# Tutorium Specify-Neueinsteiger-Workshop, 07.10.2004

# I. Dateneingabe in Specify

# Beispieldatenbank: Specify-Oberfläche "Mammalia", Hauptformular *Sammlungsobjekte*

- 1. Nach dem Einloggen: Specify-Assistenten schließen (falls er sich öffnet). Sie Sehen dann dass Specify-Hauptfenster mit der Menüzeile vor sich.
- 2. Über das Menü Sammlungsdaten die Option Sammlungsobjekte auswählen.



3. Ein Dialogfeld öffnet sich. Als Abfrage *Neue Abfrage* auswählen (ist bereits blau markiert, also einfach OK drücken).



4. Das Abfragefenster öffnet sich. Registerkarte *Datenformular* nach vorne holen (durch Anklicken des Kartenreiters mit der linken Maustaste).



5. Zur Dateneingabe im Formular den Button Neu am unteren Fensterrand drücken.

# Grundlegendes zur Navigation innerhalb der Formulare:

Sie können mit der Maus, oder komfortabler mit der Tabulator-Taste (die Taste mit den

2 Pfeilen links-mittig auf der Tastatur ), von Feld zu Feld springen.

Die meisten Felder sind noch einmal zu sogenannten "Unterformularen" zusammengefasst, die entweder als Formular, Tabelle, oder Schaltfläche dargestellt sind.

Ein Beispiel für ein solches Unterformular ist z. B. das Kästchen mit den Angaben *Entwicklungsstadium* und *Geschlecht*.

Entwicklungsstadium
Geschlecht Keine Angabe>

Die meisten anderen Felder sind auch in solchen "Kästen" zusammengefasst. Wenn man mit der Tabulatortaste von einem Kasten in den nächsten springt, wird normalerweise automatisch das erste Feld zum Eintragen markiert. Springt man in eine Tabelle, muss man die Return-Taste drücken, um das zugehörige Unterformular aufzurufen, in das man dann eingeben kann. Alternativ kann man das Unterformular auch durch einen Doppelklick auf eine Tabellenzeile öffnen.

Achtung: Wenn ein Unterformular geöffnet ist, liegt dieses vor dem Hauptformular. In manchen Fällen lassen sich auch in Unterformularen noch weitere untergeordnete Formulare öffnen, welche sich dann quasi "stapeln". In diesen Formularen muss immer separat gespeichert werden. Dabei ist es wichtig, immer zuerst im Formular abzuspeichern, das zuoberst liegt. Specify mag es generell nicht, wenn man in "tieferen Schichten" herumklickt, während noch andere Formulare oben liegen. Es kann passieren, dass das dann die Fehlermeldung "Control has no parent window" angezeigt wird. Im allerschlimmsten Fall kann das Programm dann abstürzen.

Nur Felder mit fett gedruckter Schrift müssen ausgefüllt werden; alles andere ist optional.

Katalog# 2

Standort

Ausnahme: Füllt man etwas in einem Formular aus, dass sich hinter einer Schaltfläche verbirgt (also z. B. Literatur Sammlungsobjekt), so wird auch die Schrift auf dieser Schaltfläche fett gedruckt dargestellt. In diesem Fall heißt das nicht, dass hier etwas ausgefüllt werden <u>muss</u>, sondern es soll nur helfen zu erkennen, dass sich hinter dieser Schaltfläche <u>ein Eintrag verbirgt</u>.

Literatur Sammlungsobjekt	

# Dateneingabe Schritt-für-Schritt

**KatalogserienID:** Die Beschriftung dieses Feldes ist fett gedruckt, d.h. es muss einen Eintrag aufweisen. Die einzige Auswahlmöglichkeit ist in diesem Beispiel "Main", was auch bereits voreingestellt ist. Sie können das Feld also zunächst ignorieren. Wenn man die Abgrenzung von Teilsammlungen innerhalb einer Datenbank wünscht, können diese hier als einzelne Serien aufgenommen werden, z. B. S (für Schädel und Skelette) G (Gehirnsammlung), P (Alkoholpräparate) usw.

**Katalog#:** Dieses Feld muss ebenfalls zwingend einen Eintrag erhalten. Der Eintrag ist immer eine Zahl, die jedoch innerhalb einer Katalogserie nur einmal vorkommen darf. In diesem Beispiel ist das Programm so voreingestellt, dass die Nummer automatisch fortlaufend vergeben wird. Bei Bedarf kann man das ändern, und selber Nummern vergeben.

**Standort:** Wo in der Sammlung befindet sich das Objekt? Z. B. Regalnummer, o. ä., kann auch weggelassen werden.

"Liegt unter" Name: Auch ein Hilfsmittel zum Auffinden des Objekts, wenn z. B. auf dem Etikett nur ein alter Synonymname steht, das Objekt aber in ein anderes Regal entsprechend der aktuellen Taxonomie eingeordnet wurde bzw. umgekehrt. Oder falls es "Mischproben" mit mehreren Taxa gibt, die aber unter einem bestimmten Taxon ins Regal eingeordnet sind. Kann ebenfalls weggelassen werden.

**Herkunft:** Angabe einer Person/Institution, von der das Objekt erworben wurde. Hierbei handelt es sich um ein sog. "Listenfeld", das "mitlernt":

### Exkurs: Die Benutzung von "mitlernenden Listenfeldern"

Diese Felder begegnen uns in Specify häufig, nämlich immer dann, wenn Personen involviert sind (z. B. Sammler, Bestimmer), oder bei der Eingabe von Fundorten, Bestimmungen und Literatur. Die grundlegende Benutzung dieser Felder ist immer gleich. Man muss nur wissen, auf welche Eingaben ein Feld reagiert, damit eine Auswahlliste angezeigt wird.

- 1. Sie brauchen im Fall des Feldes *Herkunft* z. B. nur die ersten paar Buchstaben des Nachnamens eingeben, und dann die Returntaste drücken. Beispiel: Sie wollen "E. Müller" eingeben. Schreiben Sie also "Mül" in das Feld (ohne Anführungszeichen), und drücken Sie Return.
- 2. Eine Auswahlliste bzw. die sogenannte <Add>-Option erscheint.



- 3. Sie können nun entweder einen Namen aus der Auswahlliste auswählen (Maus oder Pfeiltasten benutzen), oder wählen Sie die <Add>-Option und drücken Sie erneut *Return*.
- 4. Wenn noch keine Namen eingegeben sind, die der Anforderung entsprechen, wird <Add> automatisch ausgewählt, da es dann die einzige Option ist, die zur Verfügung steht. Drücken Sie in diesem Fall einfach erneut auf *Return*.

- 5. Wählen Sie dann aus, ob eine Person oder eine sonstige Institution o. ä. eingegeben werden soll.
- 6. Ein neues Eingabefenster erscheint. Die eingegebenen Buchstaben befinden sich bereits im Feld Nachname. Machen Sie die restlichen gewünschten Angaben.
- 7. Wenn Sie fertig sind, drücken Sie *Speichern*. Das Fenster schließt sich, der Name erscheint im Feld.

Wenn Sie einen neuen Namen eingegeben haben, steht dieser nun in allen anderen personenbezogenen Feldern als Auswahlmöglichkeit zur Verfügung.

**Datum Erwerb:** Geben Sie das Datum an, Format TT/MM/JJJJ. Fehlende Angaben (z.B. wie bei 09/2004) werden automatisch durch Nullstellen ersetzt (= 00.09.2004).

**Präparatenummer:** Hier können Sie eine alphanumerische, d. h. aus Zahlen und Buchstaben bestehende Kennzeichnung des Objektes eingeben, z. B. S 533. Dieses Feld kann auch für den Barcode des Objektes genutzt werden. Ein Barcode kann, falls erwünscht, mit Specify ausgedruckt werden.

**Kuratorische Kennung:** Dient zur genauen Kennzeichnung eines Einzelobjektes. Wenn man z. B. eine Kiste hat, in der ein Schädel, ein Fuß und dann noch ein Objektträger mit einem mikroskopischen Präparat liegt, alles vom gleichen Objekt und alles unter derselben Nummer (S 533), sollte man für jedes Präparat eine eigene Tabellenzeile anlegen. Man kann diese Präparate dann auch separat verleihen. Zum besseren auseinanderhalten kann man dann in der kuratorischen Kennung z. b. 1, 2, 3 oder a, b, c eingeben, wenn alles den gleichen Barcode haben soll. Das macht aber nur dann Sinn, wenn entsprechendes auch auf einem Etikett vermerkt wird, damit die Zuordnung auch in der realen Sammlung klar wird.

**Präparationsmethode:** Hier haben wir ein Beispiel für ein "normales" Auswahllistenfeld. Wählen Sie einen der vorhandenen Einträge aus.

#### Exkurs: normale Auswahllisten

Listenfelder dieser Art, also ohne den kleinen Button daneben, lernen nicht mit, sondern sind festgelegt. Sie können also nur die Einträge auswählen, die bereits vorhanden sind.

Die Einträge, welche zur Auswahl bereit stehen, werden aber vom Nutzer selbst bestimmt und lassen sich ganz individuell festlegen. Näheres dazu im Anleitungsteil "Formularanpassung".

**Beschreibung:** z. B. für kurze Beschreibung des Präparats.

Verliehen?: Wenn Objekte verliehen sind, wird der Status in diesem Feld angezeigt.

**Details Präparierung/Bilder:** Durch drücken der Schaltfläche wird ein Formular geöffnet, das die Hinterlegung von Bildern erlaubt.

**Entwicklungsstadium/Geschlecht:** Auswahl treffen oder die Standardeinstellung <Keine Angabe> stehen lassen.

Vollständige Bestimmung: funktioniert wie das Feld Herkunft.

- 1. Geben Sie in diesem Fall die Anfangsbuchstaben des einzugebenden Taxons ein, und drücken Sie Return (Beispiel: *Rattus norvegicus*). Wählen sie dann ein Taxon aus der Liste aus, oder wählen Sie die <Add>- Funktion.
- 2. Wenn das Taxon nicht vorhanden ist (*Rattus abc*), und Sie die <Add>-Funktion ausgewählt und Return gedrückt haben, geschieht folgendes: Ein Fenster öffnet sich, in welches der neue Taxonname eingegeben werden kann.
- 3. Die paar Buchstaben, die sie eingegeben haben, stehen nun im Feld *Taxonname/Epitheton*. Diese Tatsache führt am Anfang häufig zu Verwirrungen, da Sie in den meisten Fällen einen Artnamen eingeben werden, der ja nun mal mit dem Genus beginnt. Das Genus hat aber in diesem Feld nicht verloren (es sei denn, Sie wollen tatsächlich nur ein Genus eingeben).
- 4. Entfernen Sie das Genus, schreiben Sie das Art- oder Unterartepitheton in das Feld, und geben Sie das Genus (bzw., wenn eine Unterart eingegeben werden soll, den kompletten binominalen Artnamen) in das Feld *Übergeordnetes TaxonID* ein. Hier reicht es wieder aus, nur die ersten paar Buchstaben einzugeben, und Return zu drücken. Es erscheint dann eine Auswahlliste.
- 5. Wählen Sie dann noch im Feld *RangID* den Rang des einzugebenden Taxons aus.
- 6. Die restlichen Angaben sind freiwillig. Auf die Felder Akzeptiert /Akzeptierte ID kann nicht zugegriffen werden. Das Feld Importquelle ist freizulassen (hier befindet sich nur dann ein Eintrag, wenn ein Name aus einer externen Quelle importiert wurde). Das Feld Vollständiger Taxonname füllt sich von selbst aus, indem es die Angaben aus den Feldern Höherrangiges Taxon und Taxonname/Epitheton kombiniert.

Wenn Sie bei der Eingabe einer neuen Art oder Unterart feststellen, dass auch das übergeordnete Taxon noch nicht in der Datenbank vorhanden ist, müssen Sie zunächst dieses Taxon eingeben, und ihm ebenfalls ein übergeordnetes Taxon zuweisen (z. B. eine Familie).

Die Eingabe neuer Taxa über das Haupteingabeformular ist für Neueinsteiger relativ kompliziert. Man gewöhnt sich aber schnell daran, wenn man das Prinzip einmal durchschaut hat, und dann geht die Dateneingabe wesentlich schneller voran als mit Hilfe anderer Systeme.

Zur Verdeutlichung: Bi- oder trinominale Namen setzen sich in Specify folgendermaßen zusammen:

**Art**, **Unterart**: Übergeordnetes Taxon + Epitheton = Vollständiger Taxonname

d. h. Genus + Artepitheton = Art Art + Unterartepitheton = Unterart

Alternativ dazu kann man Taxa auch über den *Taxonomischen Baum* eingeben, was einfacher ist. Dazu muss man aber das Hauptformular verlassen. Die Eingabe neuer Taxa über den *Taxonomischen Baum* ist also ein separater Arbeitsschritt im Gegensatz zur Eingabe von Sammlungsobjekten. Näheres siehe Abschnitt Arbeiten mit dem taxonomischen Baum.

**Aktuell?** : Hierbei handelt es sich um einen Ja/Nein-Button, der folgende Einstellungen aufweisen kann: Ja /Nein , Kästchen leer= Keine Angabe.

Eine Bestimmung muss immer als *Aktuell* markiert werden. Das heißt nicht zwangsläufig, dass der Name auch gemäß der aktuellsten Nomenklatur der gültige Name sein muss. Es geht hier nur darum, eine Bestimmung als aktuell gültig zu kennzeichnen. Im Regelfall ist

die jüngste Bestimmung die aktuellste, es sei denn man erkennt sie als falsch, und eine ältere Bestimmung auf dem Etikett wäre richtig. Dann sollte letztere die aktuelle Bestimmung sein.

**Bestimmer/inID:** Gleiches Prinzip wie im Feld *Herkunft*. Erste Buchstaben des Nachnamens angeben, Returntaste drücken, usw.

**Rolle Bestimmer:** Hier können Sie eingeben, was der Bestimmer denn nun eigentlich gemacht hat: conf., det. , rev. ...

**Datum:** TT/MM/JJJJ der Bestimmung, falls vorhanden.

**Typus?:** Ist der Beleg ein Typus? Ja /Nein, Kästchen leer= Keine Angabe.

**Typuszuweisung:** Falls das Objekt ein Typus ist, kann man hier angeben, was für einer es ist, z. B. Holotypus.

**Bemerkungen:** hier ist Platz für alles, was sonst noch wichtig ist, z. B. ob man sich bei einer Bestimmung unsicher ist, etc.

**Zur Bestimmung allgemein:** Jedes Objekt kann mehrere Bestimmungen erhalten. Dazu einfach eine leere Zeile anklicken oder im Formular auf *Neu* klicken.

Wenn Sie sich die Mühe machen wollen, können Sie z. B. eine komplette Bestimmungshistorie eingeben oder den taxonomisch gültigen Namen immer als aktuellste Bestimmung hinzufügen, was aber mit entsprechendem Arbeitsaufwand verbunden. Alternativ dazu schreiben viele alte oder neue Namen einfach in das Bemerkungsfeld.

Ob eine Bestimmung ein Synonym zu einem aktuellen Namen ist, erkennt man, wenn man auf im Formular auf den Button neben *Vollständige Bestimmung* klickt (*Akzeptiert* Ja/Nein, *AkzeptierteID* sind dann ausgefüllt).

Entwicklungsstadium/Geschlecht: Wert aus der Liste auswählen.

**FundortID:** Funktioniert auch wie das Feld *Herkunft*. Geben Sie hier die ersten paar Buchstaben des Fundortes an (Beispiel: Spreeufer). Wählen Sie einen Eintrag aus. Ist noch gar nichts an passenden Fundorten vorhanden, nutzt man wieder die <Add>Funktion. Die *FundortID* setzt sich später aus allen Angaben zusammen, die in den Feldern des Fundort-Formulars gemacht wurden.

Die Angaben zur Geographie im Formular Fundort sind hierarchisch: D.h. wenn ein Kontinent ausgewählt wird, stehen nur noch die Ländercodes dieses Kontinents zur Auswahl, wird DE gewählt, nur noch die deutschen Bundesländer, wählt man Bayern, nur noch bayrische Städte usw.

Diese Auswahllisten stellen eine große Ausnahme zu den anderen "normalen" Auswahllisten dar: sie sind nicht festgelegt, sondern können ergänzt werden. Das Feld *Fundort* muss ausgefüllt werden.

**Originalzitat Fundort:** Kann Angaben aufnehmen, die sich nicht zu einem sinnvollen, aktuell gültigen Fundort verarbeiten lassen, z. B. Angaben wie "Rhodesien", "Konstantinopel", oder unleserliche, lateinische Angaben usw. Im Fundort-Fenster könnte man dann statt Rhodesien unter Land Simbabwe angeben.

Beschreibung Habitat: Freilassen oder Text eingeben.

**Sammeldatum:** TT/MM/JJJJ (Teilangaben sind auch hier möglich)

**Datum in Worten:** Wenn diffuse Datumsangaben gemacht wurden, können die hier mit hinein, z. B. Spätsommer 1867.

**Sammler/in:** Wie Feld *Bestimmer* oder *Herkunft*. Da es mehrere Sammler geben kann, müssen diese im Feld *Rang* durchnummeriert werden (nervt zwar etwas, macht Specify aber leider noch nicht automatisch-- eine Änderung ist hier jedoch geplant). Das gleiche Prinzip wird übrigens auch bei den Autoren im Literaturblock angewandt.

**Generelle Bemerkungen:** nimmt alles auf, was sonst nicht untergebracht werden kann, oder was einem noch einfällt zum Objekt.

**Literatur:** Wie Bestimmer oder Herkunft. Bei Zeitschriftenartikeln müssen z. B. die ersten paar Buchstaben des Artikeltitels eingegeben werden.

#### Automatisch ausfüllende Felder:

Die Felder *Eingetragen am/Geändert am* füllen sich automatisch aus. Ebenso das Feld *Letzte Änderung durch.* Hier taucht der Benutzername der Person auf, welche die Änderung vorgenommen hat.

Auf den Button Speichern drücken, Datensatz abspeichern, fertig!

<u>Beispiele</u>: Auf einem gesonderten Blatt finden Sie einige Bespiele von Belegen, die eingegeben werden können.

# Weitere hilfreiche Optionen zur Dateneingabe

Bevor man einen neuen Datensatz eingibt, kann man im Menü *Optionen* die Option *Daten übertragen* auswählen (Option wird markiert durch schwarzen Punkt).

Dann wird alles, was man gerade eingegeben hat, in den nächsten Datensatz kopiert. Lohnt sich vor allem dann, wenn man viele ähnliche Angaben machen muss, z. B. wenn das Taxon gleich bleibt oder der Fundort usw. Alles andere ändert man entsprechend des neuen Beleges ab. Die meisten Specify-Nutzer nutzen diese Funktion ständig. Auf diese Weise kann man sehr schnell Daten eingeben, man muss sich allerdings auch sehr konzentrieren, damit man nicht versehentlich falsche Daten "mitschleppt".

#### Sonstige Dateneingabeoptionen

Evtl. vorhandene Listen o. ä. können auch separat als "Hintergrunddaten" in die entsprechenden Formulare eingegeben werden. Diese lassen sich aufrufen über das Specify-Hauptfenster, Menü *Sammlungsdaten*. Hier z. B. *Fundorte*, *Beteiligte* o. ä. aufrufen.

#### Taxonomischer Baum

Taxonomische Dateien im ITIS-Format lassen sich in Specify importieren (Menü *Taxonomischer Baum>Taxonomische Daten importieren*) (ITIS = Integrated Taxonomic Information System). Eine aktuelle Übersicht der aktuell bei ITIS vorhandenen Daten finden Sie unter www.itis.usda.gov/status.html. Alternativ dazu können auch vorhandene Artenlisten (z. B. in Excel o ä.) in das ITIS-Format überführt und dann importiert werden. Die manuelle Eingabe einzelner Taxa ist ebenfalls möglich (aber i. d. R. zeitaufwändiger).

### Beispiel: Taxonomischen Baum aufrufen und Taxon eingeben

1. Über das Menü *Taxonomischer Baum* die Option *Taxonomischen Baum anzeigen* auswählen. Der Baum erscheint. Durch Anklicken der kleinen "+"-Symbole kann man die Verzweigungen öffnen (ähnlich Windows-Explorer).



- 2. Drücken Sie 1x auf die rechte Maustaste, wenn sich der Mauszeiger im Fenster mit der Baumstruktur befindet. Ein Pop-up-Menü erscheint. Wählen Sie die Option *Gehe zu…* aus.
- 3. Ein kleines Dialogfeld erscheint. Geben Sie z. B. *Rattus* ein und drücken Sie OK.
- 4. Der Baum ruft die Gattung *Rattus* auf. Klicken Sie auf das Pluszeichen neben *Rattus* um alle untergeordneten Taxa anzuzeigen.
- 5. Falls *Rattus* noch nicht blau markiert ist, klicken Sie einmal auf *Rattus* (linke Maustaste), der Name wird blau hinterlegt.
- 6. Klicken Sie dann mit der rechten Maustaste auf *Rattus*. Ein Pop up-Menü erscheint. Wählen Sie die Option *Neu…* aus.
- 7. Das Fenster *Taxondetails* erscheint, Sie können ein neues Taxon eingeben, das zur Gattung *Rattus* gehören soll. Geben Sie z. B. "erfindibus" in das Feld *Taxonname/Epitheton* ein. Ergänzen Sie ggf. einen Autorennamen. Wählen Sie den Rang aus (z. B. Art). Drücken Sie *Speichern*.
- 8. Das Fenster schließt sich, und *Rattus erfindibus* erscheint im taxonomischen Baum.

# II. Daten abfragen und ändern

Die Daten werden abgefragt über die Registerkarte *Filter*. Diese muss dazu in den Vordergrund geholt werden.

Wenn die Registerkarte *Filter* mit dem Filterbaum im Vordergrund liegt, haben Sie verschiedene Möglichkeiten, die Datenbank abzufragen. Dabei kann auf alle Felder des ausgewählten Formulars zugegriffen werden. Es besteht außerdem die Möglichkeit, Abfragen zu speichern und wieder aufzurufen, so dass die Abfragegerüste nicht jedes Mal neu gestaltet werden müssen.

## Beispiele: Specify-Oberfläche "Mammalia", Hauptformular Sammlungsobjekte

Aufrufen der Registerkarte Filter:

- 1. Nach dem Einloggen: Specify-Assistenten schließen (falls er sich öffnet).
- 2. Über das Menü Sammlungsdaten die Option Sammlungsobjekte auswählen.

🚯 Spe	ecify			
Datei	Sammlungsdaten	Transaktionen	Taxonomischer Baum	Hilfe
	Sammlungsobje	kte		
	Sammlungsever	nts 🔨		
	Fundorte			
	Geographische	Daten		
	Beteiligte			
	Literatur			
	Taxonname			
	Projekt			
	Zeitschrift			
	Andere			

3. Ein Dialogfeld öffnet sich. Als Abfrage *Neue Abfrage* auswählen (ist bereits markiert, also einfach OK drücken).

💱 Bitte wählen Sie eine Abfrage aus: 📃 🗖 🗙
Neue Abfrage>
🖶 Vordefinierte Abfragen
Web
🗄 Mammalia
OK Cancel

4. Das Abfragefenster mit dem Filterbaum öffnet sich.

### Beispiel 1: Anzeigen aller Belege sortiert nach Katalognummer

 Wollen Sie z. B. alle Belege nach Specify-Katalognummer sortiert anzeigen, dann klicken Sie im Filterbaum 1x auf das graue Kästchen neben *Katalog#* (dazu müssen evtl. Verzweigungen durch Anklicken der kleinen "+"-Symbole geöffnet werden).



2. Die entsprechende Abfragezeile erscheint in der unteren Fensterhälfte.

6	Samml	ungsobjekte			
F	ilter D	atenformular 📗	Tabelle Berichte		
F	- 📰 Sa	mmlungsobjek	e		
	- <u>È</u> -®	Säugetier			
	ė.	📲 🕆 Sammlun	gsobjektkatalog		
		🗄 😨 Säug	etier		
		Ē₽₽₽ K	atalogserienID		
		IRINA	atalog#		
		:::::: S	tandort		
			Liegt unter" Name		
			lerkunft		
			latum Erwerb		
	-	Sammlun	gsobjekt		
		E- 😍 Saug	etierpraparation		
		50051 F	räparatenummer		
		- 1000 K	uratorische Kennung		
			It der Praparation		
		±	bgeleitet voniD		
			eschreibung Mahaila Daife adamme /Dildaa		
			etalis Praparlerung/Bilder		
		- 🚡 Eigenson	alten/Merkinale biol. Objekt		
			euer		-
Η.					
<u> </u>	nzeigen	Sortieren	Feldname	Nicht Uperator	Kriterien
	<b>V</b>		Katalog#		

Exkurs: Elemente der Abfragezeile

Eine typische Abfrage setzt sich aus einem **Operator** und einem **Suchkriterium** zusammen. Das Operatorenfeld spezifiziert den Operator, den die Abfrage zur Suche einsetzen wird, wie z. B. Zwischen, <, >, In, Leer . Verfügbare Operatoren erscheinen in einer Auswahlliste. Die Liste der verfügbaren Operatoren ist abhängig vom Datentyp des ausgewählten Feldes.

### Operatoren

Die Registerkarte *Filter* hält vier Operatorensätze bereit-- je einen Operatorensatz für jede Datenart, die in einem Feld enthalten sein kann.

- Operatoren für Ja/Nein Schaltflächen
- Operatoren für Zahlenangaben
- Operatoren für Text
- Operatoren für Datumsangaben

### Häufig verwendete Operatoren

- "=" findet alle Belege, bei denen das angegebene Kriterium dem Feldinhalt genau entspricht (Zahlenfelder)
- "<" findet alle Belege, bei denen der Feldinhalt kleiner ist als das angegebene Kriterium (Zahlenfelder)
- ">" findet alle Belege, bei denen der Feldinhalt größer ist als das angegebene Kriterium (Zahlenfelder)
- "Ähnlich wie" erlaubt die Eingabe des Platzhalters \* in das Kriterienfeld. Findet alle Einträge, die dem Suchmuster entsprechen (Textfelder)
- "Enthält" findet alle Einträge, die im ausgewählten Feld eine bestimmte Zeichenfolge enthalten (Textfelder)

- "Vor" findet alle Einträge vor einem bestimmten Datum (Datumsfelder)
- "Nach" findet alle Einträge nach einem bestimmten Datum (Datumsfelder)

#### Suchkriterien

Ein Suchkriterium wird zusammen mit dem Operator dazu genutzt wird, einen genauen Abfrageausdruck zu erstellen. Wenn Sie z. B. alle Belege mit einer Katalognummer größer 1300 suchen wollten, wäre ">" der passende Operator und 1300 das Suchkriterium.

Mehrteilige Kriterien, z. B. die Grenzwerte für den "Zwischen" Operator, werden durch Kommata getrennt.

Das Abfrageformular weist neben dem Operatoren- und Kriterienfeld noch weitere Felder auf:

- Nicht: Durch Anklicken des Ankreuzkästchens unterhalb von *Nicht* wird die Wirkung eines Operators ins Gegenteil umgekehrt. Wenn Sie z. B. den "=" Operator auswählen und dann Nicht markieren, werden alle Feldeinträge gesucht, die das eingegebene Suchkriterium nicht enthalten.
- **Sortieren:** Die Schaltfläche *Sortieren* bestimmt, ob die gesuchten Belege in aufsteigender (Pfeil nach oben) oder absteigender (Pfeil nach unten) Reihenfolge angezeigt werden sollen. Wenn kein Pfeil angezeigt wird (Button grau), erfolgt keine Sortierung, und die Belege werden ungeordnet angezeigt. Falls Sie mehrere Felder zur Sortierung auswählen, verläuft die Sortierreihenfolge der Abfragefelder von oben nach unten.
- **Anzeigen:** Über die Option *Anzeigen* kann bestimmt werden, ob das ausgewählte Feld im Fenster *Abfrageergebnisse* angezeigt werden soll oder nicht (das Fenster Abfrageergebnisse wird über das Menü *Abfrage>Abfrageergebnisse* aufgerufen).
- 3. Klicken Sie auf den Button *Sortieren*, bis ein Pfeil erscheint der nach oben zeigt. Vergewissern Sie sich, dass im Abfragformular der Operator "=" ausgewählt wurde. In das Feld mit der Überschrift *Kriterien* geben Sie in diesem Fall nichts ein.

Anzeigen	Sortieren	Feldname	Nicht Operator Kriterien
V		Katalog#	

4. Wenn Sie jetzt die Registerkarte *Tabelle* nach vorne holen (Kartenreiter anklicken), werden die Einträge in aufsteigender Reihenfolge angezeigt. In der Tabelle bewirkt ein Doppelklick auf eine Tabellenzeile, dass das Datenblatt des angeklickten Eintrags aufgerufen wird. Im Datenformular kann man durch drücken der Pfeilbuttons am unteren Fensterrand hin- und herblättern zwischen einzelnen Datensätzen.



Im eben vorgestellten Beispiel wurde zur Ausgabe der Abfrageergebnisse die Registerkarte *Tabelle* genutzt. Die Registerkarte *Tabelle* ist vorkonfiguriert, nur ganz bestimmte Datenfelder anzuzeigen, wie z. B. die Katalognummer oder die Bestimmung eines Objektes. Sie brauchen also nur eine minimale Anzahl an Feldern für die Abfrage auswählen, um auf alle wesentlichen Informationen schnell zugreifen zu können.

- 5. Holen Sie die Registerkarte *Filter* erneut nach vorne. Sie können die bestehende Abfrage bearbeiten, indem Sie die Suchkriterien ändern. Z. B. in das Feld Kriterien "5" eingeben (ohne Anführungszeichen), um nur den Beleg mit der Katalognummer 5 anzuzeigen. Oder nur die Belege 1-10 aufrufen ("1,10" ohne Anführungszeichen in das Feld Kriterien eingeben, als Operator "Zwischen" auswählen). Die Ergebnisse können eingesehen werden, wenn die Registerkarte *Tabelle* oder *Datenformular* nach vorne geholt wird.
- 6. Wenn Sie die Abfrage beenden wollen, drücken Sie den Schließen-Button ("x") in der oberen rechten Fensterhälfte. Ein Dialogfeld fragt, ob Sie die Abfrage speichern möchten. Drücken Sie Ja, wenn die Abfrage gespeichert werden soll. Geben Sie ggf. einen Namen ein und drücken Sie OK. In diesem Beispiel drücken Sie aber einfach auf Nein.

### Beispiel 2: Anzeigen aller Belege der Familie Felidae

- 1. Öffnen Sie das Menü Sammlungsdaten und wählen Sie Sammlungsobjekte aus.
- 2. Ein Dialogfeld fordert Sie auf, eine Abfrage auszuwählen. Wählen Sie *Neue Abfrage* und drücken Sie OK.
- 3. Öffnen Sie in der Filteransicht das Menü *Optionen* und markieren Sie *Vereinfachte taxonomische Suche* (anklicken).



- 4. Wählen Sie zunächst das Feld Katalognummer aus und drücken Sie in der Abfragezeile auf den Button *Sortieren*, bis der rote Pfeil nach oben zeigt.
- 5. Suchen Sie nach der Familie Felidae, indem Sie das Feld *Vollständiger Taxonname* unter *Familie* aufrufen (dazu zunächst die Verzweigung *Vollständige Bestimmung* öffnen), dann als Operator "=" auswählen und in das Feld Kriterien "Felidae" eingeben (ohne Anführungszeichen)

🚱 Sam	mlungsobjekt	:e		
Filter	Datenformular	Tabelle Berichte		
		Vollständige Bestimmung		
		🐨 Saugettei 🖮 🐨 Beich		
		🗄 🛞 Stamm		
		🗄 💿 Unterstamm		
		🗄 😨 Klasse		
		🗄 👻 Unterklasse		
		Ordeung		
		Taxonname/Epitheton		
		Autor/Datum		
		Vollständiger Taxonname		
		Akzeptiert		
	Bemerkungen zum Taxon			
	ImportQuelle			
		🗄 😍 Unterfamilie		
· · ·				
Anzeig	gen Sortieren	Feldname	Nicht Operator	Kriterien
~	4	Katalog#		
		Vollständiger Taxonname	🗆 In 💌	Felidae

- 6. Holen Sie die Registerkarte *Tabelle* nach vorne, um die Ergebnisse einzusehen.
- 7. Schließen Sie das Fenster. Sie werden gefragt, ob Sie die Abfrage speichern wollen. Drücken Sie *Nein*.

### Beispiel 3: Anzeigen aller Belege von Rattus norvegicus

- 1. Öffnen Sie das Menü Sammlungsdaten und wählen Sie Sammlungsobjekte aus.
- 2. Ein Dialogfeld fordert Sie auf, eine Abfrage auszuwählen. Wählen Sie *Neue Abfrage* und drücken Sie OK.
- 3. Vergewissern Sie sich in der Filteransicht im Menü *Optionen*, ob die *Vereinfachte taxonomische Suche* aktiviert ist (markiert durch Häkchen), und markieren Sie die Option ggf.



4. Wählen Sie zunächst das Feld *Katalognummer* aus und drücken Sie in der Abfragezeile auf den Button *Sortieren*, bis der rote Pfeil nach oben zeigt.

5. Suchen Sie nach *Rattus norvegicus*, indem Sie das Feld *Vollständiger Taxonname* unter *Art* aufrufen, und dann in das Feld Kriterien "*Rattus norvegicus*" eingeben. Als Operator wird "=" eingestellt.

l	Anzeigen	Sortieren	Feldname	Nicht Operator Kriterien
	•	4	Katalog#	
	V		Vollständiger Taxonname	🗖 😑 💽 Rattus norvegicus

- 6. Holen Sie die Registerkarte *Tabelle* nach vorne, um die Ergebnisse einzusehen.
- 7. Schließen Sie das Fenster. Sie werden gefragt, ob Sie die Abfrage speichern wollen. Drücken Sie Nein.

# Beispiel 4: Aufrufen aller Belege, die im Zoologischen Garten Hagenbeck gesammelt wurden

- 1. Öffnen Sie das Menü Sammlungsdaten und wählen Sie Sammlungsobjekte aus.
- 2. Ein Dialogfeld fordert Sie auf, eine Abfrage auszuwählen. Wählen Sie *Neue Abfrage* und drücken Sie OK.
- 3. Wählen Sie zunächst das Feld Katalognummer aus und drücken Sie in der Abfragezeile auf den Button *Sortieren*, bis der rote Pfeil nach oben zeigt.
- 4. Klicken Sie in der Registerkarte *Filter* das Pluszeichen neben der Verzweigung *Fundort1D* an. Weitere Zweige werden angezeigt.
- 5. Klicken Sie anschließend das Feld *Fundort* an.
- 6. Das entsprechende Abfrageformular erscheint in der unteren Fensterhälfte. Vergewissern Sie sich, das der Operator "Ähnlich wie" ausgewählt wurde (Standardeinstellung). Geben Sie im Kriterienfeld den gewünschten Fundort an, nach dem gesucht werden soll, hier "Zoologischer Garten Hagenbeck" (ohne Anführungszeichen).

Anzeigen	Sortieren	Feldname	Nicht Operator	Kriterien
	<b></b>	Katalog#		
2		Fundort	🗆 Ähnlich wit	Zoologischer Garten Hagenbeck

Sie können auch "Zoo\*" eingeben (ohne Anführungszeichen), um alle Fundorte zu finden, die mit der Zeichenfolge "Zoo" beginnen.

- 7. Holen Sie die Registerkarte *Tabelle* nach vorne. Alle Belege vom gesuchten Fundort sollten in der Tabelle angezeigt werden.
- 8. Per Doppelklick auf eine Zeile der Tabelle können Sie sich das vollständige Datenblatt des entsprechenden Sammlungsobjektes ansehen.

9. Schließen Sie das Fenster, um die Abfrage zu beenden. Sie werden gefragt, ob Sie die Abfrage speichern wollen. Drücken Sie Nein.

# Beispiel 5: Suche nach allen Belegen, die von Sammlern mit dem Nachnamen "Nowak" gesammelt wurden

- 1. Öffnen Sie das Menü Sammlungsdaten und wählen Sie Sammlungsobjekte aus.
- 2. Ein Dialogfeld fordert Sie auf, eine Abfrage auszuwählen. Wählen Sie *Neue Abfrage* und drücken Sie OK.
- 3. Wählen Sie im Filterbaum das Feld *Katalognummer* aus. Geben Sie kein Kriterium an, sondern drücken Sie den Button sortieren, bis der rote Pfeil nach oben zeigt.
- Öffnen Sie nun den Pfad: Sammler/innen>Sammler/in>Person und wählen Sie das Feld Nachname aus. Die entsprechende Zeile erscheint im Abfrageformular in der unteren Hälfte der Registerkarte. Geben Sie "Nowak" (ohne Anführungszeichen) in das Kriterienfeld ein.



Anzeiger	Sortieren	Feldname	Nicht Operator Kriterien
•		Katalog#	=
~		Nachname	E Nowak

- 5. Rufen Sie die Registerkarte *Tabelle* auf (Kartenreiter anklicken), wenn Sie sämtlich Objekte ansehen wollen, die von Sammlern namens "Nowak" gefunden wurden.
- 6. Schließen Sie das Fenster, um die Abfrage zu beenden. Sie werden gefragt, ob Sie die Abfrage speichern wollen. Diesmal drücken Sie Ja.
- 7. Speichern Sie die Abfrage unter dem Namen "Sammlerabfrage" (ohne Anführungszeichen) ab.

Specify
Bitte geben Sie einen Namen für die Abfrage ein:
Sammlerabfrage
,
OK <sub>N</sub> <u>A</u> bbrechen

<u>Beispiel 6</u>: Suche nach allen Belegen, die von Gregor Nowak in Deutschland gesammelt wurden.

- 1. Öffnen Sie das Menü *Sammlungsdaten* und wählen Sie die Option *Sammlungsobjekte* aus.
- 2. Ein Dialogfeld fordert Sie auf, eine Abfrage auszuwählen. Wählen Sie die zuvor abgespeicherte Abfrage "Sammlerabfrage" aus und drücken Sie OK.

😚 Bitte wählen Sie eine Abfrage aus:
🖫 Vordefinierte Abfragen
Web
🗄 Mammalia
Katalogseite_1 <mark>Sammlerabfrage</mark> Tabellendruck_1
OK Cancel

- 3. Die Abfrage wird geladen, und erscheint im Filterfenster.
- 4. Die Suche muss nun stärker eingeschränkt werden. Rufen Sie dazu das Feld Vorname auf, wählen Sie den Operator "=" und geben Sie Gregor ein.

Anzeigen	Sortieren	Feldname	Nicht Operator Kriterien
~	4	Katalog#	-
		Nachname	🗆 😑 🔽 Nowak
		Vorname	🗖 = 💽 Gregor

- Nun wählen Sie über die Verzweigungen FundortID>Geographische Daten das Feld Land aus (graues Kästchen anklicken). Als Operator wählen Sie "=" aus, als Kriterium geben Sie "DE" ein.
- 6. Holen Sie die Registerkarte *Tabelle* nach vorne. Eine Übersicht der Datensätze erscheint.
- 7. Schließen Sie das Fenster. Sie werden gefragt, ob die Änderungen an der Abfrage gespeichert werden sollen. Drücken Sie Ja.

# <u>Beispiel 7</u>: Suche nach allen Belegen von *Rattus norvegicus*, die von Gregor Nowak in Deutschland gesammelt wurden.

1. Öffnen Sie das Menü *Sammlungsdaten* und wählen Sie die Option *Sammlungsobjekte* aus.

- 2. Ein Dialogfeld fordert Sie auf, eine Abfrage auszuwählen. Wählen Sie die zuvor abgespeicherte Abfrage "Sammlerabfrage" aus und drücken Sie OK.
- 3. Die Abfrage wird geladen, und erscheint im Filterfenster.
- 4. Öffnen Sei das Menü *Optionen* und markieren Sie *Vereinfachte taxonomische Suche* (anklicken), falls es noch nicht markiert sein sollte.



- 5. Suchen Sie nach *Rattus norvegicus*, indem Sie das Feld Vollständiger Taxonname unter Art aufrufen (dazu zunächst die Verzweigung *Vollständige Bestimmung* öffnen), und dann in das Feld Kriterien "*Rattus norvegicus*" eingeben (ohne Anführungszeichen). Als Operator wird "=" eingestellt.
- 6. Holen Sie die Registerkarte *Tabelle* nach vorne, um die Ergebnisse einzusehen.
- 7. Es fällt folgendes auf: Im Datensatz mit der Katalognummer 29 entdecken Sie einige Merkwürdigkeiten. Zwar ist als Land DE angegeben, der Fundort "Wien, Parkgelände beim Riesenrad im Prater" befindet sich allerdings mit Sicherheit in Österreich.
- 8. Machen Sie einen Doppelklick auf die entsprechende Tabellenzeile. Sie holen außerdem zur Überprüfung den Beleg aus der Sammlung. Auf Grund der Etikettenangaben bestätigt sich, dass Sie offenbar DE fälschlicherweise statt AT angegeben haben. Ihnen fällt außerdem auf, dass das vorliegende Exemplar nicht männlich, sondern weiblich ist.
- 9. Drücken Sie den Button *Bearbeiten* am unteren Fensterrand. Eine Editierbare Form des Formulars erscheint.
- 10. Ändern Sie nun zunächst das Geschlecht von männlich zu weiblich.
- 11. Dann Drücken Sie auf den Button mit den drei Pünktchen neben *FundortID*. Das Unterformular *Fundort* erscheint. Rufen Sie bei Land AT auf. Drücken Sie im Unterfomular auf *Speichern*.
- 12. Da Sie nun den Beleg schon in der Hand halten, fällt Ihnen zu allem Überfluss auf, dass es sich auch gar nicht um *Rattus norvegicus* handelt, sondern um *Rattus rattus*.

- 13. Machen Sie deshalb einen Doppelklick auf eine leere Zeile in der Tabelle mit den Angaben zur Bestimmung.
- 14. Geben Sie in das Feld Vollständige Bestimmung "Rattus r" ein (ohne Anführungzeichen), und drücken Sie *Return*. Wählen Sie *Rattus rattus* aus. In das Feld *Rolle Bestimmer* schreiben Sie "rev". Als *Bestimmer* geben Sie Ihren eigenen Namen an (füttern sie das Feld wieder mit den ersten paar Buchstaben des Nachnamens, und drücken Sie *Return*). Wählen Sie die <Add>-Option aus und drücken Sie *Return*. Geben Sie Ihren Namen ein. Drücken Sie *Speichern*. Speichern Sie auch im Fomular *Bestimmung* ab.
- 15. Angesichts der chaotischen Verhältnisse in der Sammlung schreiben Sie frustriert "Unser Personal muss unbedingt besser bezahlt werden und dafür gründlicher Arbeiten!!!" in das Feld *Bemerkungen* im Hauptformular.
- 16. Drücken Sie Speichern. Ihre Änderungen werden übernommen.
- 17. Schließen Sie das Fenster.

# III. Formularanpassung

#### Allgemeines: Aufrufen des Formulargenerators

Der Formulargenerator kann nur von Benutzern mit dem Status Administrator aufgerufen werden.

1. Im Specify-Hauptfenster (wenn nur die Menüzeile zu sehen ist), über das Menü Datei>Administration die Option Formulare anpassen aufrufen.

🗐 Specify	
Datei Sammlungsdaten	Transaktionen Taxonomischer Baum Hilfe
Administration	Formulare anpassen
Einstellungen	Benutzerkonten einrichten Öder bearbeiten
Beenden Ctrl+X	Sammlungseigenschaften ändern Web-Einstellungen Log-File der Web-Abfrage exportieren
	Gruppenidentifizierung von Objekten Doppelte Datensätze entfernen
	Datenbank Backup (Sicherungskopie) erstellen Datenbank wiederherstellen

2. Der Formulargenerator öffnet sich. Wählen Sie ein Formular zur Anpassung aus (ggf. auf den Button *Andere* drücken, um weitere Formulare anzuzeigen) und drücken Sie OK.

🚱 Wählen Sie ein Formular zur Anpassung aus	×
Akzessionen	
. Eeteiligte	
Ausleihen	
±Sammlungsevents	
i±. Sammlungsobjekte	
- Auslistungen	
– Tausch (Annahme)	
Geographische Daten	
Zeitschrift	
🗄 Verleih	
Fundorte	-
OK <u>Abbrechen</u> Andere	

## Beispiel 1: Ein Feld hinzufügen bzw. entfernen, Änderung von Feldbeschriftungen

- 1. Formulargenerator öffnen (über das Menü Datei>Administration die Option Formulare anpassen aufrufen).
- 2. Formular *Eigenschaften/Merkmale biol. Objekt* aufrufen (dazu den Button *Andere* benutzen). Option *Säugetier* markieren (wird blau hinterlegt) und OK drücken.



3. Das Formulargeneratorfenster des ausgewählten Formulars öffnet sich.

Aufbau:

Formular

🚱 Formulargenerator : Eigenschaften/Merkmale biol. Objekt [BiologicalObjectAttributes - Säugetier]				
Entwicklungsstadium	7	Geschlecht		

#### Ausrichtungswerkzeuge

Ausri	ichtur	ngswe	rkze	uge			×
Ţ	÷,	Ē	цŢП	-		1 X	
Ľ	ĵJ₽	۳,	ц Ц	ľ	•		B

Liste der verfügbaren Felder

😨 Verfügbare Felder 🛛 🗙
Bemerkungen [Remarks]
Breite [Width]
Eigenschaften biol. ÜbjektiD [BiologicalUbje
Entwicklungsstadium [Stage]
E Flugelspannweite [Wingspan]
Fortpflanzungszustand [ReproductiveLonditi
Carrieba By Arieba
□ Gewicht [Weight]
I Ja/Neini [řesnol]
L Ja/Nein2 [TesNo2]
La /Nein4 Meshe41
La /MainE MacMaEl
La /Neine MesNo61
La/Nein7 MesNo71
Länge [Length]
Lange [Longth]
Lange Flager [LengthWing]
Lange donade [congitidonad]
Länge Konf & Körner [LengthHeadBody]
Lange Kopf (LengthHead)
Lange Körper [LengthBody]

4. In der Liste der verfügbaren Felder per Mausklick ein Häkchen in das Ankreuzkästchen neben "Gewicht" setzen.

Gewicht [Weight]

Das Feld erscheint im Formular:

Formulargenerator : Eigenschaften/Merk	male biol. Objekt [BiologicalObjectAttributes -
Entwicklungsstadium	Geschlecht
Gewicht	

5. Nun einen Doppelklick auf dem Namen "Gewicht" in der Liste der verfügbaren Felder ausführen (dabei aber nicht das Ankreuzkästchen demarkieren). Ein Eigenschafts-Dialogfeld öffnet sich.

n BiologicalObjectAttributes.Weight [Reell]	_ 🗆 X
Felddefinition	×
Art des Bedienelementes Number Mask	
Benutzungshinweise (Deutsch)	×
Lesesicherheit Gast	-
Schreibsicherheit Teilberechtigter Benutzer	-
Beschriftung (Deutsch) Gewicht	
Beschriftung anzeigen 🔽	
Stellen 6	
Dezimalstellen 2	
Standardwert	
Min	
Max OK <u>A</u> bbrechen	

6. Ändern Sie den Wert im Feld *Beschriftung* zu "Gewicht in kg". Nehmen Sie ggf. weitere Änderungen vor und drücken Sie dann OK.

Beschriftung (Deutsch) Gewicht in kg

7. Die Änderung wird in das Formular übernommen. Per Drag & Drop mit der Maus können Sie das Feld verschieben. Nutzen Sie die Shift- und Pfeiltasten bzw. die Ausrichtungswerkzeuge, um die Formularelemente neu anzuordnen. Wenn Sie ein Feld anklicken, wird dieses durch schwarze "Griffe" markiert.

🌍 Formulargenerator : Eigenschaften/Merkmale b		
Entwicklungsstadium	V	
Geschlecht	V	
Gewicht in kg		

Tastaturbefehle:

- Alt Gr und Shift gedrückt halten, Pfeiltasten drücken: Verschieben
- Nur Shift gedrückt halten, Pfeiltasten drücken: Größe ändern

- Feld anklicken, Shift drücken und gedrückt halten, dann weiteres Feld anklicken: Beide werden als Gruppe markiert, die dann zusammen verschoben oder geändert werden kann.
- 8. Speichern Sie Ihre Änderungen über das Menü *Datei>Speichern* ab. Schließen Sie aber noch <u>nicht</u> das Fenster.

## Beispiel 2: Ändern einer festgelegten Auswahlliste

1. Führen Sie nun in der Liste der verfügbaren Felder einen Doppelklick auf "Entwicklungsstadium" aus (ohne dabei das Ankreuzkästchen zu demarkieren). Es öffnet sich wieder ein Dialogfeld mit den Eigenschaften des Feldes.

🚱 BiologicalObjectAttributes.Stage [Text]	- D ×
Auswahlliste bearbeiten	
Felddefinition	A
Art des Bedienelementes List	
Benutzungshinweise (Deutsch)	×
Lesesicherheit Gast	-
Schreibsicherheit Teilberechtigter Benutzer	-
Beschriftung (Deutsch) Entwicklungsstadium	
Beschriftung anzeigen 🔽	
Auswahlliste <keine angabe=""> adult juvenil</keine>	
Standardwert Keine Angabe>	
OK <u>A</u> bbrechen	

- 2. Da es sich diesmal um ein Auswahllistenfeld handelt, können Sie nun die Auswahlliste bearbeiten.
- 3. Klicken sie dazu im Dialogfeld auf das Menü *Auswahlliste bearbeiten*, und wählen Sie z. B. die Option *Hinzufügen* aus. Zum Löschen oder Bearbeiten eines Wertes muss dieser vorher in der Liste markiert werden.



 Ein kleines Dialogfeld öffnet sich, in das Sie einen Wert eintragen können, hier z. B. halbstark.

Specify
Geben Sie einen neuen Wert ein: halbstark

5. Drücken Sie auf OK. Sie werden um Bestätigung gebeten.

Sicher?	×
Diesen Wert zur Auswahlliste hinzufügen? (halbstark	)
Ja	

- 6. Drücken Sie Ja. Der Wert wird in die Liste aufgenommen.
- 7. Drücken Sie auf OK, um das große Dialogfeld zu schließen.
- 8. Speichern Sie ab über das Menü Datei>Speichern.
- 9. Rufen Sie dann über das Menü *Datei>Öffnen* das Sammlungsobjekte-Hauptformular auf: *Sammlungsobjekte>Säugetier* und drücken Sie OK.
- 10. Das Formular öffnet sich in der Formulageneratoransicht.
- 11. Klicken Sie auf das Unterformular mit den Eigenschaften. Es wird durch kleine, schwarze "Griffe" markiert.
- 12. Wählen Sie im Menü *Bearbeiten* die Option *Unterformular* aus. Sie können dann auf die Felder im Unterformular zugreifen.
- 13. Fügen Sie das Feld *Gewicht in kg* hinzu, in dem Sie es in der Feldliste ankreuzen.
- 14. Das Feld erscheint in Formular. Verschieben Sie es evtl. mit der Maus und ändern Sie ggf. die Größe.

- 15. Wählen Sie im Menü *Bearbeiten* die Option *Bearbeitung des Unterformulars beenden* aus, um die Bearbeitung des Unterformulars zu beenden.
- 16. Speichern Sie Ihre Änderungen über das Menü *Datei>Speichern* ab. Schließen Sie aber noch <u>nicht</u> das Fenster.

#### Beispiel 3: Ändern des Feldtyps/medienverlinkte Felder

- 1. Rufen Sie nun über das Menü *Datei>Öffnen* das Formular *Adresse Beteiligte/r>Person* auf (über den Button *Andere*)
- 2. Klicken Sie im Formular auf das Feld URL. Es wird mit schwarzen "Griffen" markiert.
- 3. Wählen Sie nun im Menü *Bearbeiten>Feldtyp* die Option *URL-/Datei-Betrachter* aus.
- 4. Neben dem Feld erscheint ein Knopf. Dieser kann später im Formular genutzt werden, um einen Pfad aufzurufen, der in das Feld eingegeben wird.
- 5. Die Menüoption *Bearbeiten>Feldtyp* kann auch genutzt werden, um Unterformulare als Tabellen oder Schaltflächen darzustellen.
- 6. Speichern Sie Ihre Änderungen über das Menü *Datei>Speichern* ab. Schließen Sie aber noch <u>nicht</u> das Fenster.

#### Beispiel 4: Ändern des Feldtyps/Unterformular einblenden

- 1. Rufen Sie nun über das Menü *Datei>Öffnen* das Formular *Beteiligte>Person* auf.
- 2. Markieren Sie in der Liste der verfügbaren Felder das Kästchen neben Adresse Beteiligte/r mit einem Häkchen.
- 3. Ein neues Unterfomular erscheint im Formular.
- 4. Klicken sie 1x mit der Maus auf das neue Unterformular. Es wird mit schwarzen "Griffen" markiert.
- 5. Wählen Sie nun im Menü *Bearbeiten>Feldtyp* die Option *Schaltfläche* aus.
- 6. Das Unterformular wird umgewandelt in einen Button.
- 7. Klicken Sie 1x auf den Button. Er wird mit den "Griffen" markiert.
- 8. Drücken Sie die Shift-Taste und halten Sie sie gedrückt. Dabei klicken Sie 1x auf das Feld *Nachname*.
- 9. Beide Elemente sind nun als Gruppe markiert.
- 10. Klicken Sie auf folgende Ausrichtungswerkzeuge:



"An geringste Breite angleichen"



"An geringste Höhe angleichen"

11. Schließen Sie das Fenster. Sie werden gefragt, ob Sie die Änderungen speichern wollen. Drücken Sie *Ja*.

# IV. Exportieren & Drucken

### Beispiel 1: Exportieren von Daten aus Specify

Als Beispiel befindet sich bereits eine passende Abfrage in der Mammalia-Datenbank: "Katalogseite". Diese Abfrage enthält alle wesentlichen Felder der Datenbank.

Auf Basis dieses Beispiels lassen sich auch andere Abfragen erstellen, z. B. im Formular *Beteiligte*, um Personen zu exportieren, oder im Formular *Fundorte* um Fundortangaben zu exportieren. Diese Formulare lassen sich ebenfalls über das Menü *Sammlungsdaten* aufrufen und einsehen.

- 1. Abfrage aufrufen: Im Specify-Hauptfenster über das Menü *Sammlungsdaten* das Fenster *Sammlungsobjekte* aufrufen.
- 2. Im Dialogfeld die Abfrage "Katalogseite\_1" aufrufen.
- 3. Wenn Sie die "Katalogseite" aufgerufen haben, öffnet sich das Filterfenster mit eben dieser Abfrage. Für das Abfragekriterium *Katalognummer* ist der Wert "Zwischen 1,10" eingestellt; d. h. nur die Katalognummern 1 bis 10 werden aufgerufen. Setzen sie den Button sortieren auf aufsteigend (roter Pfeil zeigt nach oben).
- 4. Holen Sie diesmal nicht wie gewohnt die Registerkarte Tabelle nach vorne, sondern rufen Sie über das Menü *Abfrage* die Option *Abfrageergebnisse* auf.
- 5. Eine Tabelle mit den Abfrageergebnissen wird geladen. In dieser Tabelle werden allerdings nur genau die Feldinhalte angezeigt, die den ausgewählten Feldern der Abfrage entsprechen. Man kann hier auch nicht auf die Datenblattansicht der einzelnen Belege zugreifen.
- 6. In der nun geöffneten Ansicht hat sich die Menüzeile geändert. Es gibt nun oben links das Menü *Datei*. Dort die Option *Exportieren* auswählen. Alternativ dazu

kann man auch einfach auf den Button "Zettel mit rotem Pfeil" ▶ drücken.

- 7. Im Export-Dialogfeld z. B. "Textdatei" und "Werte anzeigen" auswählen. OK drücken.
- 8. Im folgenden Fenster einen Namen für die Datei eingeben (z.B. ExportTest), Speicherort eingeben (hier z. B. Desktop).
- 9. Auf Speichern drücken.
- 10. Die Datei wird erstellt. Je nach Datenmenge kann dieser Prozess einige Zeit in Anspruch nehmen.
- 11. Irgendwann verschwindet das Stundenglas, was bedeutet, dass der Export beendet ist.

- 12. Holen Sie den Desktop ihres PCs in den Vordergrund (Symbol 11) in der Windows-Startleise anklicken, neben Start-Button).
- 13. Sie können nun Ihre Textdatei öffnen. Diese wird jedoch sehr unübersichtlich sein.
- 14. Daher empfiehlt sich ein Import in Excel, um damit weiterzuarbeiten. Dieser Import kann sehr einfach vorgenommen werden—allerdings nicht hier, da im PC-Raum kein Office-Paket installiert ist.

Exkurs: Import einer Textdatei in Excel

- 15. Dazu Excel öffnen.
- 16. Über das Menü *Daten>Externe Daten* den Menüpunkt *Textdatei importieren* auswählen.
- 17. Die Textdatei im Dialogfeld aufrufen, den Button Importieren drücken.
- 18. In den nun folgenden Dialogen folgende Einstellungen vornehmen: *Dateityp* = getrennt; Button *Weiter* drücken.
- 19. *Trennzeichen*: Komma; *Texterkennungszeichen*: Apostroph. Sie können im Vorschauteil des Fensters begutachten, was passiert. Button *Weiter* drücken.
- 20. Button Fertigstellen drücken.
- 21. Evtl. noch angeben, wo genau die Daten eingefügt werden sollen, oder einfach OK drücken, damit oben rechts eingefügt wird.
- 22. Fertig!

### Beispiel 2: Drucken einer Katalogseite

- Holen Sie zunächst Specify wieder in den Vordergrund (verkleinertes Fenster in der Startleiste anklicken Specify ).
- 2. Die Ansicht der Abfrageergebnisse sollte eigentlich noch vorhanden sein. Ansonsten muss sie neu aufgerufen werden (siehe Schritt 1 und 2 der vorangegangenen Exportanleitung; Abfrage öffnen, über das Menü *Abfrage* die Option *Abfrageergebnisse* aufrufen).

Die Ergebnisse der Tabelle Abfrageergebnisse können gemäß einer Druckvorlage gedruckt werden. Diese Druckvorlagen können Sie selber gemäß Ihren Wünschen gestalten (siehe beiliegende Beispiel-Ausdrucke). Druckvorlagen werden auch als Service durch den Helpdesk gemäß Ihren Wünschen erstellt. Sie können diese dann ganz einfach in Ihre Datenbank importieren.

3. Oben links in der Tabelle Abfrageergebnisse gibt es einen kleinen, viereckigen Button: er stellt eine Hand dar, die ein Stück Papier hält . Durch Drücken dieses Buttons gelangt man zum Dialogfeld *Verfügbare Projekte*.

Verfügbare Projekte	:				
Wählen Sie einen B	ericht aus.				
Katalogseite					
I					
OK N	Abbrechen	Designer öffnen	Importieren	<u>E</u> xportieren	Optionen
\_ <sup>_</sup>					

- Hier kann man einen Bericht auswählen. Wenn ohnehin nur ein Bericht verfügbar ist, ist dieser bereits blau markiert (und damit ausgewählt). Klicken Sie ansonsten auf den Bericht, der ausgeführt werden soll (wird blau markiert), und dann auf OK.
- 5. Es öffnet sich nun ein kleines Dialogfeld: Dieses Dialogfeld ist in englischer Sprache, weil es nicht direkt zu Specify gehört, sondern zum "externen" Programmmodul "RAVE Report Designer". Als Voreinstellung ist bereits die Option *Preview* eingestellt. Drücken Sie auf OK, um eine Vorschau anzusehen.

Selected Printer HP LaserJet 6L	×
Report Destination     Printer     Preview     Eile     Format:     Rave Snapshot File (ND)	OK Cancel <u>S</u> etup
Options   Copies Collate   1 Duplex	

- 6. Das Vorschaufenster öffnet sich. Es gilt zu beachten, dass die Vorschau meist etwas anders aussieht, als das eigentliche Druckergebnis (dieses ist in der Regel qualitativ besser!).
- Sie können das Gesehene nun ausdrucken, indem Sie auf den Button mit dem Druckersymbol klicken .
  Ein weiteres kleines Dialogfeld öffnet sich.
- 8. Sie können nun direkt auswählen, ob alles komplett gedruckt werden soll, oder nur bestimmte Seiten. Mit Hilfe des Buttons *Setup* kann außerdem ein bestimmter Drucker angewählt werden, falls es mehrere Drucker gibt. Wenn man einen PDF Distiller installiert hat, kann man über "Setup" auch auf den Distiller zugreifen und damit PDF-Dokumente erstellen und abspeichern. Drucken Sie z. B. die ersten 2 Seiten.

Output Options	×
Selected Printer HP LaserJet 6L	
Print Range C All C Selection C Pages	OK Cancel
From 1 to 2	<u>S</u> etup
Copies Collate	

9. Wenn Sie mit Ihrer Auswahl zufrieden sind, drücken Sie OK. Das Dokument wird gedruckt

#### Beispiel 3: Drucken einer tabellarischen Übersicht

- 1. Druckvorschaufenster schließen, Fenster Abfrageergebnisse ebenfalls schließen.
- 2. Über das Menü *Abfrage>Öffnen* das Dialogfeld "Wählen Sie eine Abfrage aus" aufrufen.
- 3. Im Dialogfeld die Abfrage Tabellendruck\_1 auswählen.
- 4. Die Abfrage öffnet sich. In das Feld Familie "Felidae" eingeben.
- 5. Über das Menü Abfrage die Option Abfrageergebnisse aufrufen.
- 6. Specify beginnt zu rechnen; die Tabelle mit den Abfrageergebnissen erscheint.
- 7. Drücken Sie auf das Symbol mit der Hand, die einen Zettel hält. Das Fenster *verfügbare Projekte* erscheint.
- 8. Wählen Sie einen Bericht aus. In diesem Fall den Bericht TabellendruckMammalia.
- 9. Drücken Sie OK.
- 10. Wählen Sie im folgenden Dialogfeld die Option *Preview* aus und drücken Sie OK.
- 11. Das Vorschau-Fenster erscheint.
- 12. Drücken Sie den Button mit dem Druckersymbol, um die Seite(n) zu drucken.
- 13. Geben Sie evtl. noch an, welche Seiten gedruckt werden sollen, und drücken Sie OK.
- 14. Schließen Sie das Fenster mit der Druckvorschau, und drücken Sie im Fenster mit den Abfrageergebnissen erneut auf den Butten "Berichte". Das Fenster *verfügbare Projekte* erscheint wieder.

## Beispiel 4: Drucken von Etiketten mit Barcodes

- 1. Wählen Sie nun im Fenster Verfügbare Projekte den Bericht Etiketten aus.
- 2. Drücken Sie OK.
- 3. Wählen Sie im folgenden Dialogfeld die Option *Preview* aus und drücken Sie OK.
- 4. Das Vorschau-Fenster erscheint.
- 5. Drücken Sie den Button mit dem Druckersymbol, um die Seite(n) zu drucken.
- 6. Geben Sie evtl. noch an, welche Seiten gedruckt werden sollen, und drücken Sie OK.
- 7. Anschließend schließen Sie alle Fenster, bis nur noch das Specify-Hauptfenster mit der Menüzeile zu sehen ist.

# V. Verleihfunktionen

Die Verleihfunktion wird nicht über das Menü *Sammlungsdaten*, sondern über das Menü *Transaktionen* aufgerufen. Hier gibt es noch weitere Optionen, auf die in diesem Tutorium aber nicht näher eingegangen werden soll.

### Beispiel 1: Einen Verleih eintragen

Szenario: Die Objekte mit den Katalognummern 10, 11, 12, 13, 14, 15 und 25 sollen verliehen werden an Gregor Nowak, Rheinstr. 29, 12161 Berlin. Sie haben dem Verleih der Objekte zugestimmt, und verschicken 1 großes Paket mit dem Versender UPS. Der Versandvorgang bekommt die Nummer 9003.

- 1. Im Specify-Hauptfenster (nur die Menüzeile ist zu sehen) rufen Sie über das Menü *Transaktionen* die Menüoption *Verleih* aus.
- 2. Wählen Sie die Option *Neue Abfrage* aus und drücken Sie OK.
- 3. Das Verleihfenster öffnet sich, der Filterbaum liegt im Vordergrund.
- 4. Holen Sie die Registerkarte Datenformular nach vorne (Kartenreiter anklicken).
- 5. Vergewissern Sie sich im Menü *Optionen*, dass die Option "*Daten übertragen*" nicht ausgewählt ist.
- 6. Drücken Sie auf den Button Neu am unteren Fensterrand.
- 7. Wählen Sie im nun erscheinenden Dialogfeld die Option *Verleih* aus und drücken Sie OK.
- 8. Ein leeres Formular wird zur Bearbeitung bereitgestellt.
- 9. Geben Sie eine Verleihnummer gemäß der Praxis Ihrer Sammlung ein (hier z. B. B 9999).
- 10. Tragen Sie ein, wann die Objekte verliehen werden sollen, und wann Sie zurück sollen.
- 11. Klicken Sie dann auf den Button *Objekte hinzu* am unteren Fensterrand.

- 12. Geben Sie nun 10-15, 25 in das Dialogfeld ein und drücken Sie OK.
- 13. Die Belege erscheinen in der Tabelle.
- 14. Geben Sie die Versandnummer in das Feld *VersandID* ein. Drücken Sie *Return*. Das Unterformular *Versand* öffnet sich. Machen Sie die gewünschten Angaben und drücken Sie *Speichern*.
- 15. Sie können nun noch am Verleih beteiligte Personen in die entsprechende Tabelle eintragen.
- 16. Speichern Sie ab (Button Speichern drücken). Schließen Sie das Fenster.

#### Beispiel 2: Einen Leihschein drucken

- 1. Im Specify-Hauptfenster (nur die Menüzeile ist zu sehen) rufen Sie über das Menü *Transaktionen* die Menüoption *Verleih* aus.
- 2. Wählen Sie die Option Leihschein aus.
- 3. Das Verleihfenster öffnet sich, der Filterbaum mit der ausgewählten Abfrage liegt im Vordergrund.
- 4. Geben Sie bei Verleihnummer B 9999 ein.
- 5. Rufen Sie über das Menü Abfrage das Fenster Abfrageergebnisse auf.
- 6. Das Fenster erscheint, für jedes unter der Nummer B 9999 verliehene Objekt wird eine Tabellenzeile angezeigt.
- 7. Drücken Sie auf das Symbol mit der Hand, die einen Zettel hält. Das Fenster Verfügbare Projekte erscheint.
- 8. Wählen Sie einen Bericht aus. In diesem Fall den Bericht Leihscheindruck.
- 9. Drücken Sie OK.
- 10. Wählen Sie im folgenden Dialogfeld die Option *Preview* aus und drücken Sie OK.
- 11. Das Vorschau-Fenster erscheint.
- 12. Drücken Sie den Button mit dem Druckersymbol, um die Seite(n) zu drucken.
- 13. Geben Sie evtl. noch an, welche Seiten gedruckt werden sollen, und drücken Sie OK.
- 14. Schließen Sie das Fenster mit der Druckvorschau und dann das Fenster mit den Abfrageergebnissen. Das Filterfenster liegt nun wieder im Vordergrund.

#### Beispiel 3: Fällige Objekte aufrufen

1. Wenn das Filterfenster im Vordergrund liegt: Über das Menü *Abfrage* die Option *Öffnen* auswählen.

- 2. Im Dialogfeld die Abfrage FaelligerVerleih auswählen und OK drücken.
- 3. Die Abfrage wird aufgerufen.
- 4. Geben Sie das heutige Datum in das Kriterienfeld ein und holen Sie dann die Registerkarte *Datenformular* nach vorne.
- 5. Blättern Sie durch die fälligen Verleiheinträge, bis Verleih Nr. X 3333 angezeigt wird.

### Beispiel 4: Objekte zurückgeben

- Verleih Nr. X 3333 war bereits am 23.04.2004 fällig. Heute ist zumindest Objekt Nr. 7 zurückgekommen. Drücken Sie die Schaltfläche *Bearbeiten* am unteren Fensterrand.
- 2. Klicken Sie in der Tabelle mit den verliehenen Objekten 1x auf die Tabellenzeile mit der Katalognr. 7 (*Lemur catta*).
- 3. Die Zeile wird blau markiert. Drücken Sie nun den Button *Objekte zurück* am unteren Bildschirmrand.
- 4. Sie können nun eingeben, wer das Objekt zurückgenommen hat und eine Bemerkung eingeben.
- 5. Drücken Sie Speichern.
- 6. Das Objekt wird als zurückgegeben eingetragen.
- 7. Sie können nun noch die Daten von Fällig am und Ursprünglich fällig am ändern.

Viel Spaß beim Ausprobieren!

# Anhang

## Anhang 1: Abfrageoperatoren

## Operatoren für Ja/Nein Schaltflächen

Specify unterstützt die folgenden Operatoren für Ja/Nein Schaltflächen:

- Ja
- Nein
- Egal
- Leer

Bei Benutzung dieser Operatoren müssen keine gesonderten Kriterien mehr eingegeben werden.

- Wenn Sie *Ja* auswählen, werden nur Einträge angezeigt, bei denen der Button auf *Ja* eingestellt ist.
- Wenn sie *Nein* auswählen, werden nur Einträge angezeigt, bei denen die Schaltfläche auf *Nein* gesetzt wurden.
- Wenn Sie *Egal* auswählen, werden alle Einträge unabhängig von der Einstellung des Buttons angezeigt.
- Wenn Sie *Leer* auswählen, werden alle Einträge angezeigt, bei denen der Button überhaupt keine Einstellung trägt.

# Operatoren für Zahlenangaben

Specify unterstützt die folgenden Operatoren für Zahlenangaben:

- =
- Zwischen
- <
- >
- In
- Leer

Diese Operatoren (mit Ausnahme von *Leer*) benötigen im Kriterienfeld eine Zahlenangabe. Im Folgenden finden Sie Beispiele für jeden Operator mit Mustereinträgen für das Kriterienfeld:

Operator	Kriterium	Bedeutung
=	45	Das Feld muss die Zahl 45 enthalten.
Zwischen	100, 200	Das Feld muss eine Zahl enthalten, die größer oder gleich 100 ist kleiner oder gleich 200.
<	82	Das Feld muss eine Zahl enthalten, die kleiner ist als 82.
>	6020	Das Feld muss eine Zahl enthalten, die größer ist als 6020.
In	32, 35, 36, 39	Das Feld muss die Zahl 32, 35, 36, oder 39.
Leer		Das Feld ist nicht definiert. Es wurde kein Wert eingetragen.

## Operatoren für Text

Specify unterstützt die folgenden Operatoren für Textstrings:

- Ähnlich wie
- Enthält
- In
- =
- Leer

Diese Operatoren (mit Ausnahme von *Leer*) benötigen im Kriterienfeld die Angabe von Text. Im Folgenden finden Sie Beispiele für jeden Operator mit Mustereinträgen für das Kriterienfeld:

Operator	Kriterium	Bedeutung		
Ähnluch wie	*oge	Siehe Platzhalter.		
Enthält	gefiedert	Das Feld muß neben anderen möglichen Strings die Zeichenfolge "gefiedert" enthalten,.		
In	nördlich, Nord, No.	Das Feld muss aus dem String nördlich, dem String Nord, oder dem String No. Bestgehen. Dieser Operator entspricht dem = Opterator, akzeptiert jedoch Mehrfachnennungen.		
=	kurzschwänzig	Das Feld darf nur den String "kurzschwänzig" enthalten.		
Leer		Das Feld enthält keine Daten.		

## Platzhalter

Der Operator Ähnlich wie ermöglicht es, nach bestimmten Buchstaben- und Zeichenmustern zu suchen. Die Suchkriterieneingabe muß dabei das Platzhaltersymbol \* enthalten. Hier einige Beispiele:

Operator	Kriterium	Treffer	Kein Treffer
Wie	*oge	Dr <b>oge</b> , Biol <b>oge</b> , Geol <b>oge</b>	Biol <b>oge</b> n
Wie	str*	streng, streichen, Strudel	A <b>str</b> onaut
Wie	*lage *	Lager, Klage, plagen	T <b>ag</b> , Be <b>lag</b>
Wie	bl*nd	blind, blond	blöd, Bund

## Operatoren für Datumsangaben

Specify unterstützt die folgenden Operatoren für Datumsangaben:

- Am
- Vor
- Nach
- Zwischen
- Leer

Diese Operatoren (mit Ausnahme von *Leer*) benötigen im Kriterienfeld die Eingabe von Datumsangaben.

Operator	Kriterium	Bedeutung
Am	06/28/78	Das Feld muss als Datum den 28. Juni 1978 enthalten.
Vor	10/01/97	Das Feld muss ein Datum vor dem 1. Oktober 1997 enthalten
Zwischen	12/31/69,	Das Feld muss ein Datum der Jahre 1970-1975 enthalten.

	01/01/76	
Nach	04/30/97	Das Feld muss ein Datum nach dem 30. April 1997 enthalten.
Leer		Das Feld besitzt überhaupt keinen Eintrag.