

# Biodiversitätsinformatik, BIOLOG und GBIF

Ein Diskussionsbeitrag zur Frage der Forschungsförderung im Bereich der Biodiversitätsinformatik

Walter G. Berendsohn<sup>1</sup>, 31. Mai 2002

## 1 Einleitung

Anlass dieses Papiers ist der Beschluss des BMBF, die Biodiversitätsinformatik innerhalb des BIOLOG Programms („Biodiversität und Globaler Wandel“) nur in der laufenden Vorphase als separaten Bereich zu fördern, nicht aber in der jetzt zur Vorbereitung anstehenden Hauptphase. Selbstverständlich wird der Beschluss bedauert, eine gradlinige Fortsetzung erfolgreicher Projekte aus diesem Bereich im Rahmen von BIOLOG nicht zu ermöglichen. Die vom BMBF zugesagte Förderung von Maßnahmen im Rahmen der Global Biodiversity Information Facility GBIF kann dies nur zum geringen Teil abfangen, da hier die Implementierung von Datenerfassungs- und Vernetzungsprojekten im Vordergrund stehen wird und daher die angewandt informationswissenschaftliche Forschung als Dimension der Biodiversitätsinformatik nur am Rande Berücksichtigung finden kann.

Einerseits wird also zur Zeit seitens des BMBF keine erkennbare Perspektive für die eigenständige Weiterentwicklung dieses Forschungsgebiets geboten. Andererseits besteht innerhalb der für die Weiterförderung in der Hauptphase vorgesehenen Bereiche von BIOLOG selbstverständlich ein hoher Bedarf an biodiversitätsinformatischem Know-how, da ohne dieses an eine innovative Integration und Analyse der in den Projekten erarbeiteten Information gar nicht zu denken ist (ganz abgesehen von den mit der angestrebten Nachhaltigkeit der Informationsverfügbarkeit verbundenen Problemen). Hier wird man also zwangsläufig auf das beträchtliche in der Vorphase geschaffene Potential zurückgreifen. Bei einer indirekten Förderung über Teilprojekte oder Teilbereiche besteht aber die Gefahr, dass die in den letzten drei Jahren konzipierten und entwickelten innovativen Forschungsansätze und Methoden der Biodiversitätsinformatik nicht weiterentwickelt werden können und der Bereich auf eine technische Hilfsfunktion bei der Aufbereitung von eng zielorientiert erfassten Daten reduziert wird.

Das hier vorgelegte Papier berücksichtigt besonders die laufende Förderung im Rahmen des BIOLOG Programms sowie die beantragten Maßnahmen im Rahmen von GBIF-Deutschland. Das Papier soll eine Klassifizierung und Einordnung der unter den Begriff Biodiversitätsinformatik fallenden Aktivitäten erleichtern und Lücken aufzeigen, um damit Perspektiven – auch innerhalb des BIOLOG Programms – für die notwendige Förderung des Gebiets aufzuzeigen.

---

<sup>1</sup> Als Autor übernehme ich selbstverständlich die Verantwortung für die hier dargestellten Positionen, möchte aber auf ihre Entwicklung hinweisen. Das Papier beruht auf den Ergebnissen der zur Vorbereitung der gemeinsamen Projektpräsentation des Bereichs Biodiversitätsinformatik beim BIOLOG-Statusseminar organisierten Workshops, auf den von den Projekten AlgaTerra, ARB, EDIS, GLOPP, INFOBOT, SysTax und ZEFOD in ihren Zwischenberichten entwickelten Vorstellungen, auf Einzelgesprächen mit Koordinatoren und mit Mitarbeitern von informationstechnisch orientierten Projekten in BIOTA Süd und West, und auf den Erfahrungen aus der internationalen Zusammenarbeit mit Biodiversitätsinformatikern vor allem im Rahmen der Vorbereitung der Global Biodiversity Information Facility, GBIF und von EU-Programmen und Projekten. Ein Entwurf wurde zudem noch in der vergangenen Woche zirkuliert, ich danke den Kollegen M. Döring, A. Güntsch, G. Hagedorn, C. Häuser, J. Hoppe, G. Jobb, D. Lazarus, K. E. Linsenmair, M. A. Miller, G. Rambold, V. Steinhage, J. Szarzynski, D. Triebel und V. Wolters für die kurzfristige Kommentierung.

## **2 Mobilisierung und Koordination der in BIOLOG Projekten entstehenden Biodiversitätsinformation**

### **Verarbeitung der anfallenden Primärdaten**

Bei den BIOLOG Projekten fallen massive Datenmengen an, deren Verfügbarkeit sowohl innerhalb des Teilprojekts und im Projektverbund, als auch inhaltlich und zeitlich über den Rahmen von BIOLOG hinaus sichergestellt werden muss. Es erscheint zwingend, noch vor Beginn der Hauptphase ein Gesamtkonzept der Datenhaltung zu diskutieren und in seinen Grundzügen vorzulegen. Im Interesse einer optimalen Weiterverwendbarkeit ist die Primärdatenhaltung als von der Integration getrennt zu behandelnder Punkt anzusprechen. Ein effektiver Verschnitt der extrem vielschichtigen ökologischen Information ist nur auf Grundlage einer abgestimmten Informationsstruktur denkbar.

Erstes Ziel sollte es also sein, die Erfassung der BIOLOG-Primärdaten auf eine Basis gemeinsamer, informationstechnischen Ansprüchen genügenden Datenstrukturen zu stellen, die dann eine über das Teilprojekt und den Teilbereich hinausgreifende Verarbeitung und Bereitstellung der Daten möglich macht. Eine Konservierung der Daten in einem international gängigen Format (z.B. voll dokumentiertes XML) ist sicherzustellen. Hierbei sollte soweit als möglich auf existierende Standards oder Anwendungen zurückgegriffen werden (z.B. existierende XML-Schemata oder DTDs). Diese Integration von Standards sollte von einem biodiversitätsinformatisch orientierten Projekt der BIOLOG Hauptphase koordiniert werden.

Die komplexen Informationsstrukturen – auch die der Primärdaten – werden bis weit in die Hauptphase hinein weiterentwickelt werden. Dies macht den Einsatz von Personal mit biodiversitätsinformatischer Spezialisierung (also sowohl profunden angewandt-informatischen als auch guten biologischen Kenntnissen) notwendig, welches in engster Kollaboration mit den Teilprojektmitarbeitern die notwendigen Strukturen, Standards und Protokolle entwickelt. Der hierfür notwendige Zeitaufwand seitens der Teilprojektmitarbeiter ist erheblich und muss bei der Planung berücksichtigt werden. Erfahrungsgemäß wird es notwendig sein, bei den Projektmitarbeitern und Teilantragstellern ein Problembewusstsein und eine langfristige, über die Publikation der Projektergebnisse hinausgehende Perspektive herzustellen. Ein zentrales Vorhaben zur theoretischen Informationsmodellierung der anfallenden Biodiversitätsdaten (unter Einbeziehung der bereits existierenden Modelle für Sammlungen und Taxa) sollte diesen Prozess begleiten und eine solide Grundlage für zukünftige Arbeiten liefern.

### **Bereitstellung der Primärdaten**

Die mit Belegexemplaren verbundene Primärinformation (biologische Sammlungsbelege und die mit ihnen erhobenen Daten) sollte zusammen mit den Belegen selbst an anerkannten deutschen Forschungssammlungen vorgehalten werden, die bereit und von ihrer Infrastruktur her in der Lage sind, die langfristige Verfügbarkeit der Daten und Belege zu garantieren. Hier können auch sekundär oder primär abgeleitete taxonomische Informationen (neue Arten, im Projektzusammenhang erstellte taxonomische Revisionen, etc.) gespeichert werden, wofür sowohl im Zusammenhang mit BIOLOG-Biodiversitätsinformatik als auch in GBIF-D Werkzeuge entwickelt werden<sup>2</sup> (bzw. werden sollen). Die Mitführung von Einzelorganismus-orientierten Beobachtungsdaten durch die Forschungssammlungen sollte geprüft werden (von der Informationsstruktur her handelt es sich dabei um Belegdaten ohne konservierten Beleg).

Um die vorhandene Biodiversität breit abdecken zu können, erscheint es notwendig, für bestimmte Gruppen molekulare Sequenzdaten zu erheben, die ebenfalls zu hinterlegen sind. Dabei handelt es sich insbesondere um solche Taxa, die mit anderen Methoden schwer zu

---

<sup>2</sup> Z.B. SysTax System (BIOLOG-EDIS und GBIF-Vertebrata, Evertebrata I und II), GLOPP DiversityWorkbench und AlgaTerra IDEAL (BIOLOG und mehrere weitere botanisch-taxonomische Projekte).

erschließen sind. Neben der Hinterlegung in Sequenzdatenbanken erscheint eine Bereitstellung und spezielle Analyse über das ARB System<sup>3</sup> sinnvoll, in Verknüpfung mit einer Probenhinterlegung (wo möglich des Organismus und der DNA<sup>4</sup>). Ein Ausbau der Analysemöglichkeiten in ARB und der Verknüpfung von ARB mit den für die Haltung von Sammlungs- und Taxondaten vorgesehenen Datenbanksystemen und mit Systemen zur Erhebung und Analyse von beschreibenden Daten ist notwendig.

Die Erstkosten der Hinterlegung (Akzessionierung) und der damit verbundenen Erfassung von Belegexemplaren müssen von den Projekten getragen werden, deren Ergebnisse durch die Belege reproduzierbar gemacht werden. Zur Belegerfassung geeignete Software wurde oder wird den Sammlungen im Rahmen von BIOLOG-Biodiversitätsinformatik oder GBIF-Deutschland zur Verfügung gestellt<sup>5</sup> bzw. wurde von den Sammlungsinstitutionen für den in-house Gebrauch bereits entwickelt. Der systemübergreifende Zugriff auf diese Datenbanken soll mittels XML-basierter Wrappertechniken und Java-Clients im Rahmen von GBIF-Deutschland ermöglicht werden. Der Datenzugriff muss in für die jeweiligen Bedürfnisse der Forschungsprojekte speziell angepasster Form eingerichtet werden, wobei ggf. Feedback-Mechanismen zu implementieren sind (z.B. „remote annotation“).

Für die geo- und zeitreferenzierte ökologische Primärinformation müssen ähnlich nachhaltige Hinterlegungsorte gefunden werden, wobei eine dauerhafte Verknüpfung mit der belegbezogenen und taxonomischen Information sichergestellt werden sollte. Mittelfristig sollten die im Rahmen der bereits angesprochenen theoretischen Informationsmodellierung entwickelten Datenstrukturen realisiert werden.

### **Integration**

Die Integration kann unter Nutzung verschiedener Rahmenbezüge erfolgen; zu nennen sind hier besonders die Aspekte Raum- und Klimabezug, Taxonbezug, Funktionsbezug und Zeitbezug. Hier steht als biodiversitätsinformatischer Arbeitsbereich die Erstellung von effizienten Tools zur Analyse der komplexen Raum-, Zeit- und Funktionsbezüge im Vordergrund, neben dem die essentiellen Bereiche der Informationsmodellierung, Vernetzung und Datenhaltung leicht zurücktreten. Die konkreten Anforderungen müssen im Verlauf der Vorbereitung der Hauptphase und in dieser selbst seitens der Projekte formuliert werden und dann hinsichtlich ihrer Realisierbarkeit fachkundig geprüft werden. Dem Charakter der Biodiversitätsinformatik entsprechend wird hierbei vielfach eine enge Kooperation von angewandt informatisch orientierten Wissenschaftlern verschiedener Disziplinen (Biologen, Geographen, Klima- und Bodenkundler etc.) und Informatikern notwendig sein. Den bereits innerhalb der Vorphase im Bereich BIOLOG-Biodiversitätsforschung angesiedelten Projekten mit angewandt informationstechnischem Schwerpunkt<sup>6</sup> kommt hier eine wichtige Rolle zu, ebenso wie den bereits mit solchen Projekten in Kontakt stehenden Projekten des Bereichs Biodiversitätsinformatik. Auch hier ist von vornherein ein projektübergreifender Informationsfluss sicherzustellen, existierende Lösungen sollten gesucht und - wo möglich - als Grundlage benutzt werden, internationale Kooperation ist anzustreben.

---

<sup>3</sup> BIOLOG-Biodiversitätsinformatik Projekt ARB "Automatisierte Etablierung und Pflege integrierter Datenbanken für rRNA und andere relevante Gensequenzen; Softwareentwicklung, -optimierung und -parallelisierung für automatisierte Suche nach Sequenzidentifikatoren für Diversitätsanlagen"

<sup>4</sup> Ein Ergebnis der Diskussion im "BMBF Workshops DNA Taxonomie" in München, 26.-27. April 2002.

<sup>5</sup> SysTax und das vom Senckenberg Museum in Frankfurt entwickelte SESAM als zentral organisierte Datenbanken; die als vernetzbare Institutslösungen entwickelten Systeme „BoGART“ (Datenbanksystem für Lebendpflanzen) und "Diversity Workbench" (GLOPP Projekt, sammlungsbezogene Module sollen unter GBIF-D weiterentwickelt werden und u. a. mit dem erprobten US-amerikanischen Specify System vernetzt werden), sowie Lösungen an Einzelinstituten.

<sup>6</sup> Z.B. BIOTA S01, S04, W01, W02, W03, E01, siehe <http://www.biota-africa.de/>

### **Biodiversitätsinformatik in der BIOTA Hauptphase**

Unter den gegebenen Voraussetzungen erscheint ein übergeordnetes Management- und Forschungsprojekt sinnvoll, das den koordinierten Fortschritt der BIOLOG-Projekte auf dem Gebiet der Biodiversitätsinformatik sicherstellt, den Austausch und die Verwertung der Daten optimiert sowie die Anbindungen an die internationalen Programme und Informationssysteme garantiert. In diesem Zusammenhang sollten auch Konzepte für langfristige Aspekte (dauerhaften Betrieb, Finanzierung, etc.) von Informationssystemen entwickelt werden, dies in enger Zusammenarbeit mit den Informationssystementwicklungen der Forschungssammlungen. Neben den weiteren unter 4 genannten Schwerpunkten (insbesondere der taxonomischen Identifizierung) ist als wichtiger und übergreifender biodiversitätsinformatischer Forschungsbereich in BIOLOG die Informationsstrukturforschung zu nennen. Ziel ist dabei die Entwicklung allgemeiner Informationsstrukturmodelle für die anfallenden Biodiversitätsdaten. Im Rahmen der für die Informationsverarbeitung notwendigen Präzisierung und Standardisierung wird erfahrungsgemäß auch ein entscheidender Beitrag zur Klärung der in den biologisch orientierten Forschungsprojekten verwandten Konzepte und Terminologie erreicht. Darauf aufbauend kann (neben der effizient integrierten und nachhaltigen Vorhaltung der Daten) eine konsequente Inwertsetzung von Monitoring-Daten im Rahmen neuer Modellierungsansätze erfolgen, oder auch eine Vielzahl von internetbasierten Serviceleistungen erbracht werden, z.B. Internet-Services zur online-Berechnung biometeorologischer Parameter.

### **3 Rolle von GBIF Deutschland**

**GBIF und BIOLOG:** Grundsätzlich stellt die Mobilisierung von Biodiversitätsinformation in elektronischer, über das Internet zugänglicher Form einen Beitrag zu GBIF dar. Daher können die in den BIOLOG Projekten zur terrestrischen Global Change Forschung und anderen Programmen des BMBF erzeugten Daten durchaus zumindest teilweise (im Falle der BIOTA Projekte in Abstimmung mit den Ländern der Forschungsstandorte) als ein deutscher Beitrag zu GBIF gewertet werden, vorausgesetzt sie werden entsprechend aufgearbeitet und organisiert. Dies gilt auch für die Ergebnisse der auf den Europäischen Raum bezogenen BIOLOG Projekte und in ganz besonderer Weise für solche mit deutschem Bezug. Es ist zu hoffen, dass in letzter Zeit unabhängig von BIOLOG gemachte Ansätze zur systematischen Informationsmodellierung und Erschließung von vegetationsökologischen Forschungsergebnissen<sup>7</sup> gefördert werden können und ihre Entsprechung im zoologischen Bereich finden, sodass auch diese umfangreichen Primär- und Ergebnisdaten breit verfügbar werden.

**GBIF Prioritäten und Organisation:** GBIF International konzentriert sich zur Zeit auf die beiden Kernbereiche Erfassung von Belegen in biologischen Sammlungen und Erstellung von globalen Artenregistern, wobei die Schaffung der informatischen Infrastruktur als Schwerpunkt „Interoperability and Networking“ und der soziologischen Infrastruktur als Schwerpunkt „Outreach and Capacity Building“ parallel laufen. Das GBIF-Arbeitsprogramm soll im Herbst 2002 bei der 5. Sitzung des Governing Boards verabschiedet werden, zur Zeit laufen die Diskussionen in den wissenschaftlichen Ausschüssen und den hinzugezogenen Expertengruppen. Wichtige Grundsätze wurden allerdings bereits im von den Teilnehmern gezeichneten „Memorandum of Understanding“ (MoU)<sup>8</sup> festgelegt, so z.B. die Umschreibung von Biodiversitätsdaten, und die Definition von „Knoten“ als zusammenfassende, über das Internet zugängliche Informationsressourcen, die von den Teilnehmern eingerichtet werden sollen.

---

<sup>7</sup> Vergl. Workshop „Von der Pflanzensoziologie zur Biodiversitätsinformatik“, Göttingen, 14.-15.2.2002, <http://www.fh-weihenstephan.de/fw/homepages/ewald/webseite/default.htm>

<sup>8</sup> Siehe <http://www.gbif.org/moufree/mou2.htm>

**GBIF Deutschland:** In Deutschland wurden 7 Knoten gebildet, die zusammen alle Organismengruppen abdecken und jeweils den Aufbau einer Informationsstruktur für einen bestimmten Bereich koordinieren sollen. Diese Struktur hat sich bereits in der Antragstellung<sup>9</sup> zum Knotenaufbau als sinnvoll erwiesen, da die Akzente aufgrund der verschiedenen Bearbeitungsansätze und -stände in den verschiedenen Großgruppen sehr unterschiedlich gesetzt werden müssen. Neben den 7 taxonomisch orientierten Knoten, die durchaus auch einige der im Rahmenpapier vorgegebenen IT-Ziele realisieren<sup>10</sup>, hat sich eine IT-Expertengruppe als 8. zu fördernder Knoten konstituiert. In den Bereichen Bakterien und Viren, Mykologie, Botanik und Evertabrata III (v. a. marine Evertabraten) werden Portale im Sinne von GBIF jeweils an den die Knoten organisierenden Institutionen eingerichtet, während die 3 weiteren zoologischen Knoten hierfür das bereits unter BIOLOG geförderte SysTax System einsetzen wollen.

Die Förderung von GBIF Deutschland ist also thematisch wie auch zeitlich beschränkt, mit der Vorgabe, eine Institutionalisierung und eine Einbeziehung anderer Finanzierungsinstrumente für die mittel- und langfristigen Aufgaben zu erreichen. Eine Unterstützung der Infrastruktur ist z. T. von der internationalen Ebene (konkret im Rahmen mehrerer EU-Projekte sowie von GBIF-International) zu erwarten, so wird hier zum Beispiel verstärkt auf die Bereitstellung von globalen taxonomischen und geographischen Thesauri hingearbeitet, um Verbesserungen beim Datenzugang (über Organismennamen und den geographischen Raumbezug) zu erreichen und vor allem auch um die Sammlungserfassung zu erleichtern. Die mittelfristige Aufgabe der Erfassung der Bestände der deutschen Sammlungen kann aber weder mit den zur Verfügung stehenden Mitteln noch durch Eigenmittel der Sammlungshalter im von GBIF International vorgesehenen Zeitrahmen erreicht werden. Eine weitergehende Förderung auf nationaler Ebene ist hier zur Erreichung der im GBIF-MoU festgelegten Ziele unbedingt notwendig.

Es soll nochmals betont werden, dass die Förderung für GBIF-Deutschland in ihrer gegenwärtigen Ausrichtung allenfalls als sinnvolle Ergänzung, jedoch nicht als Ersatz für eine breite Förderung der Biodiversitätsinformatik dienen kann, da konzeptionelle Forschung und Entwicklungen zur Charakterisierung und Identifikation von Biodiversität hier nicht anzusiedeln sind.

#### **4 Biodiversitätsinformatik in Forschung und Lehre**

Die Biodiversitätsinformatik stellt einen sehr jungen Zweig der angewandten Informatik dar. Wie andere solche interdisziplinäre Forschungszweige (z.B. die Wirtschaftsinformatik oder die Geoinformatik) muss sie sich in ihrer Anfangsphase dagegen durchsetzen, zu einer reinen Dienstleistungsfunktion für tradierte Gebiete reduziert zu werden und eigenständige thematische Ansätze formulieren. Andererseits erfordern die komplexen Systemzusammenhänge eine enge Einbindung der Kerninformatik, um die Einbindung des dort vorhandenen Wissens zu Komplexitätsverhalten und Software-Engineering sicherzustellen.

Die thematischen Ansätze und Problemstellungen der Biodiversitätsinformatik sind in ihrer Breite, Komplexität und gesellschaftlichen Relevanz erheblich, hinzu kommt die rasante Entwicklungsgeschwindigkeit auf dem Feld der angewandten Informatik insgesamt. Die Stärkung von Kooperationen zwischen Informatikern und Biologen ist ein selbstverständliches Anliegen der Biodiversitätsinformatik. Es besteht ein über die technische Pro-

---

<sup>9</sup> Siehe "Rahmenpapier zur deutschen Beteiligung an der Global Biodiversity Information Facility (GBIF)" <http://www.gbif.de/GBIF-Rahmenpapier.htm>

<sup>10</sup> Z.B. Optimierung der Erfassung durch Ausbau von sammlungs- und taxonbezogenen GLOPP DiversityWorkbench-Modulen im Knoten Mykologie, Finanzierung von Systax durch drei zoologische Knoten, Ausbau des SESAM Systems im Knoten Evertabrata III. Die Abstimmung findet im Kreis der Knotenkoordinatoren statt.

grammierung von "Tools" oder die Verwaltung von Datensammlungen weit hinausgehender Forschungs-, Konzeptionierungs- und Entwicklungsbedarf. Hierzu gehören, zum Beispiel:

- die Entwicklung tragfähiger Informationsmodelle für Erhebungsdaten und daraus entwickelte Konzepte (auf denen vielfach der allgemeine Informationszugang beruht)
- die Integration der traditionell global verteilten und stark interdisziplinär geprägten Forschung und Primärdatenerhebung
- die Entwicklung von datenbasierten Navigations- und Visualisierungsmethoden für die komplexen Zusammenhänge der biologischen Vielfalt
- neue Methoden der Mustererkennung in Massenbilddaten
- integrierte Verfahrensweisen zur Erhebung, Charakterisierung und Integration beschreibender biologischer Daten und zur taxonomischen Identifikation.

In Deutschland existieren vielversprechende und bereits international anerkannte Ansätze, so zum Beispiel im zuletzt genannten Bereich, in dem mehrere unter BIOLOG geförderte Projekte<sup>11</sup> bereits zum gegenwärtigen Zeitpunkt beispielhafte Ergebnisse vorzuweisen haben. Ein gemeinsames, organismengruppen- und methodenübergreifendes Projekt zur Integration von rechnergestützten Identifizierungsmethoden sollte diese Ansätze fortentwickeln. Es könnte durch den Objektbezug in einen der beiden geographischen Bezugsblöcke von BIOLOG eingebunden werden.

Im Zusammenhang mit den geförderten Projekten entstehen auch erste Ansätze zu einer Curriculumsentwicklung für das junge Forschungsgebiet, die unbedingt vorangetrieben werden sollten. Bereits jetzt herrscht im Bereich Biodiversitätsinformatik ein deutlicher Mangel an qualifizierten Mitarbeitern. In diesem Zusammenhang ließe sich auch eine Rolle Deutschlands im Bereich „Capacity Building“ von GBIF und im Rahmen der Global Taxonomic Initiative, von ENBI und von gegenwärtig in Vorbereitung befindlichen Initiativen zum 6. Rahmenprogramm der EU (neben anderen internationalen Initiativen) erreichen.

Mit einer weiteren Förderung dieser zukunftsorientierten biodiversitätsinformatischen Forschungsprojekte kann verhindert werden, dass Deutschland im Rahmen der globalen und europäischen Integration von Biodiversitätsinformationsstrukturen zum bloßen Datenlieferanten für anderweitig vorgenommene Analysen und Forschungen degradiert wird. In einem Förderungsprogramm unter dem Titel „Biodiversität und Globaler Wandel“ darf eine dezidiert biodiversitätsinformatisch ausgerichtete Forschungskomponente nicht fehlen.

---

<sup>11</sup> Über Internet verfügbare Services: (i) ARB im molekularen Bereich mit Potential für die Aufdeckung kryptischer Arten, mit Möglichkeiten der Identifikation von merkmalsarmen Stadien (z.B. Larven bei Insekten; EDIS DNATax) oder z.B. bei der Identifikation von Signatursequenzen von Algen in Gewässerproben (AlgaTerra); (ii) EDIS-DORSA zur non-invasiven Identifizierung über Lautdaten; (iii) EDIS-ABIS zur Identifizierung über Bildmusterdaten in Verbindung mit vorbildlich organisiertem System von weltweiten Kompetenzzentren; (iv) GLOPP in Zusammenhang mit dem LIAS System zur Identifizierung mittels textueller Beschreibungsdaten, dies unter Verwendung des als DiversityIdentification weiterentwickelten DeltaAccess Programms. (V) BIOTA S4 mit der Entwicklung eines JavaClients, mittels dessen ein Internet-basierter, differenzierter Parallelzugriff auf verschiedenste Datenbanken bzw. Datenbank-Komponenten ermöglicht werden soll.