

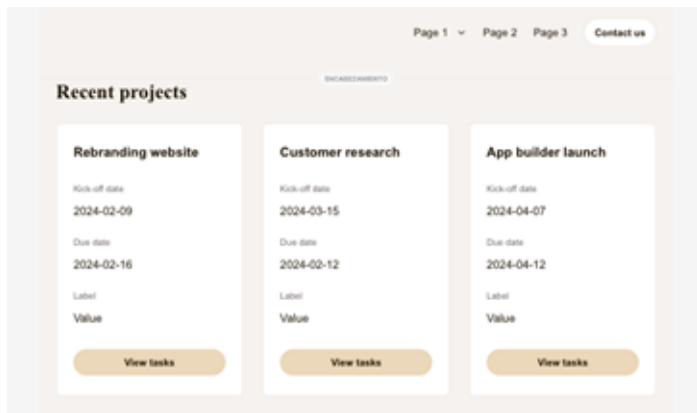


Catálogo MICROBIOMA-CSIC



Baserow

Primera aplicación para **recopilación, coordinación y colaboración** en el campo de **MICROBIOMA** generado en **CSIC**.



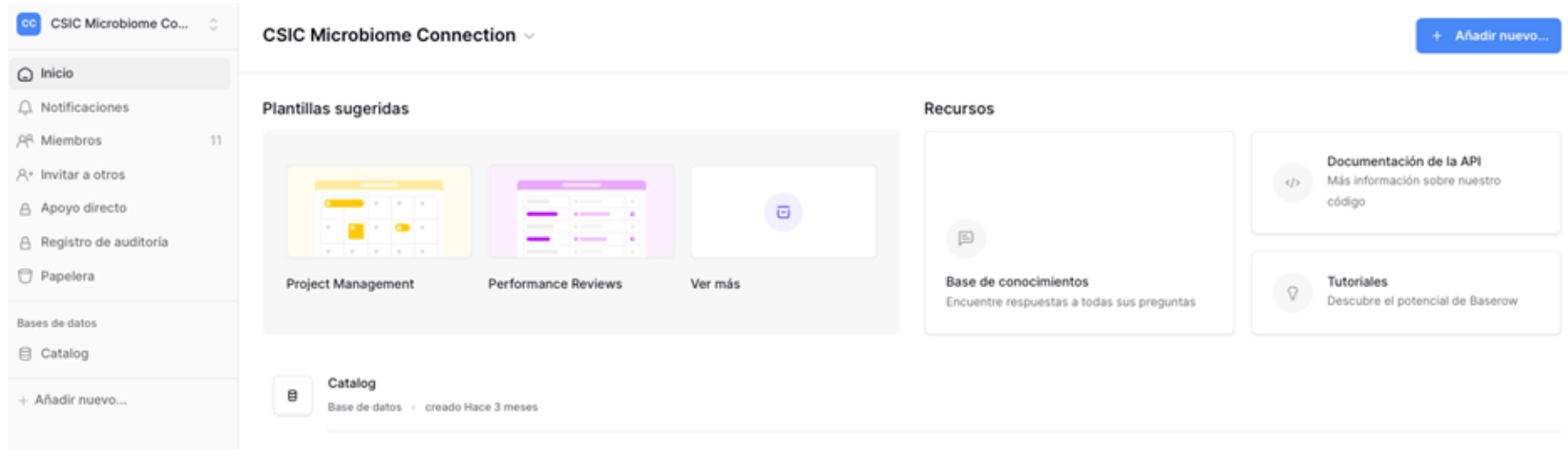
Objetivos principales

- Recopilar, organizar y hacer accesible la información sobre **colecciones, aislamientos y ómicas** de **microbiomas** generados en el **CSIC**.
- Facilitar la introducción de **datos sencilla, flexible y colaborativa**, aplicando los principios **FAIR**
- Facilitar la **colaboración multidisciplinar** dentro del **CSIC**

El catálogo no está diseñado para almacenar secuenciaciones, resultados o análisis como un repositorio de datos, sino para documentar la existencia de colecciones y de la información asociada.

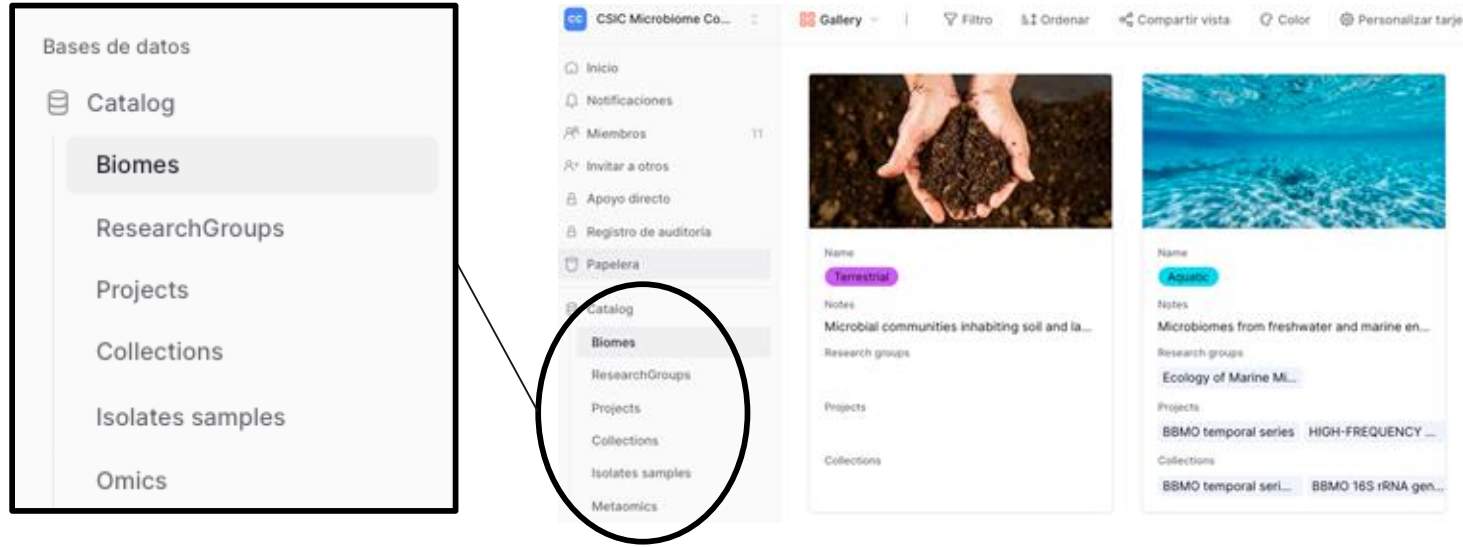
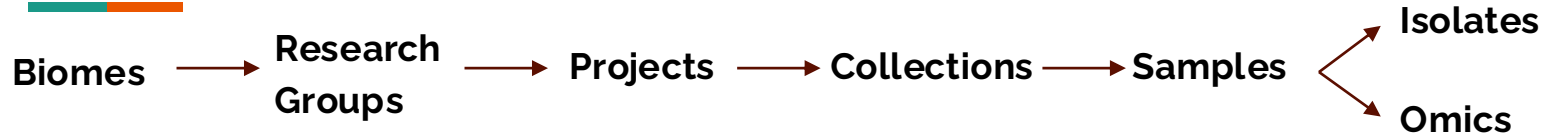
Su función es ofrecer una visión clara de qué datos existen y dónde se generan, facilitando la identificación de recursos y la conexión entre grupos del CSIC.

¿Por qué elegimos Baserow?



- Permite una estructura **relacional** (Biomass → Projects → Collections → Samples).
- Permite **formularios, vistas personalizadas** (gallery, grid, filters).
- Interfaz intuitiva tipo **hoja de cálculo**.
- Facilita la **importación de datos desde Excel o CSV**.

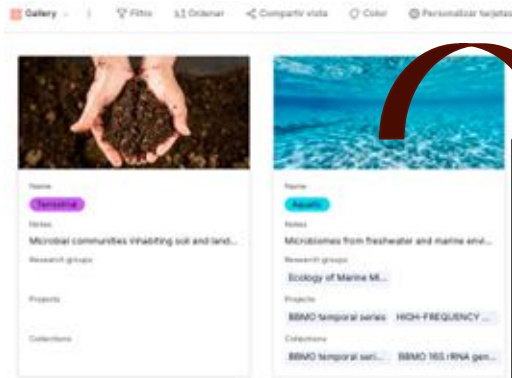
Organización jerárquica de la información



Cada nivel se vincula al superior mediante campos relacionales, lo que facilita la trazabilidad y la navegación entre tablas.

Cómo funciona Baserow: Vistas

- Vistas de tipo **Gallery** o **Grid**



Gallery: Presenta los registros como tarjetas visuales, destacando imágenes y campos clave.

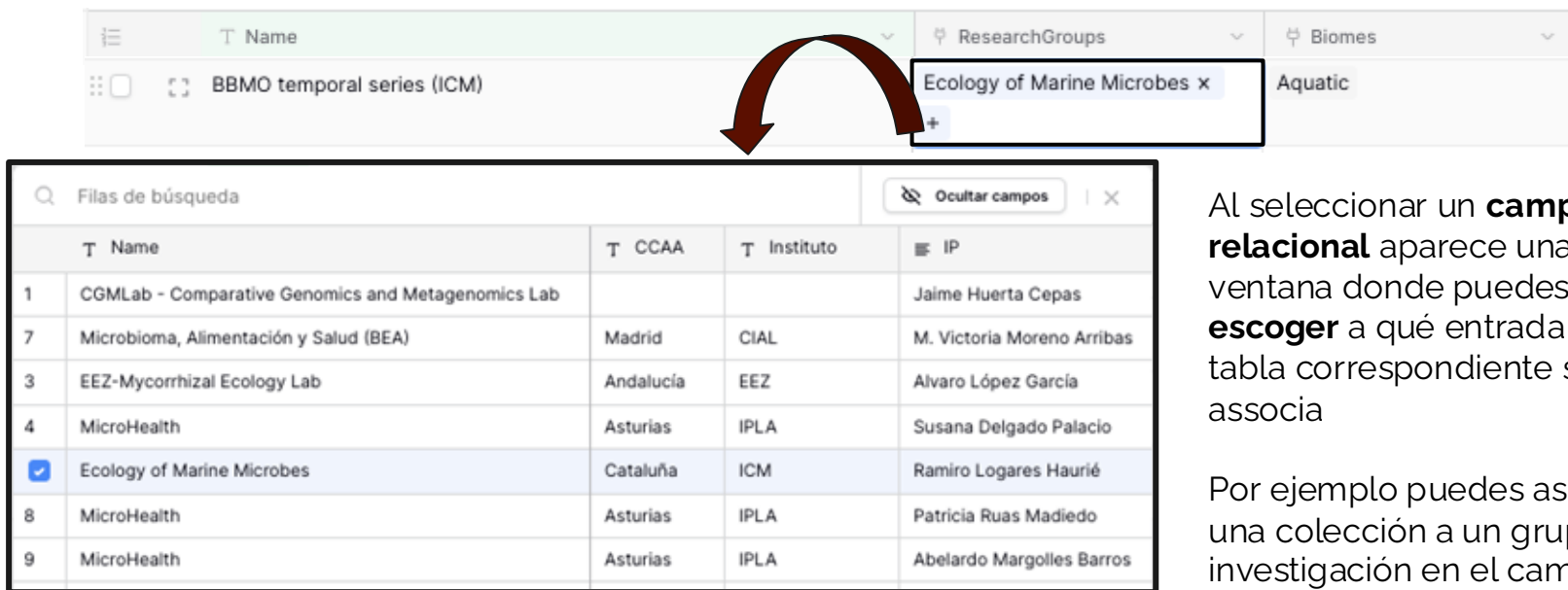
Metataxonomías (6 months)	2024	child feces
Metataxonomías (4-14 years)	2021	child feces
Metataxonomías (<2 years)	2021	child feces

303	BL_231010	10/10/2023	coastal sea water
304	BL_231114	14/11/2023	coastal sea water
305	BL_231212	12/12/2023	coastal sea water
306	Children Metataxonomies (6 months)		child feces
307	Children Metataxonomies (4-14 years)		child feces
308	Children Metataxonomies (<2 years)		child feces
309	Children Metataxonomies (6 months)		child feces
310	Children Metataxonomies (1 year)		child feces
311	Adult Metagenome		bile samples of liver donors
312	Oral_Intestinal_UlcerativeColitis_1 Metataxonomies		adult feces Saliva Patients and controls
313	Intestinal_MetabolicSyndrome Metataxonomies		adult feces Patients and controls
314	Intestinal_UlcerativeColitis_2 Metataxonomies		adult feces Patients and controls
315	Intestinal_UlcerativeColitis_3 Metataxonomies		adult feces Patients and controls
316	Intestinal_SARS-CoV-2_3 Metagenomes		adult feces Patients and controls

Grid: Muestra los datos en formato tabla editable, ideal para revisar y organizar información.

Cómo funciona Baserow: Campos relacionales

- Los **campos relacionales** permiten relacionar un campo específico con una de las tablas existentes



The diagram illustrates how a relational field is configured in Baserow. At the top, a table named 'BBMO temporal series (ICM)' is shown with a field 'T Name'. This field is linked to a dropdown menu that lists 'ResearchGroups' and 'Biomes'. A red arrow points from the 'Ecology of Marine Microbes' entry in the dropdown to a table below. This table, 'Filas de búsqueda', contains a list of research groups with columns for 'T Name', 'T CCAA', 'T Instituto', and 'IP'. The 'Ecology of Marine Microbes' entry is highlighted with a blue checkmark in the 'T Name' column.

	T Name	T CCAA	T Instituto	IP
1	CGMLab - Comparative Genomics and Metagenomics Lab			Jaime Huerta Cepas
7	Microbioma, Alimentación y Salud (BEA)	Madrid	CIAL	M. Victoria Moreno Arribas
3	EEZ-Mycorrhizal Ecology Lab	Andalucía	EEZ	Alvaro López García
4	MicroHealth	Asturias	IPLA	Susana Delgado Palacio
☒	Ecology of Marine Microbes	Cataluña	ICM	Ramiro Logares Haurié
8	MicroHealth	Asturias	IPLA	Patricia Ruas Madiedo
9	MicroHealth	Asturias	IPLA	Abelardo Margolles Barros

Al seleccionar un **campo relacional** aparece una ventana donde puedes **escoger** a qué entrada de la tabla correspondiente se associa

Por ejemplo puedes asociar una colección a un grupo de investigación en el campo ResearchGroups

Cómo funciona Baserow: Búsquedas

- Baserow te permite aplicar **filtros** y realizar **búsquedas jerárquicas**

The diagram illustrates the Baserow filtering process. It shows a sequence of three screenshots of the Baserow interface, connected by red arrows indicating the flow of the process.

Top Screenshot: The initial state of the Baserow interface. The top toolbar shows the 'Filtro' (Filter) button. The table below has columns: 'T Name', 'Location', 'Year', and 'Source'. The data rows are:

T Name	Location	Year	Source
1 Fermented milk Metagenome	Antioquia, Colombia	2016	artisanal suero costeño
2 BL_010320	Western Mediterranean...	2001	coastal sea water
3 BL_010419			

Middle Screenshot: A modal window for creating a filter is open. It shows the configuration for a filter:

- Donde (Where):** Source
- contiene (contains):** feces
- Buttons:** '+ Añadir filtro' (Add filter), '+ Añadir grupo de filtros' (Add filter group), and 'Todo impedido' (All disabled).

Bottom Screenshot: The result of applying the filter. The table now shows only the rows that match the filter criteria:

T Name	Location	Year	Source
1 Children Metataxonomies (6 months)	Principality of Asturias	2024	child feces
2 Children Metataxonomies (4-14 years)	Principality of Asturias	2021	child feces
3 Children Metataxonomies (<2 years)	Principality of Asturias	2021	child feces

Cómo funciona Baserow: Introducir datos

El catálogo no actúa como un repositorio de datos, su propósito es registrar la existencia de colecciones y muestras y facilitar la conexión y colaboración entre grupos del CSIC, por lo que:

- Se prioriza la **incorporación de información aunque sea parcial**, con la posibilidad de completarla o actualizarla más adelante
- El catálogo permite dejar **constancia de datos** aunque **no** sean **públicos** o que aún no estén disponibles.

Es posible indicar que la **información no es pública** o simplemente **dejar campos vacíos** cuando no pueda compartirse.



Name	Public	Accession ID
BL_230912		
BL_231010		
BL_231114		
BL_231212		
Children Metataxonomies (6 mont...	✓	SAMN38115097 to SAMN3...
Children Metataxonomies (6 mont...	✓	SAMN40261256 - SAMN4...
Children Metataxonomies (<2 yea...	✓	SAMN32161911 - SAMN32...
Children Metataxonomies (6 mont...	✓	SAMN34565804 to SAMN...
Children Metataxonomies (1 year)	✓	SAMN41921760 to SAMN4...
Adult Metagenome	✓	SRR6877525 to SRR6877527
Oral_Intestinal_UlcerativeColitis_1 ...	✓	PRJNA749643
Intestinal_MetabolicSyndrom Met...	✓	PRJNA717111

Cómo funciona Baserow: Introducir datos



Para una organización coherente y el enlace automático de registros, se recomienda crear las entradas en un **orden jerárquico** de información

1. Crear el **grupo de investigación**.
2. Añadir el **proyecto** (si varias colecciones se agrupan en un paraguas).
3. Crear las **colecciones**.
4. Registrar las **muestras** (aislados o ómicas).



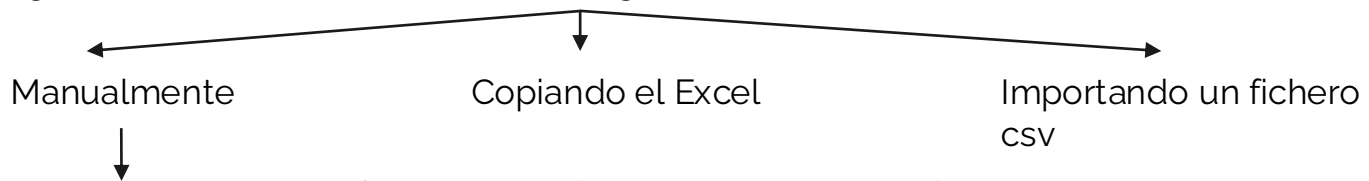
Para **más información** sobre cómo **entrar tus datos** puedes consultar el **tutorial escrito** o bien el **video tutorial** que encontrarás en el **SACO** de la **conexión**.

Cómo funciona Baserow: Introducir datos



Para una organización coherente y el enlace automático de registros, se recomienda crear las entradas en un **orden jerárquico** de información

1. Crear el **grupo de investigación**.
2. Añadir el **proyecto** (si varias colecciones se agrupan en un paraguas).
3. Crear las **colecciones**.
4. Registrar las **muestras** (aislados o metagenomas).



248	Septoglomus sp marrón	CP-711-583...	Cabo de Gata, AI	2016
+				
248	Septoglomus sp marrón	CP-711-583...	Cabo de Gata, AI	2016
249	Septoglomus visco			

Cómo funciona Baserow: Copiar datos de un Excel

- Preparar el Excel con **una columna por campo**
- Si una muestra tiene **varias entradas** para un campo **separar** las entradas en la misma celda por **coma**
- Los **nombres** de colecciones, biomas o proyectos deben estar **escritos exactamente igual** que en las **tablas correspondientes de Baserow**
- Si algún **campo** queda **sin rellenar** dejar **una columna en blanco**

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	Name	Location	Year	Date	Source	Omics	No. Of Isolate	Public
2	BL_030128	Western Me	2003	28/01/2003	coastal sea water			
3	BL_030304	Western Me	2003	04/03/2003	coastal sea water			
4	BL_030325	Western Me	2003	25/03/2003	coastal sea water			

BBMO temporal series (ICM),BBMO 16S rRNA gene pico- & nano-plankton

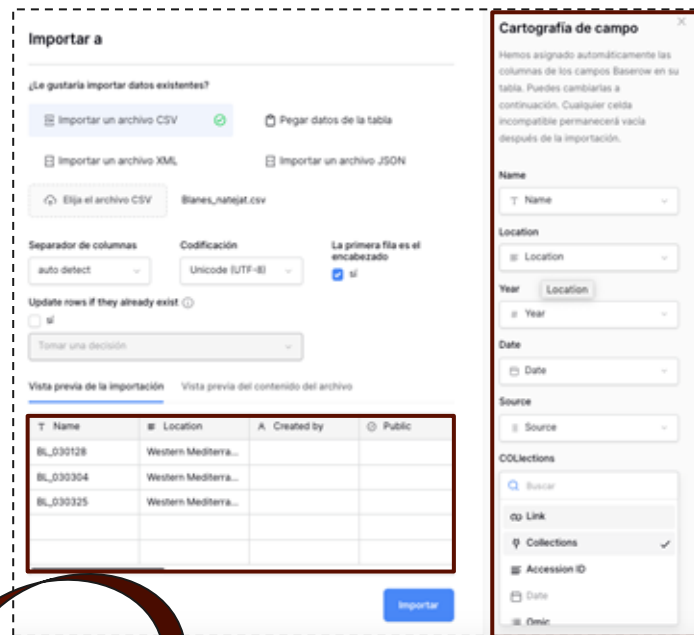
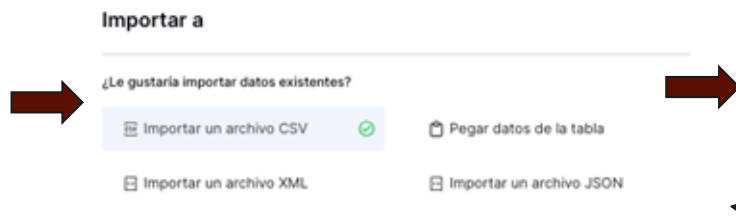
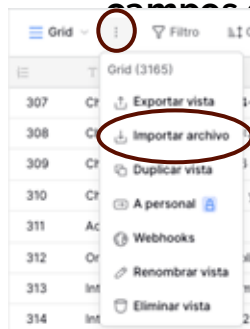
BBMO temporal series (ICM)

BBMO 16S rRNA gene pico- & nano-plankton

	Name	Location	Year	Date	Public	Collections
323	BL_030128	Western Mediterranean...	2003	28/01/2003		BBMO temporal series (ICM) BBMO 16S rRNA
324	BL_030304	Western Mediterranean...	2003	04/03/2003		BBMO temporal series (ICM) BBMO 16S rRNA
325	BL_030325	Western Mediterranean...	2003	25/03/2003		BBMO temporal series (ICM) BBMO 16S rRNA

Cómo funciona Baserow: Importar fichero csv

- Preparar el fichero csv con **las columnas correspondientes**
- Si una muestra tiene **varias entradas** en un campo **separar** las entradas en la misma celda por **punto y coma (;)**
- Los **nombres** de colecciones, biomas o proyectos deben estar **escritos exactamente igual** que en las **tablas correspondientes de Baserow**
- **Importar** el fichero y **asigna las columnas** del CSV a los **campos de la tabla de Baserow**



	T Name	Location	Year	Date	Public	Collections
323	BL_030128	Western Mediterranean...	2003	28/01/2003		BBMO temporal series (ICM) BBMO 16S rR
324	BL_030304	Western Mediterranean...	2003	04/03/2003		BBMO temporal series (ICM) BBMO 16S rR
325	BL_030325	Western Mediterranean...	2003	25/03/2003		BBMO temporal series (ICM) BBMO 16S rR

Hacia un ecosistema colaborativo de microbiomas

Estudio del impacto del microbioma en la naturaleza y la salud humana

- Baserow facilita la conexión entre grupos y colecciones del CSIC.
- El catálogo es una herramienta abierta, dinámica y en crecimiento.
- Invitación a los grupos a añadir sus datos.