs seront disponibles pour être modifiés dans cet onglet (voir la capture d'écran suivante). À moins que vous n'ayez une raison particulière de le faire, les champs suivants ne doivent pas être modifiés: *Code de l'institution, Source GUID, Type de données, Gestion*.



Plusieurs champs de cet onglet nécessitent des explications supplémentaires:

Autoriser les Modifications Publiques – si cette case est cochée, tout utilisateur connecté au portail pourra modifier les fiches descriptives de votre collection. Toutefois, ces modifications ne seront pas visibles publiquement, à moins que l'utilisateur ne dispose d'une autorisation de modification explicite pour votre collection. Les modifications seront visibles dans l'outil " Examiner/vérifier les Modifications Apportées aux Evénements " mais seront marquées comme NON APPLIQUÉES (section 20). Un administrateur devra visualiser et changer ces modifications en APPLIQUÉ pour qu'elles soient appliquées et affichées publiquement.

LicenCe – un administrateur peut sélectionner la licence Creative Commons à appliquer à cet ensemble de données. Pour de plus amples informations sur les licences Creative Commons, consultez https://creativecommons.org/.

Gestion – Les collections gérées en "live" sont éditées et gérées directement dans le portail, tandis que les données gérées "snapshot" sont éditées et gérées dans une base de données institutionnelle externe au portail Symbiota. Les collections gérées "snapshot" doivent être rafraîchies périodiquement en téléchargeant une copie des données dans le portail Symbiota ou en transférant les données via un TPI.

Source GUID – ce champ désigne le champ source pour les identifiants uniques mondiaux (GUID) de vos spécimens. La meilleure pratique consiste à attribuer à chaque spécimen un GUID stable qui ne change pas. Les ensembles de données gérés "en direct" doivent avoir un "GUID généré par Symbiota", tandis que les "instantanés" doivent désigner le champ qui contient le GUID. Nous recommandons à toutes les bases de données d'attribuer un GUID à chaque spécimen lors de sa création. Les données ne peuvent être publiées auprès d'agrégateurs externes (par exemple, iDigBio, GBIF) que si elles ont un GUID.

Dans l'onglet Contacts et Ressources, un administrateur peut modifier les coordonnées, la page d'accueil et l'adresse postale de la collection. Dans la case Ajouter/Modifier les ressources de liens externes, vous pouvez ajouter une URL vers une page d'accueil ou un autre site web contenant plus d'informations sur votre collection. La case Contacts vous permet d'ajouter les noms et les informations du personnel de l'herbier. Notez que vous pouvez définir le rôle du contact. Celui-ci sera affiché sur la page publique de votre collection, il est donc recommandé d'utiliser la casse pour définir ce rôle. Vous pouvez également inclure un numéro d'identification ORCID pour le contact.

Resource Listing http://bio.calpoly.edu	
dd/Edit External Link Resource	
(English): Homepage Id/Edit External Link Resource	
otion override (English): Homepage	
Add Link	
NO DIE	
ts-	
ost, Director and Associate Professor 🥒 🗶	
ail: jyost@calpoly.edu	
dd/Edit Contact	
st name:	
st name:	
le:	
nail:	
nail:one:	
nail:	

Au bas de cette page, vous pouvez mettre à jour l'adresse postale de votre collection. Lorsqu'une autre collection prépare un prêt à envoyer à votre institution, elle peut sélectionner cette adresse postale dans un menu déroulant et imprimer une étiquette d'expédition à partir de GBP. Il est donc important de tenir à jour cette adresse, ainsi que toutes les autres métadonnées de cette page.

Pour ajouter une adresse si elle n'existe pas encore, sélectionnez le nom de votre collection dans la liste déroulante et cliquez sur le bouton "Relier l'adresse" ou cliquez sur "Ajouter une institution ne figurant pas sur la liste "sous la liste déroulante. Pour modifier une adresse existante, cliquez sur l'icône en forme de crayon à droite du nom de votre collection. Dans les deux cas, vous accédez à une page où vous pouvez ajouter les détails pertinents de l'adresse (voir la capture d'écran suivante). Vous pouvez

Company Company		
nstitution Name:		
nstitution Name2:		
Address:		
Address 2:		
City:		
State/Province:		
ostal Code:		
Country:		
hone:		
Contact:		
Email:		
JRL:		
lotes:		
ink to:	Leave Orphaned	~
Add Institution		

16. Gestion des autorisations des utilisateurs

Les non-utilisateurs peuvent accéder librement aux enregistrements de spécimens et aux images. Tous les utilisateurs peuvent commenter les enregistrements de spécimens. Toutefois, seuls les utilisateurs qui ont reçu des autorisations de modification des données ou des autorisations administratives peuvent modifier les enregistrements et les images des spécimens. Il existe (généralement) trois niveaux d'autorisation:

- Éditeur de données: Les utilisateurs disposant de ces autorisations pourront ajouter et modifier des fiches de présence, ajouter des ajustements nomenclaturaux par lots, imprimer des étiquettes ou des annotations, géoréférencer des spécimens par lots, noter les caractéristiques des spécimens ou utiliser l'outil de gestion des prêts. Ces utilisateurs ne pourront PAS supprimer les enregistrements une fois qu'ils auront été créés. Les étudiants, les stagiaires et les autres personnes chargées de la saisie des données doivent bénéficier de ce niveau d'autorisation.
- Administrateur: Les utilisateurs disposant de ces autorisations ont toutes les autorisations de modification des données et peuvent accéder à tous les outils du panneau de contrôle de l'administration (voir la section 3.2).
- Lecteur d'Espèces Rares: Les utilisateurs disposant de ces autorisations n'ont aucune possibilité de modification des données ou d'administration. Cependant, ils sont en mesure de visualiser les informations sur les localités pour les espèces rares et protégées, qui sont normalement expurgées pour les non-utilisateurs et les utilisateurs ne disposant pas de ces autorisations ou des autorisations d'éditeur/administrateur de données.

Pour afficher et modifier les autorisations d'utilisateur pour votre ou vos collections, accédez à votre panneau de contrôle de l'administration (voir section 3) et cliquez sur "Gérer les autorisations d'utilisateur".

Pour ajouter des autorisations à un utilisateur existant, accédez à la case "Ajouter un utilisateur" en bas de la page (voir ci-dessous). Sélectionnez l'utilisateur souhaité dans le menu déroulant, cliquez sur la case d'option située à côté du niveau approprié de permissions que vous souhaitez accorder à cet utilisateur, puis cliquez sur le bouton "Ajouter des permissions pour l'utilisateur".



Pour supprimer les autorisations d'un utilisateur existant, trouvez le nom de l'utilisateur dans la case qui correspond à son niveau actuel d'autorisations et cliquez sur le x rouge (>>) à droite du nom. Une boîte de dialogue apparaîtra pour vous demander si vous êtes sûr de votre choix. Si vous l'êtes, cliquez sur OK.

Pour modifier les autorisations d'un utilisateur existant d'un niveau à un autre, suivez les instructions ci-dessus pour d'abord supprimer ses autorisations actuelles, puis suivez les instructions pour ajouter les nouvelles autorisations pour l'utilisateur. Il est également possible d'ajouter plusieurs niveaux d'autorisations différents à un même utilisateur, mais comme cela serait redondant, il est recommandé de supprimer l'utilisateur d'une liste et de l'ajouter à l'autre comme décrit ici.

Pour une vidéo sur ce sujet créée par le TCN LepNet, visitez leur site web ci-dessous. Notez que le portail SCAN n'est pas identique au portail GBP, mais qu'il aura un format similaire.

http://www.lep-net.org/?page_id=403

17. Importation de données d'enregistrement

Il existe plusieurs façons d'importer des données dans le portail, décrites ci-après.: http://symbiota.org/docs/specimen-search-engine/interoperability-of-specimen-data/ et ici:

http://symbiota.org/docs/specimen-upload-procedure-2/

Dans cette section, nous allons aborder l'une des méthodes les plus simples pour télécharger des données sur les spécimens : l'importation d'un fichier de valeurs séparées par des virgules (CSV). Les fichiers CSV peuvent être créés en utilisant la fonction "Enregistrer sous" de Microsoft Excel ou d'un autre tableur et en modifiant le type de fichier enregistré. Un fichier CSV téléchargé sur le portail doit seulement inclure une colonne pour le numéro de catalogue (c'est-à-dire le numéro du code-barres) et peut inclure n'importe quel nombre de champs supplémentaires, chacun étant sa propre colonne dans le fichier CSV.

REMARQUE

Les étapes suivantes ne doivent PAS être suivies si vous essayez simplement de mettre à jour un seul champ ou une poignée de champs dans le portail. L'outil d'importation de fichiers texte remplacera entièrement les enregistrements qui correspondent aux numéros de catalogue dans votre fichier de téléchargement.

Pour télécharger par lots des données de spécimens sous forme de fichier CSV, accédez à l'outil d'importation/mise à jour des enregistrements de spécimens dans le panneau de configuration de l'administration (voir section 3.2). Cliquez sur "Importation de Fichiers Texte intégral ".

REMARQUE

Si vous avez déjà téléchargé des données par lots vers GBP dans le passé, vous avez peut-être déjà enregistré un profil de mappage. Pour le vérifier, cliquez sur "Profils d'importation enregistrés" dans les options d'importation/mise à jour des enregistrements de spécimens et déterminez si l'un des profils d'importation enregistrés répond à vos besoins actuels. Consultez la note de la page 34 pour savoir comment enregistrer un profil d'importation.

Sur la page qui s'affiche, cliquez sur le bouton " Choisissez un fichier " et accédez au fichier CSV souhaité. Cliquez sur "Ouvrir". Assurez-vous que la case "Champs automatiques" est cochée, puis cliquez sur le bouton "Analyser le fichier". Vous accédez alors à une page semblable à celle illustrée ci-dessous. La longueur et le contenu du tableau Champ source/champ cible dépendent des colonnes incluses dans le fichier CSV d'origine.

Data Upload Module

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University Last Upload Date: 18 September 2018 12:00:00

Source Field	Target Fi	eld	
catalognumber	catalogr	number	.▼.
date	eventda	te	- V
collector	recorde	dby	•
scientificname	sciname		•
country	country	•16	
state	statepro	vinco	
Unverified mappings			
SymbiotaOccurrence	eFields.pdf	a fields (and Darwin (
Loading Data into S	ceFields.pdf Symbiota	(3	
	eFields.pdf	Save Mapping	
Automap Fields Match on Catalog Match on Other C Caution: Matc	verify Mapping Number atalog Numbers hing records will be r	Save Mapping replaced with incomir	ng re
Automap Fields Match on Catalog Match on Other C Caution: Matc	Verify Mapping Number atalog Numbers hing records will be roxes are selected, more of the control of the contr	Save Mapping replaced with incomiratches will first be made	ng r
Match on Catalog Match on Other C Caution: Matc If both checkbe Verify image links	Verify Mapping Number atalog Numbers hing records will be roxes are selected, more of the control of the contr	Save Mapping replaced with incomiratches will first be made	ng
Match on Catalog Match on Other C Caution: Matc If both checkbe Verify image links	Verify Mapping Number atalog Numbers hing records will be roxes are selected, more of the control of the contr	Save Mapping replaced with incomiratches will first be made	ng records

À ce stade, vous allez sélectionner les champs de votre fichier CSV (champs sources) qui correspondront aux champs du portail Symbiota (champs cibles). Vérifiez que chacun des champs

mappés automatiquement a été correctement attribué. Consultez le Symbiota Data Field Guide (http://symbiota.org/docs/symbiota-occurrence-data-fields-2/) pour obtenir les définitions de chaque champ de données, si vous avez des questions sur le champ approprié auquel associer vos données. Votre gestionnaire de portail peut également vous aider à déterminer le champ de données approprié. Lorsque vous êtes satisfait de votre mappage de champ à champ (voir les notes suivantes), cliquez sur le bouton " Enregistrer le Mappage ".

REMARQUES

- Si les noms scientifiques inclus dans votre fichier CSV incluent la paternité taxonomique (par exemple, Acer circinatum Pursh), mappez ce champ sur le champ cible "scientificname". Si les noms scientifiques inclus dans votre fichier CSV n'incluent PAS de paternité taxonomique (par exemple, Acer circinatum), mappez ce champ sur "sciname".
- Une fois que vous avez mappé les champs de votre fichier CSV aux champs de la base de données, vous pouvez enregistrer ce mappage pour une utilisation ultérieure. Pour ce faire, cliquez sur le bouton Enregistrer le mappage au bas de la table de mappage. Un message s'affiche : "Entrez un nom de profil et cliquez sur le bouton Enregistrer le mappage pour créer un nouveau profil de téléchargement". Cliquez sur OK, puis saisissez un nom pour le profil de téléchargement dans le champ "Nouveau titre de profil :" qui apparaît maintenant à droite du bouton Enregistrer le mappage. Cliquez sur le bouton Enregistrer le mappage. Pour accéder à ce mappage à l'avenir, cliquez sur "Importer/mettre à jour les enregistrements de spécimens" dans le panneau de configuration de l'administration comme précédemment, mais sélectionnez ensuite "Profils d'importation enregistrés" dans les options. Notez que cela n'est utile que si le fichier que vous téléchargez comporte les mêmes colonnes que le fichier que vous avez téléchargé initialement.

Modifiez le statut de traitement comme il convient (voir l'annexe 1 pour des consignes sur l'utilisation du statut de traitement pour le CAP TCN) et cliquez sur "Démarrer le Téléchargement ". Vous serez dirigé vers une page qui sera mise à jour périodiquement pendant que Symbiota chargera vos données. Ne quittez pas cette page avant d'avoir vu le message " Procédure de Téléchargement Terminée " (voir ci-dessous).

Data Upload Module

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University

Last Upload Date: 16 February 2018 12:00:00

- Starting Stage 2 cleaning
- · Updating existing records
- Transferring new records.
- Linking records in prep for loading determination history and associatedmedia...
 Specimens linked to exsiccati index
- Records Transferred
- Cleaning house
- Protecting sensitive species...
- 0 records protected
- Updating statistics..
- Populating global unique identifiers (GUIDs) for all records...
 Upload Procedure Complete (2018-09-18 03:00:12 PM)!

Une fois que les données sont téléchargées vers GBP par ce processus, elles sont temporairement stockées dans une "table d'attente" jusqu'à ce que vous approuviez leur transfert vers la table centrale de la base de données. Avant d'approuver ce transfert, vous devez consulter le rapport sur les transferts de données en attente au bas de la page. Vérifiez que le nombre correct d'enregistrements est mis à jour et/ou ajouté. Vous pouvez prévisualiser ces enregistrements en cliquant sur l'icône de la table

située immédiatement à droite de l'ensemble de données souhaité (encerclé ci-dessous), ou vous pouvez télécharger ces enregistrements sous forme de CSV en cliquant sur l'icône des deux cases situées à l'extrême droite de l'ensemble de données souhaité (dans un carré ci-dessous). Si quelque chose est incorrect, vous pouvez corriger votre fichier CSV et le retélécharger selon les étapes que vous avez suivies ci-dessus.



Une fois que vous êtes convaincu que les bons enregistrements sont modifiés, cliquez sur le bouton Transférer vers le tableau central des spécimens au bas de l'écran. **Notez que cette étape est définitive et qu'il n'est pas facile de l'annuler!**

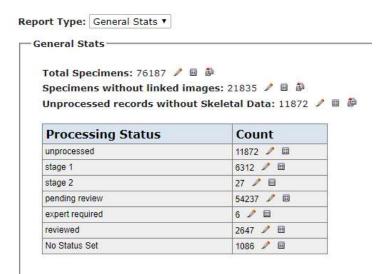
18. Utilisation de la boîte à outils de traitement

La boîte à outils de traitement contient de nombreux outils utilisés pour faciliter les flux de travail spécialisés. Les onglets disponibles dans GBP sont décrits ci-dessous avec des liens vers des ressources utiles.



18.1 Rapports

Dans cet onglet, lorsque le type de rapport est défini sur Statistiques générales, vous pouvez déterminer rapidement le nombre de spécimens présents dans la base de données et le statut de traitement attribué à chacun de ces spécimens (voir la capture d'écran suivante).

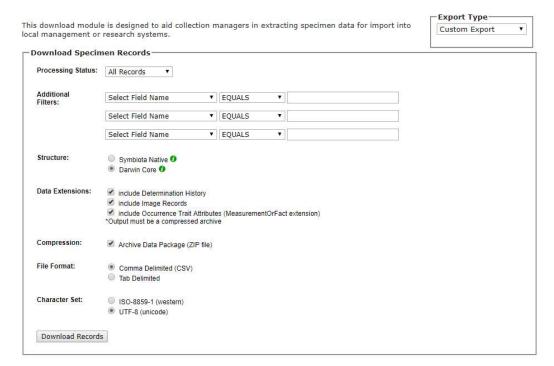


Lorsque le Type de Rapport est défini sur Statistiques d'Utilisateur, vous pouvez visualiser l'activité d'un utilisateur donné pendant une durée déterminée (voir la capture d'écran suivante).



18.2 Exporter

Cet outil est utilisé pour exporter les enregistrements de spécimens présentant certaines qualités sous forme de fichier natif DarwinCore Archive ou Symbiota (pour de plus amples informations sur chacun de ces types de fichiers, cliquez sur le "i" vert sur la page Exporter à côté du nom du type de fichier). Vous pouvez définir quels enregistrements doivent être inclus dans le fichier téléchargé en définissant les filtres. Vous pouvez décider d'inclure le fichier d'identifications (inclure l'historique des déterminations), le fichier contenant des liens vers des images (inclure les enregistrements d'images) et/ou le fichier contenant les données de traits codés pour les spécimens (inclure les attributs de traits d'occurrence). Les paramètres recommandés pour un téléchargement de ce type sont indiqués cidessous.



Il est également possible de rechercher et de télécharger des enregistrements en fonction de leur statut géoréférencé en basculant le type d'exportation vers l'exportation de géoréférence. Cette fonction est principalement utilisée en conjonction avec des outils de géoréférencement externes tels que GeoLocate CoGe (voir section 18.6).

19. Publication des archives Darwin Core

L'outil Darwin Core Archive Publishing est utilisé pour établir un lien entre les enregistrements de spécimens dans le GBP et un agrégateur mondial, tel que iDigBio ou GBIF. Le GBP encourage toutes les collections à publier leurs données au GBIF pour une utilité maximale pour la recherche.

Les consignes sur la façon d'utiliser cet onglet pour publier au GBIF se trouvent dans le protocole intitulé " Publier au GBIF ", qui peut être trouvé sur le site web du projet: https://www.capturingcaliforniasflowers.org/document-library.html.

20. Vérification des modifications apportées aux enregistrements des spécimens

Un utilisateur disposant d'un accès administrateur peut examiner les modifications apportées aux enregistrements de spécimens en sélectionnant "Examiner/vérifier les modifications apportées aux observations" dans le panneau de configuration de l'administration (voir section 3). Le tableau de bord qui en résulte présente un tableau de toutes les modifications apportées à n'importe quel champ de n'importe quel enregistrement, ce qui signifie que la liste est souvent très longue, en fonction de l'activité quotidienne de la base de données.

Vous pouvez limiter la recherche en utilisant la boîte de filtre dans le coin supérieur droit. Vous pouvez effectuer une recherche en fonction du Statut Appliqué, du Statut de Révision, de l'Editeur, ou de la Date/Période de modification.

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI)





	Record #	Catalog Number	Review Status	Applied Status	Editor	Timestamp	Field Name	Old Value	New Value
	3577023	OBI118084	OPEN	APPLIED	Wilk, Nina	2019-10-22 14:56:55	processingstatus	stage 1	unprocessed
0	3577023	OBI118084	OPEN	APPLIED	Wilk, Nina	2019-10-22 14:56:55	recordenteredby		nina
	3576945	OBI118696	OPEN	APPLIED	Pearson, Katie	2019-10-22 14:55:27	processingstatus	stage 1	unprocessed
	3576945	OBI118696	OPEN	APPLIED	Pearson, Katie	2019-10-22 14:55:27	recordenteredby		kdpearso

Vous pouvez sélectionner des enregistrements en cochant les cases situées à gauche du tableau et décider d'approuver (Appliquer les modifications) ou d'annuler (Inverser les modifications) les modifications apportées à chaque champ de chaque enregistrement en cliquant sur le bouton radio approprié dans le panneau Action, puis sur le bouton Mettre à jour les enregistrements sélectionnés. Vous pouvez également décider de modifier l'état de révision de ces enregistrements à ce moment-là. L'état de révision est indépendant de l'état de traitement et n'y est pas lié.

Si vous cliquez sur "Action Supplémentaire" dans le panneau d'action, vous pouvez supprimer les modifications sélectionnées, télécharger les enregistrements sélectionnés, télécharger tous les enregistrements qui ont été renvoyés par la recherche (c'est-à-dire qui figurent dans le tableau résultant), ou imprimer la page à l'aide de l'un des boutons appropriés.

REMARQUE

Toutes les modifications de la base de données, quel que soit leur statut de révision, sont visibles dans la base de données dès qu'elles sont effectuées. Cet outil est destiné à faciliter la revue des modifications, mais ne sert pas de passerelle pour vérifier les modifications avant qu'elles ne soient rendues publiques.

21. Regroupement en double

Le tableau de bord de regroupement des doublons est accessible à partir du panneau de configuration de l'administration (section 3). À partir de ce tableau de bord, vous pouvez visualiser les enregistrements qui ont été liés en tant que doublons (même entre institutions), visualiser uniquement les enregistrements avec des identifications contradictoires, et lancer le processus de liaison par lots qui recherchera automatiquement dans l'ensemble de la base de données et associera les enregistrements qui ont le même collecteur, le même numéro de collecteur et la même date (même entre institutions).

L'outil Groupes de doublons avec identifications contradictoires peut être particulièrement utile pour déterminer si les spécimens doivent être annotés. Consultez la section 22.2.3 pour plus d'informations sur l'utilisation de cet outil.

22. Outils de Nettoyage des Données

Symbiota dispose d'un certain nombre d'outils intégrés utiles pour les processus de nettoyage des données. Chacun des outils décrits ci-dessous est accessible à partir du panneau de contrôle de l'administration (voir section 3), sous Outils de nettoyage des données. Le tableau de bord du nettoyage des données ressemblera à la capture d'écran suivante.

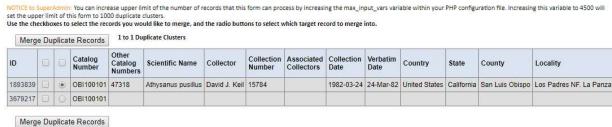
Duplicate Records	
These tools will assist in searching this collection of records for duplicate records of the same specimen. If data relationships into a single record.	duplicate records exist, this feature offers the ability to merge record values, images, and
List Duplicates based on	
Catalog Numbers Other Catalog Numbers	
Political Geography These tools help standardize country, state/province, and county designations. They are also useful for loc such as a state designation that does not match the wrong country.	ating and correcting misspelled geographical political units, and even mismatched units,
Statistics and Action Panel	
Geographic Distributions Geography Cleaning Tools	
<u>Taxonomy</u>	
These tools are meant to aid in locating and fixing taxonomic errors and inconsistencies.	
Statistics and Action panel	
Analyze taxonomic names Taxonomic Distributions	

22.1 Numéros de catalogue dupliqués

Duplicate specimens with potential identification conflicts.

À l'aide de l'outil Enregistrements en double, un administrateur peut rechercher les enregistrements qui possèdent des numéros de catalogue ou d'autres numéros de catalogue en double. Le cas échéant, l'utilisateur peut ensuite fusionner les enregistrements en double en un seul enregistrement de spécimen.

Pour utiliser cet outil, il faut d'abord indiquer si l'on souhaite répertorier les doublons en fonction des numéros de catalogue ou des autres numéros de catalogue dans la case "Lister les doublons en fonction de...". Si des doublons existent, un tableau des enregistrements en double apparaîtra sur la page résultante.



À partir de là, vous pouvez déterminer si les enregistrements en double doivent être modifiés, fusionnés ou ignorés. Pour afficher et/ou modifier un enregistrement, cliquez sur le numéro dans la colonne ID à côté de l'enregistrement que vous souhaitez afficher. Cela ouvrira la page de l'éditeur d'enregistrement de ce spécimen.

Si vous décidez que les deux enregistrements doivent être fusionnés, cochez les cases situées à côté des deux doublons, puis sélectionnez le bouton radio correspondant à l'enregistrement que vous souhaitez rendre principal. Si les deux enregistrements ont une valeur dans un champ donné, Symbiota

gardera la valeur qui appartient à cet enregistrement primaire et rejettera l'autre valeur. Lorsque vous êtes convaincu que l'information correcte sera conservée, cliquez sur le bouton Fusionner les Enregistrements en Double.

REMARQUE

S'il existe de nombreux enregistrements en double à évaluer, vous pouvez cliquer sur la case à cocher en haut de la colonne des cases à cocher. Ceci aura pour effet de cocher toutes les cases de la table entière. Vous pouvez également sélectionner l'en-tête de colonne des boutons radio, ce qui permettra à Symbiota de sélectionner automatiquement un enregistrement à conserver pour chaque paire. Vous voudrez vérifier cette liste pour vous assurer que le bon enregistrement est sélectionné pour la conservation.

22.3 Outils de nettoyage taxonomique

Les outils de nettoyage taxonomique sont d'excellentes ressources pour nettoyer les fautes d'orthographe et autres entrées de noms taxonomiques qui ne sont pas liées aux noms du thésaurus taxonomique central. Ils sont "destinés à aider à localiser et à corriger les erreurs et les incohérences taxonomiques", selon la description du portail. Les outils disponibles sont présentés dans la capture d'écran suivante:

Statistics and Action panel-

- Analyze taxonomic names...
- . Taxonomic Distributions...
- · Duplicate specimens with potential identification conflicts...

22.3.1 Analyser les noms taxonomiques

Un tutoriel vidéo sur l'utilisation de cet outil est disponible ici.: https://youtu.be/QAsypzpY-aA. Cette fonction analyse les valeurs qui existent dans le champ Nom scientifique de votre base de données et signale les valeurs qui ne sont pas liées au thésaurus taxonomique (c'est-à-dire qui ne sont pas liées à un nom reconnu). Notez que cet outil n'évalue PAS si ce nom est accepté selon la taxonomie actuelle. Le nombre de noms scientifiques non reconnus est indiqué en haut de la boîte du menu d'action.

Following tool will crawl throu	gh unindexed name	s and attempt to re	solve name discre	pancies	
Taxonomic Resource					
Catalog of Life					
Target Kingdom: Select T	arget Kingdom ▼				
Names Processed per Run	20				
Start Index:					
Clean and Mapping Function Semi-Manual					
Analyze Taxonomic Na	mes				

Vous pouvez évaluer les noms scientifiques non reconnus et les associer aux noms des taxons corrects en cliquant sur le nom de la ressource taxonomique à laquelle vous voulez comparer les noms, en sélectionnant le règne cible (très probablement Plantae), et en cliquant sur le bouton Analyser les noms taxonomiques. Si vous souhaitez commencer à partir d'un certain nom (par exemple, vous avez déjà vérifié des noms jusqu'à Mentzelia), vous pouvez entrer ce nom dans le champ Démarrer l'index. Vous pouvez également modifier le nombre de noms que vous souhaitez que GBP analyse par cycle dans le champ Noms traités par cycle.

L'exécution de cet outil donne plusieurs types de résultats. En général, l'outil répertorie le nom qu'il tente d'indexer (c'est-à-dire qu'il le fait correspondre à un nom taxonomique existant), recherche ce nom dans le Catalogue de la Vie et, si ce nom n'est pas trouvé dans le Catalogue de la Vie, vérifie dans le thésaurus taxonomique les noms similaires au nom non reconnu. Vous disposez alors de plusieurs options pour résoudre le nom non reconnu, en fonction du type de résultat. Pour afficher le(s) spécimen(s) associé(s) à un nom non reconnu, cliquez sur l'icône en forme de crayon à droite du nom et du nombre de spécimens, entre parenthèses. Les types de résultats sont expliqués plus en détail cidessous.

Exemple 1: Mauvaise orthographe, nom incomplet ou variante orthographique

Resolving #1: Agave desertii [1 specim Checking Catalog of Life Taxon not found Checking close matches in thesaurus Agave deserti => remap to this ta:	5
- Agure decent - Terriap to this ta	A011
Manual search:	Remap

Il s'agit du type de résultat le plus courant. Dans ce cas, vous découvrez que le nom non reconnu était mal formulé ou orthographié différemment du nom reconnu. Vous pouvez cliquer sur "remapper à ce taxon" pour changer le nom du ou des spécimens en ce nom reconnu.

Exemple 2 : Nom de taxon non publié ou non reconnu

- Resolving #2: Albizia julibrissin var. rosea [1 specimens]
 Checking Catalog of Life...
 - Taxon not found
 - Checking close matches in thesaurus...
 - Albizia julibrissin => remap to this taxon
 - Albizia julibrissin var. mollis => remap to this taxon
 - Albizzia julibrissin => remap to this taxon
 - Manual search:
 Remap

Dans ce cas, vous constatez que le nom inscrit sur le spécimen n'a pas été publié ou ne figure pas actuellement dans le thésaurus taxonomique. Vous devez alors utiliser l'expertise taxonomique pour décider si ce spécimen doit être réattribué à un nom taxonomique différent (si vous êtes sûr qu'ils sont synonymes) et/ou annoté, ou si le nom taxonomique doit être laissé tel quel et s'il doit être inclus dans le thésaurus taxonomique. Si vous pensez qu'un nom devrait se trouver dans le thésaurus taxonomique et que vous ne le trouvez pas avec une recherche manuelle, contactez le gestionnaire du portail.

Exemple 3 : Le nom existe mais n'est pas trouvé dans le thésaurus taxonomique

- - Checking Catalog of Life...
 - · Gilia setosissima found within Catalog of Life
 - Gilia skipped due to not matching targeted kingdom: Plantae (!= Animalia)
 - · Gilia found within Catalog of Life
 - Taxon Gilia setosissima added to thesaurus as synonym of taxon #95743

Lorsque GBP ne trouve pas un nom dans le thésaurus taxonomique, mais qu'il le trouve dans le Catalogue de la vie, il importe le nom taxonomique dans le thésaurus taxonomique. Cela fera automatiquement correspondre le nom taxonomique du spécimen à cette entrée nouvellement ajoutée dans le thésaurus taxonomique.

Si vous ne parvenez pas à analyser tous les noms taxonomiques en une seule fois, vous pouvez cliquer sur le bouton Continuer à Analyser les Noms pour que GBP vérifie les 20 noms suivants (ou tout autre nombre défini par l'utilisateur).

22.3.2 Répartitions taxonomiques

Tout comme le visualiseur de la répartition géographique (section 22.2.1), le visualiseur de la répartition taxonomique peut être utilisé pour examiner les familles, les genres, les espèces et les taxons infraspécifiques qui existent dans votre base de données. Les fautes d'orthographe, les entrées non standardisées ou les erreurs suspectes peuvent être détectées à l'aide de cet outil. Pour afficher les genres de chaque famille, cliquez sur le nom de la famille. Ensuite, pour afficher les espèces de chaque genre, cliquez sur le nom du genre, et ainsi de suite.

Un utilisateur disposant des droits d'administrateur peut corriger les erreurs dans les noms taxonomiques individuellement en cliquant sur le numéro à côté du nom taxonomique (encerclé sur la capture d'écran suivante), ou l'utilisateur peut rechercher ces enregistrements à l'aide du formulaire de recherche d'enregistrements et les modifier par lots (voir section 7.3).

- Aspleniaceae (19)
- Asteraceae (10120)
- · Athyriaceae (8)
- Azollaceae (1)
- Balsaminaceae (2)
- Bataceae (1)
- Berberidaceae (55)
- Betulaceae (59)
- Bignoniaceae (15)
- Blechnaceae (3)
- Boraginacrae (1586)
- Brasicace e (1)
- Brassicaceae (2178)
- Brassicaeae (2)
- Bromeliaceae (1)
- Burseraceae (3)
- Cabombaceae (1)
- Cactaceae (55)
- Calycanthaceae (7)
- Campanulaceae (190)
- Cannabaceae (18)
- · Cannaceae (2)

22.3.3 Spécimens en double avec conflits d'identification potentiels

Cet outil répertorie les groupes de spécimens en double (spécimens ayant le même collecteur, le même numéro et la même date, même dans différentes collections ; voir section 21) pour lesquels un ou plusieurs spécimens n'ont pas le même nom taxonomique. L'outil peut être utilisé pour identifier si certains spécimens de votre collection doivent être annotés au nom taxonomique le plus récemment identifié. Par exemple, dans le groupe ci-dessous, l'OBI et l'UCR peuvent envisager d'annoter leurs spécimens en fonction de l'identification la plus récente du double du SBBG. Les fiches de spécimens associées à chaque spécimen peuvent être consultées en cliquant sur le numéro de catalogue de la fiche souhaitée.

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University

251 Duplicate Clusters with Identification Differences

Sanders 6538 1986-06-01 🖋

SBBG:87945 => A. C. Sanders 6538
Cryptantha intermedia var. intermedia
Determined by: Michael G. Simpson and Brenda M. Bennett 2019-06-11

OBI131695 => A. C. Sanders 6538 Cryptantha intermedia

UCR0003112 => A.C. Sanders 6538 Cryptantha intermedia

23. Téléchargement d'une copie de votre base de données

Il est recommandé aux conservateurs ou aux gestionnaires de collections de télécharger et d'archiver régulièrement une copie de leur base de données en cas d'urgence. Cette opération est simple et rapide.

Allez dans le Panneau de configuration de l'administration (section 3) et sélectionnez Télécharger le fichier de sauvegarde des données.

Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI)



Une nouvelle fenêtre vous demandant de sélectionner le jeu de caractères (ISO-8859-1 ou UTF-8) qui sera utilisé dans votre jeu de données téléchargé apparaîtra. Cliquez sur le bouton Exécuter la Sauvegarde. Le fichier résultant sera une archive Darwin Core zippée. Dans cet enregistrement, les données de vos spécimens se trouvent dans un fichier CSV (séparé par des virgules) appelé "occurrences", les identifications des spécimens dans un fichier CSV appelé "identifications", toutes les données de caractéristiques associées dans un fichier intitulé "measurementOrFact", et les liens vers les médias associés dans un fichier dénommé "images". L'archive contient également des métadonnées sur votre collection et sur les champs contenus dans chacun des fichiers CSV. Pour plus d'informations sur le format et l'utilisation des archives Darwin Core, consultez les ressources suivantes:

https://github.com/gbif/ipt/wiki/DwCAHowToGuide https://en.wikipedia.org/wiki/Darwin Core Archive

24. Restauration de votre base de données avec une copie précédemment téléchargée

Dans le cas d'une erreur catastrophique de la base de données (par exemple, une modification erronée du lot qui ne peut pas être facilement annulée), vous pouvez remplacer toute votre base de données en téléchargeant une archive DarwinCore (DwC-A) vers GBP. Notez que vous devez avoir récemment téléchargé une copie de votre base de données (Section 23) avec laquelle vous pouvez remplacer votre base de données actuelle.

Pour remplacer votre base de données, allez dans le panneau de contrôle de l'administration (section 3) et cliquez sur "Restaurer le fichier de sauvegarde" sous les tâches de maintenance générale. Vous pouvez ensuite cliquer sur " Choisissez un fichier " et sélectionner un DwC-A avec lequel remplacer votre jeu de données. Si votre DwC-A contient un fichier "identifications", assurez-vous que la case " Restaurer l'historique des déterminations " est cochée. Si votre DwC-A contient un fichier "images", assurez-vous que la case Restaurer les images est cochée. Cliquez sur Analyser le fichier.

Le fichier prendra un certain temps pour être chargé et traité. Une fois cette opération terminée, un rapport intitulé "Transfert final" s'affichera en bas de l'écran. Ce rapport vous indiquera combien

d'enregistrements seront mis à jour, combien d'enregistrements sont nouveaux, combien d'identifications/déterminations seront ajoutées, et combien d'enregistrements ont des images. Vérifiez que ces chiffres sont conformes aux prévisions. Vous pouvez prévisualiser ces enregistrements en cliquant sur l'icône de tableau à droite de l'ensemble de données souhaité (encerclé sur la capture d'écran suivante), ou vous pouvez télécharger ces enregistrements en tant que CSV en cliquant sur l'icône de deux boîtes à l'extrême droite de l'ensemble de données souhaité (dans un carré sur la capture d'écran suivante). Une fois que vous êtes sûr que les enregistrements seront correctement téléchargés, cliquez sur le bouton Transférer les enregistrements vers le tableau central des spécimens.

Notez que ce changement est permanent et ne peut être annulé!



25. Statistiques de la collection

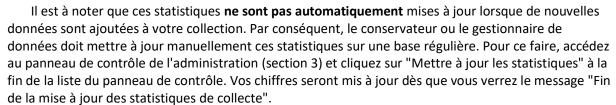
Collection Statistics

- 75,816 specimen records
- 32,441 (43%) georeferenced
- o 50,647 (67%) with images
- o 56,236 (74%) identified to species
- o 260 families
- 1,393 genera
- 5,356 species
- 6,848 total taxa (including subsp. and var.)

Les informations sur les enregistrements de votre collection sont affichées sous forme de statistiques de collection au bas de la page de profil de votre collection. Pour les utilisateurs connectés, ces données sont affichées sous l'éditeur de données et le panneau de contrôle de l'administration. Les non-utilisateurs peuvent consulter ces informations en cliquant sur "plus d'infos..." après le nom de la collection sur la page Rechercher des collections.



Robert F. Hoover Herbarium, Cal Poly State University (OBI) more into



Les statistiques de la collection peuvent être utiles pour produire des rapports ou confirmer les modifications par lots apportées à la collection (par exemple, le téléchargement par lots des enregistrements de spécimens).

Annexe 1: État du Traitement

(adapté de Skema & Barber 2018)

Le statut de traitement est un champ de Symbiota qui permet de savoir à quel stade se trouve un enregistrement dans le flux de travail. Il n'existe pas de norme unique sur la façon d'utiliser les différents niveaux de statut de traitement pour tous les utilisateurs de Symbiota, bien qu'il y ait une certaine normalisation au sein des projets. Si chaque utilisateur au sein d'une collection particulière se sert du champ "statut de traitement" de manière systématique, à la fois en se rappelant de modifier le statut au besoin et en attribuant le statut approprié, le flux de travail s'en trouvera grandement facilité. Le tableau suivant présente les définitions recommandées pour les niveaux de statut dans Statut de Traitement à utiliser pour le TCN California Phenology.

Statut	Définition
Non traité	enregistrement squelettique (généralement avec juste une image et un
	numéro de catalogue)
En attente de	le bénévole/technicien a transcrit l'enregistrement et n'a pas eu de
révision	problèmes/questions
	OU
	enregistrement importé à partir d'un ensemble de données dont la
	qualité était auparavant très peu contrôlée.
Expert Nécessaire	le bénévole/technicien a transcrit ou examiné l'enregistrement et a
	rencontré des problèmes/questions (le bénévole/technicien doit laisser des
	notes concises dans les Remarques sur l'événement pour expliquer le
	problème/la question).
Examiné	enregistrement transcrit ; transcription revue et corrigée
	OU
	enregistrement importé d'un ensemble de données ayant fait l'objet
	d'un contrôle de qualité préalable
Étape 3	enregistrement problématique ; à rechercher
Fermé	enregistrement transcrit, géoréférencé et entièrement révisé (ou aussi
	bien que possible compte tenu des informations disponibles)

Annexe 2 : Liste Mensuelle Des Tâches À Effectuer Pour La Gestion Des Données

Pour garantir la meilleure qualité possible des données et la pérennité des enregistrements de spécimens, nous recommandons aux responsables des collections ou des données d'effectuer les tâches suivantes au moins une fois par mois:

Téléchargez et archivez une copie de sauvegarde des données de votre collection (section 23).
Mettez à jour les statistiques relatives à votre collection et enregistrez ces chiffres pour vos propres enregistrements (Section 25).
Examinez et modifiez les métadonnées des collections, si nécessaire (section 15).
Examinez et approuvez les commentaires publiés sur vos documents (section 14).

Examinez et résolvez les doublons internes (section 22.1).
Utilisez l'outil de nettoyage géographique pour résoudre les pays et les états/provinces
douteux, au minimum, dans vos enregistrements (Section 22.2).
Utilisez l'outil de nettoyage taxonomique pour résoudre les problèmes taxonomiques dans
vos enregistrements (section 22.3).

Références

Skema C, Barber A. 2018. Mid-Atlantic Megalopolis digitization standards and training manual. Morris Arboretum of University of Pennsylvania. Available from https://docs.wixstatic.com/ugd/6f7156_800579c353574e59918cfb541172d749.pdf