

Mehr Verständnis durch Struktur

Umweltproben an naturhistorischen Sammlungen analysieren

Wie und warum ein neues Forschungsprojekt Standards zur Erschließung forschungsrelevanter Information entwickelt, erläutert Dr. Dagmar Triebel im LP-Interview.

Das Gespräch führte LP-Chefredakteur M A R C P L A T T H A U S



Bild: Max-Planck-Institut Bremen

1 Zentraler Bedarf der biologischen Forschung im Zeitalter von Big Data ist ein strukturierter Daten-Management

LP: Frau Dr. Triebel, was sind die Aufgaben der Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns?

DR. DAGMAR TRIEBEL: Die Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB) sind eine Forschungseinrichtung des Bayerischen Staates. Sie vereinen naturkundliche Sammlungen der Fachrichtungen Zoologie, Botanik, Mykologie, Paläontologie, Geologie, Mineralo-

gie, Anthropologie sowie acht Schau-museen in verschiedenen Regionen Bayerns. Insgesamt arbeiten über 200 Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter an der Einrichtung. Wissenschaftliche Kuratoren betreuen die Sammlungen, die sowohl historische als auch jüngst gesammelte Objekte umfassen. Ein Biorepositorium („DNA Bank“) mit angeschlossenen Molekularlabor verwaltet Gewebe und

DNA-Proben, die u.a. die genetische Diversität der Organismen in Bayern dokumentieren. Forscher unternehmen Expeditionen und vermehren die Sammlungsbestände. In eigenen Labors werden Analysen im Rahmen der Geo- und Biodiversität durchgeführt. Ein zentrales Datenzentrum für Forschungsdaten dient als digitales Archiv und führt Softwareentwicklungen im Bereich Biodiversitätsinformatik durch.

LP: Schon lange sammelt man im Rahmen von Forschungsprojekten Umweltproben. Um welche verschiedene Probenarten handelt es sich hierbei, und wie werden diese weiter analysiert?

DR. TRIEBEL: Umweltproben mit organischen Bestandteilen werden an Forschungseinrichtungen mit Biobanken, Kultur-Sammlungen, DNA- und Gewebebanken sowie an naturhistorischen Sammlungen langfristig gelagert. Dabei handelt es sich u. a. um Sedimente mit Mikroalgen, Bodenproben mit Pilzsporen oder Mischproben von Insekten aus Fallen, um Gewebe- und Organproben mit mikrobiellen Besiedlern sowie um Wasser-, Boden- oder Luftproben. Bis vor wenigen Jahren wurden die im Rahmen von Projekten des Natur- und Umweltschutzes oder in der ökologischen Forschung gewonnenen Umweltproben mit klassischen Methoden analysiert. Es wurde versucht, einzelne Organismen zu selektieren, z. B. Mikroalgen aus einer Wassersedimentprobe, und diese morphologisch-anatomisch zu charakterisieren bzw. mit klassischen Methoden zu quantifizieren oder zu identifizieren. Oftmals konnten nur einzelne Teile einer Gesamtprobe analysiert werden, der Rest blieb unbearbeitet. Der Zusammenhang der analysierten Teile oder Organismen mit der restlichen Umweltprobe und damit wertvolle ökologische Information ging oft verloren. In den letzten Jahren wurden allerdings neue

ZUR PERSON ■ Dr. Dagmar Triebel

Ab 1977: Studium der Biologie an der Ludwig-Maximilians-Universität München, Diplom, dort auch Promotion im Fach Mykologie; Beruflicher Werdegang an den SNSB: Ab 1989 Wissenschaftlerin an den Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB), Kuratorin für die Pilz- und Algensammlungen, ab 2006 Leiterin des IT-Zentrums der SNSB mit derzeit zehn Mitarbeitern, Forschungsdatenzentrum und Dienstleistungen für Projekte, Workshops; Forschungsschwerpunkte: Biodiversitätsinformatik, Mykologie; Mehrere laufende Forschungsprojekte im Bereich Softwareentwicklung, Management von Biodiversitäts- und Monitoringdaten, Digitalisierung von Sammlungsobjekten. Mehr als 100 Publikationen in Fachzeitschriften



2 Ziel des MOD-CO-Projekts ist es, über Standards für das Datenmanagement von Meta-Omics-Daten letztlich Fragen zur mikrobiellen Zusammensetzung von verschiedensten Typen von Umweltproben (im Bild: Nadel-Proben) beantworten zu können.

Verfahren entwickelt, um aus Umweltproben zeit- und kostengünstig die Gesamtheit der vorhandenen Nukleinsäuren, Enzyme, Proteine usw. zu gewinnen. Es ist damit möglich, diese Proben als Ganzes hinsichtlich ihrer Biodiversität und funktionellen Zusammensetzung zu analysieren und zu charakterisieren.

LP: In den nächsten Jahren soll in einem Verbundprojekt ein Standard für das Management der Daten zu Umweltproben aus dem Bereich der aktuellen molekularen Forschung entwickelt werden. Was sind Da-

führt. Ziel ist es, einen möglichst umfassenden inhaltlichen Standard mit definierten Vokabularen im Bereich Meta-omics-Daten zu entwickeln und zu veröffentlichen. Unter Einsatz eines derartigen Begriffssystems können dann verschiedene Materialien bzw. Sammlungs- und Umweltproben, ihre Kenngrößen, Eigenschaften und Verfügbarkeit quasi genormt beschrieben werden. Die Projektergebnisse erfüllen einen zentralen Bedarf der biologischen Forschung im Zeitalter von „Big Data“: Der Standard soll dazu dienen, enorme Mengen von Forschungsda-

„Mittels molekularbiologischer Methoden ist es heute möglich, Umweltproben als Ganzes hinsichtlich ihrer Biodiversität und funktionellen Zusammensetzung zu analysieren und zu charakterisieren.“

DR. DAGMAR TRIEBEL, Leiterin des IT-Zentrums der SNSB

tenstandards in diesem Bereich? Wie kann man die erwarteten großen Datenmengen organisieren?

DR. TRIEBEL: An dem von der Deutschen Forschungsgemeinschaft für die kommenden zwei Jahre geförderten Verbundprojekt ("Towards an integrative and comprehensive standard for meta-omics data of collection objects (MOD-CO)") sind neben den Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB) Partner aus der Jacobs University Bremen und dem Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie, Mikrobielle Genomik und Bioinformatik (Prof. Dr. Frank Oliver Glöckner) und der Universität Bayreuth (Prof. Dr. Gerhard Rambold, DNA-Analytik und Mykologie) beteiligt. Es wird in Kooperation mit internationalen Experten und Standardisierungsgremien durchge-

ten, wie sie derzeit in den einzelnen (meta-)genomisch, transkriptomisch und proteomisch arbeitenden Forschergruppen anfallen, besser zu strukturieren. Dies kann bei der Datenerhebung selbst oder nachträglich durch Datenannotation erfolgen. In beiden Fällen werden Management und Analyse der Daten über verteilte Datennetze und Datenpipelines erleichtert. Zurück zur Biologie: Am Ende können Fragen zur mikrobiellen Zusammensetzung von verschiedensten Typen von Umweltproben mit hunderten von Genomen beantwortet werden, wie sie relevant für Land- und Forstwirtschaft, Medizin und Industrie sind. Das Projekt wird unter der Internetadresse www.mod-co.net dargestellt.

Vielen Dank für das Gespräch, Frau Dr. Triebel. ■

Easy to Choose. Easy to Use.

Simultane Thermische Analyse



100% NETZSCH zum besten Preis-Leistungsverhältnis
www.netzsch.com/n14367

STA 449 **F5** Jupiter®: Der neue Standard für TG-DSC-Messungen

- Universell: Für Anwendungen bis 1600 °C.
- Komfortabel: Dank von oben zugänglichem Probenhalter und schwenkbarer Ofenhubvorrichtung.
- Zeitsparend: Erheblich geringerer Messaufwand durch TG-BeFlat® Basislinienkorrektur



STA 449 **F5** Jupiter®

NETZSCH

NETZSCH-Gerätebau GmbH
Wittelsbacherstraße 42
95100 Selb
Tel.: +49 9287 881-0
at@netzsch.com