

Guía de uso del Catálogo MICROBIOMA-CSIC (Baserow)



Objetivos del catálogo

El Catálogo MICROBIOMA-CSIC tiene como objetivo principal recopilar, organizar y hacer accesible la información sobre colecciones, aislamientos y ómicas de microbiomas generados en el CSIC.

El desarrollo del catálogo en Baserow permite una introducción de datos sencilla, flexible y colaborativa. No existen campos obligatorios: se prioriza la incorporación de información aunque sea parcial, con la posibilidad de completarla o actualizarla más adelante. Así se pretende centralizar recursos dispersos en un espacio común, estandarizar la información, aplicar los principios FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable), y así facilitar la colaboración multidisciplinar dentro del CSIC.

El catálogo está pensado para dejar constancia de la existencia de datos, incluso cuando estos no son públicos o todavía no están disponibles para su difusión. Por ello, los usuarios pueden indicar el carácter no público de la información, o bien dejar vacíos ciertos campos si los datos no pueden compartirse en ese momento. De este modo, el catálogo ofrece una visión más completa de los recursos microbiológicos del CSIC, incluyendo tanto los conjuntos de datos abiertos como aquellos en fase de generación, validación o restricción temporal.

1. Cómo iniciar sesión

1. Acceder a la plataforma [Baserow](#) o al enlace interno proporcionado por el CSIC.
2. Iniciar sesión con el usuario y contraseña institucional o solicitar acceso al administrador del catálogo.
3. Una vez dentro, seleccionar el espacio de trabajo “CSIC Microbiome Connection”.

2. Espacio de trabajo: CSIC Microbiome Connection

Este espacio centraliza toda la información relacionada con el ámbito de microbiomas del CSIC. En su interior encuentras la base de datos Catalog donde hay varias tablas interconectadas, que representan los distintos niveles de información:

- Biomas: tipo o entorno de origen de los microbiomas.
- Research Groups: centros y grupos de investigación del CSIC.

- Projects: proyectos que generan o utilizan datos de microbiomas.
- Collections: colecciones de muestras o cepas conservadas.
 - Isolates samples: aislamientos individuales de microorganismos.
 - Omics samples: conjuntos de secuencias y datos metagenómicos.

Estas tablas están relacionadas entre sí para mantener una estructura coherente y navegable.

La sección de Biomas utiliza una vista tipo “Gallery”, que permite explorar de forma visual los distintos entornos o hábitats registrados. Cada bioma se muestra como una tarjeta con su nombre, descripción e imagen (si está disponible). Al entrar en un bioma, se despliega su información detallada junto con los elementos asociados:

- Los proyectos vinculados a ese bioma, que incluyen sus colecciones relacionadas.
- Las colecciones asociadas directamente al bioma.

Desde cada colección, es posible acceder a las muestras registradas (ya sean aislados o metagenomas) vinculadas a ella. De este modo, la navegación sigue una estructura jerárquica e intuitiva que conecta **Bioma** → **Proyecto** → **Colección** → **Muestra**, facilitando el recorrido de la información desde el nivel más general hasta el más específico.

El resto de secciones se muestra en formato de tablas con diferentes campos para cada una. Los campos pueden contener información específica o relaciones entre las diferentes tablas. Para más información de uno en concreto puedes leer la descripción haciendo “click” en el símbolo de información que aparece en cada campo .

3. Cómo introducir datos

Recomendación sobre la introducción jerárquica de datos:

Para facilitar la correcta organización del catálogo y el enlace automático de registros, se recomienda introducir primero los datos de niveles superiores (por ejemplo, Biomas → Proyectos → Colecciones) antes de añadir las muestras (aislados o metaómicas). De esta forma, al registrar las muestras se podrán establecer automáticamente las relaciones con los proyectos y colecciones correspondientes, evitando errores y asegurando la consistencia jerárquica de la información.

Introducción manual

1. Acceder a la tabla donde se desee añadir información (por ejemplo, *Collections* o *Projects*).
2. Hacer clic en “Add row” (Añadir fila) o abrir el formulario de entrada.
3. Completar los campos que se conozcan; no es necesario rellenarlos todos.
4. Pulsar Enter o guardar los cambios.
5. Los datos podrán editarse o ampliarse posteriormente.

Consejo: Si se tienen varios registros similares, es posible copiar y pegar celdas o filas completas desde Excel:

1. Preparar el Excel con una columna por campo (por ejemplo: "Collection name", "Bioma", "Project").
2. Si una muestra pertenece a varias colecciones, biomas o proyectos indicarlás en la misma celda separadas por coma o punto y coma (,).
Ejemplo: Colección Suelos, Colección Aguas.
3. Los nombres de colecciones, biomas o proyectos deben estar escritos exactamente igual que en las tablas correspondientes; de lo contrario, Baserow no podrá vincularlos correctamente.
4. Si algún campo queda sin rellenar dejar una columna en blanco correspondiente a ese campo.
5. Seleccionar las celdas en Excel, copiar y pegar en la primera celda libre de Baserow.
6. Verificar que las columnas coinciden en orden y tipo de dato.

Importación desde fichero CSV

1. Preparar el archivo CSV con una columna por campo (por ejemplo: "Collection name", "Bioma", "Project").
2. Si una muestra pertenece a varias colecciones, proyectos o biomas indicarlás en la misma celda separadas por punto y coma (;).
Ejemplo: Colección Suelos; Colección Aguas.
3. Los nombres de colecciones, biomas o proyectos deben estar escritos exactamente igual que en las tablas correspondientes; de lo contrario, Baserow no podrá vincularlos correctamente.
4. En la tabla correspondiente, hacer clic en los tres puntos de la barra superior y entrar en "Importar archivo → CSV file".
5. Subir el fichero y asignar las columnas del CSV a los campos de la tabla de Baserow.
6. Si se quiere actualizar la información de muestras ya introducidas escoger la opción de "Update rows if they already exist" escoger el campo de referencia para actualizar las muestras.
7. Revisar la vista previa y confirmar la importación.

Consejo: Si se detectan errores tras importar, se pueden editar los registros directamente o eliminarlos y repetir la importación con el archivo corregido.

4. Cómo linkear información entre apartados

Baserow permite vincular registros entre tablas para mantener relaciones coherentes (por ejemplo, conectar un proyecto con una colección o un bioma).

Para crear un enlace:

1. Buscar el campo relacional (por ejemplo, "Colección asociada").
2. Desplegar el menú y seleccionar el registro que se desee vincular.
3. Si el registro aún no existe, se puede crear directamente desde ese campo. Estas conexiones permiten navegar fácilmente entre tablas y visualizar la información relacionada (por ejemplo, todos los aislamientos pertenecientes a una colección específica).

5. Cómo buscar información y usar filtros

El Catálogo MICROBIOMA-CSIC está organizado de forma jerárquica, lo que permite localizar la

información a través de distintos niveles de detalle:

Estructura general:

Biomass → Proyectos → Colecciones → Muestras (aislados o metagenomas)

Para realizar búsquedas o filtrar información:

1. Utiliza la barra de búsqueda en la parte superior de cada tabla o vista para localizar registros por nombre, código o palabra clave.
2. Emplea el botón “Filter” para restringir la vista a registros que cumplan ciertos criterios (por ejemplo, proyectos dentro de un bioma concreto o colecciones pertenecientes a un grupo específico).
3. Puedes combinar varios filtros (por ejemplo, “Bioma = Suelo” y “Proyecto activo = Sí”) para refinar la búsqueda.
4. También es posible ordenar los resultados por nombre, fecha o cualquier otro campo relevante mediante la opción “Sort”.
5. Desde cualquier registro, se puede seguir la relación jerárquica para navegar hacia niveles inferiores o superiores (por ejemplo, desde una colección acceder a su bioma o proyecto asociado).

Esta organización y el uso de filtros permiten explorar fácilmente la información contenida en el catálogo, adaptando la visualización según las necesidades de cada usuario o grupo de trabajo.

6. Cómo recuperar algo eliminado

- Si se borra un registro por error, contactar con el administrador del catálogo, que puede restaurar los datos desde el historial o copia de seguridad.
- Si solo se ha eliminado una celda o relación, es posible usar Ctrl+Z (Undo) inmediatamente después para revertir el cambio.

7. Soporte y contacto

Para resolver incidencias técnicas o dudas sobre la introducción de datos, contactar con el equipo gestor del Catálogo MICROBIOMA-CSIC o el administrador de Baserow del proyecto.