

## Archivierung tierökologischer Daten aus Freilanduntersuchungen in einer Datenbank für Biomonitoring und vergleichende tierökologische Untersuchungen

Kai Wollweber

### Synopsis

A data base was constructed for collecting animal ecological data from field investigations. The aim is to give community ecologists a tool for storing and evaluating their data with respect to overcome the limits of their own samples and get access to detailed data of other projects. A set of computer programs evaluates selected data as retrieving tables of abundance, biomass, diversity, evenness, making average cluster analysis on several indices of similarity or dissimilarity and giving an interface to the program CANOCO for ordination aims. Additionally the data base is to be used either as a source for constructing animal dispersal maps or supplying biomonitoring programs with data.

*data base, field experiment, ecological data, animal dispersal, biomonitoring*

### 1. Einleitung

Eine Datenbank wurde entwickelt, um Daten aus freilandökologischen Untersuchungen zu speichern und für umfassende Auswertungen bereitzuhalten. Folgende Anforderungen waren zu erfüllen: Als Datenquelle dienen Messungen aus freilandökologischen Untersuchungen, bei denen Individuen- oder Biomassendichten von Tierarten erfaßt werden. Es soll festgehalten werden, welche taxonomischen Gruppen untersucht werden, welche Erfassungsmethode eingesetzt wird und wie groß der Probenumfang ist. Daten aus Einzeluntersuchungen sollen zusammengeführt und normiert werden, damit quantitative Vergleiche von Daten aus verschiedenen Untersuchungen möglich sind. Die Determinationsergebnisse sollen so gespeichert werden, daß sie für jede einzelne Probenahme abfragbar bleiben. Die Datenbank soll für Auswertemethoden nutzbar sein, die zum Zeitpunkt der Datenspeicherung noch nicht festgelegt oder bekannt sind. Der Datenbestand soll ständig ergänzt werden. Die Benutzung soll auch Wissenschaftlern ohne spezielle EDV-Kenntnisse möglich sein.

### 2. Datenbankstruktur

Bei der Planung einer Datenbank besteht ein Hauptproblem in der Analyse der Objekte und ihrer Beziehungen. Die Analyse führt zu einer spezifischen Datenbankstruktur, die auf einem Datenbanksystem implementiert wird (vgl. Abb. 1).

**taxa**

| TAXA_NR | TAXA_NAME | AUTOR     | JAHR | KLAMMER | TAXA_MITGLIED_NR | SYNONYM_NR |
|---------|-----------|-----------|------|---------|------------------|------------|
| 779     | rufipes   | De Geer   | 1774 | 1       | 86               |            |
| 318     | pubescens |           |      |         | 86               | 779        |
| 86      | Harpalus  | Latreille | 1802 |         | 9                |            |
| 5       | Carabidae |           |      |         | 18               |            |

**prb\_defin**

| PRB_NAME | PRB_KOMM                                       | GK_HOCH | GK_RECHTS |
|----------|--|---------|-----------|
| bobA61   | ÖSF Bornhöved, Bodenfalle Intensivgrünland ... | 5996570 | 3581330   |
| bobA83   | ÖSF Bornhöved, Bodenfalle Brachgünland ...     | 5996700 | 3581400   |
| bobA91   | ÖSF Bornhöved, Bodenfalle Feuchtweide ...      | 5996610 | 3581380   |

**prb\_nahme**

| PRB_NAME | ZEIT_BIS  | PAR_NR | ZEIT_VON  | QUANT_A | QUANT_B |
|----------|-----------|--------|-----------|---------|---------|
| bobA61   | 15-JUL-88 | 1      | 01-JUL-88 | 1       |         |
| bobA61   | 01-AUG-88 | 1      | 15-JUL-88 | 1       |         |
| bobA61   | 15-AUG-88 | 1      | 01-AUG-88 | 1       |         |

**det\_ergeb**

| PRB_NAME | ZEIT_BIS  | PAR_NR | TAXA_NR | ALTERSSTADIUM | ANZAHL | MASSE |
|----------|-----------|--------|---------|---------------|--------|-------|
| bobA61   | 15-AUG-88 | 1      | 779     | i             | 1      |       |
| bobA61   | 15-AUG-88 | 1      | 841     | i             | 1      |       |
| bobA61   | 15-AUG-88 | 1      | 682     | i             | 6      |       |

**det\_basis**

| PRB_NAME | ZEIT_BIS  | PAR_NR | TAXA_NR | ALTERSSTADIUM |
|----------|-----------|--------|---------|---------------|
| bobA61   | 15-JUL-88 | 1      | 5       | i             |
| bobA61   | 01-AUG-88 | 1      | 5       | i             |
| bobA61   | 15-AUG-88 | 1      | 5       | i             |

- > Zeiger auf ein Taxon
- .....> Zeiger auf eine Probengruppe
- > Zeiger auf eine Einzelprobe

**Abb. 1:** Struktur der Datenbank. Die Tabellen entsprechen den Relationen der Datenbank. In der 1. Zeile sind die Attributnamen, in den folgenden Zeilen Beispieleinträge angegeben. Weitere Erläuterungen im Text.

Die Datenbank wurde als relationale Datenbank entwickelt. Die Information wird auf fünf Tabellen (Relationen) verteilt. Die logische Verknüpfung zwischen den Relationen erfolgt über Zeiger auf Schlüsselfelder. Die Relation **taxa** enthält die Namen der Tierarten und höheren Taxa sowie das zoologische System. Es wird nicht unterschieden, ob es sich bei einem Taxon um eine Art, Gattung oder Familie usw. handelt. TAXA\_NR ist der eindeutige Schlüssel für ein Taxon. TAXA\_NAME bezeichnet den Namen des Taxons, AUTOR, JAHR und KLAMMER bezeichnen die zum Namen gehörigen Daten der Erstbeschreibung. TAXA\_MITGLIED\_NR zeigt die Zugehörigkeit zu dem nächsthöheren Taxon an. Bei den Arten wird hier die TAXA\_NR der Gattung, bei den Gattungen die der Unterfamilie usw. angegeben. Damit wird die Hierarchie des zoologischen Systems erschlossen. Synonyme werden durch SYNONYM\_NR angegeben. Bei ungültigen Taxa zeigt SYNONYM\_NR auf die TAXA\_NR des gültigen Synonyms. Bei gültigen Taxa bleibt das Feld leer. In den anderen Relationen wird über das Schlüsselfeld TAXA\_NR Bezug auf ein Taxon genommen. Die Relation **prb\_defin** enthält einen Satz für jede Gruppe von Probenahmen. Unter einer Probengruppe wird eine Menge von Einzelproben verstanden, die an einem Ort mit derselben Methode genommen wurden. Eine Probengruppe besteht aus einer oder mehreren parallelen Einzelproben, gegebenenfalls mit zeitlichen Wiederholungen. PRB\_NAME ist der eindeutige Schlüssel für eine Probengruppe, aus dem auch die Projektzugehörigkeit und die Erfassungsmethode hervorgehen. PRB\_KOMM beschreibt die Probengruppe hinsichtlich des Biotyps, der Nutzung und anderer Eigenschaften des Untersuchungsstandortes. GK\_HOCH und GK\_RECHTS bezeichnen die geographische Lage in Gauss-Krüger-Koordinaten. In den anderen Relationen wird über das Schlüsselfeld PRB\_NAME Bezug auf eine Probengruppe genommen. Die Relation **prb\_nahme** enthält je einen Satz für die Einzelproben. Diese sind eindeutig durch die Kombination von PRB\_NAME, ZEIT\_BIS, PAR\_NR bestimmt. PRB\_NAME zeigt die Zugehörigkeit zu einer Probengruppe an. ZEIT\_BIS bezeichnet den Zeitpunkt oder das Ende der Probenahme. PAR\_NR ist die laufende Nummer der Parallelprobe. ZEIT\_VON bezeichnet den Beginn der Probenahme. QUANT\_A und QUANT\_B enthalten Angaben über den Umfang der Probenahme (z. B. Volumen einer Kempsonprobe, Grundfläche eines Photoelektors). In anderen Relationen wird über die Schlüsselfelder PRB\_NAME, ZEIT\_BIS, PAR\_NR Bezug auf eine Einzelprobe genommen. Die Relation **det\_ergeb** enthält die Determinationsergebnisse. Die Kombination von PRB\_NAME, ZEIT\_BIS, PAR\_NR zeigt auf die Einzelprobe, TAXA\_NR auf das Taxon. ALTERSSTADIUM bezeichnet das Altersstadium sowie das Geschlecht. Das Attribut ANZAHL gibt die Individuenanzahl an. Werden Biomassen bestimmt, so enthält MASSE die Biomasse in mg. Die Relation enthält keine Sätze über Arten, die in einer Probe nicht festgestellt wurden, da dies eine Vielzahl von Sätzen mit ANZAHL = 0 erfordern würde, was die Speichereffizienz stark beeinträchtigte. Die für die Auswertung wichtige Unterscheidung zwischen "in der Probe nicht vorhanden" und "bei der Determination nicht berücksichtigt" wird mit der Relation **det\_basis** erschlossen. Die Relation **det\_basis** enthält die Information, welche taxonomischen Gruppen und Altersstadien bei der Determination berücksichtigt wurden. Die Kombination von PRB\_NAME, ZEIT\_BIS, PAR\_NR zeigt auf die Einzelprobe, TAXA\_NR auf ein Taxon, nämlich die taxonomische Gruppe, die bei der Determination berücksichtigt wurde.

### 3. Auswertungsmöglichkeiten

Bei den Auswertungen müssen aus der Menge des Datenbestandes eine oder mehrere Teilmengen selektiert und verdichtet werden. Datenbankabfragen können auf drei Wegen erfolgen, und zwar:

- 1) mit einem Auswerteprogramm,
- 2) dem SQL-Command-Interpreter,
- 3) durch Modell- und Monitoringprogramme.

#### 3.1 Auswerteprogramm

Ein Auswerteprogramm, daß auch Anwender ohne Datenbankankenntnisse nutzen können, stellt eine Vielzahl von Auswertemethoden zur Verfügung. Der Anwender erstellt eine Abfrage, in der festgelegt wird, welche Proben und welche taxonomischen Gruppen selektiert werden sollen. Dabei kann eine beliebige Auswahl von Proben zu einem Satz zusammengefaßt werden. Eine Abfrage liefert jeweils mehrere Sätze von Proben, die als Grundlage für die weitere Auswertung dienen.

In einer Tabelle werden die Summen der Individuenanzahlen oder Biomassen dargestellt, wobei für jede Art eine Reihe und für jeden Probensatz eine Spalte vorgesehen ist. Entsprechende Tabellen enthalten die Mittelwerte und Varianzen. Dominanzen, Diversität und Evenness der Probensätze sowie Angaben über Zeitpunkt, Dauer und Umfang der Probennahme sind ebenfalls verfügbar. Die Datensätze werden mittels der Average-Cluster-Analyse klassifiziert. Folgende Indizes können für die Cluster-Analyse herangezogen werden: Artenidentitäten (Jaccard- und Sørensen-Index), Dominanzidentität (Renkonen-Index), Diversitätsdifferenz (Hs-Diff), Euklidische Distanz und Cord-Distanz (VAN TONGEREN 1987). Die Average-Cluster-Analyse liefert als Ergebnis ein Dendrogramm, das auf den Plotter ausgegeben werden kann. Die Matrizen der Vergleichsindizes werden als Textdateien erzeugt. Zur Ordination der Datensätze kann das Programm CANOCO (TER BRAAK 1987) verwendet werden. Bei der Datenbankabfrage wird eine Liste erzeugt, die mit CANOCO weiterverarbeitet werden kann.

### **3.2 SQL-Command-Interpreter**

Mit Hilfe des SQL-Command-Interpreters können Anwender mit Datenbankankenntnissen individuelle Abfragen ausführen, die mit dem Auswerteprogramm nicht möglich sind.

### **3.3 Modell- und Monitoringprogramme**

Die Verbreitung von Tierarten kann in Form von Karten dargestellt werden. Hierzu dient eine Schnittstelle zwischen dem Datenbanksystem und einem geographischen Informationssystem. Alle Vorkommen einer Tierart werden als Punkte in einer Karte von Schleswig-Holstein dargestellt. Bei Bedarf kann auch eine Rasterdarstellung gewählt werden. Mit der Ergänzung des Datenbestandes werden alle Verbreitungskarten automatisch nachgeführt.

## **4. Datenbestand**

Der Datenbestand aus zwei Jahren seit Einrichtung der Datenbank enthält 25.000 Probenahmen aus 27 Forschungsprojekten, verteilt auf 1.200 Orte. Dabei wurden 1,2 Mio. Individuen aus 2.500 Arten erfaßt.

### **Literatur**

- VAN TONGEREN, O. F. R., 1987: Cluster analysis. In: JONGMAN, R. H. G. & al.: Data analysis in community and landscape ecology. Pudoc, Wageningen: 174-212.
- TER BRAAK, C. J. F., 1988: CANOCO - a FORTRAN program for canonical community ordination by partial detrended canonical correspondence analysis, principal component analysis and redundancy analysis (version 2.1). Agricultural Mathematics Group, Wageningen.
- TER BRAAK, C. J. F., & I. C. PRENTICE, 1988: A theory of gradient analysis. Advances in Ecological Research 18: 272-317.

### **Adresse**

Biologe Kai Wollweber  
Forschungsstelle für Ökosystemforschung  
und Ökotechnik der Universität Kiel  
Olshausenstr. 40

W - 2300 Kiel 1

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie](#)

Jahr/Year: 1991

Band/Volume: [20\\_2\\_1991](#)

Autor(en)/Author(s): Wollweber Kai

Artikel/Article: [Archivierung tierökologischer Daten aus Freilanduntersuchungen in einer Datenbank für Biomonitoring und vergleichende tierökologische Untersuchungen 751-754](#)