**Cloffa**

Ajout d’une nouvelle référence

Exemple

Vérifier si l’espèce à laquelle on attribue la référence la référence existe.

Si elle n’existe pas remplir alors la table « **taxon** » (voir plus bas)

Si elle existe utiliser l’idtaxon de la table « **taxon** »

Prenons l’exemple de l’espèce *Campylomormyrus tamandua* à laquelle on associe la référence bibliographique :

**Amen R., Nagel R., Hedt M., Kirschbaum F. & Tiedemann R.**, 2020. Morphological differentiation in African weakly electric fish (genus *Campylomormyrus*) relates to substrate preferences. *Evolutionary Ecology*, 34: 427-437.

L’espèce est déjà référencée : *Campylomormyrus tamandua* (**idtaxon : 1294**)

Tables obligatoirement requises :

**« auteur »** : vérifier si les auteurs de la référence à insérer existent ou non déjà dans cette table

Dans l’exemple deux auteurs existent déjà :

Kirschbaum F. (**idauteur** avec prénom : 3246)

Tiedemann R. (**idauteur** avec prénom : 8450)

Les trois autres auteurs doivent être intégrés dans la table auteur. À noter que le nom doit être introduit deux fois ; une fois seul et une autre fois associer au prénom. Si le nom propre existe déjà ne remplir que la ligne « **nomauteur** » « **prenomauteur** »

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **idauteur** | **nomauteur** | **prenomauteur** |
| incrémentation automatique | Amen |  |
| incrémentation automatique | Amen | R. |
| incrémentation automatique | Nagel |  |
| incrémentation automatique | Nagel | R. |
| incrémentation automatique | Hedt |  |
| incrémentation automatique | Hedt | M. |

Vérifier si la référence bibliographique à insérer existe ou non déjà.

Ici, ce n’est pas le cas

**« biblio »** : remplir tous les champs

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **idbiblio** | **idsupport** | **titrebiblio** | **editeurbiblio** | **anneepublication** | **extension** | **pages** | **commentaires** |
| incrémentation automatique | 1 | Morphological differentiation in African weakly electric fish (genus Campylomormyrus) relates to substrate preferences. | Ecology, 34 | 2020 | # | 427-437. | " |

Par défaut le champ « **extension** » doit être rempli par « # ». Mais s’il existe plusieurs références du ou des mêmes auteurs la même année, il faut remplace « # » par « a », « b », « c »…

Puis, il faut lier la référence bibliographique aux auteurs. Cela se fait dans la table « **ecritpar** »

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **idbiblio** | **idauteur** | **rangauteur** |
| idbiblio de l’étape précédente | idauteur (Amen avec prénom) | 1 |
| idbiblio de l’étape précédente | idauteur (Nagel avec prénom) | 2 |
| idbiblio de l’étape précédente | idauteur (Hedt avec prénom) | 3 |
| idbiblio de l’étape précédente | 3246 (idauteur : Kirschbaum) | 4 |
| idbiblio de l’étape précédente | 8450 (idauteur : Tiedemann) | 5 |

Le champ « **rangauteur** » doit s’incrémenter à chaque nouvel auteur ayant participé à la publication. Le rang correspond à l’ordre dans lequel chaque auteur apparaît dans la référence.

Une fois la référence et le(s) auteur(s) unis, il faut les lier à une espèce.

S’il s’agit d’une espèce valide (**idflag** = 1 de la table « **taxon** »), on ouvre la table « **decritpar** » et on remplit tous les champs

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **idtaxon** | **idbiblio** | **dereference** | **parenthese** | **page** |
| 1294 | idbiblio de l’étape précédente | FALSE |  | 427, 428, 429, 431, 432, 433, 434, 435 |

S’il s’agit d’une espèce non valide (**idflag** = autres que 1 de la table « **taxon** »), on ouvre la table « **aliasde** » et on remplit tous les champs

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **idtaxon** | **idflag** | **aliasde** | **idbiblio** | **page** |
|  |  | Idtaxon de l’espèce valide | idbiblio de l’étape précédente |  |

Enfin s’il existe des attributs, on ouvre la table « **alapropriete** » et on remplit tous les champs

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **idattribut** | **idbiblio** | **dtaxon** | **valeurattribut** |
| 2 | idbiblio de l’étape précédente | 1294 | Amen et al., 2020 |
| 17 | idbiblio de l’étape précédente | 1294 | Amen et al., 2020 |
| 20 | idbiblio de l’étape précédente | 1294 | Amen et al., 2020 |
| 33 | idbiblio de l’étape précédente | 1294 | Amen et al., 2020 |
| 42 | idbiblio de l’étape précédente | 1294 | Amen et al., 2020 |

Tables parfois requises :

Lorsqu’un taxon est nouveau et n’existe pas dans la table « **taxon** » il faut créer un nouvel **idtaxon** et remplir l’ensemble des lignes

Situation actuelle :

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **idtaxon** | **nomtaxon** | **idrang** | **apourpere** | **gauche** | **droit** | **idflag** | **Id\_fishbase** |
| incrémentation automatique | nom du genre | 17 | idtaxon de la famille à laquelle appartient le genre | borne gauche qui englobera l’espèce | borne droite qui englobera l’espèce | 1 ou autre code si genre synonyme |  |
| incrémentation automatique | nom de l’espèce | 19 | idtaxon du genre à laquelle appartient l’espèce | borne gauche du genre + 1 | borne gauche de l’espèce + 1 | 1 ou autre code si espèce synonyme | id\_fishbase |

On procèdera de même pour les sous-genres (**idrang** = 18) et les sous-espèces (**idrang** = 20)

Tables accessoirement requises :

Quatre autres tables permettent d’avoir une traçabilité des données entrées dans les tables.

Table « **insertbibliopar** »

Remplir les trois colonnes

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **idpersonne** | **idbiblio** | **dateinsertion** |
| Code de la personne qui a entré la nouvelle référence bibliographique  Voir codes dans table « **personne** » | **idbiblio** la nouvelle référence bibliographique | date au format :  aaaa-mm-jj |

Table « **inserttaxonpar** »

Remplir les trois colonnes

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **idpersonne** | **idbiblio** | **dateinsertion** |
| Code de la personne qui a entré le nouveau taxon  Voir codes dans table « **personne** » | i**dtaxon** du nouveau taxon | date au format :  aaaa-mm-jj |

Table « **cloffa\_fishbase** »

Remplir les cinq colonnes

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **idtaxon** | **genre** | **espece** | **sousespece** | **idfishbase** |
| idtaxon de l’espèce valide | nom du genre | nom de l’espèce | nom de la sous-espèce ou « " » si sans objet | id\_fishbase |

Table « **taxon\_fishbase** »

Remplir les six colonnes

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **id** | **idfishbase** | **espece** | **genre** | **sousespece** | **idtaxon** |
| incrémentation automatique | id\_fishbase | nom de l’espèce | nom du genre | nom de la sous-espèce ou « " » si sans objet | idtaxon de l’espèce valide |