GESTIÓN DE NOMBRES CIENTÍFICOS

NORMALIZACIÓN CON SPECIES MATCHING DE GBIF

Taller GBIF.ES: Publicación de datos de biodiversidad en GBIF y en revistas científicas

# 

# INTRODUCCIÓN

En este ejercicio comprobaremos la validez de los nombres científicos en nuestro juego de datos utilizando la herramienta [*Species Matching*](https://www.gbif.org/tools/species-lookup) de GBIF. Cuando proceda, proporcionaremos el nombre correcto, sus autores, rango taxonómico y la jerarquía taxonómica superior en la tabla de trabajo. Todo ello de manera automática y masiva.

# ANTES DE EMPEZAR

[*Species Matching*](https://www.gbif.org/tools/species-lookup) es una herramienta desarrollada por el Secretariado de GBIF (*Global Biodiversity Information Facility*) que permite comprobar la validez nomenclatural de una lista dada de nombres científicos. Para ello utiliza la base de datos taxonómica de GBIF (*GBIF Backbone Taxonomy*), que es la referencia utilizada por GBIF para integrar la información de nombres científicos procedentes de diferentes recursos, lo cual proporciona consistencia al portal y facilita las búsqueda taxonómicas en el mismo.

Ante un listado de nombres científicos proporcionados en un archivo .csv o .txt, la herramienta *Species Matching* devuelve los siguientes resultados que pueden ser descargados en .csv:

* Coincidencia de los nombres de origen con los existentes en su *Backbone*
* Propuesta del nombre correcto
* Status nomenclatural
* Rango taxonómico
* Jerarquía taxonómica por encima del taxón proporcionado
* Autores de los nombres científicos

Para continuar con el caso práctico, usted encontró que en su conjunto de datos, el campo *ScientificName* no siempre muestra los autores de los nombres científicos.

# NECESITARÁS

El juego de datos de prueba [*Caso 03\_SpeciesMatching\_PecesMexico.xlsx.*](https://drive.google.com/open?id=14ZTMXeZOOdQveIhTDHm-Y6W20z3yM2S3)

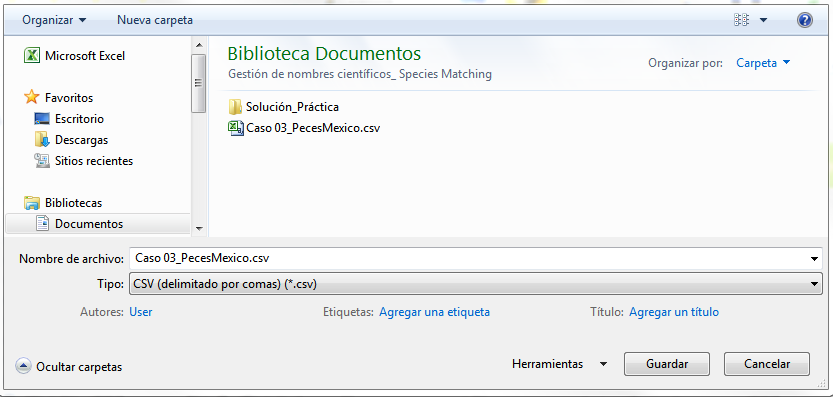
URL de le herramienta [*Species Matching*](https://www.gbif.org/tools/species-lookup); <https://www.gbif.org/tools/species-lookup>

# INSTRUCCIONES

***Paso 1.* Preparación del archivo de trabajo.**

Para ingresar los nombres científicos en [*Species Matching*](https://www.gbif.org/tools/species-lookup) estos deben proporcionarse como un archivo .csv o.txt que contenga al menos una columna llamada “scientificName”. Ya que nuestra tabla está adaptada al estándar (ejercicio anterior) contiene este campo y simplemente tenemos que guardarlo en el formato adecuado para que Species Matching lo interprete. Para ello:

1. Abre la tabla de trabajo que está en formato excel. Comprueba que tiene el campo *ScientificName*.
2. Guarda el archivo excel en formato .csv pulsando sobre *Archivo-> Guardar como ->* y en el desplegable “tipo” selecciona *CSV (delimitado por comas) (\*.csv).*

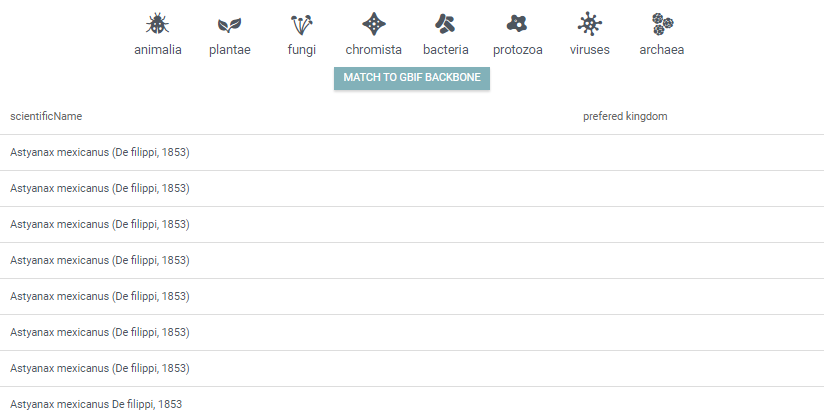


***Paso 2****.*  **Comprobación de nombres**

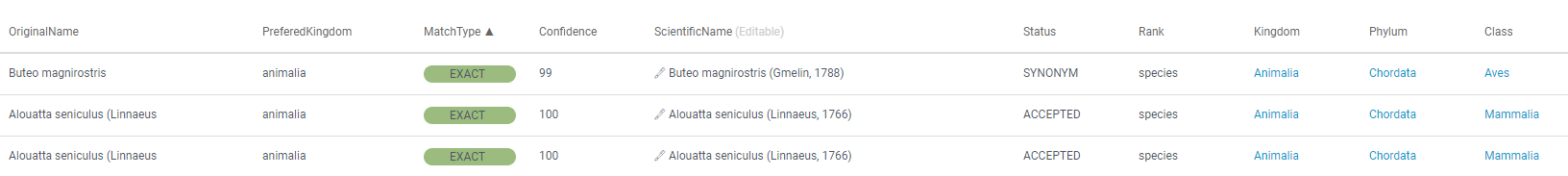
1. Ingrese a la herramienta en línea [Species Matching](https://www.gbif.org/tools/species-lookup)[*https://www.gbif.org/tools/species-lookup*](https://www.gbif.org/tools/species-lookup)*.*  Ya puede integrar los nombres para normalizar. Puede realizarlo de dos maneras: pulsando el botón **Select File** para navegar y encontrar en su equipo el archivo a validar, o arrastrando con el ratón el archivo al globo donde se indica **Drop here.**

****

1. Automáticamente se pre visualizará el listado de nombres y se dará la opción a elegir un reino si no se especificó en origen. Seleccione el reino **animalia** de acuerdo al caso de uso y haga clic en **Match to GBIF backbone.**

****

1. Como resultado aparecerá un página en la que se muestran los siguientes campos:

******

El campo **MatchType** indica con texto y en clave de colores la coincidencia del nombre proporcionado en origen con el Backbone de GBIF. Haga clic sobre este campo para ordenar la información que contiene y localiza aquellos nombres calificados como FUZZY (dudosos), NONE o HIGHERRANK**\***.

\*HIGHERRANK se asigna a un nombre cuando no se han encontrado coincidencias al mismo nivel taxonómico y se propone uno superior.

1. Desde la columna **ScientificName**, utilice la herramienta de edición  para comprobar manualmente los nombres cuyo MatchType es HIGHERRANK**.**  Sustituya la propuesta por el valor adecuado si considera que hay algún nombre con una coincidencia mejor que la propuesta.

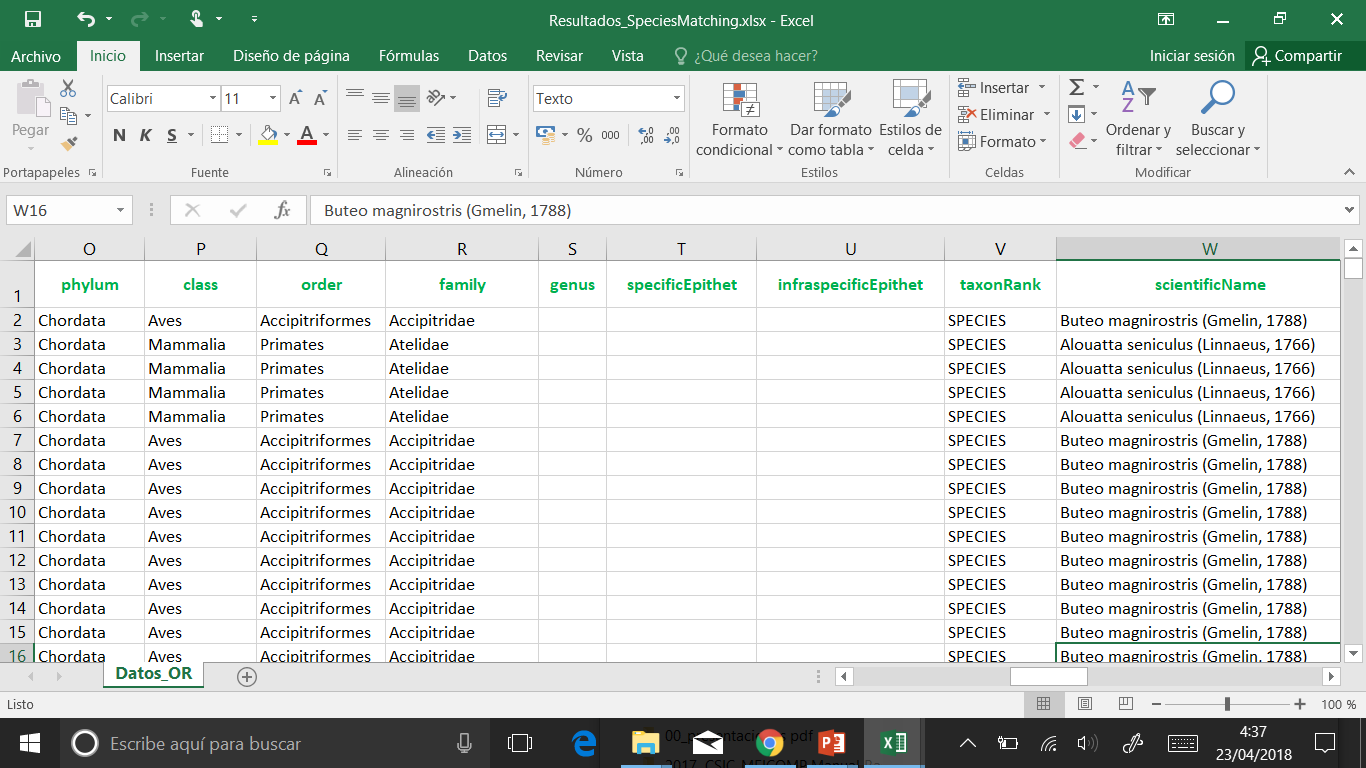
Revise los nombres cuyo MatchType es FUZZY y compare con los nombres propuestos.

***Paso 3.* Descarga y visualización de los resultados**

1. Descargue los resultados desde la opción **Generate CSV** disponible al pie de la página.
2. Guarde el archivo **Normalized.csv** resultante en su equipo.
3. Para visualizar los anteriores resultados importe los datos **Normalized.csv** en un archivo excel siguiendo las indicaciones de la guía “[Cómo importar archivos de texto en excel”](https://drive.google.com/open?id=1bfHAyzncnwCVyHRFlg8JJSV_IIaRU3yh3pX-U2vrNSc).Renombre el nuevo archivo como “Nombres\_normalizados.xlsx”.

***Paso 4.* Integración de los resultados en la tabla original**

1. Seleccione, copie (Ctrl + C) y pegue (Ctrl + V) en la tabla *Caso 03\_SpeciesMatching\_PecesMexico.xlsx*los valores de los campos *ScientificName, kingdom, phylum, class, order, family* y *rank* en los campos que correspondan.



1. Guarde el archivo con los resultados**.**