Erstellen einer Biodiversitätsdatenbank für den Nationalpark Gesäuse

Unter Verwendung und Vorstellung der Software BioOffice 2.0

Masterarbeit

zur Erlangung des akademischen Grades
Magister der Naturwissenschaften (Mag. rer. nat.)

an der Karl-Franzens-Universität Graz

vorgelegt von

Bakk. rer. nat. Philipp ZIMMERMANN

am Institut für Geographie und Raumforschung

Begutachter(in): Univ. Prof. Dr. Reinhold LAZAR

Graz, 2010

Eidesstattliche Erklärung

Ich erkläre hiermit an Eides Statt, dass ich die vorliegende Diplomarbeit selbständig angefertigt habe. Die aus fremden Quellen direkt oder indirekt übernommenen Gedanken sind als solche kenntlich gemacht.
Die Arbeit wurde bisher weder in gleicher noch in ähnlicher Form einer andern Prüfungsbehörde vorgelegt und auch noch nicht veröffentlicht.

Graz, Juni 2010 Philipp ZIMMERMANN

Vorwort

Schon zu Beginn meines Studiums der Umweltsystemwissenschaften – Geographie begeisterten mich bestimmte Bereiche in ganz besonderem Maße. Dies waren die Gebirge und ihre an die dortigen Extreme angepasste Flora sowie der technische Bereich der Geographischen Informationssysteme (GIS). Ich versuchte diese drei Elemente so oft als möglich zu verbinden, beziehungsweise in mein Studium einzubinden. Neben Arbeiten wie der Modellierung von Auswirkungen des Klimawandels auf den Waldbau, im Zuge des Geotechnologischen Seminars, besuchte ich daher auch mit Begeisterung viele Lehrveranstaltungen am Institut für Pflanzenwissenschaften.

Einer, der vor allem meine beiden ersten Interessenschwerpunkte wiederholt gestärkt hat, war Prof. Reinhold Lazar, dessen Exkursionen mich immer auch an zwischenmenschlich schöne Momente erinnern werden. Ein Dankeschön also dafür und für die freie Hand, die ich bei der Wahl meines Themas für die vorliegende Masterarbeit hatte.
Ein weiterer großer Dank gebührt Mag. MSc. Daniel Kreiner, Leiter des Fachbereichs Naturschutz im Nationalpark Gesäuse, der mir diese Masterarbeit anbot und damit die Möglichkeit eröffnete meinen Vorlieben weiter nachzugehen. Ihm und dem Team der Nationalpark Gesäuse GmbH, danke ich für lustige und spannende Stunden sowie jenen, in denen ich „abschalten“ konnte.
Einen wesentlichen Anteil zum Erfolg des Projektes ist dem regen, stets ausführlichen und meist amüsanten Informationsaustausch mit Mag. Hannes Kühtreiber (Tiroler Landesmuseen/Ferdinandeum) und Dr. Wolfgang Dämon (Österreichische Mykologische Gesellschaft), die beide eine langjährige Erfahrung in der Arbeit mit BioOffice vorweisen können, zu verdanken.

Zu Dank bin ich auch meinen Freunden verpflichtet, die mit mir Freud und Leid durchlebten und durch die es so manche „gute Geschichte“ zu erzählen gibt.
Bedanken möchte ich mich auch bei Tini, die meinem Alltag die schönsten Farben gibt.

Mein letzter doch sicherlich größter Dank gilt meinen Eltern, dafür, dass sie mir so viel von ihrer Zeit schenkten, meine Interessen förderten, mir stets die größte Stütze waren und mich lehrten, was es heißt, ein Team zu sein.
In Dankbarkeit, soll ihnen diese Arbeit gewidmet sein.

Danke, dass ich mich entfalten durfte.

Zusammenfassung

Generationen von Wissenschaftlern beschäftigten sich damit die Vielfalt des Lebens so genau als möglich aufzuzeichnen. Diese Aufzeichnungen, ob sehr alte oder neue, haben einen unschätzbaren wissenschaftlichen Wert, stehen jedoch für verschiedene Untersuchungen erst nach aufwändigen Bearbeitungsprozessen zur Verfügung, nur um in weiterer Folge wieder in irgendwelchen Ordnern vergessen zu werden. Vor allem komplexere Auswertungen erfordern eine repräsentative Datenbasis, sprich neben einer korrekten Aufbereitung spielt auch die Menge der Daten eine fundamentale Rolle. Für bestimmte Analysen ist es außerdem notwendig mit den Daten eine möglichst große Zeitspanne abzudecken, wobei an dieser Stelle nach GEISER, E. & MALICKY, M., (2007) von zumindest 30 – 100 Jahren auszugehen ist.
Durch eine Biodiversitätsdatenbank stehen dem Forscher, einmal aufbereitete Daten in wenigen Minuten zu Verfügung. Alleine in Österreich muss von einem Datenvolumen ausgegangen werden, dessen datenbankgerechte Aufarbeitung wohl mehrere 100 Mannjahre benötigen wird. Für die Zukunft muss es das Ziel sein, eine Brücke zwischen dem Datenbringer und dem Administrator der Datenbank zu schlagen, denn es gilt die notwendigen Bearbeitungsschritte für einen Datenimport maximal zu minimieren.
Der Datenimport, beziehungsweise die Vorbearbeitung der Daten, kann durch eine standardisierte Eingabe wesentlich effizienter und dadurch zeitsparender erfolgen. Daher werden im Zuge dieser Arbeit nicht nur mehrere tausend Datensätze importiert sondern auch Überlegungen angestellt, wie der vorhin genannte Brückenschlag durchzuführen wäre. Infolge dieser Arbeit konnte dabei bereits auch ein in der Praxis gut anwendbares Standartformular in MS Excel entworfen werden, welches Redundanzen an sensiblen Datenbankfeldern, wie beispielsweise dem Taxonnamen oder dem Fundort, weitestgehend unterbindet und dem Datenbringer dennoch eine schnelle Eingabe seiner Daten erlaubt.
Um mit biologischen Verbreitungsdaten korrekt umzugehen, ist es eine Voraussetzung über grundlegende Kenntnisse zur Biodiversität und ihrer Entstehung zu verfügen. Daher wird auch diesen Bereichen in der vorliegenden Arbeit Aufmerksamkeit geschenkt.
„*Man liebt nur, was man kennt und man schützt nur, was man liebt* “ (Konrad Lorenz) - zusätzlich zum *WAS,* ist auch das *WO* von essentieller Bedeutung um die Gefährdung einer Art richtig einschätzen zu können und dementsprechende Schutzmaßnahmen einzuleiten.
Die mit der Softwarelösung BioOffice 2.0 etablierte Biodiversitätsdatenbank wird in Zukunft die Antworten zu diesen Fragen bereithalten und dem Nationalpark Gesäuse ein wirkungsvolles Instrument für seine Mühen zum Schutz eines, nicht allein aufgrund seiner Artenvielfalt, beeindruckenden Gebietes.

Abstract

Generations of scientists have looked for ways to record the diversity of life as accurately as possible. These recordings, whether very old or new, hold a priceless scientific value, yet are only made available for investigations after extensive processing, only to be filed away into some folders and be forgotten. More complex evaluations in particular require a representative database, that is to say, in addition to correct processing, the volume of data plays a fundamental role. Furthermore, it is necessary to cover the largest possible time span with the data for specific analyses, which, at this point, according to GEISER, E. & MALICKY, M., (2007), is assumed to be at least 30 - 100 years.

Through a biodiversity database, processed data is made available to researchers in a few minutes. It is assumed that in Austria alone the data volume would require more than 100 man-years of adequate database processing methods. The goal for the future needs to be to build a bridge between the data provider and the administrator of the database in order to minimise the necessary processing steps for a data import. The data import and/or the pre-editing of the data can take place through a standard entry which is considerably more efficient and which saves time. Therefore, in the course of this task, not only thousands of data records are imported but observations are also made in terms of how the aforementioned bridging should be carried out. As a result of this task, a good applicable standard form in MS Excel could be created which is easily applicable in practice. This also prevents redundancies in sensitive database fields, for example the taxon or the location, to the greatest possible extent and still allows the data provider to quickly input his data. It is a requirement to possess the basic knowledge regarding biodiversity and its development in order to correctly handle the biological distribution data. Therefore, attention is also paid to these areas in the following work. *"We only love what we know and only protect what we love"* (Konrad Lorenz) – in addition to the WHAT, the WHERE is also of key importance, in order to be able to assess the danger of a species and initiate the relevant security measures. The well-established biodiversity data base with the BioOffice 2.0 software solution will hold the answers to these questions ready in the future. It will also be an effective instrument for the Gesäuse National Park's efforts for the protection of its area, which is impressive not alone on the basis of its biodiversity.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung 11

1.1. Zielstellung 11

1.2. Projektgebiet: Nationalpark Gesäuse 12

1.3. Arbeitsmethodik 13

2. Grundlagen der Biodiversität 14

2.1. Einführungen zum Biodiversitätsgedanken 14

2.1.1. Begriffsdefinition 14

2.1.2. Die vier Klassen der Vielfalt 15

2.1.3. Ein erster Überblick zur Biodiversität 16

2.1.4. Biodiversität – Warum schützen? 17

2.1.5. Gefahren für die Biodiversität 18

2.2. Grundlagen zur Verteilung der Biodiversität 19

2.2.1. Biodiversitätsfaktoren – Ihre Betrachtung mit Blick auf Österreich 19

2.2.2. Megadiversitätsländer – Was zeichnet sie aus? 23

2.2.3. Hotspots der Biodiversität 25

2.3. Methoden zur Untersuchung von Biodiversität und Artverbreitung 27

2.3.1. Datenerfassung – Ein Überblick 27

2.3.2. Möglichkeiten der Datenauswertung und Darstellung 29

2.3.2.1. Zielsetzung, Auswertungsschritte und Analysen - Grundlagen 31

2.3.2.2. Auswertungen zur Verbreitung und Ökologie von Arten 32

2.3.2.2.1. Untersuchungen zum Status einer Art 33

2.3.2.2.2. Vegetationskundliche Auswertungen durch Einsatz von Verbreitungsdaten [aus SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)] 33

2.3.2.2.3. Karten zur Verbreitung und Häufung durch Zeigerwerte 35

2.4. Biodiversität der Tracheophyta in Österreich 38

2.4.1. Die Verteilung der Artenvielfalt von Gefäßpflanzen in Österreich 39

2.4.2. Endemismus 40

2.4.3. Neophyten 41

2.4.4. Verbreitungsgebiete von Rote Liste – Arten in Österreich 42

2.4.5. Einfluss der Böden auf die Artenvielfalt der Tracheophyta 43

2.5. Erforschung und Schutz der Biodiversität im Nationalpark Gesäuse 44

3. Schutz der biologischen Vielfalt – Programme und Organisationen 48

3.1. UNCED (United Nations Conference on Environment and Development) 48

3.1.1. CBD (Convention on Biological Diversity) 49

3.1.2. 2010 – Ziel 50

3.2. IUCN (International Union for Conservation of Nature) 51

3.3. Online-Datenbanken – Netzwerke zum Biodiversitätsschutz 53

3.3.1. GBIF (Global Biodiversity Information Facility) 54
3.3.2. BioCASE (Biological Collection Access Service for Europe)....54
4. Wissenschaftliche Grundlagen zur biologischen Systematik 56
4.1. Allgemeine Grundlagen 57
4.2. Die Entstehung der (Arten-) Vielfalt 58
4.2.1. Variation – Über die Mechanismen zur Merkmalsausprägung 59
4.2.2. Wie Evolution stattfindet 62
4.2.3. Genetische Variabilität – der Baukasten der Evolution 64
4.3. Was sind Arten und wie entstehen sie? 65
4.3.1. Die Definition des Artbegriffes 65
4.3.2. Mechanismen zur Arterhaltung und Artbildung 66
4.4. Die biologische Systematik – Taxonomie und Phylogenetik 67
4.4.1. Artbeschreibung und Bestimmungsschlüssel 68
4.4.2. Methoden und Hypothesen in der Systematik 69
4.5. Nomenklatur in Botanik und Zoologie 70
5. Die Erstellung der Biodiversitätsdatenbank für den NP Gesäuse 73
5.1. Die Verwendung von Softwarelösungen für biologische Datenbanken in Österreich 73
5.2. Bedeutende Softwarelösungen in Österreich im Vergleich zu BioOffice 74
5.2.1. ZOBODAT 74
5.2.2. INSPIRE 76
5.3. Aufgaben von BioOffice - Gründe für die Erstellung einer Biodiversitätsdatenbank 77
5.4. BIOOFFICE 2.0 – Eine universelle GIS-Datenbanksoftware 79
5.4.1. Aufbau der Software 80
5.4.2. Funktionsweise der Hauptbestandteile 82
5.4.2.1. Taxon-Explorer 88
5.4.2.2. Fundorte 93
5.4.2.3. Kartenfenster 98
5.4.2.4. Objekt Editor 100
5.4.2.5. Abfrage-Manager 104
5.4.2.6. Sammlungsverwaltung 107
5.4.2.7. Tabellen zu Kontakten, Literatur, Projekten und Exkursionen 108
5.4.2.7.1. Konfigurationen 109
5.5. Datenaufbereitung und Import – Schritte zu einer Biodiversitätsdatenbank 112
5.5.1. Import – BioOffice-Austauschformat und Access-MDB 112
5.5.2. Datenquellen und Datenmängel 114
5.5.3. Datenbestand - Tracheophyta im Gebiet des NP Gesäuse 117
5.5.4. Feldnamen: Beschreibung und Verwendung 118
5.5.5. Die Aufbereitung der Daten – Arbeitsschritte 119

5.5.5.1. Datenmaterial 120
5.5.5.2. Fundorte 123
5.5.5.3. Objektdaten 125
5.5.6. Aktueller Stand der Biodiversitätsdatenbank des Nationalparks 127
5.5.7. Synchronisation mit dem Datensammler 128
5.5.7.1. Die Eingabe des Artnamens 129
5.5.7.2. Fundortname 132
5.5.7.3. Inhalte allgemeiner und sammlungsspezifischer Auswahlfelder 132
5.6. BIOOFFICE – In Zukunft geplante Verbesserungen 136
6. Schlussfolgerung 138
7. Literaturverzeichnis 139
8. Anhang 145

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Übersichtskarte – Nationalpark Gesäuse (www.nationalpark.co.at) 12
Abbildung 2: Megadiversitätsländer nach UNEP-WCMC (WIKI).....23
Abbildung 3: Darstellung der Globalen Biodiversität von Tracheophyta. (Universität Hamburg).....24
Abbildung 4: Darstellung der 34 Hotspots der Biodiversität.(CONSERVATION INTERNATIONAL).....26
Abbildung 5: Synthetische Karte der potentiellen Verbreitung des Erico-Pinion (Schneeheide-Kiefernwälder) Verbandes in Bayern (SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)) ..35
Abbildung 6: Verbreitung und Häufung von Zeigerpflanzen mit dem Faktor R=1 in Bayern.(SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)).....37
Abbildung 7: Verbreitung und Häufung von Zeigerpflanzen mit dem Faktor R=9 in Bayern.(SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)).....38
Abbildung 8: Sippenzahlen pro Quadrant.(SAUBERER, N. et al. (2008)) 40
Abbildung 9: Häufungsgebiete endemische Arten.(SAUBERER, N. et al. (2008)) 41
Abbildung 10: Invasive und potentiell invasive Neophyten.(SAUBERER, N. et al. (2008))....41
Abbildung 11: Häufungsgebiete gefährdeter Arten.(SAUBERER, N. et al. (2008)) 42
Abbildung 12: Gefährdungsstufen nach der Roten Liste.(IUCN 2003) 51
Abbildung 13: Teilbereiche der biologischen Systematik.(Eigener Entwurf nach SPRING, O., & BUSCHMANN, H. (1998)) 56
Abbildung 14: Blattfolge bei Helleborus foetidus. (STRASBURGER E., (1991)) 60
Abbildung 15: Experimentell ausgelöste Modifikation bei Achillea millefolium agg.: Achillea lanulosa.(STRASBURGER E., (1991)).....60
Abbildung 16: Die genetische Variation.(CLAUSEN J. aus STRASBURGER E., (1991)) 61
Abbildung 17: Stabilisierende, disruptive und gerichtete Selektion.(Universität Hamburg))..63
Abbildung 18: Darstellung der Fortpflanzungsbarrieren zwischen Arten.(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003) 67
Abbildung 19: Verwandtschaftsgrad und Alter.(STRASBURGER E., 2008).....69
Abbildung 20: BioOffice Datenmodell.(BioOffice Handbuch).....81
Abbildung 21: BioOffice – Datenbankdiagramm.(Eigener Entwurf).....83
Abbildung 22: IDEF1X – Modellkonstrukt.(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. (1994))84
Abbildung 23: IDEF1X – Entity Syntax.(Eigener Entwurf) 86
Abbildung 24: Kardinalität der Beziehungen durch Kommentar (Z, P, n, nichts).(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. (1994)).....86
Abbildung 25: Syntax der identifizierenden und nicht – identifizierenden Relationen.(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. (1994)) 87
Abbildung 26: Darstellung von tTaxa.(Eigener Entwurf).....89
Abbildung 27: Gruppierung der Orchidaceae nach dem Genus und ihrem taxonomischen Rang.(Eigener Entwurf) 90
Abbildung 28: Der Taxon-Explorer.(Eigener Entwurf) 91
Abbildung 29: Darstellung von tSites.(Eigner Entwurf).....94
Abbildung 30: Fundort-Tabelle.(Eigener Entwurf) 95
Abbildung 31: Kartenfenster in BioOffice.(Eigener Entwurf).....99
Abbildung 32: Das freie sammlungsspezifische Auswahlfeld.(Eigener Entwurf) 101
Abbildung 33: Darstellung von tObjects.(Eigener Entwurf) 102
Abbildung 34: Objekt-Editor.(Eigener Entwurf) 103
Abbildung 35: Abfrage-Manager.(Eigener Entwurf) 105
Abbildung 36: Sammlungsverwaltung.(Eigener Entwurf) 108
Abbildung 37: Literatur, Kontakte, Exkursionen und Projekte.(Eigener Entwurf).....109
Abbildung 38: Ausschnitt aus einer zu importierenden Tabelle.(Eigener Entwurf) 121
Abbildung 39: VBA-Befehl zur Umwandlung von Matrix zu Tabelle. (Eigener Entwurf).....122
Abbildung 40: Darstellung des SQL-Befehls.(Eigener Entwurf) 126
Abbildung 41: Taxa mit und ohne Autor.(Eigener Entwurf) 127
Abbildung 42: Taxon-Eingabe und Taxon Auswahl.(Eigener Entwurf).....131
Abbildung 43: Liste der in BioOffice verwendeten Datentypen.(BIOOFFICE Handbuch) 150

Abbildung 44: Darstellung von tTaxa nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 151
Abbildung 45: Darstellung von tSites nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 154
Abbildung 46: Darstellung von tObjects nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 156
Abbildung 47: Darstellung von tCollections nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 160
Abbildung 48: Darstellung von tContacts nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 161
Abbildung 49: Darstellung von tProjects nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 162
Abbildung 50: Darstellung von tReferences nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 163
Abbildung 51: Darstellung von tExcursions nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch) 164

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Artenzahl in Österreich. (Vom Autor verändert nach SAUBERER, N. et al. (2008)) 38
Tabelle 2: Biodiversität auf unterschiedlichen Böden.(Eigener Entwurf nach SAUBERER, N. et al.) 43
Tabelle 3: Beispieldaten für den Matrix to Table – Befehl.(Eigener Entwurf)....122
Tabelle 4: Ergebnis nach der Umwandlung durch das Makro.(Eigener Entwurf)....122
Tabelle 5: Gesamtdatenbestand der Biodiversitätsdatenbank des NP Gesäuse.(Eigener Entwurf) 127
Tabelle 6: Datenbestand der Biodiversitätsdatenbank des NP Gesäuse nach Organismengruppen eingeteilt.(Eigener Entwurf)....128
Tabelle 7: Teil der Auswahlliste – Phänologischer Aufnahmeschlüssel.(Eigener Entwurf nach DIERSCHKE, H. (1989, 1994)) 133
Tabelle 8: Bodentypen in der Auswahlliste.(Eigener Entwurf nach SCHWARZ, S., et al. (1999) nach FINK, 1969, bzw. ÖNORM L 1050)) 133
Tabelle 9: Humusformen in der Auswahlliste.(Eigener Entwurf nach SCHWARZ, S., et al. (1999)) 134
Tabelle 10: Auswahlfeld zur Bodenreaktion.(Eigener Entwurf nach ÖMG 2008)....134
Tabelle 11: Teil der Auswahlliste – Biotoptyp – UWB (Umweltbundesamt).(Eigener Entwurf nach Umweltbundesamt) 135
Tabelle 12: Fundortgenauigkeit.(Eigener Entwurf)....135
Tabelle 13: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil A.(Eigener Entwurf) 146
Tabelle 14: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil B.(Eigener Entwurf) 147
Tabelle 15: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil C.(Eigener Entwurf) 148
Tabelle 16: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil D.(Eigener Entwurf) 149

1. Einleitung

1.1. Zielstellung

Das Jahr 2010 steht im Zeichen der Biodiversität womit, neben der existenziellen Bedeutung der biologischen Vielfalt für die Aufrechterhaltung lebensnotwendiger Umweltfunktionen, auch der ethische Aspekt der Arterhaltung, unterstrichen werden soll. In dieser Arbeit wird daher in den einleitenden Kapiteln eine Grundlage zum Verständnis und dem „Nutzen“ der Biodiversität und folglich einer diese Daten bewahrenden Datenbank, geschaffen. Anschließend werden einige der unzähligen Organisationen, die sich mit dieser Thematik beschäftigen vorgestellt und es wird erläutert, woran sie sich orientieren um ihren Schutzbemühungen Kraft zu verleihen. Hierbei werden auch zwei der großen internationalen Datenbankprojekte zur Biodiversität vorgestellt, die einen wesentlichen Anteil zum Gelingen von Schutzbemühungen beitragen sollen. Um eine Biodiversitätsdatenbank zu verstehen ist es notwendig Grundlagenwissen über ihre atomarsten Bestandteile zu besitzen – die Arten bzw. das Individuum einer Art – wie sie entstehen, wie sie unterschieden werden und wie sie ihren Namen erhalten, wird in dieser Arbeit in aller Prägnanz umrissen.

Das eigentliche Ziel der Arbeit, ist die Erstellung einer Biodiversitätsdatenbank für den Nationalpark Gesäuse. Die dazu verwendete Software ist BioOffice 2.0, eine umfassende Softwarelösung zum Aufbau von biologischen Datenbanken. Im Zuge der Arbeit sollen der Großteil der momentan digital in MS Excel sowie MS Access vorliegenden Aufnahmen von Höheren Pflanzen in die Datenbank importiert werden.
Zusammengefasst bestehen die Schritte daraus (1) den Umgang mit der Software zu erlernen, (2) eine Vielzahl an Tabellen früherer Vegetationsaufnahmen für einen Import aufzubereiten und zu importieren, (3) Konfigurationsarbeiten in BioOffice 2.0 durchzuführen sowie (4) eine Excel-Vorlage für Vegetationsaufnahmen zu erstellen welche dem Datensammler in Zukunft als Aufnahmestandard zu Verfügung stehen soll.
Neben dem Nationalpark Gesäuse wird BioOffice unter anderem auch von den Nationalparks Hohe Tauern und Kalkalpen genutzt. Da der Nationalpark Hohe Tauern bereits seit dem Jahr 1999 an seiner Biodiversitätsdatenbank arbeitet, liegt bereits ein beachtlicher Bestand an Daten sowie Erfahrung vor.
Es soll daher versucht werden die Datenbank möglichst ähnlich aufzubauen und zu konfigurieren um einen zukünftigen Datenaustausch effizient gestalten zu können.

1.2. Projektgebiet: Nationalpark Gesäuse

Die Gebietsabgrenzung des Gesäuses und damit den Großteil des heutigen Nationalparkgebietes beschrieb STROBL, G., P. (1881) folgender Maßen:

„Etwa ein-einviertel Stunden östlich von Admont beginnt das Gesäuss (1900', 600hm), der berühmte, hochromantische Engpass der Enns und dauert bis Hieflau (1366').
Das Gesäuss wird zu beiden Seiten von kolossalen Dachsteinkalkmassen begränzt, im Norden zuerst von der Buchsteingruppe, später vom Damischbachthurm, im Süden zuerst von den Ausläufern und Vorbergen des Reichenstein, dann von den wildzerrissenen Johnsbachermauern.“(S. 10)

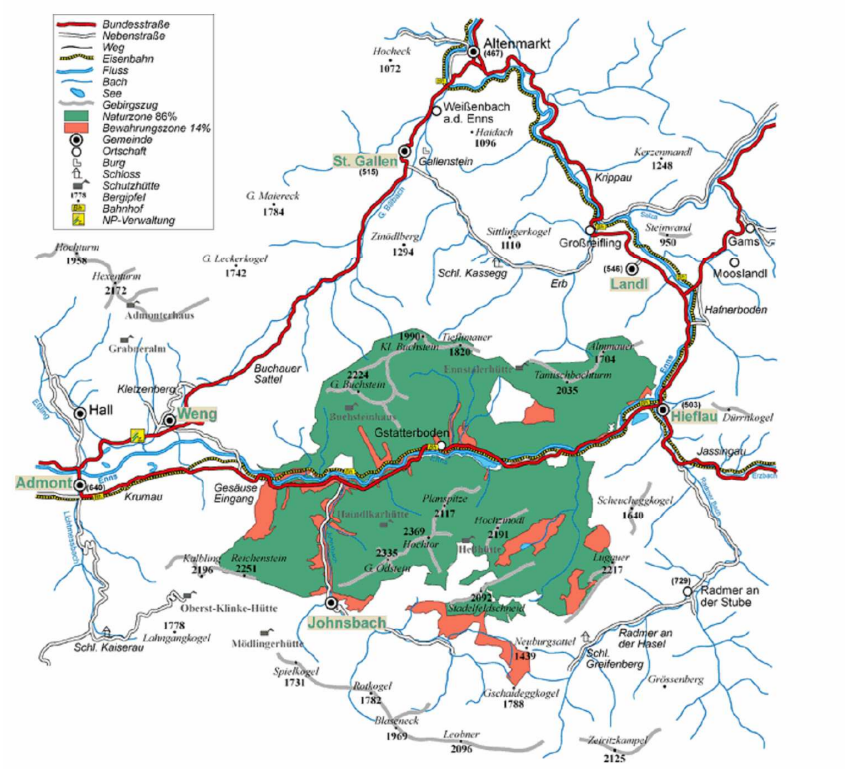


Abbildung 1: Übersichtskarte – Nationalpark Gesäuse (www.nationalpark.co.at)

Der Nationalpark Gesäuse ist mit rund 11.000ha der drittgrößte sowie jüngste Nationalpark Österreichs und Teil der Nördlichen Kalkalpen. Die Abbildung 1 zeigt die Lage des Nationalparks geteilt von der Enns. Seinen Namen erhielt das Gesäuse, so HESS, H. (1904) *„…von dem steten Rauschen und „Sausen“(S. 1)* der Enns auf ihrem Weg durch diesen Talabschnitt. In seiner nördlichsten Ausdehnung liegen die Grenzen zu Füßen des Buchstein-Massives und des Tamischbachturmes, während diese im Süden bis an den Gschaideggkogel heranreichen. Die West-Ost Ausdehnung betrifft die Strecke vom Gesäuse Eingang, östlich von Admont, durch das Durchbruchstal der Enns bis nach Hieflau. Das Nationalparkgebiet weist auf seiner Fläche eine relativ hohe Reliefenergie

auf, wobei diese in einem Maximum von rund 1800m, gemessen vom Hochtor (2368m) nach Gstatterboden (578m), kulminiert.

1.3. Arbeitsmethodik

Zu Beginn der Arbeit war es notwendig sich über eine eingehende Literaturrecherche mit der Thematik der Biodiversitätsforschung vertraut zu machen, da dieses Wissen den theoretischen Grundstock bildet um das Potential der Biodiversitätsdatenbank möglichst vollständig zu erfassen. Außerdem widmete sich der Autor dieser Arbeit dem Studium der aktuellen Situation zur Verwendung von Datenbankprojekten basierend auf BioOffice, sowie ähnlich aufgebauter Software. Daraufhin galt es sich in BioOffice zu vertiefen und sich mit der Oberfläche und den Feinheiten auseinander zu setzen.
Die nächsten Schritte, betrafen die Aufbereitung und den Import der Daten welche akkurat zu erfolgen hatten und dadurch sehr viel Zeit benötigten. Über den Informationsaustausch mit Spezialisten, sowie den während der Arbeit gemachten Erfahrungen, konnten viele Arbeitschritte wesentlich verkürzt und erleichtert werden. Dabei wurde schnell klar, dass die Vorbereitung der Daten für den Import durch die Entwicklung einer standardisierten Liste zur Erfassung der benötigten Attribute, wesentlich effizienter gestaltet werden kann. Diese in MS Excel erstellte Liste bietet sowohl dem Datensammler als auch dem Administrator der Datenbank viele Vorteile, wie etwa eine schnelle unkomplizierte Eingabe der Daten und ein zeitökonomisch vertretbarer Aufwand hinsichtlich der Importvorbereitungen.

2. Grundlagen der Biodiversität

In der Natur gibt es keinen Organismus der in einem geschlossenen System existiert. Im Gegenteil, es herrschen ständige Wechselbeziehungen zu anderen Organismen und eine starke Abhängigkeit zu den biotischen und abiotischen Umweltfaktoren.
In diesem Sinne bilden Biotope den Lebensraum für Biozönosen. Diese wiederum kennzeichnen durch ihre charakteristischen Zusammensetzungen an Taxa Biotope und machen sie dadurch unterscheidbar.

2.1. Einführungen zum Biodiversitätsgedanken

2.1.1. Begriffsdefinition

In LANZERATH, D., et al. 2008 wird verdeutlicht, dass der Begriff „Biodiversität" zwar häufig verwendet wird, dessen Definition jedoch nicht eindeutig ist und stark von der *„…Perspektive einer bestimmten Disziplin, eines normativen Ansatzes oder einer politischen Strategie ist"(S. 13)*. Dies bedeutet, dass die Biodiversität weder hinsichtlich ihres Wertes, noch anhand ihrer wissenschaftlichen und praktischen Kriterien allgemeingültig definiert wurde.

Auch aus POTTHAST, T. et al. 2007 wird deutlich, dass der Terminus „Biodiversität" aus der Welt der Wissenschaft zwar nicht mehr wegzudenken ist, dieser jedoch auch nach der „Convention on Biological Diversity" (CBD) (siehe Kapitel 3.1.1) im Jahr 1992, die ihn maßgeblich etablierte, hinsichtlich seiner genauen Definition noch immer heftig umstritten ist. Die Entstehung des Begriffs erfolgte dabei in mehreren Etappen. Im Jahr 1981 wurde die „Conference on **Biological Diversity**" abgehalten auf deren Grundlage 1986 das „National Forum on **BioDiversity**" durchgeführt wurde. Um neben den naturwissenschaftlichen Aspekten auch emotionale und spirituelle Betrachtungsweisen in die Diskussion zu integrieren, wurde in den Publikationen des National Forums das „logical" weggelassen jedoch das „D" groß geschrieben. Das anfängliche Ziel war es einen Begriff zu schaffen der einer breiten Öffentlichkeit die Gefahren des Verlustes an biologischer Vielfalt verdeutlichen soll, um umweltpolitischen Entscheidungen ein Fundament zu stellen. Erst WILSON verwendete 1988 den Begriff erstmals in seiner heute üblichen Schreibweise als „Biodiversity", zu Deutsch, „Biodiversität".

Die Definition von SOLBRIG 1994 aus POTTHAST, T. et al. 2007 besagt, „*Biodiversität ist die Eigenschaft lebender Systeme unterschiedlich, d.h. von anderen spezifisch verschieden und andersartig zu sein. Biodiversität wird definiert als die Eigenschaft von Gruppen oder Klassen von Einheiten des Lebens, sich von einander zu unterscheiden"(S. 41).* Hierbei wird jedoch die Passage „*...die Eigenschaft…von Einheiten des Lebens, sich von einander zu unterscheiden*" als unzureichend aussagekräftig bezeichnet, da hiermit kaum etwas anderes ausgesagt wird als das alles von allem verschieden ist.

In Artikel 2 der CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY, 1992 ist Biodiversität folgendermaßen definiert: ""*Biological diversity" means the variability among living organisms from all sources including, inter alia, terrestrial, marine and other aquatic ecosystems and the ecological complexes of witch they are part; this includes diversity within species, between species and of ecosystems"(S. 146)*.

Eine vereinfachte, auf Ebene der Lebensgemeinschaften basierende Definition von Biodiversität gibt CAMPBELL, A. N. & REECE, J. B. 2003. Auf diesem Niveau meint Biodiversität den **Artenreichtum** und die **relative Abundanz**.
Im Zusammenhang mit der Biodiversitätsdatenbank scheint diese stark minimalistische Definition ausreichend, da hierbei die „Inventarisierung" der Organismen im Vordergrund steht.

2.1.2. Die vier Klassen der Vielfalt

POTT, R. (2005) unterscheidet vier Klassen der Vielfalt:

- qualitative Vielfalt

  Stellt die Frage nach den Arten der Organismen, sowie deren Wechselbeziehung in Raum und Zeit.

  Präzisiert nach LANZERATH, D., et al. (2008) behandelt die qualitative Vielfalt
  - die Artendichte,
  - die Häufigkeitsverteilung der Arten – Evenness,
  - Endemismus,
  - die phylogenetische Diversität (die Diversität verschiedener evolutionärer Entwicklungslinien),
  - genetische Vielfalt und
  - den Anteil bedrohter Arten

- quantitative Vielfalt

  Untersucht in welcher Größenordnung die untersuchte Einheit im Bezugsraum vorzufinden ist. Zum Beispiel die Artenzahl.

- funktionelle Vielfalt

  Sie betrachtet Interaktionen, also jene Prozesse und Wechselwirkungen, die zwischen den Lebewesen in ihrem Lebensraum auftreten. LANZERATH, D., et al. (2008) zufolge, lässt sich aus der funktionellen Vielfalt die Ökosystem-Leistung ableiten.

- biotische Vielfalt

  Hierunter fällt nach POTT, R. (2005) „...*der jeweils typisch gewachsene Artenreichtum verschiedener Landschaften und Lebensräume*“*(S. 21)*.

2.1.3. Ein erster Überblick zur Biodiversität

Seit dem Bemühen des Naturforschers Carl von Linné mit den Verzeichnissen Species Plantarum (für Pflanzen, 1753) und Systema Naturae (für Pflanzen, Tiere und Mineralien, 1758/1759 beziehungsweise 1766–1768) die Welt der Organismen zu systematisieren und deren Mannigfaltigkeit zu erfassen, hat die Wissenschaft immer noch nur einen kleinen Teil der Vielfalt an Arten erfassen und beschreiben können.
Heute sind etwa 1.7 Mio. Arten beschrieben, wobei Schätzungen davon ausgehen das 5 bis 30 Mio. Taxa existieren. Den Berechnungen des diesbezüglich häufig zitierten *Global Biodiversity Assessments* zufolge, liegt die weltweite Artenzahl bei ca. 13,6 Mio. Arten(POTT, R. 2005).

Man kann davon ausgehen, dass sowohl die Arten der Höheren Pflanzen als auch die Wirbeltierarten weitestgehend erfasst wurden.
Wenn es darum geht neue Arten zu entdecken, haben

- der Tiefseeboden,
- das Kronendach (vor allem tropischer Regenwälder),
- die Arthropoden,
- Mikroorganismen und Pilze,
- Nematoden,
- Symbionten und Parasiten

das größte Potential bis Dato unbekannte Taxa hervorzubringen.
Bei den Arthropoda gehen die Schätzungen betreffend unbekannter Arten sogar in den zweistelligen Millionenbereich(POTT, R. 2005).

Trotz einiger Bemühungen wie der UN Konferenz in Rio de Janeiro 1992, des Weltgipfels in Johannesburg 2002, der Konferenz von Kuala Lumpur 2004 und mehrerer Anderer, ist der globale Rückgang der Biodiversität nicht zum Erliegen gekommen.
Weiterhin fordert die anthropogene Zerstörung von Lebensraum ihren Tribut, sodass Arten oft noch vor ihrer Entdeckung ausgerottet werden.
Uns ist bis jetzt nur ein Bruchteil der Organismen bekannt und ebenso wenig wissen wir über die Dynamik von ökologischen Systemen und der Funktion der Lebewesen in ihnen(POTT, R. 2005).

2.1.4. Biodiversität – Warum schützen?

Viele der in der Natur ablaufenden Prozesse wie Auf- und Abbauprozesse oder Stoff- und Energiekreisläufe werden zu einem wesentlichen Anteil durch die Biota gesteuert, beziehungsweise maßgeblich beeinflusst. Für Menschen lebensnotwendige Elemente wie Wasser, Luft oder Boden durchlaufen diese Prozesse und stehen uns ohne unser Zutun zur Verfügung.

Als der Werte von Arten welche auch als Valuable Ecosystem Components (VECs) bezeichnet werden, werden Bestandteile oder Funktionen der Biodiversität verstanden, die einen besonderen Wert oder Nutzen besitzen.
Eine Art kann zum Beispiel aufgrund,

- ihres kommerziellen Wertes,
- ihrer Seltenheit,
- ihrer Gefährdung,
- ihrem Status als Flagschiffart,
- ihrer Schlüsselrolle für die Funktionserhaltung eines Ökosystems oder
- ihrem Wert als Indikatorart

als VEC eingestuft werden(HILL, D. et al. 2007).

In POTTHAST, T. et al. (2007) wird die Bedeutung der biologischen Vielfalt durch eine Reihe von Values beschrieben. Dabei spannt sich der Bogen an Gründen die für die Biodiversität sprechen, von der Bereitstellung ökologischer Funktionen, über ökonomische Vorteile bis hin zu ethischen Grundsätzen.

Exemplarisch seien hier der **Life Support Value** oder **Ecological Function Value** und der **Direct Use Value** genannt.
Der *Life Support Value/Ecological Function Value* beschreibt die existenzielle Notwendigkeit ökosystemarer Prozesse, bezogen auf die Aufrechterhaltung von Faktoren wie etwa Klima, Trinkwasser etc. Überdies, wird hier der Meinung an Ausdruck verliehen, dass es nicht die technischen, sondern die biotischen Ressourcen sein werden, die eine Adaption an die Klimaänderung gewährleisten.
Der *Direct Use Value* bezeichnet das bereitgestellte Angebot an Nahrungsmitteln, Heilpflanzen etc. das dem Menschen zu Gute kommt.
Daneben existieren noch eine Vielzahl weiterer Werttypen die den durch die biologische Vielfalt gebotenen Nutzen darstellen, jedoch hier nicht weiter beschrieben werden können(POTTHAST, T. et al. 2007).

Daneben muss natürlich auch der ethische Grundsatz des Bewahrens von Vielfalt im Auge behalten werden. Kein Bauvorhaben legitimiert die Ausrottung einer Art, wobei TREPL, L. (1987) noch treffend ergänzte „*Wenn wir uns eine zahlenmäßige Vorstellung von der Verarmung der Landschaft machen wollen, dürfen wir nicht nur nach dem völlig Verschwundenen fragen. Eine Art, die früher an tausend Orten vorkam und heute nur noch an einem, taucht in der Liste der ausgestorbenen nicht aus. Aber 999 Orte sind um diese Art ärmer geworden.“(S. 37).*

2.1.5. Gefahren für die Biodiversität

Anthropogene Faktoren welche die Artenvielfalt gefährden sind nach LEMONS & MORGAN aus 1995 POTTHAST, T. et al. 2007,

- die Neophyten- und Neozoenproblematik,
- Habitatzerstörung, -fragmentierung, -verschmutzung,
- Übernützung von Arten,
- Verbreitung von Krankheiten,
- Hochleistungsrassen in der Landwirtschaft (genetischer Diversitätsverlust),
- Klimawandel,
- Schadstoffeintrag und
- die Kombination all jener Faktoren.

Nach POTTHAST, T. et al. 2007 sind diese Gefahren auf folgende Ursachen zurückzuführen:

- Bevölkerungsdruck und Armut in den Entwicklungsländern,
- ressourcenverschwendender Lebensstil in den Industrieländern,
- ungleiche Verteilung von Kosten/Lasten und Vorteilen/Nutzen der Erhaltung von Biodiversität
- kurzfristiger ökonomischer Profit steht vor nachhaltiger Nutzung

Man kann leicht erkennen, dass der Verlust an Biodiversität nur dann dauerhaft eingedämmt werden kann, wenn mit angemessenen Mitteln an sozialen Missständen gearbeitet wird.

2.2. Grundlagen zur Verteilung der Biodiversität

Über die Ausprägung der biologischen Vielfalt entscheiden verschiedene Faktoren. Welche Faktoren dies sind, soll in diesem Kapitel geklärt werden. Dabei wendet sich der Blick erst der Biodiversität sowie ihrem Wandel in Österreich zu, um einen Einblick ihrer Dynamik innerhalb eines vertrauten Gebietes nachzuvollziehen. Danach verkleinert sich der Betrachtungsmaßstab auf globale Ebene. Während die Begriffe *Megadiversitätsländer* und *Hotspots der Biodiversität* erklärt werden, zeigt sich das der Verlust an Biodiversität zu großen Teilen nur über die Behandlung sozialpolitischer Probleme zu lösen sein wird.

2.2.1. Biodiversitätsfaktoren – Ihre Betrachtung mit Blick auf Österreich

An dieser Stelle soll geklärt werden, welche Faktoren die biologische Vielfalt einer Region oder eines Landes beeinflussen.

Im Wesentlichen sind dabei

- die Flächengröße,
- die Lage des Landes (man bedenke das Großklima),
- die Heterogenität der Umweltbedingungen (z.B. Klimaelemente oder geomorphologischer Formenschatz, Diversität von Bodenverhältnissen)
- die Art und Intensität der Landnutzung,

zu nennen.

Dies bedeutet, dass die biologische Vielfalt neben den Naturräumen eines Landes, natürlich auch von der anthropogenen Beeinflussung, also der Interaktion des Menschen mit seiner Umwelt abhängt(SAUBERER, N. et al. 2008).

Laut HOBOHM, C., (2005) sind die Klimaelemente, neben den anderen genannten Faktoren, zwar für die Biodiversität auf lokaler Ebene bekanntermaßen sehr

bedeutend, verlieren auf regionaler Ebene jedoch einiges an Aussagekraft. Dazu meint HOBOHM, C., (2005) es *„…lässt sich eine direkte Abhängigkeit der naturraumbezogenen Artenvielfalt von einzelnen Klimaparametern in Deutschland nicht eindeutig feststellen.“(S. 381).* Bei geomorphologisch reich strukturierten Gebieten erkennt er jedoch auch auf regionaler Dimension einen Zusammenhang hinsichtlich einer positiven Korrelation von Strukturreichtum und Artenreichtum. Insgesamt sei es jedoch notwendig zu untersuchen, inwiefern das **Zusammenwirken** der einzelnen Faktoren auf die Artenvielfalt Einfluss nimmt.

Naturräumliche Entwicklung Österreichs

Österreich hat Anteil an acht großen Naturräumen, wobei diese zu 63 Prozent von den Alpen geprägt werden. Die Palette der Naturräume auf Staatsgebiet reicht von hochalpinen Regionen bis hin zu Gebieten der planaren Stufe mit ihren Eichen-Hainbuchenwäldern. Dazwischen liegt eine große Vielfalt, die dadurch noch weiter verstärkt wird das Österreich, durch seine besondere Lage, an verschiedenen Klimaregionen Anteil hat. Durch die Verflechtung der morphologischen und klimatischen Vielfalt entsteht ein sehr heterogenes Bild von Österreich. Anhand der Spannweite der Jahresmitteltemperatur sowie der durchschnittlichen Jahresniederschlagssumme lässt sich dies verdeutlichen. Während im Hochgebirge ein Jahresdurchschnitt der Temperatur von bis zu -8,7℃ errechnet wurde, steigt dieser Durchschnitt im Tiefland um den Neusiedler See auf bis zu 11℃ an. Dies bedeutet für Gesamt-Österreich einen Temperaturunterschied von beachtlichen 19,8 Kelvin. Bei den durchschnittlichen Jahresniederschlagssummen zeigen sich in den pannonischen Flach- und Hügelländern Mengen von nur 500-700mm, welche in den Hochzonen der Südalpen jedoch in Werten von bis zu 3000mm kulminieren. Neben den morphologischen und klimatischen Gegensätzen ist es die geologische Vielfalt Österreichs die für die Biodiversität als positiver Faktor zu zählen ist. Der geologische Untergrund spielt, in Kombination mit den Klimaelementen und der Morphologie, vor allem für die Bodenbildung eine gewichtige Rolle(SAUBERER, N. et al. 2008).

Ein großer Teil des morphologischen Formenschatzes von Österreich ist auf jene Kräfte zurückzuführen die während den Eiszeiten wirkten. In den gletscherfreien Gebieten im äußersten Osten kam es beispielsweise zu Lössverwehungen, welche als Ausgangssubstrat für die fruchtbaren Tschernosem-Böden im Norden des Burgenlandes oder im Osten Niederösterreichs dienten. Durch den wiederholten Vorstoß und Rückzug der Gletscher, entstand die Grundlage für viele See- oder Moorlandschaften. Mit dem beginnenden Rückzug der Gletscher deren Zerfall vor ca.

18 000 Jahren einsetzte, begann die Phase der Wiederbewaldung Österreichs, wobei 14 000 Jahre vor Heute Birke und Kiefer die Tieflagen Kärntens dominierten. Als vor ungefähr 11 600 Jahren das Postglazial einsetzte, begannen auch die wärmeliebenden Arten des Eichenmischwaldes (Eiche, Ahorn, Ulme, Linde, Esche) aus dem Süden Europas nach Norden zu wandern. Denn nur Lärche, Zirbe, Rotföhre, Birke und Fichte konnten während der Eiszeit in Gunstlagen am Südrand der Alpen überdauern. Während *Larix decidua* und *Pinus cembra* in höhere Regionen vorstießen und sich die Fichte an der Südabdachung der Alpen ausbreitete, begannen 10 000 Jahre vor heute Eichen den pannonischen Osten Österreichs zu besiedeln und Tanne sowie Rotbuche drängten allmählich ins Gebiet vor. In baumfreien Bereichen, welche zum Beispiel durch Blitzschlag oder Megaherbivoren hervorgerufen wurden, sowie an Extremstandorten sehr wahrscheinlich waren, konnten sich immer wieder auch lichtliebende Arten wie *Knautia arvensis* oder *Sonchus oleraceus* etablieren(SAUBERER, N. et al. 2008).

Anthropogener Einfluss auf die Biodiversität

Die bisher genannten Faktoren können als direkte Voraussetzung für die biologische Vielfalt angesehen werden. Neben diesen kommt nun der Faktor Mensch als indirekte Größe, die jedoch einen maßgeblichen Einfluss auf die Biodiversität hat, ins Spiel.

Vor etwa 7 700- 7 500 Jahren, begannen Menschen in den wärmebegünstigten Lagen des Landes zu siedeln und Landwirtschaft zu betreiben. Mit der Rodung von Waldgebieten zur Gewinnung von Ackerland und der beginnenden Haltung von Vieh, war der erste Schritt zu einer weit reichenden Vegetationsveränderung getan.

In den folgenden Jahrtausenden, begann der Mensch auch in höhere Regionen vorzustoßen, sodass im Dachsteingebiet bereits um 4 000 Jahre vor Heute von einer intensiven Almwirtschaft gesprochen werden kann. Mit dem Einläuten der Eisenzeit vor rund 3 600 bis 2 800, konnten durch technische Weiterentwicklung auch Regionen besiedelt werden, die zuvor kaum nutzbar waren. Beispielsweise konnten durch verbesserte Pflüge nun auch schwere Böden bewirtschaftet werden. Außerdem wurde vermehrt Viehdung zur Bodenaufbesserung und Ertragssteigerung gezielt eingesetzt. Infolge der verbesserten Lebensbedingungen durch den technischen Fortschritt wuchs die Bevölkerung, was wiederum zu einem starken Anstieg der, durch den Ackerbau forcierten Waldrohdung, führte. In den folgenden Jahrtausenden stieg die Bevölkerungszahl, mit einigen Unterbrechungen, weiter an und kulminierte um 700 bis 900 nach Christus in einem explosionsartigen Anstieg. Die Bevölkerung verdreifachte sich und mit ihr der Anspruch an Lebensraum um sie zu versorgen. Dabei kam es anfangs in den Tal- und Beckenlandschaften Österreichs zu

großflächigen Rodungen, die ab dem 10. bis 11. Jahrhundert durch die planmäßige Erschließung von ehemals ungünstigen Gebieten weiterlief. Die Folge waren starke Erosionsprozesse in weiten Teilen des Landes. Durch ein auf Voralmen und Hochalmen basierendes Bewirtschaftungssystem, wurde die aktuelle Waldgrenze in den Gebirgsregionen, infolge von Rodungen und Schwendungen, um 200 bis 400m unter die klimatische Waldgrenze abgedrängt. Neben verstärkter Erosion sowie Bodendegradation, welche neben der Rodung auch durch die Haltung von Weidevieh wie Rindern zu verzeichnen war, kam es durch die Auflockerung des montanen und subalpinen Waldes jedoch auch zu einem Anstieg an Biodiversität.

Durch den immer stärker werdenden Bergbau, wuchs natürlich die Nachfrage an Holzkohle. Im Zuge dessen wurden Rotbuche und Tanne vermehrt, zu Gunsten der Fichte, verdrängt. Nachdem um 1400 nach Christus, im Spätmittelalter, ein Drittel der Bevölkerung der Pest zum Opfer fielen, wurden viele Kulturflächen nur noch spärlich genutzt oder verbrachten völlig.

Als es im 18. Jahrhundert mit Beginn der Industrialisierung die Ballungszentren zu versorgen galt, entstand eine neue Form der Landnutzung. Die Dreifelderwirtschaft wurde durch die Fruchtwechselwirtschaft abgelöst, womit der Verlust von wertvollen Regenerationsräumen für Flora und Fauna, den Brachefeldern, einherging. Es galt die Landschaft durch Maßnahmen wie Meliorationen zu „zähmen“ und führte im 19. Jahrhundert zur Verbauung und Trockenlegung von Flüssen. Auch der Hunger an Energieträgern wuchs weiter, welche durch gezielte Aufforstungen stets verfügbar sein sollten – man kann durchaus von einem Siegeszug der schnellwüchsigen, noch heute die heimischen Wälder prägenden Fichte sprechen.

Im 20. Jahrhundert erreichte die Regulierung der Flüsse und die Entwässerung großer Flächen, ihren traurigen Höhepunkt. In großen Teilen Österreichs wurden in der Nachkriegszeit Kleinstrukturen gezielt zur Homogenisierung der Landschaft zerstört. Zusätzlich war, durch die zunehmende Motorisierung in der Landwirtschaft nach dem 1. Weltkrieg, die Notwendigkeit vieler Weideflächen zum Leidwesen der Biodiversität nicht mehr gegeben. Nun gerieten viele Arten durch den Verlust ihres Lebensraumes in schwere Bedrängnis, oder verschwanden völlig aus der österreichischen Landschaft. Überdüngung, der großflächige Einsatz von Pestiziden und zunehmende Intensivierung der Landnutzung vergrößerten den Verlust biologischer Vielfalt.

Initiativen dem fortwährenden Biodiversitätsschwund entgegenzuwirken entstanden erst in den letzten zwei bis drei Jahrzehnten, benötigen jedoch trotz Erfolgen, wie der Etablierung von Schutzgebieten (z.B. dem NP Gesäuse), noch einen langen Atem bis zum Ziel(SAUBERER, N. et al. 2008).

2.2.2. Megadiversitätsländer – Was zeichnet sie aus?

Unter den Begriff Megadiversitätsländer fallen laut *UNEP World Conservation Monitoring Centre (UNEP-WCMC)* 17 Länder (siehe Abbildung 2) deren gewaltiger Artenreichtum ca. 70% der momentan bekannten Taxa ausmachen.
Ein Beispiel hierfür ist Brasilien mit ca. 56 000 entdeckten Pflanzenarten. Im Vergleich dazu, sind in Deutschland nur etwa 2682 Arten von Pflanzen bekannt(LMMC). In SAUBERER, N. et al. 2008 wird gezeigt das Costa Rica welches nur rund 60 % der Landfläche Österreichs aufweist, ca. 12 000 Tracheophyta beherbergt, während deren Zahl in Österreich etwa 3100 Arten beträgt.

Abbildung 2: Megadiversitätsländer nach UNEP-WCMC (WIKI)

Betrachtet man die globale Verteilung der Artenzahl so fällt auf, dass diese generell

- von den Polen zu den Tropen steigt,
- von kalten und/oder trockenen Klimazonen zu relativ gleichmäßig warmen und feuchten höher wird,
- in Regionen die erdgeschichtlich ungünstige Verhältnisse vorweisen (z.B. Eiszeiten bzw. Glaziale) gegenüber stabileren Regionen niedriger ist
- in reich strukturierten Gebieten wie den tropischen Regenwäldern sehr hoch ist.

Diese Fakten lassen sich anhand der Abbildung 3 nachvollziehen.

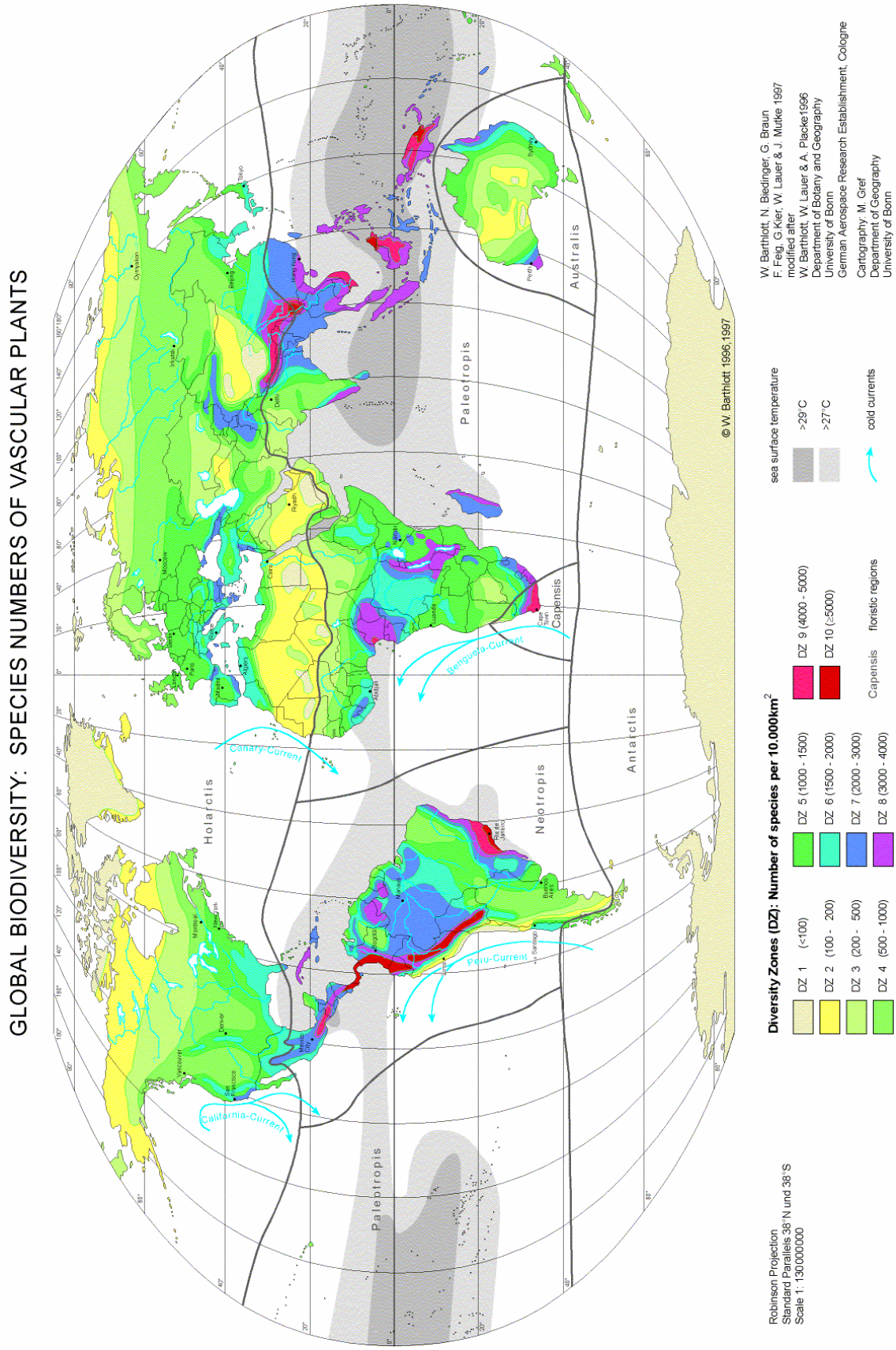


Abbildung 3: Darstellung der Globalen Biodiversität von Tracheophyta. (Universität Hamburg)

Aufteilung in Zonen der Diversität, die sich aus der Anzahl an Arten pro 10.000km² ergeben.

Im Jahr 2002 trafen sich in Cancún Vertreter aus 12 Megadiversitätsländern. Es kam zur Gründung der *Group of Like-Minded Megadiverse Nations* und deren Unterzeichnung der „*Cancun Declaration*“. Neben dem Schutz der biologischen Vielfalt haben sich diese Länder auch das Ziel gesetzt, der „Biopiraterie“ einen Riegel vorzuschieben d.h. biologische Ressourcen sollen nachhaltig genutzt und der Erlös gerecht aufgeteilt werden (LMMC).

2.2.3. Hotspots der Biodiversität

Nach MEYERS, N., 1988 wird ein Hotspot durch eine außerordentliche Anzahl an endemischen Pflanzen und durch einen ernsten Habitatsverlust charakterisiert.
Die Naturschutzorganisation *Conservation International* (CI) legt ihr Hauptaugenmerk auf den Erhalt dieser Zentren der Vielfalt.
Weltweit hat *Conservation International* 34 solcher Hotspots ausgewiesen. Um als Hotspot zu gelten muss eine Region,

- mindestens 1500 Arten endemischer vaskulärer Pflanzen beheimaten UND
- mindestens 70% des ursprünglichen Habitats müssen verloren sein.

Erstaunlich daran ist dass jene 34 Hotspots mindestens 150 000 endemische Pflanzenarten (50% der momentan bekannten Arten) sowie 11 980 endemische terrestrische Vertebrata (42% aller bekannten Arten) beherbergen. Hierbei sei noch zu ergänzen, dass die Hotspots insgesamt 22 022 Arten terrestrischer Vertebrata beheimaten wobei dies immerhin 77% ihrer bekannten Gesamtzahl ausmachen (CONSERVATION INTERNATIONAL).
Abbildung 4 zeigt die von *Conservation International* ausgewiesenen Hotspots.

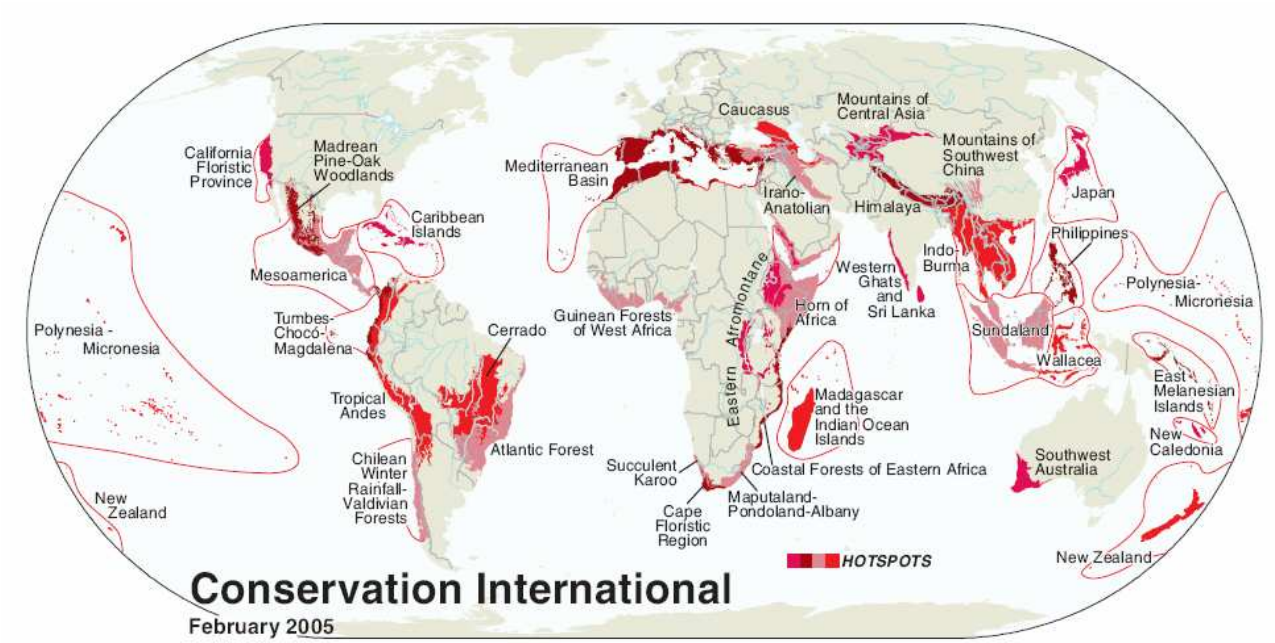


Abbildung 4: Darstellung der 34 Hotspots der Biodiversität.(CONSERVATION INTERNATIONAL)

Betrachtet man die Abbildungen 2, 3 und 4 fällt auf, dass sich die Biodiversität vor allem in jenen Gebieten konzentriert, in denen weite Teile der Bevölkerung in sozialwirtschaftlichen sowie sozialpolitischen Ausnahmesituationen leben. Menschen die um ihr Überleben kämpfen, werden in letzter Konsequenz natürlich auch in sensible Regionen eindringen, um sich und ihre Familien zu versorgen. Ein nachhaltiger großflächiger Schutz der globalen Biodiversität kann demzufolge kaum durch Zäune oder Strafen gegeben sein. Vielmehr muss es das Ziel sein den Menschen ein Leben zu ermöglichen, welches sich fernab eines permanenten Kampfes ums Überleben abspielt.

HOBOHM, C., (2005) beschäftigte sich mit der Frage wie das Verhältnis von Fläche zu Artenzahl in Europa anzusetzen ist, um von Hotspots der Biodiversität auf lokaler sowie regionaler Ebene zu sprechen. Seiner Meinung nach seien auf regionaler Ebene Gebiete als Biodiversity Hotspots anzusehen wenn,

1. auf 1000 km² mehr als 1300 Arten von Tracheophyta sowie
2. auf 100 km² mehr als 1000 Arten von Tracheophyta

nachgewiesen werden können.

Hotspots auf lokaler Ebene treffen auf Areale zu in denen

1. auf 100 m² mehr als 50 Arten von Gefässpflanzen, Moosen und Flechten,
2. auf 10 m² mehr als 30 Arten von Gefässpflanzen, Moosen und Flechten und
3. auf 1 m² mehr als 20 Arten von Gefässpflanzen, Moosen und Flechten

detektiert werden.

Zusätzlich können auch jene Gebiete als Hotspots der Biodiversität eingestuft werden, die reich an Pflanzenarten, jedoch durch deren Rückgang sowie Habitatsverlust gekennzeichnet sind. Es ist zu beachten, dass HOBOHM, C., (2005) auch als Neophyten ausgewiesene Arten in seine Kategorisierung mit einbezieht. Laut dieser Definition kann der Nationalpark Gesäuse zweifellos als Hotspot der Biodiversität eingestuft werden. Auf seinen 11.000ha konnten bislang über 1500 Arten an Tracheophyta nachgewiesen werden.

2.3. Methoden zur Untersuchung von Biodiversität und Artverbreitung

Generell bezieht sich die Untersuchung der Biodiversität auf die Auswertung von Daten die, im Optimalfall, quantitativer Natur sind. Die dabei betrachteten Komponenten sind beispielsweise

- die Artenzahl,
- die Population einer Art,
- die Habitate,
- die Pflanzengesellschaften sowie
- die Summe all jener Bestandteile

eines bestimmten Gebietes.

Die Untersuchung der biologischen Vielfalt reicht hierbei von der Analyse einzelner oder mehrerer Taxa, bis hin zur Untersuchung von Lebensräumen. Dabei kann der betrachtete Maßstab von einem kleinen Geländeabschnitt bis auf globale Dimensionen reichen. Die Aufgaben der im Zuge dieser Arbeit erstellten Datenbank betreffen in erster Linie Untersuchungen auf Artenniveau. Daher, und weil es den Rahmen dieser Arbeit sprengen würde, müssen genauere Ausführungen zu Bereichen wie der Lebensraumvielfalt, kultureller Vielfalt etc. eingeschränkt werden, obgleich sich diese Komponenten gegenseitig natürlich in enger Interaktion befinden und die Grenzen meist fließend (HILL, D. et al. 2007).

2.3.1. Datenerfassung – Ein Überblick

Bei der Erfassung von Daten kann generell zwischen systematischen und unsystematischen Erhebungen unterschieden werden. Neben der interessanten Zufallsbeobachtung, beispielsweise der einer Rote Liste Art, stehen für die Datenaufnahme eine kaum zu überblickende Anzahl an Methoden zur Verfügung. Denn die Datenerhebung ist in wissenschaftlichem Sinne kein Produkt des Zufalls. So

unterstreicht GLAVAC, V., (1996) hinsichtlich der Vorgangsweise bei der Datenerfassung *„Einer solchen Beobachtung geht meist ein Interesse, eine Frage, ein Problem, etwas Theoretisches voraus“(S. 31)*. Das heißt, grundsätzlich wird vor der Geländearbeit überlegt was untersucht werden soll und welche Methode dafür die besten Ergebnisse liefert.

Neben der Zufallbeobachtung, sind vor allem Daten aus Erhebungen im Zuge bestimmter wissenschaftlicher Fragen oder aus Großprojekten wie *Der floristischen Kartierung Mitteleuropas* oder *Der floristischen Kartierung Österreichs* von unschätzbarem Wert.
Bereits in den 1960er- und 1970er-Jahren begann eine Gruppe von Wissenschaftlern mit der floristischen Kartierung Österreichs. Diese floristische Kartierung der Gefäßpflanzen Österreichs wurde von EHRENDORFER & HAMANN (1965) aus SAUBERER, N. et al. (2008) initiiert und sollte in Zukunft Aussagen zu Mustern und Hotspots der Artenvielfalt, Populationsgrößen oder die Einschätzung der Gefährdungssituation von Taxa ermöglichen. Von diesen, im Zuge dieser Kartierung erhobenen Daten, wurden bereits Teilergebnisse in einigen Werken wie ZIMMERMANN, A., et al. (1989) veröffentlicht. Nach SAUBERER, N. et al. (2008) befindet sich ein Verbreitungsatlas für Gesamt-Österreich momentan in Ausarbeitung.
Zur Erfassung von Arten eines gewissen Gebietes, bedient man sich mittlerweile generell der **Rasterkartierung**. Dabei werden als geographische Grundeinheiten so genannte Quadranten eingesetzt, deren Ausdehnung, für die Datenerfassung im gesamten Bundesland Österreich, 5 Minuten geographischer Länge x 3 Minuten geographischer Breite, beträgt(SAUBERER, N. et al. (2008), RAUMALP u.a.). Daraus ergibt sich für einen Quadranten im Norden Österreichs eine Fläche von 33,9 km² sowie 35,6 km² für ein Untersuchungsgebiet im Süden des Landes. Für das Bundesgebiet ergeben sich somit 2566 Quadranten, wobei 2269 vollständig und 297 teilweise in Österreich liegen. Wenn es notwendig ist, können diese Quadranten weiter unterteilt werden, was zur Erhöhung der Aussagekraft führt, jedoch aufgrund des zeitlichen und personellen Aufwandes eher für großmaßstäbliche Untersuchungen von Bedeutung ist.
Bei der *floristischen Kartierung Österreichs* schreitet der Datensammler einen Quadranten systematisch ab und versucht dabei möglichst alle Arten zu bestimmen welche oft in einer mitgeführten vorgefertigten Artenliste eingetragen werden. Es wurde explizit darauf geachtet jeden Lebensraumtyp, alle Höhenstufen sowie sämtliche geologischen Ausgangssubstrate eines Quadranten zumindest einmal zu untersuchen (SAUBERER, N. et al. 2008).

Bei der Methodik der Bestandserfassung sowie der anschließenden Darstellung der Ergebnisse konnte bis jetzt weder international noch national ein gemeinsamer Konsens gefunden werden.
Tiefergreifende Fragestellungen benötigen natürlich aufwändigere Kartierungsmethoden deren relativ zeit- und kostenintensive Durchführung meist auf kleinere Gebiete beschränkt bleiben muss. So können nach BRAUN-BLANQUET, J. (1964), **pflanzensoziologische Erhebungen** zwar sehr viel über bestimmte Standortfaktoren, wie das Klima, aussagen, benötigen jedoch weit mehr Zeit und die Erfahrung eines Experten.

2.3.2. Möglichkeiten der Datenauswertung und Darstellung

Sowohl zur Berechnung der Biodiversität, als auch zu Untersuchung der Verbreitung von Arten, stehen beinahe unzählige Verfahren zur Verfügung.
HOBOHM, C., (2005) gibt zu verstehen, dass es in der Natur durchaus Phänomene gibt die leicht zu erkennen und durch Messung sowie statistische Verfahren leicht zu belegen sind. Andererseits können viele Fragen zur Biodiversität nur durch äußerst komplexe Methoden der Datenaufnahme und Analyse beantwortet werden.
An dieser Stelle kann selbstverständlich nur ein repräsentativer Ausschnitt von angewandten Methoden vorgestellt werden. Es sollen der Nutzen sowie die Möglichkeiten solcher Daten gezeigt werden, um ein weiteres Mal die enorme Bedeutung von Kartierungsprojekten und in weiterem Sinne den Wert von Biodiversitätsdatenbanken zu unterstreichen. Biodiversitätsdatenbanken benötigen viel Zeit und bedürfen eine konsequente Betreuung, ermöglichen jedoch auf lange Sicht die Untersuchung fast endlos vieler Szenarien.

Als eine der häufigsten Darstellungsformen sind **Rasterverbreitungskarten** anzusehen. In Atlanten zur Verbreitung von Arten werden meist Punktraster-Verbreitungskarten eingesetzt wobei verschiedene Fundpunktsymbole die Aussagekraft der Karte erweitern. Literaturbeispiele bieten KLEIN, E., & KERSCHBAUMSTEINER, H. (1996) oder ZIMMERMANN, A., et al. (1989).
Die Verbreitungskarten unterscheiden sich neben der Symbolik, auch anhand der Maschenweite der verwendeten Rasterfelder beziehungsweise der Quadranten.

Was den Einsatz von Biodiversitätsdaten in Österreich betrifft, konnte der Autor vor allem durch den Schriftkontakt zu Dr. Wolfgang DÄMON sowie aus SAUBERER, N. et

al. (2008) einige Einblicke über die Weiterverarbeitung der Daten in der Praxis erhalten.

Laut Dr. Dämon beruhen viele Analysen, wie etwa die Ableitung von Saprobie-Koeffizienten oder Biodiversitätsindizes, auf einer engen Zusammenarbeit zwischen dem Datenbankadministrator und den Experten der jeweiligen Organismengruppe, welche die Daten hierfür oft im Zuge eigener Projekte erheben. Das heißt, rein theoretisch sind eine Vielzahl an Berechnungen möglich, diese scheitern jedoch an der oft bei weitem unzureichenden Datengrundlage.

Am häufigsten verwendete Dr. Dämon die Daten für die Berechnung der einfachen Diversität, also der Anzahl der Taxa bestimmter Gruppen pro räumlicher Bezugsfläche sowie zur Erhebung des Anteils der gefährdeten Taxa, also Arten die in einer relevanten Roten Liste mit einem Gefährdungsgrad verzeichnet sind, bezogen auf ein bestimmtes Gebiet.

Die in Folge kurz beschriebenen Analysen führte Dr. Dämon als konkrete Beispiele für Auswertungen an.

Beispiel: Für den NP Hohe Tauern wurde für die einzelnen Organismengruppen verglichen, wie viele Arten jeweils in der Kernzone, in der Außenzone und in der Peripherie des Nationalparks vorhanden sind. Dabei wurde die Artenzahl anhand der Anzahl der Beobachtungen (Objekt-Datensätze) normalisiert.

Hierbei ist es interessant, eine Vergleichstabelle parat zu haben, die zeigt wie viele Arten der einzelnen Organismengruppen im Bundesland Steiermark, in Österreich, in Mitteleuropa beziehungsweise eventuell in ganz Europa vorkommen und wie viele davon gefährdet sind.

Beispiel: Eine andere respektive weitere Dimension ist der zeitliche Faktor, sprich welchen Unterschied in der Diversität bzw. in der Verbreitung einzelner Arten gibt es vor/seit einem bestimmten Zeitpunkt (Jahr). In dem Zusammenhang müssen natürlich methodische Aspekte diskutiert werden, sprich wann wurden überhaupt Erhebungen durchgeführt beziehungsweise welche weiteren Erhebungen der Biodiversität und/oder weitere Erfassungen von bereits erhobenen Daten (Datenquellen) sind notwendig.

Nähere Einblicke zur Bearbeitungssituation der Verbreitung von Gefäßpflanzen in Österreich liefert Kapitel 2.4.

Im Folgenden sollen einige Auswertungsmöglichkeiten mit Daten aus der *floristischen Kartierung Bayerns* besprochen und daraus erzeugte Karten beleuchtet werden. In dieser Arbeit wurde bewusst darauf verzichtet Analyseverfahren und kartographische Darstellungen mit den im Zuge dieser Arbeit importierten Daten nachzuvollziehen, da

der Datenumfang noch zu gering ist und der zeitökonomische Aufwand dies nicht rechtfertigen würde.

2.3.2.1. Zielsetzung, Auswertungsschritte und Analysen - Grundlagen

SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) beschreiben einen aus drei Phasen bestehenden Prozess der Informationsgewinnung aus floristischen Daten.

Die erste Phase ist die Zielsetzung, da sie den folgenden Schritten ihren Sinn, respektive ihre Berechtigung gibt. Ziele können dabei,

- die Bereitstellung von Grundlageninformation für den Arten-, Flächen- und Biotopschutz, für die Physische Geographie sowie der Areal- und Vegetationskunde,
- die Offenlegung der Datenbank für zukünftige Projekte, weitere Datenerfassung sowie Auswertungen sein.
- der Gewinn von Erkenntnissen hinsichtlich bestandsbedingender Faktoren,
- die Bewertung der Flora hinsichtlich Chorologie, Naturschutz oder Geographie innerhalb eines bestimmten Raumes sein.

In einer zweiten Phase geht es um Auswertungsschritte, welche eine Voraussetzung zum umfassenden Verständnis zu den in Phase drei durchgeführten Analysen anzusehen sind.

Dazu gehören unter anderem:

- Darstellung der Datenanzahl pro Rasterfeld um weiterführende Kartierungen oder Literaturauswertungen gezielt durchzuführen. Zusätzlich kann daraus die Phytodiversität eines Raumes abgeleitet werden.
- Erstellen einer Sippenbilanz für ein bestimmtes Gebiet.
- Umfassende Qellendokumentation – Angabe aller Datensammler, Projekte sowie Literatur- und Herbarauswertungen.

Für Information zu weiteren Auswertungsschritten muss der Leser auf diesbezügliche Literatur, etwa SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) sowie HÄUPLER, H., et al. (1997) aus SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) verwiesen werden.

Die Phase drei behandelt weiterführende Auswertungen deren Aussagekraft zu einem großen Teil die Beachtung der in Phase zwei beschriebenen Schritte bedingt.

Beispiele solcher umfassenden Analysen sind:

- Ermittlung der Rasterfrequenz, der Bestandsentwicklung, der Dynamik, der Populationsgröße sowie –dichte, des Minimumareals, der Nachweishäufigkeit usw. zur Beantwortung von Fragen zum Artenschutz oder der Populationsbiologie.

- Auswertungen hinsichtlich Biotop- oder Flächenschutz (potentielle Häufigkeit, Dichteanalyse von RL-Arten, die Verbreitung von bestimmten Biotoptypen),
- Ermittlung der Artenvielfalt, der Vegetationseinheiten oder Zeigerpflanzen für ein bestimmtes Gebiet, etc.
- vegationskundliche Analysen – Verifizierung von Karten der potentiell natürlichen Vegetation, Darstellung über Verbreitung und Dominanz von Ersatzgesellschaften, etc.
- Analysen durch Zeigerwerte – Verwendung der Zeigerwerte nach ELLENBERG, H. et al. (1992) z.B. Berechnung der durchschnittlichen Kontinentalitätszahl pro Rasterfeld (siehe dazu auch MEIEROTT, L., & SUBAL, W., (2005))
- arealkundliche Analysen - Ermittlung von Arealtypen, Ausbreitungskorridoren, Arealverschiebungen etc.
- geographische Analysen hinsichtlich klimatischer und naturräumlicher Grenzen oder dem Landschaftswandel infolge veränderter anthropogener Landnutzung.
- evolutionsbiologische Analysen – z.B. Untersuchung der Dichte endemischer Sippen um Rückschlüsse auf den Verlauf der Artbildung ziehen zu können.
- Grundlagenschaffung für Biomonitoring – z.B. Gebietsvorschläge für geeignete Monitoringflächen usw. usf.

An dieser Stelle ist es dem Autor ein besonderes Anliegen darauf hinzuweisen, dass diese und die noch folgenden Aufzählung an Analysemöglichkeiten nur einen Bruchteil des tatsächlichen Potentials von Biodiversitätsdaten aufzeigen. Kapitel 2.3.2.2 soll einige wenige Auswertungsmethoden beleuchten und deren Ergebnisse durch diesbezügliche Abbildungen veranschaulichen. Auch Kapitel 2.4 kann noch einige Analyseergebnisse veranschaulichen.

2.3.2.2. Auswertungen zur Verbreitung und Ökologie von Arten

Die in weiterer Folge angeführten Methoden zur Datenauswertung beziehen sich neben SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) zusätzlich auf CABELA, A., et al. (2001). Obgleich sich das letztgenannte Werk mit der Untersuchung von Amphibien und Reptilien befasst, können die dort angewandten statistischen Methoden auch für floristische Daten eingesetzt werden. An dieser Stelle soll noch einmal erinnert werden, dass es bei der Betrachtung der Ergebnisse, ob diese nun in Form von Kenngrößen, Balkendiagrammen oder Rasterkarten dargestellt werden, gleichermaßen notwendig ist, über die Datenlage des untersuchten Raumes genau bescheid zu wissen. Nur dadurch lassen sich Fehlinterpretationen, durch den

variierenden Erfassungsgrad bestimmter Arten, die unterschiedlich starke Durchleuchtung von Gebieten, etc., oftmals vermeiden.

2.3.2.2.1. Untersuchungen zum Status einer Art

Die in Folge vorgestellten Kenngrößen aus einer Auswahl nach CABELA, A., et al. (2001), bieten die Möglichkeit, Informationen über die Bestandessituationen eines Taxons zu erhalten.

- **Die Dominanz** – beschreibt, wie groß der Anteil an Meldungen eines Taxons im Verhältnis zu allen dementsprechend Funden, hinsichtlich einer definierten Bezugsfläche (z.B. das Nationalparkgebiet, eine bestimmte Höhenstufe, etc.) ausfällt.
- **Die Präsenz oder Rasterfrequenz** – beschreibt den Anteil jener Rasterfelder, die Meldungen einer untersuchten Art aufweisen in Prozent aller untersuchten Rasterfelder eines Bezugsraumes.
- **Stetigkeit** – ist der prozentuelle Anteil von Fundorten an denen eine Art nachgewiesen wurde, gemessen an allen der Organismengruppe entsprechenden Fundorten.
- **Funddichte** – ergibt sich aus der durchschnittlichen Anzahl an Meldungen eines Taxons pro Rasterfeld.
- **Fundortdichte** – ergibt sich aus der durchschnittlichen Anzahl an Fundorten an denen eine Art beobachtet werden konnte pro Rasterfeld.
- **Absolute Anzahlen** zu den davor genannten Kenngrößen, bilden für viele Vergleiche eine wichtige Grundlage.
- sehr interessant ist auch der **vorher/nachher** Vergleich aller bisher genannten Kenngrößen, bezogen auf bestimmte Zeiträume.

2.3.2.2.2. Vegetationskundliche Auswertungen durch Einsatz von Verbreitungsdaten [aus SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)]

Beispiel: Erstellung einer synthetischen Karten der potentiellen Verbreitung des *Erico-Pinion (Schneeheide-Kiefernwälder)* Verbandes in Bayern.

Bereits GEHU (1984) aus SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) hat auf die Darstellung der Areale von Pflanzengesellschaften durch Rasterkarten hingewiesen.
Synthetische Karten der potentiellen Verbreitung von Pflanzengesellschaften liefern wertvolle Hinweise (1)zu dem potentiell von einer Pflanzengesellschaft eingenommenen Areal, (2)zu dem potentiellen Gefährdungsgrad eines Taxons, (3)für die Maßnahmenplanung und Zielsetzung im Sinne des Naturschutzes, (4)zu

syntaxonomischen Fragestellungen (z.B. für eine Karte der Vegetationseinheiten), (5)die Grenzen von vikariierenden Taxa, uvm..
Die vorgestellte Karte zur Verbreitung des *Erico-Pinion* Verbandes wird deshalb „*synthetisch-potentiell*“ bezeichnet, weil sie nicht auf einer Synthese der quantitativen Daten der Taxa mit Daten zu Klimaelementen oder der Geologie beruhen.

Der methodische Hintergrund zur Erstellung einer solchen Karte beruht auf dem Auszählen ausgewählter Arten, die das beleuchtete Syntaxon kennzeichnen, wobei dies für jedes Rasterfeld durchzuführen ist. Bei der Auswahl der Arten ist darauf zu achten, dass sie für die jeweilige Gesellschaft möglichst kennzeichnend sind, ohne jedoch eine breite ökologische Amplitude aufzuweisen.
Für den *Erico-Pinion* Verband, der besonders durch seine Artenvielfalt und die auf kleine alkalische Gebiete begrenzte Ausbreitung besticht und außerdem gut erforscht ist, haben sich dabei 27 Sippen für die Auswertung angeboten. Für eine ausführliche Beschreibung der Methodik verweist der Autor auf die für dieses Unterkapitel angegebene Literatur.

Die Abbildung 5 zeigt nun die potentielle Verbreitung des *Erico-Pinion (Schneeheide-Kiefernwälder)* Verbandes in Bayern.
Es zeigt sich ein Vorkommensschwerpunkt des Verbandes entlang des Alpenraumes, der großen Alpenflüsse Lech und Isar sowie in der südöstlichen Frankenalb. Damit korreliert die Karte sehr gut mit den realen Vorkommensschwerpunkten, womit nach SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) *„…die grundsätzliche Eignung der Methode zur Darstellung der Areale von Syntaxa“(S. 678)* belegt werden kann.

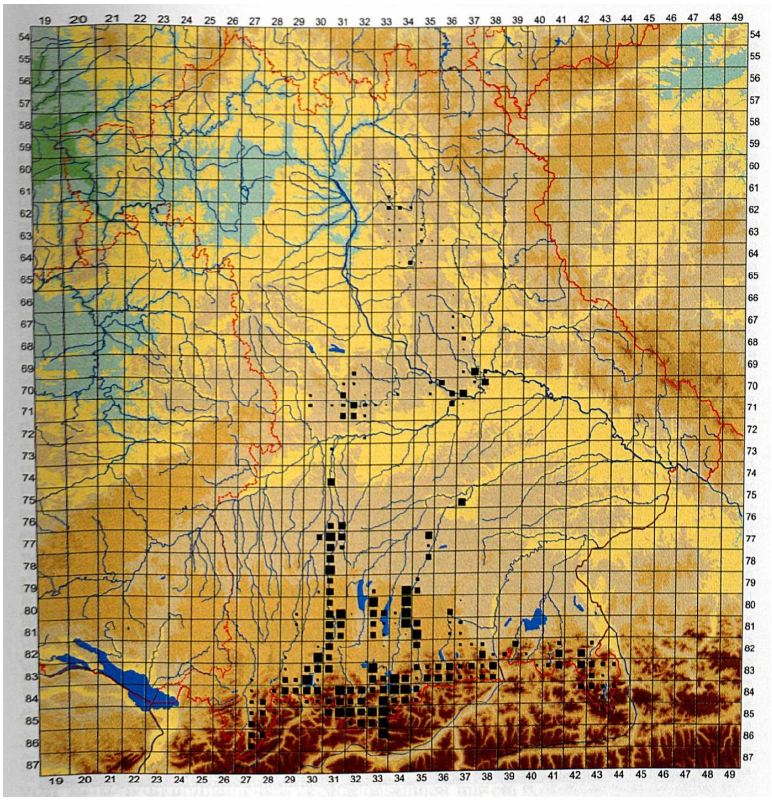


Abbildung 5: Synthetische Karte der potentiellen Verbreitung des Erico-Pinion (Schneeheide-Kiefernwälder) Verbandes in Bayern (SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)) (Abstufung der Symbole: 13, 14, 15, 16, 17-18 und mehr als 18 Sippen pro Rasterfeld)

Die vorgestellte Methode liefert sinnvolle, da interpretierbare Ergebnisse zu Pflanzengesellschaften mit (a)einer kleinen Verbreitung, (b)spezifischen Ansprüchen an den Standort sowie (c)mit einer großen Zahl an Kennarten.

Ihr Einsatz ist dagegen wenig ratsam bei (a)stark durch Kryptogamen charakterisierten Gesellschaften, (b)artenarmen Gesellschaften deren Taxa eine breite ökologische Amplitude aufweisen sowie (c)Pflanzengesellschaften die durch extrem häufige oder seltene Arten respektive Kennarten definiert werden.

2.3.2.2.3. Karten zur Verbreitung und Häufung durch Zeigerwerte

Für die Auswertung der Daten der aus SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) vorgestellten und in Folge diskutierten Karten (Abbildung 6 und 7), wurden die Zeigerwerte nach ELLENBERG, H., et al. (1992) verwendet. Unter den sieben Hauptfaktoren die ELLENBERG, H., et al. (1992) angibt, also Lichtzahl (L), Temperaturzahl(T), Kontinentalitätszahl(K), Feuchtezahl(F), Reaktionszahl(R), Stickstoffzahl bzw. Nährstoffzahl(N) sowie der Salzzahl(S) und Schwermetallresistenz, wurde in dem Folgenden, aus SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000) entnommenen Beispiel, die Reaktionszahl eines Gebietes untersucht.

Dabei können grundsätzlich zwei Optionen der Auswertung rasterfeldbezogener Daten durch Zeigerwerte unterschieden werden, wobei dies

1. die Berechnung eines mittleren Zeigerwertes für Rasterfelder und
2. die Darstellung der Häufung von Arten einer Zeigerwertkategorie pro Rasterfeld,

sind (SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. 2000).

Beispiel: Die Häufung und Verbreitung azidophytischer und alkaliphiler Tracheophyta in Bayern.

Die Methodik beruht auf der Summierung jener Taxa pro Rasterfeld die ELLENBERG, H., et al. (1992) als Starksäurezeiger (R=1) (siehe Abbildung 5) beziehungsweise Starkbasenzeiger (R=9) (siehe Abbildung 6) einstuft.
Die Abbildung 6 zeigt, dass einige stark saure Gebiete wie das Ossermassiv, vor allem gegenüber den deutlich hervortretenden Moorlandschaften in der Umgebung kaum in Erscheinung treten. Dies lässt sich zum Beispiel dadurch erklären, dass die zur Auswertung verwendeten Daten keine kryptogamen Gesellschaften beinhalteten, diese jedoch gerade für Silikatfelsen, wie sie das Ossermassiv aufweißt, als charakteristisch anzusehen sind. Besonders beeinflusst, wird das Ergebnis durch den Skalenwert den ein Taxon für den jeweiligen Hauptfaktor zugewiesen bekommt. Dabei könnte Beispielsweise eine neue Einstufung von *Calluna vulgaris,* die in ELLENBERG, H., et al. (1992) mit R=1 angegeben wird, auf R=2-3 die Aussagekraft deutlich verbessern. Als Grund kann genannt werden, dass *Calluna vulgaris* auch auf schwach bis mäßig saurem Substrat anzutreffen ist. Sie ist daher auch zu einem großen Teil für die praktisch lückenlose Deckung der Rasterfelder mit der kleinsten Symbolklasse in Abbildung 6 verantwortlich. Dennoch liefert die Karte bereits gute Ergebnisse. Für eine Überarbeitung der Zeigerwerte könnten diese Verbreitungskarten also durchaus eine wertvolle Stütze sein.
Abbildung 7 zeigt nun also jene Rasterfelder in denen am meisten Kalkzeiger gezählt wurden und kann im Vergleich mit Abbildung 6 bereits ein positives Ergebnis erahnen lassen. So stechen bei der Betrachtung der Karte die kalkreichen Schotterebenen der Alpenflüsse, ebenso wie die Muschel- und Malmkalkgebiete in aller Prägnanz hervor. Durch die Standortvielfalt in den Alpen und Alpenvorländern (z.B. saure Moore neben kalkreichen Felsrasen) kommt es hier zu Überschneidungen.
Die Karte der Starkbasenzeiger kann jedoch auch einen Einblick zu den standörtlichen Präferenzen der untersuchten Taxa geben. So zeigt sich etwa das der Grad der Diversität in der Frankenalb mit steigender Reliefenergie zunimmt. Dies

lässt sich unter Anderem damit begründen, dass besonders viele Kalkzeiger unter den Kalkfelsbewohnern detektiert werden können. Jene Gebiete im Norden der Mittleren Frankenalb, in denen eine schwächere Häufigkeit kalkliebender Arten angezeigt wird sind u.a. häufig stark bewaldet und es finden sich Hochflächen, die nur eine geringe strukturelle Vielfalt aufweisen. Das heißt, aus den ungünstigen Standortfaktoren für viele Kalkzeiger resultiert ihre relativ geringe Häufigkeit in diesen Gebieten(SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. 2000).

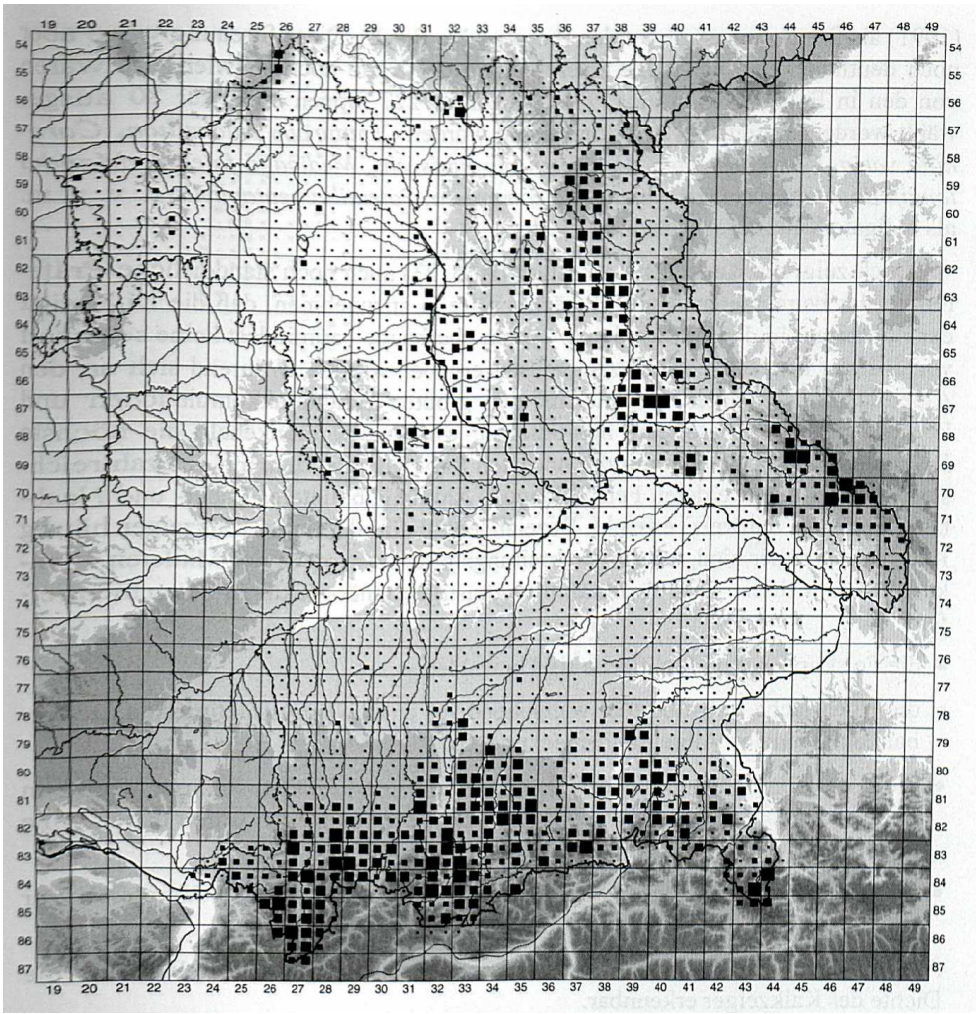


Abbildung 6: Verbreitung und Häufung von Zeigerpflanzen mit dem Faktor R=1 in Bayern.(SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000))
(Symbolabstufung: 1-4, 5-6, 7-8, 9-10, 11-12, und mehr als 12 Sippen pro Rasterfeld)

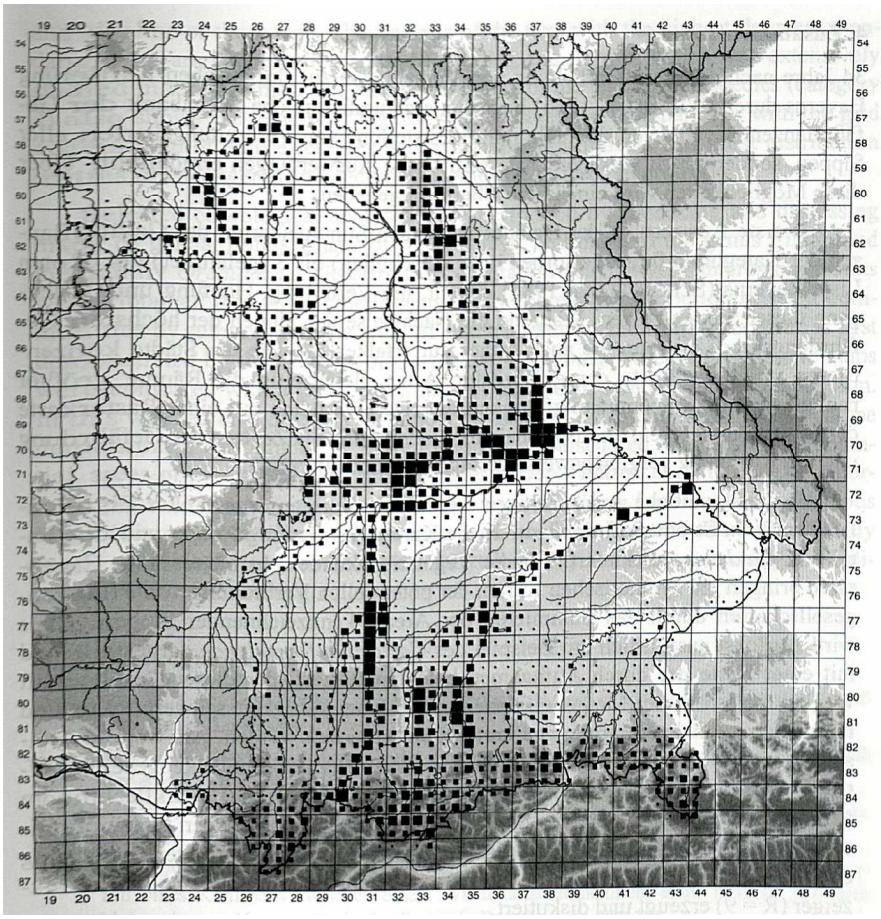


Abbildung 7: Verbreitung und Häufung von Zeigerpflanzen mit dem Faktor R=9 in Bayern.(SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000))
(Symbolabstufung: 1-5, 6-10, 11-15, 16-20, 21-25, und mehr als 25 Sippen pro Rasterfeld)

2.4. Biodiversität der Tracheophyta in Österreich

Wie bereits angesprochen ist die Biodiversität in jenen Gebieten größer die eine reiche Strukturierung hinsichtlich landschaftlicher, geologischer sowie klimatischer Vielfalt vorweisen. Österreich ist bezüglich seiner Struktur ein Raum mit vielen Gesichtern, man bedenke nur die Gegensätze zwischen den Hochgebirgsregionen der Alpen und den Tieflagen im Nordosten des Landes. Nach SAUBERER, N. et al. 2008 könnten in Österreich bis zu 67.000 Arten anzutreffen sein, wobei dies natürlich eine Schätzung ist da das Land bei weitem nicht als durchforscht anzusehen ist.
Die Tabelle 1 gibt Auskunft über die Verteilung der Artenzahl unter den Organismengruppen.

Organismengruppe	Artenzahl
Algen s.l.	~4 900
Moose	1 018
Farn- und Blütenpflanzen	**3 100**
Flechten	> 2 100
Pilze	~10 000
Einzeller (Protozoa)	> 1 200
Wirbellose (ohne Insekten)	~6 900
Insekten	~37 000
Wirbeltiere	486

Tabelle 1: Artenzahl in Österreich. (Vom Autor verändert nach SAUBERER, N. et al. (2008))

Da die im Zuge dieser Arbeit behandelten Daten hauptsächlich aus Aufnahmen von Höheren Pflanzen bestanden, sollen die folgenden Unterkapitel einen genaueren Blick auf die Situation und den Forschungsstand dieser Organismengruppe in Österreich werfen.
Dabei wird an dieser Stelle generell zwischen den,

- Indigenen,
- Archäophyten sowie Paläophyten und
- Neophyten

unterschieden.
Neben der Betrachtung der drei genannten Punkte, soll in den nachfolgenden Unterkapiteln auch der Einfluss des Bodens auf die Pflanzenvielfalt beleuchtet werden.
Im Anschluss werden vier Muster pflanzlicher Diversität vorgestellt, welche sich aus der räumlichen Verteilung,

- der gesamten Artenvielfalt der Tracheophyta,
- der endemischen Sippen,
- der nach der Roten Liste Stufe 1-3 eingestuften Arten,
- der Rote Liste Stufe 4 Arten sowie
- der invasiven und potentiell invasiven Neophyten

zusammensetzt. Die Behandlung dieser Analysemethoden ist besonders wertvoll, da diese in Zukunft, durch die im Zuge der Arbeit etablierte Biodiversitätsdatenbank, auch dem Nationalpark Gesäuse als ein wirkungsvolles Werkzeug zur Behandlung verschiedener Problemstellungen verfügbar sein werden.

2.4.1. Die Verteilung der Artenvielfalt von Gefäßpflanzen in Österreich

Bereits in der zweiten Hälfte der 1960er-Jahre begann man in Österreich mit der floristischen Kartierung der Gefäßpflanzen. In mehreren Bundesländern wurden Teilergebnisse der Kartierungsarbeit veröffentlicht, darunter auch in der Steiermark zum Beispiel in ZIMMERMANN et al. (1989). Aktuell ist ein Verbreitungsatlas der Farn- und Blütenpflanzen in Arbeit der das gesamte Bundesgebiet abdeckt. Die in weiterer Folge gezeigten Darstellungen aus SAUBERER, N. et al. 2008, beziehen sich auf Beobachtungen der Jahre 1965 bis 2005.

Nach dem momentanen Kenntnisstand sind 3767 Arten und Unterarten von Gefäßpflanzen dauerhaft in Österreich vertreten, wobei 239 Taxa als eigenständig zu bewertende Subspezies und 459 apomiktische (ungeschlechtliche) Kleinarten die als Aggregate zusammengefasst werden, genannt werden können.

Die Schwankungsbreite der Artenzahlen zwischen allen beleuchteten Quadranten kann mit 140 – 981 Spezies und Subspezies angegeben werden. Die Anzahl der pro Quadrant gefundenen Arten und Unterarten an Tracheophyta ist in Abbildung 8 ersichtlich (SAUBERER, N. et al. 2008).

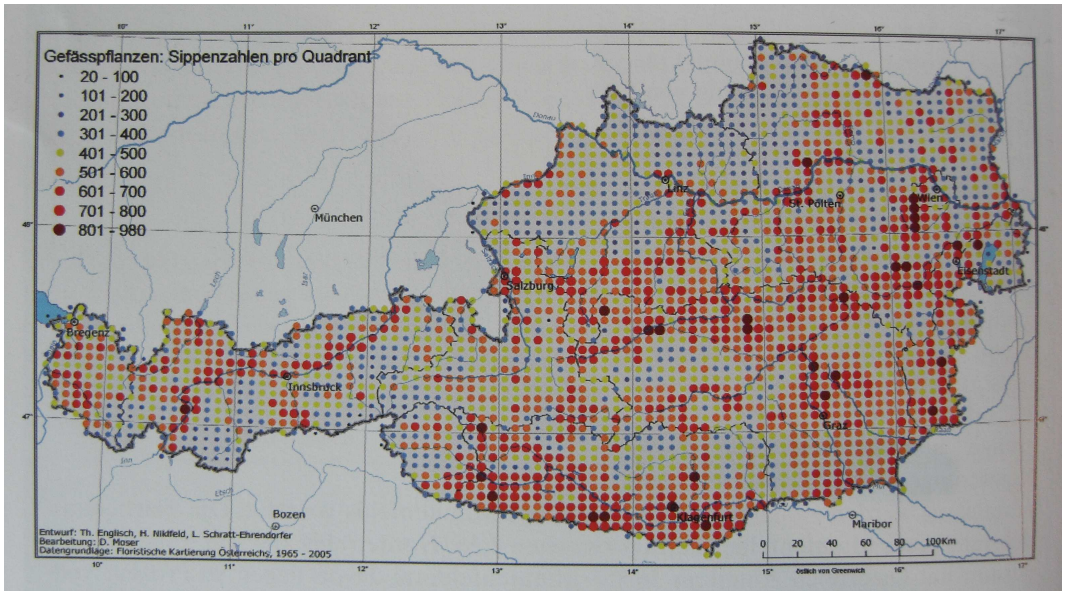


Abbildung 8: Sippenzahlen pro Quadrant.(SAUBERER, N. et al. (2008))

Mit nur 140 bis 300 Arten sind vor allem die montanen und hochalpinen Bereiche über silikatischem Muttergestein (z.B. Koralpe oder Teile der Hohen Tauern) relativ gesehen artenärmer. Die größte Artenvielfalt an Gefäßpflanzen in Österreich tritt in Gebieten auf die eine hohe naturräumliche Vielfalt sowie steile standörtlich-klimatische Gradienten aufweisen und meist an den Kontaktsäumen großer biogeographischer Lebensräume liegen. Beispiele von Gebieten mit einer hohen Zahl an Gefäßpflanzenarten sind das Ennstal (NP Gesäuse) oder das Grazer Kalkbergland(SAUBERER, N. et al. 2008).

2.4.2. Endemismus

Nach RABITSCH, W., & ESSL, F., 2009 spielen Tracheophyta bei der Betrachtung endemischer Arten eine besondere Rolle, da in Österreich eine relativ hohe Zahl an (Sub-)Endemiten vorkommen. Die Abbildung 9 zeigt eine starke Konzentration auf bestimmte Gebiete hinsichtlich der Anzahl endemischer Gefäßpflanzen. Hier ist deutlich die Sonderstellung des Nationalparks Gesäuse mit einer überragenden Zahl an Endemiten zu erkennen(SAUBERER, N. et al. 2008). Aus RABITSCH, W., & ESSL, F., 2009 ist zu erfahren, das der Quadrant mit den meisten endemischen Arten, bei Einbeziehung aller Organismengruppen, mit 70 Arten im Nationalpark Gesäuse liegt.

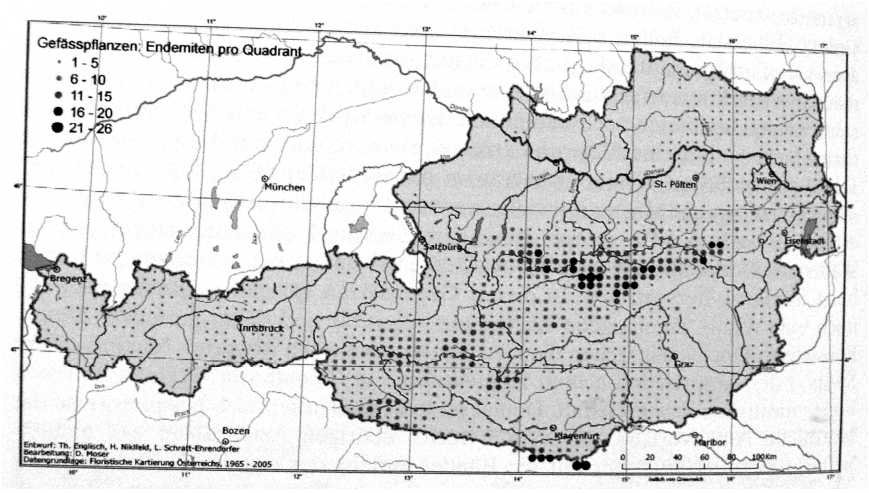


Abbildung 9: Häufungsgebiete endemische Arten.(SAUBERER, N. et al. (2008))

2.4.3. Neophyten

Bei der Untersuchung der Verbreitung von Neophyten ist man besonders an jenen Arten interessiert, deren Ausbreitung negative Folgen auf heimische Ökosysteme hat. Dabei verdrängen solche invasiven Arten die heimische Flora vor allem in jenen Gebieten die diese nur in geringer Artendichte besiedeln(SAUBERER, N. et al. 2008). Abbildung 10 zeigt die Anzahl der invasiven und potentiell Invasiven Neophyten pro Quadrant. Es fällt auf, dass vor allem in Ballungsräumen sowie entlang von Flüssen eine Konzentration von invasiven und potentiell invasiven Neophyten nachzuweisen ist. Dagegen konnte im Hochgebirge, sehr wahrscheinlich aufgrund der extremen Lebensbedingungen, keine Ansiedelung von Neophyten beobachtet werden.

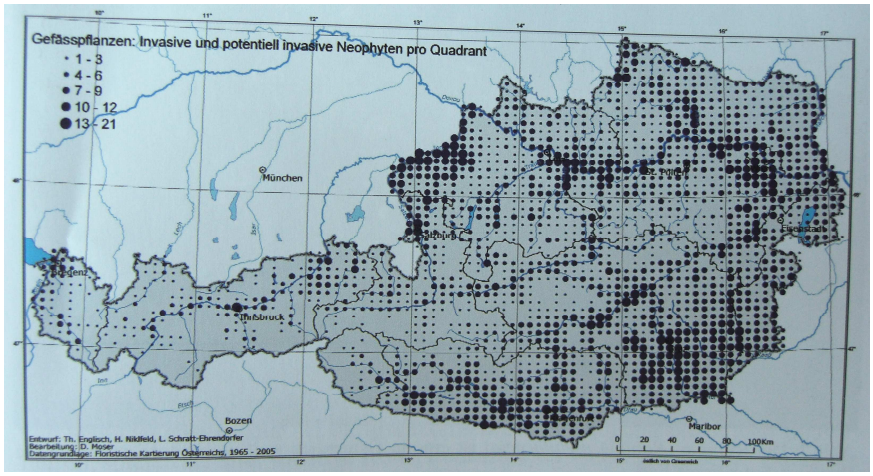


Abbildung 10: Invasive und potentiell invasive Neophyten.(SAUBERER, N. et al. (2008))

2.4.4. Verbreitungsgebiete von Rote Liste – Arten in Österreich

Summenkarten von RL-Arten wurden bereits in vielen Publikationen angeführt (z.B. MEIEROTT, L., & SUBAL, W., (2005) oder SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000)). Solch eine Verbreitungskarte, liefert wesentliche Information für Bewertungsverfahren. Exemplarisch seien als Verwendungszwecke Bauvorhaben, die eine naturschutzrechtliche Bewilligung benötigen, oder die Nutzung der Verbreitungskarte als Grundlage für die Ausweisung von Schutzgebieten, genannt.

Die Abbildung 11 vermittelt die räumliche Verteilung zweier Gefährdungstypen bezogen auf jene Tracheophyta die in die Roten Liste Österreich aufgenommen wurden, sehr anschaulich. Rote und gelbe Symbole, sowie die Kombination dieser Beiden drücken die Anzahl aktuell gefährdeter Arten (Stufe 1-3) aus. Grüne und gelbe Symbole, sowie Kombinationen derselben zeigen die Anzahl der durch ihre generelle Seltenheit potentiell gefährdeten Arten. Arten der Roten Liste Stufe 1-3 finden sich vor allem in jenen Gebieten die von Habitatzersplitterung und Habitatzerstörung betroffen sind. Das heißt, erst infolge anthropogener Nutzung günstiger Lebensräume werden die Habitate verschiedener Arten stark bedrängt sowie verdrängt, wodurch Arten oft in kleinen Inselpopulationen mit nur wenigen Individuen abgeschnitten werden. Besonders stark betroffene Lebensräume sind Trockenrasen sowie Nieder- und Hochmoore.

Die Arten der Roten Liste Stufe 4 sind weniger durch die akute Bedrohung ihrer Habitate sondern vielmehr durch ihre Seltenheit bedroht. Diese Taxa sind meist in den Hochzonen anzutreffen und besiedeln dort oft nur relativ kleine Areale, wodurch eine Störung, wenn auch unbeabsichtigt, schnell zu ihrem aussterben führen kann(SAUBERER, N. et al. 2008).

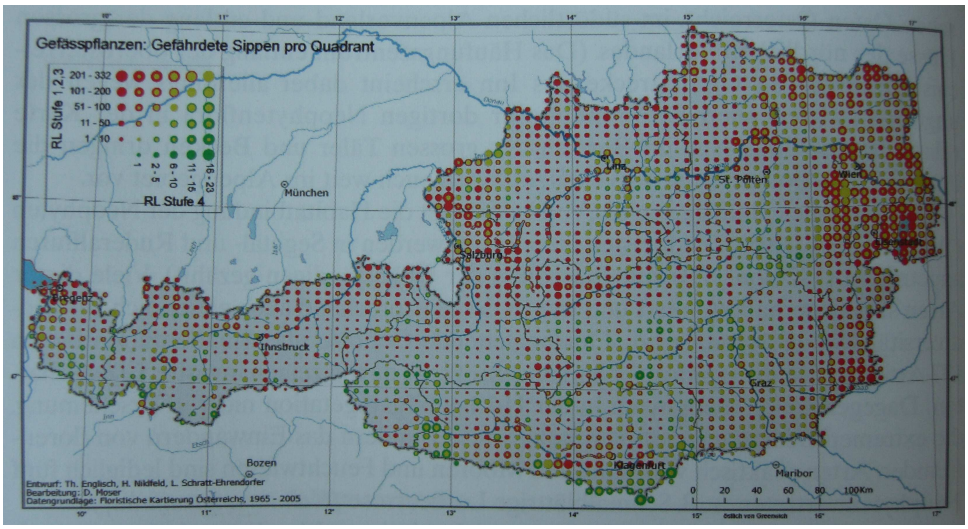


Abbildung 11: Häufungsgebiete gefährdeter Arten.(SAUBERER, N. et al. (2008))

2.4.5. Einfluss der Böden auf die Artenvielfalt der Tracheophyta

Nach SAUBERER, N. et al. (2008) ist die Biodiversität der Gefäßpflanzen umso höher, je heterogener die Bodenverhältnisse des betrachteten Areals sind. So sind flachgründige, einheitliche Böden, wie etwa stark genutzte Fettwiesen wesentlich artenärmer als Standorte mit heterogenen Bodenverhältnissen, beispielsweise extensives Grünland. Dabei ist jedoch noch nicht vollständig geklärt ob heterogene Bodenverhältnisse die Bedingung für Artenvielfalt bei Farn- und Blütenpflanzen darstellen oder ob die physikalische, chemische und biologische Aktivität der Wurzelsyteme von Tracheophyta positiv auf die Heterogenität der Bodenverhältnisse wirken. Hier kann sehr wahrscheinlich von einem ökologischen Feedback-Mechanismus ausgegangen werden.

Nachdem an 512 Waldstandorten in Österreich Vegetationsaufnahmen und Bodenuntersuchungen durchgeführt wurden, zeigte sich, dass die Artenvielfalt in bestimmten Bodentypen höher war. Dabei handelt es sich um Standorte mit Kalk-Braunlehmen und Rendsinen sowie eutrophen Braunerden. Auf mageren Braunerden, Podsolen sowie wasserstauenden Gleyen ist eine relativ geringe Artenvielfalt zu beobachten (siehe dazu Tabelle 2).

Bodentyp	Mittlere Artenzahl	Häufigkeit Bodentyp	Gesamte Artenzahl
Kalk-Braunlehm	43	54	480
Rendsina	38	52	435
Braunlehm-Rendsina	38	34	337
Eutrophe Braunerde	33	62	453
Silik. Braunlehm, Rotlehm	31	3	79
Hangpseudogley und Hanggley	29	19	195
Pseudogley	27	30	271
Bindige Lockesediment Braunerde	27	20	221
Leichte Lockersediment Braunerde	22	17	211
Auböden	21	10	178
Ranker und Silikatrohböden	20	10	105
Magere Braunerde	18	85	322
Semipodsol	14	77	226
Podsole	14	18	90
Grundwassergley	14	6	62
Stagnogley	11	3	29

Tabelle 2: Biodiversität auf unterschiedlichen Böden.(Eigener Entwurf nach SAUBERER, N. et al.)

2.5. Erforschung und Schutz der Biodiversität im Nationalpark Gesäuse

Wie stark der Motivation die biologische Vielfalt zu schützen in den Grundfesten des Nationalparks Gesäuse verankert ist, zeigt sich nicht zuletzt an dieser Arbeit. Eine Biodiversitätsdatenbank ins Leben zu rufen ist ein Kraftakt, den der Nationalpark bereitwillig in Angriff nahm.

Das Nationalparkgebiet war schon seit jeher ein Schauplatz der die Neugier der Wissenschaftler weckte und immer wieder Kostbarkeiten für sie bereithielt.
Bereits der berühmte Pater Gabriel STROBL faszinierte sich für die Vielfalt an Lebewesen und schuf durch seine Aufzeichnungen vor über 100 Jahren einen unmessbaren Schatz für die heutige Forschung. Die von ihm erhobenen Daten und jene, die rund 50 Jahre nach ihm Herbert FRANZ sammelte, können, in Verbindung mit der aktuellen Biodiversitätsforschung, heute vieles zum Verständnis über Veränderungen in der Artenvielfalt beitragen.

Als im Jahr 2003 der Nationalpark Gesäuse ins Leben gerufen wurde, bot sich die Chance die Vielfalt dieses Naturjuwels vor der anthropogenen Homogenisierung, Zähmung und Ausbeutung zu bewahren.
Die ersten Projekte zielten darauf ab, die am meisten bedrohten Arten genauer zu erheben und die sensibelsten Elemente zu umsorgen.
So starteten Projekte, welche sich um die Schotterbänke und damit den Erhalt einer spezialisierten Lebensgemeinschaft widmeten oder sich mit einer möglichst naturschutzverträglichen Nutzung der Almen auseinandersetzte. Es wurden Quellmonitoring-Kampagnen durchgeführt, die Geschiebeführung mehrerer Gräben untersucht, Almkartierungen in Auftrag gegeben uvm.. Denn um Maßnahmen zielgerichtet zu setzen, ist für das Naturraumanagement vor allem die **Grundlagenerhebung** notwendig, daher ist jener schon von der ersten Stunde an ein wesentliches Augenmerk geschenkt worden.

Mit der beginnenden Untersuchung der Artendiversität kam es auch schnell zu ersten sensationellen Entdeckungen, wobei neben **Erstfunden** für Österreich auch sehr lokal begrenzte **Endemiten** auftauchten.
Als man mit der genaueren Untersuchung der **Quellen** im Nationalpark begann, war es bereits eine Tatsache, dass es sich hierbei um einen absoluten HotSpot der Biodiversität handeln musste und dennoch war die Aufregung berechtigterweise wieder groß als im Zuge der Quellwoche 2005 mit *Leuctra astridae (Steinfliegenart)* ein **Welterstfund** zu verzeichnen war. Bereits 2008 konnte mit *Hemerodromia strobli (Tanzfliegenart)* wieder eine neue Art

entdeckt werden, wieder ein Welterstfund und diesmal sogar eine morphologisch *einzigartige* Spezies.
Diese Liste ließe sich freilich noch lange fortsetzten, soll jedoch nur einen Ausschnitt von der Einzigartigkeit des Gebietes und dem Engagement der Forscher bieten. Wie groß die Zahl der Organismen ist, die dem menschlichen Auge bislang verborgen blieben, lässt sich kaum abschätzen. Die stete Zahl neuer Entdeckungen lässt jedoch noch einen großen unbekannten Schatz vermuten.
Der Fund von Arten wie *Hemerodromia strobli* ist ein gutes Beispiel für die Bedeutung dieses Schutzgebietes und demonstriert gleichsam, welch katastrophale Folgen die Zerstörung von „nur" einer Quelle mit sich brächte - die schlagartige Ausrottung einer ganzen Spezies.
In der jüngeren Vergangenheit wurden, unter anderem auch im Zuge des Endemitenprojektes und im Zuge der Untersuchung von Extremstandorten, die äußerst artenreichen Lebensräume der Lawinenrinnen und Schuttflächen genauer in Augenschein genommen, welche eine Vielzahl an Kostbarkeiten preisgaben.

Es sollen nun in weiterer Folge, einige der Projekte zum Schutz der Biodiversität in aller Prägnanz vorgestellt werden.

- ***LIFE (L'Instrument Financier pour l'Environnement)***

  Im Nationalpark gibt man der Natur soweit als möglich den Vortritt, sodass sich Arten einfinden und Lebensräume einstellen können, die in den von Strassen und Siedlungen zerschnittenen Landschaften keine Chance hätten. Dafür setzen sich auch zum Teil die Projekte unter der Flagge von *LIFE Natur* ein. Dieses Förderinstrument der Europäischen Kommission (EC) dient der Verbesserung der Situation von gefährdeten Arten und Lebensräumen in NATURA-2000 Gebieten. Durch die von der EC zu bis zu 50 % gefördeten Naturschutzprojekte werden viele der Wunden, die dem Gebiet im Laufe seiner Geschichte zugeführt wurden, einer „erfolgeichen Behandlung" unterzogen. Es gilt aus monotonen Fichtenforsten wieder Schauplätze des Artenreichtums zu machen oder den durch Begradigungen „bezwungenen" Bächen wieder Raum zu geben um Lebensraum zu schaffen. Als gutes Beispiel ist die Renaturierung des Johnsbaches zu nennen, oder auch Besucherlenkung und Auerhuhnmonitoring, wie folgend beschrieben.

    - ***Auerhuhnmonitoring***

  Das Auerhuhn *(Tetrao urogallus)* ist aufgrund seiner Ansprüche an den Lebensraum als eine, nach der europäischen Vogelschutzrichtlinie (79/409/EWG), *streng geschützten Art* eingestuft worden. Im Alpenraum, darunter auch im Nationalpark Gesäuse, befinden sich

die letzten größeren Rückzugsgebiete dieser Art. Infolge seiner besonderen Ansprüche an den Lebensraum wird *Tetrao urogallus* auch als *Schirmart* bezeichnet, sprich das Verschwinden dieser Spezies zeugt vom möglichen Verlust eines Lebensraumes oder einer Lebensgemeinschaft.
Durch den Nationalpark wurde ein Monitoring veranlasst das die wichtigsten Lebensraumparameter also Nahrung, Deckung und Witterungsschutz pro Fläche untersuchte und die Störung von *Tetrao urogallus* durch Schitourengeher beleuchtete. Daraus wurden Pläne zur Schitourenlenkung entworfen sowie durch eine Bestandsauflockerungen und Erhöhung der Strukturvielfalt ursprüngliche Lebensräume geschaffen bzw. wiederhergestellt.

- ***Forstliche Standortserkundung***

Die forstliche Standortserkundung bildet die Voraussetzung um ein Gebiet in Standortseinheiten untergliedern zu können. Bei der Untersuchung eines Standortes, werden geologische, bodenkundliche und lokalklimatische Merkmale zusammen mit der Artenkombination erhoben. Neben pflanzensoziologischen Untersuchungen sind diese Daten dabei auch für die Ableitung der potentiell natürlichen Waldgesellschaften von enormem Interesse. Mit Hilfe dieses Projektes stehen wissenschaftliche Grundlagen zur Umwandlung der teilweise stark anthropogen beeinflussten Waldbestände zur Verfügung.

- ***Vegetationsaufnahmen***

Im Nationalpark werden in regelmäßigen Abständen Vegetationsaufnahmen durchgeführt, da die Kenntnis der Pflanzengesellschaften eines Gebiets eine große Aussagekraft besitzt. So können bestimmte Zeigerpflanzen bereits eine relativ gute Auskunft über die standörtlichen Begebenheiten liefern (siehe auch ELLENBERG, H., et al. (1992)), sodass alleine durch die Anwesenheit dieser Pflanzen ein Überblick über die Ausprägung der Standortfaktoren gegeben ist. Durch pflanzensoziologische Untersuchungen, nimmt die Aussagekraft weiter zu, denn, so ist DIERSCHKE, H. (1994) zu entnehmen, Pflanzengesellschaften sind *„…mit dem Standort als Summe aller Umweltfaktoren...verbunden, ebenfalls mit anderen Lebewesen“*(S. 31).
Mithilfe von Aufnahmen der Vegetation eröffnet sich ein großartiges Spektrum an Analyseoptionen, zu denen in Kapitel 2.3.2 ein kurzer Abriss vorgestellt wird.

Auch auf internationaler Ebene werden mehrere Projekte durchgeführt, wobei als Beispiel *GLORIA (Global Observation Research Initiative in Alpine environments)* zu

nennen ist. Es handelt sich hierbei um ein Monitoring der Vegetation auf Berggipfeln, um die Auswirkungen des Klimawandels auf die dortige Flora zu untersuchen.

- ***GEO-Tag der Artenvielfalt***

  Seit 2006 nimmt der Nationalpark am jährlich stattfindenden *GEO-Tag der Artenvielfalt* teil. Dem GEO-Tag liegt die Idee zugrunde, innerhalb von 24 Stunden ein ausgewähltes Gebiet auf seinen Reichtum an Organismen möglichst umfassend zu durchforschen. Auch der Autor durfte bereits zum zweiten Mal an diesem Tag der Artenvielfalt teilnehmen, an dem mittlerweile Schutzgebiete vieler Länder partizipieren. Immer wieder beeindruckte dabei die beinahe überwältigende Diversität von bereits relativ kleinen Untersuchungsgebieten. Die Ergebnisse dieser „Feste der Feldforschung“ werden auch jährlich in einer ansehnlichen Schriftenreihe des Nationalparks Gesäuse publiziert und dienen auch der Sensibilisierung einer breiten Öffentlichkeit für die Themen Artenvielfalt und Naturschutz.

Mit der Aufzählung an Projekten und Erfolgsgeschichten des Nationalparks Gesäuse ließen sich noch viele Seiten füllen, doch zeigt bereits dieser kurze Einblick, dass der Naturschutz zu einem großen Teil auf die Akquirierung von Daten und deren Auswertung angewiesen ist. Auf qualitativ hochwertige Daten soll in Zukunft schnell, problemlos und umfassend zurückgegriffen werden können - ermöglicht durch die Biodiversitätsdatenbank.

3. Schutz der biologischen Vielfalt – Programme und Organisationen

Weltweit gibt es eine große Zahl an Organisationen und Projekten die sich für den Schutz und Erhalt der Biodiversität einsetzen. Für sie bilden Biodiversitätsdatenbanken einen Informationspool von immenser Bedeutung. Im Folgenden sollen nur einige wenige dieser Organisationen, die zur Erreichung ihrer Ziele zu großen Teilen auf Biodiversitätsdatenbanken zurückgreifen müssen, inhaltlich umrissen werden. Dadurch soll das Bewusstsein über das Gewicht und den Einfluss dieser Datenbanken auf internationaler Ebene geweckt werden. Für mehr Information zu biologischen Verbreitungsdaten siehe Kapitel 5.1).

Die Erhebung sowie die Bearbeitung von Biodiversitätsdaten stellen eine wichtige Voraussetzung zur Erfüllung von Pflichten im Zuge der Mitgliedschaft in internationalen Organisationen dar.
Beispiele dafür sind:

- CBD (Convention on Biological Diversity)
- GBIF (Global Biodiversity Information Facility)

Die Erhebung sowie die Bearbeitung von Biodiversitätsdaten stellen außerdem eine wichtige Voraussetzung für die Teilnahme an internationalen Programmen und Projekten dar.
Beispiele dafür sind:

- BioCASE
- Global Taxonomic Initiative

(LINDNER, R., 2003)

3.1. UNCED (United Nations Conference on Environment and Development)

Die UNCED, auch Earth Summit (Erdgipfel) genannt, fand von 3. bis 14. Juni in Rio de Janeiro statt und behandelte bedeutende Fragen zu Umweltthemen und nachhaltiger Entwicklung.
Es nahmen 172 Staaten teil, wovon 108 die Spitzen ihrer Regierung aussandten. Außerdem fanden sich etwa 2400 Repräsentanten von NGOs ein.
Neben der *CBD (Convention on Biological Diversity)*, auf die in Kapitel 3.3.1 noch näher eingegangen wird, entstanden weitere Übereinkommen:

- Agenda 21

- Rio Declaration on Environment and Development
- Forest Principles
- UNFCCC (United Nations Framework Convention on Climate Change)

(UNITED NATIONS)

3.1.1. CBD (Convention on Biological Diversity)

Die großen Ziele der CBD sind

- der Erhalt der Biodiversität
- die nachhaltige Nutzung ihrer Bestandteile
- faire Aufteilung des aus genetischen Ressourcen geschlagenen Nutzens

Um diese Ziele erreichen zu können sollen die partizipierenden Parteien möglichst eng zusammenarbeiten. Dies soll gelingen, indem nationale Strategien, Pläne, Programme gegebenenfalls unter zu Hilfenahme internationaler Organisationen entwickelt bzw. vorhandene Konzepte adaptiert werden.
Die Maßnahmen dienen vor allem der *In-situ-Erhaltung* und *Ex-situ-Erhaltung* von Arten, sowie der nachhaltige Nutzung von Bestandteilen der biologischen Vielfalt.
Die *In-situ-Erhaltung*, also der vorrangige Schutz von Ökosystemen und natürlichen Lebensräumen, der Erhalt und Aufbau lebensfähiger Populationen sowie Taxa in ihrem ursprünglichen Lebensraum zu bewahren, hat dabei durchaus Priorität.
Um dies zu erreichen, sollen zum Beispiel Schutzgebiete ausgewiesen werden, angrenzende Gebiete im Sinne einer nachhaltigen Entwicklung unterstützt oder geschädigte Ökosysteme saniert werden.
Die *Ex-situ-Erhaltung* bezeichnet den Erhalt der Biodiversität außerhalb natürlicher Lebensräume. Sie dient als Ergänzung zur In-situ-Erhaltung da sie neben der Forschung auch die Regenerierung und erneute Etablierung von gefährdeten Populationen in ihren Ursprungshabitaten verfolgt.
Die nachhaltige Nutzung von Bestandteilen der biologischen Vielfalt bezweckt einen gewissenhafteren Umgang mit natürlichen Ressourcen.
(CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY, 1992)
Den Staaten wurde dargebracht, dass sie neben der legitimen Nutzung ihrer biologischen Ressourcen auch für deren Erhalt und nachhaltigen Gebrauch verantwortlich sind.

Bis zum Jahr 2010 steckten sich die Vertragsparteien der *Convention on Biological Diversity(CBD)* das ehrgeizige Ziel den Biodiversitätsverlust abzuschwächen bzw.

aufzuhalten. Um ein Zeichen zu setzen erklärte die UNO das Jahr 2010 zum ***Internationalen Jahr der Biodiversität***.
Damit wird das Ziel verfolgt das Bewusstsein der Weltbevölkerung für die ökologischen, ökonomische, sozialen und kulturellen Konsequenzen die der Verlust an Biodiversität mit sich bringt, zu wecken. Dadurch soll der Entwicklung und Durchführung von Projekten zum Schutz der Biodiversität die notwendige Dringlichkeit verliehen werden, um den diesbezüglichen Bemühungen auch für die Zukunft ein stabiles Fundament bereitzustellen.

3.1.2. 2010 – Ziel

Im Jahr 2002 wurde im Rahmen der 6. Vertragsstaatenkonferenz von den an der CBD partizipierenden Ländern ein strategischer Plan entwickelt, um dem Rückgang der Biodiversität bis zum Jahr 2010 zu verlangsamen. Die teilnehmenden Länder der EU verpflichteten sich sogar dazu, den Verlust der biologischen Vielfalt bis 2010 zur Gänze zu stoppen.
Der hierfür entwickelte Plan weist Indikatoren aus, welche den Staaten bei der Bewertung der biologischen Diversität als Richtlinie zu Verfügung stehen. Diese Indikatoren wurden von den Mitgliedsstaaten der EU im Projekt *Streamlining European 2010 Biodiversity Indicators (SEBI 2010)* festgelegt.
Die Indikatoren bilden die Basis komplexe Umweltfragen durch das Zusammenfassen der relevanten Daten zu erörtern. Sie zeigen Zustände und Trends auf und ermöglichen somit angemessene Reaktionen zu entwickeln sowie die Wirkung regulierender Eingriffe zu beobachten (BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ 2007).
Viele der Indikatoren benötigen eine genaue Kenntnis über die Verteilung und Häufigkeit ausgewählter Arten. Dabei spielen Biodiversitätsdatenbank wie die *Global Biodiversity Information Facility(GBIF)* eine wesentliche Rolle.

Trotz intensiver Bemühungen scheint das Artensterben schnell voranzuschreiten, da nur punktuelle Erfolge zu verzeichnen sind. So musste auf der im Jahr 2010 stattfindenden COP 10 (Conference of the Parties) in Japan, über die weitere Vorgehensweise diskutiert werden.
(CBD)

3.2. IUCN (International Union for Conservation of Nature)

Die IUCN ist eine internationale Organisation die sich für einen respektvollen und nachhaltigen Umgang mit der Biodiversität und natürlichen Ressourcen einsetzt. In diesem Sinne ist es auch ein Ziel als Treffpunkt für Projekte, Verhandlungen oder Diskussionen zwischen unterschiedlichen Teilnehmern wie NGOs oder Regierungen zu dienen.
Die IUCN ist darüber hinaus auch für die Einführung der Roten Liste und der Kategorisierung von Schutzgebieten bekannt.

Rote Listen:
Mit den Roten Listen wurde ein Instrument zur Bewertung des Erhaltungszustandes der Biodiversität geboren. Rote Listen sind Artenverzeichnisse in denen die ausgestorbenen oder verschollenen sowie die gefährdeten Arten aufgelistet sind. Hierbei gibt es neben der von der IUCN vorgeschlagenen Gefährdungsklassifizierung oft auch auf Staats- und Bundesebene eigene Einteilungen, die sich sowohl hinsichtlich der Kategorien als auch der betroffenen Arten unterscheiden.
Nach den Richtlinien der IUCN (2003) sollen die Kategorien jedoch auch auf regionaler Ebene an die IUCN Standards angepasst werden (siehe Abbildung 12). Dabei wird auf regionaler Ebene nur die Kategorie *Regionally Extinct (RE)* zur allgemeinen IUCN-Klassifizierung ergänzt.

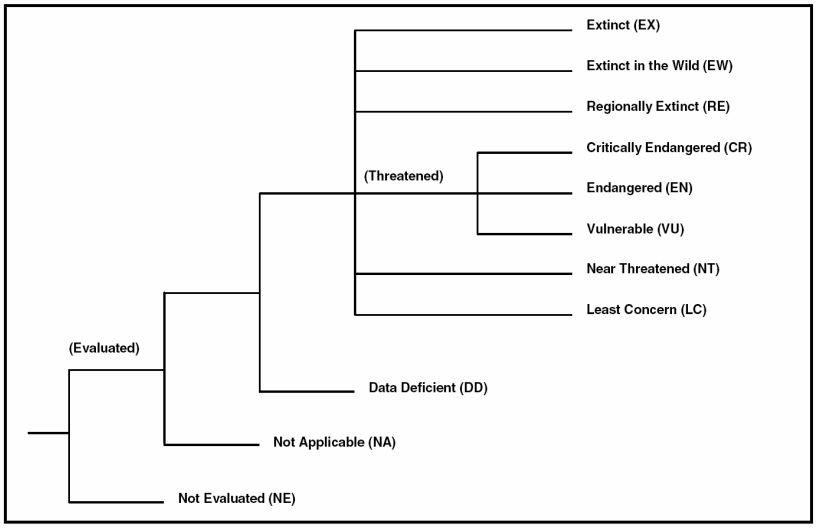


Abbildung 12: Gefährdungsstufen nach der Roten Liste.(IUCN 2003)

Um als Rote Liste Art eingestuft zu werden, muss ein Taxon hinsichtlich

- seiner Habitatanbindung,
- des Bestandsrückganges und

- seiner Seltenheit

untersucht sowie beurteilt werden(SAUBERER, N. et al. 2008).

In BioOffice ist es möglich eine Art verschiedenen Roten Listen und in diesem Sinne auch Gefährdungsgrade zuzuweisen, wodurch sich eine Vielzahl an Analysemöglichkeiten, wie etwa die Untersuchung der Schutzbedürftigkeit unterschiedlicher Biotoptypen ergeben.

Schutzgebiete:

Die von der IUCN festgelegten Kategorien nehmen eine Sonderstellung ein, da für sie international dieselben Kriterien gelten. Im Jahr 1994 wurden von der IUCN die Managementkategorien für Schutzgebiete neu überarbeitet und setzten sich nun aus den folgenden Kategorien zusammen.

- **Kategorie Ia**: Strenges Naturreservat

  Dies sind streng geschützte Gebiete zum Schutz der Biodiversität sowie geologischer und/oder geomorphologischer Bestandteile einer Landschaft. Dabei sind der Besuch, die Nutzung sowie Eingriffe durch den Menschen streng kontrolliert und limitiert um die Schutzfunktion zu gewährleisten. Gebiete dieser Schutzkategorie sind als Referenzgebiete für die Wissenschaft von allerhöchster Güte.

- **Kategorie Ib**: Wildnisgebiet

  Wildnisgebiete sind meist relativ große nicht, beziehungsweise kaum beeinflusste Gebiete in denen kein dauerhafter Aufenthalt von Menschen vorgesehen ist.

  Im Gegensatz zu Ia sind diese Gebiete meist größer und etwas weniger streng vor Besuchern geschützt.

- **Kategorie II**: Nationalpark

  Es sind dies große natürliche oder naturnahe Schutzgebiete deren primäres Ziel es ist die ökologische Unversehrtheit von Ökosystemen zu schützen und die Biodiversität zu erhalten. Es soll für geistig-seelische Erfahrungen sowie Forschungs-, Bildungs- und Erholungszwecke zur Verfügung stehen, solange diese in einem umweltverträglichen Rahmen bleiben.

  Bei einem Schutzgebiet der Kategorie II findet eine Unterteilung des Gebiets in **Kernzone** und **Randzone** statt. Die Kernzone ist der am strengsten geschützte Bereich, da sie der Entwicklung sowie der Erhaltung eines Ökosystems dient. Sie soll mindestens 75% der Gesamtfläche ausmachen. Die Randzone kommt einer Pufferfunktion gleich wobei eine Nutzung, solange sie den Schutzzielen nicht im Wege steht, erlaubt ist.

- **Kategorie III**: Naturmonument

  Diese Gebiete dienen dem Schutz eines bestimmten Naturmonuments. Meist sind es kleinflächige Gebiete, die eine hohe Besucherzahl aufweisen.

- **Kategorie IV**: Biotop-/Artenschutzgebiet mit Management

  Die Kategorie IV bezeichnet Schutzgebiete, deren Ziel der Schutz ganz bestimmter Spezies oder Lebensräume ist.

- **Kategorie V**: Geschützte Landschaft

  Ihr primäres Ziel ist der Schutz von Landschaften mit einem besonderen biologischen, ökologischen, landschaftlichen und kulturellen Charakter, der unter dem Einfluss des Menschen entstanden ist.

- **Kategorie VI**: Ressourcenschutzgebiet mit Management

  Dabei handelt es sich um den Schutz natürlicher Ökosysteme bei gleichzeitiger nachhaltiger Nutzung der vorliegenden Ressourcen.

(DUDLEY, N. 2008)

Ob es sich nun um den Schutz einzelner Arten oder um den Erhalt bzw. die Entwicklung von Ökosystemen handelt, so ist es gleichermaßen von Bedeutung die Artenzahl, die Verteilung von Arten innerhalb des Gebietes, die Anzahl einzelner Arten oder deren Entwicklung im Laufe mehrerer Jahre respektive Jahrzehnte zu kennen. Hierbei kann eine Biodiversitätsdatenbank wertvolle dienste leisten.
Für diese Arbeit ist aus dieser Liste die Kategorie II von Bedeutung. Auch der Nationalpark Gesäuse folgte den Richtlinien der IUCN und wurde am 5. Dezember 2003 in die international anerkannte Liste von Schutzgebieten als Schutzgebiet der Kategorie II aufgenommen.

3.3. Online-Datenbanken – Netzwerke zum Biodiversitätsschutz

Beschäftigt man sich mit Online-Datenbanken ist man zu Beginn überwältigt von ihrer Anzahl. Da heute jedoch die Zusammenarbeit als weltweite Wissensgemeinschaft von unschätzbarer Bedeutung ist, beginnt sich ein positiver Trend zur öffentlichen Bereitstellung von Daten bemerkbar zu machen. Als prominentestes Beispiel eines globalen Netzwerkes von Biodiversitätsdatenbanken ist wohl *GBIF (Global Biodiversity Information Facility)* zu nennen. GBIF arbeitet mit *BioCASE (Biological Collection Access Service for Europe)* zusammen das sich europaweit auf einen offenen Informationsaustausch spezialisiert hat.

3.3.1. GBIF (Global Biodiversity Information Facility)

Dieses auf internationaler Ebene operierende Datennetzwerk wurde im März 2001 gegründet. Im Oktober 2002 trat Österreich der GBIF bei.
Die GBIF unterhält eine enge Partnerschaft zur CBD sowie anderen Organisationen und Programmen, die sich mit der Bearbeitung und Sammlung von Biodiversitätsdaten beschäftigen. Das Informationssystem GBIF ermöglicht einen offen Zugriff auf Daten zu Flora und Fauna auf Artniveau.
In Österreich werden Aktivitäten bezüglich GBIF auch in Hinsicht auf zukünftige Projekte mit Bezug zur *Global Taxonomy Initiative (GTI)* genutzt (GÖTZL, M. et al. 2003).
Die GTI ist Teil der CBD und damit befasst taxonomische Kenntnisse und Ressourcen auszubauen. Dabei wird in jedem Land ein *Focal Point* unterhalten der die Umsetzung der geforderten Schritte koordiniert.
(CBD)
Das GBIF macht mit Stand Februar 2010 die gewaltige Menge von knapp 200.000.000 Datensätzen zur Biodiversität öffentlich verfügbar.
Österreich ist momentan mit 11 Herausgebern von Biodiversitätsdaten vertreten und steuert damit rund 2.8 Millionen Datensätze bei. Die größten partizipierenden Institutionen dieses Landes sind,

- das *Biologiezentrum Linz – Oberösterreich* mit rund 2.2 Mio. Datensätzen unter Verwendung der Software ZOBODAT (siehe Kapitel 4.7.1),
- die *inatura – Erlebnis Naturschau Dornbirn* mit rund 200.000 Datensätzen unter Verwendung der Software BIOOFFICE.
- das *Tiroler Landesmuseum Ferdinandeum* mit rund 138.000 Datensätzen unter Verwendung der Software BIOOFFICE.
- das *Haus der Natur Salzburg* mit rund 50.000 Datensätzen unter Verwendung der Software BIOOFFICE.

(GBIF)

3.3.2. BioCASE (Biological Collection Access Service for Europe)

BioCASE ist ein länderübergreifendes Netzwerk biologischer Sammlungen, das in Kooperation mit GBIF arbeitet. Durch neu entwickelte Technologien wurde die Anknüpfung beliebig strukturierter Datenbanken an Biodiversitätsnetzwerke wie GBIF oder BioCASE ermöglicht.

Während sich GBIF auf Objektdatensätze spezialisiert hat, befasst sich BioCASE auch mit Metadaten (Textdokumente, Bilder, Videoclips, usw.) zu Sammlungen.
Der Aufbau von BioCASE verlief in zwei Schritten,

1. Sammlung von Meta-Information (Beschreibung der Sammlungen) zu tausenden biologischen Sammlungen und
2. der Errichtung eines *Unit-level-Netzwerkes* (einzelne Objektdaten).

Das im Zuge des BioCASE Projektes entwickelte *ABCD-Datenschema* wurde von GBIF aufgegriffen und als Standart für Sammlungsdaten auf Unit-level angenommen. Durch die beidseitige Verwendung des ABCD-Datenschema als Übertragungsprotokoll, steht nun auch der Informationspool von BioCASE für GBIF zur Verfügung(BioCASE).

4. Wissenschaftliche Grundlagen zur biologischen Systematik

Die biologische Systematik (auch Sippensystematik) galt lange Zeit als die Elementardisziplin der Biologie, war es doch schon immer ein Ziel der Wissenschaft die Vielfalt des Lebens möglichst vollständig zu inventarisieren.

Erst die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts war auch von anderen Disziplinen, wie etwa der Genetik, stark geprägt. Das Ziel der Systematik, also die exakte Erfassung allen Lebens, lag und liegt wie in Kapitel 1 angesprochen, noch in weiter Ferne. Im Zuge voranschreitender Biotopzerstörung und daraus resultierendem Verlust an Biodiversität, gewann die Ökosystemforschung in bedeutendem Maße an Gewicht.

Diese Entwicklung gab auch der Systematik bedeutenden Aufschwung, denn um Ökosysteme zu verstehen ist es unabdingbar ihre Elemente, also die Organismen, möglichst umfassend zu kennen und korrekt anzusprechen.

So meint auch BALTISBERGER, M. (2003) - „*Wenn die einzelnen Taxa den Wortschatz der Botanik darstellen, so sind Vegetationen daraus gebildete Sätze oder sogar Texte. Um eine Vegetation beurteilen zu können, muss man die Taxa kennen*.“*(S. 2).*

Als Arbeitsprinzip der Systematik gilt es die Mannigfaltigkeit der Organismen zu erforschen, sowie diese Organismen in Gruppen einzuordnen welche einer einheitlichen Klassifizierung unterworfen sind. (BALTISBERGER, M., 2003)

Da die Übersicht, die Funktionalität sowie der Nutzen der Biodiversitätsdatenbank vor allem mit der akkuraten Umsetzung taxonomischer und nomenklatorischer Regeln steht und fällt, ist auch ein Exkurs in diese Themata mit Sicherheit angebracht. Daher wird in Kapitel 4.4 die Taxonomie und in Kapitel 4.5 die Nomenklatur näher beschrieben.

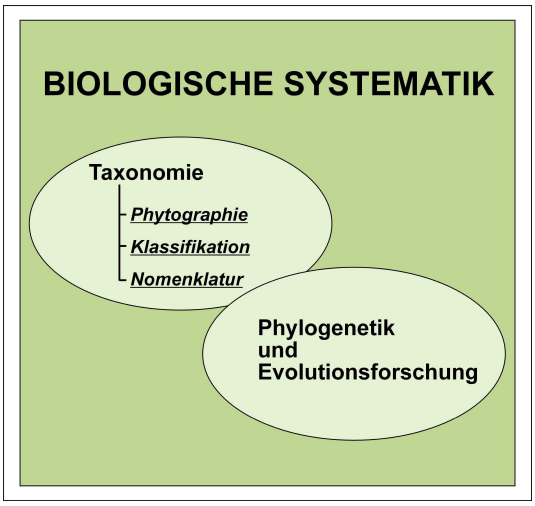


Abbildung 13: Teilbereiche der biologischen Systematik.(Eigener Entwurf nach SPRING, O., & BUSCHMANN, H. (1998))

Die Abbildung 13 veranschaulicht die Teildisziplinen der Systematik welche klar differenziert sind und doch synergetisch agieren. In den nun folgenden Unterkapiteln sollen die in der Abbildung 13 dargestellten Bereiche nun näher beleuchtet werden.

4.1. Allgemeine Grundlagen

Bevor über die verschiedenen Ansätze zur Thematik eines natürlichen Systems gesprochen werden kann, müssen bestimmte Sachverhalte aufgearbeitet werden. Diese Arbeit soll auch jenen dienen, die sich für die Geländearbeit und der weiterführenden Bearbeitung in BioOffice interessieren. Denn die systematischen und taxonomischen Unsicherheiten in der wissenschaftlichen Bearbeitung und der Datenaufnahme im Feld, haben direkten Einfluss auf den Aufwand und das Ergebnis in der weiteren Bearbeitung in BioOffice.

Der Ausdruck *Sippensystematik*, wie die biologische Systematik auch genannt wird, deutet bereits auf die elementare Rolle der Sippe hin. Die **Sippe** bezeichnet eine Verwandschaftsgruppe, ungeachtet ihrer Rangstufe, und wird durch *Diskontinuitäten* von anderen Sippen abgrenzt. Über ähnliche Merkmale kann der Grad der Verwandtschaft mit einer gewissen Sicherheit festgestellt werden, wobei es hierbei von Bedeutung ist möglichst viele, aussagekräftige Merkmale einzubeziehen. Es gilt zu beachten, dass Ähnlichkeiten jedoch auch durch ähnliche Lebensbedingungen entstehen können.
Es bedarf in diesem Sinne zwischen **homologen** (Zugehörigkeit zum selben Typus) und **analogen** (Anpassung an gleiche Funktion) Merkmalen zu unterscheiden.
Homologien sind das Ergebnis evolutiver Prozesse und spielen aus diesem Grund für die Evolutionsforschung und Phylogenetik sowie in weiterer Folge für die Sippensystematik eine wichtige Rolle. Der Gedanke hinter den Homologien besagt nichts anderes als dass miteinander verwandte Organismen ähnliche Merkmale teilen, selbst wenn diese keine beziehungsweise eine andere Funktion erfüllen.
Es gilt zwischen **anatomischen**, **embryologischen** (Betrachtung der Embryonalentwicklung) sowie **molekularen Homologien** zu unterscheiden(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

Neben dem makro- und mikroskopischen Bereich mit der Morphologie oder Palynologie, über molekulare Methoden zur Untersuchung chemischer Inhaltsstoffe, der DNA oder Genetik bis zur Betrachtung physiologisch-ökologischer Lebensabläufe steht hier ein breites Spektrum an Techniken zur Betrachtung von Merkmalen zur Verfügung(STRASBURGER E., 1991).

4.2. Die Entstehung der (Arten-) Vielfalt

Durch eine enge wissenschaftliche Partnerschaft von **Evolutionsforschung** und **Genetik**, können jene Prozesse erforscht werden die das Zustandekommen der Artenvielfalt ermöglichen. Mithilfe genetischer Untersuchungen, könne Erkenntnisse über die evolutionäre Entwicklung von Organismen gewonnen werden. In weiterer Folge ist dies auch für die in Kapitel 4.4 behandelte Phylogenetik von entscheidender Bedeutung.
Die moderne synthetische Evolutionstheorie verknüpft eine Vielzahl an Prozessen, wobei im Folgenden in diesem Sinne ein Überblick geschaffen werden soll.

Als kleinste evolvierende Einheit ist jene der Population (siehe Kapitel 4.3.) anzusehen. Nach CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003 ist die Evolution auf Populationsebene als *„…der Wandel in den Allelfrequenzen von Generation zu Generation"(S. 528)* zu definieren. Evolution auf dieser, ihrer niedrigsten Stufe wird als **Mikroevolution** (siehe Kapitel 4.2.2) bezeichnet.
Als **Allel** ist die mögliche Ausprägung eines Gens (zum Beispiel die Blütenfarbe) an einem bestimmten **Genlocus** (der Platz den ein Gen auf einem Chromosom einnimmt) eines Chromosoms zu bezeichnen. Die **Allelfrequenz** gibt die *relative Häufigkeit* eines Allels innerhalb des **Genpools** einer Population an. Der Genpool wiederum ergibt sich aus der Gesamtzahl an Allelen an jedem der Genloci jedes Individuums der gesamten Population(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

Als bedeutendste Mechanismen stammesgeschichtlicher Entwicklung nennt die Evolutionstheorie

a) die **Mutation** und **Rekombination** des **Genotyps** (Erbgut),
b) die **Selektion** und
c) die **Isolation.**

(STRASBURGER E., 1991).

ad a: Nur die Mutation und Rekombination sind in der Lage den **Genotyp** zu verändern.
Bei der Mutation unterliegt ein Gen einer direkten Veränderung, was zur Entstehung eines neuen Allels führt. Dies wirkt sich im Fall einer Weitergabe (Vermehrung) auf den Genpool der gesamten Population aus(STRASBURGER E., 1991). Wie häufig dieses *zufällig* durch Mutation entstandene Allel in der Population auftreten wird, ist wiederum durch die Evolutionsmechanismen der *genetischen Drift* und *natürlichen Selektion* (siehe Kapitel 4.2.2) beeinflusst. In der Evolution ist die Mutation ein wichtiger Impulsgeber für die genetische Variabilität die wiederum als „...*Ausgangsmaterial für die natürliche*

Selektion dient"*(S. 531)* so CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., (2003). Die Veränderung von Erbinformation, ist ein Prozess, der durch die hohe Beständigkeit der Gene begrenzt ist. Um die Weitergabe und Rekombination von Genen zu beobachten sowie deren Funktionen zu erforschen, gilt der **Kreuzungsversuch** in der Genetik als bedeutendste Methode.
Die **sexuelle Rekombination** ist gleich wie die Mutation ein Prozess der, durch den Zufall gesteuert, *genetische Variabilität* erzeugt. Erst durch die Rekombination erhöht sich die Anpassungsfähigkeit, da hierbei eine Kombination vorteilhafter Mutationen stattfinden kann(STRASBURGER E., 1991).
Das heißt, nur Mutation und sexuelle Rekombination erzeugen **genetische Variabilität,** die die Grundvoraussetzung für die natürliche Selektion darstellt(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

ad b: Über verschiedene Faktoren der Innen- und Außenwelt von Organismen steuert die Selektion die phänotypische Variation und hat maßgeblichen Einfluss auf die Anpassungsfähigkeit einer Population(STRASBURGER E., 1991).

ad c: Durch die Isolation kann es infolge langer Abschottung zur Divergenz von Sippen kommen(STRASBURGER E., 1991).

An der Gesamtheit der in den folgenden Kapiteln beschriebenen Ursachen für Variabilität, hat nur jene des Genotyps evolutionäre Auswirkungen(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

4.2.1. Variation – Über die Mechanismen zur Merkmalsausprägung

In diesem Kapitel bezieht sich der Autor zu einem größeren Teil auf STRASBURGER, E. (1991), da dieses Werk in der Lehre eine beachtenswerte Rolle spielt.
Die unterschiedliche Ausbildung von Merkmalen zwischen Populationen *(Interpopulations-Variation)* sowie innerhalb von Populationen *(Intrapopulations-Variation)* als auch an einem einzelnen Individuum *(intra-individuell)*, kann auf mehrere Faktoren zurückgeführt werden.

Die **ontogenetisch** bedingte Variation äußert sich in der Vielfältigkeit der Erscheinungsform eines Individuums im Laufe seiner Entwicklung. Dies veranschaulicht die Abbildung 14 deutlich. Es wird klar, dass hier für Untersuchungen dieselben Entwicklungsstadien sowie vergleichbare Organe herangezogen werden müssen.

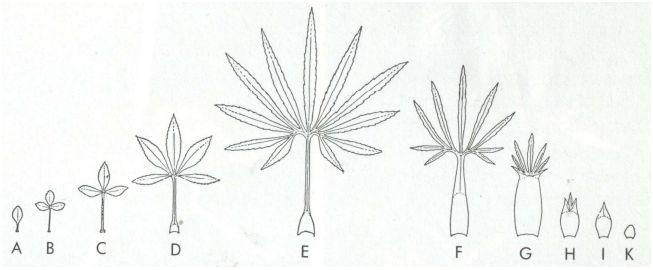
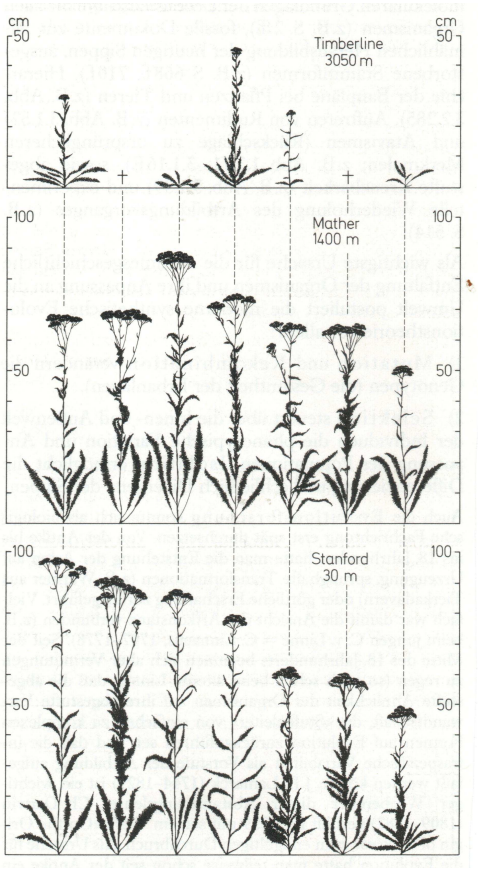


Abbildung 14: Blattfolge bei Helleborus foetidus. (STRASBURGER E., (1991))
A: Keimblatt; B,C: Jugendblätter; D: Laubblatt des ersten Entwicklungsjahres; E: fußförmig geteiltes Laubblatt des 2. Jahres; F: Übergangsblatt; G,H,I: Hochblätter des 3. Entwicklungsjahres; K: Blütenhüllenblatt.

Der Begriff **Modifikation** führt zu einer weiteren Art von intra-individueller sowie Intra- und Interpopulations-Variation. Durch Modifikation ausgelöste Variation ist auf die Beeinflussung durch Umweltfaktoren zurückzuführen und äußert sich wie in Abbildung 15 dargestellt. Den Nachkommen modifikativ veränderter Organismen steht, da das Erbgut nicht verändert wird, wiederum dasselbe Reaktionsspektrum zu Verfügung um auf Umwelteinflüsse zu reagieren.



Es ist sogar eine erkennbare intra-individuelle Variation der Merkmalsausprägungen bei genetisch identen, unter denselben Umweltbedingungen gedeihenden Pflanzen, zu beobachten.

Abbildung 15: Experimentell ausgelöste Modifikation bei Achillea millefolium agg.: Achillea lanulosa.(STRASBURGER E., (1991))
Aus einer Population gelegen in der montanen Stufe der Sierra Nevada (Mather) wurden von 7 Individuen, durch vegetativ vermehrte Teile, genetisch idente Pflanzen gewonnen. Diese wurden in Versuchsgärten unterschiedlicher Höhe (Stanford, Mather und Timberline) ausgebracht um die Variationen im Sinne der Bandbreite der Reaktionsnormen und erblicher Unterschiede darzustellen.

Für die Sippensystematik hat jedoch die auf dem **Genotypus** basierende Intra- und Interpopulations-Variation die größte Bedeutung. Untersuchungen zeigen, dass ein starkes genetisches Variationsspektrum sowie eine Häufung an *Biotypen* (erbgleichen Individuen) in Populationen vieler sich durch sexuelle Fortpflanzung vermehrender Organismen durchaus nicht unüblich ist. Ein anschauliches Beispiel für genetisch bedingte Variation bietet die Abbildung 16. Hier wurden Populationen verschiedener Standorte im Versuchsgarten unter möglichst gleichen Bedingungen kultiviert.
Es besteht die Möglichkeit, dass verschieden Biotypen einer Population unter gewissen Rahmenbedingungen (z.B. Temperatur) denselben **Phänotypus** (Erscheinungsbild) aufweisen, in diesem Falle spricht man von *Phänokopien*.

Zusammenfassend sei an dieser Stelle nun zu sagen, dass der Phänotypus eines Individuums als das komplexe Zusammenspiel des Genotypus mit der modifizierenden Umwelt und seiner Ontogenese zu betrachten ist. Aus dieser Verknüpfung ergeben sich die Reaktionsnormen die, beeinflusst durch verschiedene Umweltbedingungen, das Erscheinungsbild des Organismus ergeben. *Dauermodifikationen* können zwar unter dem Einfluss gewisser Faktoren (z.B. geringe Reservestoffversorgung der Samen) entstehen, haben aber wie auch Phänokopien nur äußerst geringen Einfluss auf eine Veränderung der Erbinformationen.

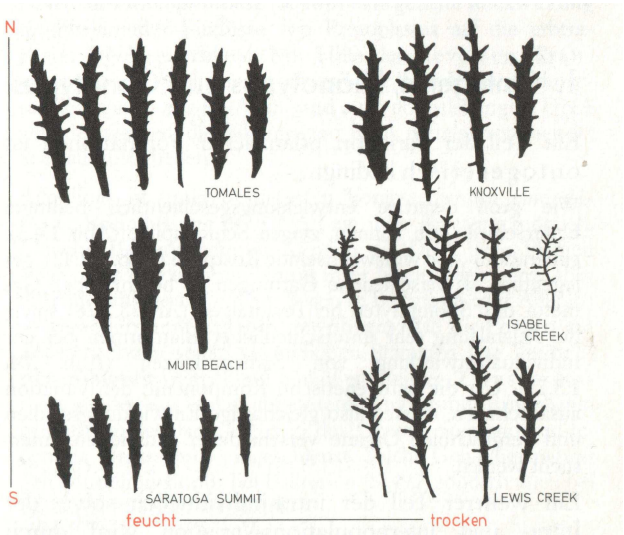


Abbildung 16: Die genetische Variation.(CLAUSEN J. aus STRASBURGER E., (1991))
Intra- und Interpopulations-Variation der Grundblätter aus 6 Populationen von Layia gaillardioides. Die linke Spalte zeigt Populationen der feuchteren Küstenregion, die rechte Spalte zeigt Populationen der trockenen inneren Küstenberge. Des Weiteren ist jedes Blatt von einem anderen Individuum. Man erkennt wie stark Umwelteinflüsse den Phänotyp innerhalb aber vor allem zwischen den Populationen beeinflussen.

4.2.2. Wie Evolution stattfindet

Als Hauptursachen für eine **Mikroevolution** sind die **natürliche Selektion** und die **genetische Drift** anzusehen. Daneben spielen auch **Genfluss** und **Mutation** eine Rolle, wenngleich keine derart gewichtige.
Die Mikroevolution ermöglicht es Populationen sich an (neue) Umweltsituationen anzupassen, diese Anpassung ist nur über den Prozess der natürlichen Selektion möglich. Die positiven Auswirkungen der natürlichen Selektion sind darauf zurückzuführen, dass sie eine überproportional große Vermehrung günstiger Merkmale zur Folge hat.

Ein von Darwin geprägter Begriff ist jener der **Selektion**. Die Selektion lässt sich in eine *Innere- und äußere Selektion* sowie eine *natürliche- und künstliche Selektion* Unterteilen.
Die innere Selektion, beschreibt die durch genetische Variabilität der Organismen einer Population bestimmte Selektion, während die äußere Selektion auf Einflüsse der Außenwelt wie Krankheiten, Klimaelemente, Fressfeinde, etc., zurückzuführen ist.
Die natürliche Selektion auf der einen Seite beschreibt die von der Natur getriebenen evolutionären Kräfte, während die künstliche Selektion die anthropogene Züchtung und Domestizierung von Pflanzen und Tieren ausdrückt(STRASBURGER E., 1991).

Die kleinste evolvierende Einheit ist, wie bereits besprochen, die **Population**. Eine allgemeingültige Definition einer Population ist kaum möglich, da sie sich von Art zu Art durchaus unterscheiden kann. In WEBERLING, F., & SCHWANTES, H. O. 2000 wird eine Population als die *„…ein bestimmtes Gebiet besiedelnde Gemeinschaft von Individuen einer Sippe“(S. 28),* definiert.
Nach CAMPBELL N., A.,& REECE J., B., 2003 ist die natürliche Selektion ausschließlich in der Lage erbliche Variationen zu verstärken sowie zu verringern, da ja durch Modifikation entstandene Merkmalsunterschiede nicht vererbbar zu sein scheinen.
Das Prinzip der **natürlichen Selektion** beruht auf dem Fortpflanzungserfolg. Dies bedeutet, dass sich gewisse Merkmale negativ auf das Überleben und somit die Fortpflanzung auswirken. Somit kann dies zu einer, relativ gesehen, überproportionalen Häufung bestimmter Allelfrequenzen führen und damit eine Veränderung des Genpools bedingen. Infolge einer andauernden Beeinflussung einer Population durch bestimmte (negative) Faktoren, wird sich in den Folgegenerationen ein bestimmter Genotyp mit bestimmten Merkmalen durchsetzen. Dieser Genotyp kann nun unter den gegeben Rahmenbedingungen leben bzw. überleben (CAMPBELL N., A., REECE J., B., 2003).

Bei der Wirkung der natürlichen Selektion auf ein phänotypisches Merkmal innerhalb einer Population werden drei Varianten unterschieden – die *gerichtete*, die *disruptive* und die *stabilisierende Selektion*.

Der Einfluss von Umweltfaktoren auf eine Population kann, wie Abbildung 17 zeigt, zu einer Verschiebung der Häufigkeit zwischen den Ausprägungen eines phänotypischen Merkmals führen.

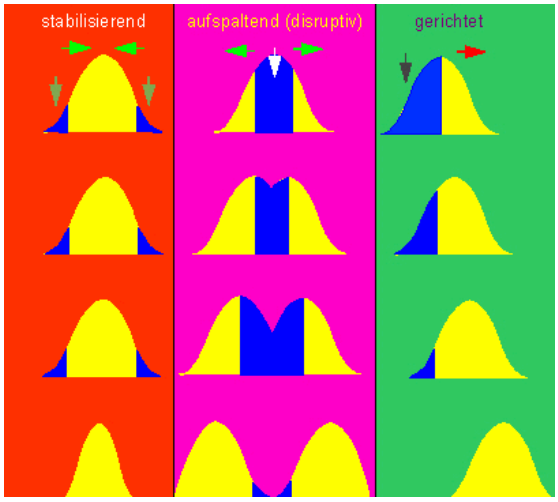


Abbildung 17: Stabilisierende, disruptive und gerichtete Selektion.(Universität Hamburg)) Die Graphik zeigt die Wirkung der Selektion auf die Häufigkeit eines erblichen Merkmals in einer Population. Dabei zeigt die untere Zeile die ursprüngliche Häufigkeitsverteilung eines beobachteten Merkmals innerhalb der Population. Die obere Zeile veranschaulicht die Häufigkeitsverteilung des untersuchten Merkmals infolge der einwirkung der natürlichen Selektion.

Die **stabilisierende Selektion** eliminiert die Extreme in der Variabilität einer Population. Die Abnahme der Variabilität innerhalb einer Population ist die Folge.

Bei der **disruptiven Selektion** hingegen, kommt es durch eine Änderung der Umwelteinflüsse zur Ausbildung zweier Extreme eines phänotypischen Merkmals. Die Ursache für eine disruptive Selektion ist, dass durchschnittliche Ausprägungen unter gewissen Bedingungen die Chancen zu überleben und sich fortzupflanzen mindern. Infolge einer Beeinflussung durch weitere Faktoren können durch die disruptive Selektion aus der ursprünglichen Art zwei neue Arten entstehen.

Die **gerichtete Selektion** beschreibt einen Zustand des Übergangs in dem Sinne, dass sich durch den Selektionsdruck die mittlere Häufigkeit eines bestimmten phänotypischen Merkmals in Richtung eines Extrems verlagert(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

Bei natürlichen Populationen ist die gerichtete Selektion der am häufigsten auftretende Typ(UNIVERSITÄT HAMBURG).

Auch der **Sexualdimorphismus** lässt sich auf die Selektion zurückführen und wird durch zwei Prozesse bestimmt.
Zum Einen, der *intrasexuellen Selektion*, also dem durch innergeschlechtliche Konkurrenz (meist der Männchen) beeinflussten Fortpflanzungerfolg.
Zum Anderen, der *intersexuellen Selektion* bei der die Vertreter eines Geschlechts (meist Weibchen) ihre Partner über die Ausprägung bestimmter Merkmale wählen(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

Die **genetische Drift** ist ein Weiterer der genannten Prozesse der die Mikroevolution vorantreibt. Sie beschreibt die *zufällige* Veränderung der Allelfrequenz in einer Population und gewinnt in sehr kleinen Populationen schnell an Gewicht.
Dieser Mechanismus kann über mehrere Generationen zur Elimination von Allelen, sprich zum Verlust von Merkmalen, führen. Der **Flaschenhalseffekt** und der **Gründereffekt** können eine Population stark verkleinern und dadurch die genetische Drift begünstigen.
Wird eine Population durch Naturkatastrophen, anthropogene Beeinflussung usw. dezimiert, besteht ebenso die Möglichkeit, dass der Genpool drastisch reduziert wird – in diesem speziellen Fall der genetischen Drift spricht man von einem **Flaschenhalseffekt**.
Der **Gründereffekt** beschreibt die Veränderung der Allelfrequenzen durch genetische Drift, infolge einer nur sehr kleinen Zahl von Individuen bei der Neubesiedelung von Räumen(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

Der **Genfluss** beschreibt den Austausch von Genen zwischen Populationen, wobei Allele sowohl gewonnen, als auch verloren werden können. Durch den Genfluss zwischen Populationen kann es zu einer allmählichen Verschmelzung eben dieser kommen(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003).

4.2.3. Genetische Variabilität – Der Baukasten der Evolution

In den vorigen Unterkapiteln konnte gezeigt werden, dass sich der Phänotyp eines Organismus nicht allein durch seine genetische Variabilität erklären lässt. Der Phänotyp ist vielmehr die Summe aus einem komplexen Zusammenspiel des Genotyps und der auf den Organismus einwirkenden Umweltfaktoren.
Ein Großteil der genetischen Variabilität drückt sich in **quantitativen Merkmalen** (zum Beispiel der Größe) aus. Ein quantitatives Merkmal kann innerhalb einer Population relativ großen Schwankungen unterliegen und fließende Übergänge in seiner Größe aufweisen. Die Variabilität quantitativer Merkmale ist meist ein Zeichen von *polygener*

Vererbung was soviel bedeutet, als dass es mehrere Gene für ein phänotypisches Merkmal gibt.

Bei **qualitativen (diskreten) Merkmalen** (zum Beispiel der Blütenfarbe) hingegen ist häufig, obgleich nicht generell, eine klare Abgrenzung von Phänotypen möglich. Ihre Ausprägung wird in der Regel durch unterschiedliche Allele auf einem einzigen Genlocus bestimmt.

Wenn in einer Population ein qualitatives Merkmal in verschiedenen Ausprägungen vorkommt, so spricht man von **Polymorphismus** und bezeichnet die verschiedenen Formen als *Morphen*.

In weiterer Folge wird eine Population in der zwei oder mehrere Morphe in einer bemerkenswerten Häufigkeit auftreten als **polymorphe Population** bezeichnet.

Wie bereits an früherer Stelle erwähnt, drückt sich die Variabilität auch durch eine **geographische Variation** aus.

Das bedeutet, dass sich unter verschiedenen abiotischen Umweltfaktoren durch den Einfluss der natürlichen Selektion bestimmte Genotypen herausbilden. In diesem Sinne beschreibt die **Kline** die kontinuierliche Veränderung eines Merkmals entlang einer geographischen Achse. Der Wandel des Phänotyps entlang der Kline ist vor allem auf die Veränderung der abiotischen Umweltfaktoren zurückzuführen(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003)

4.3. Was sind Arten und wie entstehen sie?

4.3.1. Die Definition des Artbegriffes

Die Definition des Artbegriffes unterliegt heftigen Diskussionen wodurch sich mehrere Ansätze wie eine Art als solche abzugrenzen ist, herausbilden konnten.

Bei der Betrachtung polymorpher Sippen, wie den Rosen (*Rosa*) oder Himbeeren (*Rubus*) wird klar, dass eine eindeutige Definition die in der Lage ist Arten zweifellos als solche abzugrenzen, Wunschdenken ist. Nach KRAUS in MAYR 1975 aus WEBERLING, F., & STÜTZEL, T. 1993 sind Arten „*…erfunden worden, damit wir auf eine große Zahl von Individuen kollektiv Bezug nehmen können*“*(S. 25)*. Das heißt, ohne den von der Wissenschaft künstlich geschaffenen Artbegriff wäre ein Großteil der Forschungsarbeit, wie in den Gebieten Ökologie, Verhaltensbiologie, usw. denkbar kaum möglich. Dennoch, die Abgrenzung von Arten ist möglich und eben notwendig. So unterstreicht auch MAYR, E. 1995 „*…dass es in der organischen Natur echte Diskontinuitäten gibt, die natürliche Wesenheiten, welche als Arten bezeichnet werden, voneinander abgrenzen.*“*(S. 51).*

Nach STRASBURGER E., 2008 „…*sollen Arten...als morphologische Arten verstanden werden, die voneinander häufig reproduktiv isoliert sind*“*(S. 591)*.

Das **morphologische Artenkonzept** sucht nach den Unterschieden an gleichartigen Merkmalen, im Sinne ihrer morphologischen Variation, um eine Art abzugrenzen(STRASBURGER E., 2008).

In der aus dem obigen Zitat zu entnehmenden Definition ist zu erkennen, dass neben dem morphologischen Artbegriff ein weiteres Konzept eingeflossen ist und zwar das **biologische Artkonzept**.

In STRASBURGER E., 2008 werden Arten nach dem biologischen Artkonzept als „…*Gruppen von miteinander kreuzenden natürlichen Populationen, die von anderen Gruppen von Populationen (das heißt anderen Arten) reproduktiv isoliert sind*“*(S. 590)*, definiert.

Da jene Konzepte als die in der Literatur am häufigsten verwendeten aufscheinen, ist es an dieser Stelle vertretbar die weiteren Artbegriffe nicht zusätzlich zu beleuchten.

Zur Vollständigkeit muss jedoch erwähnt werden, dass nach FISCHER A. M. et al., 2008 ein echter Artbegriff erst aus der Summe der Unterschiede aller anerkannten Konzepte entstehen könne.

4.3.2. Mechanismen zur Arterhaltung und Artbildung

In diesem Kapitel soll ein kurzer Überblick geschaffen werden, welche Mechanismen die Reproduktion auch verwandter Arten weitestgehend unterbinden und welchen evolutiven Prozessen die Neu- und Weiterentwicklung von Arten zuzuschreiben ist.

Der Genaustausch zwischen verwandten Arten wird durch Fortpflanzungsbarrieren stark vermindert. Man unterscheidet zwischen **präzygotischen** und **postzygotischen Barrieren**.

Während präzygotische Barrieren die Paarung oder Befruchtung der Eizelle zwischen unterschiedlichen Arten unterbinden, hindern die postzygotischen Barrieren eine Bastardzygote in ihrer Entwicklung zu einem lebensfähigen, fertilen Individuum.

Welch Barrieren dies sind zeigt Abbildung 18 auf eine sehr anschauliche, selbsterklärende Weise.

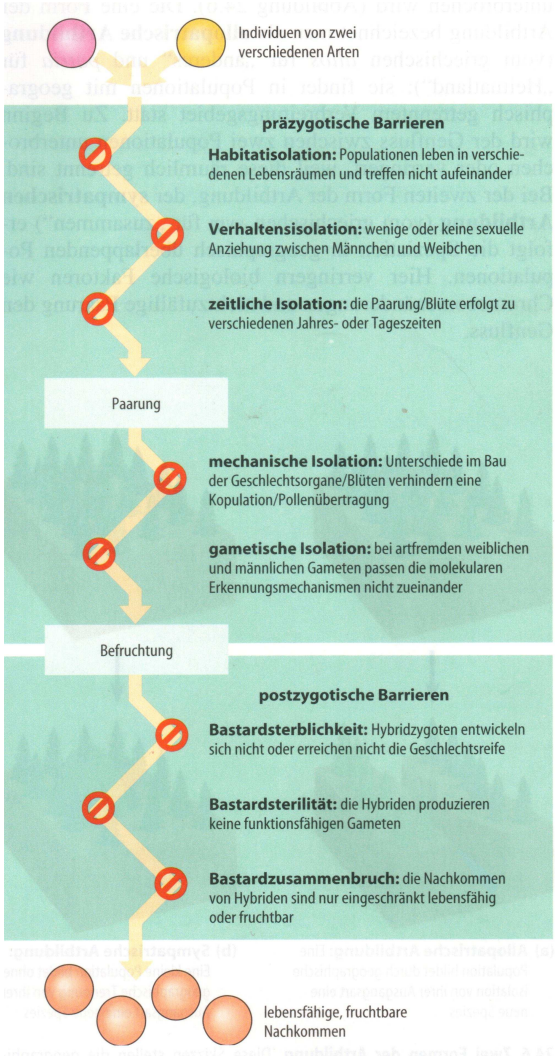


Abbildung 18: Darstellung der Fortpflanzungsbarrieren zwischen Arten.(CAMPBELL N., A.,, REECE J., B., 2003)

4.4. Die biologische Systematik – Taxonomie und Phylogenetik

Die biologische Systematik hat es sich zur Aufgabe gemacht die Vielfalt der Organismen zu erforschen und diese, im Sinne der Evolution, in einem auf Verwandtschaftsbeziehungen basierenden System zu ordnen.

Die in mehrere Teilbereiche aufgeteilte **Taxonomie**, beschäftigt sich mit der *Phytographie*, *Klassifizierung* und *Nomenklatur* der Organismen. Hierbei wird vor allem der Bereich der Klassifizierung häufig als Taxonomie bezeichnet, wobei davor gewarnt werden muss, dass dieser Begriff in der Literatur häufig als Synonym zur Systematik verwendet wird. Die Taxonomie soll in dieser Arbeit als integraler Bestandteil der Systematik definiert werden, wobei im Bereich der Klassifikation ein fließender Austausch stattfindet. Das heißt, die Aufgabe der Taxonomie besteht darin eine Art bezüglich ihrer

Morphologie zu beschreiben, ihr innerhalb des hierarchisch gegliederten Systems der Rangstufen einen Platz zuzuweisen und sie nach den Richtlinien des **ICBN (International Code of Botanical Nomenclature)** bzw. **ICZN (International Code of Zoological Nomenclature)** zu benennen.
Die **Phylogenie**, ein weiterer Teil der Systematik, ist bemüht die *Stammesgeschichte* von Arten mithilfe verschiedenster Methoden abzubilden.
Das Ziel dieses Kapitels ist nun die Arbeitsweisen und Hypothesen dieser beiden Gebiete der Systematik näher zu betrachten.

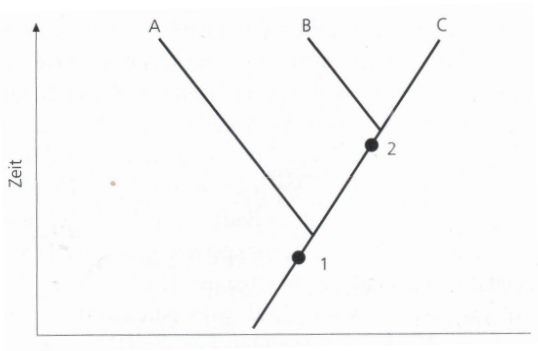
4.4.1. Artbeschreibung und Bestimmungsschlüssel

In der Systematik wird ein System taxonomischer Rangstufen verwendet, wobei die Art als Grundeinheit anzusehen ist. Anhand von Diskontinuitäten in der phänotypischen Variation von Arten ist es möglich, wenn eine Variation kontinuierlich auftritt, Arten als solche abzugrenzen.
Die Merkmale und deren unterschiedliche Ausprägung bilden die Grundlage eines **Bestimmungsschlüssels** für Taxa. Ein Bestimmungsschlüssel soll Taxa auf unmissverständliche Art und Weise von einander abgrenzen und eine Beschreibung der intraspezifischen Variation beinhalten(STRASBURGER E., 2008).
Die meisten Bestimmungsschlüssel sind in der Regel *analytische* oder *synoptische Schlüssel*. Analytische Schlüssel sind üblicherweise dichotom, das heißt, auf eine Frage nach verschiedenen Merkmalsausprägungen können jeweils zwei (selten mehr) Antworten gewählt werden. Über eine Abfolge von mit Ziffern versehenen Fragenpaaren wird man bis zu der gesuchten Art geleitet. Bei analytischen Schlüsseln besteht meist der Nachteil, dass alle Merkmale auch vorliegen müssen sprich, wenn nach der Blütenfarbe einer Pflanze gefragt wird muss diese auch blühen da ansonsten eine Bestimmung nicht oder nur selten möglich ist.
Der synoptische Schlüssel gibt eine Übersicht aller zur Bestimmung notwendiger Merkmale in tabellarischer Form. Dabei sind hinter jeder Merkmalsausprägung die Namen oder Kennziffern von Taxa angegeben die jenes Merkmal aufweisen. Der Vorteil liegt darin, dass nicht alle Merkmale angetroffen werden müssen um eine Art zu identifizieren. Synoptische Schlüssel eignen sich aufgrund der auftretenden Datenmenge jedoch nur begrenz für große Florenwerke(WEBERLING, F., & STÜTZEL, T. 1993).
In der für diese Arbeit verwendeten Literatur wurden hauptsächlich analytische Schlüssel deren Schlüsselpunkte dichotom, selten polychton also trichotom und mehr sind, eingesetzt.

4.4.2. Methoden und Hypothesen in der Systematik

Um von einem natürlichen System sprechen zu können ist die **Phylogenie** fundamental. Während sich die Evolution vor allem mit den treibenden Kräften eines Wandels befasst, liegt das Interesse der Phylogenetik in einer eher deskriptiven Behandlung der Stammesgeschichte, im Sinne ihrer historischen Entwicklung.
Die Arbeitsmethodik in der Phylogenetik beruht auf der Rekonstruktion chronologischer Aufeinanderfolgen von Arten. Dabei spielen Fossilfunde, die Geologie und Paläoklimatologie, sowie die Gesamtheit aller biologischen Disziplinen und hierbei insbesondere die Morphologie, Biochemie, Physiologie, Ethnologie, Biogeographie und deren synthetische Untersuchung, eine tragende Rolle(SCHERF, G., 2006).

Die Ergebnisse dieser Disziplinen bilden die Grundlage zur Erstellung eines Stammbaumes, wobei der Verwandtschaftsgrad der Taxa vom relativen Alter ihres letzten gemeinsamen Vorfahrens bestimmt wird. Der Vorteil einer Klassifikation basierend auf Verwandtschaft von Taxa begründet sich aus der Objektivität dieser Methode. Objektiv deshalb weil diese Ordnung bereits in der Natur vorkommt.



Die Abbildung 19 zeigt das die Taxa B und C näher miteinander verwandt sind als mit dem Taxon A, da der letzte gemeinsame Vorfahre von B und C (Knotenpunkt 2) jünger ist als der gemeinsame Vorfahre von A und B (Knotenpunkt 1) (STRASBURGER E., 2008).

Abbildung 19: Verwandtschaftsgrad und Alter.(STRASBURGER E., 2008)

Durch die Evolution kann es wie in Kapitel 4.2 beschrieben vorkommen, dass sich die Merkmalsausprägungen verschiedener Taxa gleichen.
Dies führt zu Merkmalskonflikten die durch verschieden Methoden der Datenanalyse gelöst werden sollen.
Unter Zuhilfenahme von Analysemethoden können objektive und reproduzierbare Verfahren zur Klassifikation entwickelt und Stammbäume erstellt werden.
Hierbei werden in der Literatur vor allem die *numerische Systematik (Phänetik)* sowie die *phylogenetische Systematik (Kladistik)* genannt. Aufgrund des Umfangs der Thematik der Analysemethoden in der Systematik, soll es in dieser Arbeit nur das Ziel sein deren Eigenschaften in aller Kürze zu skizzieren.
In der die **numerische Systematik (Phänetik)** werden Taxa, die hier *OTUs (Operational Taxonomic Units)* genannt werden, durch alle ähnlichen und unähnlichen Merkmale

(Overall Similiarities) beschrieben, um ihre Beziehung zueinander anhand mathematischer Algorithmen zu bestimmen.
Dieses Ergebnis bildet in weiterer Folge die Grundlage zur Klassifikation der OTUs, sowie zur Rekonstruktion der Stammbäume, den so genannten *Phänogrammen*. Der härteste Kritikpunkt an der numerischen Systematik ist, dass sie streng genommen keine „natürliche“ Darstellung eines Systems erzeugt.
Die Vorgehensweise der **phylogenetische Systematik (Kladistik)** ist, gegenüber der Phänetik, stark an die Phylogenie der untersuchten Taxa gebunden. Auch hier werden alle Merkmale und deren Ausprägung untersucht. Die **Apomorphie** bezeichnet eine neu erworbene Merkmalsausprägung, die eine Gruppe von ihrer Stammart unterscheidet und steht der **Plesiomorphie** gegenüber, welche eine Merkmalsausprägung der Gruppe beschreibt die bereits in der Stammart vorhanden war. Über **Synapomorphien**, das sind homologe, apomorphe Merkmale der Taxa, lassen sicht **Schwesterngruppen** erkennen. Die Schwesterngruppen treten aus einer gemeinsamen Stammart hervor und sind als zwei systematische Gruppen anzusehen. Durch sie ist es möglich apomorphe und plesiomorphe Ausprägungen von Merkmalen zu unterscheiden.
Anhand der daraus gezogenen Schlüsse erfolgt eine rechnergestützte Analyse deren Ergebnis in **Kladogrammen** (Stammbäumen) dargestellt wird(SPRING O., & BUSCHMANN H., 1998).

4.5. Nomenklatur in Botanik und Zoologie

Dieses Kapitel beschäftigt sich mit dem, speziell für die Biodiversitätsdatenbank, sehr wichtigen Bereich der Bennennung von Taxa. Neben der Neuentdeckung von Arten führen immer besser werdende Forschungsmethoden unweigerlich auch zu Schritten wie der Aufspaltung oder Umgruppierung von Taxa. Es muss natürlich das Ziel sein, die Datenbank auf einem möglichst aktuellen Forschungsstand zu halten. Dafür ist es unabdingbar die wichtigsten Regeln und die Vorgangsweisen in der Nomenklatur zu kennen.
Um die zu unterscheidenden Taxa unmissverständlich zu kennzeichnen und ihrem Namen internationale Gültigkeit zu verleihen werden sie nach den Regeln des **ICBN** (International Code of Botanical Nomenclature) und **ICZN** (International Code of Zoological Nomenclature) festgelegt. Sowohl ICBN als auch ICZN beinhalten *Grundsätze*, *Regeln* und *Empfehlungen* um neue Taxa nachvollziehbar einzuordnen und Taxa umzubenennen sowie frühere Verfehlungen in der Nomenklatur zu korrigieren. Es gibt natürlich auch **Volksnamen** (auch Populärnamen) für Taxa, doch diese sind erstens in räumlicher Hinsicht starken Änderungen unterworfen und ihre Verwendung wurde

zweitens die Kommunikation unter Wissenschaftlern verschiedener Länder praktisch unmöglich machen. Während die Gattung und alle höheren taxonomischen Einheiten nur durch ein lateinisches Wort bezeichnet werden, wird der Artname durch eine binäre Kombination, das **Binom**, bestimmt. Der Artname setzt sich aus dem Namen der **Gattung** und dem **Art-Epithet** zusammen.
Diesbezüglich gibt es jedoch Ausnahmen wie etwa die Entstehung von Bastarden unterschiedlicher *Arten derselben Gattung* in der Botanik. Solche Hybridarten werden durch ein „x" zwischen Gattungsnamen und Art-Epithet gekennzeichnet.
Bei einer Hybridisierung von *Arten unterschiedlicher Gattungen*, wird ein „X" vor dem Namen der neu entstandenen Art geschrieben. Dieser neue Name soll eine Mischung der Gattungsnamen der Elternpflanzen sein.
In der Datenbank wird nach dem Binom üblicherweise noch der/die **Beschreiber** des Taxons angegeben. Dieser Zusatz ist bei Veränderungen, wie zum Beispiel einer Umgruppierung, von Bedeutung.
Hierzu besagt auch die **Prioritätsregel,** welche im ICBN in Artikel 11-12 festgelegt wurde, dass bei einer Veränderung der Name des Erstbeschreibers zu berücksichtigen ist.

In weiterer Folge soll nun erläutert werden, welchen Veränderungen ein Name unterliegen kann.
Die Grenzen eines Taxons können neu festgelegt werden, ohne es in eine neue Rangstufe einzuteilen, neu zu benennen oder zu transferieren. Als Beispiel dafür soll hier die Gattung *Myosotis* genannt werden, die nach der Bearbeitung R. BROWNs als *Myosotis L. emend. R.BR.* aufzufassen ist.
Kommt es hingegen zur **Aufspaltung** eines Taxons wie dies bei *Lychnis dioica L.* der Fall war, behält jenes Taxon den Ursprünglichen Namen welches dem **Holotypus** gleicht. Die genannte Art erfährt eine Aktualisierung zu *Lychnis dioica L. emend. Mill.* während die Andere, vom nomenklatorischen Typus abweichende Art neu, als dem Beispiel folgend, *Lychnis alba Mill.* eingeführt wird.
Kommt es zum **Transfer** einer Art in eine andere Gattung wie bei *Anemone nemoralis L.* bleibt das Art-Epithet nach Möglichkeit erhalten und der Erstautor wird in Klammer gesetzt, wodurch die genannte Art nun als **Pulsatilla vernalis (L.) Mill.** zu verwenden ist.
Wie eben angedeutet kann es jedoch sein, dass das Art-Epithet der transferierten Art in dieser Gattung jedoch bereits vorkommt. Da solche **Homonyme** (gleicher Name für unterschiedliche nomenklatorischen Typus) nicht den nomenklatorischen Regeln entsprechen, müsste in diesem Falle ein anderes Art-Epithet bestimmt werden(SPRING O., & BUSCHMANN H., 1998).

Bei der Benennung von **Infraspecies** (Unterart, Varietät) unterscheidet man zwischen dem **Autonym** (Typus der Art) und jenen Arten die vom Typus abweichen. Als Beispiel stellt *Valeriana celtica L. subsp. celtica* das Autonym dar, das von *Valeriana celtica L. subsp. norica VIERH.* zu unterscheiden ist(WEBERLING F., STÜTZEL T., 1993).

5. Die Erstellung der Biodiversitätsdatenbank für den NP Gesäuse

In der österreichischen Nationalpark-Strategie ist die Etablierung einer Biodiversitätsdatenbank als eine der vier wichtigsten Zielsetzungen angegeben(LEBENSMINISTERIUM 2010).
Das Gebiet des Nationalparks Gesäuse ist seit dem 19. Jahrhundert eines der am intensivsten untersuchten Gebiete im östlichen Alpenraum. Infolge dessen wartet eine immense Datenmenge auf ihre Aufarbeitung.

5.1. Die Verwendung von Softwarelösungen für biologische Datenbanken in Österreich

Die Fragen die sich bei der Wahl der Software stellt betreffen vor allem

- die Funktionen
- die Benutzerfreundlichkeit
- die Kompatibilität im Sinne des Datenaustausches
- die Sicherheit der Daten

Viele der Softwarelösungen sind auf eine bestimmte Gruppe von Organismen und an die Anforderungen eines Einsatzbereiches angepasst. Für das jeweils im Focus stehende Projekt kann dies zwar ein Vorteil sein, doch in einem wissenschaftlichen Kontext über der Projektebene lassen sich schnell die Probleme erkennen.

Nach SCHREILECHNER P., 2000 ist Österreich eine sehr heterogene Landschaft bezogen auf die verwendeten Softwarelösungen und Datenmodelle. Eine nationale Standardisierung findet nur schleppend statt. Zwar beschäftigen sich mehrere Arbeitsgruppen mit der Thematik, jedoch gibt es zwischen diesen Gruppen kaum Kommunikation. Daher wird selbst der Austausch von Daten zwischen Bearbeitern derselben Gruppe von Organismen meist unnötig erschwert. Nach mündlicher Auskunft von Prof. GSPURNING liegt die Problematik vor allem darin begründet, dass der Aufbau einer gemeinsamen Datenbank teilweise bewusst verhindert wird. Hier wären offene Datenbankstrukturen und Standards eine Voraussetzung für den gemeinsamen Aufbau einer Datenbank.
Als Vorreiter bezüglich einer einheitlichen Behandlung von Biodiversitätsdaten ist die Schweiz anzusehen die 1990 das „*Centre Suisse de Cartographie de la Faune (CSCF)*“

ins Leben rief. Es ist dies eine nationale Koordinationsstelle die klare Vorgaben zu Zielen, fachlich-methodischen Standards und Richtlinien zum korrekten Umgang mit Daten festlegt. Außerdem werden die Daten in einer zentralen Datenbank gespeichert, wodurch bei Analysen auf einen enormen Informationspool zurückgegriffen werden kann.

Durch die Implementierung einer Standartsoftwarelösung ergeben sich Vorteile wie

- die Sicherheit, dass an einem Produkt kontinuierlich gearbeitet wird und über Synergien zwischen Usern verschiedener Organisationen und den Entwicklern reifen kann,
- problemloser Datenaustausch auf breiter Basis und somit mit der Nutzerzahl wachsende Verbreitungsinformation oder
- die Verbesserung des Kosten-Nutzen Faktors durch gemeinsame Entwicklung.

Durch die Verwendung unterschiedlicher Programme ergibt sich also immer wieder das Problem, dass Datenbanken nur mit großem Aufwand vereint werden können. Es sollte also ein Ziel sein die Verwendung dieser Vielfalt an Eingabeprogrammen zumindest auf wenige miteinander Kompatible reduzieren. Mit der Nutzung von BioOffice geht dieser Schritt in die richtige Richtung da hier mittlerweile eine große Zahl prominenter Betreiber zu nennen ist.

5.2. Bedeutende Softwarelösungen in Österreich im Vergleich zu BioOffice

5.2.1. ZOBODAT

Die ZOBODAT ist eine biogeographische Datenbank, welche aus der im Jahr 1972 gegründeten ZOODAT hervorging. Unter der Federführung von Univ. Prof. Dr. Ernst Reichl wurde sie im Zuge des internationalen Projekts „*European Invertebrate Survey*“ ins Leben gerufen. Durch REICHL E. wurde mit Hilfe der Datenbank eine Vielzahl an Arbeiten zu biogeographischen, taxonomischen, ökologischen sowie naturschutzfachlichen Projekten ermöglicht. Im Jahr 1999 erwarb das Oberösterreichische Landesmuseum/Biologiezentrum die bis dahin praktisch nur für entomologische Untersuchungen verwendete ZOODAT, um diese weiter zu betreuen. Da das System jedoch die Option bot alle Organismengruppen aufzunehmen entschied man sich dies auch durch einen neuen Namen, der nun ZOBODAT (**Zo**ologisch-**Bo**tanische **Dat**enbank) lautet, Ausdruck zu verleihen(MALICKY, M., &

AUBRECHT, G. 2001). Nach SAUBERER, N. et al. 2008, liegen in der ZOBODAT knapp 3 Mio. Datensätze vor, wobei rund 1,2 Mio. für Analysen frei zugänglich sind. Von diesen 3 Mio. Datensätzen betreffen rund 1,5 Mio. Lepidoptera, je ca. 0,5 Mio. Coleoptera und Aves, annähernd 0,1 Mio. Hymenoptera sowie je ca. 60.000 die Trichoptera und Phanerogamen.
Im Durchschnitt werden pro Jahr ca. 90.000 Datensätze in die Datenbank aufgenommen(MALICKY, M., & AUBRECHT, G. 2001). An der gewaltigen Menge entomologischer Daten lässt sich auch nachvollziehen wie stark die Datenbank für lange Zeit auf diese Organismengruppe ausgelegt war.
Die ZOBODAT beschränkt sich bei der Datenaufnahme nicht auf ein relativ begrenztes Gebiet, wie dies oft bei einem Nationalpark der Fall ist, sondern beherbergt Daten aus ganz Mitteleuropa. Die ZOBODAT gilt als eine der ältesten digitalen Datenbanken für Tiere Europas(SAUBERER, N. et al. 2008).

Aufbau von ZOBODAT:
Die Datenbank weist einen relationalen Aufbau vor, wobei 6 Tabellen zueinander in Beziehung gesetzt sind.
Diese sind,

- **Art** – welche alle Daten behandelt die die Art betreffen wie zum Beispiel Gattung, Artname oder Artautor,
- **Ort** – hierbei werden alle Daten aufgenommen die den Fundort betreffen wie zum Beispiel der Ortsname, Koordinaten oder Seehöhe,
- **Adressen** – nimmt alle Daten bezüglich der Datensammler und Beobachter auf wie zum Beispiel Familienname, Wohnort oder Telefonnummer,
- **Literatur** – zur Aufnahme eines Literaturzitats mit Attributen wie zum Beispiel Titel oder Seitenzahl,
- **Fundbase** – enthält sämtliche „fixen“ Daten die eine Fundangabe beschreiben wie zum Beispiel Fundtag, Fundmonat oder Fundortnummer,
- **Fundrev** – enthält alle Daten deren Revidierung möglich ist wie zum Beispiel Artnummer, Determinator oder Bestimmungsjahr(MALICKY, M., & AUBRECHT, G. 2001).

Zum Vergleich mit BioOffice siehe Kapitel 5.4.

Ein Ziel der Betreiber von ZOBODAT ist es, die Daten online Verfügbar zu machen damit das benötigte Material nicht länger über Telefon, E-Mail und ähnlichem Wege angefordert werden muss. Man entschied sich daher, um die Daten eben online abfragen zu können, für die Errichtung eines *Three-Tire-Systems*. Dieses System

setzt sich aus dem Datenbankserver, dem Applikationsserver auf dem der Webserver, das GIS und andere Anwendungen ausgeführt werden sowie dem Benutzer-Client zusammen.

Grober Unterschied zu BioOffice:
Zwar ist die Fragestellung mit der sich die ZOBODAT befasst sehr ähnlich zu jener von BioOffice, doch wird BioOffice bis jetzt meist in geographisch limitiertem Rahmen eingesetzt. Auch das Datenmodell und die Datenstruktur unterscheiden sich wesentlich voneinander, sodass sie zuletzt vor allem den relationalen Aufbau der Datenbank gemeinsam haben.
Die Betreuung und Weiterntwicklung liegt allein in den Händen des Oberösterreichischen Landesmuseums/Biologiezentrum wohingegen BioOffice von einer Vielzahl von Organisationen genutzt wird.

Wer sind die Nutzer:
Die Zielgruppen der ZOBODAT sind wissenschaftliche Bearbeiter im In- und Ausland und der Naturschutz sowie die „interessierte Öffentlichkeit". Mittlerweile ist es möglich Daten der ZOBODAT bis zu einem gewissen Grad online abzufragen. Dabei wird über Benutzerrechte geregelt wie detailliert die Daten weitergegeben werden. Außerdem wurden die Daten der ZOBODAT bereits für eine große Zahl an Publikationen sowie zur Erstellung von Verbreitungsatlanten herangezogen. Als Beispiel für einen Verbreitungsatlas sei an dieser Stelle auf HUEMER, P., & MALICKY, M. 2009 verwiesen, wobei hier neben Daten aus der ZOBODAT auch jene aus BioOffice - Datenbanken mehrerer Institutionen verwendet wurden.

5.2.2. INSPIRE

Am 14. März 2007 trat die Richtlinie 2007/2/EG des EU Parlamentes und des Rates zur Stiftung einer Geodateninfrastruktur in der Europäischen Gemeinschaft in kraft und rief damit INSPIRE (**IN**frastructure for **SP**atial **I**nfo**R**mation in **E**urope) ins Leben. Das Projekt hat als Ziel, raumbezogene Daten mit hoher Qualität, gut organisiert über webbasierende Dienste zugänglich und gemeinsam nutzbar zu machen. Die Daten sollen sowohl zur Behandlung politischer Maßnahmen im Umweltschutz eine tragende Rolle spielen als auch teilweise der Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden. Dies ist notwendig, da in Europa ein problemloser Zugriff auf Geoinformationen im Moment nicht möglich ist. Durch INSPIRE soll der Zugriff auf Daten wie Verkehrsnetze, Gewässernetze, Bodenbedeckung oder Schutzgebiete

bereits 2010 umsetzbar sein. Um eine gemeinsame Geodateninfrastruktur aufzubauen, wird von den partizipierenden Ländern verlangt Geodaten aus bestimmten Themenbereichen anzubieten. Diese Themen müssen über einen Katalogdienst recherchierbar, mittels Webmappingservice visualisierbar und durch einen Webfeatureservice herunterladbar sein. Ein wichtiger Schritt dabei ist, diese Geodaten auf der Grundlage ihres Raumbezuges interoperabel und harmonisiert über standardisierte Dienste bereitzustellen(GISNEWS, 2008).

Grober Unterschied zu BIOOFFICE:
INSPIRE und BioOffice unterscheiden klar in ihrem Inhalt denn während BioOffice auf die Bearbeitung artbezogener Daten ausgerichtet ist, stehen bei INSPIRE Geodaten zu einer großen Palette von Themenbereichen im Fokus.

Wer sind/sollen die Nutzer sein:
Die Daten werden der Wissenschaft, der Wirtschaft sowie dem einzelnen Bürger zur Verfügung stehen. Auch für weiterführende Analysen sind Geodaten bedeutend, da sich in Verbindung mit Biodiversitätsdaten über Verschneidungen, eine enormer Pool an Möglichkeiten ergibt.

5.3. Aufgaben von BioOffice - Gründe für die Erstellung einer Biodiversitätsdatenbank

Die Datenbank bietet die Option riesige Mengen an Information abzuspeichern, auf diese jedoch relativ einfach und schnell zugreifen zu können. Es ist dem User daher möglich das Vorkommen einer bestimmten Art, an einem ausgewählten Ort bzw. einem Gebiet zu einer gewissen Zeit (Sammel- oder Beobachtungsdatum) abzufragen. Dies ist jedoch, wie die folgenden Kapitel veranschaulichen werden, nur ein kleiner Ausschnitt unterschiedlichster Informationen die eine Datenbank bergen kann.

Biologische Verbreitungsdaten geben Aufschluss über den Wert von Naturräumen, erlauben Rückschlüsse auf die aktuelle Gefährdung von Arten und zeigen Veränderungen im Naturhaushalt an. Wie bereits in Kapitel 3 zu sehen war sind Biodiversitätsdaten auch für Projekte in internationalem Kontext unverzichtbar. So bestätigt auch SAUBERER, N. et al. (2008) *„…Verbreitungsdatenbanken bilden eine essentielle Grundlage für Forschung und Naturschutz*.“*(S. 52).*

Welches Potential verschiedenste Organisationen in Biodiversitätsdatenbanken erkennen, zeigt sich in ihrer wachsenden Zahl. Denn sie sind trotz des großen Arbeitsaufwandes und daher relativ hoher Kosten, in der Welt der Wissenschaft nicht mehr zu entbehren.
Es steht außer Zweifel, dass die Vorteile ihres Betriebs und ihrer Weiterentwicklung überwiegen.
Durch die Datenbank stehen die erhobenen artbezogenen Daten für eine Vielzahl von Analysen gut aufbereitet und schnell zur Verfügung.
Zu diesen Auswertungen gehören

- Die Erstellung von Artenlisten für ein geographisches Gebiet
- Die Bereitstellung von Information über die Verbreitung einzelner Arten und diesbezügliche räumliche Auswertungen in Form von Karten (z.B. Raster- oder Flächenkarten)
- Komplexe Analysen wie zum Beispiel die Erstellung von Phänogrammen oder die Berechnung von Schutzwürdigkeitsindizes
- Naturschutzfachliche Analysen: Durch die Datenbank lässt sich die Verbreitung von geschützten Organismen wie etwa Rote-Liste Arten, erheben. Daher werden Biodiversitätsdatenbanken oft von Naturschutzbehörden unterstützt oder betrieben. Diese verwenden das umfangreiche Datenmaterial zur Behandlung von Fragen am Scheideweg zwischen Naturschutz und ökonomischen Interessen.
- Monitoring von Taxa: Mithilfe der Biodiversitätsdatenbank kann der Einfluss von Neophyten und Neozoa sowie die Auswirkung potentieller Krankheitsvektoren auf ihre Umwelt untersucht werden.

Damit Analysen und deren Aussagekraft ein hohes Niveau erreichen, ist ein möglichst umfangreicher Datenbestand aus einem möglichst langen Zeitraum (30 – 100 Jahre), notwendig. Bezüglich der während der Diplomarbeit eingearbeiteten Daten ist zwar eine Zeitspanne von 100 Jahren gegeben, jedoch ist der für fundierte naturschutzfachliche Analysen oder ein Monitoring notwendige Datenbestand noch zu gering.

Beispiele für den bisherigen Einsatz von BioOffice:

Mittlerweile konnte BioOffice seine Funktionalität bereits für eine Vielzahl an laufenden und abgeschlossenen Projekten unter Beweis stellen. Zu den BioOffice-Usern zählen neben den *Tiroler Landesmuseen-Ferdinandeum* auch das *Haus der Natur* in Salzburg oder die Nationalparks Gesäuse und Kalkalpen. Daneben betreibt etwa auch das *Naturhistorische Museum Wien* eine Herpetofaunistische Datenbank basierend auf dieser Software, und brachte im Jahr 2001 durch diese gestützt den „*Atlas zur*

Verbreitung und Ökologie der Amphibien und Reptilien in Österreich“ heraus. Auch in Kooperations-Projekten mit anderen Datenbanken wie der ZOBODAT, lieferten BioOffice Datenbanken wertvollen Input, sodass im Jahr 2009 der „*Verrbreitungsatlas der Tierwelt Österreichs: Lepidoptera, Geometridae* “ erarbeitet werden konnte. Daneben nutzt auch die *Österreichische Mykologische Gesellschaft* für die „*Verbreitungsdatenbank der Pilze Österreichs“* seit 2004 die Software als Datendrehscheibe.

Diese Darstellung der Einsatzgebiete von BioOffice ließe sich durchaus erweitern und zeigt in Wirklichkeit nur einen kleinen Ausschnitt der Anwender. Dennoch sei hiermit ein Abriss der Nutzer gezeigt, die BioOffice bereits als Standartlösung für Fragen zur Biodiversität heranziehen.

5.4. BIOOFFICE 2.0 – Eine universelle GIS-Datenbanksoftware

Durch Herrn Dr. FRIEBE, von der *inatura* (ehemals *Vorarlberger Naturschau*) konnte der Autor dieser Arbeit einen Einblick in die nun bereits 20 jährige Entstehungsgeschichte von BioOffice erhalten.

Bis zum Jahr 1990 gab es für die Sammlungen der Vorarlberger Naturschau kein umfassendes Inventarsystem das museologischen Ansprüchen genügte. Die Grundforderungen an ein solches System waren,

1. die Verwaltung von Sammlungen des Museums UND Beobachtungsdaten sowie
2. die Verortung der Daten durch Koordinaten UND deren Anzeige in einem integrierten GIS.

Die Überlegung dabei war jene, dass, hingegen der hartnäckigen Überzeugung vieler Museologen, nicht erlegte Tiere und getrocknete Pflanzen, sondern *Beobachtungsdaten* die Musealien der Zukunft sind. Die konventionelle Software zur Museumsverwaltung konnte diesen Ansprüchen nicht gerecht werden und schied somit aus. Mit der Kontaktaufnahme der inatura mit Mag. Paul SCHREILECHNER von *BioGIS* begann der gemeinsame Weg der Entwicklung einer Biodiversitätsdatenbank. *BioGIS* war also mit der professionellen Programmierung des **NaturArchivs**, dem Vorgänger von BioOffice, beauftragt worden. Als **Frontend** wurde *MS-Access* und als **Backend** wurde *SQL-Server* genutzt. Erste Gedanken betrafen die Abwendung von der Methode der Rasterkartierung, da diese laut der Meinung von FRIEBE sehr unscharf und daher nicht mehr zeitgemäß ist, hin zu einer Punktverortung mit Vertrauenskreis. Das Programm lieferte durch seine ständige Weiterentwicklung eine zufrieden stellende Performance.

Laut FRIEBE, war es der Wunsch SCHREILECHNERS, auch für Biologen außerhalb musealer Einrichtungen ein leistungsfähiges Tool zur Verwaltung ihrer Beobachtungsdaten anzubieten – dieses Programm war BioOffice. In BioOffice lag das Hauptaugenmerk nun auf den Beobachtungsdaten bezüglich Biodiversität. Ab der Version 2.0 stieg auch das NaturArchiv auf BioOffice um, da bei Erstgenanntem keine Weiterentwicklung und Pflege seitens BioGIS mehr gegeben war.
Nach SCHREILECHNER P., 2000 entstand BioOffice schlussendlich im Zuge des Interreg-Programms der Europäischen Union. Der Auftrag wurde von der naturwissenschaftlichen Abteilung der Tiroler Landesmuseen erteilt und sollte den Datenaustausch mit dem Naturmuseum Südtirol effektiver gestalten.
Nachdem die Entwicklung von BioOffice seitens BioGIS im Jahre 2004 fertig gestellt war, wurde es im Jahr 2007 von den Tiroler Landesmuseen gekauft mit dem Ziel die Entwicklung weiterzuführen(BIOOFFICE). Die in nächster Zukunft angestrebten Ziele werden in Kapitel 5.6 dargestellt.

Wie die Daten miteinander vernetzt also organisiert sind und wie sie verwaltet werden, sollen die folgenden Kapitel in aller Prägnanz beleuchten.

5.4.1. Aufbau der Software

Allgemeiner Überblick

BioOffice beruht auf einem relationalem Datenbankmodell dessen Hauptbestandteile, sich aus dem **Taxon-Explorer**, den **Fundorten**, dem **Kartenfenster**, dem **Objekt-Editor**, dem **Abfrage-Manager**, der **Sammlungsverwaltung** sowie einer Vielzahl an **Konfigurationsmöglichkeiten** zur Dateneingabe und Datenabfrage, zusammensetzen. Daneben können Informationen zu **Kontakten**, **Projekten**, **Literatur** sowie **Exkursionen** aufgenommen werden. Zu den einzelnen Relationen sowie den Konfigurationsmöglichkeiten gibt Kapitel 5.4.2 Auskunft. Die Abbildung 20 gibt das Datenmodell in seinen Grundzügen sehr anschaulich wieder.

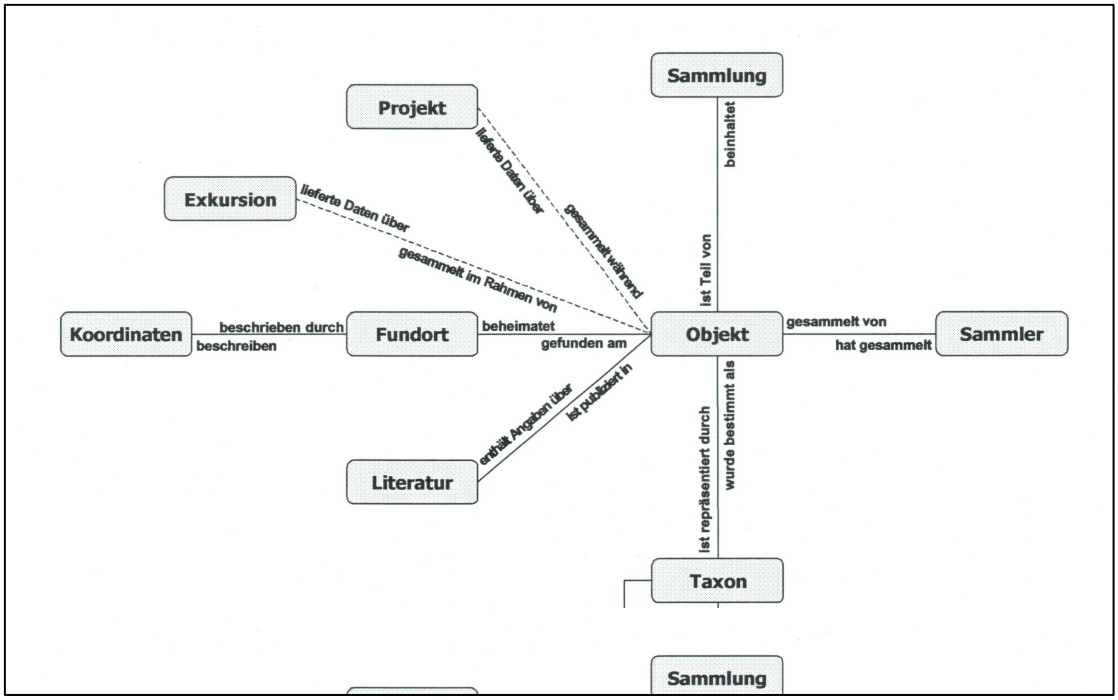


Abbildung 20: BioOffice Datenmodell.(BioOffice Handbuch)

Technischer Überblick

BioOffice bietet durch die Client-Server-Datenbank-Lösung und dem direkt angebundenen GIS-Modul ein großes Potential für umfassende Analysen. Es ermöglicht die Erfassung und Auswertung, die kartographische Darstellung sowie bis zu einem gewissen Grad die räumliche Analyse von biologischen Verbreitungsdaten. Es ist als Standartlösung für sämtliche Organismengruppen konzipiert und eignet sich daher zur Floren- und Faunenkartierung, Biodiversitätskartierung, usw.

Das in BioOffice verwendete GIS-Modul wurde mit MapObjects 2.0 unter Visual C++ und Visual Basic erarbeitet. Für den User bestehen zahlreiche Optionen bezüglich der Eingabe eines Fundortes oder in der Verwendung von GIS-Formaten(SCHREILECHNER P., 2000).

Als Datenbankmanagementsystem (DBMS) wird die MSDE (Microsoft SQL Server Desktop Engine) verwendet, die eine vollständige Kompatibilität zu Microsoft SQL Server 2000 aufweist.

Ein Zugriff auf die BioOffice-Datenbank ist über jede ODBC-fähige Applikation möglich, sodass beispielsweise eine Verknüpfung zu einer Microsoft Access-Datenbank einfach durchführbar ist.

5.4.2. Funktionsweise der Hauptbestandteile

In den Kapiteln 5.4.2.1 bis 5.4.2.8 werden die einzelnen Tabellen vorgestellt und es wird besprochen, welche Tabellen miteinander in Beziehung stehen, auf welchen Feldern einige dieser Relationen beruhen, und welcher Beziehungstyp vorliegt. Dabei muss aufgrund des Umfangs der Datenbank die Betrachtung auf einige der wichtigsten Elemente beschränkt bleiben.
Die Abbildung 21 liefert eine Übersicht zu den Hauptbestandteilen der Datenbank. Es ist dies ein Datenbank Diagram welches im SQL Server Management Studio Express 2005 zu einer bestehenden Datenbank erstellt werden kann. Die Abbildung liefert dem Betrachter einen ersten Überblick über die Hauptbestandteile welche sich aus den Tabellen,

- tContacts (Kontakte)
- tTaxa (Taxa)
- tProjekts (Projekte)
- tReferences (Literatureinträge)
- tObjects (Objektdaten)
- tCollections (Sammlung)
- tExcursions (Exkursionen)
- tSites (Fundorte)

zusammensetzen. Zusätzlich zeigt der kleine Schlüssel im grauen Feld das Primärschlüsselfeld jeder Tabelle an. Die Verbindungslinien zwischen den Tabellen geben an, dass diese zueinander in Relation stehen. Genauere Information über die Art der Beziehung liefern dem Betrachter (1)die Symbole der Endpunkte und (2)der Linientyp.

(1) Symbole der Endpunkte:
Ein Schlüssel an dem einen und eine acht an dem anderen Ende einer Beziehung, symbolisieren eine „*eins zu beliebig viele*“ - Beziehung. Hat eine Relation an beiden Enden einen Schlüssel liegt eine „*eins zu eins“* – Beziehung vor.

(2) Linientyp:
Anhand des Linientyps wird dargestellt, ob das Datenbankmanagementsystem (DBMS) innerhalb einer bestehenden Beziehung *referenzielle Integrität* erzwingt oder eben nicht. Eine durchgezogene Line zeigt an, dass referentielle Integrität gefordert wird, während eine gepunktete Linie diese nicht einfordert.

Die referentielle Integrität gewährleistet, dass die Tabelle mit dem **foreign key** *(=FK, Fremdschlüssel)* nur jene Attributwerte annimmt, welche den vorhandenen Feldewerten des **primary key** (=PK, Primärschlüssel) entsprechen.

Mit Blick auf Abbildung 21 und somit auf die Struktur von BioOffice, ist zu erkennen, dass alle Beziehungen referentielle Integrität fordern. Betrachtet man zum Beispiel die Beziehung zwischen tTaxa und tObjects kann man sofort erkennen, dass tTaxa als so genannte Mutter – Entität und tObjects als Kind – Entität anzusehen sind. Das bedeutet, tObjects kann nur Werte (Taxonnamen) annehmen, die in tTaxa bereits existieren. Die Symbolik der Endpunkte verrät, das eine *„eins zu viele“* – Beziehung vorherrscht, sprich ein Objekt (in tObjects) kann, beziehungsweise muss, nur einen Taxonnamen annehmen, jedoch ein Taxonname (in tTaxa) steht für viele Objekte zur Verfügung.

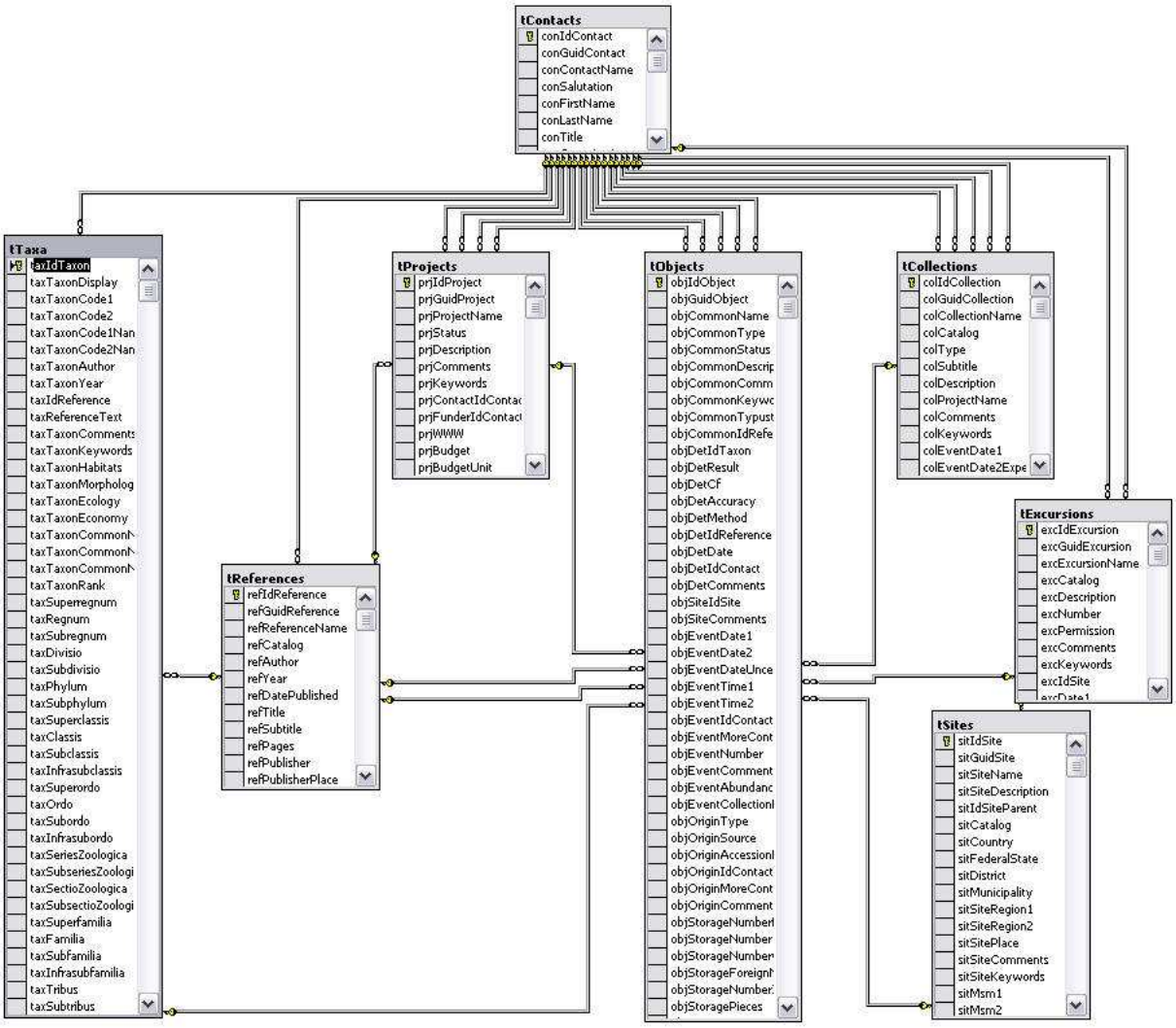


Abbildung 21: BioOffice – Datenbankdiagramm.(Eigener Entwurf)

Um einen genaueren Blick auf die Datenbankstruktur zu werfen sind den jeweiligen Unterkapiteln Faltkarten beigelegt. Dem Autor ist bewusst, dass die Lesbarkeit der Tabellen- und Spaltennamen durch die geringe Größe der Schriftzeichen dem Betrachter ein hohes Maß an Konzentration abverlangen. Dennoch kann dadurch der teilweise recht komplexe Aufbau beschrieben und in weiterer Folge wichtige Abläufe in der Arbeit mit BioOffice verstanden werden. Wie welche Tabellen miteinander in Relation stehen, also das Wissen wo welche Daten gespeichert werden ist a priori, will man die Datenbank beispielsweise über eine ODBC-Verbindung manipulieren. Andernfalls könnte das Löschen eines Eintrages (z.B. ein Taxon aus tTaxa) der von einem Feld (Datensatz aus tObjects) einer in Beziehung stehenden Tabelle genutzt wird schwere, mitunter irreversible Schäden an der gesamten Datenbank mit sich führen.

Die Datenbankdiagramme der nachfolgenden Unterkapitel bedienen sich des *IDEF1X* Symbolsatzes. Wie die Darstellungen korrekt zu lesen sind, soll im Anschluss kurz erläutert werden.

IDEF1X – Notation:

Durch die semantische Modellierungstechnik IDEF1X, kann die Struktur einer Datenbank auf sehr anschauliche Weise ausgedrückt werden. Im Rahmen dieser Arbeit scheint es dem Autor angebracht, den diesbezüglich fachlichen Hintergrund nur soweit festzuhalten wie er es für das Verständnis der Darstellungen als notwendig erachtet.

Das IDEF1X-Modell beruht auf den drei Basis-Konstrukten - Objekte, Beziehungen und Charakteristika, deren Bedeutung mit Hilfe von Abbildung 22 erläutert wird. An oberster Stelle sind die „Dinge“ zu erkennen, dabei handelt es sich um Objekte wie Taxa, Fundorte, etc. An der untersten Stellen sind die Eigenschaften dieser Objekte dargestellt, sprich die Attribute innerhalb eines solchen „Dinges“. Zwischen Objekten können Beziehungen bestehen welche durch verbindende Linien zwischen den „Dingen“ ausgedrückt wird(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. 1994).

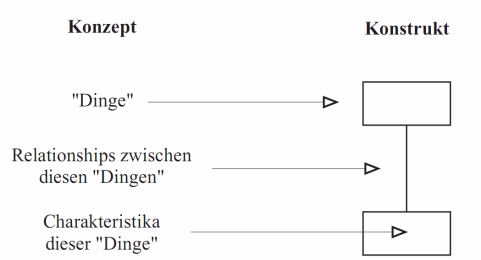


Abbildung 22: IDEF1X – Modellkonstrukt.(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. (1994))

Die Konventionen zur IDEF1X – Notation wird im Anschluss getrennt nach den Punkten,

- Entities und
- Beziehungen

näher erläutert.

Entities:

Eine *Entity*, zum Beispiel die Tabelle *tTaxa*, steht für eine Menge von Objekten, sowohl realer als auch abstrakter Natur. Solche Objekte sind beispielsweise Taxa, die sich in ihrer Gesamtheit gewisse Attribute teilen. Ein einzelnes Element aus dieser Menge, in diesem Falle ein Taxon, wird als *Entity Instance* bezeichnet. Eine Entity Instance kann in mehreren Entities vorkommen.

Wenn eine Entity **keine** Relation zu einer anderen Entity benötigt um eindeutig identifiziert werden zu können, so spricht man von einer *identifier – indipendent Entity*. Im gegenteiligen Fall, also wenn eine Entity nur durch ihre Relation zu einer anderen Entity eindeutig identifizierbar wird, ist diese als *identifier – dependent* zu bezeichnen. Attribute die zum *Primary Key (PK)* gehören stehen, von den anderen Attributen der Entity durch eine Linie getrennt, an oberster Stelle (ADELSBERGER, H., H. & KÖRNER, F. 1994).

Die Syntax der Entity soll anhand der Abbildung 23 veranschaulicht werden. Dabei handelt es sich um einen Ausschnitt des BioOffice - Datenmodells, der die Relation der Entities *tCollections*, *tObjects* und *tlkpcsObjEventCollectionMethod (=Sammelvorgang – Sammelmethode)* aufzeigt. Während abgerundete Ecken auf eine identifier – dependent Entity hinweisen, ist durch die klare Syntax auf den ersten Blick deutlich erkennbar, dass tCollections und tObjects identifier – indipendent Entities sind. In den beiden Letztgenannten erlauben die Felder *collIdCollection* auf der einen und *objIdObject* auf der anderen Seite, eine eindeutige Identifizierung der jeweiligen Entity Instances. Die Entity tlkpcsObjEventCollectionMethod ist ein so genanntes *freies sammlungsspezifisches Auswahlfeld* (siehe auch Kapitel 5.4.2.4), das heißt, damit für jede Sammlung eigene, nur für eben diese Sammlung verwendbare Felder konfiguriert werden können, muss dieses Entity identifier – dependent sein. Um nun eine Entity Instance, z.B. die von Entomologen oft benutzte Barberfalle, eindeutig einer bestimmten Sammlung (z.B. Heteroptera) zuzuordnen, wird eine Kombination aus zwei Keys verwendet. An erster Stelle steht hier (siehe Abb. 23 rotes Rechteck) der Foreign Key (FK) der jene Zahl beinhaltet die eine Sammlung eindeutig kennzeichnet, sprich den Wert aus *colIdCollection*. Daher kann

lkpcsObjEventCollectionMethodIdCollection nur Werte annehmen, die in tCollections unter collIdCollection vorliegen und dort als PK der Entity verwendet werden.

Der zweite Key also *lkpcsObjEventCollectionMethodCode* beinhaltet den Code für die Entity Instance „Barberfalle“ welche vom Autor den Wert „b“ erhielt. Barberfallen haben mit Botanik freilich denkbar wenig zu tun, wurden jedoch vom Autor im Zuge seiner mehrmonatigen Anstellung beim NP Gesäuse, im Zuge der Bearbeitung der Heteroptera, in der Datenbank festgelegt. Für eine Entity Instance in tObjects kann nun eine Sammelmethode eingetragen werden wobei zwei Keys für eine eindeutige Identifizierung sorgen. Für eine Entity Instance in tObjects kann nun eine Sammelmethode eingetragen werden, wobei der Abgleich zwischen *objIdCollection* und *lkpcsObjEventCollectionMethodIdCollection* die Auswahl auf bestimmte, eben sammlungsspezifische Werte beschränkt.

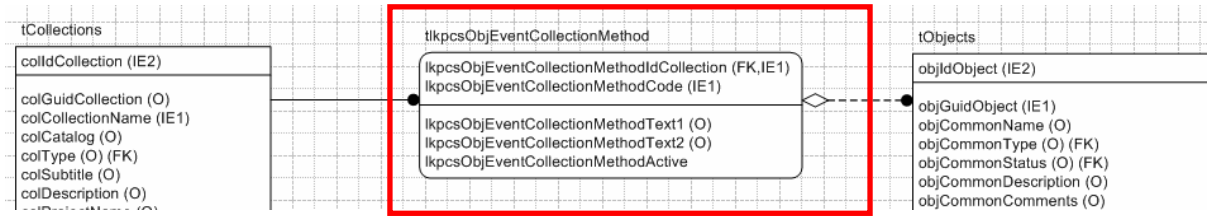


Abbildung 23: IDEF1X – Entity Syntax.(Eigener Entwurf)

Beziehungen:

Bei den Beziehungen unterscheidet man zu aller erst zwischen der *Parent-Entity* und der *Child-Entity*. Dabei gilt die Regel, dass eine Entity Instance der Child – Entity nur aufgrund einer ihr entsprechenden Instance der Parent – Entity existieren kann.

Herrscht solch eine Beziehung zwischen zwei Entities, kann jede Entity - Instance der Parent – Entity mit einer, keiner oder mehreren Instances einer Child – Entity in Relation stehen.

Ein ausgefüllter schwarzer Punkt am Ende einer Linie zeigt an, dass dies die Child – Entity ist. Auf der Seite der Parent – Entity bedeutet ein einfaches Linienende eine *zwingende* (muss) und eine Raute am Ende der Linie auf eine *optionale* (kann) Beziehung hin(ADELSBERGER, H., H. & KÖRNER, F. 1994).

Neben den Linienenden einer Relation, kann die **Kardinalität** einer Beziehung auch durch Kommentierung (siehe Abbildung 23) und der Art der Linie (siehe Abbildung 24) dargestellt werden.

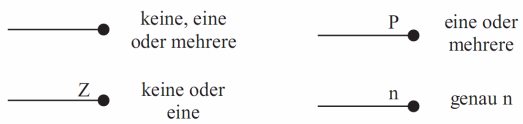


Abbildung 24: Kardinalität der Beziehungen durch Kommentar (Z, P, n, nichts).(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. (1994))

Der Linientyp gibt Auskunft darüber, ob eine *identifying* oder *non-identifying Relation* vorliegt.

Bei der non-identifying Relation (siehe Abbildung 25 unten) ist die Linie zwischen Parent und Child - Entity gestrichelt. Sollte, anders als in diesem Fall, eine der Entities ebenfalls eine Child – Entity einer anderen Entity sein, sind beide Entities identifier – independend.

Die durchgezogene Linie sagt aus, dass eine identifying Relation vorliegt. Das heißt, kann nur über seine Beziehung zur Parent – Entity idenifiziert werden(ADELSBERGER, H., H. & KÖRNER, F. 1994). Zur Reflektion der soeben angeführten Theorie, eignet sich auch die Abbildung 23.

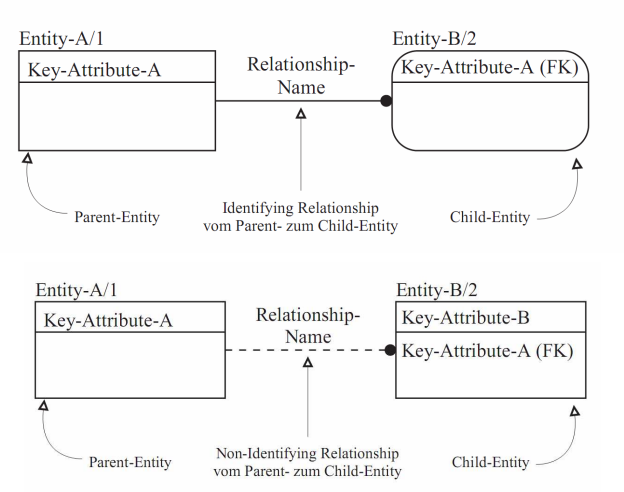


Abbildung 25: Syntax der identifizierenden und nicht – identifizierenden Relationen.(ADELSBERGER, H., H., & KÖRNER, F. (1994))

In den nun folgenden Unterkapiteln werden die Hauptelemente der Datenbank beschrieben, wobei über die Faltbilder 1 bis 3 die Möglichkeit besteht, diese Ausführungen nachzuvollziehen. Dem aufmerksamen Betrachter wird auffallen, dass dabei nicht jede Entität sowie jede Relation beschrieben wird und das Tabellen deren Relationen bereits an anderer Stelle hinreichend erklärt wurden zur Schaffung einer besseren Übersicht aus den Abbildungen entfernt werden mussten. Ab der Entity tCollections (Sammlungen), beschränken sich die Ausführungen auf die Erklärung der Benutzeroberfläche, da die wichtigsten Beziehungen mit Sicherheit bereits vorher besprochen werden. Die diesbezügliche Begründung ist denkbar einfach und fußt auf dem enormen zeitlichen Umfang den eine Durchleuchtung der Datenbank bis ins kleinste Detail bedingen würde. Dennoch schien es dem Autor angebracht die Datenbank in dieser Arbeit zumindest beinahe vollständig darzustellen. Damit besteht für den interessierten Betrachter die Möglichkeit durch die Kombination dieser Darstellungen mit den Abbildungen 36 bis 45 im Anhang, ein wenig tiefer in die

Materie einzudringen. Die Datenbank-Diagramme wurden mit Hilfe der Software *MS Visio 2003 Professional* über *Reverse Engineering* erstellt und durch manuelle Umstrukturierung in Form gebracht.

5.4.2.1. Taxon-Explorer

Für die kommenden Ausführungen ist ein steter Vergleich mit der Abbildung 26 ratsam.

Der Taxon-Explorer beruht auf der Tabelle *tTaxa* (A) welche als Parent – Entity von *tObjects* (B) also der Objekttabelle anzusehen ist. Die dabei bestehende Relation zeigt, dass *tObjects* die Child – Entity von *tTaxa* ist. Dabei ist zu erkennen, dass es für einen Objekteintrag in *tObjects* **zwingend** erforderlich ist ein Taxon auszuwählen. Dies wird, zur Wiederholung, durch ein einfaches Linienende an der Parent – Entity ausgedrückt. Durch die gestrichelte Linie kann eine non-identifying Relation ausgemacht werden. Durch die Kardinalität von „1“ wird ausgesagt, dass hier eine Beziehung von „eins zu genau eins“ vorliegt.

Die Beziehung zwischen der Kontakte -Tabelle *tContacts* (C) und den *tObjects* beruht auf der Angabe des Bestimmers, Beobachters etc. einer Art. Wie die Raute signalisiert, ist dieser Eintrag **optional**, obgleich hinsichtlich der Datenqualität von großer Bedeutung.

Die Beziehung zwischen *tTaxa* und *tContacts* beruht auf der Angabe des Namens eines Experten zu dem jeweiligen Taxon.

Die Relation zwischen *tTaxa* und der Referenz-Tabelle also *tReference* (D) ist notwendig, um für neue Taxon-Einträge anzugeben auf welches Werk sich dieser Eintrag, im Sinne nomenklatorischer Beurteilungen, bezieht.

Will man ein neues Taxon in die Datenbank eintragen so ist es **zwingend** erforderlich, seinen taxonomischen Rang, also Species, Varietas, etc. anzugeben. Dies wird im Diagramm durch die Beziehung zwischen *tlkpTaxTaxonRank* und *tTaxa* deutlich.

Die Gruppe der freien Auswahlfelder *tlkpTaxAddxy* (E), stellen das weniger komplexe Pendant zur Gruppe der sammlungsspezifischen Auswahlfelder, wie den *tlkpcsObjAddxy* , dar. Zu den Letztgenannten siehe Kapitel 5.4.2.4.

Beispielsweise verwendet der Autor die Entity *tlkpTaxAdd3* um eine Entity-Instance aus *tTaxa* einer bestimmten Organismengruppe zuzuteilen. Hierbei handelt es sich um eine **optionale** Beziehung, wobei die Child-Entity *tTaxa* ihren Attributwert von *tlkpTaxAdd3* bezieht. Präzisiert bedeutet dies, das Feld *taxAddLkp3* in *tTaxa* nimmt einen foreign key auf, der aus dem Feld *lkpTaxAdd3Code* aus *taxAddLkp3*, welches dort den primary key bildet, stammt.

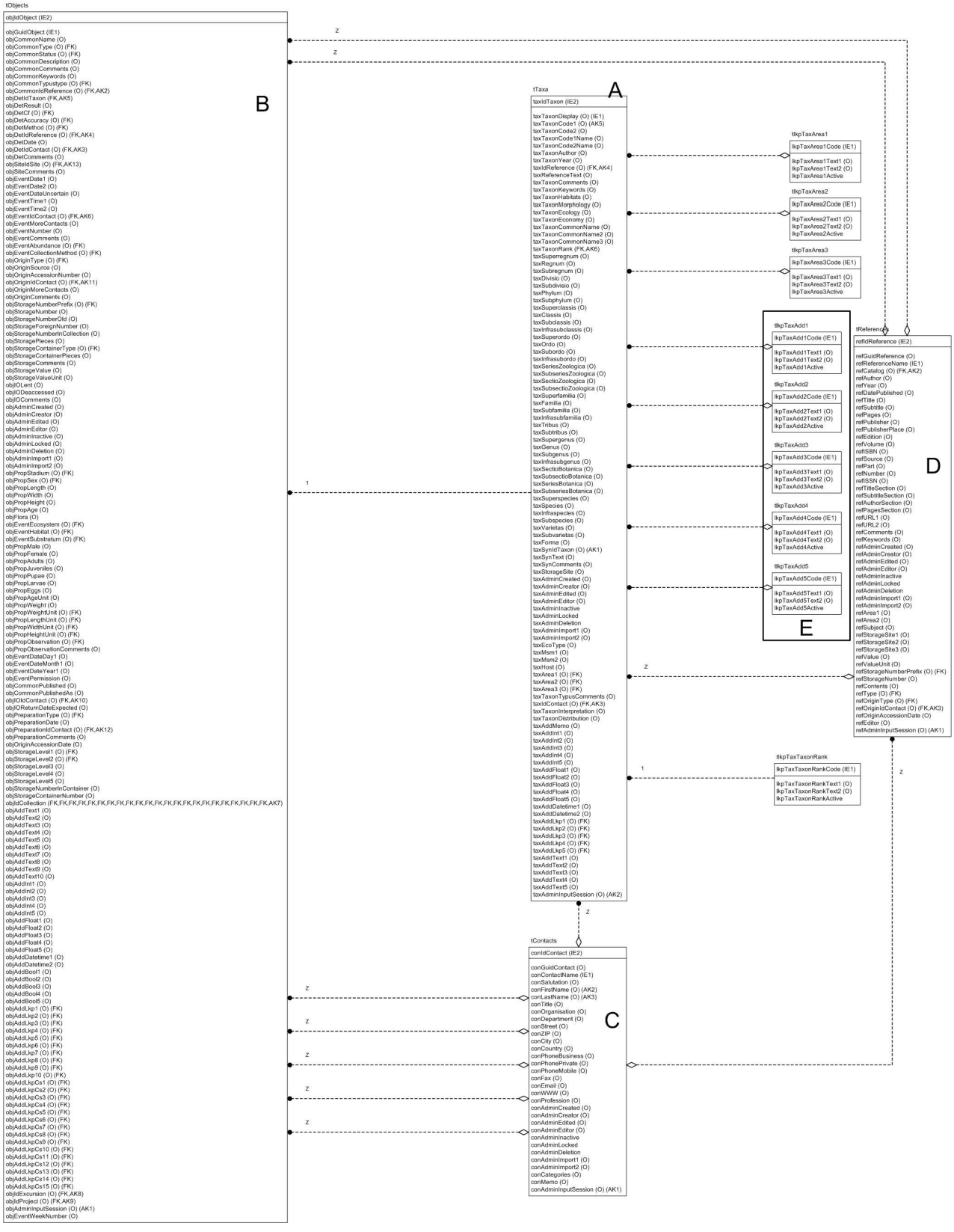


Abbildung 26: Darstellung von tTaxa.(Eigener Entwurf)

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 28.

Die (1)Datensatzliste stellt die Daten in Tabellenform dar und ermöglicht deren Editierung. Durch den Rechtsklick auf ein Taxon öffnet sich ein (2)Kontextmenü mit dessen Hilfe Objektlisten, Fundortslisten, Verbreitungskarten und Rasterkarten erstellt oder Datensätze gelöscht werden können. Ein Taxoneintrag kann nur dann gelöscht werden, wenn keine Objektdaten daran angebunden sind. Indem man die Spaltenköpfe aus der Datensatzliste in das (3)Gruppierfeld zieht, ist es möglich die angezeigten Felder zu gruppieren (siehe Abbildung 27). Der (4)Detailbereich ermöglicht die Editierung des selektierten Datensatzes. Außerdem zeigt der Detailbereich genaue Informationen zu einem Datensatz an, wobei über die (5)Registerkarten mehrere Spezialbereiche zur Ansicht bereit stehen. Während für eine einfache Suche von Taxa die (6)Schnellsuchfelder zur Verfügung stehen, kann die Suche durch die Aktivierung des (7)Filtermodus auf bestimmte Suchkriterien eingeschränkt werden. Als Suchkriterien im Filtermodus können die Schnellsuchfelder und sämtliche Datenfelder des Detailbereichs verwendet werden.

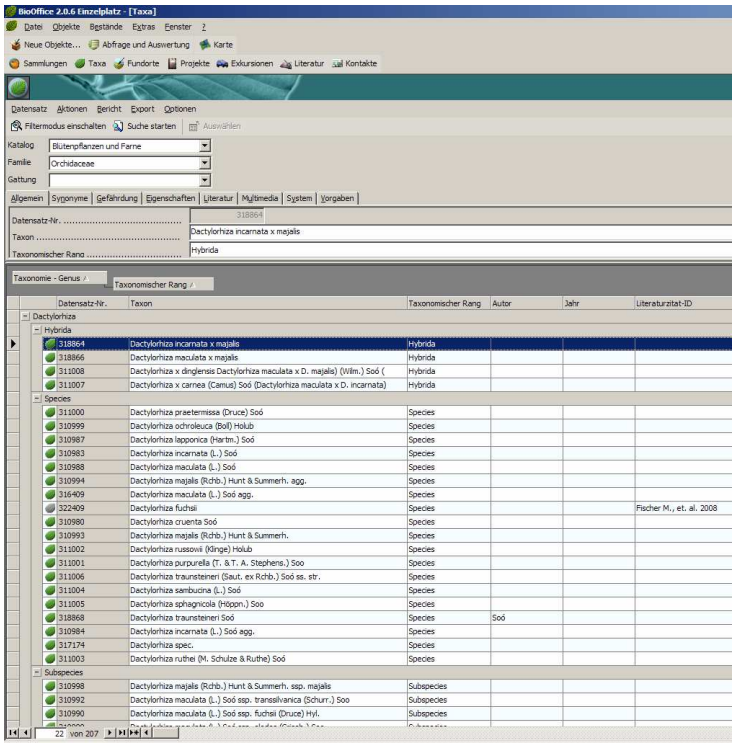


Abbildung 27: Gruppierung der Orchidaceae nach dem Genus und ihrem taxonomischen Rang.(Eigener Entwurf)

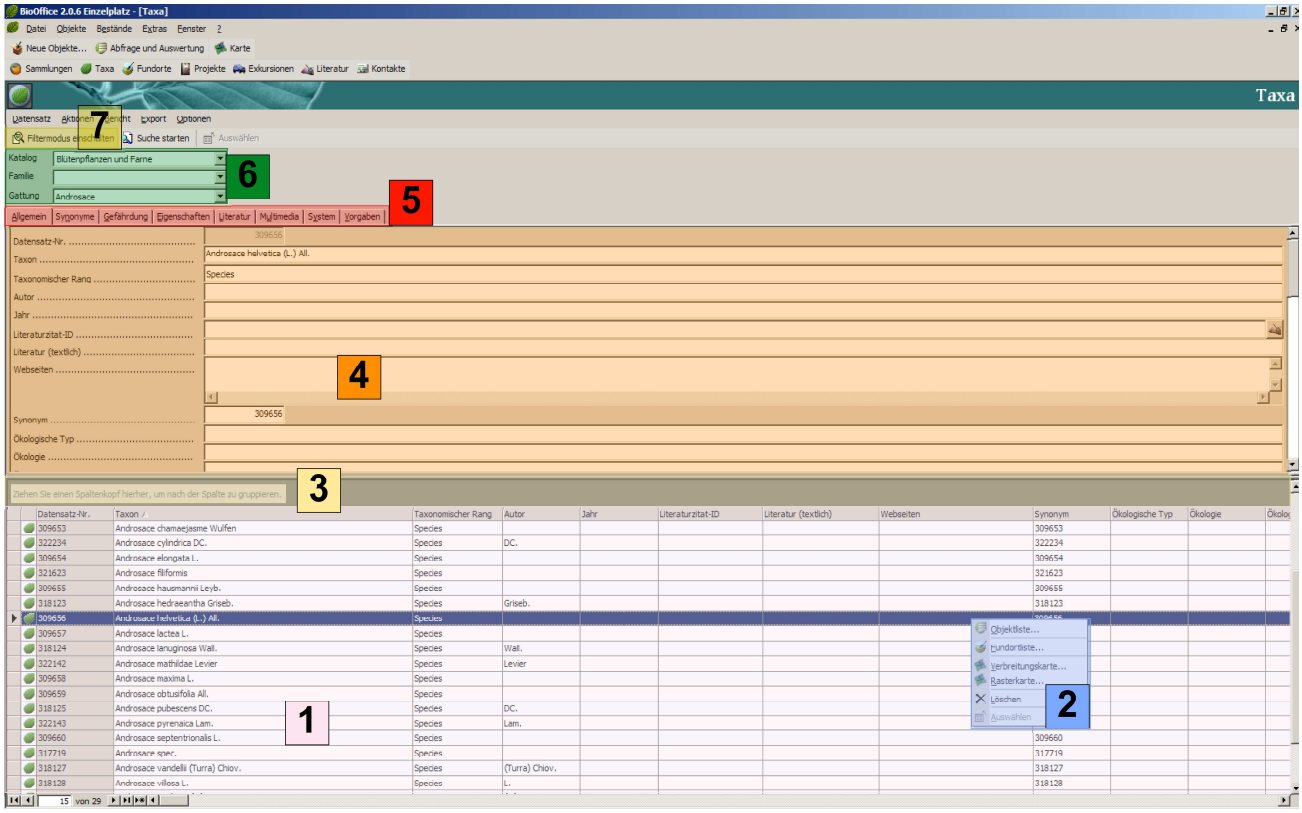


Abbildung 28: Der Taxon-Explorer.(Eigener Entwurf)

Der Taxon-Explorer bildet das zentrale Formular um Taxa zu erstellen und zu bearbeiten.

Er bietet eine Vielzahl an Optionen die das Auffinden und Verwalten der Taxa sowie den Erhalt eines sauberen Datenbestandes merklich unterstützen. Nun ist es, wie in Kapitel 4.5 beschrieben, immer wieder der Fall das Taxa im Zuge des fortschreitenden Gewinnes an Erkenntnis, an neue Verwandtschaftsverhältnisse anzupassen sind. Um mit der Forschung schritt zu halten, kann man sich in BioOffice der Synonymverwaltung bedienen, welche in den Taxon-Explorer eingebettet wurde.

An den aufgelisteten Taxa kann man ihren nomenklatorischen Status auf zweierlei Wegen feststellen. Ein grünes Laubblatt links des Taxonnamens zeigt, dass dieser Name bei der letzten Kontrolle mittels Fachliteratur als der Akzeptierte galt, wohingegen ein graues Laubblatt den Status der Synonymie ausdrückt.

Um nun zu erfahren ob und wie viele Synonyme ein Taxon hat sowie vice versa welchem Taxon ein Synonym nun zuzuordnen ist, kann man sich der Registerkarte „*Synonym*“ bedienen. Die Funktionen dieser Registerkarte ermöglichen auch die schnelle und einfache Ausweisung der Taxa als Synonym sowie, im Falle von Revisionen, die durch nur einen Mausklick mögliche Reaktivierung eines Synonyms in den akzeptierten Status. Eine soweit als möglich vollständige Liste an Synonymen ist nicht zuletzt beim Arbeiten mit sehr alten Datenbeständen äußerst hilfreich. Hier

lässt sich, durch das Heranwachsen des Datenbestandes an Taxa, auch die vorangehende Vorbereitungszeit erheblich reduzieren.
Der Taxon Explorer weist Funktionen auf, die eine schnelle Übersicht über den Datenbestand von einem oder mehreren Taxa erlauben. Neben den hierarchisch geordneten Schnellsuchfeldern Katalog, Familie und Gattung besteht noch die Option einer Suche im Filtermodus. Die Suche von Taxa über den Filtermodus ermöglicht auf einfache Weise viele Kriterien einzubeziehen. Zu den ausgewählten Taxa können Objektlisten und Fundortlisten abgerufen sowie Verbreitungskarten und Rasterkarten erstellt werden. Ebenso lassen sich individuell gestaltete Berichte mit den gewünschten Taxa erstellen.
Um neue Taxa in der Datenbank anzulegen und abzuspeichern, müssen zumindest der Name des Taxons sowie dessen taxonomischer Rang angegeben werden. Dabei gilt die Kombination aus dem wissenschaftlichen Namen mit dem/den Autor(en), neben der Datenbankinternen ID, als einzigartiges Identifikationsmerkmal eines Taxons. Zu einem Taxon sollten möglichst umfangreiche Informationen vorhanden sein. Wenn es beispielsweise um die Gefährdung von Arten geht, Stichwort Naturschutz, bietet BioOffice die Möglichkeit einem Taxon mehrere Gefährdungskategorien zuzuweisen. In diesem Sinne lassen sich Gefährdungskataloge mit den oft recht unterschiedlichen Gefährdungsgraden konfigurieren.
Weiters können Kataloge zu Eigenschaften von Taxa, wie zum Beispiel deren Vorkommen in bestimmten Ländern, angelegt werden.
Sowohl der Taxon Explorer als auch einige der anderen Einheiten in BioOffice erlauben das Hinzufügen, respektive Verknüpfen von Multimedia-Dateien mit einem Datensatz. Diese Dateien, also beispielsweise Abbildungen oder Textdokumente, werden extern abgelegt um die Datenbank nicht unnötig zu überlasten. Die Datenbank speichert also nur den Pfad zur Datei, wodurch ein weitsichtiges Konzept bezüglich der Strukturierung dieser Dateien enorme Bedeutung erlangt.

Durch Taxa-Kataloge lassen sich Taxa nach den vom Bearbeiter gewünschten Kriterien zusammenfassen. Diese Kataloge ermöglichen in weiterer Folge einen schnellen Zugriff auf Taxa die zum Beispiel während einer Exkursion oder durch einen bestimmten Datensammler, etc. erhoben wurden. Obgleich jedes Taxon einer beliebigen Anzahl an Taxa-Katalogen zugeordnet sein kann, wird es, identifiziert durch das Feld *taxIdTaxon*, nur ein einziges Mal in der Datenbank, respektive der Tabelle *tTaxa* gespeichert. Die Kataloge sind auch für die Eingabe von Objektdaten bedeutend, wenngleich der Eintrag einzelner Objektdatensätze in dieser Arbeit nicht

nötig war. Denn ab einer gewissen Größe des Datenbestandes ist es zur Vermeidung von Tippfehlern sowie aus zeitökonomischer Sicht wohl vorteilhafter solche Daten über den Import-Assistenten in die Datenbank aufzunehmen.

5.4.2.2. Fundorte

Siehe dazu Abbildung 29.

Über die Verbindung zwischen tSites (A) der Fundort-Tabelle und tExcursions (B) den Exkursionen, kann für eine Entity-Instance der letztgenannten Entity, ein Exkursionsgebiet angegeben werden. Dabei kann es sich um einen Punkt, ein Transekt oder eine Fläche handeln.

Bei der *tlkpSitAdd* Entity-Gruppe (C) handelt es sich um freie Auswahlfelder, die vom Autor am Beispiel von *tlkpSitAdd*3 als Auswahlfeld für den Bodentyp (Pseudogley, Rendzina, usw.) verwendet werden. Die Funktion der Auswahlfelder wurde bereits in Kapitel 5.4.2.1 ausführlich beschrieben.

Zur Speicherung der Koordinaten kann leider keine Darstellung vorgelegt werden. Diese Tabelle und deren Relationen beruhen, wie auch jene der Gefährdungskategorien, auf einer eigenen Lösung die, in Absprache mit den Inhabern der Softwarelizenz, an dieser Stelle verständlicherweise nicht weiter ausgeführt werden soll.

Abbildung 29: Darstellung von tSites.(Eigner Entwurf)

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 30.

Die (1)Datensatzliste stellt die Daten in Tabellenform dar und ermöglicht deren Editierung. Durch den Rechtsklick auf einen Fundort öffnet sich ein (2)Kontextmenü mit dessen Hilfe Objektlisten und Karten erstellt oder die selektierten Datensätze bearbeitet und gelöscht werden können. Indem man die Spaltenköpfe aus der Datensatzliste in das (3)Gruppierfeld zieht, ist es möglich die angezeigten Felder zu gruppieren (siehe Abbildung 27). Mithilfe der (4)Suchfelder lassen sich Fundorte nach den verlangten Kriterien herausschälen. Dabei kann die Suche durch die Angabe räumlicher Kriterien ergänzt werden.

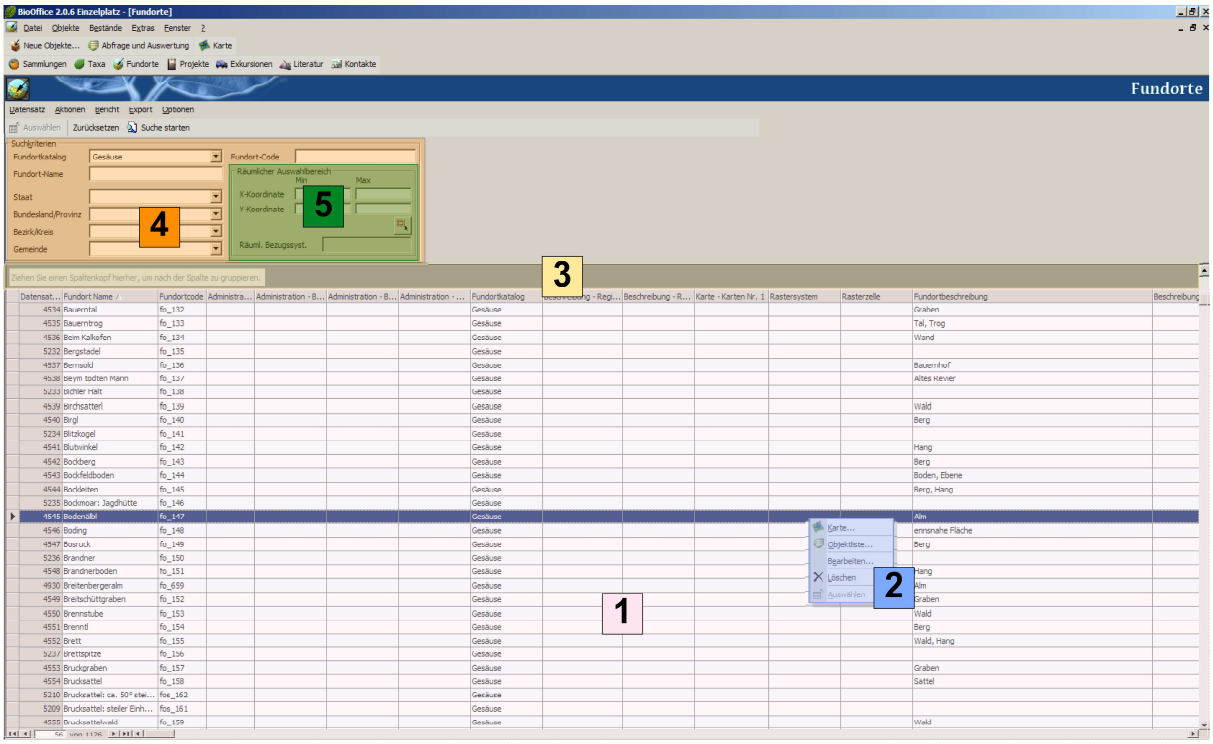


Abbildung 30: Fundort-Tabelle.(Eigener Entwurf)

In BioOffice können Fundorte in Form von Punkten, Linien oder Flächen vorliegen. Da in der Software ein GIS-Modul (MapObjects) eingebettet wurde, lassen sich Fundorte im Kartenfenster sowohl anzeigen als auch verorten.

Im Rahmen dieser Diplomarbeit wurden ausschließlich botanische Daten bearbeitet deren Fundorte im Durchschnitt eine Fläche von ca. 10-20 m² aufwiesen. Dadurch lässt sich die ausnahmslose Verwendung punktförmiger Fundorte im Zuge dieser Arbeit erklären.

Durch linienförmige Fundorte lassen sich Transekte darstellen, während ein flächiger Fundort beispielsweise für Biotopkartierungen genutzt werden kann. Beim Anlegen flächiger Fundorte werden die Koordinaten jedes Vertex in der Koordinatentabelle der Datenbank angelegt. So kommt es durch die häufige Verwendung von Flächen als

Fundort und der daraus entstehenden Datenmenge vor allem bei Abfragen mit räumlichen Kriterien schnell zu längeren Wartezeiten. Von einer achtlosen Verwendung flächiger Fundorte ist daher, allein aus diesem Grunde, bereits abzuraten.
Um dies zu vermeiden, ist es möglich im Zentrum der als Polygon-Shapes vorliegenden Fundorte jeweils einen Punkt zu setzen, welcher in weiterer Folge anstelle eines Polygons in der Datenbank als Fundort fungieren soll. Das Polygon.Shape kann nach bedarf in das Kartenfenster geladen werden.
In BioOffice können durch die Verschneidung von Fundorten und Polygon-Shapes Rasterkarten generiert werden. So können zum Beispiel Taxa auf ihr Vorkommen in bestimmten Biotoptypen hin Untersucht und graphisch Dargestellt werden.

Zu einem Unikat wird ein Fundort durch den Fundort-Code. Dies liegt darin begründet, dass meist schon für ein kleines Gebiet mehrere Fundorte vorliegen, sodass eine mehrfache Verwendung derselben Namen für benachbarte Fundorte durchaus üblich ist. Nach welchen Kriterien ein Fundort seinen Namen erhält leitet zu einer wichtigen Thematik über, nämlich der Bearbeitung, Aufbereitung und dem Import von Fundorten, die in Kapitel 5.5.5.2 im Fokus steht.

Wie zuvor beim Taxon-Explorer beschrieben, können auch Fundorte in Fundortkatalogen zusammengefasst werden. Der Unterschied zu den Taxa-Katalogen besteht darin, dass ein Fundort nur einem einzigen Katalog zugeordnet werden kann. Dies lässt sich unter Anderem damit begründen, dass zumindest über GPS verortete Fundorte wenn überhaupt, dann meistens nur vom selben Datensammler oder im Zuge eines Monitorings mehrmals verwendet werden.

Um die Fundorte und in diesem Sinne die zugehörigen Objektdaten im Kartenfenster darstellen zu können, muss ein Raumbezug geschaffen werden. Hierfür stehen die drei Optionen (1)Verortung im Kartenfenster, (2)Zuweisung von Feldern mit Raumbezug beim Datenimport sowie (3)der manuelle Eintrag über die Fundort-Detailansicht zur Verfügung.

Für den Fall, dass zu Fundorten die bereits in der Datenbank angelegt wurden neue Daten verfügbar sind, gibt es die Option der **räumlichen Aktualisierung**. Hierbei werden den zu aktualisierenden Datenfeldern der fokussierten Fundorte, die adäquaten Attributnamen aus der benötigten GIS-Schicht, welche ein Polygon-Shape sein muss, zugewiesen. Als einzige Voraussetzung hierfür gilt natürlich, dass sowohl

der Fundort in der Datenbank als auch das Polygon-Shape einen Raumbezug aufweisen. Diese Funktion ist überaus nützlich, da Fundorte durch eine solche Verschneidung auf unkompliziertem Weg an Information gewinnen können. Es gilt jedoch diese Arbeit sehr bedacht durchzuführen, denn etwaig zuvor bestehende Einträge in den zu aktualisierenden Datenfeldern, werden mit der Information der zugeordneten Felder unwiderruflich ersetzt.
Den Fundorten können auf dieselbe Weise wie den Taxa Multimedia-Dateien zugeordnet werden.

Für diffizilere Analysen können Fundorte mit all ihren Attributen als ESRI-Shape exportiert werden, wobei zu beachten ist, dass die angeknüpften Objektdaten in einem eigenen Schritt exportiert werden müssen.
In BioOffice ist weiters ein Export der Fundorte als Access-Datenbank durchführbar. Ein Problem erschließt sich, wenn es darum geht die Koordinaten von linienförmigen oder flächigen Fundorten in eine Access-Datenbank zu exportieren, da diese nicht die Koordinatenpaare jedes Vertex aufnehmen kann. Genauer erläutert bedeutet dies, dass die Access-Datenbank nur die maximale Ost-West und Nord-Süd Ausdehnung eines Fundortes verwaltet sodass Flächen und Linien nur ungenau exportiert werden.
Der Export von Fundorten in das BioOffice-Austauschformat ermöglicht einen praktisch reibungslosen Datenverkehr zwischen den Anwendern dieser Software. Das Format besticht durch eine Reihe von Vorteilen wie etwa dem Export sämtlicher, auch der nicht angezeigten Fundortfelder, aller Koordinaten sowie der Nachschlagewerte.

Ähnlich dem Taxon Explorer können auch bei der Abfrage von Fundorten verschiedene Suchkriterien verwendet werden. Die Variante einen Fundort über seinen Namen ausfindig zu machen birgt gewisse Risiken, da die Benennung durch den Bearbeiter, selbst unter Einhaltung aufgestellter Konventionen zur Eingabe, zu letzt immer ein subjektiver Akt bleiben wird. Das bedeutet, unter Umständen werden durch diese Form der Suche nicht alle Fundorte und in Folge dessen nicht alle Objektdaten des gewünschten Gebiets gefunden.
Daher ist es ein großer Gewinn, dass die Fundortsuche außerdem über die Definition eines räumlichen Auswahlbereiches durchgeführt werden kann. Dabei kann über die Suchkriterien der Fundorttabelle ein Auswahlbereich in Form eines Rechtecks im Kartenfenster oder direkt durch die Bestimmung der Koordinaten, festgelegt werden. Bei diesen Varianten erhält man als Ergebnis alle innerhalb dieses Rechtecks

verorteten Fundorte, auch jene denen noch keine Objektdaten zugewiesen wurden. Sollen jedoch nur Fundorte mit einer Verknüpfung zu Objektdaten in einem bestimmten Gebiet aufgezeigt werden, so bietet sich die Verwendung einer Graphik als Abfragekriterium an. Neben dem Rechteck und der Ellipse, eignet sich das Polygon besonders gut um die Fundorte einer Untersuchungsfläche (zum Beispiel entlang eines Bachlaufes) zu detektieren. Hierzu geht man jedoch nicht von der Fundorttabelle sondern vom Kartenblatt aus. Nachdem man dort das Untersuchungsgebiet eingezeichnet hat, gelangt man über eine Funktion, welche durch einen Rechtsklick auf die Graphik auswählbar wird, in den Abfrage-Manager und kann sich schließlich dort die „*Fundorte der Objekte*“ in der Fundorttabelle ausgeben lassen.

5.4.2.3. Kartenfenster

Für das auf MapObjects basierende GIS-Modul besteht nach der Meinung des Autors nicht die Notwendigkeit bestimmte Programmcodes unter die Lupe zu nehmen. Dieses Modul kann von einem Datenbankadministrator ohne erweiterte Programmierkenntnisse ohnehin nicht auf anderem (besserem) Wege genutzt werden.

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 31.

Die (1)Legende zeigt die geladenen Themen an und ermöglicht deren Aktivierung oder Deaktivierung sowie die Bearbeitung ihrer Eigenschaften. Die Reihung der Themen hat einen Einfluss auf deren Darstellung, sprich das erste Thema bildet die oberste Schicht und das letzte Thema die unterste Schicht. Die geladenen Themen werden im (2)Kartenteil dargestellt. Der Kartenteil ermöglicht neben der Darstellung von Fundorten auch deren direkte Verortung und wird für die Festlegung räumlicher Kriterien in den Bereichen Fundorte und Abfrage-Manager genutzt. Das (3)Kontextmenü ermöglicht die Anzeige der Objektliste und der Fundortdetails zu den geladenen Fundorten. Zusätzlich beinhaltet das Kontextmenü Funktionen um Graphiken und Features als räumliche Kriterien für Abfragen zu nutzen oder als neue Fundorte in die Datenbank abzulegen. Die (4)Symbolleiste stellt die notwendigen Werkzeuge zur Verortung und Selektion von Fundorten sowie zur Navigation im Kartenteil bereit. Im unteren Bereich des Kartenfensters befindet sich die (5)Statusleiste, welche Informationen zum momentan verwendeten räumlichen Bezugsystem bereithält und den Speicherpfad der aktuell genutzten GIS-Projektdatei angibt.

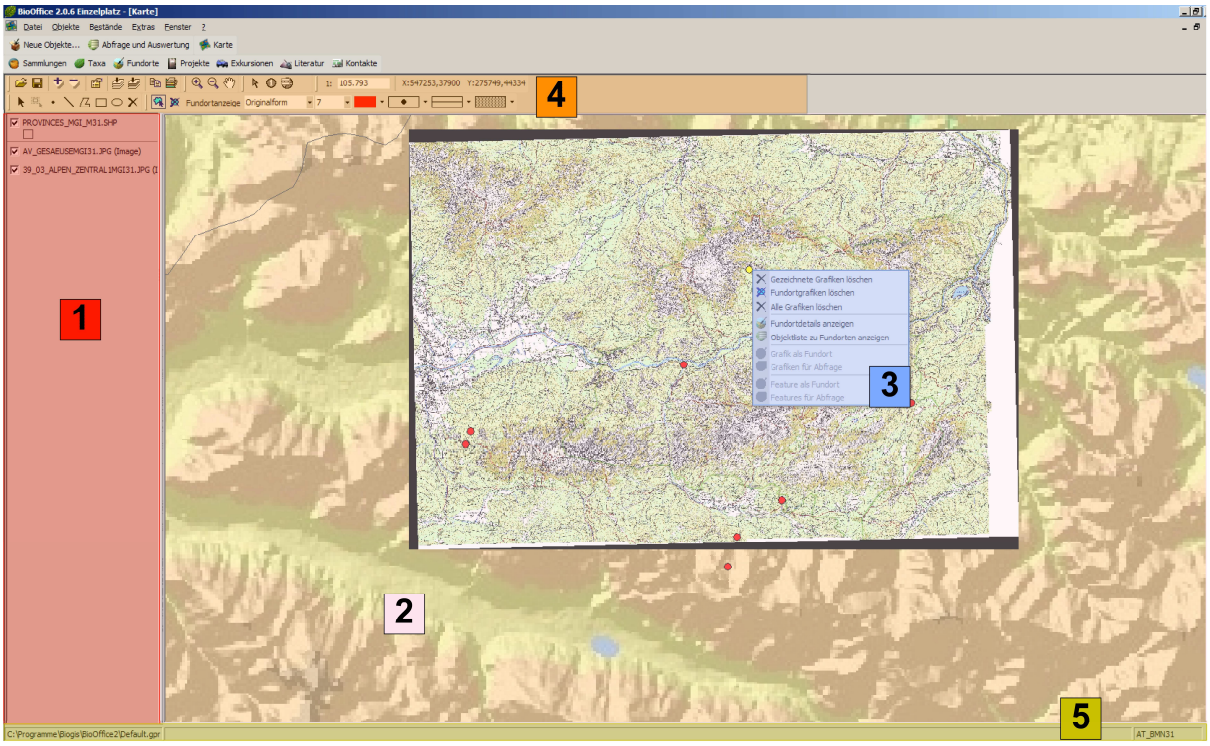


Abbildung 31: Kartenfenster in BioOffice.(Eigener Entwurf)

Die letzten Kapitel konnten bereits verdeutlichen, wie wichtig das Kartenfenster ist.
Es ermöglicht durch die Verknüpfungen zwischen Taxa, Objekten und Fundorten deren Darstellung, ausgehend von jeder der genannten Einheiten. Weiters wurde bereits bemerkt, dass es dem Anwender erlaubt ist räumliche Abfragekriterien festzulegen.
Auch eine direkte Verortung von Fundorten lässt sich im Kartenfenster durchführen und ist damit vor allem für die Verortung von Fundortsangaben ohne Koordinaten, wie bei der im Zuge dieser Arbeit bearbeiteten *Flora von Admont* aus dem Jahr 1881 sehr hilfreich.
Das Kartenfenster kann mehrere Geodatenschichten laden wobei eine große Zahl gebräuchlicher Geodatenformate unterstützt wird. Daneben besteht auch eine Vielzahl an räumlichen Bezugssystemen die nach Bedarf erweitert werden können.

Bis zu einem gewissen Grad können an den Eigenschaften eines geladenen Shapes Veränderungen vorgenommen werden. Das heißt, sowohl die Symbolisierung von Einzelsymbolen als auch die Darstellung von Werte- und Bereichsklassen können individuell angepasst werden. Der Autor möchte jedoch darauf hinweisen, dass dies einer der wenigen Punkte ist, in denen die Software nicht brillieren kann. Eine nur etwas aufwändigere Anpassung der Symbole ist relativ zeitaufwändig und wird nicht gänzlich fehlerfrei dargestellt. Hierbei muss natürlich eingeräumt werden, dass sich für ausgefeilte Darstellungen spezielle Produkte, wie jene aus ESRI Familie, besser

eignen. Zusätzlich muss angefügt werden, dass BioOffice in erster Linie nicht für grenzenlose Analysezwecke sondern, aus gutem Grund, für die Verwaltung der Daten konzipiert ist.

5.4.2.4. Objekt Editor

Die Abbildung 33 bildet die Entity *tObjects* sowie deren Relationen zu anderen Entities ab. Dabei wird die Tabelle *tTaxa* bewusst nicht mehr angezeigt, ihre Beziehung zu *tObjects* wurde bereits in Kapitel 5.4.2.1 besprochen. Diese Vorgehensweise dient der besseren Übersicht und soll, wenn möglich, auch für die anderen Datenbank-Diagramme beibehalten werden.
Zwischen den Tabellen *tObjects* (A) und *tExcursions* (B) besteht nur eine einzige Beziehung. Durch sie kann ein Objektdatensatz mit einer bestimmten, in *tExcursions* bereits vorhandenen Exkursion in Verbindung gebracht werden. Analog zu B verhält sich die Beziehung zwischen A und *tProjects* (C), die notwendig ist um ein Objekt einem Projekt zuzuweisen.
Durch die Relation zwischen *tContacts* (D) und A wird einer Entity-Instance aus A, beispielsweise der Sammler des Objektes oder dessen Präparator zugewiesen.
Auch mit der Sammlung also *tCollections* (E) steht A nur in einem einzigen Fall direkt in Verbindung. Dabei beruht die Beziehung auf den Feldern *collIdCollection* und *objIdCollection*, welche sicherstellen, dass ein Objekt einer bestimmten Sammlung zugeordnet werden kann.
Seine Fundortreferenz erhält ein Objekt aus A im Zuge dessen Relation zu *tSites* (F) also der Fundorttabelle. Auch diese Verbindung ist wenig spektakulär und zeigt lediglich an, dass ein Objekt auch ohne Fundort existieren kann. Wie (wenig) sinnvoll ein Objekteintrag ohne Fundort ist, muss wohl nicht weiter ausgeführt werden.
Die Entity A benötigt die Tabelle *tReference* (G) für Einträge wie zum Beispiel das Zitat auf dem die Bestimmung eines Objektes beruht.

Nun richtet sich der Blick auf zwei interessante Bereiche, nämlich der Gruppe der *tlkpObjAddxy* (H) also den freien Auswahlfeldern und jener der *lkpcsObjAdd* (I) also den freien sammlungsspezifischen Auswahlfeldern.
Die in H aufgenommen Werte können von jedem Objekt in A angenommen werden, egal welcher Sammlung in E es angehört währenddessen die Werte in I auf die speziellen Bedürfnisse von Sammlungen abgestimmt werden kann.
Als gutes Beispiel für H soll *objAddLkp1* dienen, welches den aktuellen Katalog der Lebensraumtypen des Umweltbundesamtes (UBA) (siehe auch Kapitel 5.5.7.3) beinhaltet. Dieser über 700 Typen umfassende Katalog, wurde in wenigen Klicks über

ODBC in diese Entity gebracht, wohingegen eine Eingabe auf konventionellem Weg über die Oberfläche von BioOffice erheblich mehr Zeit in Anspruch genommen hätte.
Auf der anderen Seite können in den Entities aus I Werte für alle Sammlungen aufgenommen werden, ein Objekt aus *tObjects* kann jedoch nur einen solchen Wert annehmen der sich auf die selbe Sammlung bezieht der auch das Objekt zugeordnet ist. Im Kapitel 5.4.2 kann der Punkt *Entities* einiges zu den Entitäten aus I erklären.
Am besten kann dies jedoch durch folgendes Beispiel erläutert werden:
Das vorgestellte Beispiel beruht auf Daten zu anderen Organismengruppen, die der Autor im Zuge seiner Anstellung beim NP Gesäuse, abseits der im Rahmen dieser Arbeit eingespielten Tracheophyta importierte.
Es soll nun die Funktionsweise der Entity *lkpcsObjAdd1* beleuchtet werden. Diese umfasst Daten zum Verhalten von Entity-Instances die den Sammlungen 67(Hummeln) und 61(Vögel) zugeteilt wurden. In Abbildung 32 ist zu erkennen, dass die erste Spalte die vorhin genannten Sammlungsnummern aufweist, das heißt, sie trägt die Information welcher Sammlung die Einträge der jeweiligen Zeile zuzuordnen sind. Die zweite Spalte beinhaltet den Code den der User im Klappfeld beim Eintragen seiner Objekte als Wert auswählen kann. Die Spalten drei und vier dienen lediglich der näheren Beschreibung der Werte aus Spalte zwei.

lkpcsObjAdd1IdCollection	lkpcsObjAdd1Code	lkpcsObjAdd1Text1	lkpcsObjAdd1Text2	lkpcsObjAdd1A
67	Pollen-buzzing			-1
67	Pollen			-1
67	Nektarraub sekundär			-1
67	Nektarraub + Pollen-buzzing			-1
67	Nektarraub + Pollen			-1
67	Nektarraub			-1
67	Nektar + Pollen-buzzing			-1
67	Nektar + Pollen			-1
67	Nektar			-1
61	Dz - Durchzügler, Wintergast	Durchzügler, Wintergast		-1
61	Bw - Brut wahrscheinlich	Brut wahrscheinlich	Balzverhalten, Warnverhalten, Nestbau, > 3 singende m	-1
61	Bn - Brut nachgewiesen	Brut nachgewiesen	Nest, unselbständige Junge, Futtertragen, ...	-1
61	Bm - Brut möglich	Brut möglich	Geeignetes Habitat oder Gesang	-1
61	0	Kein Bruthinweis	Brut am Fundort unwahrscheinlich	-1

Abbildung 32: Das freie sammlungsspezifische Auswahlfeld.(Eigener Entwurf)

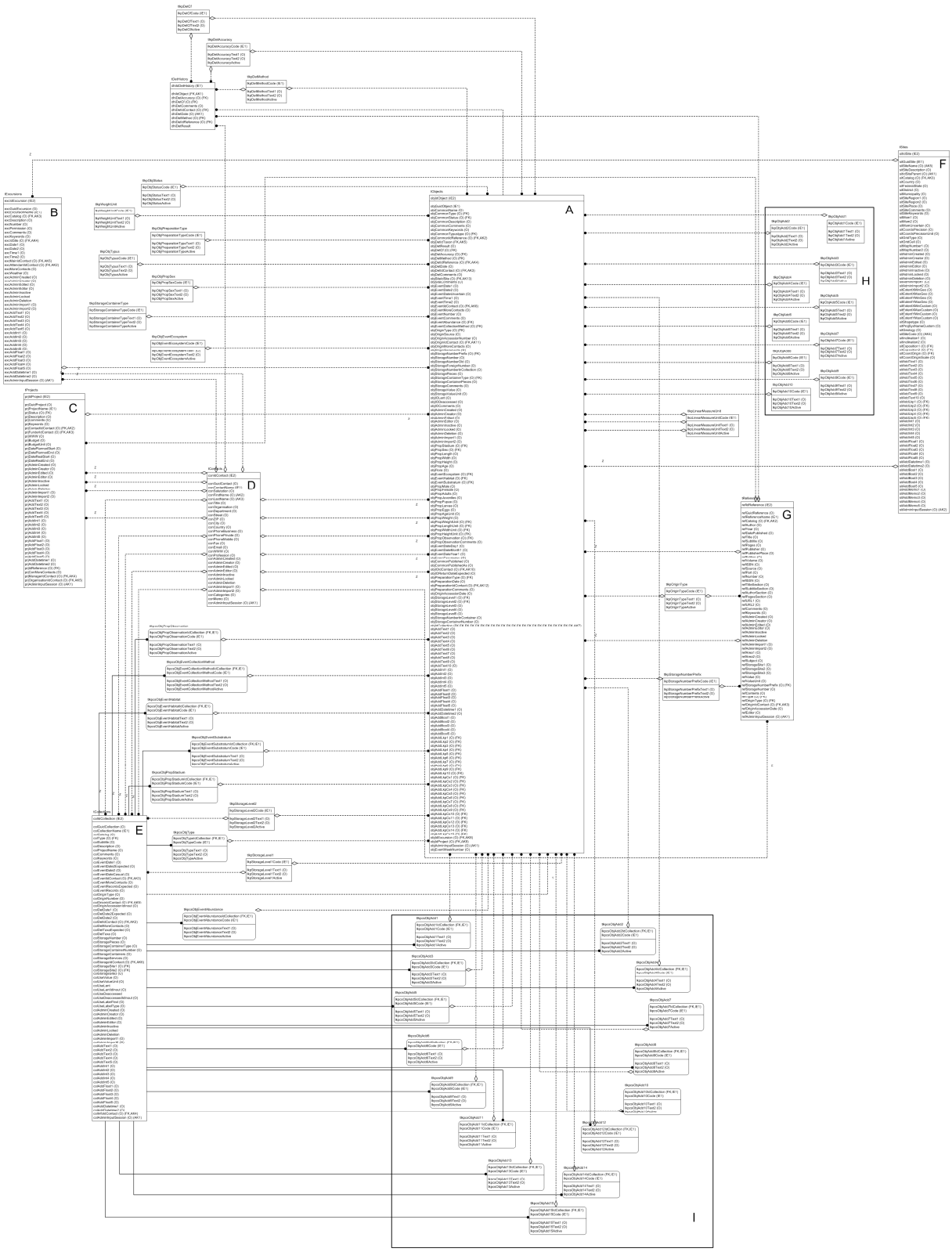


Abbildung 33: Darstellung von tObjects.(Eigener Entwurf)

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 34.

Die (1)Datensatzliste stellt die Daten in Tabellenform dar und ermöglicht deren Editierung. Durch den Rechtsklick auf einen Objektdatensatz öffnet sich ein (2)Kontextmenü mit dessen Hilfe sich Fundortslisten und Karten mit den Fundorten der selektierten Objektdaten erstellen lassen. Des Weiteren stehen Funktionen zum duplizieren und löschen von Datensätzen bereit. Indem man die Spaltenköpfe aus der Datensatzliste in das (3)Gruppierfeld zieht, ist es möglich die angezeigten Felder zu gruppieren (siehe Abb. 27). Der (4)Detailbereich erlaubt die Editierung des selektierten Datensatzes. Außerdem zeigt der Detailbereich genaue Informationen zu einem Datensatz an, wobei über die (5)Registerkarten mehrere Spezialbereiche zur Ansicht respektive zum Eintrag von Information, bereit stehen. Das Sammlungsfeld zeigt an welche Sammlung im Moment bearbeitet wird. Zu der eingestellten Sammlung werden die neu angelegten Objektdatensätze zugeteilt. Dabei bedingt die Konfiguration der Datenfelder einer Sammlung die Anzeige dieser Felder im Objekt-Editor.

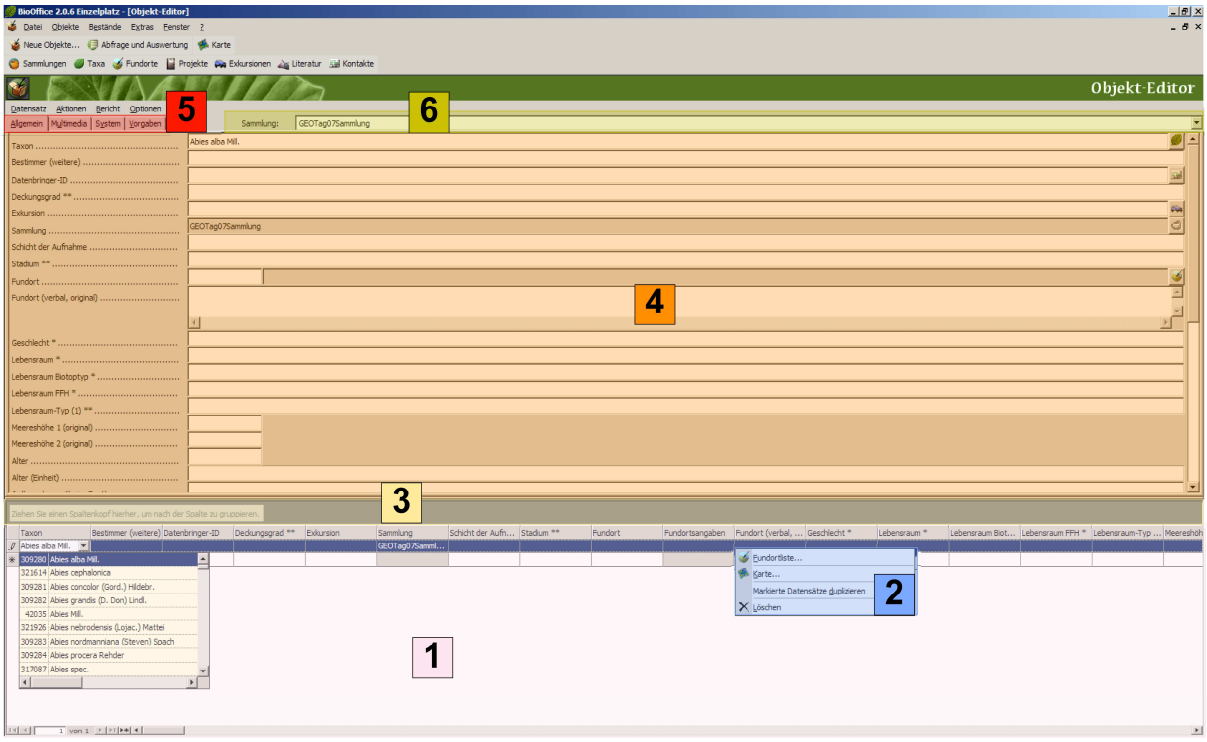


Abbildung 34: Objekt-Editor.(Eigener Entwurf)

Der Objekt-Editor bildet das zentrale Formular zur manuellen Eingabe von Objektdatensätzen. Damit wäre der Beschreibung beinahe genüge getan, da der Aufbau des Editors seinem Zweck entspricht und sehr bedienerfreundlich ist.

Bevor mit der Dateneingabe begonnen wird, ist darauf zu achten, dass die Sammlung der die Objektdaten zugewiesen werden sollen, gewählt wurde. Ein bedeutendes

Element ist die individuelle Konfigurierbarkeit der angezeigten Datenfelder jeder Sammlung sowie die Option die Feldnamen zu bearbeiten. Den Konfigurationsmöglichkeiten und deren Anwendung im Zuge dieser Diplomarbeit widmet sich Kapitel 5.4.2.7.1.

Zur Eingabe von Objektdatensätzen bleibt noch zu sagen, dass dem Objekt zumindest das Taxon zugewiesen werden muss. Für jedes Objekt wird in der Datenbank eine einzigartige Inventarnummer angelegt. Diese kann vom Anwender vorgegeben und durch die Software auf ihre Eindeutigkeit hin überprüft oder automatisch generiert werden.

Wenn neue Datensätze Informationen zu Exkursionen, Projekten, Kontakten sowie Literaturzitaten aufnehmen sollen, müssen diese zuvor in den jeweiligen Ebenen eingetragen werden. Des Weiteren ist auch hier die Verknüpfung eines Datensatzes mit einer Multimedia-Datei durch einen Pfad zu einer Datei außerhalb der Datenbank möglich.

Wie auch im Taxon-Explorer kann die Eingabearbeit von Objektdatensätzen durch die Verwendung von Vorgabewerten unterstützt werden. Gilt es also Objektdaten einzugeben die in einigen Datenfeldern den Selben Inhalt aufweisen, dann können diese als Vorgabewerte gesetzt werden.

5.4.2.5. Abfrage-Manager

Wie beim bereits vorgestellten Kartenfenster, ist auch für die Beschreibung des Abfrage-Managers keine graphische Darstellung notwendig. Informationen zu einzelnen Programmabläufen sind bei den Lizenzbesitzern der Software zu erhalten.

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 35.

In der (1)Feldauswahl können in der Standarteinstellung des Abfrage-Managers nur die konfigurierten Datenbankfelder für eine Abfrage gewählt werden. Durch die Deaktivierung der (2)Check-Box können jedoch die gesamten in BioOffice verfügbaren Felder in der Feldauswahl angezeigt werden. Für die Zusammenstellung einer Abfrage, können neben den Datenbankfeldern auch (3)Schnellauswahlfelder und (4)räumliche Auswahlkriterien genutzt werden. Zusätzlich bleibt es dem Nutzer überlassen ob (3)Synonyme bei der Suche berücksichtigt werden sollen. In der (5)Kriterienliste wird das Abfragestatement angezeigt und die logischen Operatoren festgelegt. Über die Schaltflächen (6)Objektliste, Taxa der Objekte und Fundorte der Objekte können nun diesbezügliche Abfragen nach den in der Kriterienliste getätigten Einträgen gestartet werden. Mit (7)“*Entfernen*“ und „*Alle Entfernen*“ können aus der

Kriterienliste einzelne oder alle Felder verworfen werden. Für öfters verwendete Abfragen ist es natürlich sinnvoll, diese (8)**speichern** und **laden** zu können.

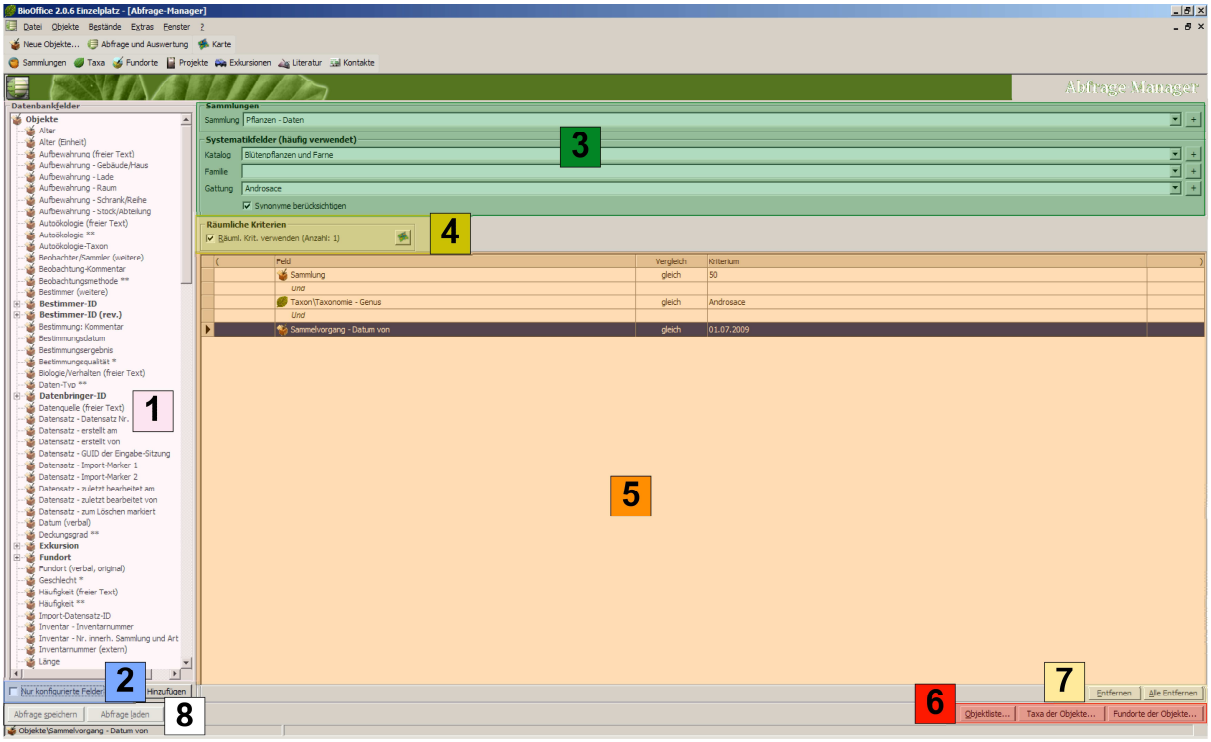


Abbildung 35: Abfrage-Manager.(Eigener Entwurf)

Der Abfrage-Manager ermöglicht die Zusammenstellung komplexer Abfragen, deren Ergebnis als Grundlage zu weiteren Analysen dient.

Eine Abfrage setzt sich dabei aus den benötigten Datenbankfeldern (Taxon- oder Fundortbezeichnung, etc.) und den *logischen Operatoren* (gleich, ungleich, ist, usw.) zusammen. Darüber hinaus können räumliche Kriterien über das Kartenfenster festgelegt werden, um die Abfrage nur auf ein bestimmtes Gebiet zu beschränken. Durch das gezielte Setzten von *Klammern* und *Stellvertreterzeichen* (* oder ?) kann auch der negative Einfluss etwaiger Tippfehler bei Datenbankeinträgen, auf das Abfrageergebnis vermindert werden.

In Kapitel 5.4.2.1 wurde bereits über den Zweck und die Notwendigkeit von Synonymen, sowie deren Verwaltung gesprochen. Im Abfrage-Manager kann gewählt werden, ob Synonyme bei einer Abfrage berücksichtigt werden sollen oder eben nicht. In der Objektliste stehen wieder die bereits vorhin genannten Varianten zum Datenexport in BioOffice zur Verfügung.

Wenn nun eine Abfrage zusammengestellt wurde, gibt es mehrere anzeigbare Ergebnissen.
Es besteht die Möglichkeit sich die

- Objektliste,
- Taxa der Objekte und
- Fundorte der Objekte anzeigen zu lassen.

Das heißt, es lassen sich Listen aller Objekte, Taxa sowie Fundorte generieren auf die die gewählten Abfragekriterien zutreffen. Dabei scheinen nur Taxa und Fundorte auf, zu denen mindestens ein Objekt erfasst wurde. Nur durch den Abfrage-Manager können Objektdaten *unterschiedlicher Sammlungen* in einer gemeinsamen Liste angezeigt oder anhand gewisser Kriterien selektiert werden.
Aus den in der Objektliste dargestellten Datensätzen lassen sich nun Karten aus den Fundorten der Objekte oder Fundortslisten erstellen. In der Objektliste kann die Sammlungszuordnung der Datensätze auf einfache Weise geändert werden.
Da beim Import von Objektdaten durchaus damit zu rechnen ist das manche Daten erst später nachgereicht werden, müssen auch zu den Problemen einer solchen Aktualisierung einige Gedanken festgehalten werden. Zur Aktualisierung von Objekt-Informationen in der Datenbank, stehen die vier Varianten (1) manuelle Eingabe im Objekt-Editor, (2) die räumliche Aktualisierung, (3) Verwendung des Batch-Assistenten und (4) Aktualisierung in Excel oder Access mit anschließendem Neuimport. Die manuelle Eingabe neuer Daten verliert ab einer bestimmten Datenmenge schnell an Attraktivität, ist aber bei nur wenigen Einträgen sicherlich zu favorisieren.
Wie auch bei der Fundorttabelle steht im Abfrage-Manager die Möglichkeit einer räumlichen Aktualisierung zur Verfügung, wenngleich an dieser Stelle die Datenbankfelder natürlich auf das Objekt bezogen sind. Die **räumliche Aktualisierung** ist wohl eher in wenigen Fällen zu bevorzugen da die wählbaren Datenbankfelder auf Informationen ausgelegt sind die spezifischer Natur sind. Zur Aktualisierung dieser speziellen Fälle, eignet sich diese Methode jedoch ausgezeichnet.
Mithilfe des **Batch-Assistenten** lässt sich ein Datenfeld automatisch mit einem neuen Wert füllen. Dies ist also eine gute Methode wenn ein bestimmtes Datenfeld vieler Objektdatensätze mit nur einem Wert zu aktualisieren ist. Bei unterschiedlichen Werten kann der Batch-Assistent nur dann sinnvoll genutzt werden, wenn sich die zu den jeweiligen Werten gehörenden Objektdatensätze im Zuge einer Abfrage leicht herausschälen lassen.

Ist diese Bedingung nicht gegeben sollten die Objektdaten extern aktualisiert und erneut importiert werden.

Beim Batch-Assistenten muss unbedingt darauf geachtet werden das gewünschte Datenfeld auszuwählen, da vorhandene Feldeinträge unwiderruflich überschrieben werden.

Sehr interessant sind die Beiden innerhalb der Objektliste wählbaren Auswertungsoptionen zur Erstellung von *Frequenz-Rasterkarten* sowie *Karten zur räumlichen Diversität*. Dabei können beide Varianten als Punkt- oder Flächenkarte dargestellt werden.

Zuerst soll hier die Frequenz-Rasterkarte besprochen werden. Über ein Polygon-Shape mit Raumbezug wird die Anzahl der Beläge in jeder Fläche des Shapes berechnet und je nach Wahl als Punkt- oder Flächenkarte ausgegeben. Diese Methode lässt sich zur Untersuchung von Taxa bezüglich deren Präsenz und Absenz sowie zur Ermittlung ihrer Anzahl der Funde pro Fläche anwenden.

Zur Berechnung der räumlichen Diversität wird ebenfalls ein Polygon-Shape mit Raumbezug verwendet, jedoch wird hier die Anzahl unterschiedlicher Attributsausprägungen pro Fläche, gezählt. Wird nun der Taxonname als so genanntes Gruppierfeld gewählt, wird die Artenzahl pro Fläche ermittelt. Daraus lässt sich in Folge eine Biodiversitätskarte generieren.

5.4.2.6. Sammlungsverwaltung

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 36.

In der (1)Sammlungsliste werden alle angelegten Sammlungen angezeigt. Durch den Rechtsklick auf eine Sammlung öffnet sich ein (2)Kontextmenü das die Optionen eine *Objektliste* sowie eine Karte mit den *Fundorten der Objekte* zu erstellen bereithält. Im Gegensatz zu anderen Ebenen in BioOffice, wie etwa dem Taxon-Explorer, können in der Sammlungsliste nicht mehrere Datensätze gleichzeitig selektiert werden. Der (3)Detailbereich zeigt genaue Informationen zu einem Datensatz und ermöglicht die Bearbeitung der selektierten Sammlung. Dabei stehen über die (4)Registerkarten mehrere Spezialbereiche zur Ansicht und Editierung bereit. Durch die Aktivierung des (5)Filtermodus kann eine Suche anhand von im Detailbereich festzulegender Kriterien durchgeführt werden.

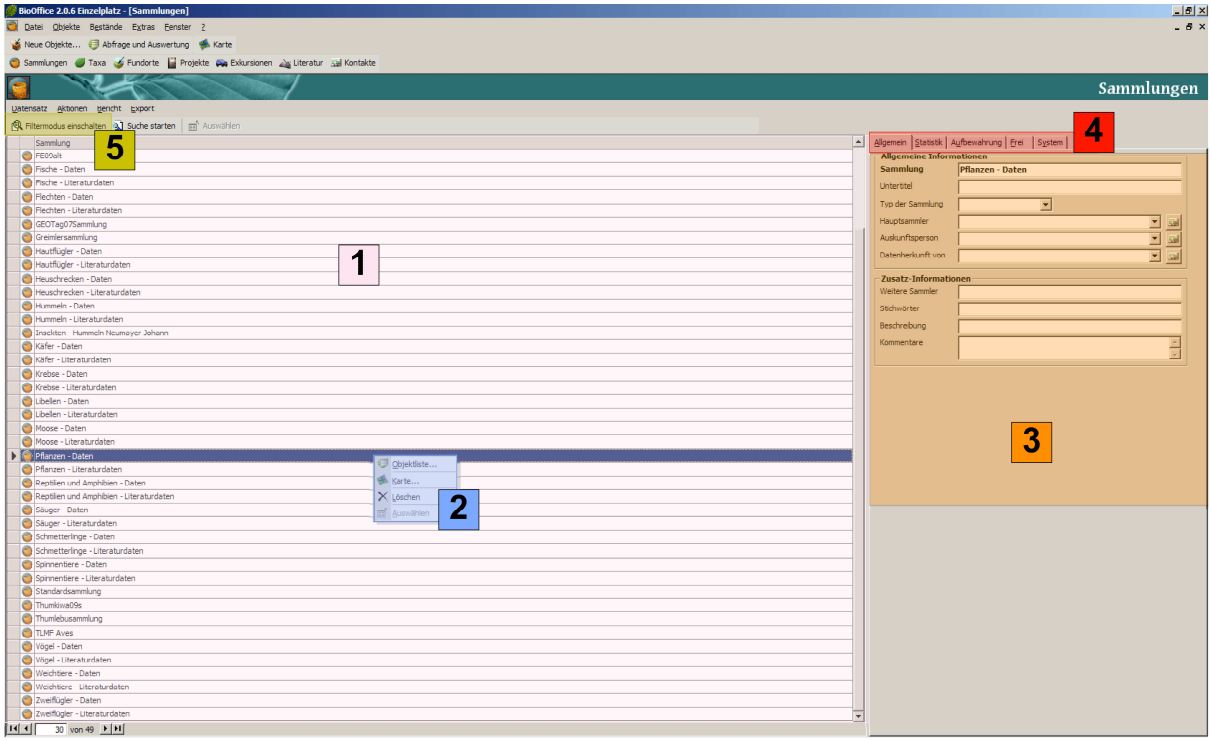


Abbildung 36: Sammlungsverwaltung.(Eigener Entwurf)

Die Stellung der Sammlung in BioOffice ist eine sehr zentrale, denn sie bildet die Grundlage für eine Reihe von Konfigurationsmöglichkeiten. Als Grundregel gilt, dass jedes Objekt einer Sammlung zugeordnet sein muss und nur einer Sammlung zugeordnet sein kann. Will man also eine Sammlung löschen, müssen zuvor alle ihr zugeordneten Objektdaten gelöscht werden. Außerdem gilt es die sammlungsspezifische Konfiguration der Nachschlagewerte zu entfernen.

Über die Sammlungsverwaltung ist es möglich eine Objektliste, sowie eine Karte mit den Fundorten der Objekte für eine einzelne Sammlung zu erstellen. Die Anzeige der Objektliste kann bei einer Sammlung mit einem großen Datenbestand schnell zu langen Wartezeiten bis zu ihrem vollständigen Aufbau führen. Daher sollte, sobald nach gewissen Objektdaten gesucht wird, der Abfrage-Manager genutzt werden.

5.4.2.7. Tabellen zu Kontakten, Literatur, Projekten und Exkursionen

Die Oberfläche:

Siehe dazu Abbildung 37.

Da diese Formulare jeweils auf einen bestimmten Zweck ausgerichtet sind ist ihr Aufbau recht einfach. Die (1)Datensatzliste zeigt die vorhandenen Datensätze an. Der (2)Detailbereich der durch (3)Registerkarten in mehrere Spezialbereiche aufgeteilt ist enthält Informationen zu dem selektierten Datensatz. In den Formularen können neue Datensätze erstellt und deren Metadaten bearbeitet werden. Durch die

(4)Buttons im unteren Teil der Formulare können Daten exportiert oder eine Suche im Filtermodus gestartet werden.

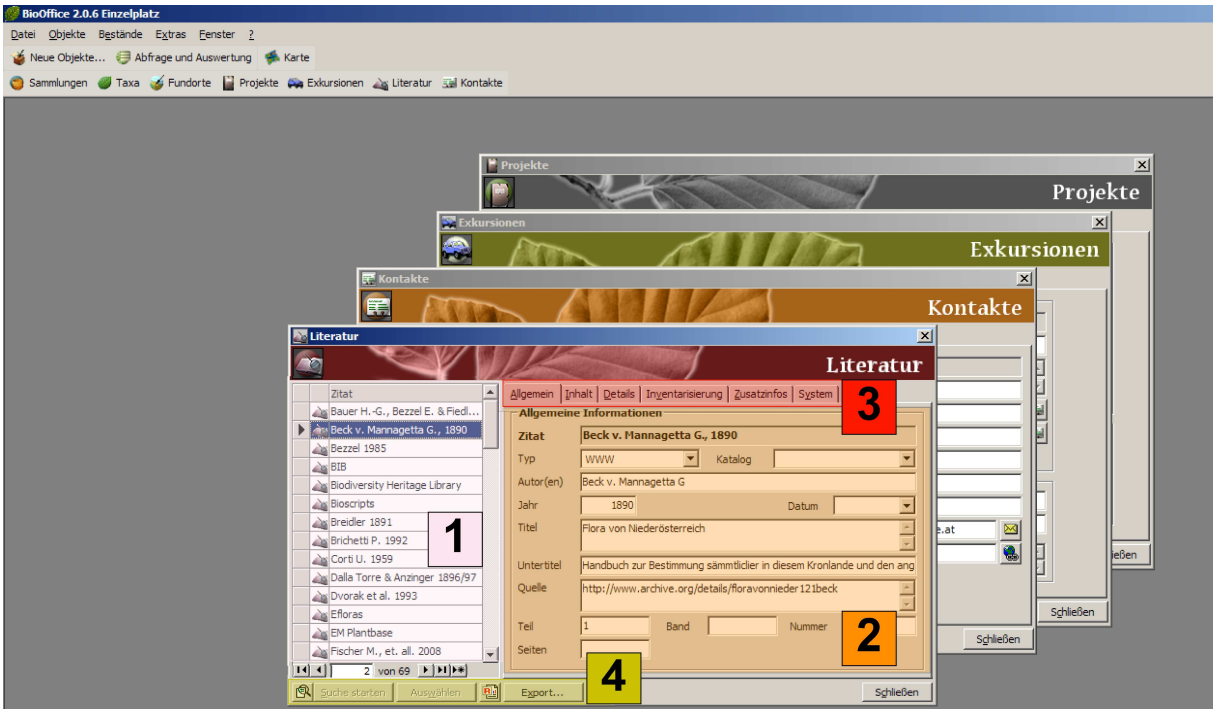


Abbildung 37: Literatur, Kontakte, Exkursionen und Projekte.(Eigener Entwurf)

Der Gebrauch dieser Formulare bedarf nicht vieler Worte, da deren Funktionalität als intuitiv anzusehen ist. Für die Diplomarbeit wurden mehrere Literaturzitate und Kontakte angelegt, bei der Arbeit an anderen Organismengruppen galt es auch Exkursionen und Projekte einzutragen. Erstere sind als Zusatzinformation beim anlegen von Taxa unverzichtbar, und gelten zum Beispiel als Referenz für die Nomenklatur eines wissenschaftlichen Namens. Die Kontakteinträge ermöglichen es den für eine Aufnahme zuständigen Feldforscher auf einen Blick auszumachen und mit ihm Verbindung aufzunehmen.

5.4.2.7.1. Konfigurationen

BioOffice erlaubt es dem User einzelne Bereiche der Software an seine Bedürfnisse anzupassen. In diesem Kapitel sollen die auf den vorigen Seiten bereits angesprochenen Konfigurationsmöglichkeiten aus Gründen der Übersicht zusammenfassend dargestellt werden.

- geographische Daten

Die Konfigurationsmöglichkeiten zu geographischen Daten beziehen sich vor allem auf verschiede Optionen bei der Eingabe eines neuen Datensatzes. Dabei können

die Koordinaten in verschiedenen Formaten eingegeben werden, zum Beispiel BMN, UTM oder geographischen Koordinaten in Form von Grad/Minuten/Sekunden. Auch via GPS-Gerät aufgezeichnete Fundortkoordinaten können als Fundorte importiert werden. Diese Option besteht für Fundorte welche über GPS-Empfangsgeräte der Firma Garmin ermittelt wurden.

- Feld-Editor und Nachschlagewerte

In BioOffice können die Feldnamen im **Feld-Editor** insofern frei konfiguriert werden wie es der, für das jeweilige Datenbankfeld verwendete Datentyp möglich, beziehungsweise sinnvoll macht. Wenn es um die Namenskonfiguration der Datenbankfelder mit Hilfe des Feld-Editors geht, gilt es primär zwischen dem *datenbankinternen* und dem *angezeigten Feldnamen* zu unterscheiden. Während der erstgenannte über die BioOffice-Oberfläche nicht verändert werden kann, ist es möglich den in den Tabellen angezeigten Feldnamen nach eigenem Ermessen zu benennen. Zusätzlich kann der Verwendungszweck jedes Datenbankfeldes im Feld *Beschreibung* noch näher definiert werden. Im Anhang geben die Abbildungen 36 bis 54 genaue Auskunft über die vom Autor mit ihrer Standartbezeichnung genutzten, sowie die an die speziellen Anforderungen des Nationalparks angepassten Bezeichnungen bestimmter Spaltennamen.
Dabei kann neben dem in den BioOffice Tabellen angezeigten Feldnamen auch jene Bezeichnung der Feldnamen angegeben werden, wie sie im Falle eines Exports als Shape-File in der dortigen Tabelle vorliegen sollen. Der Feldname für die Shape-Datei darf 10 Zeichen nicht überschreiten.
In der verwendeten Softwareversion 2.0.6 können nur die Feldnamen der Taxa- und der Objekttabelle verändert werden, jedoch versprechen zukünftige Versionen diesbezüglich die notwendige Erweiterung auf weitere Tabellen. Hierbei fiel auf, dass im Besonderen bei den Fundorten die Option Feldnamen zu editieren als eines der wichtigsten Ziele für die kommende Version von BioOffice anzusehen ist. Als ein Problem-Beispiel von vielen sei hier der *Deckungsgrad der Moosschicht (%)* zu nennen welcher in der Fundorte - Tabelle einem *freien Textfeld* zugeordnet ist. Da jedoch der Feldname *freies Textfeld* nicht geändert werden kann, muss jeder Feldeintrag als *Deckung Moosschicht (%): xy* ausgeschrieben werden. Für eine weiterführende Auswertung der Daten ist momentan also ein zusätzlicher Schritt notwendig, um den Text von dem Zahlenwert zu scheiden.

Ein Blick auf die vorhin genannten Abbildungen zeigt, dass die Entwickler den User hierbei sowohl durch eine voreingestellte Palette an Standart-Feldern unterstützen,

als auch zusätzlich noch eine große Zahl an frei verwendbaren Textfeldern, Auswahlfeldern, Ganzzahlfeldern usw. zur Verfügung stellen.
Dabei soll an dieser Stelle noch ein genauerer Blick auf die Auswahlfelder geworfen werden. Für die Auswahlfelder können vom User nämlich Nachschlagewerte festgelegt werden welche bei der Dateneingabe erstens zeitökonomische Vorteile mit sich bringen und zweitens Tippfehler ausschließen. In der Dateneingabe sind die Nachschlagewerte über ein Drop-Down Menü auswählbar. Ein im Zuge dieser Arbeit eingeführtes Auswahlfeld ist zum Beispiel der Biotoptypenkatalog des Umweltbundesamtes, der durch die Selektion über das Auswahlfeld stets korrekt in seiner Bezeichnung und seinem Code eingetragen werden kann. Es gilt dabei zwischen *freien* und *sammlungsspezifischen Auswahlfeldern* zu unterscheiden. Während die freien Auswahlfelder für alle Sammlungen relevant sind und für mehrere BioOffice-Tabellen Konfigurationsmöglichkeiten bieten, lassen sich die sammlungsspezifischen Auswahlfelder, auf Objektebene, für jede Sammlung gezielt anpassen.

- Feldkonfiguration

Über die Anpassung der Feldnamen hat bereits der vorherige Punkt Auskunft gegeben. Durch die Feldkonfiguration können für die Bereiche *Abfrage-Manager*, *Objekt-Eingabe/Bearbeitung*, *Objekt-Liste(Abfrageergebnis)* sowie *Taxa Eingabe/Bearbeitung* nur die vom Nutzer gewünschten Felder angezeigt werden. Dabei stellt der Bereich der Objekt-Eingabe/Bearbeitung einen Sonderfall dar. Hierbei bezieht sich die Konfiguration der Datenfelder auf sammlungsspezifische Interessen, denn beispielsweise benötigt man bei der Aufnahme von Objektdaten zu Fungi andere Datenfelder als bei einer Erhebung der Lepidoptera eines Gebietes von nutzen wären.

Die getroffenen Feldkonfigurationen aller genannten Bereiche können gespeichert, und auf einer anderen Datenbank angewandt werden. Da beim Speichern der Feldkonfiguration auch die getroffenen Feldbezeichnungen mitgesichert werden, hat man die Möglichkeit auch diese in eine andere Datenbank zu laden.
Es ist ratsam zu den Feldkonfigurationen einer Datenbank immer aktuelle Sicherungen anzulegen, da beim Laden einer fremden Konfiguration die zuvor getroffenen Einstellungen unwiderruflich verloren gehen können.

5.5. Datenaufbereitung und Import – Schritte zu einer Biodiversitätsdatenbank

Der Import von Daten stellt ein heikles Thema dar, denn obgleich seine schlussendliche Durchführung recht unkompliziert, ist gibt es im Vorfeld einiges zu beachten. Das Erste der nun folgenden Unterkapitel soll die theoretischen Grundlagen und Möglichkeiten für einen Datenimport in BioOffice darstellen. Daraufhin folgt ein Kapitel das die Aufbereitung des Datenbestandes beleuchtet wobei Probleme und Lösungswege gleichermaßen aufgezeigt werden.

5.5.1. Import – BioOffice-Austauschformat und Access-MDB

Gleich zu Beginn muss gesagt sein, dass es sehr ratsam ist die Datenbank vor einem Importvorgang zu sichern, da durch eine fehlerhafte Konfiguration der Import-Eingabemaske Daten unwiderruflich überschrieben werden könnten oder Redundanzen in mühsamer Arbeit zu eliminieren sind.

Der Datenimport in BioOffice kann über eine BioOffice-Austauschdatei oder eine Access-Datenbank erfolgen. Für Nutzer mit SQL Kenntnissen sowie jenen die mit Access sehr vertraut sind, besteht außerdem die Möglichkeit die Datenbank von anderen Benutzeroberflächen ausgehend zu bearbeiten.
Als wichtige Bedingungen bezüglich des Imports gilt es Redundanzen sowie den Verlust von Daten auszuschließen. Um diesem Ziel gerecht zu werden müssen die Daten sorgfältig aufbereitet und eine Importstrategie entwickelt werden.

(1) BioOffice - Austauschdatei

Durch die BioOffice-Austauschdatei ist ein in nur wenigen Schritten durchführbarer Import möglich.

Zusammengefasst bestehen sind diese Schritte aus

- der Angabe der Quelldatei
- dem markieren jener Datenbereiche die importiert werden sollen
- der Freigabe oder Verweigerung bestehende Datensätze zu aktualisieren sowie
- den Einstellungen zu Sonderoptionen für den Import von Objekten, Taxa, und Fundorten.

Wenn Datensätze aktualisiert werden sollen muss klar sein, durch welches Datenfeld ein Datensatz eindeutig gekennzeichnet wird.

Bei **Objektdaten** erfolgt der Vergleich zwischen Quelldaten und den zu importierenden Daten über einen *GUID (Globally Unique Identifier)*. Dies ist eine aus 32 Zeichen bestehende Zeichenkette, die durch Werte des Hexadezimalsystems (0-9, A-F) gebildet wird. Da die GUID eine Zahl aus 128bit ist und damit rund $3{,}4 \times 10^{38}$ unterschiedlicher Schlüssel generieren kann, ist es eigentlich nur rein theoretisch möglich auf einen Objektdatensatz aus einer anderen BioOffice-Datenbank mit der Selben GUID zu treffen.

Beim Import von **Taxa** können die Datensätze über den Taxonnamen oder den Taxoncode identifiziert werden. Auch über den Umgang mit Taxa-Katalogen muss entschieden werden. Dabei besteht die Möglichkeit die Kataloge der Quelldatei zu übernehmen oder den Taxa einen bestehenden Katalog zuzuweisen.

Die Identifikation des **Fundortes** kann durch die Fundort-GUID sowie den Fundortcode erfolgen. Hier besteht die Option die Fundort-Kataloge der Quelldatei zu übernehmen oder die neuen Fundorte einem bestehenden Katalog zuzuordnen.

Jeder Importvorgang wird in einem **Import-Protokoll** aufgezeichnet, wodurch etwaige Importfehler nachvollzogen und korrigiert werden können.

Der Import von Daten über das BioOffice-Austauschformat bietet viele Vorteile und es wäre wünschenswert, könnte man dieses Format auch in der Praxis als Standart bei Importen verwenden. Da bis dato jedoch jede mit BioOffice arbeitende Institution, einschließlich der Nationalparks in Österreich, für sich selbst, also ohne Koordination arbeitet, kann das Format sein Potential in der Realität kaum bis gar nicht ausschöpfen. Denn was hierzu notwendig wäre, ist eine gemeinsame Konvention darüber, *welche Datenfelder wie verwendet werden* sollen respektive *müssen*. ***Dieses Manko kann nur über einen zentralen Knotenpunkt und/oder durch regelmäßige Meetings der Datenbankadministratoren nachhaltig behandelt werden*.**

(2) Access - MDB

Der Datenimport über eine Access-DB ist grundsätzlich ein einfacher Vorgang, benötigt jedoch, um das gewünschte Resultat zu erzielen, eine akkurate Vorbereitung der Daten sowie eine erprobte Importstrategie.

Der Importvorgang an sich ist nicht besonders aufwändig. Nach dem Öffnen des Import-Formulars muss der Pfad zur Quell-Datenbank angegeben und die daraus zu importierende Tabelle gewählt werden. Danach gelangt man auf das Formular

„*Import-Feldzuweisungen*“ welches besondere Achtsamkeit erfordert. Wenn man wiederholt Tabellen importiert die dieselben Datenfelder aufweisen, so ist es ratsam die Konfiguration der **Feldzuweisungen** zu speichern. BioOffice legt dabei eine Datei mit dem Suffix *.bfa2* an. Eine funktionierende Konfiguration kann nun immer wieder geladen werden, wodurch sich nicht nur der Arbeitsaufwand sondern wichtiger noch die Anfälligkeit für Fehler bei einem Import erheblich reduzieren. Außerdem kann bei einem fehlgeschlagenen Import die Konfiguration schnell optimiert werden, um diesen Arbeitsschritt zielführend abzuschließen.
Um eine Feldzuweisung zu erstellen, muss den Quellfeldern der Quell-Datenbank ein Zielfeld aus der korrekten Tabelle von BioOffice, zugewiesen werden. Dabei besteht die Möglichkeit die Daten zu Objekten, Fundorten, usw. separat oder in einem einzigen Schritt gemeinsam zu importieren.
Datenfelder aus der Datentabelle die immer denselben Wert aufweisen müssen nicht unbedingt in der Tabelle der Quell-Datenbank vorhanden sein, denn über die Festlegung eines *konstanten Wertes* kann einem Zielfeld dieser Wert zugewiesen werden. Ein *konstanter Wert* wird zum Beispiel für die Zielfelder *Sammlung (collCollectionName)* sowie *Datensatz-Import-Marker 1 (objAdminImport1)* verwendet.
Am unteren Ende des Formulars wird der Nutzer durch die Aufgabenliste dabei unterstützt grobe Verfehlungen bei der Feldzuweisung zu unterbinden. Dabei werden unbedingt notwendige Aufgaben rot angezeigt, während weniger dringende (jedoch sehr ratsame) Zuweisungen in schwarzer Schrift dargestellt werden.
Wenn die Konfiguration der Feldzuweisung abgeschlossen ist, kann der Importprozess gestartet werden. Auch hier gibt ein **Import-Protokoll** wieder eine detailreiche Auskunft über den Verlauf des abgeschlossenen Imports oder liefert meist ausreichende Hinweise zu fehlgeschlagenen Importvorgängen um für einen neuerlichen Import die notwendigen Korrekturen gezielt vornehmen zu können..

5.5.2. Datenquellen und Datenmängel

Im Allgemeinen können Daten aus diversen Quellen für zukünftige Untersuchungen und infolge dessen für den Import in die Biodiversitätsdatenbank von Interesse sein. Als häufige Datenquellen können ***Erhebungsbögen***, ***Schrifttum***, ***Herbarien*** (Museen oder Privat), ***Datenaustausch*** (z.B. zwischen Nationalparks) oder ***unsystematisch erhobenen Daten*** (Einzelbeobachtungen) genannt werden (siehe dazu auch Kapitel 2.3.1). Es ist darauf zu achten, dass die Daten von fachkundigen Wissenschaftlern stammen, respektive von Experten gesichtet werden. Denn bei der

Arbeit an der Datenbank gilt es vor allem eines zu beachten - *Garbage in, garbage out!*

Im Laufe der Arbeit wurde deutlich, dass sowohl zu Datensätzen aus sehr alten als auch aus jüngeren Aufnahmen immer wieder dieselben Probleme auftraten. So findet die Verortung eines Fundortes oft nur durch grobe Angaben statt und ist schwer nachzuvollziehen. Für heutige Analysen ist es jedoch sehr wichtig über die genaue Lokation eines Fundortes bescheid zu wissen. Dies ergibt sich aus Fragestellungen wie „*Befindet sich eine gefährdete Art in einem FFH-Gebiet?*“ oder „*Kann das kleinräumige Wuchsgebiet einer Art durch bestimmte Maßnahmen besonders geschützt werden?*“.
Dazu ist eine möglichst exakte Angabe von Koordinaten unerlässlich und sollte durch den Einsatz moderner Technik in der heutigen Zeit den Standart darstellen.

Für die Forschung sind Objektdaten aus alten Literaturangaben, wie etwa der im Zuge der Diplomarbeit bearbeiteten *Flora von Admont* von STROBL, G., P. (1881), ebenso bedeutend wie rezent erhobene Daten. Bei solchen Quellen kann die Lagegenauigkeit eines Fundortes nur aus dessen Beschreibung nachvollzogen werden. Obgleich diese teilweise relativ ausführlich ausfallen werden Fundorte oft mit Worten wie *hinter, über, vor, nach* etc. näher beschrieben. Hier gilt es, den nächsten sicher auszumachenden Landschaftspunkt aus der Beschreibung als Fundort auszuwählen, um der realen Fundstelle möglichst nahe zu kommen. Zusätzlich ist es ratsam die Fundortgenauigkeit mit anzugeben, wobei vom Autor (wie auch in Tabelle 11 ersichtlich) drei Stufen, von relativ genau über ungenau bis sehr ungenau, gewählt wurden. Für Angaben wie beispielsweise *„in den Bergwäldern und Gebirgen um Admont“* muss ein Fundort demzufolge als sehr ungenau (über 10.000m) eingestuft werden.

Als elementarste Angabe gilt „***Wer** hat **was**, **wann** und **wo** gesammelt und/oder bestimmt*“.
Zwar gibt es hierzu noch eine Reihe weiterer Attribute (siehe Abbildungen 36 bis 54), doch reicht diese Information für grundsätzliche Untersuchungen zur Verbreitung einer Art bereits aus. Muss man also aus alten Literaturdaten, wie der in der Arbeit verwendeten *Flora von Admont* von STROBL, G., P. (1881) oder der *Flora von Eisenerz* aus dem Jahr 1973, mit groben und teils nur schwer zurückzuverfolgenden Angaben zu einem Fundort auskommen, *sollte* eine derartige Generalisierung heute nicht mehr vorkommen. Nach schriftlicher Auskunft von Dr. Wolfgang DÄMON, gibt

es jedoch auch aus der ersten Hälfte des 19. Jahrhunderts viele Sammler die großen Wert auf die Angabe von Koordinaten zu einem Fundort legten. Leider konnte der Autor diese Erfahrung bei den bisher von ihm bearbeiteten Daten nicht bestätigen. Die Präzision der Koordinaten für die Untersuchung sehr mobiler Organismengruppen wie die der Aves wird natürlich dadurch relativiert, als das diese oft ein ausgedehntes Habitat okkupieren und somit eine Genauigkeit von etwa 100m allemal ausreicht. Die diesbezügliche Situation ändert sich selbstverständlich bei der Betrachtung von Tracheophyta, Gastropoda oder, um auf die Aves zurückzugreifen, Bruthöhlen und Nestern.
Doch auch in der hochtechnisierten Moderne sind präzise Koordinatenangaben leider nicht immer die Regel. Da nicht alle Sammler mit der Verwendung eines GPS-Gerätes vertraut sind, können auch in heutigen Koordinatenangaben Fehler auftreten die die Verwendung des Fundortes und diesbezüglicher Objektdaten nicht mehr zulassen. Fehlerquellen sind neben banalen Tippfehlern zum Beispiel die meist weniger schwerwiegende Angabe eines falschen räumlichen Bezugssystems.

Für die Angabe der Koordinaten steht eine große Zahl gut verwendbarer Techniken zur Verfügung. Als Beispiel sei hier das Kartieren mit GPS oder die direkte Punkteingabe im Kartenmodul von BioOffice zu vermerken. Bei der Punktverortung im Kartenmodul von BioOffice ist die Lagerichtigkeit des Fundortes natürlich stark vom zugrunde liegenden Kartenmaterial sowie von der Gewandtheit des Datensammlers im Umgang mit der Karte, abhängig.
Dabei gilt noch einmal festzuhalten, dass die benötigte Genauigkeit von der Thematik der Untersuchung abhängt. Ist es beispielsweise Gegenstand der Untersuchung mehr über das Vorkommen von *Myricaria germanica (Deutsche Tamariske)* innerhalb des Nationalparks zu erfahren könnte es wichtig sein zu wissen

- in welchen Höhenbereichen oder an welchen Gewässern sie vorkommt
- ob es bestimmte Muster hinsichtlich ihrer Verteilung gibt und
- wie groß die Population

ist.
Zusammenfassend kann also gesagt werden, dass eine genaue Verortung mittels moderner GPS Technik die Norm bei der Fundortsangabe darstellen sollte. Einer nachträglichen Verortung im Kartenmodul von BioOffice muss eine Kartengrundlage mit möglichst großem Maßstab und hohem Detailgrad zu Grunde liegen. Während durch eine Verortung auf einer Karte im Maßstab 1: 50 000 eine Abweichung von 0,2 cm in der Realität bereits eine Ungenauigkeit von 100 m bedeutet, können moderne

GPS-Empfangsgeräte diesen Wert, abhängig von der verfügbaren Anzahl an Satelliten, im Durchschnitt auf 15 m reduzieren.

Damit sich ein Datensammler der effektiven Nutzung seiner Daten gewiss sein kann, sollte er diese Anhand einer Excell-Tabelle aufbereiten. Excel bietet den Vorteil, dass einerseits die größte Masse an Sammlern weitgehend damit vertraut sein dürfte und das die Bearbeitung eines einheitlichen Formates an Zeit spart.
Um den Faktoren ***Eingabezeit*** und ***Datenqualität*** zu steigern, werden den Sammlern Excel-Tabellen in einem Standartformat als Vorlagen geschickt. Diese wurden im Zuge der Arbeit nach dem Vorbild der Tabellen von Dr. Wolfgang DÄMON, an die Bedürfnisse des Nationalparks weiter angepasst, respektive erweitert.

5.5.3. Datenbestand - Tracheophyta im Gebiet des NP Gesäuse

Das Ziel der Arbeit bestand darin, Excel-Tabellen mehrerer Sammler für einen Import in die bis zu Beginn dieser Arbeit leere Biodiversitätsdatenbank des Nationalparks vorzubereiten und in weiterer Folge zu importieren. In den betreffenden Tabellen wurden, mit einigen Ausnahmen, hauptsächlich Tracheophyta erfasst. Einige der Daten wurden in *tabellarischer Form* abgelegt, während andere in einer *Matrix* vorlagen. Gemeinsam hatten sie jedoch ihre oft großen Lücken im Datenbestand bezüglich bedeutender Angaben wie das Aufnahmedatum eines Fundes oder solchen, die zur genauen Lokalisierung des Fundortes notwendig gewesen wären.
Die ältesten Daten reichen dabei bis vor das Jahr 1881 zurück und stammen aus der *Flora von Admont,* welche von Professor P. Gabriel STROBL verfasst wurde. Dabei unternahm STROBL zwischen 1866 und 1872 mehrere Exkursionen in das Gebiet des heutigen Nationalparks, um es hinsichtlich seiner Artenvielfalt zu untersuchen. Daneben fanden in diesem Werk natürlich auch Aufnahmen anderer Sammler ihren Platz.
Neuere Aufnahmen, wie jene von Prof. Dr. Josef GREIMLER, enthielten bereits Informationen welche für pflanzensoziologische Untersuchungen bedeutend sind bereit oder beinhalteten direkte Angaben zur vorliegenden Pflanzengesellschaft eines Fundortes. Die Tabellen von GREIMLER enthielten neben den Fundortkoordinaten und dem Datum eines Fundes zusätzlich noch Angaben wie zum Beispiel der Seehöhe, der Neigung, der Exposition oder der Artmächtigkeit.
Eine vollständige Liste der verwendeten Attributfelder aus den Tabellen aller Sammler bietet Abbildung 36. Dabei finden sich jedoch auch bereits für andere

Organismengruppen eingerichtete Felder die im Zuge der Arbeit für den Nationalpark stets ergänzt wurden.

5.5.4. Feldnamen: Beschreibung und Verwendung

Bevor an einen Import der Daten gedacht werden kann, muss man sich darüber im Klaren sein welche Datenbankfelder für welches Attribut aus der Geländearbeit Verwendung finden sollen. Im Anhang sind die gesamten in BioOffice zur Verfügung stehenden Datenbankfelder/-tabellen der zentralen Einheiten (Taxon-Explorer, Sammlungen, usw.) angeführt. Neben jenen Einträgen die bei Erstellung eines Datensatzes vom Programm automatisch getätigt werden, steht dem User eine große Zahl an Datenbankfeldern bereit die er für seine Zwecke anpassen und einsetzten kann. Um hierbei nicht die Übersicht zu verlieren ist eine sorgfältige Dokumentation der Nutzung aller Datenbankfelder a priori durchzuführen. In der Tabelle 36 werden jene Felder dargestellt, deren Inhalte nicht automatisch vom System eingetragen werden und für den Import der bisher bearbeiteten Organismengruppen eine Rolle spielen. Die automatisch gefüllten Felder können über die BioOffice-Oberfläche ohnehin in keiner Weise vom User bearbeitet werden. Solche Felder wären beispielsweise das Erstellungsdatum des Datensatzes oder dessen GUID.
Das hinter diesen Datenbankfelder eine Tabelle steht und Tabellen zueinander in Beziehung stehen, wurde bereits in Kapitel 4.4.1 ausführlich behandelt.
Die Tabellen 13 bis 16 zeigen welche Datenbankfelder momentan allgemein, sprich nicht auf eine spezielle Organismengruppe ausgelegt, in der Datenbank des NP Gesäuse genutzt werden und auf den jeweiligen Zweck in der Excel-Vorlage für die zukünftige Geländearbeit ihre Anwendung finden sollen.

Die Kenntnis des Autors darüber, welche Attribute wichtig sind und wie sie in der Datenbank realisiert werden sollen, bezieht sich auf drei Punkte:

1. auf die bisherigen Erfahrungen des Autors dieser Arbeit die im Zuge der Bearbeitung der Vegetations-Daten und Daten zu anderen Organismengruppen wuchs,
2. dem Studium einschlägiger Literatur wie z.B. BRAUN-BLANQUET, J. (1964), HILL, D. et al. (2007), etc. und
3. den vielen Gesprächen und E-Mails mit Mag. Hannes Kühtreiber und Dr. Wolfgang Dämon, die beide bereits beachtliche Erfahrungen in der Bioinformatik sowie im Umgang mit BioOffice vorweisen können.

Die in den Abbildungen 13 bis 16 im Anhang dargelegten Excel-Tabellen setzen sich aus den Spalten „*Feldname (Datenbankintern)*“ (unveränderbare interne Feldbezeichnung), „FELD (*Angezeigter Feldname)*“ (Bezeichnung ist konfigurierbar) und „*Erläuterung*“ zusammen. Informationen zu Datentyp und Länge, sind an dortiger Stelle nicht notwendig, da diese Informationen in den Abbildungen 44 bis 51 zu erhalten sind. Die Auflistung der Datenfelder in der Excel-Tabelle, ist hinsichtlich ihrer Zugehörigkeit zu den BioOffice-Haupteinheiten zusätzlich unterteilt. Da im Anhang, Abbildung 38ff., sämtliche Datenfelder aller BioOffice-Tabellen ersichtlich sind, kann die von den Entwicklern vorgelegte Bezeichnung der Datenbankfelder leicht über den „*Feldnamen (Datenbankintern)*“ aus den Excel-Tabellen in Erfahrung gebracht werden.
Zu einigen der allgemeinen und sammlungsspezifischen Auswahlfeldern, geben die Abbildungen in Kapitel 5.5.7.3 einen tieferen Einblick.

5.5.5. Die Aufbereitung der Daten – Arbeitsschritte

Diese Kapitel liefert Informationen zu den aufbereiteten Tabellen, zeigt einige der Probleme auf mit denen man bei der Bearbeitung der Daten konfrontiert ist und beweist, dass es möglich ist für die Zukunft viele dieser Probleme zu beseitigen. Die hierbei aufgearbeitete Information soll dazu genutzt werden, eine Tabellenvorlage zu entwerfen die sowohl den Bedürfnissen des Datensammlers, als auch jenen des Datenbankadministrators gerecht werden. Als Interesse des Datensammlers ist dabei eine einfache, schnelle, möglichst fehlerfreie Eingabe der Daten anzusehen. Für den Bearbeiter der Datenbank auf der anderen Seite, sind Tabellen die auf die standardisierte Erfassung einer bestimmten Organismengruppe ausgerichtet sind aus dem Grund ein Vorteil, da ein Einheitsformat eine erhebliche Verringerung des Arbeitsaufwandes bedeutet. Neben fehlenden Daten ist es vor allem die Vielzahl an Kleinigkeit wie abgekürzte Taxonnamen oder unterschiedliche räumliche Bezugssysteme (in der Tabelle dann meist auch nicht vermerkt!) die Verzögerungen bedeuten und es oft fast unmöglich machten eine Tabelle vollständig zu verwenden. Fehlende Metadaten zu den von Sammlern in ihrer Tabelle verwendeten Abkürzungen müssen erst durch Schriftverkehr, Telefonate, Literaturrecherche (Bearbeitung von Daten aus Schrifttum), etc. recherchiert werden und bedeuten, sofern sie überhaupt noch erfragt werden können, oftmals Wochenlanges warten bis die Daten importiert werden können.
Bei der Aufarbeitung dieser Datenbestände trifft man also auf Probleme die kaum zu ändern sind. Damit nun aber in Zukunft ein effizienteres Arbeiten an der Datenbank

möglich ist, soll für die Sammler eine Eingabevorlage in Form einer Excel-Tabelle zur Verfügung gestellt werden.

5.5.5.1. Datenmaterial

Im Zuge dieser Arbeit konnten Tabellen importiert werden in denen, wie bereits erläutert, mit einigen Ausnahmen, Tracheophyta erfasst wurden. Die Daten lagen alle im Excel Format vor. Einige der Daten wurden in tabellarischer Form abgelegt, während andere eine Matrix bildeten. Gemeinsam hatten sie jedoch ihre oft großen Lücken im Datenbestand.

In einem ersten Schritt wurden die Tabellen auf die von ihnen verwendeten Datenfelder hin gesichtet. Es stellte sich bald heraus, dass die Tabellen erstens in der Anzahl der erfassten Elemente und zweitens in deren Bezeichnung durchaus inhomogen waren. Des Weiteren wurde ersichtlich, dass es übersichtlicher ist die Tabelle zu teilen um Objekte und Fundorte getrennt zu bearbeiten.

Wie beschrieben, die Daten der bearbeiteten Tabellen wurden, bis auf Ausnahmen, hauptsächlich als Matrizen abgespeichert. Anhand eines Beispiels soll der Umgang mit einer Matrix kurz demonstriert werden (siehe Abbildung 38).
In der ersten Zeile sind die Fundorte, welche blau unterlegt wurden, eingetragen. Zu den Fundorten siehe auch Kapitel 5.5.5.2. Die in den nächsten Zeilen folgenden Datenfelder sind die *Höher der Humusauflage in cm,* die *Humusform* und der *Boden*. Diesen Datenfeldern folgt eine Liste von Taxa, wobei sofort die unregelmäßige Mehrfachnennung einzelner Taxa auffällt. Dies ist eine Folge der in diesem Falle angewandten Untersuchungsmethode von Tracheophyta, wobei die jeweiligen Vegetationsschichten einzeln beleuchtet wurden. Die Spalte der Vegetationsschichten ist rot gefüllt.
Wie eine solche Tabelle zu lesen ist, soll an dieser Stelle kurz demonstriert werden.
Am Fundort C01 hat die Humusauflage eine Höhe von 2,5cm, als Humusform liegt moderartiger Mull vor und als Bodentyp ist ein verbraunter carbonathaltiger Auboden anzutreffen. Der gelb markierte Bereich zeigt die Artmächtigkeit (=Abundanz und Dominanz/Deckung) nach der von BRAUN-BLANQUET, J. (1964) entwickelten Skala. Die Skala umfasst den Wertebereich *1 bis 5* sowie *r* und +. Ein Punkt in der Tabelle bedeutet, dass dieses Taxon in der betreffenden Schicht an dem beleuchteten Fundort nicht vorkommt.

Eine Matrix mag also als Darstellungsform in einem Tabellenblatt durch das Komprimieren der Information zur Übersicht erheblich beitragen und somit in diesem Sinne von Vorteil sein, um jedoch die Daten aus einer Matrix in die Datenbank importieren zu können, ist einiges an Vorarbeit nötig. Um den zeitökonomischen Aufwand hierbei auf ein vertretbares Maß zu reduzieren, wurde ein Makro (siehe Abbildung 39) verwendet das die Funktion bereithielt, diese Matrix schrittweise in eine Tabelle umzuwandeln.

Aufnahmenummer/Fundort	Sch.	C01	C58	C65	C66	C54	T293	T290	T312	T251	C45	C04	C05	C21	T292	C43	C13	C10	C70	C08	C16	T295	C69	T305	T257	C12	T191	T302	C09	T304	T211	T301	T262	T55	T234	T252	T197	T196	C41	T263
Höhe Humusauflage in cm		2,5	10,5	12,0	3,0	12,5					35,0	5,0	15,5	8,0		29,0	9,5	4,5	5,0	12,0	13,5		4,5			23,0			5,5										7,0		
Humusform		ma Mod	raMod	raMod	ma Mod	raMod					raMod	ma Mod	raMod	tMod		raMod	raMod	tMod	tMod	raMod	raMod		raMod			raMod			tMod										raMod		
Boden		br. AB	Mo-RN	Mo-RN	KB	KB	KB		KL-RN	RN	KL-RN	KB	Mo-RN	KL-RN	RN	KL-RN	Mo-RN	KB	KB	KL-RN	Mo-RN	KL-RN	KL-RN	KB	KL-RN	KB	KB	KB	KB	RN	KL-RN	KL-RN						KL-RN	KB	
Fraxinus excelsior	B	.	2	.	1	.	1	.	.	r	.	.	.	1	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Fraxinus excelsior	S	+	1	+	+	r	.	.	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Fraxinus excelsior	K	2	2	2	1	1	2	+	+	1	+	+	+	+	1	+	r	+	.	.	.	+	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	r	.	.	.
Fagus sylvatica	B	2	.	2	2	4	3	3	+	3	3	4	4	3	3	3	4	4	2	2	3	3	3	3	2	.	2	3	.	.	+	3	4	3	+	4	1	2	3	4
Fagus sylvatica	S	2	1	1	2	.	.	.	.	.	.	2	.	.	.	.	+	.	.	r	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Fagus sylvatica	K	1	+	+	2	1	1	1	.	+	r	2	r	+	.	r	1	+	.	.	+	.	+	1	+	2	.	2	+	r	.	r	+	.	+	.	.	.	r	.
Abies alba	B	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	2	2	.	1	1	+	3	2	2	+	2	3	2	2	+	1	+	.	.	.	.	.
Abies alba	K	+	.	.	+	.	.	.	.	.	r	.	.	r	.	.	1	+	+	1	.	.	+	+	+	+	+	.	+	+	.	+	.	+	+	.	.	.	.	.
Pinus sylvestris	B	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Pinus sylvestris	K	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	r	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Sorbus aria	B	.	.	2	.	.	.	.	.	.	+	.	.	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Sorbus aria	S	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Sorbus aria	K	+	r	+	r	.	.	.	.	.	.	.	.	.	+	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	r	r	.
Larix decidua	B	.	.	.	.	.	1	.	+	3	2	.	.	.	.	2	.	.	2	2	2	2	.	3	3	2	1	+	2	2	1	4	2	4	4	1	+	.	.	r
Larix decidua	K	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	r
Picea abies	B	2	1	3	2	.	3	4	4	3	2	2	2	3	3	2	.	2	2	1	1	4	+	4	3	2	3	4	2	4	4	3	.	3	3	+	4	4	2	r
Picea abies	S	+	1	1	+	.	.	.	.	.	.	+	1	+	.	.	+	1	1	.	2	.	1	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	2
Picea abies	K	1	2	+	1	.	+	.	.	.	r	1	1	+	+	+	1	1	+	.	1	.	1	.	+	.	+	.	.	.	r	.	.	.	.	.	.	.	+	+
Acer pseudoplatanus	B	.	2	2	1	.	1	+	+	+	.	.	2	2	+	2	+	1	1	1	+	+	2	.	1	.	.	+	2	2	+	1	+	1	+	2	.	1	.	1
Acer pseudoplatanus	S	2	+	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Acer pseudoplatanus	K	2	1	1	2	+	2	.	+	1	r	+	+	1	+	+	1	1	r	+	r	+	1	+	1	.	1	+	1	1	1	1	.	+	+	.	+	+	+	1
Ulmus glabra	B	.	.	.	.	.	.	r	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Ulmus glabra	K	.	.	.	r	.	+	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Sorbus aucuparia	B	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	+	.	.	r	.	.	.	.	.
Sorbus aucuparia	S	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Sorbus aucuparia	K	1	1	1	+	.	.	+	.	.	.	+	.	+	.	.	+	.	1	1	+	+	+	.	+	r	1	.	+	+	1	+	.	+	+	.	+	+	.	.
Betula pendula	B	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Taxus baccata	B	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Acer platanoides	B	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Acer platanoides	K	+	.	.	.	.	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	r	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Daphne mezereum	K	+	+	2	+	.	.	+	+	+	+	r	+	+	1	1	+	+	+	.	.	+	.	+	+	+	+	+	r	.	1	.	+	+	+	+	+	+	r	+
Lonicera alpigena	K	r	+	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	r	+	+	.	+	.	+	.	+	.	.	.	.	+	r	+	.	.
Clematis alpina	K	.	.	.	.	.	.	.	.	.	r	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	+	.	.
Lonicera xylosteum	S	.	.	.	r	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Lonicera xylosteum	K	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Clematis vitalba	S	.	.	+	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Clematis vitalba	K	1	1	1	+	+	.	+	.	.	+	.	.	.	.	1	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Corylus avellana	B	.	2	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Corylus avellana	S	+	2	.	.	.	.	.	.	.	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Corylus avellana	K	1	1	+	+	+	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

Abbildung 38: Ausschnitt aus einer zu importierenden Tabelle.(Eigener Entwurf)

```
Sub matrix2table()
    Dim AnzSpalten, AnzZeilen
    Dim sh As Object, rg As Object
    Dim StartZeile, z, s
    Set rg = Selection
    AnzSpalten = rg.Columns.Count
    AnzZeilen = rg.Rows.Count
    StartZeile = 1
    Set sh = Sheets.Add
        For z = 2 To AnzZeilen
            For s = 2 To AnzSpalten
            sh.Cells(StartZeile, 1) = rg.Cells(z, 1)
            sh.Cells(StartZeile, 2) = rg.Cells(1, s)
            sh.Cells(StartZeile, 3) = rg.Cells(z, s)
            StartZeile = StartZeile + 1
        Next s
    Next z
End Sub
```

Abbildung 39: VBA-Befehl zur Umwandlung von Matrix zu Tabelle. (Eigener Entwurf)

Durch das Makro wird die Matrix schrittweise aufgearbeitet, um einen Überblick zu erhalten in welcher Weise dies geschieht, soll anhand der Tabellen 3 und 4 ein einfaches Beispiel gezeigt werden. Tabelle 3 zeigt die Daten in Form der Matrix, so wie sie etwa in der Abbildung 38 vorliegen. Tabelle 4 veranschaulicht das Ergebnis nachdem das Makro seinen Dienst getan hat. Man erkennt, dass ein sinnvolles Arbeiten ohne dieses Hilfsmittel kaum möglich wäre.

	Fundort1	Fundort2	Fundort3
Pinus mugo	2	1	+
Pinus cembra	1	r	3
Larix decidua	.	+	.

Tabelle 3: Beispieldaten für den Matrix to Table – Befehl.(Eigener Entwurf)

Pinus mugo	Fundort1	2
Pinus mugo	Fundort2	1
Pinus mugo	Fundort3	+
Pinus cembra	Fundort1	1
Pinus cembra	Fundort2	r
Pinus cembra	Fundort3	3
Larix decidua	Fundort1	.
Larix decidua	Fundort2	+
Larix decidua	Fundort3	.

Tabelle 4: Ergebnis nach der Umwandlung durch das Makro.(Eigener Entwurf)

5.5.5.2. Fundorte

Fundorte wurden meist als fortlaufende Zahlen oder kurzer Zeichencode (zum Beispiel C001) in die Tabellen eingetragen. Die Tabelle beinhaltete größtenteils zusätzliche Information zu den abiotischen und biotischen Gegebenheiten an einem Fundort. Die Koordinaten der Fundorte zu solchen Matrizen konnten meist aus ESRI-Shapefiles ausgelesen werden oder lagen in einer Access-DB vor. Da Fundorte ohne Namen die Regel waren mussten diese ergänzt werden. Dass das Zuteilen von Namen bei mehreren hundert Fundorten unnötig viel Zeit in Anspruch nimmt ist wohl leicht vorstellbar.
Bereits bei der Benennung eines Fundortes gilt es, gewisse Regeln einzuhalten damit ein einheitliches Bild in der Datenbank gewährleistet werden kann.
Dabei ist es unumgänglich gewisse Konventionen zur Fundorteingabe aufzustellen und strikt zu befolgen. Um für den Nationalpark diesbezüglich einen guten Weg zu finden half dem Autor vor allem der Rat von Dr. DÄMON, der sich bereits eingehend mit Fundorten und deren Verortung.

Bei der Zusammenstellung von Konventionen zur Bezeichnung eines Fundortes, von denen in Folge die wichtigsten beschrieben werden sollen, orientierte sich der Autor an den Ratschlägen von Dr. DÄMON die teilweise mehr oder weniger stark angepasst wurden.

Konventionen zur Benennung des Fundortes:

1. Zunehmende Genauigkeit von links nach rechts.
   Jede Fundortbezeichnung hat mit dem Namen der Gemeinde in der sich der Fundort befindet anzufangen. Dieser kann über die „*Räumliche Aktualisierung*“ in der Fundort-Übersicht oder über die „*Automatische Attributübernahme*“ im Kartenfenster ermittelt werden. Da viele Flurnamen bereits innerhalb eines relativ begrenzten Gebietes (zum Beispiel ein Bezirk) mehrfach vorkommen, ist dieser Schritt für eine erste Zuordnung des Fundortes notwendig. Anschließend folgt eine genauere Fundortbeschreibung. Fundorte die per GPS verortet wurden, können eine weniger genaue Beschreibung aufweisen.
   Beispiele: *GPS → Admont: Kalkofen*
   Karte → Johnsbach: Planspitz, östlich der Emesruh, Wasserfall

2. Markierung nicht sicher zuordenbarer Fundorte

Vor allem bei alten Fundortsangaben oder sehr ortskundigen Datensammlern kann es vorkommen das Flurnamen verwendet werden die nicht in der ÖK50, einer Karte des Alpenvereins etc. aufzufinden sind. Sollte auch eine gründliche Recherche, beispielsweise in altem Kartenmaterial, keine Ergebnisse bringen, gilt folgendermaßen Vorzugehen: Verortung des Fundortes an einem Punkt der seiner realen Fundstelle möglichst nahe kommt. Die unbekannte Angabe soll dennoch angegeben werden, um den Fundort, falls man seine Lage erfährt, auch nachträglich noch genau verorten zu können. Zusätzlich ist er unter Anführungszeichen zu stellen. Dem unten angeführten Beispiel zu Folge, muss der Fundort im Bereich der Südwand des Kalbling verankert werden. Da die Südwand eines Berges jedoch relativ Großflächig ist, scheint der Gipfel als Fundort womöglich besser geeignet. Durch eine Verortung des Fundortes auf der Südwand kommt man der Realität jedoch näher, bedenkt man beispielsweise Auswertungen in denen der Fundort einer Art mit verschiedenen Geofaktoren (z.B. Klimaelemente) in Zusammenhang gebracht wird. In diesem Fall steigert eine scheinbar willkürliche Platzierung des Fundortes sicherlich seine Repräsentativität.

Beispiel: *Gaishorn am See: Kalbling-Südwand, "Flitzenboden"*

3. Der Umgang mit Transekten

Die Verwendung von Linien sowie flächenhaften Fundorten in BioOffice ist eines der wenigen problematischen Kapitel. Die Software erlaubt es zwar solche Fundorte innerhalb von BioOffice im Kartenfenster korrekt darzustellen, kann diese jedoch nicht vollständig, also mit allen Koordinatenpaaren exportieren. Es ist also sinnvoller den Fundort von der Strecke auf den Punkt zu bringen. Der Fundort wird auf der Hälfte der Transekt-Strecke verortet und erhält die untenstehende Schreib-Form. Zwar beruhte die Erfassung der Tracheophyta in keinem Fall auf einer Transekt-Kartierung, jedoch hat sie für andere Organismengruppen eine gewisse Bedeutung. So entstammt der angeführte Fundort der Bearbeitung der Heteroptera.

Beispiel: *Landl: Ennstaler Hütte > Tamischbachturm*

4. Neuer Fundort vs. alter Fundort

Was für Beobachtungsdaten aus einem Monitoring keiner Überlegung bedarf, da in diesem Fall Dauerbeobachtungsflächen eingerichtet sind, ist vor allem für Literaturangaben aus Schrifttum von Interesse. Der Autor unterscheidet dabei drei

Fundortklassen zu denen sich Fundorte im Fundortkatalog „*Gesäuse_nokoord*“ befinden. Diese sind in die Kategorien *relativ genau (bis 1000m), ungenau (1000 – 10000m)* und *sehr ungenau (über 10000m)* eingeteilt. Für Daten aus Schrifttum ohne Literaturangaben sollen, wenn bereits vorhanden, Fundorte aus diesem Katalog gewählt werden.

Über GPS exakt verortete Fundorte, die keine Dauerbeobachtungsflächen darstellen, sollten jedoch immer einen eigenen Fundortcode erhalten.

Damit sind die wichtigsten Regeln für den korrekten Umgang mit Fundorten, bezogen auf die Biodiversitätsdatenbank des Nationalparks Gesäuse, festgehalten.

5.5.5.3. Objektdaten

Wie bereits erwähnt, wurden die Daten in Form einer Matrix abgelegt (siehe Kapitel 5.5.5.1). Die häufigsten Probleme bei der Vorbereitung der Daten stellen Abkürzungen dar, welche infolge fehlender Metadaten oft extra recherchiert werden müssen. Den aufwendigsten Bearbeitungsschritt stellt jedoch der Abgleich der Taxanamen zwischen der Datenbank und der Datentabelle dar.

Um einem Objektdatensatz den jeweiligen Taxonnamen zuzuweisen, muss ein Schlüsselfeld gewählt bzw. generiert werden durch das dieses Objekt eindeutig einem Taxon zugewiesen werden kann. In BioOffice ist die Identifizierung eines Taxons jedoch nur anhand eines einzigen Attributes, das heißt, das Quellfeld muss exakt denselben Inhalt wie das Zielfeld aufweisen, möglich. Da nun aber der Name eines Taxons in BioOffice mit dem Autor der Art, jedoch der Taxonname in der zu importierenden Tabelle eben immer ohne diesen angegeben wurde, musste eine Lösung gefunden werden.

Da BioOffice einen Import über eine Access-Datenbank erlaubt, fiel die Wahl um ein Schlüsselfeld zu generieren auf dieses Programm.

In einem ersten Schritt wird die Datenbank von BioOffice über ODBC mit Access verbunden um Zugriff auf die Tabelle *tTaxa* zu erhalten. Da diese Tabelle über 280.000 Taxa beinhaltet, gilt es die rund 15.000 Pflanzen Taxa sowie die benötigten Spalten über eine Abfrage herauszufiltern.

Nachdem das Ergebnis dieser Abfrage in eine Tabelle umgewandelt ist, kann auch die Excel-Tabelle des Sammlers in MS Access importiert werden.

Für beide Tabellen wird nun in der SQL-Ansicht mit Hilfe der Datenfelder *Genus*, *Species* und *Subspecies* ein Schlüsselfeld generiert. Dieser Befehl, der in jeder

Tabelle extra zur Anwendung kommt, besagt Folgendes (vergleiche mit Abbildung 40; Schlüsselbefehl ist oliv hervorgehoben): Wähle die Spalten „*imp_veg.ID1*“ bis „*imp_veg.Gesellschaften*“, verbinde die Feldinhalte der Spalten „*imp_veg.genus*“, „*imp_veg.species*“ und, „*imp_veg.subspecies*“, erstelle für das neu erschaffene Attribut die Spalte „*key*“. Die verwendeten Spalten stammen dabei aus der Tabelle „*imp_veg*“ und werden in dieser Kombination nun in der Abfrage „*Import_final*“ neu abgelegt.

```
SELECT imp_veg.ID1, imp_veg.id_gesamt, imp_veg.id,
imp_veg.artname, imp_veg.genus, imp_veg.species,
imp_veg.subspecies, imp_veg.deckungsgrad,
imp_veg.schicht, imp_veg.fo_code, imp_veg.fo_code_neu,
imp_veg.lebensraum_freiertext, imp_veg.Gesellschaften,
imp_veg.genus & imp_veg.species & imp_veg.subspecies
AS [key] INTO Import_final
FROM imp_veg;
```

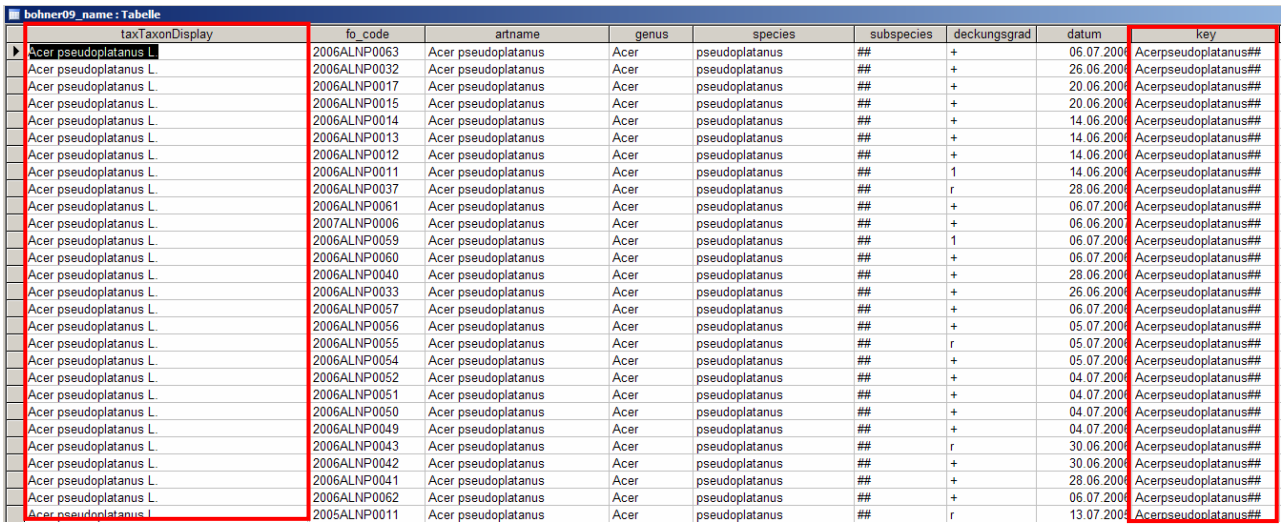
Abbildung 40: Darstellung des SQL-Befehls.(Eigener Entwurf)
Durch einen unspektakulären Eintrag(oliv unterlegt), kann ein Schlüsselfeld(in der Abb.40 rechts; rot umrahmt) generiert werden.

Durch dieses Schlüsselfeld lassen sich die Tabellen in MS Access nun in Beziehung setzten. Durch eine Abfrage muss in einem weiteren Schritt eine Tabelle erstellt werden, in der zu jedem Taxon nun auch der Name mit dem Autor vorhanden ist (siehe Abbildung 41). Sprich zu allen Einträgen (Schlüsselfelder) aus der Tabelle des Sammlers werden die passenden Einträge (Schlüsselfelder) aus der rund 15.000 Taxa starken BioOffice-Tabelle abgefragt. Aus der BioOffice-Tabelle braucht dabei nur das Feld „*taxTaxonDisplay*“, welches in der Datenbank vom Autor gut gepflegt und daher zur eindeutigen Identifikation herangezogen werden kann, ausgewählt werden. Das Ergebnis (siehe Abbildung 48) ist eine neue Tabelle, bei der allen Importdatensätzen des Sammlers, die für den Import korrekte Bezeichnung zugewiesen wurde. Das linke rote Rechteck zeigt das für den Import notwendige Schlüsselfeld und das rechte rote Rechteck zeigt das zuvor erstellte Schlüsselfeld zum Abgleich beider Tabellen an.

Besonders bei der Arbeit mit älteren Tabellen bedarf es anschließend noch weiterer Bearbeitung. Denn viele der dort verwendeten Taxonnamen sind heute nur noch als Synonyme oder gar nicht mehr in Verwendung und daher häufig noch nicht in der Datenbank enthalten. Die Suche nach der aktuellen Bezeichnung eines Taxons ist der Arbeit eines Detektivs nicht unähnlich und benötigt oft das Fachwissen eines Experten der jeweiligen Organismengruppe. Die neuen Taxa müssen vor dem Import sowohl in der Datenbank, als auch in der Tabelle ergänzt werden. Im Großen und

Ganzen liefert diese Methode jedoch gute Ergebnisse und hat sich durchaus bewährt.

In Zukunft soll dieser Aufwand durch eine engere Zusammenarbeit mit dem Datensammler drastisch verringert werden (siehe dazu Kapitel 5.5.7).



bohner09_name : Tabelle

taxTaxonDisplay	fo_code	artname	genus	species	subspecies	deckungsgrad	datum	key
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0063	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	06.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0032	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	26.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0017	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	20.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0015	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	20.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0014	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	14.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0013	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	14.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0012	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	14.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0011	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	1	14.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0037	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	r	28.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0061	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	06.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2007ALNP0006	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	06.06.2007	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0059	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	1	06.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0060	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	06.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0040	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	28.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0033	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	26.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0057	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	06.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0056	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	05.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0055	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	r	05.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0054	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	05.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0052	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	04.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0051	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	04.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0050	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	04.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0049	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	04.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0043	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	r	30.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0042	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	30.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0041	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	28.06.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2006ALNP0062	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	+	06.07.2006	Acerpseudoplatanus##
Acer pseudoplatanus L.	2005ALNP0011	Acer pseudoplatanus	Acer	pseudoplatanus	##	r	13.07.2005	Acerpseudoplatanus##

Abbildung 41: Taxa mit und ohne Autor.(Eigener Entwurf)
Das rot umrahmte Datenfeld zeigt das gewünschte Ergebnis an.

5.5.6. Aktueller Stand der Biodiversitätsdatenbank des Nationalparks

Gesamtdatenbestand

Der Gesamtdatenbestand der Biodiversitätsdatenbank für den Nationalpark Gesäuse mit Stand 20.02.2010, wird in Tabelle 5. dargestellt.

Datenbestand Gesäuse - Gesamtdatenbestand	
Datensätze	32.833
Taxa	281.095
Fundorte	1.775
Literaturzitate	69
Datenquellen	54

Tabelle 5: Gesamtdatenbestand der Biodiversitätsdatenbank des NP Gesäuse.(Eigener Entwurf)

Bei einem Blick auf die Tabelle fällt sofort die hohe Zahl der Taxa auf, wobei diese zum größten Teil bereits zu Beginn meiner Arbeit vorhanden waren. Nach einer Auskunft von Dr. DÄMON, setzt sich die Taxa-Liste aus den Tiernamen der *Fauna Europaea* und den Pflanzennamen aus einer Liste vom Haus der Natur zusammen.

Der Autor dieser Arbeit tätigte lediglich 168 neue Taxoneinträge, die hauptsächlich auf nomenklatorische Veränderungen zurückzuführen sind.

Als Referenzwerk für nomenklatorische Belange im Zuge der Arbeit ist FISCHER, M. A., et al. (2008) anzusehen.

Falls es notwendig war musste jedoch auch auf andere Werke respektive Quellen zurückgegriffen werden. Die wichtigsten hierbei sind, FISCHER, M. A. et al. (1994), FRITSCH, K. (1909), IOPI, IPNI, ZDFS, EM Plantbase oder die Flora Europaea. Neuen Taxa wurden die in *tReference* (Literaturliste) genau beschriebenen Literaturquellen angefügt um deren Herkunft und deren Korrektheit, falls notwendig, nachprüfbar zu machen.

Datenbestand nach den Organismengruppen

In den Tabellen waren zwar hauptsächlich Daten zu Blütenpflanzen und Farnen eingetragen, jedoch haben einige Beobachter auch Moose und Flechten angegeben.

Die Tabelle 6 zeigt die Aufteilung der importierten Datensätze auf diese drei Gruppen und gibt an wie viele unterschiedliche Taxa hierbei beobachtet wurden.

Datenbestand Gesäuse - Organismengruppen		
Organismengruppe	Objekt-Datensätze	Artenzahl
Blütenpflanzen und Farne	30.953	1.517
Moose	1.820	213
Flechten	59	10

Tabelle 6: Datenbestand der Biodiversitätsdatenbank des NP Gesäuse nach Organismengruppen eingeteilt.(Eigener Entwurf)

5.5.7. Synchronisation mit dem Datensammler

In diesem Kapitel sollen nun einige Details zu den für die Datensammler erstellten Excel-Volagen, dargestellt werden. Zur Erinnerung, zeigen die Tabellen 13 bis 16 den gesamten Umfang der momentan in BioOffice verwendeten Felder an.

Eine genaue Auflistung, aller für Vegetationsaufnahmen angedachten Felder ist aus zwei Gründen nicht sinnvoll:

1. der Umfang einer Tabelle soll an die Erfahrung eines Sammlers angepasst werden - denn eine Liste zu pflanzensoziologischen Aufnahmen kann nur für einen Experten sinnvoll sein, ein Nutzer der eigentlich nur den Fundort einer Art angeben will könnten unnötige Attribute verwirren.
2. die Tabellen sollen dem Zweck der Aufnahme angepasst werden.

Die Standardisierung der Eingabe zielt also nicht darauf ab das ein Sammler immer alle denkbar möglichen Felder ausfüllen muss, sondern hat den Zweck, dass die abgelieferten Daten, durch die Vorgabe des Eingabeformates, praktisch ad hoc für einen Import zur Verfügung stehen.

Vor allem Attribute deren Dateneingabe über Auswahlfelder erfolgt, konnten sich in der praktischen Anwendung äußerst positiv bewähren. Die Möglichkeit zur Probe der Tabellen konnte der Autor im Zuge der Teilnahme am *GeoTag der Artenvielfalt 2010* ergreifen. Die Experten lieferten die von ihnen erfassten Daten in der vom Autor erstellten Vorlage ab. Nach nur kleinen auch zeitlich kaum bemerkenswerten Korrekturen, waren die Daten sofort importbereit. Es muss jedoch auf alle Fälle ein Ziel sein den Gedankenaustausch mit den Nutzern der Vorlage zu pflegen. So können Unsicherheiten ausgeräumt und Arbeitschritte weiter verringert werden.

5.5.7.1. Die Eingabe des Artnamens

An voriger Stelle konnte gezeigt werden, wie aufwändig der Abgleich der Taxabezeichnungen zwischen der Datenbank und einer Datentabelle ist. Dieses Problem würde natürlich entfallen, wenn die vom Sammler abgelieferte Tabelle bereits jene Bezeichnung aufweisen würde die für das jeweilige Taxon innerhalb der Datenbank festgelegt wurde. Wie bereits festgestellt wurde, kann die Datenbank aus technischer Sicht auch gerne ein dutzend Namen für ein und dasselbe Taxon beinhalten, jedoch wäre dieser Zustand, im Hinblick auf ein angemessenes Arbeiten mit den Daten, kaum tragbar. Das Ziel kann also dahingehend definiert werden, keine Redundanzen bei der Benennung eines Taxons zuzulassen. Man beachte jedoch den Unterschied zwischen dem Einsatz von Synonymen und der falschen Schreibweise eines Namens.

In weiterer Folge soll nun Funktionsweise des Taxon-Auswahlfeldes (siehe Abbildung 42) beschrieben werden.
Das Feld *Taxon-Auswahl* ist für den Datensammler als Eingabefeld der beobachteten Art von besonderer Bedeutung, während *Taxon-Autor* eine Schlüsselstellung für den Datenimport besetzt. Es wird nun kurz erklärt wie die Felder funktionieren und welche Überlegung dahinter steckt.

Für den Import von Objektdaten dient der Taxonname mitsamt dem Autor der jeweiligen Art als Schlüsselfeld für den Import in BioOffice. Da jedoch kaum jemand eine Art und ihren Beschreiber kennt, galt es hierfür eine Lösung zu finden.
Für die *Taxon-Auswahl* wurde eine Auswahlliste erstellt die einen Umfang von 14 868 Taxa aufweist. Dies inkludiert alle in der Datenbank enthaltenen Blütenpflanzen, Farne sowie Moose. Die Taxa sind hierbei ohne Autor und den eventuellen Kürzeln für infraspezifische Taxa angeführt. Nur für Aggregate sowie Spezies deren Art-

Epithet nicht bekannt ist, mussten die Abkürzungen, also „agg.“ sowie „spec.“ verwendet werden.
Die Überlegung ist nun jene, dass ein Sammler seine Daten in der Vorlage einfach in der Form „**Genus Species Subspecies**“ sowie gegebenenfalls mit „**agg.**“ oder „**spec**“ in der Spalte „*Taxon-Auswahl*“ eintragt und über eine Funktion in der Spalte *Taxon-Autor* automatisch die für die Datenbank richtige Bezeichnung aufscheint.
Das Feld *Taxon-Autor* muss den Datensammler nur insofern interessieren, als das er darauf achtet, dass das Feld die von ihm eingetragenen Taxa mit dem Autor angibt.

Die technische Lösung dieses Problems basiert auf der Einrichtung eines Auswahlfeldes für die Spalte *Taxon-Auswahl* sowie einer Funktion im Feld *Taxon-Autor*. In einem eigenen Arbeitsblatt wurden dafür zwei Spalten eingerichtet, wobei die Erste aus den *Taxonnamen ohne den Autoren* und die Zweite aus den *Taxonnamen mit den Autoren* bestanden. Für diese Spalten wurden zwei Namen in der Arbeitsmappe definiert. Der eine „*Taxon*“ bestand nur aus den für die Auswahlfelder in *Taxon-Auswahl* aufgelisteten Arten, wohingegen die zweite Namensdefinition „*Taxon_Autor*“ beide Schreibweisen der Taxanamen, also *mit und ohne Autor*, umfasste. Dabei schließt die Spalte der Artnamen von *Taxon-Auswahl*, direkt an jene der Werte für *Taxon-Autor* an. Um zu erreichen das durch die vereinfachte Eingabe des Taxons in der Spalte *Taxon-Auswahl* automatisch der für die Datenbank korrekte Eintrag in der Spalte *Taxon-Autor* angezeigt wird, musste ein **SVERWEIS** in eine **WENN Funktion** eingebettet werden.
Daraus ergibt sich, dass, solange das Datenfeld der *Taxon-Auswahl* leer bleibt auch bei *Taxon-Autor* nichts eingetragen wird. Wird jedoch für *Taxon-Auswahl* eine Wahl getroffen startet der **SVERWEIS** seinen Dienst und wählt aus der vorhin definierten Liste „*Taxon_Autor*“ das zugehörige Taxon mit Autor für das Feld *Taxon-Autor*. Die dazu notwendige Formel steht in den Zellen der Spalte *Taxon-Autor* und lautet:

```
=WENN(ISTLEER($B8);"";SVERWEIS($B8;Taxon_Autor;2;FALSCH))
```

Das heißt, wenn das Feld B8 (in der Spalte *Taxon-Auswahl*) leer ist, bleibt auch die Zelle in *Taxon-Autor*, welche sich natürlich in derselben Zeile befindet, leer. Findet jedoch ein Eintrag in B8 statt, so soll über einen **SVERWEIS** der in BioOffice verwendete Name gefunden werden. Dafür wird der Zellenwert aus B8 in der vorhin definierten Liste „*Taxon_Autor*“ gesucht. Nachdem der Wert an Stelle 1 gefunden wurde, wählt die Funktion nur noch den Wert rechts daneben, also die Stelle 2 in der zweispaltigen Liste aus und gibt dadurch den korrekten Namen im Feld *Taxon-Autor* aus.

Um für die Auswahl eines Taxons nicht immer die Drop-Down Liste des Auswahlfeldes verwenden zu müssen, bietet sich die, vor allem bei kurzen Namen wie zum Beispiel *Poa alpina*, wesentlich praktischere Lösung einer direkten Eingabe des Taxonnamens im Feld *Taxon-Auswahl,* an. Bei der geschriebenen Eingabe ist nur darauf zu achten das Taxon so einzugeben wie es in der Auswahlliste zu finden ist. Weiter oben wurde bereits besprochen welche Form die Taxa in der Auswahlliste aufweisen und exakt diese Form muss auch in der Eingabe eingehalten werden. Die Abbildung 42, ein Screenshot aus der originalen Excel-Vorlage, dient der Veranschaulichung.

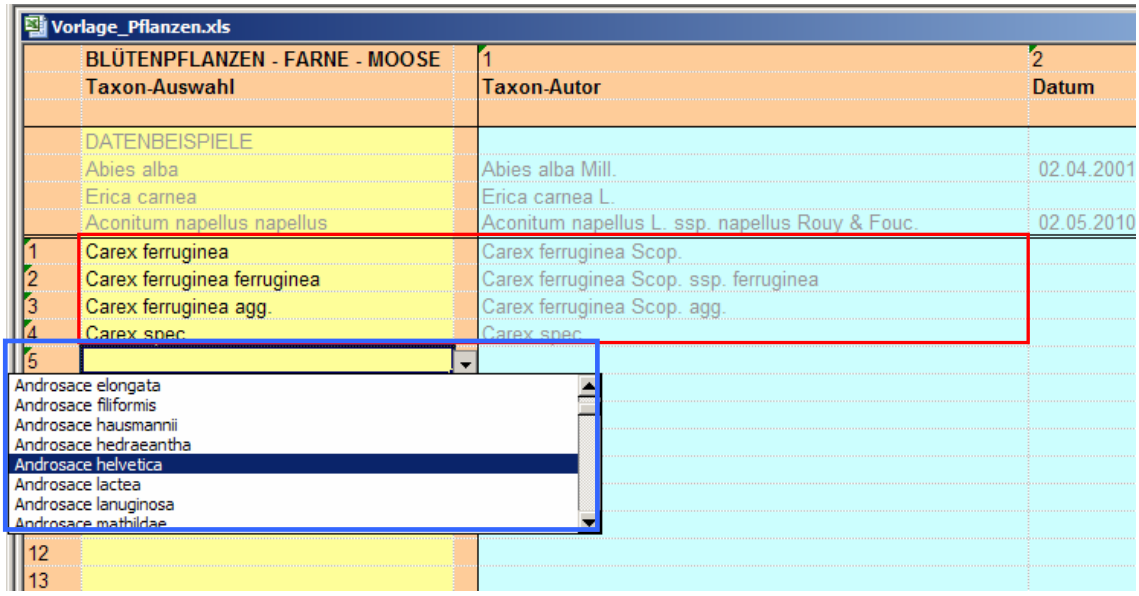


Abbildung 42: Taxon-Eingabe und Taxon Auswahl.(Eigener Entwurf)

Wenn der manuelle Eintrag korrekt geschrieben wurde, wird im Feld *Taxon-Autor* nun dieses Taxon mit Autor anzeigen.

Bei dem direkten Eintrag eines Taxons das nicht in der Liste vorhanden ist sowie infolge eines Tippfehlers, erstellte der Autor eine Warnmeldung bezüglich der Fehlerhaftigkeit des Eintrags und der Korrekturmöglichkeiten.

Kann ein Taxon jedoch trotz der Einhaltung aller Regeln nicht eingetragen werden, beziehungsweise ist es nicht in der Auswahlliste aufzufinden, so muss die Fehlermeldung ignoriert werden und ein Eintrag nach folgenden Bestimmungen durchgeführt werden:

- Eintragung des Taxons mitsamt der für infraspezifischen Taxa verwendeten Kürzel und
- Angabe des Referenzwerkes auf das sich der Beobachter/Bestimmer bezieht in der Spalte „*Bestimmung: Kommentar*“.

5.5.7.2. Fundortname

Um auch für Fundorte ein einheitliches Eingabeformat zu erreichen, soll der Datensammler nun auf eine unfangreiche Liste an Flurnamen zurückgreifen können.
Eine derart begrenzte Auswahl an Fundorten mag zwar auf den ersten Blick eher als Einschränkung der Fundortgenauigkeit anzusehen sein, ist jedoch der richtige Weg, wenn über GPS verortete Daten einzutragen sind. Alleine aus zeitökonomischen Gründen ist eine genaue Beschreibung von beispielsweise 300 Fundorten wenig sinnvoll und gewinnbringend. Die Erfahrung des Autors zeigt außerdem, dass nur ein kleiner Teil der Datenbringer dazu bereit wäre sich in alle Fundortkonventionen einzulesen, womit die eingesetzte Methode an Bedeutung zulegt. Genauere Beschreibungen der Fundstellen sind zwar noch immer erwünscht und haben ihren Platz im Datenfeld *Fundortbeschreibung (Text),* sollen jedoch durch die präzise Verortung mittels Koordinaten in den Hintergrund treten.
Für die Datenbank selbst, wäre es natürlich gleichgültig wie die Fundorte bezeichnet werden, doch machte der Autor bei der Arbeit in BioOffice die Erfahrung, das in ihrer Struktur relativ homogene Fundortnahmen die Übersicht bei ihrem Aufruf in der Fundorttabelle stark verbessern.
In Zukunft gilt es natürlich die momentan 737 Flurnamen umfassende Liste weiter auszubauen.

5.5.7.3. Inhalte allgemeiner und sammlungsspezifischer Auswahlfelder

In der Datenbank beherbergt diese Entity-Gruppe Listen, die in der Fachwelt allgemein als Standart bei Aufnahmen mit meist bestimmtem Hintergrund eingesetzt werden. Damit solche Daten vergleichbar bleiben, bedarf es der einheitlichen Verwendung derselben Werte. Auch dafür werden dem Datenbringer in der Excel-Vorlage Auswahlfelder zur Verfügung gestellt. Jene die sich auf die Organismengruppe der Gefäßpflanzen beziehen sollen nun Vorgestellt werden.

- Phänologische Beobachtungen

  Phänologische Beobachtungen haben eine lange Tradition und bilden ein wichtiges Instrument zur Beobachtung des Klimawandels. Daneben werden sie jedoch auch bei vegetationsökologischen Monitorings angewandt.

  Nach TRAXLER, A. (1997) besitzt die Zusammensetzung des generativen Entwicklungsstandes einer Pflanze eine relativ hohe Indikatorfunktion, da der Blühaspekt sensibel auf Umweltereignisse reagiert und daraus Hinweise auf das Verschwinden einer Art gezogen werden können.

Für das Auswahlfeld wird der phänologische Aufnahmeschlüssel nach DIERSCHKE, H. (1989, 1994) aus TRAXLER, A. (1997) verwendet. Einen Ausschnitt der Attributwerte zeigt Tabelle7.

1.	SOMMERGRÜNE LAUBHÖLZER	2	KRÄUTER: BLATTREICHE (BLATTARME) PFLANZEN
1.1.	vegetative Phänostufen	2.1.	vegetative Phänostufen
1.1.1.	Knospen völlig geschlossen	2.1.1.	ohne neue oberirdische Triebe
1.1.2.	Knospen mit grünen Spitzen	2.1.2.	neue Triebe ohne entfaltete Blätter
1.1.3.	grüne Blattüten	2.1.3.	erstes Blatt entfaltet (bis 25 % entwickelt)
1.1.4.	Blattentfaltung bis 25 %	2.1.4.	2-3 Blätter entfaltet (bis 50 % entwickelt)
1.1.5.	Blattentfaltung bis 50 %	2.1.5.	mehrere Blätter entfaltet (bis 75 % entwickelt)
1.1.6.	Blattentfaltung bis 75 %	2.1.6.	fast alle Blätter entfaltet (fast voll entwickelt)
1.1.7.	volle Blattentfaltung	2.1.7.	voll entwickelt
1.1.8.	erste Blätter vergilbt	2.1.8.	beginnende Vergilbung, Blütenstängel vergilbt
1.1.9.	Blattverfärbung bis 50 %	2.1.9.	Vergilbung bis 50 %
1.1.10.	Blattverfärbung bis 75 %	2.1.10.	Vergilbung über 50 %
1.1.11.	Blattverfärbung über 75 %	2.1.11.	oberirdisch abgestorben
1.1.12.	kahl	2.1.12.	oberirdisch verschwunden
1.2.	generative Phänostufen	2.2.	generative Phänostufen
1.2.1.	ohne Blütenknospen	2.2.1.	ohne Blütenknospen
1.2.2.	Knospen erkennbar	2.2.2.	Blütenknospen erkennbar
1.2.3.	Blütenknospen stark geschwollen	2.2.3.	Blütenknospen stark geschwollen
1.2.4.	kurz vor der Blüte	2.2.4.	kurz vor der Blüte
1.2.5.	beginnende Blüte	2.2.5.	beginnende Blüte
1.2.6.	bis 25 % erblüht	2.2.6.	bis 25 % erblüht
1.2.7.	bis 50 % erblüht	2.2.7.	bis 50 % erblüht
1.2.8.	Vollblüte	2.2.8.	Vollblüte
1.2.9.	abblühend	2.2.9.	abblühend
1.2.10.	völlig verblüht	2.2.10.	völlig verblüht
1.2.11.	fruchtend	2.2.11.	fruchtend
1.2.12.	Ausstreuen der Samen bzw. Abwerfen der Früchte	2.2.12.	Ausstreuen der Samen bzw. Abwerfen der Früchte

Tabelle 7: Teil der Auswahlliste – Phänologischer Aufnahmeschlüssel.(Eigener Entwurf nach DIERSCHKE, H. (1989, 1994))

- Boden: Bodentyp

1. Moor- und Anmoorgruppe	8. Podsolgruppe
1.1. Hochmoor	8.1. Semipodsol
1.2. Übergangsmoor	8.2. Typischer Podsol
1.3. Niedermoor (Flachmoor)	9. Pseudogleygruppe
1.4. Anmoor	9.1. Typischer Pseudogley
2. Aubodengruppe	9.2. Extremer Pseudogley
2.1. Rohauboden	9.3. Stagnogley
2.2. Grauer Auboden	9.4. Hangpseudogley
2.3. Brauner Auboden	10. Reliktbodengruppe
2.4. Schwemmboden	10.1 Braunlehm
3. Gleygruppe	10.2. Rotlehm
3.1. Typischer Gley	10.3. Roterde
3.2. Extremer Gley	10.4. Reliktpseudogley
3.3. Hanggley	10.5. Terra Fusca
4. Rohbodengruppe	11. Atypische Böden
4.1. Gesteinsrohboden	11.1. Ortsboden
4.2. Lockersediment-Rohboden	11.1.1. Farb-Ortsboden
5. Rendsina-Ranker-Gruppe	11.1.2. Textur-Ortsboden
5.1. Rendsina	11.1.3. Struktur-Ortsboden
5.2. Pararendsina	11.2. Gestörter Boden
5.3. Ranker	11.2.1. Restboden
6. Schwarzerdegruppe	11.2.2. Kulturrohboden
6.1. Gebirgsschwarzerde	11.2.3. Gartenboden
6.2. Tschernosem	11.3. Rigolboden
6.3. Brauner Tschernosem	11.4. Schüttungsboden
6.4. Paratschernosem	11.4.1. Haldenboden, Planieboden
6.5. Feuchtschwarzerde	11.4.2. Kolluvium, Bodensedimente
7. Braunerdegruppe	12. Nicht identifizierbare Böden
7.1. Felsbraunerde	
7.2. Lockersedimentbraunerde	
7.3. Parabraunerde	

Die in Tabelle 8 dargestellte Liste der Bodentypen orientiert sich an SCHWARZ, S., et al. (1999) nach FINK, 1969, bzw. ÖNORM L 1050.

Die Kenntnis des Bodentyps sowie der Humusform sind wichtige Grundvoraussetzungen für viele Arbeiten, wie beispielsweise der Bestimmung von Standortstypen.

Tabelle 8: Bodentypen in der Auswahlliste.(Eigener Entwurf nach SCHWARZ, S., et al. (1999) nach FINK, 1969, bzw. ÖNORM L 1050))

- Humusform

Die Tabelle 9 zeigt die aus SCHWARZ, S., et al. (1999) entnommene Liste der Humusformen welche in der Excel-Vorlage und als Nachschlagewert in BioOffice verwendet werden.

1. Terrestrische Humusformen	4. Semiterrestrische Humusformen
1.1. Mull	4.1. Feuchtmull (Hydromorpher Mull)
1.1.1. typischer Mull	4.2. Feuchtmoder (Hydromorpher Moder)
1.1.2. moderartiger Mull	4.3. Feuchtrohhumus (Hydromorpher Rohhumus)
1.1.3. Kalkmull	4.4. Hochmoortorf
1.1.4. Anmoormull	4.5. Übergangsmoortorf
2. Moder	4.6. Anmoorhumus
2.1. typischer Moder	5. Subhydrische Humusformen
2.2. mullartiger Moder	5.1. Niedermoortorf
2.3. rohhumusartiger Moder	5.2. Dy (Braunschlamm)
2.4. xeromorpher Moder	5.3. Gyttja (Grauschlamm, Mudde)
2.5. Kalkmoder	5.4. Sapropel (Faulschlamm)
3. Rohhumus	6. Sonstige
3.1. typischer Rohhumus	
3.2. moderartiger Rohhumus	
3.3. xeromorpher Rohhumus	
3.4. Kalkrohhumus(Tangelhumus)	

Tabelle 9: Humusformen in der Auswahlliste.(Eigener Entwurf nach SCHWARZ, S., et al. (1999))

- Boden: Bodenreaktion

Die Nährstoffverfügbarkeit im Boden wird stark vom pH-Wert beeinflusst. Dieser nimmt in Abhängigkeit von der Bodentiefe oft recht unterschiedliche Werte an. Dabei wird der pH-Wert der obersten Bodenschicht meist zum Großteil von der dort vorhandenen Vegetation respektive deren Abfallstoffen beeinflusst. In tieferen Bodenschichten bestimmen hauptsächlich klimatische Einflüsse sowie die Gesteinsunterlage den pH-Wert des Bodens.

Ein großer Teil von Pflanzenarten als auch Pflanzengesellschaften kommt nur in einem bestimmten pH-Bereich vor wobei das Optimum des pH-Wertes von Art zu Art schwankt (BRAUN-BLANQUET, J. 1964).

Die in Tabelle 10 dargestellten Werte für die Auswahlliste *Boden: Bodenreaktion,* werden in dieser Form in der Verbreitungsdatenbank der Pilze Österreichs verwendet(ÖMG 2008).

Boden: Bodenreaktion
stark sauer, pH < 4
sauer, pH 4-5
mäßig sauer, pH 5-5,5
neutral, pH 5,5-6,5
mäßig basisch, pH 6,5-7
basisch, pH 7-7,5
stark basisch, pH > 7,5

Tabelle 10: Auswahlfeld zur Bodenreaktion.(Eigener Entwurf nach ÖMG 2008)

- Biotoptyp

Das Auswahlfeld umfasst die Liste der Biotoptypen nach UMWELTBUNDESAMT (2005). Die Einteilung von Biotoptypen erfolgt anhand der dort vorgefundenen biotischen und abiotischen Umweltfaktoren, die die Zusammensetzung der vorherrschenden Pflanzengesellschaften sowie zumindest bis zu einem gewissen Grad auch der Tiergesellschaften, maßgeblich beeinflusst. Einen kurzen Ausschnitt dieser Liste zeigt Tabelle 11.

2	MOORE, SÜMPFE UND QUELLFLUREN
2.1	Quellfluren
2.1.1	Kalk-Quellfluren
2.1.1.1	Kalk-Quellflur der tieferen Lagen
2.1.1.2	Kalk-Quellflur der Hochlagen
2.1.1.3	Kalktuff-Quellflur
2.1.2	Basenreiche, kalkarme Quellfluren der Hochlagen
2.1.2.1	Basenreiche, kalkarme Quellflur der Hochlagen
2.1.3	Basenarme-Quellfluren
2.1.3.1	Basenarme beschattete Quellflur
2.1.3.2	Basenarme unbeschattete Quellflur
2.2	Waldfreie Sümpfe und Moore
2.2.1	Großseggenrieder
2.2.1.1	Horstiges Großseggenried
2.2.1.2	Rasiges Großseggenried
2.2.1.2.1	Rasiges Großseggenried, typischer Subtyp
2.2.1.2.2	Schneidbinsenried
2.2.2	Röhrichte
2.2.2.1	Großröhrichte an Fließgewässern
2.2.2.1.1	Großröhricht an Fließgewässer über Feinsubstrat
2.2.2.1.2	Großröhricht an Fließgewässer über Grobsubstrat
2.2.2.2	Großröhrichte an Stillgewässern und Landröhricht
2.2.2.2.1	Großröhricht an Stillgewässer und Landröhricht
2.2.2.2.1.1	Süßwasser-Großröhricht an Stillgewässer und Landröhricht
2.2.2.2.1.2	Brackwasser-Großröhricht an Stillgewässer
2.2.2.3	Kleinröhrichte
2.2.2.3.1	Kleinröhricht
2.2.2.3.1.1	Kleinröhricht an Fließgewässer
2.2.2.3.1.2	Kleinröhricht an Stillgewässer
2.2.3	Kleinseggenrieder
2.2.3.1	Basenreiches Kleinseggenried
2.2.3.1.1	Basenreiches, nährstoffarmes Kleinseggenried
2.2.3.1.2	Montane bis alpine Schwemm- und Rieselflur
2.2.3.1.2.1	Alpine und subalpine Schwemm- und Rieselflur
2.2.3.1.2.2	Montane Schwemm- und Rieselflur
2.2.3.2	Basenarmes Kleinseggenried
2.2.3.2.1	Basenarmes, nährstoffarmes Kleinseggenried
2.2.4	Übergangsmoore und Schwingrasen
2.2.4.1	Übergangsmoor
2.2.4.2	Schwingrasen
2.2.5	Hochmoore
2.2.5.1	Lebendes Hochmoor
2.2.5.2	Pioniervegetation auf Torf
2.2.5.3	Moorheide

Tabelle 11: Teil der Auswahlliste – Biotoptyp – UWB (Umweltbundesamt).(Eigener Entwurf nach Umweltbundesamt)

- Fundortgenauigkeit

Die Angabe der Genauigkeit eines Fundortes ist essentiell wenn es um die Datenauswertung geht. Hier ist das Wissen um die Exaktheit eines Fundortes das um und auf damit die Ergebnisse aus Analysen nicht verfälscht werden. Siehe Tabelle 12.

Fundortgenauigkeit	
bis 1000m	relativ genau
1000-10000m	ungenau
über 10000m	sehr ungenau

Tabelle 12: Fundortgenauigkeit.(Eigener Entwurf)

5.6. BIOOFFICE – In Zukunft geplante Verbesserungen

Für diese Arbeit hatte ich die Möglichkeit die Datenbank mit der BioOffice Version 2.0.6 aufzubauen. Die Momentan aktuellste Version ist 2.0.10 welche bereits einige Neuerungen mit sich bringt. Sowohl diese als auch für zukünftige Versionen angedachte Änderungen sollen in weiterer Folge dargestellt werden.

Betrieb von BioOffice unter Vista 32-bit und 64-bit:
In den früheren Versionen, also allen unter 2.0.10, wurde mit Datenbank SQL Server 2000 gearbeitet. Da dieser jedoch unter Vista nicht mehr lief musste für 2.0.10 auf *Microsoft SQL Server 2005 Express Edition* (SQL Server Express) umgestellt werden. Im Zuge dieser Umstellung funktionierte jedoch der für ältere Versionen verwendete Installer nicht mehr, der vor allem durch sein einfaches Handling glänzte. Um dieses Manko zu beheben wurde ein neuer Installer mit ähnlich einfacher Handhabung programmiert. Im Zuge dieser Umstellung waren Back Up und Restore der Datenbank nicht länger über die so genannte Datenbank-Toolbox durchführbar. Für die Version 2.0.10 sind diese Wartungsaufgaben und weitere Funktionen nun über das *MS SQL Server Management Studio Express* ausführbar während generelle Einstellungen zum SQL Server (z.B. die Verwendung von Protokollen) über den *SQL Server Configuration Manager* vollzogen werden können.

In Version 2.0.10 behobene Bugs:
Es wurden zwei Fehler behoben, wobei der Erste die Suche nach „Wahr/Falsch“ Attributen betraf. Das Problem bestand darin, dass nicht direkt nach dem Status ‚Wahr’ gesucht werden konnte und dies nur über die Suche nach einem anderen Attribut (welches *immer* zutreffen musste) das NICHT ‚Falsch’ war.
Der zweite Fehler betraf den Export von linien- und flächenhaften Fundorten über das *BioOffice Austauschformat* (siehe Kapitel 4.4.2). Bevor dieses Problem gefixt wurde konnten nur punktförmige Fundorte korrekt exportiert werden, die beiden vorhin genannten waren stets unvollkommen(BIOOFFICE).

Zukünftige Versionen von BioOffice:
Für die folgenden Versionen wurden Überlegungen hinsichtlich der Neuprogrammierung in den Bereichen *GIS-Modul*, *Benutzeroberfläche* und *Datenbank* angestellt.
GIS-Modul: Wie bereits an anderer Stelle festgehalten wurde, verwendet BioOffice MapObjects. Da dieses jedoch sowohl veraltet ist, als auch nicht mehr weiterentwickelt wird, können neue Datenformate wie WMS, WFS, ArcIMS nicht verwendet werden.

Die Entscheidung auf welches der neueren Open-Source Werkzeuge zurückgegriffen werden soll muss noch getroffen werden. Überlegt wird in diesem Zusammenhang laut einer Auskunft von KÜHTREIBER auch eine Verortung von Fundorten über *Google Maps* möglich zu machen.

Benutzeroberfläche: Die Oberfläche von BioOffice wurde in Visual Basic programmiert. Für die folgenden Versionen soll jedoch ein Java-Client als Benutzerschnittstelle dienen, da hierfür eine Vielzahl an Programmierwerkzeugen für weitere Arbeiten zur Verfügung steht. Hierbei konzentriert man sich auf einen Java Fat-Client da die Verwendung eines Internetbrowsers aus mehreren Gründen nicht zielführend ist. So hätte unter einem Java Thin-Client beispielsweise die Funktionalität der Listenfelder in den Tabellenteilen oder Abläufe bei der Verortung im Kartenteil ein völlig neues Konzept erfordert.

Datenbank: Die Datenmodell soll in nächster Zeit nicht verändert werden. Die Änderung der Datenstruktur infolge der überlegten Neuerungen sollte sich in Grenzen halten(BIOOFFICE).

6. Schlussfolgerung

„Je älter ich werde, desto stärker kommt mir zu Bewusstsein, was wir unseren Kindern alles genommen haben. Der Lebensraum der Frösche ist zugleich der wunderbarste Erlebnisraum der Kinder…“ (Konrad Lorenz, 1988).

Dieses Zitat beschreibt sehr treffend, dass der Verlust von biologischer Vielfalt, egal ob es sich dabei um große Lebensräume die unzählige Arten beheimaten oder um einen einzigen Schmetterling der auf ein kleines Biotop angewiesen ist handelt, das Dasein des Menschen verarmen lässt, ihm die Farbe nimmt.
Biodiversitätsdatenbanken sammeln Information, zeigen Tendenzen und können vor Verlusten warnen. Ihr Potential ist überwältigend, ihr Einsatz durch fehlende finanzielle Mittel in Österreich oft nur halbherzig möglich. BioOffice ist ein Werkzeug das seinen Aufgaben gerecht wird, dass Zukunft hat und für die Zukunft arbeitet. Doch um *morgen* eine ausgefeilte Datenbasis zu haben wird *heute* Zeit benötigt. Durch die Bearbeitung anderer Organismengruppen abseits der Tracheophyta, entdeckte der Autor weitere Möglichkeiten Prozesse zu verbessern, Wege zu verkürzen und die Daten einzusetzen. In vielen Gesprächen wurde klar wie deutlich der Wunsch nach einer zentralen Biodiversitätsdatenbank für Österreich, oder zumindest für die Nationalparke dieses Landes ist, doch ebenso schnell zeigt sich wie Utopisch dieser Gedanke ohne angemessene Unterstützung oder angemessene Koordinationsstelle ist. Das Jahr der Biodiversität 2010, sollte vor allem auch ein Jahr des Diskurses sein um ein Netzwerk aufzubauen und gemeinsame Standards einzuführen. Der Nationalpark Gesäuse konnte durch die Etablierung der Biodiversitätsdatenbank auf alle Fälle den bekanntermaßen wichtigsten, den ersten Schritt tun.

7. Literaturverzeichnis

BALTISBERGER, M. (2003): Systematische Botanik – Einheimische Farn- und Samenpflanzen. Vdf Hochschulverlag AG an der ETH Zürich, 2. Auflage, Zürich, 312 S.

BRAUN-BLANQUET, J. (1964): Pflanzensoziologie – Grundzüge der Vegetationskunde. Springer-Verlag, Wien - New York, 3. Auflage, 865 S.

BRINKHOFF, T. (2008): Geodatenbanksysteme in Theorie und Praxis – Einführung in objektrelationale Geodatenbanken unter besonderer Berücksichtigung von Oracle Spatial. Herbert Wichmann Verlag, Heidelberg, 2. Auflage, 492 S.

BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (2007): Die Lage der biologischen Vielfalt - 2. Globaler Ausblick. Naturschutz und Biologische Vielfalt, Heft 44, Landwirtschaftsverlag, Bonn, 95 S.

CABELA, A., et al. (2001): Atlas zur Verbreitung und Ökologie der Amphibien und Reptilien in Österreich – Auswertung der Herpetofaunistischen Sammlung des Naturhistorischen Museums in Wien. Umweltbundesamt, Wien, 880 S.

CAMPBELL, A. N. & REECE, J. B. (2003): Biologie. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg – Berlin, 6. Auflage, 1606 S.

DIERSCHKE, H. (1994): Pflanzensoziologie – Grundlagen und Methoden. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, 683 S.

ELLENBERG, H., et al. (1992): Zeigerwerte von Pflanzen in Mitteleuropa. Verlag Erich Goltze KG, Göttingen, 2. Auflage, 257 S.

FISCHER, M. A. et al. (2008): Exkursionsflora für Österreich, Lichtenstein und Südtirol. Land Oberösterreich, Biologiezentrum der Oberösterreichischen Landesmuseen, Linz, 3.Auflage, 1392 S.

FISCHER, M. A. et al. (1994): Exkursionsflora von Österreich, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart und Wien, 1180 S.

FRITSCH, K. (1909): Exkursionsflora für Österreich – mit Auschluß von Galizien, Bukuwina und Dalmatien. Verlag von Karl Gerolds Sohn, Wien, 2. Auflage, 725 S.

GEISER, E. & MALICKY, M., (2007): Zur Algorithmierbarkeit von Synonymieproblemen in Biodiversitätsdatenbanken - Anforderungsanalyse und praktische Lösungsvorschläge am Beispiel der Chrysomeliden (Insecta: Coleoptera). Entomologica Austriaca, Linz, 42 S.

GLAVAC, V., (1996): Vegetationsökologie – Grundfragen, Aufgaben, Methoden. Gustav Fischer, Jena, 358 S.

HESS, H. (1904): Spezialführer durch das Gesäuse und durch die Ennstaler Gebirge zwischen Admont und Eisenerz. Verlag von Artaria & Co., Wien, 4. Auflage, 195 S.

HILL, D. et al. (2007): Handbook of Biodiversity Methods – Survey, Evaluation and Monitoring. Cambridge University Press, Cambridge, 573 S.

HOBOHM, C., (2005): Was sind Biodiversity Hotspots – global, regional, lokal? Tuxenia 25, S. 379 – 386.

HUEMER, P., & MALICKY, M. (2009): Verbreitungsatlas der Tierwelt Österreichs: Lepidoptera, Geometridae. Densia 28, Linz, 192 S.

KLEIN, E., & KERSCHBAUMSTEINER, H. (1996): Die Orchideen der Steiermark – Eine Ikonographie und Verbreitungsübersicht. Steiermärkisches Landesmuseum Joanneum, Graz, 148 S.

LANZERATH, D., et al. (2008): Biodiversität. Verlag Karl Alber, Freiburg/München, 218 S.
LEBENSMINISTERIUM (2010): Österreichische Nationalpark-Strategie – Ziele und Visionen von Nationalparks Austria. Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft, Wien, S. 26

LINDNER, R., 2003: Biodiversitätsdaten - Erfassen - Vernetzen - Darstellen. NaturLand Salzburg, Heft 3, 26-27.

MAYR, E., 1995: …und Darwin hatte doch recht. – Charles Darwin, seine Lehre und die moderne Evolutionsbiologie. Piper, München, 2. Auflage, 240 S.

MEIEROTT, L., & SUBAL, W., (2005): Flora der Hassberge und des Grabfelds – Auswertungsbeispiele an einem Projekt großmaßstäblicher Kartierung. Regensburger Botanische Gesellschaft, Hoppea 66, S. 153 – 171.

POTT, R. (2005): Allgemeine Geobotanik : Biogeosysteme und Biodiversität. Springer, Berlin, 652 S.

POTTHAST, T. et al. (2007): Biodiversität – Schlüsselbegriff des Naturschutzes im 21. Jahrhundert? Naturschutz und Biologische Vielfalt Heft 48, Landwirtschaftsverlag, Bonn, 230 S.

RABITSCH, W., & ESSL, F. (2009): Endemiten – Kostbarkeiten in Österreichs Pflanzen und Tierwelt. Naturwissenschaftlicher Verein für Kärnten und Umweltbundesamt GmbH, Klagenfurt und Wien, 924 S.

SAUBERER, N. et al. (2008): Biodiversität in Österreich – Räumliche Muster und Indikatoren der Arten- und Lebensraumvielfalt. Zürich, Bristol-Stiftung, Stuttgart, Wien, 313 S.

SCHERF, G. (2006): Wörterbuch Biologie. Verlag Karl Ueberreuter Ges. m. b. H., Wien, 516 S.

SCHEURER, M., & SCHÖNFELDER, P. (2000): Einige Auswertungsmöglichkeiten der floristischen Kartierung Bayerns. Regensburger Botanische Gesellschaft, Hoppea 61, S. 653 – 691.

SPRING, O., & BUSCHMANN, H. 1998: Grundlagen und Methoden der Pflanzensystematik. Quelle und Meyer Verlag, Wiesbaden, 139 S.

STRASBURGER, E., et al. (1991): Lehrbuch der Botanik für Hochschulen. Gustav Fischer Verlag, Stuttgard – Jena –New York, 33. Auflage, 1030 S.

STRASBURGER, E., et al. (2008): Lehrbuch der Botanik. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, 36. Auflage, 1175 S.

STROBL, G., P. (1881): Flora von Admont. Selbstverlag des Gymnasiums – Melk, Wien, 96 S.

TREPL, L. (1987): Natur im Griff – Landschaft als Ökoparadies. Garten und Landschaft 3/87, s. 37-44.

WEBERLING, F., & STÜTZEL, T. 1993: Biologische Systematik – Grundlagen und Methoden. Wissenschaftliche Buchgesellschaft, Darmstadt, 209 S.

WEBERLING, F., & SCHWANTES, H. O. 2000: Pflanzensystematik – Einführung in die Systematische Botanik. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, 536 S.

ZIMMERMANN, A., et al. (1989): Atlas gefährdeter Farn- und Blütenpflanzen der Steiermark. Mitteilungen der Abteilung für Botanik am Landesmuseum Joanneum, Graz, 302 S.

Internetquellen:

ADELSBERGER, H., H. & KÖRNER, F. (1994): IDEF1X - Eine Methode zur Datenmodellierung. Wirtschaftsinformatik für Produktionsunternehmen. Universität GH Essen.
www.wip.wiwi.uni-due.de

BioCASE: Biological Collection Access Services
www.biocase.org (Zugriff 12/2009)

BIOOFFICE: BioOffice-Website
www.biooffice.at (Zugriff 12/2009)

CBD: Convention on Biological Diversity
www.cbd.int (Zugriff 01/2010)

CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY, 1992
http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-un-en.pdf (Zugriff: 10/2009)

CONSERVATION INTERNATIONAL
www.conservation.org (Zugriff 09/2009)

DUDLEY, N. (2008): Guidelines for Applying Protected Area Management Categories. IUCN, Gland, 106 S.
http://data.iucn.org/dbtw-wpd/edocs/PAPS-016.pdf

EM Plantbase: The information resource for Euro-Mediterranean plant diversity
http://www.emplantbase.org/ (Zugriff 10/2009)

Flora Europaea: Royal Botanic Garden Edinburgh.
http://rbg-web2.rbge.org.uk/FE/fe.html (Zugriff: 10/2009)

GBIF: Global Biodiversity Information Facility.
www.gbif.org (Zugriff: 02/2010)

GISNEWS, 2008: Softwaremagazin für Geo-Information. rmDATA, 2. Ausgabe, 16 S.
http://www.rmdata.at/GeoNews.asp?ID=25

GÖTZL, M. et al. (2003): Die österreichischen Sammlungen und Datenbanken zur Artenvielfalt - Eine interdisziplinäre Studie im Rahmen der Global Biodiversity Information Facility. Bundesministerium für Bildung, Wissenschaft und Kultur, Wien, 187 S.
www.biologischevielfalt.at

IUCN (2003): Guidelines for Application of IUCN Red List Criteria at Regional Levels. Version 3.0., IUCN Species Survival Commission, IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK. ii + 26 pp.
www.iucnredlist.org

IOPI: International Organization for Plant Information.
http://bgbm3.bgbm.fu-berlin.de/iopi/gpc/query.asp (Zugriff: 10/2009)

IPNI: The International Plant Name Index.
http://www.ipni.org/ (Zugriff: 10/2009)

LMMC: Like-Minded Megadiversity Countries
http://www.lmmc.nic.in/index.php (Zugriff: 02/2010)

MALICKY, M., & AUBRECHT, G. (2001): Die biogeographische Datenbank ZOBODAT. Entomologica Austriaca 4, 13 S.
www.biologiezentrum.at (Zugriff 12/2009)

ÖMG (2008): Verbreitungsadtenbank der Pilze Österreichs der Österreichischen Mykologischen Gesellschaft – Auswahllisten und Nachschlagewerte in BioOffice (Stand: 18.12.2008).
http://austria.mykodata.net/ (Zugriff: 02/2010)

RAUMALP: Raumstrukturelle Probleme im Alpenraum.
http://www.oeaw.ac.at/isr/raumalp/mitarbeiter/biodiversitaet.html (Zugriff: 04/2010)

SCHREILECHNER, P. (2000): Softwareentwicklung für biologische Verbreitungsdatenbanken – Initiativen und Projekte. Vorarlberger Naturschau 8, S. 177 – 190.
www.biologiezentrum.at (Zugriff 01/2010)

SCHWARZ, S., et al. (1999): Datenschlüssel Bodenkunde. Umweltbundesamt GmbH, Wien, 152 S.
www.umweltbundesamt.at (Zugriff 02/2010)

TRAXLER, A. (1997): Handbuch des vegetationsökologischen Monitorings – Methoden, Praxis, angewandte Projekte – Teil A: Methoden. Bundesministerium für Umwelt, Jugend und Familie, Wien, 391 S.
www.umweltbundesamt.at (Zugriff 12/2009)

UMWELTBUNDESAMT 2005: Biotoptypen-Liste.
http://gis.umweltbundesamt.at/austria/natur/nisa/docs/BT_Liste_August_2005.pdf (Zugriff: 01/2010)

United Nations:
www.un.org (Zugriff 10/2009)

UNIVERSITÄT HAMBURG: Botanik online - The Internet Hypertextbook.
http://www.biologie.uni-hamburg.de/b-online/d00/inhalt.htm (Zugriff 01/2010)

WIKI: Wikipedia
http://en.wikipedia.org/wiki/File:Megadiverse_Countries.PNG (Zugriff 01/2010)

ZDFS: Zentrum des Datenverbundnetzes der Schweizer Flora.
www.crsf.ch (Zugriff: 10/2009)

8. Anhang

ad Tabelle 13 bis 16:

- Gelb hervorgehobene Felder gehören zur Gruppe der *Auswahlfelder*
- Rot hervorgehobene Felder gehören zu Gruppe der *sammlungsspezifischen Auswahlfelder.*

Bisher genutzte Felder (verschiedene Organismengruppen)		
Feldname (Datenbank)	**FELD**	**ERLÄUTERUNG**
TAXA (tTaxa)		
taxTaxonDisplay	**Taxon**	Taxonname (muss eindeutig sein, daher sollten auch Angaben wie Autor, subspecies, sensu, usw. angegeben werden.
taxAdminImport1	**Datensatz - ImportMarker1**	Feld zur Kennzeichnung eines Datensatzes
taxAddLkp3	**Organismengruppe**	Auswahlfeld: Zuteilung eines Objektes zu verschiedenen Organismengruppen möglich
taxSynIdTaxon	**Synonym**	Taxon-Nr. des zugehörigen aktuellen Taxons
taxClassis	**Systematik - Classis**	Klasse (classis)
taxTaxonAuthor	**Taxon - Autor**	Autor der Artbeschreibung
taxTaxonCode1	**Taxon - Code 1**	z.B. alpina Sauteria
taxTaxonCode2	**Taxon - Code 2**	z.B. Sau alp
taxTaxonCommonName	**Taxon - Populärname**	Populärname
taxTaxonKeywords	**Taxon - Stichwörter**	z.B. Sauteria alpina
taxIdReference	**Taxon - Zitat**	Literaturzitat zur Artbeschreibung
taxFamilia	**Taxonomie - Familia**	Familie (familia)
taxForma	**Taxonomie - Forma**	Form (forma)
taxGenus	**Taxonimie - Genus**	Gattung (genus)
taxInfraspecies	**Taxonomie - Infraspecies**	Infraspecies (infraspecies)
taxOrdo	**Taxoniomie - Ordo**	Ordnung (ordo)
taxPhylum	**Taxonomie - Phylum**	Stamm (phylum)
taxRegnum	**Taxonomie - Regnum**	Reich (regnum)
taxSectioBotanica	**Taxonomie - Sectio (bot.)**	botanische Sektion (sectio) - Vorsicht die hierarchische Position der Sektion unterscheidet sich zwischen botanischer und zoologischer Phlogenie
taxSpecies	**Taxonomie - Species**	Artname (species, epithet)
taxSubclassis	**Taxonomie - Subclassis**	Unterklasse (subclassis)
taxSubdivisio	**Taxonomie - Subdivisio**	Unterabteilung (subdivisio)
taxSubfamilia	**Taxonomie - Subfamilia**	Unterfamilie (subfamilia)
taxSubgenus	**Taxonomie - Subgenus**	Untergattung (subgenus)
taxSubordo	**Taxonomie - Subordo**	Unterordung (subordo)
taxSubphylum	**Taxonomie - Subphylum**	Unterstamm (subphylum)
taxSubregnum	**Taxonomie - Subregnum**	Unterreich (subregnum)
taxSubspecies	**Taxonomie - Subspecies**	Unterart (subspecies)
taxSuperfamilia	**Taxonomie - Superfamilia**	Uberfamilie (superfamilia)
taxSuperordo	**Taxonomie - Superordo (cohors)**	Uberordnung, Kohorte (superordo, cohors)
taxSuperregnum	**Taxonomie - Superregnum**	Hautreich (superregnum)
taxTribus	**Taxonomie - Tribus**	Tribus (tribus)
taxVarietas	**Taxonomie - Varietas**	Varietät (varietas)
taxTaxonRank	**Taxonomischer Rang**	Auswahlfeld zur Angabe des hierarchischen Ranges des Taxons (z.B. Genus, Species, Subspecies…)
taxArea3	**Verbreitung - lokal**	Angaben zur lokalen Verbreitung des Taxons. z.B.Salzburg (Wittmann & al. 1996), Salzburg (Wittmann & al. 1996): ADVENTIV,..
taxTaxonDistribution	**Verbreitung - Kommentar**	Textfeld zur Beschreibung der Verbreitung des Taxons.

Tabelle 13: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil A.(Eigener Entwurf)

FUNDORTE (tSites)		
sitSiteName	**Fundortname**	Fundortbezeichnung
sitExtendXMaxCustom/sitExtendXMaxGeo	**X-Koordinate**	Angabe der Koordinaten in Grad-Minuten-Sekunden oder Dezimalgrad möglich. Das BMN-31 wird als Bezugssystem bevorzugt, wird jedoch ein anderes verwendet ist dies unbedingt einzutragen.
sitExtendYMaxCustom/sitExtendYMaxGeo	**Y-Koordinate**	siehe X-Koordinate
sitProjSysNameCustom	**Koordinaten - räumliches Bezugssystem**	Um eine korrekte Anzeige der Fundorte zu gewährleisten ist das verwendete Bezugsystem anzugeben.
sitCoordOrigin	**Koordinaten - Grundlage**	Grundlage für die Koordinatenerfassung (Karte, GPS,...)
sitSiteCode	**Fundortcode**	Eindeutige Kennzeichnung des Fundortes
sitCatalog	**Fundortkatalog**	Fundortkatalog zur Gruppierung der Fundorte
sitMsm1	**Meereshöhe_von**	Angabe mit einer Genauigkeit von +/- 20m. Es soll nur die Zahl ohne Einheit eingetragen werden. Wenn es notwendig ist kann auch ein Intervall(von - bis) verwendet werden.
sitMsm2	**Meereshöhe_bis**	Angabe mit einer Genauigkeit von +/- 20m. Es soll nur die Zahl ohne Einheit eingetragen werden. Wenn es notwendig ist kann auch ein Intervall(von - bis) verwendet werden.
sitInclination1	**Hangneigung in °_von**	Wenn möglich ist die Hangneigung anzugeben. Auch hier ist nur die Zahl einzutragen. Wenn es notwendig ist kann auch ein Intervall(von - bis) verwendet werden.
sitInclination2	**Hangneigung in °_bis**	Wenn möglich ist die Hangneigung anzugeben. Auch hier ist nur die Zahl einzutragen. Wenn es notwendig ist kann auch ein Intervall(von - bis) verwendet werden.
sitExposition1	**Exposition_von**	Eintragen als N, NE, NNE, usw. Wenn es notwendig ist kann auch ein Intervall(von - bis) verwendet werden.
sitExposition2	**Exposition_bis**	Eintragen als N, NE, NNE, usw. Wenn es notwendig ist kann auch ein Intervall(von - bis) verwendet werden.
sitGeology	**Geologie**	Zum Beispiel Dachsteinkalk, Ramsaudolomit, usw.
sitAdminImport1	**Datensatz - ImportMarker1**	Feld zur Kennzeichnung eines Datensatzes
sitAddLkp1	**Fundortgenauigkeit**	Auswahl aus drei Kategorien: **bis 1000m** (relativ genau), **1000-10000m** (ungenau), **über 10000m** (sehr ungenau).
sitAddLkp2	**Boden: Humusform**	Auswahlfeld: Rohumusartiger Moder, Typischer Mull, usw.
sitAddText7	**Boden: Humusform (freier Text)**	Nur für Humusformen die nicht in der Standartliste vorliegen.
sitAddLkp3	**Boden: Bodentyp**	Auswahlfeld: Pseudogley, Rendzina, usw.
sitAddText6	**Boden: Bodentyp (freier Text)**	Nur für Bodentypen die nicht in der Standartliste vorliegen.
sitAddLkp9	**Boden: Reaktion**	Auswahlfeld: stark sauer, ph<4; sauer, ph< 4-5, usw.
sitAddText8	**Höhe Humusauflage in [cm]**	Angabe als **Humusauflage (cm): xy**
sitAddText9	**Gründigkeit in [cm]**	Angabe der Zahl ohne Einheit. Auch die Angabe eines Intevalles der durch einen Bindestrich zu trennen ist, ist möglich. z.B. **30-60 cm**
sitAddText10	**Oberhöhe in [m]**	Angabe als **Oberhöhe (m): xy**
sitSidePlace	**Untersuchungsfläche in [m²]**	Angabe als **Untersuchungsflaeche (m2): xy**
sitAddText1	**Deckung der Baumschicht in [%]**	Angabe als **Deckung Baumschicht (%): xy**
sitAddText2	**Deckung der Strauchschicht in [%]**	Angabe als **Deckung Strauchschicht (%): xy**
sitAddText3	**Deckung der Krautschicht in [%]**	Angabe als **Deckung Krautschicht (%): xy**
sitAddText4	**Deckung der Moosschicht in [%]**	Angabe als **Deckung Moosschicht (%): xy**
sitSiteDescription	**Fundortbeschreibung: Text**	Zusätzliche Angaben zu einer Fundstelle wie etwa "Beginn des Wasserfallweges" oder "ca. 0,5 km E des Gasthofs"

Tabelle 14: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil B.(Eigener Entwurf)

OBJEKTE (tObjekts)		
objEventIdContact	**Sammelvorgang - Sammler/Beobachter**	Name des Sammlers oder Beobachters
objEventDate1	**Sammelvorgang - Datum**	Datum der Aufnahme in der Form ***01.01.2010***
objEventDateYear1	**Sammelvorgang - Jahr (Datum von)**	Datum der Aufnahme in der Form ***2010***
objEventMonth1	**Sammelvorgang - Monat (Datum von)**	Datum der Aufnahme in der Form ***04***
objEventDateDay1	**Sammelvorgang - Tag (Datum von)**	Datum der Aufnahme in der Form ***01***
objEventDateYear1/objEventDateMonth1	**Datum (Text)**	Nur dann anzuwenden wenn kein genaueres Datum vorhanden ist. Datum der Aufnahme in der Form ***April 2009***
objEventDateUncertain	**Sammelvorgang - Datum unsicher**	Ja/nein - Feld zur Angabe, ob das Sammeldatum genau bekannt ist.
objEventComments	**Sammelvorgang - Kommentar**	Kommentare zur Diversem während des Sammelvorgangs.
objAddLkpCs3	**Sammelvorgang - Wetter**	Witterung während der das Objekt gesammelt/beobachtet wurde. Auswahlfeld: Kann je nach Sammlung unterschiedlich sein.
objAddFloat1	**Sammelvorgang - Lufttemperatur**	Lufttemperatur gemessen in °C.
objAddFloat2	**Sammelvorgang - Wassertemperatur**	Wassertemperatur gemessen in °C
objEventCollectionMethod	**Sammelvorgang - Sammelmethode**	Sammelmethode: z.B. Barberfalle, Kescher, etc
objAddText8	**Anzahl - Gesamt**	Möglichst genaue Angaben zur Individuenzahl. Keine Intervalle sowie <> verwenden.
objProbAdults	**Anzahl - Adulte**	Anzahl der gesammelten/beobachteten adulten Individuen
objProbEggs	**Anzahl - Eier/Laich**	Anzahl der(s) gesammelten/beobachteten Eier/Laichs
objProbLarvae	**Anzahl - Larven**	Anzahl der gesammelten/beobachteten Larven
objProbPubae	**Anzahl - Puppen/Metamorphosestadien**	Anzahl der gesammelten/beobachteten Puppen oder Individuen in einem Metamorphosestadium
objProbJuveniles	**Anzahl - Jungtiere**	Anzahl der gesammelten/beobachteten Jungtiere
objProbMale	**Anzahl - Männchen**	Anzahl der gesammelten/beobachteten Männchen
objProbFemale	**Anzahl - Weibchen**	Anzahl der gesammelten/beobachteten Weibchen
objProbAgeUnit	**Individuum - Alter (Einheit)**	Angabe der Altersklasse. z.B. juvenile (juv)
objProbLength	**Maße - Länge**	Abmessung (Länge)
objProbLengthUnit	**Maße - Länge (Einheit)**	Verwendete Einheit bei der Längenangabe
objProbObservation	**Beobachtung - Beobachtungskategorien**	Beschreibung wie Beobachtung durchgeführt wurde. z.B. akustisch, durch Fang, etc.
objProbStadium	**Individuum - Entwicklungsstadium**	Sammlungsspezifisches Auswahlfeld: z.B. Phänologischer Aufnahmeschlüssel nach DIERSCHKE(1989, 1994)
objProbObservationComments	**Beobachtung: Biologie/Verhalten (freier Text)**	Kommentare zur Beobachtung. (Soziabilität, Vitalität, usw.)
objDetIdContact	**Bestimmer**	Name und Vorname des Bestimmers ausgeschrieben und durch ein Leerzeichen getrennt. Falls keine Angaben gilt der Beobachter als Bestimmer.
objDetResult	**Bestimmung - Bestimmungsergebnis**	Name des Taxons zum Zeitpunkt der Bestimmung. Wird automatisch zusätzlich zur Taxon-Nr. gespeichert. Bleibt auch bei der Synonymisierung des Tacons erhalten. Wird bei der Neueingabe von der Applikation automatisch eingetragen.
objDetComments	**Bestimmung: Kommentar**	Eigenschaften/Bestimmungsmerkmale, Bestimmungskriterien, Unsicherheiten, verwendete Bestimmungsliteratur
objAdminImport1	**Datensatz - ImportMarker1**	Feld zur Kennzeichnung eines Datensatzes
objAddLkp3	**Belegexemplar - Herkunft**	Herkunft des Belegexemplares
objAddLkpCs1	**Individuum - Verhalten (Code 1)**	z.B. Brutverhalten von Vögeln, Verhalten von Bienen
objAddLkpCs2	**Individuum - Verhalten genau (Code2)**	z.B. Verhaltensformen von Vögeln
objAddLkpCs11	**Artmächtigkeit**	Anzugeben nach Braun-Blanquet. Werte **r,+** und **1 bis 5**
objAddLkpCs12	**Pflanzensoziologische Einheit**	Das diesbezügliche Referenzwerk stellt die in drei Bänden erschiene Reihe „Pflanzengesellschaften Österreichs" (MUCINA et al. 1993) [In Zukunft LISTE]
objAddText7	**Schicht**	Auf welche Schicht bezieht sich die Aufnahme. Baum-, Strauch-, Kraut- oder Moosschicht
objAddLkp1	**Lebensraum: UBA (Umweltbundesamt)**	Auswahlfeld: Buntschwingel-Silikatrasen, Karbonatschutthalden der Hochlagen usw. Nach Umweltbundesamt-Katalog.
objAddText1	**Lebensraum: Text**	Beschreibung des Lebensraums in eigenen Worten.
objIdCollection	**Sammlung**	Sammlung der das Objekt zugeordnet ist.

Tabelle 15: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil C.(Eigener Entwurf)

SAMMLUNGEN (tCollections)		
colEventRecords	**Datensätze - erfasst**	Anzahl der erfassten Objektdatensätze (kann aus der Datenbank abgeleitet werden)
colDetDataExpected	**Taxa - Anzahl erwartet**	Anzahl der erwarteten Taxa
KONTAKTE (tContacts)		
conContactName	**Kontakt**	Name des Kontakteintrags (z.B. Nachname Vorname), der Name muss innerhalb der Datenbank eindeutig sein.
conLastName	**Name - Nachname**	Nachname
conFirstName	**Name - Vorname**	Vorname
conTitle	**Name - Titel**	Titel
conEmail	**Adresse - E-mail**	Adressfeld - E-mail
conOrganisation	**Adresse - Organisation**	Adressfeld - Organisation
PROJEKTE (tProjekts)		
prjProjectName	**Projektname**	Projektname z.B. Brutvogelmonitoring
projContactIdContact	**Ansprechpartner**	Hauptansprechperson
projOrganisationIdContact	**Organisation**	Organisation z.B. BirdLife Österreich
prjDateRealStart	**Durchgeführt von**	tatsächliche Projektbeginn (Datum)
prjDateRealEnd	**Durchgeführt bis**	tatsächliches Projektende (Datum)
LITERATUR (tReferences)		
refPagesSection	**Abschnitt - Seiten**	Seiten des Buchabschnittes
refTitleSection	**Abschnitt - Titel**	Abschnittstitel
refStorageSite1	**Aufbewahrung - Aufbewahrungsort1**	Aufbewahrungsort
refStorageSite2	**Aufbewahrung - Aufbewahrungsort2**	Aufbewahrungsort
refEdition	**Auflage**	Auflage
refAuthor	**Autor(en)**	Autor des Zitats
refVolume	**Band**	Band
refAdminImport1	**Datensatz - ImportMarker1**	Feld zur Kennzeichnung eines Datensatzes
refDatePublished	**Datum**	Datum der Publikation
refOriginAccessionDate	**Erwerbungsdatum**	Datum (Herkunft)
refArea1	**Geographischer Bezug1**	Geographischer Bezug des Literaturzitates
refArea2	**Geographischer Bezug2**	Geographischer Bezug des Literaturzitates
refEditor	**Herausgeber**	Herausgeber
refOriginType	**Herkunftsart**	Zugangsart (Herkunft) des Belegs z.B. Kauf, Geschenk, etc.
refContents	**Inhalt**	Inhalt
refStorageNumber	**Inventar - Inventarnummer**	Inventarnummer
refCatalog	**Inventar - Katalog**	Katalog (gruppiert die Literaturzitate)
refISBN	**ISBN**	ISBN
refISSN	**ISSN**	ISSN
refYear	**Jahr**	Jahr
refComments	**Kommentar**	Kommentar
refNumber	**Nummer**	Nummer (z.B. innerhalb einer Sammlung)
refValue	**Preis/Wert**	Preis/Wert
refValueUnit	**Preis/Wert Einheit**	Währungseinheit
refSource	**Quelle**	Quelle
refPages	**Seiten**	Seiten des Artikels
refKeywords	**Stichwörter**	Stichwörter
refPart	**Teil**	Teil
refSubject	**Thema**	Thema
refTitle	**Titel**	Titel
refType	**Typ**	Typ des Zitats (z.B. Buch, Artikel, etc.)
refSubtitle	**Untertitel**	Untertitel
refPublisher	**Verlag**	Verlag
refPublisherPlace	**Verlagsort**	Verlagsort
refReferenceName	**Zitat**	eindeutige Bezeichnung des Zitats (z.B. Autor(en) Jahr)
EXKURSIONEN (tExcursions)		
Noch keine Exkursionen eingetragen.		

Tabelle 16: Die aktuell genutzten Datenfelder – Stand Mai 2010 – Teil D.(Eigener Entwurf)

Datentyp	Beschreibung
bit	JA/NEIN-Feld Ganzzahlige Daten mit einem Wert von 1 (JA) oder 0 (NEIN).
datetime	Datums- und Zeitangaben Datums- und Zeitdaten vom 1. Januar 1753 bis zum 31. Dezember 9999 mit einer Genauigkeit von 300stel-Sekunden, also 3,33 Millisekunden.
float	Realzahl-Feld Numerische Daten mit den folgenden zulässigen Werten: -1.79E + 308 bis -2.23E - 308, 0 und 2.23E - 308 bis 1.79E + 308.
int	Ganzzahl-Feld Ganzzahlige Daten von -2^{31} (-2.147.483.648) bis 2^{31}-1 (2.147.483.647).
ntext	Text oder eine Kombination aus Text und Zahlen Unicode-Daten variabler Länge mit einer maximalen Länge von 2^{30} - 1 (1.073.741.823) Zeichen.
real	Realzahl-Feld Numerische Daten mit den folgenden zulässigen Werten: -1.79E + 308 bis -2.23E - 308, 0 und 2.23E - 308 bis 1.79E + 308.
smallint	Ganzzahl-Feld Ganzzahlige Daten von -2^{15} (-32.768) bis 2^{15} - 1 (32.767).
text	Längerer Text und Zahlen, z. B. Anmerkungen und Beschreibungen Nicht-Unicode-Daten variabler Länge mit einer maximalen Länge von 2^{31}-1 (2.147.483.647) Zeichen.
tinyint	Ganzzahl-Feld Ganzzahlige Daten von 0 bis 255.
uniqueidentifier	GUID Datensatzidentifikator Ein global eindeutiger Bezeichner (Globally Unique Identifier, GUID).
varchar	Text oder eine Kombination aus Text und Zahlen Nicht-Unicode-Daten variabler Länge

Abbildung 43: Liste der in BioOffice verwendeten Datentypen.(BIOOFFICE Handbuch)

Die folgenden Abbildungen 44 bis 51 stellen eine vollständige Liste der in Biooffice verwendeten Datenfelder dar. Sie entstammen alle dem BioOffice Handbuch.

Taxa (tTaxa)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
taxAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes (wird automatisch eingetragen).	datetime	
taxAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes (wird automatisch eingetragen).	varchar	50
taxAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung.	uniqueidentifier	
taxAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
taxAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
taxAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
taxAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat (wird automatisch eingetragen).	varchar	50
taxAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
taxIdTaxon	Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Taxons (wird automatisch vergeben).	int	
taxAddLkp1	Freies Auswahlfeld 01	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
taxAddLkp2	Freies Auswahlfeld 02	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
taxAddLkp3	Freies Auswahlfeld 03	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
taxAddLkp4	Freies Auswahlfeld 04	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
taxAddLkp5	Freies Auswahlfeld 05	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
taxAddDatetime1	Freies Datumsfeld 01	Frei verwendbares Datumsfeld.	datetime	
taxAddDatetime2	Freies Datumsfeld 02	Frei verwendbares Datumsfeld.	datetime	
taxAddInt1	Freies Ganzzahlfeld 01	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
taxAddInt2	Freies Ganzzahlfeld 02	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
taxAddInt3	Freies Ganzzahlfeld 03	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
taxAddInt4	Freies Ganzzahlfeld 04	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
taxAddInt5	Freies Ganzzahlfeld 05	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
taxAddMemo	Freies Memofeld	Frei verwendbares Textfeld (memo).	ntext	2^{31}-1
taxAddFloat1	Freies Realzahlfeld 01	Frei verwendbares Realzahl(= Fließkomma)feld.	float	
taxAddFloat2	Freies Realzahlfeld 02	Frei verwendbares Realzahl(= Fließkomma)feld.	float	
taxAddFloat3	Freies Realzahlfeld 03	Frei verwendbares Realzahl(= Fließkomma)feld.	float	
taxAddFloat4	Freies Realzahlfeld 04	Frei verwendbares Realzahl(= Fließkomma)feld.	float	
taxAddFloat5	Freies Realzahlfeld 05	Frei verwendbares Realzahl(= Fließkomma)feld.	float	
taxAddText1	Freies Textfeld 01	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	255
taxAddText2	Freies Textfeld 02	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	255
taxAddText3	Freies Textfeld 03	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	255
taxAddText4	Freies Textfeld 04	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	255
taxAddText5	Freies Textfeld 05	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	255
taxTaxonMorphology	Morphologische Angaben	Textfeld zur Beschreibung morphologischer Besonderheiten des Taxons	varchar	255
taxHost	Ökologie - Beziehungen	Textfeld zur Beschreibung ökologischer Beziehungen des Taxons.	varchar	255
taxTaxonHabitats	Ökologie - Habitate	Textfeld zur Beschreibung typischer Habitate des Taxons.	varchar	255
taxMsm2	Ökologie - Höchstfund (msm)	Höchstfund (kann aus der Datenbank abgeleitet werden)	real	
taxTaxonEcology	Ökologie - Kommentar	Textfeld zur Beschreibung der Ökologie des Taxons.	varchar	255
taxEcoType	Ökologie - Ökotyp	Ökologische Typisierung des Taxons (z. B. stenök, euryök).	varchar	255
taxMsm1	Ökologie - Tiefstfund (msm)	Tiefstfund (kann aus der Datenbank abgeleitet werden)	real	
taxTaxonEconomy	Ökonomische Angaben	Textfeld zur Beschreibung der ökonomischen Bedeutung des Taxons.	varchar	255
taxSynIdTaxon	Synonym	Taxon-Nr. des zugehörigen aktuellen Taxons	int	
taxSynComments	Synonymie - Kommentar	Kommentar (Synonyme)	varchar	255
taxSynText	Synonymie - Weitere Synonyme	weitere nicht referenzierte Synonyme.	varchar	255
taxClassis	Systematik - Classis	Klasse (classis)	varchar	50
taxDivisio	Systematik - Divisio	Abteilung (divisio)	varchar	50
taxTaxonDisplay	Taxon	Taxonname (muss eindeutig sein, daher sollten auch Angaben wie Autor, subspecies, sensu ... angegeben werden).	varchar	255
taxTaxonAuthor	Taxon – Autor	Autor der Artbeschreibung	varchar	100
taxTaxonCode1	Taxon - Code 1	Taxon Code (1)	varchar	50

Abbildung 44: Darstellung von tTaxa nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Die folgenden zwei Seiten gehören ebenfalls zu tTaxa.

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
taxTaxonCode2	Taxon - Code 2	Taxon Code (2)	varchar	50
taxTaxonCode1Name	Taxon - Codesystem 1	Bezeichnung des Codesystems (1)	varchar	50
taxTaxonCode2Name	Taxon - Codesystem 2	Bezeichnung des Codesystems (2)	varchar	50
taxIdContact	Taxon - Experte	Experte für das Taxon	int	
taxTaxonInterpretation	Taxon - Interpretation	Textfeld zur Erklärung der taxonomischen Interpretation des Taxons (sensu ...).	varchar	100
taxTaxonComments	Taxon - Kommentar (Allgemein)	Allgemeiner Kommentar zum Taxon	text	2^{31}-1
taxTaxonCommonName	Taxon - Populärname	Populärname	varchar	255
taxTaxonCommonName 2	Taxon - Populärname 2	Populärname (2)	varchar	255
taxTaxonCommonName 3	Taxon - Populärname 3	Populärname (3)	varchar	255
taxTaxonYear	Taxon - Publikationsjahr	Jahr der Artbeschreibung	varchar	50
taxTaxonKeywords	Taxon - Stichwörter	Stichwörter	varchar	255
taxTaxonTypusComments	Taxon - Typusbeleg (Information)	Textfeld für Angaben zum Aufbewahrungsort des Typusbelegs für das Taxon.	varchar	255
taxIdReference	Taxon - Zitat	Literaturzitat zur Artbeschreibung (Auswahl aus vorhandenen Literaturangaben)	int	
taxReferenceText	Taxon - Zitat (textlich)	Literaturzitat zur Artbeschreibung (textlich)	varchar	255
taxFamilia	Taxonomie - Familia	Familie (familia)	varchar	50
taxForma	Taxonomie - Forma	Form (forma)	varchar	50
taxGenus	Taxonomie - Genus	Gattung (genus)	varchar	50
taxInfraspecies	Taxonomie - Infraspecies	Infraspecies (infraspecies)	varchar	50
taxInfrasubclassis	Taxonomie - Infrasubclassis	Infraunterklasse (infrasubclassis)	varchar	50
taxInfrasubfamilia	Taxonomie - Infrasubfamilia	Infraunterfamilie (infrasubfamilia)	varchar	50
taxInfrasubgenus	Taxonomie - Infrasubgenus	Infrauntergattung (infrasubgenus)	varchar	50
taxInfrasubordo	Taxonomie - Infrasubordo	Infraunterordnung (infrasubordo)	varchar	50
taxOrdo	Taxonomie - Ordo	Ordnung (ordo)	varchar	50
taxPhylum	Taxonomie - Phylum	Stamm (phylum)	varchar	50
taxRegnum	Taxonomie - Regnum	Reich (regnum)	varchar	50
taxSectioBotanica	Taxonomie - Sectio (bot.)	botanische Sektion (sectio) - Vorsicht die hierarchische Position der Sektion unterscheidet sich zwischen botanischer und zoologischer Phylogenie.	varchar	50
taxSectioZoologica	Taxonomie - Sectio (zool.)	zoologische Sektion (sectio) - Vorsicht die hierarchische Position der Sektion unterscheidet sich zwischen zoologischer und botanischer Phylogenie.	varchar	50
taxSeriesBotanica	Taxonomie - Series (bot.)	botanische Serie (series) - Vorsicht die hierarchische Position der Serie unterscheidet sich zwischen botanischer und zoologischer Phylogenie.	varchar	50
taxSeriesZoologica	Taxonomie - Series (zool.)	zoologische Serie (series) - Vorsicht die hierarchische Position der Serie unterscheidet sich zwischen zoologischer und botanischer Phylogenie.	varchar	50
taxSpecies	Taxonomie - Species (Epithet)	Artname (species, epithet)	varchar	50
taxSubclassis	Taxonomie - Subclassis	Unterklasse (subclassis)	varchar	50
taxSubdivisio	Taxonomie - Subdivisio	Unterabteilung (subdivisio)	varchar	50
taxSubfamilia	Taxonomie - Subfamilia	Familie (familia)	varchar	50
taxSubgenus	Taxonomie - Subgenus	Untergattung (subgenus)	varchar	50
taxSubordo	Taxonomie - Subordo	Unterordnung (subordo)	varchar	50
taxSubphylum	Taxonomie - Subphylum	Unterstamm (subphylum)	varchar	50
taxSubregnum	Taxonomie - Subregnum	Unterreich (subregnum)	varchar	50
taxSubsectioBotanica	Taxonomie - Subsectio (bot.)	botanische Untersektion (subsectio) - Vorsicht die hierarchische Position der Untersektion unterscheidet sich zwischen botanischer und zoologischer Systematik.	varchar	50
taxSubsectioZoologica	Taxonomie - Subsectio (zool.)	zoologische Untersektion (subsectio) - Vorsicht die hierarchische Position der Untersektion unterscheidet sich zwischen zoologischer und botanischer Systematik.	varchar	50
taxSubseriesBotanica	Taxonomie - Subseries (bot.)	botanische Unterserie (subseries) - Vorsicht die hierarchische Position der Unterserie unterscheidet sich zwischen botanischer und zoologischer Systematik.	varchar	50
taxSubseriesZoologica	Taxonomie - Subseries (zool.)	zoologische Unterserie (subseries) - Vorsicht die hierarchische Position der Unterserie unterscheidet sich zwischen zoologischer und botanischer Systematik.	varchar	50
taxSubspecies	Taxonomie - Subspecies	Unterart (subspecies)	varchar	50
taxSubtribus	Taxonomie - Subtribus	Subtribus (subtribus)	varchar	50
taxSubvarietas	Taxonomie - Subvarietas	Untervarietät (subvarietas)	varchar	50
taxSuperclassis	Taxonomie - Superclassis	Überklasse (superclassis)	varchar	50
taxSuperfamilia	Taxonomie - Superfamilia	Überfamilie (superfamilia)	varchar	50
taxSupergenus	Taxonomie - Supergenus	Gattungsgruppe (supergenus)	varchar	50
taxSuperordo	Taxonomie - Superordo (cohors)	Überordnung, Kohorte (superordo, cohors)	varchar	50
taxSuperregnum	Taxonomie - Superregnum	Hauptreich (superregnum)	varchar	50
taxSuperspecies	Taxonomie - Superspecies	Artengruppe (superspecies)	varchar	50

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
taxTribus	Taxonomie - Tribus	Tribus (tribus)	varchar	50
taxVarietas	Taxonomie - Varietas	Varietät (varietas)	varchar	50
taxTaxonRank	Taxonomischer Rang	Auswahlfeld zur Angabe des hierarchischen Ranges des Taxons (z.B. Art, Gattung, Familie, ...)	varchar	25
taxArea3	Verbreitung - lokal	Angaben zur lokalen Verbreitung des Taxons.	varchar	50
taxArea1	Verbreitung - global	Angaben zur globalen Verbreitung des Taxons.	varchar	50
taxTaxonDistribution	Verbreitung - Kommentar	Textfeld zur Beschreibung der Verbreitung des Taxons.	text	2^{31}-1
taxArea2	Verbreitung - regional	Angaben zur regionalen Verbreitung des Taxons.	varchar	50

Fundorte (tSites)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
sitDistrict	Administration - Bezirk/Kreis	Bezirk/Kreis	varchar	50
sitFederalState	Administration - Bundesland/Provinz	Bundesland/Provinz	varchar	50
sitMunicipality	Administration - Gemeinde	Gemeinde	varchar	100
sitCountry	Administration - Staat	Staat	varchar	50
sitExposition2	Beschreibung - Exposition bis	Exposition bis	varchar	25
sitExposition1	Beschreibung - Exposition von	Exposition von	varchar	25
sitSitePlace	Beschreibung - Fundstelle	Beschreibung der Fundstelle	varchar	255
sitGeology	Beschreibung - Geologie	Angaben zur Geologie des Fundortes	varchar	100
sitInclination2	Beschreibung - Inklination bis [°]	Fundortbeschreibung, Inklination bis [°]	int	
sitInclination1	Beschreibung - Inklination von [°]	Fundiortbeschreibung Inklination von [°]	int	
sitSiteRegion1	Beschreibung - Region 1	Regionale Zuordnung des Fundortes	varchar	100
sitSiteRegion2	Beschreibung - Region 2	Regionale Zuordnung des Fundortes	varchar	100
sitIdSite	Datensatz - Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Fundorteintrags	int	
sitAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
sitAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
sitGuidSite	Datensatz - GUID	Fundort-GUID	uniqueidentifier	
sitAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
sitAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
sitAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
sitAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
sitAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
sitAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
sitAddLkp1	Freies Auswahlfeld 1	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
sitAddLkp2	Freies Auswahlfeld 2	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
sitAddLkp3	Freies Auswahlfeld 3	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
sitAddLkp4	Freies Auswahlfeld 4	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
sitAddLkp5	Freies Auswahlfeld 5	Frei verwendbares Auswahlfeld.	varchar	50
sitAddDatetime1	Freies Datumsfeld 1	Frei verwendbares Datumsfeld	datetime	
sitAddDatetime2	Freies Datumsfeld 2	Frei verwendbares Datumsfeld	datetime	
sitAddInt1	Freies Ganzzahlfeld 1	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
sitAddInt2	Freies Ganzzahlfeld 2	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
sitAddInt3	Freies Ganzzahlfeld 3	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
sitAddInt4	Freies Ganzzahlfeld 4	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
sitAddInt5	Freies Ganzzahlfeld 5	Frei verwendbares Ganzzahlfeld.	int	
sitAddBool1	Freies ja/nein Feld 1	Frei verwendbares ja/nein Feld.	bit	
sitAddBool2	Freies ja/nein Feld 2	Frei verwendbares ja/nein Feld.	bit	
sitAddBool3	Freies ja/nein Feld 3	Frei verwendbares ja/nein Feld.	bit	
sitAddBool4	Freies ja/nein Feld 4	Frei verwendbares ja/nein Feld.	bit	
sitAddBool5	Freies ja/nein Feld 5	Frei verwendbares ja/nein Feld.	bit	
sitAddMemo1	Freies Memofeld 1	Frei verwendbares Textfeld (memo).	text	2^{31}-1
sitAddMemo2	Freies Memofeld 2	Frei verwendbares Textfeld (memo).	text	2^{31}-1
sitAddMemo3	Freies Memofeld 3	Frei verwendbares Textfeld (memo).	text	2^{31}-1
sitAddMemo4	Freies Memofeld 4	Frei verwendbares Textfeld (memo).	text	2^{31}-1
sitAddMemo5	Freies Memofeld 5	Frei verwendbares Textfeld (memo).	text	2^{31}-1
sitAddFloat1	Freies Realzahlfeld 1	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld.	float	
sitAddFloat2	Freies Realzahlfeld 2	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld.	float	
sitAddFloat3	Freies Realzahlfeld 3	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld.	float	
sitAddFloat4	Freies Realzahlfeld 4	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld.	float	
sitAddFloat5	Freies Realzahlfeld 5	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld.	float	
sitAddText1	Freies Textfeld 1	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText10	Freies Textfeld 10	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText2	Freies Textfeld 2	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText3	Freies Textfeld 3	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText4	Freies Textfeld 4	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText5	Freies Textfeld 5	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText6	Freies Textfeld 6	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100

Abbildung 45: Darstellung von tSites nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
sitAddText7	Freies Textfeld 7	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText8	Freies Textfeld 8	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitAddText9	Freies Textfeld 9	Frei verwendbares Textfeld.	varchar	100
sitShapetype	Fundort - Form	Form des Fundortes (Punkt, Linie, Polygon)	tinyint	
sitIdSiteParent	Fundort - übergeordneter Fundort	Übergeordneter Fundort	int	
sitSiteName	Fundort Name	Name, der den Fundort eindeutig beschreibt, eine systematische Benennung (z.B. Gemeindename: Flurname, ...) erleichtert das Auffinden bereits angelegter Fundorte	varchar	100
sitSiteDescription	Fundortbeschreibung	Textliche Beschreibung des Fundortes	varchar	255
sitSiteCode	Fundortcode	Fundortcode (kann zur Identifizierung von Fundorten beim Import von Objektdaten verwendet werden)	varchar	100
sitCatalog	Fundortkatalog	Fundortkatalog zur Gruppierung der Fundorte	varchar	50
sitMapNumber1	Karte - Karten Nr. 1	Nummer der Karte, auf der der Fundort liegt	varchar	15
sitMapNumber2	Karte - Karten Nr. 2	Nummer der Karte, auf der der Fundort liegt	varchar	15
sitSiteComments	Kommentar	Kommentar	text	2^{31}-1
sitCoordOriginScale	Koordinaten - Erfassungsmaßstab	Maßstab der für die Koordinatenerfassung verwendeten Kartengrundlage (z. B. 1:50.000)	varchar	30
sitExtentXMaxCustom	Koordinaten - Extent Xmax Erfassung	Extent Xmax Erfassung	float	
sitExtentXMaxGeo	Koordinaten - Extent Xmax geografisch	Extent Xmax geografisch	float	
sitExtentXMinCustom	Koordinaten - Extent Xmin Erfassung	Extent Xmin Erfassung	float	
sitExtentXMinGeo	Koordinaten - Extent Xmin geografisch	Extent Xmin geografisch	float	
sitExtentYMaxCustom	Koordinaten - Extent Ymax Erfassung	Extent Ymax Erfassung	float	
sitExtentYMaxGeo	Koordinaten - Extent Ymax geografisch	Extent Ymax geografisch	float	
sitExtentYMinCustom	Koordinaten - Extent Ymin Erfassung	Extent Ymin Erfassung	float	
sitExtentYMinGeo	Koordinaten - Extent Ymin geografisch	Extent Ymin geografisch	float	
sitCoordOrigin	Koordinaten - Grundlage	Grundlage für die Koordinatenerfassung (Karte, GPS etc.)	varchar	50
sitProjSysNameCustom	Koordinaten - räumliches Bezugssystem	Kartographisches Projektionssystem das zur Verortung des Fundortes verwendet wurde	varchar	30
sitMsmUncertain	Meereshöhe - ungenau	Ungenaue Angabe zur Meereshöhe (ja/nein)	bit	
sitMsm2	Meereshöhe - msm bis	Meereshöhe des Fundortes (obere Grenze)	real	
sitMsm1	Meereshöhe - von	Meereshöhe des Fundortes (untere Grenze)	real	
sitCoordsPrecisionUnit	Prezision - Einheit	Einheit (Unschärfebereich)	varchar	10
sitCoordsPrecision	Prezision - Unschärfebereich [m]	Unschärfe der Verortung [m]	real	
sitGridType	Rastersystem	Verwendetes Rastersystem	varchar	30
sitGridCell	Rasterzelle	Rasterzelle in der sich der Fundort befindet	varchar	30
sitSiteKeywords	Stichwörter	Stichwörter	varchar	255

Diese Abbildung gehört zu Abbildung 44.

Objekte (tObjects)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
objPropAdults	Anzahl - Adulte	Anzahl der gesammelten/beobachteten adulten Individuen	smallint	
objPropEggs	Anzahl - Eier	Anzahl der gesammelten/beobachteten Eier	smallint	
objPropJuveniles	Anzahl - Jungtiere	Anzahl der gesammelten/beobachteten juvenilen Individuen	smallint	
objPropLarvae	Anzahl - Larven	Anzahl der gesammelten/beobachteten Larven	smallint	
objPropMale	Anzahl - Männchen	Anzahl der gesammelten/beobachteten männlichen Individuen	smallint	
objPropPupae	Anzahl - Puppen	Anzahl der gesammelten/beobachteten Puppenstadien	smallint	
objPropFemale	Anzahl - Weibchen	Anzahl der gesammelten/beobachteten weiblichen Individuen	smallint	
objStorageContainerPieces	Aufbewahrung - Behälter-Anzahl	Aufbewahrung: Anzahl der Behälter	int	
objStorageContainerNumber	Aufbewahrung - Behälter-Nr.	Aufbewahrung: Behälter Nummer	varchar	50
objStorageContainerType	Aufbewahrung - Behälter-Typ	Aufbewahrung: Behältertyp	varchar	50
objStorageLevel1	Aufbewahrung - Gebäude/Haus	Aufbewahrung: Gebäude	varchar	50
objStorageComments	Aufbewahrung - Kommentar	Kommentar zur Aufbewahrung des Objektes	varchar	255
objStorageLevel5	Aufbewahrung - Lade	Aufbewahrung: Lade	varchar	50
objStorageLevel3	Aufbewahrung - Raum	Aufbewahrung: Raum	varchar	50
objStorageLevel4	Aufbewahrung - Schrank/Reihe	Aufbewahrung: Schrank	varchar	50
objStorageLevel2	Aufbewahrung - Stock/Abteilung	Aufbewahrung: Stockwerk	varchar	50
objPropObservation	Beobachtung - Beobachtungskategorien	Kategorisierung des Beobachtungsinhaltes	varchar	50
objPropObservationComments	Beobachtung - Kommentar	Kommentar zur Beobachtung	text	2^{31}-1
objDetIdContact	Bestimmung - Bestimmer	Name des Bestimmers. Muss aus den Kontakteinträgen übernommen werden.	int	
objDetResult	Bestimmung - Bestimmungsergebnis	Name des Taxons zum Zeitpunkt der Bestimmung. Wird automatisch zusätzlich zur Taxon-Nr. gespeichert. Bleibt auch bei Synonymisierung des Taxons erhalten. Wird bei Neueingabe von der Applikation automatisch eingetragen.	varchar	255
objDetDate	Bestimmung - Datum	Datum der Bestimmung.	datetime	
objDetComments	Bestimmung - Kommentar	Kommentar zur Bestimmung.	varchar	255
objDetMethod	Bestimmung - Methode	Bestimmungsmethode, z. B. Genitalpräparat	varchar	50
objDetCf	Bestimmung - Offene Nomenklatur	Kürzel für Unsicherheitsangabe, z. B. cf.	varchar	25
objDetAccuracy	Bestimmung - Qualität	Textliche Angaben zur Genauigkeit der Bestimmung.	varchar	25
objDetIdReference	Bestimmung - Zitat	Zitat zur Bestimmung. Muss aus der Literaturverwaltung übernommen werden.	int	
objIdObject	Datensatz - Datensatz Nr.	Datensatznummer des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch vergeben.	int	
objAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
objAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
objAdminLocked	Datensatz - gesperrt	Ja/Nein-Feld zum Sperren des Datensatzes. Gesperrte Datensätze sind nur für BioOffice-Administratoren sichtbar.	bit	
objAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
objAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
objAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	255
objAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
objAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
objAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
objIdExcursion	Exkursion	Name der Exkursion. Kann aus Exkursionen übernommen werden.	int	
objAddLkp1	Freies Auswahlfeld 01	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp2	Freies Auswahlfeld 02	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp3	Freies Auswahlfeld 03	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp4	Freies Auswahlfeld 04	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp5	Freies Auswahlfeld 05	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp6	Freies Auswahlfeld 06	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp7	Freies Auswahlfeld 07	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50

Abbildung 46: Darstellung von tObjects nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
objAddLkp8	Freies Auswahlfeld 08	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp9	Freies Auswahlfeld 09	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkp10	Freies Auswahlfeld 10	Frei verwendbares Auswahlfeld	varchar	50
objAddBool1	Freies Boolesches Feld 01	Frei verwendbares ja/nein Feld	bit	
objAddBool2	Freies Boolesches Feld 02	Frei verwendbares ja/nein Feld	bit	
objAddBool3	Freies Boolesches Feld 03	Frei verwendbares ja/nein Feld	bit	
objAddBool4	Freies Boolesches Feld 04	Frei verwendbares ja/nein Feld	bit	
objAddBool5	Freies Boolesches Feld 05	Frei verwendbares ja/nein Feld	bit	
objAddDatetime1	Freies Datumsfeld 01	Frei verwendbares Datumsfeld	datetime	
objAddDatetime2	Freies Datumsfeld 02	Frei verwendbares Datumsfeld	datetime	
objAddInt1	Freies Ganzzahlfeld 01	Frei verwendbares Ganzzahlfeld	int	
objAddInt2	Freies Ganzzahlfeld 02	Frei verwendbares Ganzzahlfeld	int	
objAddInt3	Freies Ganzzahlfeld 03	Frei verwendbares Ganzzahlfeld	int	
objAddInt4	Freies Ganzzahlfeld 04	Frei verwendbares Ganzzahlfeld	int	
objAddInt5	Freies Ganzzahlfeld 05	Frei verwendbares Ganzzahlfeld	int	
objAddFloat1	Freies Realzahlfeld 01	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld	float	
objAddFloat2	Freies Realzahlfeld 02	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld	float	
objAddFloat3	Freies Realzahlfeld 03	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld	float	
objAddFloat4	Freies Realzahlfeld 04	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld	float	
objAddFloat5	Freies Realzahlfeld 05	Frei verwendbares Realzahl(=Fließkomma)feld	float	
objAddLkpCs1	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 01	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs2	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 02	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs3	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 03	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs4	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 04	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs5	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 05	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs6	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 06	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs7	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 07	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs8	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 08	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs9	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 09	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs10	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 10	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs11	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 11	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs12	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 12	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs13	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 13	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs14	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 14	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddLkpCs15	Freies sammlungsspez. Auswahlfeld 15	Frei verwendbares sammlungsspez. Auswahlfeld	varchar	50
objAddText1	Freies Textfeld 01	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText2	Freies Textfeld 02	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText3	Freies Textfeld 03	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText4	Freies Textfeld 04	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText5	Freies Textfeld 05	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText6	Freies Textfeld 06	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText7	Freies Textfeld 07	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText8	Freies Textfeld 08	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText9	Freies Textfeld 09	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objAddText10	Freies Textfeld 10	Frei verwendbares Textfeld	varchar	100
objSiteIdSite	Fundort	Zugeordneter Fundort	int	
objSiteComments	Fundplatz - Beschreibung	Beschreibung des Fundplatzes	text	2^{31}-1
objOriginType	Herkunft - Art der Herkunft	Art der Herkunft des Objektes (Kauf, Schenkung, Leihgabe, ...)	varchar	25
objStorageForeignNumber	Herkunft - Fremd-InventarNr.	Fremdinventarnummer bei übernommenen Objekten	varchar	50
objOriginComments	Herkunft - Kommentar	Kommentar zur Herkunft des Objekts.	varchar	255
objOriginIdContact	Herkunft - Kontaktperson	Name der Kontaktperson für die Herkunft. Kann aus Kontakten übernommen werden.	int	
objOriginSource	Herkunft - Quelle	Herkunftsquelle	varchar	100
objOriginMoreContacts	Herkunft - Weitere Kontakte	Angaben zu weitern Kontaktpersonen (Objektherkunft)	varchar	255
objPropAge	Individuum - Alter	Altersklasse des aufgesammelten/beobachteten Individuums	real	
objPropAgeUnit	Individuum - Alter (Einheit)	Beschreibung der verwendeten Altersklassen	varchar	30
objPropStadium	Individuum - Enwicklungsstadium	Angabe zu Entwicklungsstadium des aufgesammelten/beobachteten Individuums	varchar	50
objPropSex	Individuum - Geschlecht	Angabe zu Geschlecht des aufgesammelten/beobachteten Individuums	varchar	50
objOriginAccessionDate	Inventar - Eingangsdatum	Datum des Eingangs des Objekts.	datetime	
objOriginAccessionNumber	Inventar - Eingangsnummer	Eingangsnummer des Objekts.	varchar	50
objIODeaccessed	Inventar - entinventarisiert	Ja/Nein-Feld zur Angabe, ob ein Objekt entinventarisiert wurde.	bit	
objStorageNumber	Inventar - Inventarnummer	Inventarnummer	varchar	50
objStorageNumberOld	Inventar - Inventarnummer(n) alt	Nicht mehr verwendete Inventarnummer(n)	varchar	50

Diese und die nächsten beiden Seiten gehören zu Abbildung 46

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
objStorageNumberPrefix	Inventar - Inventarnummer-Präfix	Präfix zur Inventarnummer	varchar	25
objStorageNumberInContainer	Inventar - Nr. innerh. Behälter	Nummer innerhalb eines Behälters	varchar	50
objStorageNumberInCollection	Inventar - Nr. innerh. Sammlung und Art	Eindeutige Nummer je Taxon und Sammlung (kann automatisch aus der Datenbank abgeleitet werden)	varchar	50
objPropWidth	Maße - Breite	Abmessungen (Breite)	real	
objPropWidthUnit	Maße - Breite (Einheit)	Verwendete Einheit bei der Breitenangabe	varchar	25
objPropHeight	Maße - Höhe	Abmessung (Höhe)	real	
objPropHeightUnit	Maße - Höhe (Einheit)	Verwendete Einheit bei der Höhenangabe	varchar	25
objPropLength	Maße - Länge	Abmessungen (Länge)	real	
objPropLengthUnit	Maße - Länge (Einheit)	Verwendete Einheit bei der Längenangabe	varchar	25
objPropWeight	Maße - Masse/Gewicht	Masse/Gewicht des aufgesammelten Individuums	real	
objPropWeightUnit	Maße - Masse/Gewicht (Einheit)	Verwendete Einheit bei der Gewichts/Massenangabe	varchar	25
objCommonDescription	Objekt - Beschreibung	Allgemeine Beschreibung des Objekts.	varchar	255
objGuidObject	Objekt - GUID	Eindeutige Kennzeichnung des Datensatzes. Wird für den Datenaustausch über das BioOffice-Austauschformat verwendet und von der Datenbank automatisch vergeben.	uniqueidentifier	
objCommonPublished	Objekt - ist publiziert	Das Objekt wurde publiziert	bit	
objCommonPublishedAs	Objekt - ist publiziert als	Name (Taxon) unter dem das Objekt Publiziert wurde	varchar	255
objCommonTypustype	Objekt - ist Typus	Detailangaben zu Objekten die Typusbelege sind	varchar	50
objCommonComments	Objekt - Kommentar	Allgemeiner Kommentar zum Objekt.	text	2^{31}-1
objCommonIdReference	Objekt - Literatur (Allgemein)	Zitat zum Objekt. Kann aus Literaturverwaltung übernommen werden.	int	
objCommonName	Objekt - Objektname	Name des Objekts - unabhängig vom Bestimmungsergebnis und Taxon (z.B. Name von berühmten Ausstellungsstücken).	varchar	50
objStorageValue	Objekt - Preis/Wert	Preis/Wert des Objektes	float	
objStorageValueUnit	Objekt - Preis/Wert (Währung)	Währungseinheit	varchar	30
objCommonStatus	Objekt - Status	Status des Objekts. Kann frei definiert werden.	varchar	50
objCommonKeywords	Objekt - Stichwörter	Stichwörter zum Objekt.	varchar	255
objStoragePieces	Objekt - Stückzahl	Anzahl der Belegexemplare	int	
objCommonType	Objekt - Typ	Typ des Objekt-Datensatzes, z. B. Beleg, Beobachtung, Lebendfund, Schalenfund	varchar	50
objPreparationDate	Präparation - Datum	Präparationsdatum	datetime	
objPreparationComments	Präparation - Kommentar	Kommentar zur Präparation des Objektes	text	2^{31}-1
objPreparationType	Präparation - Präparationsart	Art der Präparation	varchar	50
objPreparationIdContact	Präparation - Präparator	Präparator	int	
objIdProject	Projekt	Projekt, dem das Objekt zugeordnet wurde	int	
objEventAbundance	Sammelvorgang - Abundanz	Angaben zur Abundanz/Häufigkeit der Objekte am Standort.	varchar	25
objEventDate2	Sammelvorgang - Datum bis	Enddatum des Sammelvorgangs.	datetime	
objEventDateUncertain	Sammelvorgang - Datum unsicher	Ja/Nein-Feld zur Angabe, ob das Sammeldatum genau bekannt ist. Wenn nein, so sind die Werte in 'Datum von' und 'Datum bis' die Grenzen eines nicht genauer bekannten Sammeldatums.	bit	
objEventDate1	Sammelvorgang - Datum von	Beginndatum des Sammelvorgangs.	datetime	
objEventNumber	Sammelvorgang - Feldprotokoll-Nr.	Z. B. Nummer des Erhebungsbogens.	varchar	50
objFlora	Sammelvorgang - Flora	Flora	varchar	50
objEventHabitat	Sammelvorgang - Habitat	Habitat, in dem das Objekt gefunden wurde.	varchar	25
objEventDateYear1	Sammelvorgang - Jahr (Datum von)	Jahr des Sammelvorgangs.	smallint	
objEventWeekNumber	Sammelvorgang - Kalenderwoche	Kalenderwoche (wird automatisch aus dem Sammeldatum berechnet - ISO 8601)	tinyint	
objEventComments	Sammelvorgang - Kommentar	Kommentar zum Sammelvorgang.	varchar	255
objEventDateMonth1	Sammelvorgang - Monat (Datum von)	Monat des Sammelvorgangs.	smallint	
objEventEcosystem	Sammelvorgang - Ökosystem	Beschreibung des Ökosystems in dem ein Objekt gesammelt/beobachtet wurde.	varchar	50
objEventPermission	Sammelvorgang - Sammel-Erlaubnis	Angaben zur Sammelerlaubnis am Fundort.	varchar	100
objEventCollectionMethod	Sammelvorgang - Sammelmethode	Sammelmethode, z. B. Angabe des Fallentyps	varchar	50
objEventIdContact	Sammelvorgang - Sammler/Beobachter	Name des Sammlers oder Beobachters.	int	
objEventSubstratum	Sammelvorgang - Substrat	Angaben zum Substrat/Untergrund/Mikrohabitat.	varchar	25
objEventDateDay1	Sammelvorgang - Tag (Datum von)	Tag des Sammelvorgangs.	smallint	
objEventTime2	Sammelvorgang - Uhrzeit bis	Endzeit des Sammelvorgangs.	datetime	
objEventTime1	Sammelvorgang - Uhrzeit von	Beginnzeit des Sammelvorgangs.	datetime	
objEventMoreContacts	Sammelvorgang - Weitere Sammler	Angabe weiterer Sammler.	varchar	255
objIdCollection	Sammlung	Sammlung der das Objekt zugeordnet ist	int	
objDetIdTaxon	Taxon	Taxon Wird von der Applikation eingetragen.	int	
objIOIdContact	Verleih - Entlehner	Name des Entlehners. Kann aus Kontakten übernommen werden.	int	
objIOComments	Verleih - Kommentar	Kommentar zum Eingangs-/Ausgangsvorgang.	varchar	255

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
objIOLent	Verleih - Objekt verliehen	Ja/Nein-Feld zur Angabe, ob ein Objekt verliehen wurde	bit	
objIOReturnDateExpected	Verleih - Rückgabe bis	Datum der erwarteten Rückgabe des Objekts.	datetime	

Sammlungen (tCollections)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
colStorageSite1	Aufbewahrung - Aufbewahrungsort 1	Aufbewahrungsort	varchar	50
colStorageSite2	Aufbewahrung - Aufbewahrungsort 2	Aufbewahrungsort	varchar	50
colStorageSite3	Aufbewahrung - Aufbewahrungsort 3	Aufbewahrungsort	varchar	50
colStorageIdContact	Aufbewahrung - Verantwortlicher	Verantwortlicher für die Sammlungsverwahrung	int	
colDetDate1	Bearbeitung - Beginn	Beginn der Bearbeitung (Datum)	datetime	
colDetDate2	Bearbeitung - Ende (tatsächlich)	Tatsächliches Ende der Bearbeitung (Datum)	datetime	
colDetDate2Expected	Bearbeitung - Ende (erwartet)	Erwartetes Ende der Bearbeitung (Datum)	datetime	
colDetIdContact	Bearbeitung - Hauptbearbeiter	Verantwortlicher Hauptbearbeiter	int	
colDetMoreContacts	Bearbeitung - Weitere Bearbeiter	Weitere Bearbeiter	varchar	255
colIdCollection	Datensatz - Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Sammlungseintrags	int	
colAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
colAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
colAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
colAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
colAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
colAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
colAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
colAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
colEventRecords	Datensätze - erfasst	Anzahl der erfassten Objektdatensätze (kann aus der Datenbank abgeleitet werden)	int	
colEventRecordsExpected	Datensätze - erwartet	Anzahl der erwarteten Objektdatensätze	int	
colStorageContainers	Inventar - Anzahl Behälter	Anzahl Behälter	int	
colStorageNumber	Inventar - Aufbewahrungs-Nummer	Aufbewahrungs- oder Inventarnummer	varchar	50
colStorageContainerNumber	Inventar - Behälter-Nummer(n)	Behälter-Nummer(n)	varchar	50
colStorageContainerType	Inventar - Behälter-Typ	Verwendeter Behälter-Typ	varchar	50
colEventDate1	Sammeltätigkeit - Beginn	Beginn der Sammeltätigkeit (Datum)	datetime	
colEventDate2Expected	Sammeltätigkeit - Ende (erwartet)	Erwartetes Ende der Sammeltätigkeit (Datum)	datetime	
colEventDate2	Sammeltätigkeit - Ende (tatsächlich)	Tatsächliches Ende der Sammeltätigkeit (Datum)	datetime	
colEventDateCasual	Sammeltätigkeit - Kommentar	Verbale Beschreibung des Sammelzeitraums	varchar	50
colEventIdContact	Sammler - Hauptsammler	Hauptsammler	int	
colEventMoreContacts	Sammler - Weitere Sammler	Weitere Sammler	varchar	255
colCollectionName	Sammlung	Sammlungsname (der Name muss innerhalb der Datenbank eindeutig sein)	varchar	100
colStoragePieces	Sammlung - Anzahl Belege	Anzahl Stücke	int	
colInfoIdContact	Sammlung - Auskunftsperson	Auskunftsperson zur Sammlung	int	
colDescription	Sammlung - Beschreibung	Beschreibung der Sammlung	varchar	255
colOriginIdContact	Sammlung - Herkunft	Datenherkunft (Kontakt) bei übernommenen Sammlungen	int	
colComments	Sammlung - Kommentar	Kommentar	text	2^{31}-1
colType	Sammlung - Sammlungstyp	Typ der Sammlung (Belege, Datensammlung, Schausammlung, ...)	varchar	50
colKeywords	Sammlung - Stichwörter	Stichwörter	varchar	255
colSubtitle	Sammlung - Untertitel	Untertitel	varchar	255
colDetTaxa	Taxa - Anzahl erfasst	Anzahl der erfassten Taxa (kann aus der Datenbank abgeleitet werden)	int	
colDetTaxaExpected	Taxa - Anzahl erwartet	Anzahl der erwarteten Taxa	int	

Abbildung 47: Darstellung von tCollections nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Kontakte (tContacts)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
conDepartment	Adresse - Abteilung	Adressfeld - Abteilung	varchar	100
conEmail	Adresse - E-mail	Adressfeld - E-mail	varchar	100
conFax	Adresse - Fax	Adressfeld - Fax	varchar	30
conCountry	Adresse - Land	Adressfeld - Land	varchar	30
conOrganisation	Adresse - Organisation	Adressfeld - Organisation	varchar	100
conZIP	Adresse - Postleitzahl	Adressfeld - Postleitzahl	varchar	10
conCity	Adresse - Stadt	Adressfeld - Stadt	varchar	50
conStreet	Adresse - Straße	Adressfeld - Straße	varchar	100
conPhoneBusiness	Adresse - Tel. geschäftl.	Adressfeld - TelefonNr. geschäftlich	varchar	30
conPhoneMobile	Adresse - Tel. mobil	Adressfeld - TelefonNr. mobil	varchar	30
conPhonePrivate	Adresse - Tel. privat	Adressfeld - TelefonNr. privat	varchar	30
conWWW	Adresse - Website	Adressfeld - Webseite	varchar	100
conIdContact	Datensatz - Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Kontakteintrags	int	
conAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
conAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
conAdminLocked	Datensatz - gesperrt	Feld zur Kennzeichnung gesperrter Datensätze	bit	
conAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
conAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
conAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
conAdminInactive	Datensatz - inaktiv	Feld zur Kennzeichnung inaktiver Datensätze. Inaktive Datensätze stehen in Auswahlmenüs nicht mehr zur Verfügung.	bit	
conAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
conAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
conAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
conGuidContact	Datensatz -GUID	GUID zur Identifikation des Datensatzes	uniqueidentifier	
conSalutation	Information - Anrede	Anrede	varchar	30
conProfession	Information - Beruf	Beruf	varchar	50
conMemo	Information - Memo	Textfeld (memo) für Anmerkungen zum Kontakteintrag	text	2^{31}-1
conCategories	Kategorien	Kategorie des Kontakteintrags (z.B. Sammler, Mitarbeiter, Bestimmer, ...)	varchar	255
conContactName	Kontakt	Name des Kontakteintrags (z.B. Nachname Vorname), der Name muss innerhalb der Datenbank eindeutig sein.	varchar	100
conLastName	Name - Nachname	Nachname	varchar	50
conTitle	Name - Titel	Titel	varchar	30
conFirstName	Name - Vorname	Vorname	varchar	50

Abbildung 48: Darstellung von tContacts nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Projekte (tProjects)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
prjContactIdContact	Ansprechpartner	Hauptansprechperson	int	
prjDescription	Beschreibung	Beschreibung	varchar	255
prjBudget	Budget	Budget	float	
prjBudgetUnit	Budget-Währung	Budget-Währung	varchar	5
prjAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
prjAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
prjAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
prjAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
prjAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
prjAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
prjAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
prjAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
prjIdProject	Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Projekts	int	
prjDateRealEnd	Durchgeführt bis	Tatsächliches Projektende (Datum)	datetime	
prjDateRealStart	Durchgeführt von	Tatsächlicher Projektbeginn (Datum)	datetime	
prjFunderIdContact	Geldgeber	Geldgeber	int	
prjDatePlannedEnd	Geplant bis	Geplantes Projektende (Datum)	datetime	
prjDatePlannedStart	Geplant von	Geplanter Projektbeginn (Datum)	datetime	
prjComments	Kommentar (Allgemein)	Kommentar	text	2^{31}-1
prjIdReference	Literaturzitat	Literaturzitat zum Projekt	int	
prjProjectName	Name	Name	varchar	100
prjOrganisationIdContact	Organisation	Organisation	int	
prjManagerIdContact	Projektleiter	Projektleiter	int	
prjStatus	Projektstatus	Projektstatus	varchar	25
prjKeywords	Stichwörter	Stichwörter	varchar	255
prjWWW	Website	Website	varchar	100
prjConMoreContacts	Weitere Kontakte	Weitere Kontakte zum Projekt	varchar	255

Abbildung 49: Darstellung von tProjects nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Literatur (tReferences)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
refAuthorSection	Abschnitt - Autor(en)	Autor(en) des Abschnitts	varchar	255
refPagesSection	Abschnitt - Seiten	Seiten des Buchabschnitts	varchar	15
refTitleSection	Abschnitt - Titel	Abschnittstitel	varchar	255
refSubtitleSection	Abschnitt Untertitel	Untertitel des Abschnitts	varchar	255
refStorageSite1	Aufbewahrung - Aufbewahrungsort 1	Aufbewahrungsort	varchar	50
refStorageSite2	Aufbewahrung - Aufbewahrungsort 2	Aufbewahrungsort1	varchar	50
refStorageSite3	Aufbewahrung - Aufbewahrungsort 3	Aufbewahrungsort1	varchar	50
refEdition	Auflage	Auflage	varchar	10
refAuthor	Autor(en)	Autor des Zitats	varchar	255
refVolume	Band	Band	varchar	10
refIdReference	Datensatz - Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Zitateintrags	int	
refAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
refAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
refGuidReference	Datensatz - GUID	Zitat GUID	uniqueidentifier	
refAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
refAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
refAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
refAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
refAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
refAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
refDatePublished	Datum	Datum der Publikation	datetime	
refOriginAccessionDate	Erwerbungsdatum	Datum (Herkunft)	datetime	
refArea1	Geographischer Bezug 1	Geographischer Bezug des Literaturzitats	varchar	255
refArea2	Geographischer Bezug 2	Geographischer Bezug des Literaturzitats	varchar	255
refEditor	Herausgeber	Herausgeber	varchar	100
refOriginIdContact	Herkunft (Kontakt)	Kontakt (Herkunft)	int	
refOriginType	Herkunftsart	Zugangsart (Herkunft) des Belegs	varchar	25
refContents	Inhalt	Inhalt	text	2^{31}-1
refStorageNumber	Inventar - Inventarnummer	Inventarnummer	varchar	50
refCatalog	Inventar - Katalog	Katalog (gruppiert die Literaturzitate)	varchar	50
refISBN	ISBN	ISBN	varchar	20
refISSN	ISSN	ISBN	varchar	20
refYear	Jahr	Jahr	smallint	
refComments	Kommentar	Kommentar	text	2^{31}-1
refNumber	Nummer	Nummer (z.B. innerhalb einer Sammlung)	varchar	10
refValue	Preis/Wert	Preis/Wert	float	
refValueUnit	Preis/Wert (Einheit)	Währungseinheit	varchar	30
refSource	Quelle	Quelle	varchar	255
refPages	Seiten	Seiten des Artikels	varchar	15
refKeywords	Stichwörter	Stichwörter	varchar	255
refPart	Teil	Teil	varchar	10
refSubject	Thema	Thema	varchar	255
refTitle	Titel	Titel	varchar	255
refType	Typ	Typ des Zitats (z.B. Buch, Artikel, Monographie, ...)	varchar	50
refSubtitle	Untertitel	Untertitel	varchar	255
refPublisher	Verlag	Verlag	varchar	100
refPublisherPlace	Verlagsort(e)	Verlagsort(e)	varchar	50
refURL1	Website	Weblink 1	varchar	100
refURL2	Website 2	Weblink 2	varchar	100
refReferenceName	Zitat	eindeutige Bezeichnung des Zitats (z.B. Autor(en) Jahr)	varchar	50

Abbildung 50: Darstellung von tReferences nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)

Exkursionen (tExcursions)

Feldname (Datenbank)	Angezeigter Feldname (Formulare)	Beschreibung	Datentyp	Länge
excAttendantIdContact	Begleiter	Exkursionsbegleiter	int	
excDescription	Beschreibung	Beschreibung der Exkursion	varchar	255
excAdminCreated	Datensatz - erstellt am	Erstellungsdatum des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
excAdminCreator	Datensatz - erstellt von	Datenbank-Benutzername des Erstellers des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
excAdminInputSession	Datensatz - GUID der Eingabe-Sitzung	GUID der Eingabe-Sitzung	uniqueidentifier	
excAdminImport1	Datensatz - Import-Marker 1	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. die ID-Nummer des Originaldatensatzes enthalten.	varchar	50
excAdminImport2	Datensatz - Import-Marker 2	Feld zur Kennzeichnung von aus anderen Datenbanken importierten Datensätzen. Kann z. B. ein Datum, eine laufende Nummer, ein Bearbeiterkürzel etc. enthalten.	varchar	50
excAdminEdited	Datensatz - zuletzt bearbeitet am	Datum der letzten Bearbeitung des Datensatzes. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	datetime	
excAdminEditor	Datensatz - zuletzt bearbeitet von	Datenbank-Benutzername des Benutzers, der den Datensatz zuletzt verändert hat. Wird von der Datenbank automatisch eingetragen.	varchar	50
excAdminDeletion	Datensatz - zum Löschen markiert	Ja/Nein-Feld zur Markierung von Datensätzen, die zum Löschen vorgemerkt sind.	bit	
excIdExcursion	Datensatz-Nr.	Datensatznummer des Exkursionseintrags	int	
excDate2	Datum bis	Exkursionsende (Datum)	datetime	
excDate1	Datum von	Beginn der Exkursion (Datum)	datetime	
excNumber	Exkursionsnummer	Exkursionsnummer	varchar	30
excCatalog	Katalog	Katalog zur Kategorisierung der Exkursionen	varchar	50
excComments	Kommentar	Kommentar	text	2^{31}-1
excMainIdContact	Leiter	Exkursionsleiter	int	
excExcursionName	Name	Exkursionsname (der Name muss innerhalb der Datenbank eindeutig sein)	varchar	100
excKeywords	Stichwörter	Stichwörter	varchar	50
excTime2	Uhrzeit bis	Ende (Uhrzeit) der Exkursion	datetime	
excTime1	Uhrzeit von	Beginn (Uhrzeit) der Exkursion	datetime	
excMoreContacts	Weitere Teilnehmer	Weitere Teilnehmer an der Exkursion	varchar	255
excWeather	Witterung	Witterung während der Exkursion	varchar	255

Abbildung 51: Darstellung von tExcursions nach der Konfiguration der Entwickler.(BIOOFFICE Handbuch)