

Weitere Projekte im Rahmen von GBIF-Deutschland (GBIF-D)

 [English Version](#) ^[1]

AnnoSys: Ein generisches Annotationssystem für Biodiversitätsdaten

Gesamtziel dieses von der DFG geförderten Projekts ist es, exemplarisch die Spezifikation für ein Annotationsdatenrepositorium für vernetzte, hochkomplexe wissenschaftliche Daten zu entwickeln und dieses zu implementieren. Dies soll am Beispiel von im GBIF/BioCASE System bereitgestellten Sammlungs- und Observationsdaten aus dem Bereich der Botanik geschehen (derzeit über 50,8 Millionen Datensätze, davon mindestens 15 Millionen Datensätze von naturhistorischen Sammlungsobjekten).

Analog zu der traditionellen, schriftlichen Annotation naturhistorischer Sammlungsobjekte, z.B. hinsichtlich ihrer taxonomischen Identität, wird ein Vorgang für die im Internet verfügbaren Daten etabliert, der Annotationen sowohl einzelner Datensätze als auch ganzer Datenbestände ermöglicht.

Am Beispiel naturhistorischer Sammlungsdaten im Rahmen von GBIF-Deutschland erarbeitet das Projekt Lösungen für eine Reihe von Domänen-übergreifenden und domänenspezifischen Problemen und implementiert diese exemplarisch in einem Pilotsystem. Zu den Problemkreisen gehören u.a.

- die Kategorisierung von Annotationen
- die Zugangs-, Persönlichkeits- und Anerkennungsrechte von annotierenden Wissenschaftlern
- die Qualitäts- bzw. Nutzbarkeitskontrolle
- die Referenzierung und Verlinkung von Annotationen
- die Konzeption eines die Annotation fördernden benutzerfreundlichen Systems
- die Rückkoppelung zu den verteilten Datenbereitstellern
- die potentielle Nutzung des System in laufenden Forschungsvorhaben zur Ausfilterung von nutzbaren Daten aus dem Gesamtsystem
- und generell die Integration des Datenzugriff auf Annotationsdaten in das Gesamtsystem von GBIF, BioCASE und GBIF-Deutschland.

Weitere Informationen: <https://annosys.bgbm.fu-berlin.de> ^[2]

BiNHum - Biodiversitäts-Netzwerk des Humboldt-Rings

BiNHum ist ein Gemeinschaftsprojekt des Humboldt-Rings vertreten durch die naturhistorischen Forschungssammlungen und Museen in Berlin, Bonn, Karlsruhe, München und Stuttgart. Im September 2009 haben sich das Museum für Naturkunde Berlin (MNHU), das Staatliche Museum für Naturkunde Karlsruhe (SMNK), das Staatliche Museum für Naturkunde Stuttgart, die Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB),

das Zoologische Forschungsmuseum Alexander Koenig in Bonn (ZFMK) und der Botanische Garten und Botanisches Museum Berlin-Dahlem (BGBM) zum Humboldt-Ring zusammengeschlossen, um eine Zusammenarbeit zu intensivieren und um Synergien im Sinne einer Großforschungsinfrastruktur zu erzeugen bzw. nutzen zu können. In BiNHum soll die IT-Komponente zur objektbezogenen Sammlungsdigitalisierung im Verbund abgedeckt werden.

Folgende Schwerpunkte werden dabei bearbeitet:

- Lokalisierung und Aufarbeitung bereits vorhandener digitaler Datenbestände, die aufgrund abgebrochener oder temporärer Initiativen nicht (mehr) zugänglich oder sogar gefährdet sind.
- Test, Anpassung und Anbindung verfügbarer IT-Lösungen sowie Unterstützung der Projektpartner im Verbund bzgl. Anpassung, Standardisierung und Anbindung der schon verfügbaren bzw. der neu zu erhebenden Datenbestände, z.B. im Projekt MORPHYLL am SMNS, DFG FKZ RO 3250/21 (Erfassung von ökophysiologisch und klimatisch relevanten morphologisch-anatomischen Details fossiler Blattreste).
- Entwicklung und Erprobung international verwendbarer Standards zur Digitalisierung von Sammlungsobjekten, für die diese noch nicht verfügbar sind; einerseits methodisch, wie z.B. standardisierte Ansichten von Objekten (Vergleichbarkeit), andererseits zur Verwaltung digitaler Datentypen, für die es noch keine Vorgaben gibt, z.B. Soundfiles oder 3D-Objekte.
- Entwicklung eines Internetportals für den Humboldt-Ring, das es ermöglicht, sämtliche Datenbestände institutionsübergreifend verfügbar und recherchierbar zu machen, inkl. bisher international noch nicht verfügbarer Medienfiles.
- Nutzung bestehender Infrastruktur im IT-Bereich, z.B. eines am BGBM über GBIF Deutschland bereitgestellten Imageservers.

Die Bearbeitung der genannten Themen macht eine Aufgabenteilung erforderlich:

WP 1: Koordination, Recherchen und Datenerschließung (SMNS, SMNK, Universität Ulm),

WP 2: Aufbau des Datenportals (ZFMK),

WP 3: Vernetzung und Sicherstellung der Datenqualität (BGBM),

WP 4: Diversity Workbench als Arbeitsumgebung für BiNHum (SNSB).

DiversityMobile ? IBF

Einen dauerhaften Datenfluss für biologische Daten aus der Feldforschung aufzubauen ist das Ziel des IBF-Projektes [3]. Die Daten werden mittels Smartphones mit GPS-Funktionalität und der Option der digitalen Bild-, Film- und Tonaufnahme im Gelände erhoben. Es wird ein Client zur Datenerhebung auf mobiler Plattform (*DiversityMobile*) und eine Schnittstelle zum bidirektionalen Datentransfer (Synchronisation) vom und zum Primärdatenrepositorium in München entwickelt. Die neuen Ansätze zur Datenerhebung umfassen die Prozessierung von Einzel-Beobachtungen wie auch multirelativierender ökologischer Beziehungen und erlauben die Einbindung anwenderspezifischer Deskriptoren, taxonomischer Namensbestände sowie topographischer Kartenausschnitte.

Ausgehend von den *Diversity Workbench* [4]-Applikationen am Repositorium (SNSB IT-Zentrum [5]) werden Schnittstellen für den Datenaustausch mit externen Datenbanken geschaffen und die Daten an GBIF International und andere Internetportale angebunden (siehe IBF-Daten bei GBIF [6]). Der komplette Datenfluss wird inhaltlich zusammen mit zwei Forschergruppen aus der Ökologie konzeptioniert, etabliert und soll langfristig durch die beteiligte Infrastruktureinrichtung aufrechterhalten werden.

Das Projekt wird derzeit unter dem Titel "Aufbau eines Informationsnetzes für biologische Forschungsdaten von der Erhebung im Feld bis zur nachhaltigen Sicherung in einem Primärdatenrepositorium" durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft, Bereich Wissenschaftliche Literaturversorgungs- und Informationssysteme (DFG LIS) gefördert.

Projektkoordination und Verbundpartner siehe Homepage [7]

DNA-Bank-Netzwerk

Ein erleichteter Zugang zu gut dokumentierten genetischen Ressourcen für die Biodiversitätsforschung ist das Hauptziel des DNA-Bank-Netzwerkes (www.dnabank-network.org [8]). Über ein gemeinsames Webportal machen die Partner-DNA-Banken des Netzwerkes dabei ihre DNA-Proben online verfügbar und Wissenschaftler können Belegreferenzierte DNA suchen und bestellen.

Molekulare Sequenzdaten werden in Datenbanken wie GenBank, EMBL oder BOLD in der Regel nur unter Angabe des wissenschaftlichen Namens des untersuchten Organismus publiziert. Ein leichter Zugang zu den untersuchten Belegorganismen bildet dabei die einzige verlässliche Möglichkeit, die korrekte Artzugehörigkeit der Sequenzdaten zu überprüfen. Im Gegensatz zur Hinterlegung von Belegen bei taxonomischen Publikationen ist eine vergleichbare Sorgfalt bei molekularen Analysen aber eher die Ausnahme als die Regel. Basierend auf dem Konzept und der Software von GBIF und BioCAsE bietet das DNA-Bank-Netzwerk jetzt die einzigartige Möglichkeit sowohl die Belegorganismen von molekularen Untersuchungen umfassend einschließlich einer hochauflösenden Abbildung zu dokumentieren und entsprechende DNA-Proben mit den Daten des Belegorganismus dynamisch zu referenzieren. Dabei wurden für die vorhandene Software ergänzende Komponenten entwickelt (DNA Modul [9], ABCDDNA [10]), um die DNA-spezifische Daten verwalten und online verfügbar machen zu können.

Im DNA-Bank-Netzwerk haben sich zunächst vier deutsche Forschungssammlungen mit sich ergänzender Expertise zusammengeschlossen, Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin-Dahlem (BGMB), Zoologische Staatssammlung München (ZSM), Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander König Bonn (ZFMK) und Deutsche

Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen Braunschweig (DSMZ). Das Netzwerk wird derzeit durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) gefördert und wird in Zukunft durch die Partnersammlungen entwickelt und unterhalten.

Projektkoordination und Verbundpartner siehe Homepage ^[11]

_ [7]

EDAPHOBASE GBIF-Informationssystem Bodenzologie

Vorhandene Datensammlungen und Datenbanken zu Bodenorganismen werden aus verschiedenen an diesem Thema forschenden Einrichtungen zusammengeführt. Ihre Verknüpfung untereinander und mit Zusatzinformationen wird im "Informationssystem Bodentiere" vorgenommen, das folgende Ziele verfolgt:

(i) Zusammenführung sammlungsbezogener Daten verschiedener Forschungseinrichtungen aus einer Vielzahl taxonomischer Gruppen und trophischer Ebenen; (ii) Verknüpfung von Literatur- und Sammlungsdaten zu Lebensraumsansprüchen und Verbreitung verschiedener Artenbodenbewohnender Wirbelloser mit einem Schwerpunkt der Fundpunkte auf Deutschland und Europa; (iii) Schaffung von Recherchertools zur Nutzung und Auswertung der Daten für komplexere ökologische und biogeographische Fragestellungen; (iv) Erstellung der Datengrundlagen für die Entwicklung von Prognosetools zu Veränderungen von Boden-Biozönosen und (v) zur Abschätzung und zum Schutz der Funktionalität von Böden sowie (vi) Generierung und Einbindung von weiteren Partnern aus dem In- und Ausland in den Datenverbund.

Der Fokus wird zuerst auf den funktionell wichtigsten Gruppen der Bodentiere liegen, wobei möglichst viele ökologische Daten derjenigen Taxa einbezogen werden, von denen sammlungs-basierte und literaturbezogene Daten vorliegen. Dies sind 2014 Springschwänze (Collembola), Hundertfüßer (Chilopoda), Doppelfüßer (Diplopoda), Kleinringelwürmer (Enchytraeidae), Raubmilben (Gamasina), Landasseln (Isopoda), Regenwürmer (Lumbricidae), Fadenwürmer (Nematoda) und Hornmilben (Oribatida).

In der zweiten Projektphase seit 2013 wird Edaphobase bei verschiedenen Fragenstellungen des Biodiversitäts-, Natur- und Bodenschutzes praktisch erprobt, um seine Anwendbarkeit zu beweisen bzw. zu überprüfen. Das Informationssystem wird dabei technisch weiterentwickelt, für die externe Nutzung (inklusive der Aufnahme externer Daten) verbessert und so zum nationalen Repositorium und Beurteilungsinstrument für bodenzoologische Daten für Deutschland (inklusive relevanter Lebensrauminformationen) ausgebaut. Durch die Vernetzung mit den nationalen Biodiversitätsinitiativen und -Institutionen wird Edaphobase zu einer national bedeutenden Infrastruktureinrichtung für bodenzoologische Datenhaltung und biodiversitätsbezogene Anwendungen sowie zu einer Service-Plattform für die forschungsgetriebene Mobilisierung und Evaluierung von umweltrelevanten (v. a. bodenökologischen) Daten.

Auf der Grundlage der gemeinsam genutzten EDIT *Platform for Cybertaxonomy* wird das SMNG in Abstimmung mit allen beteiligten GBIF-Partnern eine dauerhafte Präsenz von EdaphoBase als thematisches Netzwerk "Bodentiere" auf dem GBIF-D-Portal etablieren. Mit der Einführung dieses Netzwerks werden erstmals nicht einzelne taxonomische Einheiten, sondern taxonübergreifend Vertreter eines Lebensraums, des Edaphons, in GBIF-Deutschland repräsentiert. Hierbei werden den GBIF-Nutzern neben Informationen zu den

Organismen auch korrelierte abiotische Parameter, Angaben zu ökologischen Nischen, Traits und Gemeinschaftsstrukturen sowie angewandte Aspekte angeboten. Die thematischen Netzwerke im GBIF werden die GBIF-D Datenbanken als Repository für weitere Nutzergruppen öffnen, Datenressourcen zu Organismen auf Artebene aus nicht-taxonomischen (z. B. ökologischen) Arbeitsgruppen bzw. Arbeitsrichtungen zugänglich machen und mit dem Datenpool zu taxonomischen Informationen korrelieren. Das thematische Netzwerk hält diese Daten nachhaltig vor, z. B. für Metaanalysen, und macht sie, taxonomisch validiert und via EDIT gegebenenfalls nach neuen Erkenntnissen aktualisiert, langfristig für die Auswertung zugänglich.

Projektkoordination und Verbundpartner siehe Homepage ^[12]

OpenUp! ? Opening Up the Natural History Heritage for Europeana

Das EU-Projekt *OpenUp! ? Opening Up the Natural History Heritage for Europeana* bindet bedeutende naturkundliche Sammlungen in die europäische digitale Bibliothek Europeana ^[13] ein.

Für das EU-Projekt *OpenUp!* haben sich 23 führende Naturkundemuseen, Herbarien und Organisationen aus 12 europäischen Ländern zusammengeschlossen, um auf digitalem Weg mehr als eine Million naturkundliche Multimediaobjekte wie Bilder und Tondokumente in der europäischen digitalen Bibliothek Europeana ^[13] der Öffentlichkeit zugänglich zu machen. Dazu gehören Bilder von Objekten botanischer und zoologischer Sammlungen, z.B. Herbarbögen, Schmetterlingskästen oder Präparate verschiedenster Art, historische Zeichnungen und Gemälde. Auch Tondokumente (u.a. Vogelstimmen) und Videoaufnahmen werden in Europeana veröffentlicht und vermitteln lebenswissenschaftliche Inhalte meist besser als jede Abbildung. OpenUp! nutzt dabei die im Rahmen des Netzwerks BioCASE ^[14] entwickelten Techniken, um die Daten sowohl über Europeana als auch über GBIF ^[15] zugänglich zu machen.

Das Projekt *OpenUp!* hat durch die Aufbereitung und Einbindung landessprachlicher Organismennamen in Europeana den Nutzerkreis auf die interessierte Allgemeinheit erweitert und damit auch (natur-)wissenschaftliche Erkenntnisse im öffentlichen Bewusstsein als Kulturerbe verankert. In Zusammenarbeit mit Europeana gehörte die Entwicklung einer konsistenten urheberrechtlichen Lizenzierungsstrategie für Institutionen, die ihre Daten zur Verfügung stellen, ebenfalls zu den Zielen des Projektes.

OpenUp! wurde vom Botanischen Garten und Botanischen Museum Berlin-Dahlem der Freien Universität Berlin koordiniert. Die Europäische Union förderte das erfolgreiche Vorhaben mit 3,5 Millionen Euro für drei Jahre (2011-2014) im Rahmen des EU-CIP ICT PSP Work Programme ^[16].

Wissenschaftliche Koordinatorinnen:

Dr. Petra Böttinger und Alexa Michel, M.Sc.

Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin-Dahlem

Keine Aktualisierungen nach dem 15.05.2014

[Impressum](#) [Disclaimer](#) [Haftungsausschluss](#)

Quell-URL: http://www.gbif.de/de/weitere_projekte#comment-0

Links

- [1] <http://www.gbif.de/gbif-de/projects>
- [2] <https://annosys.bgbm.fu-berlin.de>
- [3] http://www.diversitymobile.net/wiki/IBF_Project
- [4] <http://www.diversityworkbench.net/Portal/DiversityWorkbench>
- [5] <http://www.snsb.info/>
- [6] http://www.diversitymobile.net/wiki/IBF_Datasets_accessible_by_GBIF
- [7] <http://www.diversitymobile.net/>
- [8] <http://www.dnabank-network.org>
- [9] <http://www.dnabank-network.org/Module.php>
- [10] <http://www.tdwg.org/standards/640/>
- [11] <http://www.dnabank-network.org/>
- [12] http://www.senckenberg.de/root/index.php?page_id=11082
- [13] <http://www.europeana.eu/>
- [14] <http://www.biocase.org/index.shtml>
- [15] <http://www.gbif.org/>
- [16] http://ec.europa.eu/information_society/activities/ict_psp/about/index_en.htm