

# RGD-Web – Lathund för användare

## Utkast

Syftet med Lathunden är att ge vissa anvisningar och praktiska kommentarer som komplement till anvisningarna på web-sidan tills dess en mera fullständig dokumentation utformas.

*Observera att RGD-Web är under utveckling och kan ändras. Följaktligen kan även vissa avsnitt i Lathunden bli inaktuella.*

### Bakgrund och syfte med RGD-Web

Det huvudsakliga syftet är att med stöd av funktionerna i RGD-Web höja tillförlitligheten i relationer och sakuppgifter i den egna forskningen dels genom vissa formella kontroller av den ingående Gedcom-filen och dels vid jämförelse av samma fil mot en annan Gedcom-fil eller – i ett senare skede – mot RGDs databas.

### Förberedelser

Skapa ett utdrag ur den egna forskningen i form av en Gedcom-fil (vid mycket stora datamängder kan reducering ske till notiserna Födda/Vigda/Döda). Teckenformat bör vara UTF-8.

### Inmatning av Gedcom-fil

Följ instruktionerna i menyn. Beträffande hantering av fellistor ur indatavalidering finns olika alternativ:

1. Vid enstaka indikerade avvikelser kontrollera och bearbeta under pågående inloggning.
2. Markera det innehåll, som skall analyseras, och för över det till exempelvis ett Word-dokument med kopiera/klistra in.
3. Markera rutan ”skicka E-mail”. E-mail skickas till den adress, som registrerats för kontot.

### Analys och korrigering av uppgifter

Gå igenom och följ upp de indikerade avvikelserna, gör korrigeringar i den egna forskningen. Därefter ta fram en ny Gedcom-fil och upprepa Inmatning och indatavalidering. Genom att ge den nya filen samma filnamn raderas automatiskt den föregående filen i samband med inmatning.

### Matchning mot annan Gedcom-fil (eller RGDs databas) – avsnitt 4

En förutsättning för matchning (jämförelse av två Gedcom-filer med varandra) är att det finns två tillgängliga filer på samma konto.

Välj vilka filer, som skall matchas mot varandra genom kommandona i menyn. Programmet söker efter potentiella identiska individer och jämför familjebilderna (syskon/föräldrar) för dessa individer med varandra.

Mycket enkelt uttryckt grupperas jämförelserna i tre grupper:

1. Familjer som är identiska i båda filerna
2. Familjer som möjligtvis kan vara identiska
3. Familjer som sannolikt inte är identiska

Grupp 2 analyseras under avsnitt 5. Matchningsresultatet är nu lagrat i databasen och avsnitt 4 behöver inte upprepas förrän en korrigerad indatafil läses in.

### Matchningsanalys/Manuell Matchning

Markera vilka filer, som skall analyseras (samma filer som under avsnitt 4) och markera ”manuell matchning”.

Under rubriken MultiMatch (markera DB1 eller DB2 – anger matchande fil respektive matchningsbas) anges de familjer där det möjligtvis finns dubbla relationer i respektive fil. Exempelvis har ett identifierat barn olika fäder i respektive fil eller att syskons föräldrar inmatats dubbelt i den ena filen men inte i den andra. Börja med att reda ut dessa förhållanden och korrigera i förekommande fall i den ena eller andra grundforskningen. Generellt sett skall inga familjer finnas kvar i MultiMatch. Det kan också vara så, att det rör sig om två olika familjer, som inte har någon beröring med varandra, men en del identiteter är så näraliggande att de markerats som ”möjligtvis identiska”.

De ingående familjerna organiseras i block om 10 poster. Det aktuella blocket liksom det totala antalet poster anges i huvudet.

När en post skall analyseras i detalj markeras rutan ”Visa”, varvid alla ingående medlemmar i relationen/relationerna visas i en tillkommande tablå **efter** den sista posten i blocket. Genom att markera ”Graph” hos en individ visas efter detaljtablå en grafisk bild i tre generationer såväl ur Indatafilen som ur Matchningsbasen. Här åskådliggörs med pilar hur personerna relateras till varandra.

Fokusera på de avvikande individerna och red ut var ett eventuellt fel kan ligga. Korrigera i förekommande fall i den berörda forskningsdatabasen.

I nästa steg markeras ”Byte till familj” och rutan ”allManuell”. Analysen och verktygen är de samma som ovan under MultiMatch.

I ytterligare ett steg kan avvikelser relaterade till en enskild individ analyseras med användning av samma verktyg ”Byt till individ” – ”allManuell”.

Matchningskommandona ”FamiljOK”, Familj notOK, liksom Split (två barn skall ej matchas mot varandra) behöver inte användas förrän två ingående filer skall sammanföras under avsnitt 7 och 8. Detta förutsätter dock att alla relationsavvikelser är utredda och korrigerade. De kan användas under pågående analys för att reducera antalet öppna poster – exempelvis ”Familj notOK” i de fall familjerna inte har några beröringspunkter.

### Analysera alla avvikelser – Visa skillnader avsnitt 6

Detta är den mest detaljerade nivån för analys av avvikelser och den tar även upp sådana avvikelser mellan personer, som accepterats vid matchningen, t ex olika efternamn.

Verktyg och tillvägagångssätt är de samma som under Matchningsanalys. Dessa avvikelser måste inte nödvändigtvis åtgärdas.

*Observera att det är möjligt - och även att föredra att efter ett visst antal korrigeringar – att läsa in en ny Gedcom-fil efter åtgärder. Detta kan upprepas valfritt antal gånger till man är nöjd med resultat.*