

# Formation Jacim avancé

Mai 2018, Paris

# Participants

---

- ▶ ~~Jérôme COURTOIS~~
- ▶ Aurélie FORT : afort
- ▶ Emmanuel KAISER : chelonia
- ▶ Claudia RATTI : cmratti
- ▶ Paula MARTIN-LEFEVRE : paularm
- ▶ Manuel VALENTIN : ????
- ▶ Thibaud PITEL : baset



# Attentes

---

- ▶ « Je connais les fonctions basiques de Jacim mais pas sa barre de menu ni gérer plusieurs notices en même temps »
- ▶ « J'aurais besoin de revoir tout cela »
- ▶ « Je voudrais surtout pouvoir faire des listing à imprimer avec photos à partir d'une recherche»
- ▶ « J'aimerais apprendre à créer de nouvelles tables »
- ▶ « J'aimerais bien apprendre à utiliser le composeur »



# Ressources Web

---

- ▶ <http://coldb.mnhn.fr>
  - ▶ Pages spécimens
- ▶ <http://collections.mnhn.fr>
  - ▶ Jacim
  - ▶ Documentation
  - ▶ Support de formation
  - ▶ Modèle de données



# La Mediathèque

---

- ▶ Un moyen simple de téléverser des images sur les serveurs de la DSI
- ▶ Permet de lier des images à des spécimens



# Basique de Jacim : Les « modes »

---

L'ASSISTANT DE SAISIE 



LE TABLEUR 

2	3	4
1	2	2

L'ÉDITEUR 



LE CONFIGURATEUR 



LE COMPOSEUR 

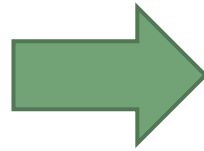


# Basique de Jacim : Recherche

- ▶ Le tableur pour saisir les critères
- ▶ Résultats dans l'éditeur

LE TABLEUR

2	3	4
1	2	2



# Base de formation les 6 Tables de RBCELL

RBCELL SPECIMEN	
COLLECTION_CODE	VARCHAR2 (4 BYTE)
CATALOG_NUMBER	VARCHAR2 (20 BYTE)
OTHER_CATALOG_NUMBERS	VARCHAR2 (30 CHAR)
PLACESPEC	VARCHAR2 (50 BYTE)
TYPESPEC	VARCHAR2 (25 CHAR)
COMSPEC	VARCHAR2 (251 CHAR)
AXENICITE	VARCHAR2 (50 BYTE)
ETAT	VARCHAR2 (9 CHAR)
ORIGINE	VARCHAR2 (20 BYTE)
REMARQUES	VARCHAR2 (242 CHAR)
ISOLATEUR	VARCHAR2 (45 BYTE)
DATISOL	VARCHAR2 (10 CHAR)
NDATISOL	VARCHAR2 (1 CHAR)
DATENTRE	VARCHAR2 (10 CHAR)
NDATENTRE	VARCHAR2 (1 CHAR)
DATDISP	VARCHAR2 (10 CHAR)
NDATDISP	VARCHAR2 (2 CHAR)
OBDISP	VARCHAR2 (28 CHAR)
RESTRICTION	VARCHAR2 (20 BYTE)
AUTRECOL_ACRD	VARCHAR2 (30 CHAR)
AUTRECOL_NUMERO	VARCHAR2 (42 CHAR)
AUTRECOL_ETATDOC	VARCHAR2 (1 CHAR)
AUTRECOL_NOM	VARCHAR2 (75 CHAR)
FORME	VARCHAR2 (21 CHAR)
CONSERV_CULT	VARCHAR2 (3 CHAR)
CONSERV_MILCULT	VARCHAR2 (11 CHAR)
CONSERV_TEMP_CULT	VARCHAR2 (4 CHAR)
CONSERV_LUMCULT	VARCHAR2 (15 CHAR)
CONSERV_REMARQUES_CULT	VARCHAR2 (23 CHAR)
CONSERV_CRYO	VARCHAR2 (3 CHAR)
CONSERV_REMARQUES_CRYO	VARCHAR2 (30 CHAR)
MORPHOTYPE	VARCHAR2 (15 CHAR)
DIMENSIONS	VARCHAR2 (193 CHAR)
MOBILITE	VARCHAR2 (3 CHAR)
SOUSPROD	VARCHAR2 (150 CHAR)
MCS	VARCHAR2 (1 CHAR)
STX	VARCHAR2 (1 CHAR)
ANATX	VARCHAR2 (1 CHAR)
CYL	VARCHAR2 (1 CHAR)
AUTRESCYATX	VARCHAR2 (1 CHAR)
CONSERV_TEMP_CULT	VARCHAR2 (10 CHAR)
CONSERV_MIL_CULT	VARCHAR2 (20 CHAR)
CONSERV_DATE_CULT	VARCHAR2 (10 BYTE)
CONSERV_BIOPSIE	VARCHAR2 (20 CHAR)
CONSERV_SONDES_TELOMERIQUES	VARCHAR2 (3 CHAR)
CONSERV_ID_AMPOLLES	VARCHAR2 (20 CHAR)
CODE_TERRAIN	VARCHAR2 (30 CHAR)
CYTO PEINTURES HUMAINES	VARCHAR2 (4 CHAR)
CYTO FORMULE	VARCHAR2 (20 CHAR)
CYTO EXPLANTS CELLULES	VARCHAR2 (6 CHAR)
CYTO BANDES_R	VARCHAR2 (4 CHAR)
CYTO BANDES_C	VARCHAR2 (4 CHAR)
CYTO PHOTO_CARYO	VARCHAR2 (4 CHAR)
SEXE	VARCHAR2 (10 CHAR)
DONNATEUR_ADRESSE	VARCHAR2 (200 CHAR)
DONNATEUR_NOM	VARCHAR2 (50 CHAR)
DONNATEUR_EMAIL	VARCHAR2 (50 CHAR)
CONSERV_CRYOPROT	VARCHAR2 (10 CHAR)
CONSERV_CONC_CRYOPROT	VARCHAR2 (10 CHAR)
USERCRE	VARCHAR2 (16 BYTE)
USERMAJ	VARCHAR2 (16 BYTE)
DATECRE	DATE
DATEMAJ	DATE
INSTITUTION_CODE	VARCHAR2 (8 CHAR)
PARASITO_HOTE	VARCHAR2 (25 CHAR)
PARASITO_MODE	VARCHAR2 (10 CHAR)
ADN	VARCHAR2 (3 CHAR)
P * SPECIMEN_PK	NUMBER (15)
STRUCTUR	VARCHAR2 (25 CHAR)
COMWEB	VARCHAR2 (160 CHAR)
F RECOLTE_FK	NUMBER (15)
PK_SPECIMENPK (SPECIMEN_PK)	
SPECI_RECOLTE (RECOLTE_FK)	
SPECIMENPK (SPECIMEN_PK)	

RBCELL DETERMIN	
DETERMINATEUR	VARCHAR2 (45 BYTE)
DATDET	VARCHAR2 (10 CHAR)
ETAT_DOC	CHAR (1 BYTE)
USERCRE	VARCHAR2 (16 BYTE)
USERMAJ	VARCHAR2 (16 BYTE)
DATECRE	DATE
DATEMAJ	DATE
TYPE_STATUT	VARCHAR2 (15 CHAR)
DETAILS	VARCHAR2 (150 CHAR)
P * DETERMIN_PK	NUMBER (15)
F TAXON_FK	NUMBER (15)
F SPECIMEN_FK	NUMBER (15)
DETERMINPK (DETERMIN_PK)	
DETER_SPECIMEN (SPECIMEN_FK)	
DETER_TAXON (TAXON_FK)	
DETERMINPK (DETERMIN_PK)	

RBCELL TAXON	
REGNE	VARCHAR2 (10 CHAR)
PHYLUM	VARCHAR2 (30 CHAR)
CLASSE	VARCHAR2 (30 CHAR)
SOUS CLASSE	VARCHAR2 (21 CHAR)
ORDRE	VARCHAR2 (30 CHAR)
FAMILLE	VARCHAR2 (18 CHAR)
SOUS_FAMILLE	VARCHAR2 (18 CHAR)
GENRE	VARCHAR2 (25 CHAR)
ESPECE	VARCHAR2 (25 BYTE)
NINFRRA	VARCHAR2 (4 CHAR)
NINFR	VARCHAR2 (30 CHAR)
AUTEURS	VARCHAR2 (238 CHAR)
SYNONYMIE	VARCHAR2 (600 BYTE)
IUCN_URL	VARCHAR2 (200 CHAR)
WIKI_URL	VARCHAR2 (200 CHAR)
STATUT_IUCN	VARCHAR2 (2 CHAR)
FR_VERNAC	VARCHAR2 (200 CHAR)
EN_VERNAC	VARCHAR2 (200 CHAR)
NIV_TAXREF	VARCHAR2 (4 CHAR)
NOM_SCIENTIFIQUE	VARCHAR2 (40 CHAR)
SOUS_ORDRE	VARCHAR2 (20 CHAR)
SOUS_ESPECE	VARCHAR2 (20 CHAR)
INFRA_ORDRE	VARCHAR2 (20 CHAR)
TRIBU	VARCHAR2 (20 CHAR)
STATUT_CITES	VARCHAR2 (20 CHAR)
IUCN_FR	VARCHAR2 (30 CHAR)
NUM_TAXREF	VARCHAR2 (8 CHAR)
USERCRE	VARCHAR2 (16 BYTE)
USERMAJ	VARCHAR2 (16 BYTE)
DATECRE	DATE
DATEMAJ	DATE
P * TAXON_PK	NUMBER (15)
TAXONPK (TAXON_PK)	
TAXONPK (TAXON_PK)	

RBCELL MOLECULAR	
MOLNUMBERS	VARCHAR2 (69 CHAR)
DESCRIPTION	VARCHAR2 (20 CHAR)
MOLBASE	VARCHAR2 (7 CHAR)
MOLNUMBER	VARCHAR2 (20 BYTE)
USERCRE	VARCHAR2 (16 BYTE)
USERMAJ	VARCHAR2 (16 BYTE)
DATECRE	DATE
DATEMAJ	DATE
P * MOLECULAR_PK	NUMBER (15)
F SPECIMEN_FK	NUMBER (15)
MOLECULARPK (MOLECULAR_PK)	
MOLECULAR_SPECIMEN (SPECIMEN_FK)	
MOLECULARPK (MOLECULAR_PK)	

RBCELL RECOLTE	
RECOLTEUR	VARCHAR2 (60 CHAR)
DATRECOLTE	VARCHAR2 (10 CHAR)
NDATRECOLTE	VARCHAR2 (1 CHAR)
COMMENT	VARCHAR2 (20 BYTE)
PAYS	VARCHAR2 (42 CHAR)
PAYS_ISO	VARCHAR2 (3 CHAR)
REGION	VARCHAR2 (59 CHAR)
VILLE	VARCHAR2 (30 BYTE)
SITE	VARCHAR2 (60 BYTE)
GPS	VARCHAR2 (40 CHAR)
COMLOC	VARCHAR2 (180 CHAR)
BIOTOPE_TYPE	VARCHAR2 (50 CHAR)
P * RECOLTE_PK	NUMBER (15)
USERCRE	VARCHAR2 (16 CHAR)
USERMAJ	VARCHAR2 (16 CHAR)
DATECRE	DATE
DATEMAJ	DATE
RECOLTEPK (RECOLTE_PK)	
RECOLTEPK (RECOLTE_PK)	

RBCELL SPECIMEN IMAGE	
P * SPECIMEN_IMAGE_PK	NUMBER (20)
F SPECIMEN_FK	NUMBER (15)
* MEDIA_FK	NUMBER (20)
DATECRE	DATE
DATEMAJ	DATE
USERCRE	VARCHAR2 (64 CHAR)
USERMAJ	VARCHAR2 (64 CHAR)
PK_SPECIMEN_IMAGE (SPECIMEN_IMAGE_PK)	
FK_SPECIMEN_IMAGE_SPECIMEN (SPECIMEN_FK)	
FK_SPECIMEN_IMAGE (SPECIMEN_IMAGE_PK)	





# Familiarisation avec RBCELL

---

## ▶ Exercice 1

- ▶ Trouver les spécimens de genre Paramecium et Bison

## ▶ Exercice 2

- ▶ Quel est l'acronyme de la collection avec le plus de spécimens collectés en Asie ?



# Les « Documents »

---

- ▶ « document » = « modèle de document »
- ▶ Une vue hiérarchique sur une bases de données relationnelle

- Specimen
  - Détermination
    - Taxon
  - Récolte

- Récolte
  - Spécimen
    - Détermination
      - Taxon



# Exercices 3,4,5 : modele de document

---

## ▶ Exercice 3

- ▶ Lister les images des collections de RBCELL n'ayant pas le code CH (Chimiothèque)

## ▶ Exercice 4

- ▶ Trouver les récoltes ayant ramené des spécimens dont le genre commence par « Si »

## ▶ Exercice 5

- ▶ Combien de taxon ont été trouvés en Russie

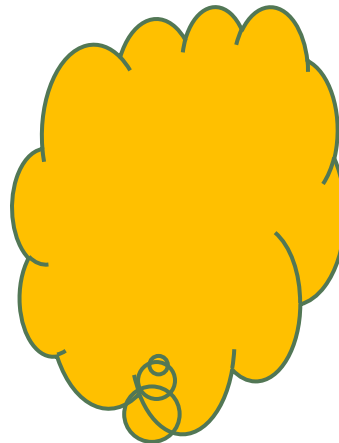
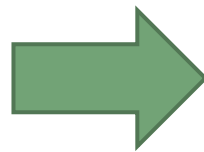


# Exporter des listes

- ▶ Le tableur pour l'export
- ▶ En mode CHARGER
- ▶ Excel ou l'outil de votre choix pour mettre en forme

LE TABLEUR

2	3	4
1	2	2



# Exercices 6,7,8 : export de données

---

## ▶ Exercice 6

- ▶ Exporter les taxons trouvés au Vietnam

## ▶ Exercice 7

- ▶ Pour une dizaine de spécimens de votre choix, créer une feuille eXcel reprenant les colonnes : `COLLECTION_CODE`, `CATALOG_NUMBER`, `RECOLTEUR`, `AXENICITE`

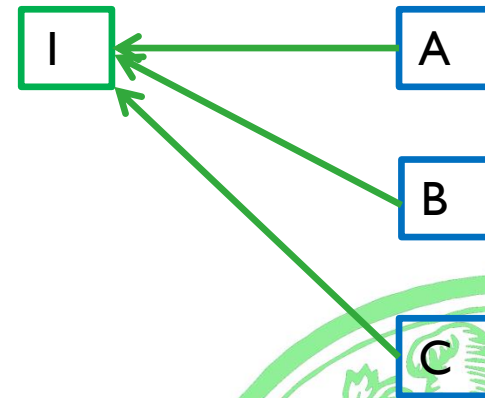
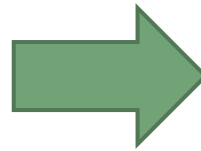
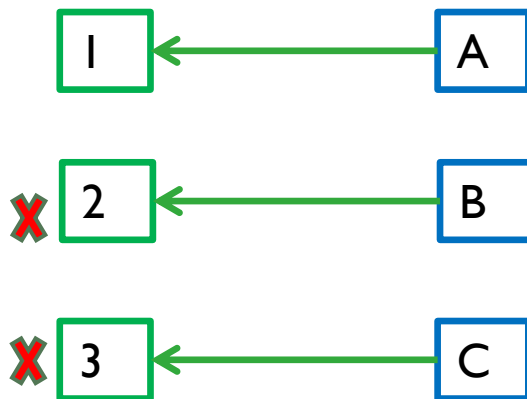
## ▶ Exercice 8

- ▶ Exporter les numéro d'inventaire et les URL des médias associés aux specimens de la chimiothèque (CH) dont le numéro d'inventaire finit par 17



# Dédoublonnage

- ▶ Dédoublonneur accessible via une icône du tableur
- ▶ A utiliser avec précaution !



# Exercices 9 à 11 : dédoublonnage

---

## ▶ Exercice 9

- ▶ Trouver le nombre de TAXON dont le genre commence par votre initiale. Identifier des taxons en double

## ▶ Exercice 10

- ▶ Fusionner deux TAXON identiques. Combien de TAXONS commencent par votre initiale maintenant ?

## ▶ Exercice 11

- ▶ Eliminez tous les doublons (de votre initiale)



# Le composeur

---

- ▶ **Pour générer des documents**
  - ▶ A la place du formulaire de l'éditeur
  - ▶ Pour imprimer des étiquettes, des catalogues ...





# Comprendre le composeur

---

- ▶ Des éléments imbriqués
  - ▶ Article
    - ▶ pour regrouper les données
  - ▶ Paragraphe
    - ▶ pour la mise en page
  - ▶ Éléments de paragraphe
    - ▶ le contenu



# Exercices 12 à 14 : compositeur

---

## ▶ Exercice 12

- ▶ Générer un PDF comportant pour chaque taxon commençant par votre initiale :
  - Le numéro d'inventaire
  - La date de récolte
  - Le nom du récolteur
  - Votre prénom
  - Le continent d'origine

## ▶ Exercice 13

- ▶ Ajouter la vignette du specimen

## ▶ Exercice 14

- ▶ Ajouter le logo du MNHN



# Conseils

---

- ▶ Pratiquez dans les 48H qui suivent la formation
  
- ▶ Continuez d'échanger entre vous



# Merci de votre participation

---

## ► Contacts

- Simon Chagnoux

