

Mitteilungen und Nachrichten

TDWG 2009 Annual Conference in Montpellier – Reisebericht

Taxonomic Databases Working Group (TDWG), jetzt Biodiversity Information Standards, ist eine internationale Organisation mit formeller Mitgliedschaft, die Arbeitstagungen und Kongresse zu Taxonomie und Biodiversitätsinformatik veranstaltet. Der Kern der Mitglieder besteht aus botanischen Gärten und naturhistorischen Sammlungen. Zunehmend ist man jedoch bemüht, die Bereiche Kulturpflanzenforschung und Sammlungen genetischer Ressourcen einzubeziehen. So stand diese Konferenz, als erstes gemeinsames Treffen mit der Agrobiodiversitäts-Forschung, unter dem Motto "e-knowledge about biodiversity and agriculture". Agropolis International und Bioversity International konnten als Mitveranstalter gewonnen werden.

Agropolis International ist eine Dachorganisation für in der Region um Montpellier angesiedelte Universitäten und Forschungsinstitute mit einem Fokus auf Landwirtschaft, Ernährung, Biodiversität und Umwelt. Bioversity International ist eines von 15 Zentren der "Consultative Group on International Agricultural Research (CGIAR)", mit dem Mandat, durch Nutzung der Biodiversität die Lebensbedingungen armer Völker zu verbessern. Anders als die Vorgängerinstitutionen IBPGR/IPGRI ist Bioversity nicht mehr auf Pflanzen beschränkt, sondern umfasst alle Organismen. Bioversity International betreut Informationssysteme für CGIAR-Sammlungen (SINGER), für das Europäische Netzwerk ECPGR (EURISCO), sowie ein Portal für verwandte Wildarten. Als CGIAR-Zentrum ist Bioversity am Generation Challenge Programme beteiligt und arbeitet dort an Merkmalsontologien und phylogenetischen Werkzeugen. Als Produkte wurden die Multicrop Passport Deskriptoren, eine Wissensbasis für gutes Genbank-Management und DIVA-GIS genannt.

Aus vielfältigen, parallel laufenden Vortragssektionen und Arbeitsgruppen während der über eine gesamte Woche (9. bis 13. November 2009) veranstalteten Konferenz seien hier folgende herausgenommen:

- E-Biosphäre – Strategie und Arbeitsplan
- Globale Netzwerke
- Ontologien und Identifikatoren
- Beitrag des Agrobiodiversität-Sektors – Workshops zur Agrobiodiversität – Landwirtschaftliche genetische Ressourcen und Wildverwandte
- Standards für phänotypische Daten
- Ein europäisches verteiltes Institut für Taxonomie (EDIT)
- Integration und Skalierung geographisch-räumlicher Biodiversitätsdaten
- Partizipatorische Forschung (Citizen Science)

E-Biosphäre – Strategie und Arbeitsplan

W. BERENDSOHN (FU Berlin) berichtete von einem hochrangigen e-Biosphäre-Strategietreffen in London zur Diskussion eines Fahrplans für die Biodiversitätsinformatik. Als Probleme wurden massive Parallelentwicklungen herausgestellt sowie die Tatsache, dass der Produktzyklus zu langsam ist, um mit der technischen Entwicklung Schritt zu halten. Stärkere Koordination und Integration auf der Basis von Standards wurden angemahnt. Die Datenerfassung sollte beschleunigt, die Entwicklung mehr von den Nutzern getrieben werden und mehr Funktionalität und Interoperabilität mit sich bringen, so dass virtuelle Arbeitsplattformen entstehen. Die Global Biodiversity Facility (GBIF) wurde von N. KING (GBIF Sekretariat) als zentrale

Komponente in diesem Prozess vorgestellt. Als umfassendes Informationssystem sollte sie noch aktiver Daten akquirieren, mit dem Ziel, die vorhandenen Daten besser verfügbar zu machen. Hindernisse bestehen oft weniger in technischen als in sozialen und politischen Faktoren, z.B. Widerständen, Daten verfügbar zu machen. Transparenz der Autorenschaft und Zitierfähigkeit sind in dieser Hinsicht wichtige Anforderungen. Wichtige Aktionen sind die Entwicklung globaler Ressourcenverzeichnisse, einer Taxonomie-Infrastruktur (Global Names Architecture), die Entwicklung von Ontologien und von Referenzen auf publizierte Daten und Dienste. In Großbritannien wurden vom House of Lords eine Bestandsaufnahme und ein Arbeitsplan für die Internet-basierte Taxonomie initiiert. Diskutiert wurde auch, inwiefern die Organisation der Arbeit und Förderstrukturen verändert werden sollten, in Richtung auf kooperative Finanzierung wissenschaftlicher Infrastrukturen durch ein internationales Netzwerk. Bisher bietet nur die Europäische Union derartige Fördermöglichkeiten an. In den USA gibt es ein Büro für Cyber-Infrastruktur, das aber eher forschungsorientiert ist und keine Möglichkeiten für Langzeit-Förderung bietet. GBIF selbst kann als Beispiel der Förderung von Infrastrukturen angesehen werden. In der Diskussion wurden stärkere soziale und politische Relevanz und eine größere Offenheit von TDWG angemahnt.

Globale Netzwerke

Folgende globale Netzwerke wurden vorgestellt:

Die Global Biodiversity Facility (GBIF) hat von 96 Institutionen aus 35 Ländern das Mandat, eine frei zugängliche Plattform für die weltweite Biodiversität zu entwickeln. Zentralisierung steht nicht im Vordergrund, das Eigentum an den Daten verbleibt bei den Lieferanten und soll durch Aufbau regionaler Plattformen gefördert werden. Insofern ist GBIF keine Datenbank, sondern eine Infrastruktur mit Werkzeugen zum Publizieren (Integrated Publishing Toolkit IPT), Indizieren und Auffinden (Harvesting and Indexing Toolkit, HIT) von Daten und zum Aufbau eigener Netzwerke (Portal Toolkit, Registry). Für den Bereich Pflanzengenetische Ressourcen wurde gezeigt, wie mit GBIF-Werkzeugen (GBIF Information Suite) auf Basis einer thematischen Erweiterung des Darwin-Core-XML-Schemas ein eigenes Netzwerk aufgebaut werden könnte. Ein Unterprojekt ist die GBIF Global Names Architecture. Sie wird 190 Mio. Beobachtungen und 5 Mio. Taxonnamen in Katalogen und Checklisten enthalten und verschiedene taxonomische Sichtweisen abbilden. Neben dem Zugang zu Daten ist deren Analyse eine wichtige Anforderung. So wurden Sammelortsdaten mit der Datenbank zu Schutzgebieten integriert (<http://code.google.com/p/gbif-wdpa/>).

Das European Distributed Taxonomic Institute (EDIT) vereint 28 Partner, um Arbeiten zur Taxonomie zu integrieren. Als Werkzeuge stehen Cybergate 2.0, Scratchpads und 13 000 Seiten Artbeschreibungen zur Verfügung.

Das Globale Informationsnetzwerk für Invasive Arten (<http://www.gisinet.org>) beinhaltet Inventare, Informationen zu Bekämpfung und Management, Hilfen für die Identifikation und Sekundärdaten aus der wissenschaftlichen Literatur. Es fungiert als Datenbasis für das CABI-Kompodium zu invasiven Arten und wurde 2005 durch die Konvention für Biologische Vielfalt beauftragt. Eine Werkzeugsammlung für das Aufladen von Beobachtungsdaten und das Konsolidieren der Taxonomie ist verfügbar. Sie basiert auf Entwicklungen des Inter-American Biodiversity Information Network (IABIN).

Ontologien und Identifikatoren

Ein gemeinsames Verständnis über Begriffe und Konzepte (Ontologien) sowie über die Identität von Objekten (Identifikato-

ren) sind Voraussetzungen für sinnvollen Datenaustausch. Ein Identifikator ist ein Textausdruck, der mit einem Objekt assoziiert. Häufig gebrauchte Begriffe wie GUID (Globally Unique Identifier) oder UUID verweisen auf von Microsoft reservierte Technologien. In Abgrenzung davon wird der Begriff Persistent Actionable Identifier vorgeschlagen, der folgende Eigenschaften mitbringt: dauerhafte Abbildung auf das Objekt und Dienste zur Bereitstellung von Informationen. Ein vorherrschendes Konzept basiert auf der Definitionsmacht durch eine Autorität (Autorenschaft). Hierbei ist ein Maximum an Permanenz und Erklärung des Datenkonzepts anzustreben. Verfügbare Technologien sind u.a. http-URIs oder Life Science Identifikatoren (LSIDs). Letztere werden als geeignet für Daten zur Biodiversität erachtet, ihre Implementierung in GBIF soll geprüft werden. Allerdings werden Teilbereiche der Domäne (Publikationsdaten) bereits durch einen anderen Identifikatortyp (Digital Object Identifiers DOI) repräsentiert. Es wird empfohlen, eine Unterstützung beider Konzepte im Resource Description Framework (RDF) zu entwickeln.

Grundelement des semantischen Webs sind verlinkte Daten unter Beachtung folgender Regeln: a) Verwende uniforme Ressourcenbezeichner (URIs) als Namen; b) Verwende http-URIs, so dass die Namen aufgefunden werden können; http-URIs machen das gegenwärtige Internet aus und werden von praktisch jeder Web-Software unterstützt. Domänenidentifikatoren (z.B. LSIDs) müssen weiterhin in http-URIs abgebildet werden. c) Die URIs sollten nützliche Information enthalten d) Sie sollten auf andere URIs verweisen, so dass neue Dinge entdeckt werden können. Die Verlinkung folgt dem Schema Subjekt – Prädikat – Objekt (RDF Triplet). Die Aufgabe besteht darin, für Objekttypen und Prädikate der Biodiversität gemeinsame URIs zu definieren. Vokabulare sollen Daten mit standardisierten Begriffen assoziieren, kontrollieren daher nicht nur Datenstrukturen, sondern auch Dateninhalte. Ein Vokabular umfasst ein standardisiertes Konzept mit Begriffen und zusätzlichen Metadaten. Ein Beispiel ist die ISO3-Länderkodifizierung. Basierend auf kontrollierten Vokabularen kann eine Übersetzung in verschiedene natürliche Sprachen vorgenommen werden. Folgende Komponenten sollen in einem GBIF-Vokabular-Server zusammengeführt werden: Standards für Inhalte, Definitionen, Identifikatoren (http-URIs), Auflösung von Widersprüchen, Arbeitsabläufe zur Definition von Vokabularen (Entwurf – Revision – Publikation).

Beitrag des Agrobiodiversität-Sektors – Workshops zur Agrobiodiversität – Landwirtschaftliche genetische Ressourcen und Wildverwandte

Theo VAN HINTUM (CGN, Niederlande) stellte in Pflanzengenenbanken vorhandene Datenkategorien, das europäische Genbank-System und im Rahmen des ECPGR initiierte Dokumentationssysteme (EURISCO, Europäische Fruchtartendatenbanken) sowie den Multicrop Passport Standard (MCPD) vor. Deswegen Nachteile bestehen in mangelnder Erweiterbarkeit und mangelnden Kodierungsstandards für Institutionen und die Taxonomie. Für Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten müssen Standards und Austauschformate erst entwickelt werden. M. MACKAY (Bioversity International) stellte das Projekt GIGA vor, das primär für die Wissenschaft ein globales Genbankinformationssystem entwickelt. Ein Portal für etliche Fruchtarten ist bereits verfügbar (<http://www.global-alis.org>). Basierend auf GRIN Global setzt es Webdienste zur Extraktion von Daten aus SINGER, EURISCO und GRIN ein (derzeit 1,2 Mio. Passportdaten und 3 Mio. Beobachtungsdaten). Es soll ein flexibles Aufladen von Daten ermöglichen, das durch nationale Inventare erfolgen kann, aber nicht auf diese beschränkt ist. Eine simultane Bestellung bei mehreren Genbanken wird online möglich sein.

Benutzer sollen an der Portalentwicklung über Feedback-Funktionalität beteiligt werden. Eine Freigabe des Quellcodes ist aber nicht angestrebt. Bis 2013 sollen GIS-Funktionalität mit Klimadaten, das im Internationalen Vertrag für pflanzengenetische Ressourcen vereinbarte Berichtssystem, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten sowie Schnittstellen zu anderen Datenquellen (In-situ-Erhaltung, traditionelles Wissen) implementiert sein. Gegenüber GRIN werden sich Verbesserungen ergeben, wie Abfragen über mehrere Merkmale gleichzeitig. Eine wichtige Rolle wird die Überlagerung mit geographischen Daten spielen, etwa mit der FAO-Bodenkarte. Ein Portal für wilde Verwandte von Kulturpflanzen (crop wild relatives) wurde bei Bioversity International unter der Koordination von I. THORMANN mit Partnern in Armenien, Bolivien, Madagaskar, Sri-Lanka und Usbekistan aufgebaut (<http://www.cropwildrelatives.org/>). Es wurden Daten digitalisiert, IT-Kapazitäten aufgebaut und GIS-Techniken trainiert. Dabei entwickelten die Länder unterschiedliche Lösungen von MS-Access-Datenbanken bis zu Web-Systemen. Das Portal ist ein Redaktionssystem mit Nachrichten und Ankündigungen, Definitionen, Instituts-, Experten- und Projektlisten, Publikationen und einem TapirLink zu den nationalen Systemen.

Die Arbeiten von A. JARVIS am CIAT zur Modellierung agronomischer Auswirkungen des Klimawandels und möglicher Anpassungsstrategien sind beispielgebend für die Nutzung von Biodiversitätsdaten (Ebbe Nielsen-Preis 2009). Klimamodelle errechnen Temperatursteigerungen von 1,7 bis 6,2 °C. Da sich das Meer langsamer erwärmt als Landoberflächen und sich die Masse des Landes in der nördlichen Hemisphäre befindet, ist diese stärker betroffen. Die größten Temperatursteigerungen werden in Sibirien und Kanada erwartet. Die Niederschläge werden sich im Durchschnitt um 15 bis 20% erhöhen, vornehmlich in den Hauptanbauregionen für Nahrungspflanzen. Verminderungen sind in bereits jetzt ariden Gebieten, wie der Sahel-Zone, Ostafrika, Ostasien, im Mittelmeerraum, in Chile und Zentralamerika zu erwarten. Ein Nischen-Modell (<http://ecocrop.fao.org>) wurde zur Simulation von Auswirkungen auf den Anbau eingesetzt. Von etwa 50 interessierenden Fruchtarten liegt bisher für 5 bis 6 eine gute Datenbasis vor. Im Durchschnitt ergibt sich für die nördlichen Regionen eine Steigerung der Anbaueignung, für mediterrane Regionen, Indien und die Sahelzone eine Verschlechterung. Gegenwärtige Verteilungsprobleme werden sich dadurch verschlimmern. Im Durchschnitt der Regionen zeigt sich bei 33 Fruchtarten eine Verbesserung. Insgesamt wird sich die Landwirtschaft deutlich verändern. Lokal können Veränderungen dramatisch sein, etwa in Kolumbien, wo die Vorzüglichkeit für den Kaffeeanbau schwindet, dafür aber eine Vorzüglichkeit für Kakao entsteht. Anpassungsstrategien können von Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung auf Basis der Modellaussagen bereits heute angegangen werden. Schwieriger stellt sich die Situation für die Erhaltung genetischer Ressourcen dar: Wenn sich Biodiversitätszentren verschieben, müssen die Schutzgebiete, gegenwärtig 13,8% der Fläche weltweit, angepasst werden, was zu Ziel- und Landnutzungskonflikten führen wird.

Das Mansfeld-Verzeichnis mit Rehm's Datenbank nutzbarer Pflanzen in den Tropen (mansfeld.ipk-gatersleben.de) und die Encyclopedia of Life (<http://www.eol.org/>) wurden als enzyklopädische Informationssysteme neben regionalen (Amerika, Südafrika, Indien) und thematischen Datenbanken (Leguminosen: <http://www.ildis.org/>) vorgestellt. Sie befassen sich mit Taxonomie, Synonymen, Volksnamen in verschiedenen Sprachen, Textinformationen und Literaturquellen. Auch aus dem Nutztierbereich wurden Informationssysteme vorgestellt (www.fishbase.org, <http://dad.fao.org/>).

Standards für phänotypische Daten

Aufgrund ihrer Umweltabhängigkeit haben phänotypische Daten besondere Anforderungen an Flexibilität und Dokumentation von Metadaten (Erfassungsmethodik, Erfassungsort). Eigenschaften wie z.B. Trockentoleranz hängen mit Faktoren in verschiedenen Merkmalsbereichen (Phänologie, Morphologie, Physiologie) zusammen. Bei biotischen Interaktionen (z.B. Krankheiten) sind Biotypen und Rassen zu erfassen. Grundsätzlich gilt die Hierarchie: Eigenschaftskategorie → Eigenschaft → Erfassungsmethode. Des Weiteren sind Rohdaten und aggregierte Daten zu unterscheiden. Das GIGA-Portal (s.o.) unterstützt Werte, Einheiten und Bereiche. Funktionalität für Biotypen, Rassen etc. muss noch implementiert werden. Weitere Datentypen wie Experimente, Behandlungen, absolute und relative Daten, Parzellengrößen, Verantwortliche wurden in der Diskussion angesprochen. Das intellektuelle Eigentum muss für jeden Eintrag dokumentiert werden, so dass eine korrekte Zitierfähigkeit gegeben ist.

Seit den 1960er Jahren werden an den CGIAR-Zentren u.a. das International Crop Information System (ICIS), ein Informationssystem für genetische Ressourcen (SINGER) sowie fruchtartsspezifische Deskriptorlisten betreut. Sie werden zu einer Ontologie-Datenbank für Nutzpflanzenmerkmale (<http://www.croponology.org/>) weiterentwickelt, als kontrolliertes Vokabular zur Beschreibung von Charakterisierungs- und Evaluierungsmerkmalen und ihrer Beziehungen. Vergleichbar ist die Arbeit an Standards für deskriptive Daten im Bereich der Taxonomie. Diese dienen in erster Linie der Entwicklung taxonomischer Schlüssel. In der funktionellen Ökologie (<http://www.try-db.org>) werden Merkmale an Individuen zur Bestimmung der biologischen Fitness erfasst. Sie dienen auch zur funktionellen Beschreibung von Interaktionen und zur Aggregation und Generalisierung auf Gesellschafts- und Ökosystem-Ebene. Sie lassen sich in Klassen wie Struktur, Größe, chemische Zusammensetzung, Zeitverhalten, Toleranz und Regenerierung einordnen. Ontologien sind auch zur Beschreibung von Umweltdaten (www.environmentontology.org/) verfügbar.

Eine Internationale Gesellschaft für Biokuration soll ein stärker qualitätsorientiertes Datenmanagement und Datenintegration befördern. Hier werden Ontologien benutzt, um Datenqualität zu definieren, Daten recherchierbar zu machen, Informationen aus Texten zu extrahieren, Artikel zu indizieren, semantische und terminologische Differenzen aufzulösen. Allerdings ist die Bereinigung von Datenbanken keine prestigeträchtige Arbeit. Es wird auf die Entwicklung von Werkzeugen fokussiert; häufig besteht am Inhalt wenig Interesse. Das intellektuelle Eigentum an den bereinigten Daten ist problematisch. Wichtig wären Indikatoren, um die Datenqualität zu objektivieren sowie einfache Test- und Erfassungswerkzeuge, die dem Datenbereiter Qualitätsbeurteilungen liefern (z.B. Taxonomy-Checker). Originaldaten und interpretierte Daten sind im Hinblick auf Qualitätskriterien getrennt zu betrachten.

Ein europäisches verteiltes Institut für Taxonomie (EDIT)

Ziel der Initiative ist die Integration von Software auf der Basis eines allgemeinen Datenmodells (<http://dev.e-taxonomy.eu/trac/wiki/CommonDataModel>) als Speicher- und Austauschformat in einer offenen, lose gekoppelten Plattform mit dem Anspruch, den taxonomischen Arbeitsfluss in den wichtigsten Anwendungsfällen (Revision der Klassifikation von Organismengruppen, Feldarbeit) abzubilden. Hoher Bedarf besteht bei der Suche nach Literatur, der Suche nach Herbarbelegen und beim Publizieren. Die Plattform besteht aus einem taxonomischen Editor auf der Basis der Eclipse-Rich-Client-Plattform und Werkzeugen für Feldarbeiten mit mobilen Datenerfassungsgerä-

ten auf der Basis von ArcPad. Der taxonomische Editor soll der Vorliebe von Benutzern für wenig strukturiertes Arbeiten entgegenkommen, sie von zugrundeliegenden Datenstrukturen abschirmen und doch einen nahtlosen Zugang zu existierenden Daten bereitstellen, den Arbeitsfluss nicht kontrollieren und eine freie Arbeitsfläche anbieten. Der eigentliche Editor ist eine Freitext-Arbeitsfläche mit Parsing-Infrastruktur, welche die Eingaben nach dem Code für botanische Nomenklatur überprüft. Eine Kontrolle der Datenqualität erfolgt beim Import in die Datenbank. Es können Überschneidungen von Datenquellen, Nomenklaturabweichungen (Orthographie, Autorenschaft), Status- und Klassifikationskonflikte analysiert werden. Die Publikation taxonomischer Arbeiten wird umfassend mit dem Open-Document-Format unterstützt. Eine Implementierung als Modul im Drupal Content Management Framework stellt den Zugang zu Webdiensten, Integritäts- und Genauigkeitschecks, Authentifizierung und geographische Werkzeuge zur Verfügung. Zum Auffinden von Literatur wurde ViTaL (Virtual Taxonomic Library) entwickelt. EDIT und MarBEF (Marine Biodiversity and Ecosystem Functioning) bilden die Pan-European Species Directories Infrastructure (PESI), ein Netzwerk mit 40 Institutionen in 26 Ländern, das 250.000 akzeptierte Namen und 2,5 Mio. Verbreitungsbeobachtungen verwaltet. Euro+Med (<http://www.emplantbase.org>) ist die botanische Komponente. Auf der Grundlage von EDIT und dem Datenmodell mit Java-Bibliotheken und Webdiensten sollen taxonomische Revisionen online vorgenommen und auf der Basis erweiterter und dynamischer Inhalte Konsensus-Taxonomien entwickelt werden.

Integration und Skalierung geographisch-räumlicher Biodiversitätsdaten

Anwendungsfälle für die Integration von geographischen mit biodiversitätsbezogenen Informationen ergeben sich bezüglich der Verbreitung und Evolution von Arten, der Planung von Erhaltungsmaßnahmen und der Lückenanalyse. Atrium (<http://atrium.andesamazon.org>) integriert die statistische Analyse mit R in sein Webportal. Neue R-Skripte können online erzeugt werden. Verbesserung der Datenqualität erfordert die Erfassung administrativer Einheiten niedriger Ordnung für bekannte Koordinaten und die Georeferenzierung. Hoch integrierte Informationssysteme und vielfältige Werkzeuge wurden vorgestellt: Eine Web-Plattform für die Evolutionsforschung (<http://www.tolkin.org/>), Werkzeuge zur Erstellung von Verbreitungskarten (<http://www.lifemapper.org>), zur Georeferenzierung (<http://www.biogeomancer.org/>) und für die Nischenmodellierung (<http://openmodeller.sourceforge.net/>). BioGeoBIF soll GBIF und BioGeomancer stärker integrieren. Verbesserungen sind vor allem bei der automatisierten Datenakquise und bei der Geschwindigkeit der Georeferenzierung erforderlich. Angestrebt wird ein verteilter Gazetteer (cloud basiert). Die Situation geographisch-räumlicher Analyse wurde folgendermaßen zusammengefasst: die verfügbaren Werkzeuge sind zu komplex, die Datenqualität ist nicht ausreichend, erforderliche Metadaten (Präzisionsangaben, geographisches Datum, Zeitangaben, Methodik) fehlen, Benutzer verlieren sich in der Vielfalt verfügbarer Werkzeuge. Von entscheidender Bedeutung ist die Verbesserung der Datenqualität. Bei 178 Mio. Datenpunkten in GBIF plus 44 Mio. in Plantae ist die Automatisierung der Datenbereinigung unabdingbar. Automatisierungsmöglichkeiten ergeben sich beim Abgleich von Koordinaten mit Deskriptoren (z. B. Land) und mit grundlegenden Verbreitungsgrenzen (z. B. Wasser, Festland). Mit vorhandenen Algorithmen konnten in 27 Minuten Rechenzeit 950.000 Einträge nach diesen Kriterien verifiziert werden, wobei sich eine Fehlerrate von 5 % ergab. Georeferenzierungsalgorithmen sollten administrative Einheiten auf zweiter oder dritter administrativer Ebene er-

kennen. Rückstände wurden vor allem in der Dokumentation der Agrobiodiversität verzeichnet. Die Datenbanken sind häufig nicht online und die Daten nicht in das Netzwerk eingebunden. Konzepte der Präzision sollten integriert werden und zur Überprüfbarkeit Referenzen zu administrativen Einheiten zweiter und dritter Ebene angegeben werden.

Partizipatorische Forschung (Citizen Science)

Moderne Kommunikationstechniken und mobile Datenerfassungswerkzeuge erlauben eine stärkere partizipatorische Einbeziehung von Laien in die Erfassung der Biodiversität. Wichtig ist dabei vor allem die schnelle Verfügbarmachung von Ergebnissen, um die Hobby-Forscher bei der Stange zu halten. Verschiedene Technologien und Projekte wurden vorgestellt: Tela Botanica (<http://www.tela-botanica.org/>) ist ein französisches Netzwerk von Laienbotanikern. Pl@ntNet ist ein Projekt der Agropolis Stiftung und soll, basierend auf verschiedenen schon vorhandenen Softwarekomponenten u. a. zur Verwaltung von Bildbibliotheken, die Pflanzenidentifikation und Interoperabilität von Basisdaten unterstützen. Für verschiedene Bereiche (Bäume, Holz, invasive Arten, Unkräuter, Rebsorten) bestehen Unterprojekte.

Das Interesse ist anfänglich meist groß, flacht dann aber ab. Wichtig ist die Einbeziehung von Sozialwissenschaften, um Strategien zu entwickeln, das Interesse wach zu halten. Wichtig sind der eigene Datenpunkt im Web und die Möglichkeit, eigene Fragen an das System zu stellen. Beim Einsatz von Eingeborenen oder zur Erfassung der Biodiversität in Hausgärten ist auch die Arbeit mit exotischen Sprachen notwendig. Besonders nützlich sind diese Ansätze bei Fragestellungen mit großer räumlicher oder zeitlicher Ausdehnung. Bioblitzes etwa sind Feldstudien, in denen Wissenschaftler und Amateure mindestens 24–48 h intensiv zusammenarbeiten mit dem Ziel, alle lebenden Organismen auf einer bestimmten Fläche zu erfassen.

Ausblick

Die Entwicklung von Informationssystemen ist heute weitgehend internationalisiert und spielt sich in Konsortien ab, was sich aus den Notwendigkeiten und Möglichkeiten des Internet ergibt. TDWG bietet hier eine wichtige Kommunikationsplattform, in der Konzepte und Standards definiert werden. Im botanischen Bereich ist hier das JKI bereits vertreten (Institut für Epidemiologie und Pathodiagnostik; Dr. G. HAGEDORN). Mit der Öffnung von TDWG für den Bereich der Agrobiodiversität bietet TDWG nun auch für die agronomisch, phytomedizinisch oder züchterisch ausgerichtete Forschung interessante Perspektiven.

Christoph U. GERMEIER (JKI Quedlinburg)

Europäischer Wissenschaftspreis für Arbeit von äthiopischem Forscher zu aggressivem Weizenrosterreger in Afrika

Die Stiftung fiat panis ehrte ehemaligen Doktoranden des Julius Kühn-Instituts in Quedlinburg auf dem Tropentag 2010 der Eidgenössischen Technischen Hochschule (ETH) Zürich.

Der Weizenschwarzrost ist eine weltweit gefürchtete Krankheit. In Afrika führt die 1999 in Uganda entdeckte Rasse Ug99 des Pilzes *Puccinia graminis* bereits zu erheblichen Ertragsverlusten in der Weizenproduktion, da der Erreger eine natürliche Resistenz-Schranke des Weizens überwindet. Der Schaderreger breitet sich rasch über Kenia, Äthiopien, Sudan in den Iran aus. Der äthiopische Wissenschaftler Dr. Belayneh ADMASSU führte zwischen 2006 und 2010 am Julius Kühn-Institut in Quedlinburg Untersuchungen zu Ug99 und der Resistenz seiner Wirtspflanze, des Weizens, durch. Seine Arbeiten helfen, ein neues Resistenzgen schneller in afrikanische Weizensorten einzukreuzen.

Seine Doktorarbeit wurde am 14. September mit dem „Josef G. Knoll European Science Award“ ausgezeichnet. Der mit 10 000 Euro dotierte Preis der Stiftung fiat panis wurde zum Tropentag 2010 an der Eidgenössischen Technischen Hochschule (ETH) Zürich verliehen.

Belayneh ADMASSU, der inzwischen in seiner Heimat am Plant Protection Research Centre des Ethiopian Institute's of Agricultural Research in Ambo arbeitet, war für die praktischen Arbeiten seiner Dissertation nach Deutschland ans Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) gekommen. Hier untersuchte er unter Leitung von PD Dr. Frank ORDON die Verbreitung und Virulenz des Erregers und kartierte ein gegen Ug99 wirksames Resistenzgen. Die Doktorarbeit wurde vom Katholischen Akademischen Austauschdienst (KAAD) finanziert und Belayneh ADMASSU promovierte an der Justus-Liebig-Universität, Giessen bei Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfgang FRIEDT mit „summa cum laude“.

Weizen ist mit ca. 217 Mio. ha Anbaufläche die für die menschliche Ernährung bedeutendste Kulturart. In Äthiopien wird Weizen auf ca. 1,4 Mio. ha angebaut. Die Rasse Ug99 des Schwarzrost (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) ist in der Lage, das Resistenzgen Sr31 des Weizens zu überwinden. Dr. ADMASSU konnte zeigen, dass Ug99 in Äthiopien jetzt bereits weit verbreitet ist. Seine weitergehenden Analysen ergaben, dass die genetische Struktur des Rost-Pilzes einen schnellen Resistenzdurchbruch ermöglicht. Da sich virulente Rassen schnell ausbreiten können, müssen afrikanische Weizensorten künftig mehrere Resistenzgene besitzen, um sowohl gegen Ug99 als auch gegen andere Schwarzroststrassen auf dem Feld zu bestehen.

Die Analyse äthiopischer Brot- und Hartweizensorten ergab, dass zwar Resistenzgene vorhanden, jedoch nicht nutzbar sind, da sie entweder gegen Ug99 oder gegenüber anderen in Äthiopien dominierenden Rost-Rassen nicht wirken. Um den äthiopischen Weizenanbau langfristig zu sichern, muss ein neues gegenüber Ug99 wirksames Resistenzgen in den Weizen eingebracht werden. Aussichtsreichster Kandidat ist das Resistenzgen Sr13 auf Chromosom 6A des Weizens. Ein Resistenzgen lässt sich schneller einkreuzen, wenn man so genannte molekulare Marker findet. Mit diesen „Ortsschildern im Pflanzen-Genom“ lässt sich rasch feststellen, ob eine Weizenpflanze nach der Kreuzung die gewünschte Resistenz besitzt. ADMASSU entwickelte molekulare Marker für das Resistenzgen Sr13. Er ebnet so den Weg für die effektive Einkreuzung des Gens in äthiopische Weizensorten, aber auch in Sorten anderer Länder. Damit wird die Resistenz gegen den Schwarzrost des Weizens auf eine breitere genetische Basis gestellt.

Informationen zum Tropentag 2010 und der Preisverleihung unter www.tropentag.de.

Hintergrundinformation zum Josef G. Knoll-Europäischen Wissenschaftspreis

Seit 1986 wird alle zwei Jahre von der Eiselen-Stiftung Ulm der mit 30 000 Euro dotierte und nach dem deutschen Agrarwissenschaftler Josef G. KNOLL benannte Europäische Wissenschaftspreis vergeben. 2010 hat erstmals die Stiftung fiat panis den Preis ausgeschrieben, der für hervorragende wissenschaftliche Arbeiten verliehen wird, die zur Verbesserung der Welternährung beitragen. Damit wird auch dem Wirken Knolls Rechnung getragen, der seit 1954 bei der FAO (Ernährungs- und Landwirtschafts-Organisation der Vereinten Nationen) in Rom arbeitete und wesentlichen Anteil an der Welt-Saatgut-Kampagne hatte, die Entwicklungsländer mit Nahrungsmitteldefiziten, mit ausreichenden Mengen hochwertigen Saatguts versorgte, um so die Bodenfruchtbarkeit zu steigern. 2010 teilen sich drei Preisträger den Preis.