

Handbuch Mikrobiologische-Primärdatenbank

Stand: 16.03.2014

Ansprechpartner:	Torsten Semmler
Telefon:	030-838 51786
E-Mail:	torsten.semmler@fu-berlin.de

Inhalt

1. Zugang	1
1.1 Zugriff auf die Datenbank.....	1
1.2 Navigation	1
1.3 Nutzerrollen.....	2
1.3.1 Consumer	2
1.3.2 Editor	2
1.3.3 Administrator	2
2. Suchen/ Anzeigen von Stämmen (Consumer, Editor, Administrator).....	2
2.1 Standard Suche.....	3
2.2 Blast Suche	3
2.3 Anzeigen des gesuchten Stammes	4
3. Erstellen von Stämmen (Editor, Administrator).....	5
4. Editieren von Stämmen (Editor, Administrator)	5
4.1 Editieren über Suchen/ Anzeigen von Stämmen.....	5
4.2 Bearbeitungsseite.....	6
5. Kopieren von Stämmen (Editor, Administrator)	6
6. Löschen von Stämmen (Administrator).....	7
7. Importieren von Stämmen (Editor, Administrator).....	8
7.1 Importformate.....	8
7.2 Verhalten bei Invalidität	8
7.3 Import.....	8
8. Exportieren von Stämmen (Consumer, Editor, Administrator).....	9
8.1 Default Export.....	9
8.2 Custom Export	9
9. Freigabe-Status.....	10
10. Benutzerverwaltung (Administrator)	10
10.1 Benutzer anlegen.....	11
10.2 Benutzer bearbeiten.....	11
10.3 Benutzer löschen	11
11. CRUD-Objekte (Administrator).....	11

1. Zugang

Die Nutzung der Mikrobiologischen-Primärdatenbank erfolgt über einen gängigen Browser (Internet Explorer, Firefox, Chrome, Safari, Opera). Für die Anmeldung werden Benutzername und Passwort benötigt, die von einem Administrator vergeben werden. Ein Zugriff auf die Datenbank ist nur innerhalb des Universitätsnetzwerks möglich.

1.1 Zugriff auf die Datenbank

Der Zugriff auf die Datenbank erfolgt über einen beliebigen Webbrowser, in dessen Adresszeile die URL der Datenbank-Webseite „<https://staging-fu-mbpd.form4.de/mbpd/>“ (bzw. die eingerichtete IP-Adresse) eingegeben wird (Abb. 1: Beispiel anhand des Internet Explorers).



Abbildung 1: Zugriff auf die Datenbank

Nach dem Aufruf der Website folgt eine Aufforderung zur Anmeldung, bei der Benutzername und Passwort eingegeben werden müssen (Abb.2: Beispiel anhand des Internet Explorers).

Achtung: Bei Benutzernamen sowie Passwort auf die groß und Kleinschreibung achten.

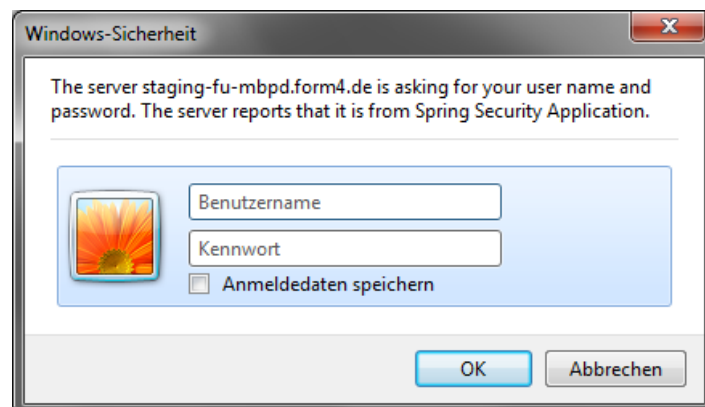


Abbildung 2: Eingabe der Anmeldedaten

Nach dem erfolgreichen Anmelden folgt die Startseite zum Anzeigen/ Suchen von Stämmen.

1.2 Navigation

Navigiert wird über eine Menüleiste, die am Anfang der Seite angezeigt wird. Dabei werden dem Benutzer nur die Menüeinträge angezeigt, für die er die nötigen Berechtigungen besitzt.

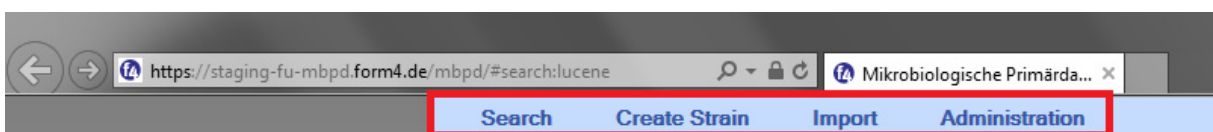


Abbildung 3: Menüleiste mit allen Einträgen (Administrator)

1.3 Nutzerrollen

Für die Verwendung der Datenbank gibt es folgende Nutzerrollen mit den entsprechenden Zugriffsrechten.

1.3.1 Consumer

- Anzeigen/ Suchen von Stämmen
- Exportieren von Stämmen

1.3.2 Editor

- Anzeigen/ Suchen von Stämmen
- Anlegen von Stämmen
- Editieren von Stämmen
- Kopieren von Stämmen
- Importieren von Stämmen
- Exportieren von Stämmen

1.3.3 Administrator

- Anzeigen/ Suchen von Stämmen
- Anlegen von Stämmen
- Editieren von Stämmen
- Kopieren von Stämmen
- Importieren von Stämmen
- Exportieren von Stämmen
- Löschen von Stämmen
- Benutzer verwalten
- CRUD-Objekte verwalten

2. Suchen/ Anzeigen von Stämmen (Consumer, Editor, Administrator)

Für das Suchen von Stämmen wird der Menüeintrag „Search“ ausgewählt ([siehe Navigation](#)). Anschließend kann zwischen zwei Tabs die „Standard“-Suche oder „BLAST“-Suche ausgewählt werden, welche nicht kombinierbar sind.



Abbildung 4: Auswahl zwischen "Standard"- und "Blast"- Suche

2.1 Standard Suche

Mit Hilfe der Suche lässt sich gezielt nach Stämmen suchen. Alle durchsuchbaren Felder bilden als einzelne Suchfilter die Suchmaske und können mit Werten belegt werden. Anhänge und Sequenzen sind von der Suche ausgenommen. Alle anderen Felder des Stammes sind durchsuchbar.

1. Felder ausfüllen in denen gesucht werden soll
2. „Search“ klicken
 - a) Ergebnisse ansehen → [2.3 Anzeigen des gesuchten Stammes](#)
 - b) Stamm aus dem Ergebnis Editieren → [4. Editieren von Stämmen](#)

Search Strains

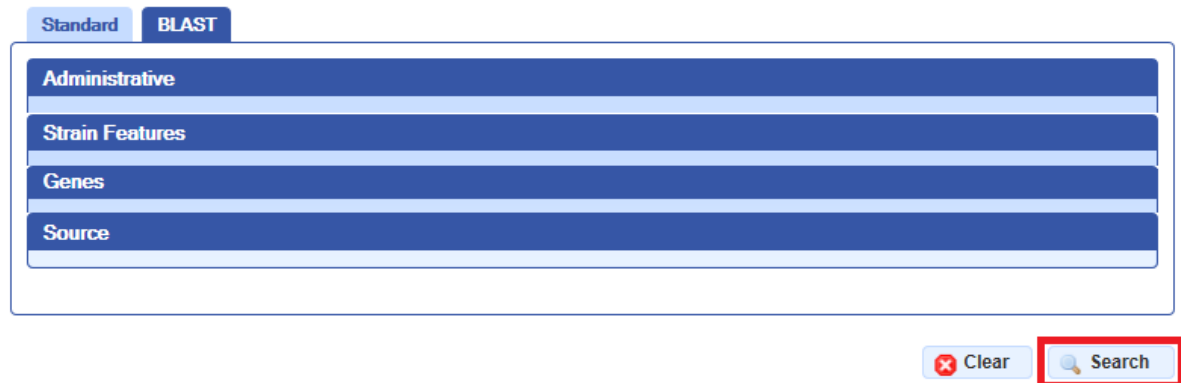


Abbildung 5: Standard Suche (Eingabefelder ausgeblendet)

Tipp:

- Die Eingabefelder bieten eine Eingabeervollständigung, die bei Eingabe eines Buchstabens alle bekannten Eingaben in einer Dropdownliste anzeigt.
- Über den „Clear“ Button können alle Eingabefelder zurückgesetzt werden.

2.2 Blast Suche

Die Blast Suche ermöglicht das suchen nach Gensequenz-Vorkommen in den angelegten Stämmen.

1. In das Feld „Sequence“ eine Gensequenz im FASTA-Format¹ eintragen
2. „Search“ klicken
 - a) Ergebnisse ansehen → [2.3 Anzeigen des gesuchten Stammes](#)
 - b) Stamm aus dem Ergebnis Editieren → [4. Editieren von Stämmen](#)

Search Strains

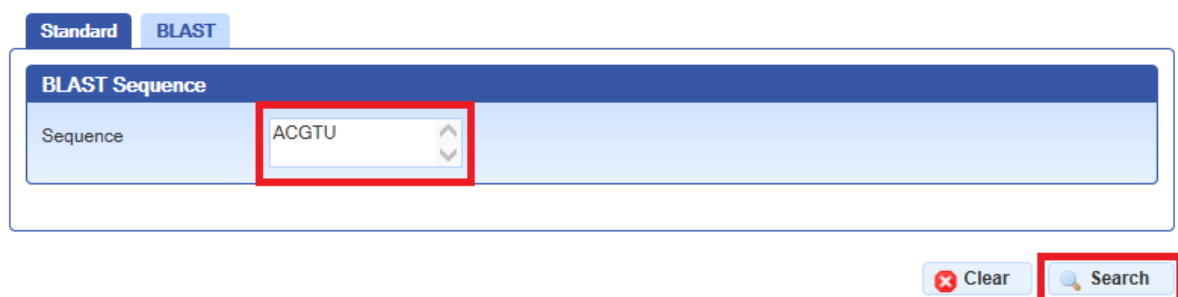


Abbildung 6: Suchen mit Hilfe der Blast Suche

¹ Siehe: <http://de.wikipedia.org/wiki/FASTA-Format>

2.3 Anzeigen des gesuchten Stammes

Das Ergebnis der Suche wird unterhalb der Suchmaske in Form einer Tabelle unter „Results“ dargestellt und aufsteigend nach ihrer Stamm-ID sortiert.

Results

1-4 of 4

StrainId	Supplier	Supply Date	Classification	
319	Institution: Oldenburg		Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>
379	Institution: Oldenburg	18-01-1985	Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>
540	Institution: Oldenburg	01-01-1985	Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>
548	Institution: Oldenburg	01-01-1984	Genus: --, Species: Campylobacter jejuni, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>

Mark all ☐

2.

Abbildung 7: Beispiel Suchergebnis nach "Oldenburg"

1. Stamm anzeigen

Über die Auswahl mittels des Anzeigensymbols kann der entsprechende Stamm auf einer extra Ansichtseite angezeigt werden.

2. Ergebnistabelle konfigurieren

Über den Button „Choose Displayed Fields“ (in Abb. 7 markiert) können die Felder, die in der Tabelle dargestellt werden sollen, über Checkboxes konfiguriert werden. Die Standard-Auswahl kann verändert werden und wird beim Benutzer gespeichert, so dass bis zur nächsten Änderung die persönliche Vorauswahl pro Nutzer gleich bleibt. Die Sortierung der Tabelle ist über die Auswahl einer entsprechenden Spalte (z.B. StrainID) aufsteigend und absteigend möglich.

Choose Displayed Fields

Administrative

Strain Id	<input checked="" type="checkbox"/>	Supplier	<input checked="" type="checkbox"/>	Aliases	<input type="checkbox"/>	Timestamp	<input type="checkbox"/>
Collection	<input type="checkbox"/>	Supply Date	<input checked="" type="checkbox"/>	Creator	<input type="checkbox"/>	Approval Status	<input type="checkbox"/>
Projects	<input type="checkbox"/>	Original Strain Designation	<input type="checkbox"/>	Creation Date	<input type="checkbox"/>	Comment	<input type="checkbox"/>
Storages	<input type="checkbox"/>	SOP	<input type="checkbox"/>	Last Change User	<input type="checkbox"/>		

Strain Features

Classification	<input checked="" type="checkbox"/>	Serovar	<input type="checkbox"/>	Ecor Group	<input type="checkbox"/>	Antimicrobial Resistance	<input type="checkbox"/>
Patho Type	<input type="checkbox"/>	Biovar	<input type="checkbox"/>	MLST System	<input type="checkbox"/>	Multiresistance	<input type="checkbox"/>
Quotation Name	<input type="checkbox"/>	Genovar	<input type="checkbox"/>	Sequence Type	<input type="checkbox"/>	Other Strain Features	<input type="checkbox"/>
Isolation Date	<input type="checkbox"/>	Toxovar	<input type="checkbox"/>	ST Complex	<input type="checkbox"/>	Comment	<input type="checkbox"/>
		LysoType	<input type="checkbox"/>				

Genes

Gene Existences	<input type="checkbox"/>	Gene Existences Comment	<input type="checkbox"/>
-----------------	--------------------------	-------------------------	--------------------------

Source

Category	<input type="checkbox"/>	AgeGroup	<input type="checkbox"/>	Sampling Date	<input type="checkbox"/>	Geography Details	<input type="checkbox"/>
[Detail]	<input type="checkbox"/>	Report	<input type="checkbox"/>	Sample Type	<input type="checkbox"/>	Other Source Features	<input type="checkbox"/>
Name	<input type="checkbox"/>	Sex	<input type="checkbox"/>	Geography	<input type="checkbox"/>		

Abbildung 8: Beispiel Konfiguration der Tabelle in Abb. 7

3. Erstellen von Stämmen (Editor, Administrator)

Jeder Stamm wird eindeutig durch seine einzigartige Stamm-ID identifiziert. Beim Anlegen eines Stamm-Datensatzes wird automatisch eine ID vergeben ([Abkürzung der Einrichtung]-[Fortlaufende Nummer]).

Für das Erstellen von Stämmen wird der Menüeintrag „Create Strain“ ausgewählt ([siehe Navigation](#)). Anschließend kann über die Tabs „Administrative“, „Strain Features“, „Genes“, „Source“ und „Attachments“ die Informationen zu den erstellenden Stamm eingetragen werden (siehe Abb. 9). Unter „Attachments“ können Anhänge als Dokument (in den Formaten von Microsoft Office, OpenOffice, PDF, JPG, PNG, TIFF, BMP, GIF) oder als Sequenz als FASTA-Datei² vom Benutzer hochgeladen werden.

Neu erstellte Stämme werden immer als „Draft“ gespeichert (siehe [Freigabe-Status](#)).

Create New Strain



Abbildung 9: Erstellen von Stämmen

1. Entsprechende Daten des Stammes in die Felder unter den entsprechenden Tabs eintragen
 - a) „Save“ klicken, Stamm wird als Draft gespeichert, es folgt die Seite zum Bearbeiten von Stämmen [4.2 Bearbeitungsseite](#) (siehe Abb. 10)
 - b) „Cancel“ klicken → zurück zu [2. Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#)

Edit Strain



Abbildung 10: Editieren des neu erstellten Stammes (Draft)

4. Editieren von Stämmen (Editor, Administrator)

Das Editieren dient der Bearbeitung der eingegeben Daten, dem Einfügen/ Löschen von Anhängen und dem ändern des [Freigabe-Status](#) eines Stammes. Zum Editieren von Stämmen gelangt man über [2. Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#) und über [3. Erstellen von Stämmen](#).

4.1 Editieren über Suchen/ Anzeigen von Stämmen

Wird eine Suche als Editor/ Administrator durchgeführt, wird in dem Ergebnis der Suche unterhalb der Suchmaske, zusätzlich ein Bearbeitungssymbol (in Abb. 11 markiert) pro Stamm angezeigt. Wird nun das entsprechende Bearbeitungssymbol zu dem gewünschten Stamm ausgewählt, gelangt man zur Bearbeitungsseite.

² Siehe: <http://de.wikipedia.org/wiki/FASTA-Format>









StrainId	Supplier	Supply Date	Classification		
319	Institution: Oldenburg		Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>	 
379	Institution: Oldenburg	18-01-1985	Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>	 
540	Institution: Oldenburg	01-01-1985	Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>	 
548	Institution: Oldenburg	01-01-1984	Genus: --, Species: Campylobacter jejuni, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>	 

Abbildung 11: Ergebnis der Suche "Oldenburg" mit Editor-Berechtigung

4.2 Bearbeitungsseite

Auf der Bearbeitungsseite können die Daten des gewählten Stammes über den jeweiligen Tab geändert werden. Unter den Eingabefeldern befinden sich Buttons zum Speichern/ Verwerfen der Änderungen, sowie weitere Verwendungsmöglichkeiten (siehe Abb. 12).

Edit Strain

Draft ✖

Administrative
Strain Features
Genes
Source
Attachments

Custom Export

Default Export

Use as Template for a new Strain

Approve

Cancel

Save

1.
2.
3.
4.
5.

Abbildung 12: Bearbeitungsseite

1. Custom Export/ Default Export

Für den Export von Stämmen → [8. Exportieren von Stämmen](#)

2. Use as Template for a new Strain

Ausgewählten Stamm als Vorlage verwenden → [7. Kopieren von Stämmen](#)

3. Approve / Disapprove

Stamm freigeben (Approved) oder in den Entwurfszustand (Draft) versetzen (siehe [Freigabe-Status](#))

4. Cancel

Alle vorgenommen Änderungen verwerfen

5. Save

Vorgenommene Änderungen speichern

5. Kopieren von Stämmen (Editor, Administrator)

Um einen Stamm als Vorlage für einen neuen Stamm zu verwenden, muss der entsprechende Stamm gesucht werden und über das Bearbeitungssymbol (Abb. 11) bearbeitend geöffnet werden. Anschließend kann über „Use as Template for a new Strain“ ein neuer Stamm angelegt werden, der bereits die Daten der Vorlage enthält.

Nicht übernommen werden:

- Stamm-ID
- Bearbeitungs-Metadaten (Creator, Creation Date, Last Change User)
- Anhänge (Dateien und Sequenzen)

Teilweise übernommen werden:

- Antimikrobielle Substanz
- Liste der Substanzen wird übernommen

- MIC Value der einzelnen Substanzen ist leer
 - MIC Group ist immer „NOT_SET“
 - Gen-Vorkommen
 - Liste der Gene mit jeweiliger Gruppe wird übernommen
 - Gene Existence State wird jeweils auf „NOT_SET“ gesetzt.
1. Suche der Vorlage (siehe [Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#))
 2. Stamm zum Bearbeiten öffnen (siehe [Editieren über Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#))
 3. Stamm als Vorlage auswählen über „Use as Template for a new Strain“ (siehe [Bearbeitungsseite](#)) → Seite zur Erstellung von Stämmen wird geöffnet (Abb. 13)
 4. Daten des Stammes in die Felder unter den entsprechenden Tabs eintragen/ bearbeiten
 - a) „Save“ klicken, Stamm wird als Entwurf (Draft) gespeichert, es folgt die Seite zum Bearbeiten von Stämmen → [4.2 Bearbeitungsseite](#)
 - b) „Cancel“ klicken → zurück zu [2. Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#)

Create New Strain



Abbildung 13: Neuer Stamm mit Vorlage erstellen

6. Löschen von Stämmen (Administrator)

Zum Löschen eines Stammes wird dieser gesucht und anschließend zum Bearbeiten geöffnet. Auf der Bearbeitungsseite wird als Administrator zusätzlich ein „Delete Strain“ Button (Abb. 14) zum Löschen des gewählten Stammes angezeigt. Nach dem Betätigen des Buttons erfolgt eine Sicherheitsabfrage (Abb. 15) ob der Stamm wirklich gelöscht werden soll. Wird dies bestätigt wird der Stamm gelöscht.

Edit Strain

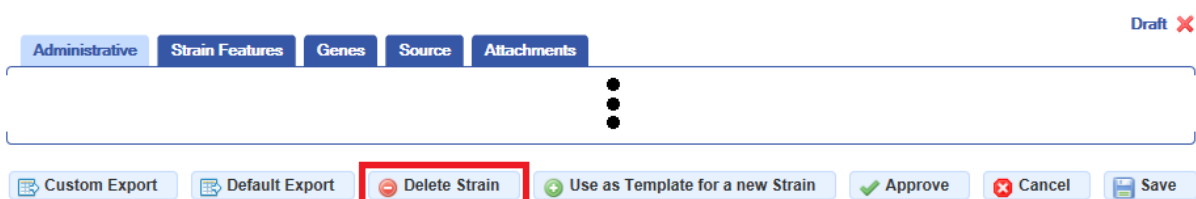


Abbildung 14: Löschen eines Stammes

1. Suche des zu löschenden Stammes (siehe [Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#))
2. Stamm zum Bearbeiten öffnen (siehe [Editieren über Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#))
3. Stamm über „Delete Strain“ löschen
4. Sicherheitsabfrage zum Löschen bestätigen

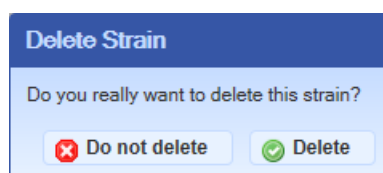


Abbildung 15: Sicherheitsabfrage zum Löschen

7. Importieren von Stämmen (Editor, Administrator)

Beim Import eines Stammes mit vorhandener Stamm-ID wird diese als „Original Strain Designation“ in den neuen Datensatz übernommen. Sollte der zu importierende Stamm bereits einen Wert für die „Original Strain Designation“ haben, dann wird die Stamm-ID als weiterer Alias übernommen. Es erfolgt keine Prüfung auf Duplikate. Demzufolge findet auch keine Zusammenführung bestimmter Stämme statt.

7.1 Importformate

Alle beim Export erstellten Formate können importiert werden. Beim Import von Anhängen findet die Zuordnung über standardisierte Namen statt. Die Stamm-ID im Dateinamen wird wieder entfernt, so dass der Name nach dem Import dem vor dem Export entspricht.

7.2 Verhalten bei Invalidität

Beim Import findet eine Prüfung nach Validierungsregeln statt. Invalide Stämme werden nicht importiert. Der Import valider Stämme ist dadurch nicht betroffen. Der Nutzer erhält eine Fehlermeldung beim Auftreten invalider Stämme, die folgende Punkte enthält:

Liste aller invaliden Stämme mit

- Zeilen-Nummer
- Stamm-ID
- Liste Invalider Felder mit
 - Feldname
 - Grund der Invalidität

7.3 Import

Zum Importieren von Stämmen wird der Menüeintrag „Import“ (Abb. 16) geklickt ([siehe Navigation](#)). Danach muss die zu importierende Datei über den Button „Durchsuchen“ ausgewählt und über „Import“ übergeben werden (Abb. 16).

1. Menüeintrag „Import“ → „Import Strains“ Seite
2. Zu importierende Datei über „Durchsuchen“ auswählen
3. „Import Klicken“

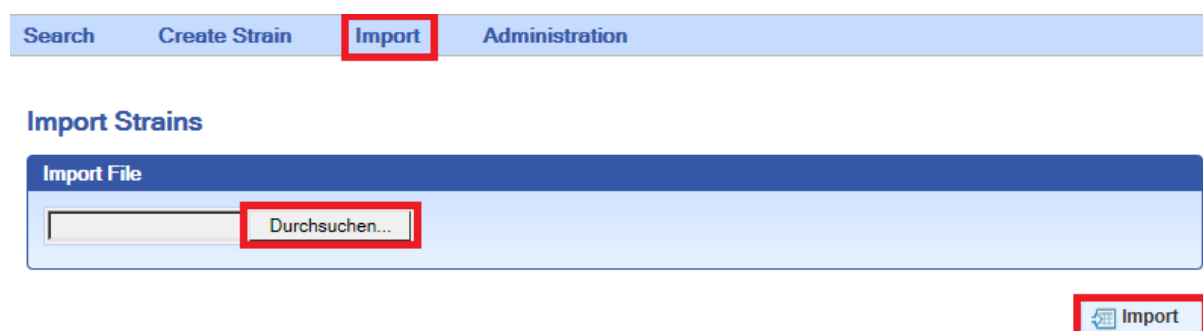


Abbildung 16: Import von Stämmen

8. Exportieren von Stämmen (Consumer, Editor, Administrator)

Beim Export kann grundsätzlich entschieden werden, ob der Standard Export (Default Export) oder ein benutzerdefinierter Export (Custom Export) erfolgen soll.

- Default Export
 - Alle Felder und alle Anhänge werden exportiert
- Custom Export
 - Die vom Benutzer gewählten Felder werden exportiert
 - Export als CSV oder XLS (wählbar)
 - Jeweils einem Stamm pro Zeile
 - Anhänge zum Export gewählt:
 - Export als ZIP-Datei mit einer CSV/ XLS-Datei und gewählten Anhängen

Anhänge (Datei-Anhänge und Sequenzen des Stammes) können ebenfalls exportiert werden, jedoch können dabei nicht einzelne Anhänge gewählt werden, sondern nur alle Datei-Anhänge und/oder alle Sequenzen.

1. Suche der zu exportierenden Stämme (siehe [Suchen/ Anzeigen von Stämmen](#))
 - a. Zu exportierende Stämme über die Kontrollkästchen auswählen (Abb. 17)
 - i. → „[Default Export](#)“ oder „[Custom Export](#)“
 - b. Einzelnen Stamm über das „[Anzeigensymbol](#)“ / „[Bearbeitungssymbol](#)“ öffnen
 - i. Am Ende der Seite „[Default Export](#)“ oder „[Custom Export](#)“ wählen

Results

1-4 of 4

StrainId	Supplier	Supply Date	Classification			
319	Institution: Oldenburg		Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>		
379	Institution: Oldenburg	18-01-1985	Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>		
540	Institution: Oldenburg	01-01-1985	Genus: --, Species: Campylobacter coli, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>		
548	Institution: Oldenburg	01-01-1984	Genus: --, Species: Campylobacter jejuni, Subspecies: ---	<input type="checkbox"/>		

Mark all ☐

[Choose Displayed Fields](#) [Custom Export](#) [Default Export](#)

Abbildung 17: Beispiel Export von Stämmen

8.1 Default Export

Bei dem Default Export werden alle Felder der ausgewählten Stämme als CSV-Datei und alle Anhänge, wenn vorhanden, exportiert und zum Herunterladen als ZIP-Datei angeboten (Abb. 18 anhand des Internet Explorers).

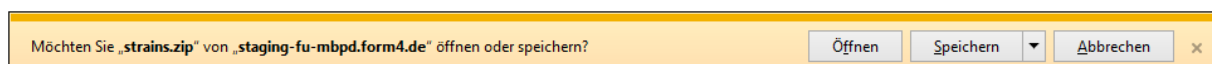


Abbildung 18: Download Aufforderung des Internet Explorers

8.2 Custom Export

Bei dem Custom Export wird ein Fenster geöffnet in dem alle zu exportierenden Felder einzeln ausgewählt werden können (Abb. 19). Zudem kann das Datenformat (CSV/ XLS) in einem

Dropdownmenü ausgewählt werden. Nach der Auswahl wird über den „Export“ Button der Download wie in „[Default Export](#)“ gestartet.

Choose Exported Fields

Administrative

Strain Id	<input checked="" type="checkbox"/>	Supplier	<input checked="" type="checkbox"/>	Aliases	<input checked="" type="checkbox"/>	Timestamp	<input checked="" type="checkbox"/>
Collection	<input checked="" type="checkbox"/>	Supply Date	<input checked="" type="checkbox"/>	Creator	<input checked="" type="checkbox"/>	Approval Status	<input checked="" type="checkbox"/>
Projects	<input checked="" type="checkbox"/>	Original Strain Designation	<input checked="" type="checkbox"/>	Creation Date	<input checked="" type="checkbox"/>	Comment	<input checked="" type="checkbox"/>
Storages	<input checked="" type="checkbox"/>	SOP	<input checked="" type="checkbox"/>	Last Change User	<input checked="" type="checkbox"/>		

Strain Features

Classification	<input checked="" type="checkbox"/>	Serovar	<input checked="" type="checkbox"/>	Ecor Group	<input checked="" type="checkbox"/>	Antimicrobial Resistance	<input checked="" type="checkbox"/>
Patho Type	<input checked="" type="checkbox"/>	Biovar	<input checked="" type="checkbox"/>	MLST System	<input checked="" type="checkbox"/>	Multiresistance	<input checked="" type="checkbox"/>
Quotation Name	<input checked="" type="checkbox"/>	Genovar	<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence Type	<input checked="" type="checkbox"/>	Other Strain Features	<input checked="" type="checkbox"/>
Quotation Link	<input type="checkbox"/>	Toxovar	<input checked="" type="checkbox"/>	ST Complex	<input checked="" type="checkbox"/>	Comment	<input checked="" type="checkbox"/>
Isolation Date	<input checked="" type="checkbox"/>	LysoType	<input checked="" type="checkbox"/>				

Genes

Gene Existences	<input checked="" type="checkbox"/>	Gene Existences Comment	<input checked="" type="checkbox"/>
-----------------	-------------------------------------	-------------------------	-------------------------------------

Source

Category	<input checked="" type="checkbox"/>	AgeGroup	<input checked="" type="checkbox"/>	Sampling Date	<input checked="" type="checkbox"/>	Geography Details	<input checked="" type="checkbox"/>
[Detail]	<input checked="" type="checkbox"/>	Report	<input checked="" type="checkbox"/>	Sample Type	<input checked="" type="checkbox"/>	Other Source Features	<input checked="" type="checkbox"/>
Name	<input checked="" type="checkbox"/>	Sex	<input checked="" type="checkbox"/>	Geography	<input checked="" type="checkbox"/>		

Attachments

Documents	<input checked="" type="checkbox"/>	Sequences	<input type="checkbox"/>
-----------	-------------------------------------	-----------	--------------------------

CSV

Abbildung 19: Custom Export von Stämmen

9. Freigabe-Status

Stämme sind immer entweder ein DRAFT (Entwurfs Stadium) oder APPROVED (Freigegeben).

- Neu erstellte Stämme sind im Status DRAFT
- Über die Vorlagenfunktion neu erstellte Stämme sind im Status DRAFT
- Importierte Stämme sind im Status APPROVED

Der Freigabe-Status eines Stamms kann über „[Editieren von Stämmen](#)“ auf der „[Bearbeitungsseite](#)“ geändert werden. Je nach aktuellem Status bietet die Oberfläche einen zusätzlichen Button „Approve“ bzw. „Disapprove“ am Ende der Seite, der den Status des Stammes auf APPROVED bzw. DRAFT setzt. Der Status wird in der Oberfläche deutlich gemacht (Abb. 10). Bei der Suche kann der Status gewählt werden, standardmäßig ist die Auswahl APPROVED.

10. Benutzerverwaltung (Administrator)

Die Benutzerverwaltung dient dem Anlegen neuer Benutzer, dem Löschen sowie dem Bearbeiten bereits vorhandener Benutzer. Die Benutzerverwaltung wird über den Menüeintrag „Administration“ → „User“ erreicht (Abb. 20).

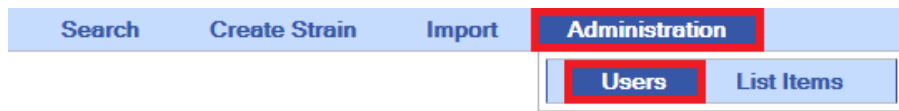


Abbildung 20: Benutzerverwaltung

10.1 Benutzer anlegen

1. Unter „Create a new User“ Username, First Name, Last Name, User Role (siehe [Nutzerrollen](#)) und Password eingeben
2. „Create“ Klicken

Create a new User

Abbildung 21: Benutzer Anlegen

10.2 Benutzer bearbeiten

1. Bearbeitungssymbol des zu bearbeitenden Benutzers auswählen (Abb. 22 **1.**)
2. Felder die geändert werden sollen Überschreiben
3. „Save“ Klicken → neuer Benutzer angelegt

10.3 Benutzer löschen

1. Löschsymbolsymbol des zu löschenden Benutzers auswählen (Abb. 22 **2.**)
 - a. Warnhinweis zum Löschen mit „Delete“ bestätigen → Benutzer wird gelöscht
 - b. „Do not Delete“ auswählen → Rückkehr zur Benutzerverwaltung

Administration - Users

Role	Last Name	First Name	Username	1.	2.
Consumer	test2	test2	test2		
Consumer	test.consumer	test.consumer	test.consumer		
Editor	test.editor	test.editor	test.editor		
Administrator	test	test	admin		

Abbildung 22: Benutzer bearbeiten/ löschen

11. CRUD-Objekte (Administrator)

Es gibt viele verschiedene Entitäten, die vom Stamm referenziert werden. Die Eigenschaften dieser Entitäten (in der Regel der Name) können im Administrationsbereich über sog. CRUD-Use Cases bearbeitet werden.

Die Referenz auf das bearbeitete Objekt bleibt dabei bestehen, d. h. eine Umbenennung ist immer für alle Stämme wirksam. Das Löschen einer Eigenschaft ist nur möglich, wenn diese von keinem Stamm

mehr referenziert wird. Als Hilfestellung wird die Anzahl der Vorkommen (Occurrences) einer Eigenschaft für den Administrator angezeigt.

Die CRUD-Objektverwaltung wird über den Menüeintrag „Administration“ → „List Items“ erreicht (Abb. 23).

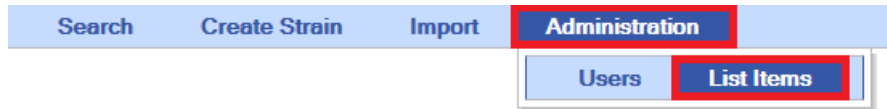


Abbildung 23: CRUD-Objektverwaltung


Beispiel zum Ändern eines Projektnamens:

1. „Projekt“ unter „Administration – Key Entities / Administrative“ auswählen
2. Zu ändernden Projektnamen über das Bearbeitungssymbol auswählen
3. Projektname ändern
4. Mit „Save“ den geänderten Projektnamen speichern

Administration - Key Entities



Administration - Key Entity - Projects

Name	Occurrences	
AB Resistenz Wildtiere	205	
Acinetobacter	47	



Administration - Key Entity - Projects

Data

Name:

Abbildung 24: Beispiel CRUD-Objekt - Ändern eines Projektnamens