

# Evolution et corrections d'anomalies

## Version 3.3.3 – octobre 2019

### 1 Procédure à suivre

La mise à jour de l'application Quadrig<sup>2</sup> est automatique. Aucune réinstallation n'est nécessaire.

### 2 Evolutions de la nouvelle version

#### 2.1 Saisie

Le **taxon identifié** est sauvegardé.

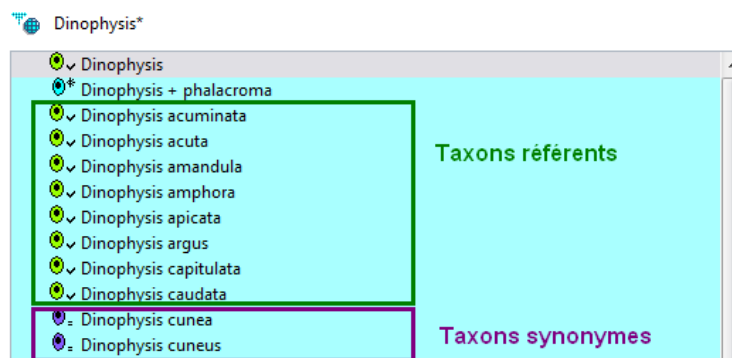
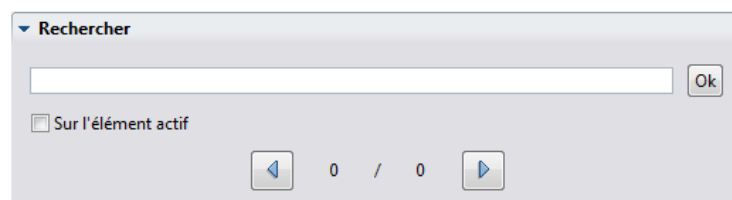
Le taxon référent évolue avec les mises à jour de référentiel.

Dénombrement- Stocker l'information sur le taxon saisi.

Désormais, vous saisissez le taxon identifié par l'analyste ; Quadrig complète la saisie avec le taxon référent. Donc, le taxon identifié peut être un taxon synonyme.

- Ecran de sélection des taxons (*inchangé*) :

#### Taxons



- Ecran d'ajout de taxons :  
La notion de « taxon saisi » et « taxon » apparait (le « taxon » correspond au « taxon référent »).

| Taxon                   | Taxon saisi             | Groupe de taxons        |
|-------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Dinophysis + phalacroma | Dinophysis + phalacroma |                         |
| Phalacroma cuneus       | Dinophysis cunea        | <b>Taxons synonymes</b> |
| Phalacroma cuneus       | Dinophysis cuneus       |                         |
| Dinophysis capitulata   | Dinophysis capitulata   | <b>Taxons référents</b> |
| Dinophysis amphora      | Dinophysis amphora      |                         |
| Dinophysis caudata      | Dinophysis caudata      |                         |
| Dinophysis argus        | Dinophysis argus        |                         |
| Dinophysis anicata      | Dinophysis anicata      |                         |

- Ecran de saisie des résultats

**Taxons référents mis à jour avec le référentiel**

| Paramètre | Taxon                 | Taxon saisi           | Valeur numérique        |
|-----------|-----------------------|-----------------------|-------------------------|
| FLORTOT   | Dinophysis acuminata  | Dinophysis acuminata  |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis acuta      | Dinophysis acuta      |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis amandula   | Dinophysis amandula   |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis amphora    | Dinophysis amphora    |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis apicata    | Dinophysis apicata    |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis argus      | Dinophysis argus      |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis capitulata | Dinophysis capitulata |                         |
| FLORTOT   | Dinophysis caudata    | Dinophysis caudata    |                         |
| FLORTOT   | Phalacroma cuneus     | Dinophysis cunea      | <b>Taxons synonymes</b> |
| FLORTOT   | Phalacroma cuneus     | Dinophysis cuneus     |                         |

L'information du « taxon saisi » sera immuable dans la base. Cette information ne sera pas corrigée ou mise à jour, sauf si le saisisseur le souhaite.

L'information du « taxon » qui est le « taxon référent » sera mise à jour avec la mise à jour du référentiel taxinomique.

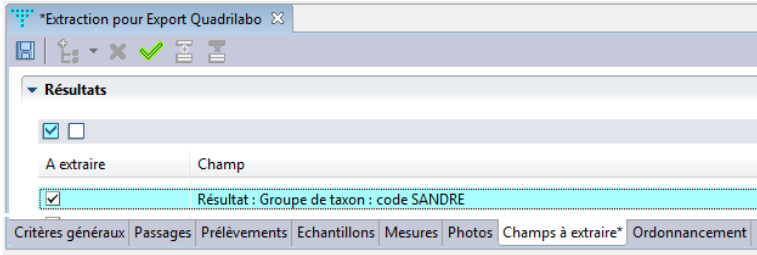
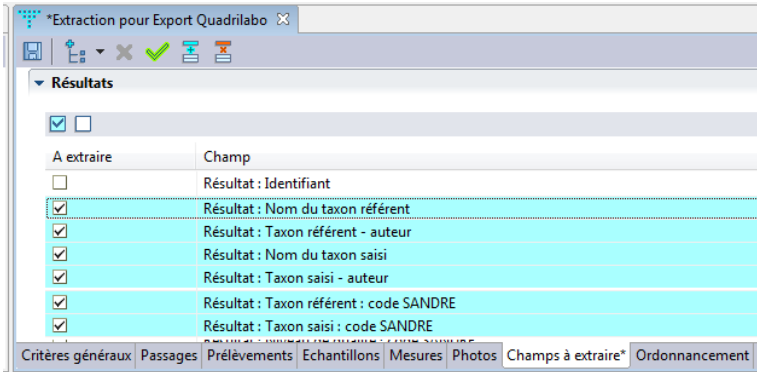
Exporter les photos saisies sur un passage/prélèvement non validé.

Les photos sur passage peuvent désormais être extraites par le service saisisseur même si le passage n'est pas validé.  
Idem pour les photos sur prélèvement.

Commentaire sur le résultat.

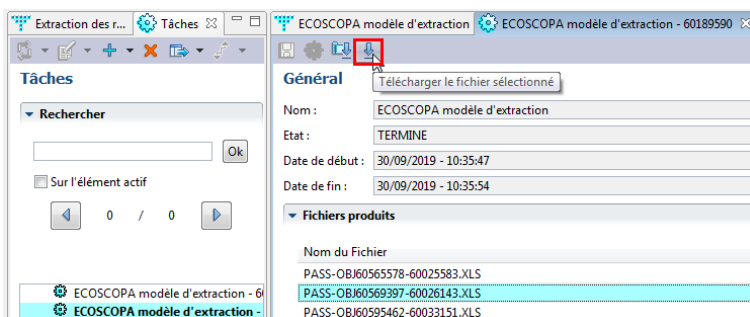
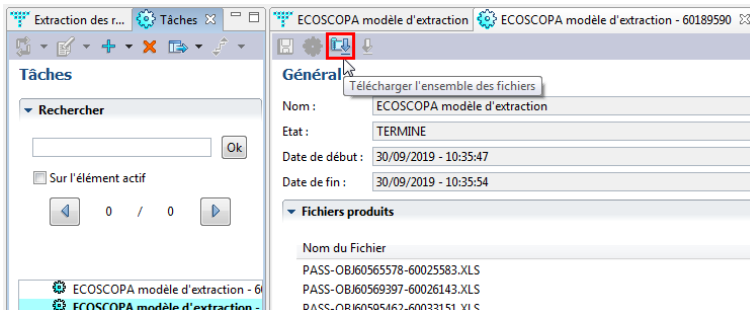
Un commentaire de plus de 200 caractères saisi dans la vue de paramétrage multiple n'est plus tronqué lors de la sauvegarde.

## 2.2 Extraction

|  |  |
|--|--|
| <p>Extraction de shape.<br/>Exemple : extraction de lieux</p>  | <p>L'extraction permet d'extraire les multi-géométries : MultiLine et MultiPolygon.</p> <p>Avant cette correction, si un seul lieu était un « multipolygone » alors l'extraction des lieux n'aboutissait pas pour l'ensemble des lieux choisis.</p>  |
| <p>Extraire le code SANDRE des taxons virtuels.</p>  | <p>Extraction de résultats - Extraire les taxons virtuels en tant que groupes de taxons Sandre.</p> <p>Avant cette correction, un taxon virtuel Quadriges avait les colonnes « Résultat : Taxon : code SANDRE » et « Résultat : Groupe de taxon : code SANDRE » vides. Désormais, vous trouverez le code SANDRE des taxons virtuels dans « Résultat : Groupe de taxon : code SANDRE ».</p>  |
| <p>Le <b>taxon identifié</b> est sauvegardé.</p> <p>Le taxon référent évolue avec les mises à jour de référentiel.</p> | <p>Vous pouvez extraire les informations des « taxons saisis » et des « taxons référents » : nom et auteur du taxon, code SANDRE.</p>    |

Taille maximale des fichiers à extraire.

Si le zip généré pour le téléchargement de l'ensemble des fichiers dépasse 50 Mo, le message est plus explicite et incite l'utilisateur à télécharger 1 seul fichier à la fois.



Attribution des extractions.

Attribution des extractions au bon utilisateur (campagne, événement, lieu, passage, prélèvement, sortie).

De manière aléatoire, l'extraction pouvait être attribuée à un autre utilisateur. Vous ne la retrouviez pas dans le navigateur de jobs/taches.

Cette anomalie était déjà corrigée pour les extractions de résultats.

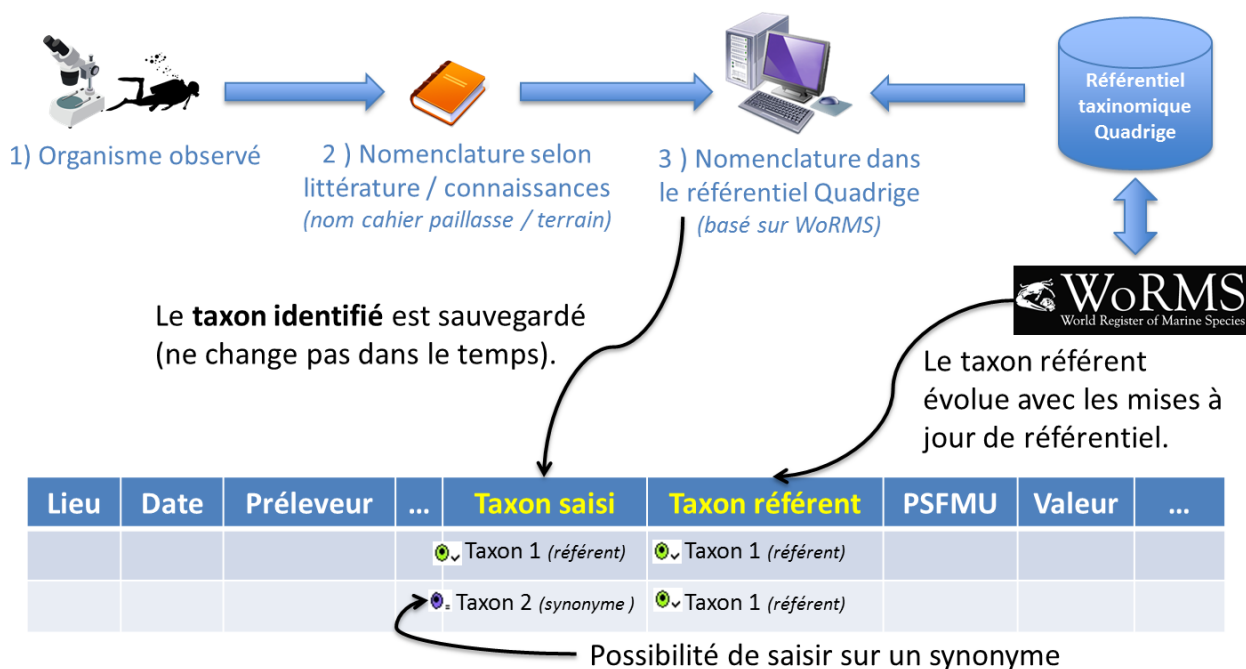
|   |   |   |
|---|---|---|
| Liste des colonnes renommées à l'extraction | Résultats de mesures et dénombrements             |   |
|   | <b>Avant</b>                                      | <b>Après</b>                                      |
|   | Résultat : Nom du taxon                           | Résultat : Nom du taxon référent                  |
|   | Résultat : Taxon – auteur                         | Résultat : Taxon référent - auteur                |
|   | Résultat : Unité de mesure associée au quadruplet | Résultat : Unité de mesure associée au quintuplet |
|   | Résultat : Taxon : code SANDRE                    | Résultat : Taxon référent : code SANDRE           |
|   | Fichiers de mesures                               |   |
|   | <b>Avant</b>                                      | <b>Après</b>                                      |
|   | Unité de mesure associée au quadruplet            | Unité de mesure associée au quintuplet            |

## 2.3 Autres évolutions

|  |  |
|--|--|
| Tous les écrans.   | Ergonomie : Remplacer les libellés PSFM en PSFMU, quadruplet en quintuplet                                 |
| Serveur technique<br>Opération transparente pour l'utilisateur.  | Bascule sur serveur d'exploitation sous Linux.<br>Passage en https des liens Intra, Changement de frontal. |
| WebServices Sandre<br>Opération transparente pour l'utilisateur. | WebServices Sandre : ConformiteAna : révision des codes pour être conforme à la <u>nomenclature 599</u> .  |

## 3 Impact de l'évolution « Taxon saisi »

### Le taxon « saisi » : c'est quoi ?



## Quand et comment sont remplis ces champs?

Remplissage du champ « Taxon saisi » mis en place progressivement dans les différents outils :

| Outil de saisie        | 2016   | 2017      | 2018       | 2019      |
|------------------------|--|-----------|------------|-----------|
| BD Récif               | Ajout « Taxon saisi » dans le modèle Quadriges |           |            |           |
| Quadrilabo             |  | Nov. 2017 |            |           |
| Intégration taxons     |  |           | Sept. 2018 |           |
| Quadriges <sup>2</sup> |  |           |            | Oct. 2019 |

- Champ « Taxon saisi » non rempli sur les données « historiques » (selon l'outil de saisie utilisé)
- Champ « Taxon référent » toujours rempli

## Extraire l'info depuis Quadriges<sup>2</sup>

Ajout de nouveaux champs à extraire :

Extraction\_résultats\_quadriges2

▼ Résultats

| <input checked="" type="checkbox"/> | A extraire | Champ                                   |   |
|-------------------------------------|------------|---|---|
| <input type="checkbox"/>            |            | Résultat : Nom du taxon référent        | Rempli pour toutes les données          |
| <input type="checkbox"/>            |            | Résultat : Taxon référent - auteur      |   |
| <input type="checkbox"/>            |            | Résultat : Nom du taxon saisi           | Rempli uniquement pour données récentes |
| <input type="checkbox"/>            |            | Résultat : Taxon saisi - auteur         |   |
| <input type="checkbox"/>            |            | Résultat : Taxon référent : code SANDRE |   |
| <input type="checkbox"/>            |            | Résultat : Taxon saisi : code SANDRE    |   |

Critères généraux Passages Prélèvements Echantillons Mesures Photos Champs à extraire Ordonnancement

⚠ Attention ! Le nom du champ dans l'extraction a changé :  
« Résultat : Nom du taxon » → « Résultat : Nom du taxon référent »

Résultat : Nom du taxon

Résultat : Nom du taxon référent