

Stefan Bücken, Lothar Frese

Informationssystem für eine Sammlung pflanzen-genetischer Ressourcen (Genbank) – Konzept und Implementierung

Neueren Schätzungen zufolge sterben im Verlauf dieses Jahrhunderts 30-60% aller Organismen aus. Genbanken konservieren daher von den 300.000 bekannten Pflanzenarten insbesondere die für die landwirtschaftliche Erzeugung nutzbaren Arten. Sie leisten hiermit einen entscheidenden Beitrag zur Bekämpfung genetischer Erosion. Bei der Bewirtschaftung der Saat- und Pflanzgutsammlungen sind Genbanken auf ein gut funktionierendes Informationssystem angewiesen.

1 Einleitung

Genbanken haben die Aufgabe pflanzen-genetische Ressourcen zu sammeln, zu beschreiben und zu konservieren. Sie lagern Saatgutmuster in Tiefkühlslagern ein, kontrollieren deren Lebensfähigkeit und stellen das Saatgut Interessenten auf Anfrage zur Verfügung. Im Jahr 1970 erhielt die Braunschweiger Genbank (heute Genbank der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)) den Auftrag, in der Bundesrepublik Deutschland dezentral entstandene Sammlungen pflanzen-genetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft zentral zu bewirtschaften (Bommer 1972). Durch Übereignung von Sammlungsbeständen anderer Forschungseinrichtungen entwickelte sich ein großes, artenreiches Sortiment, für dessen Management ab dem Jahr 1972 eine EDV-gestützte Datendokumentation entwickelt wurde (Bommer 1972, Seidewitz et al 1993). Neben Passportdaten, welche die eingelagerten Muster eindeutig bestimmen, wurde beim Aufbau der Datendokumentation ein besonderer Schwerpunkt auf die Erfassung dezentral erhobener Evaluierungsdaten sowie auf Daten, die in Zusammenhang mit Materialvermittlungen und der Bestandsverwaltung entstanden, gelegt (Seidewitz et al 1993). Dieser Artikel gibt einen Überblick über das Reorganisationskonzept für das Informationssystem der BAZ Genbank sowie die hiermit einhergehenden organisatorischen Veränderungen für das Genbankmanagement.

2 Das Lagerhaltungs- und Informationssystem der BAZ Genbank

GENSTORE, das neue Lagerhaltungs- und Informationssystem der BAZ Genbank, ist ein Client-Server basiertes Informationssystem zur Unterstützung der Genbankleitung bei folgenden Aufgaben:

- Lagermanagement
- Prozesskontrolle
- Dokumentation
- Datenanalyse
- Datenpräsentation.

Das Informationssystem stellt hierzu eine grafische Benutzeroberfläche unter MS-Windows und ein einfach zu bedienendes und flexibles Datenbankzugriffsmodell bereit. Technisch basiert das Informationssystem auf einem ORACLE Datenbankserver und ORACLE bzw. MS-Access Client-Software. Im täglichen Betrieb wird über das Informationssystem der nationale und internationale Saatgut- und Informationsaustausch, das Reproduktions- und Lagermanagement sowie das Management von Sicherheitsduplikaten geregelt.

GENSTORE wurde aufbauend auf dem vorhandenen Informationssystem der BAZ Genbank entwickelt. Der erste Schritt zur Modernisierung des Systems war eine Aufteilung der bis dahin unter einer Benutzererkennung verwalteten, unterschiedlichen Datenbanken auf eigenständige Teildatenbanken. Hierdurch ergeben sich klar definierte Einheiten für die Verwaltung der Datenbestände sowie die Voraussetzung für ein differenziertes Datensicherungskonzept (Abb.1).

Vor der Reorganisation des Systems und der Einführung von GENSTORE wurden die Genbankdaten als Sammlung flacher Tabellen gepflegt. Diese Tabellen wurden bei der Einführung des relationalen Datenbank Managementsystems (RDBMS) ORACLE im Jahr 1991 aus einem älteren Datenerhaltungssystem übernommen. Bedingt durch die Speicherung von Daten in flachen Tabellen, wies die Datenbank in großem Maßstab redundante Daten auf und ließ deshalb Probleme bezüglich der Integrität der Daten erwarten. Die Fehlerrate innerhalb der Tabellen war jedoch sehr gering, da die Dateneingaben stets von den gleichen, äußerst sorgfältig arbeitenden Personen durchgeführt wurden. Die in den Tabellen gepflegten Datenbankfelder wurden mit einer Dreibuchstabenkodierung bezeichnet. Das betreuende Personal musste die kodierten Feldbezeichner auswendig lernen oder eine Dekodierungstabelle nutzen, um mit dem System umgehen zu können.

Bei der Einführung des neuen Informationssystems war darauf zu achten, dass die Mitarbeiter der Genbank schrittweise von den alten Feldbezeichnern und der Arbeitsweise unter DOS an ein neues, memotechnisch effektiveres Bezeichnersystem und die Arbeitsweise unter Windows herangeführt werden mussten.

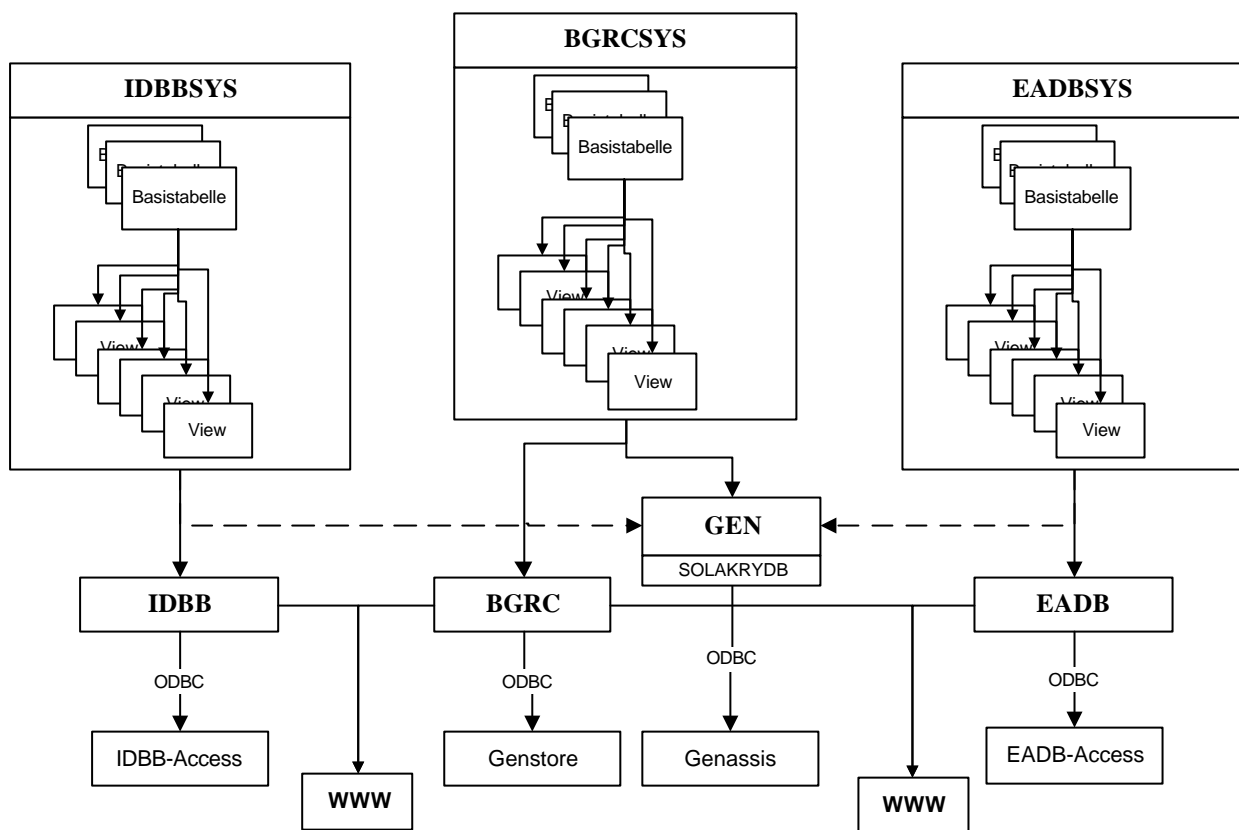


Abb.1: Darstellung der unterschiedlichen, von der BAZ Genbank betreuten Teildatenbanken sowie der Berechtigungs- und der Zugriffsschicht (vereinfacht).

Weiterhin galt es zu bedenken, dass während der Umsetzung auf ein relationales Datenmodell, die flachen Datenstrukturen der Datenbank vorerst beibehalten werden mussten. Dies war nötig, um den täglichen Arbeitsablauf in der Übergangsphase nicht zu sehr zu stören und parallel auf dem alten und dem neuen System arbeiten zu können. Bei der Entwicklung von GENSTORE wurden daher die alten Tabellen und Feldbezeichner beibehalten und mittels sogenannter Views mit neuen Feldnamen maskiert. Die neuen relationalen Datenstrukturen wurden, soweit möglich, ebenfalls mittels Views simuliert, so dass die Datensicht für die Benutzeroberfläche des neuen Informationssystems weitgehend modernen Datenbankstandards entspricht. Unter der Bezeichnung „View“ wird hierbei eine fest vorgegebene Datenabfrage verstanden, welche für einen Anwender den Charakter einer Datenbanktabelle annimmt.

Da aufgrund der extrem flexiblen Anforderungen an die Datenhaltung immer wieder von der Datenbankoberfläche auf die SQL (Structured Query Language) Ebene gewechselt werden muss, wurden die neuen Feld- und Tabellenbezeichner durchgängig in das neue System eingeführt. Dies bedeutet, dass sie in allen Bereichen des Systems von Datenbanktabelle bis Eingabeformular beibehalten werden. Auch die Bezeichnungen von Datenbanktabellen wurden vereinheitlicht, so dass der Tabellentyp anhand eines Tabellenpräfixes erkannt werden kann. Abb.2 zeigt die überarbeiteten Strukturen der Datenbank in vereinfachter Form.

Strukturveränderungen an den Datenbanktabellen, beispielsweise das Hinzufügen von Datenbankfeldern, waren im alten Datenbanksystem die Regel. Um eine Oberfläche für

GENSTORE programmieren zu können, war es notwendig, dies bei Tabellen, die einem festen Arbeitsablauf an der Genbank zuzuordnen sind, nicht mehr zuzulassen. Dies konnte durch ein differenziertes Berechtigungskonzept erreicht werden.

3 Automatisierte Bestandesführung mittels eines „Bestellpunkt“ Ansatzes

Technisch gesehen ähneln Genbanken dem Warenkühllager eines Kaufhauses, aus dem Saat- und Pflanzgut an Verbraucher abgegeben werden. Die Abnahme an lebensfähigen Samen eines gelagerten Musters errechnet sich aus der Menge der abgegebenen Samen und dem Verlust von keimfähigen Samen durch Alterung. Trotz optimaler Lagerbedingungen lässt sich das Saatgut auch dann nicht unbegrenzt aufbewahren, wenn keine Saatgutproben abgegeben werden. Bedingt durch die Alterung muss ein Genbankmuster von Zeit zu Zeit durch eine Vermehrung des eingelagerten Saatgutbestandes aufgefrischt werden. Um die genetische Integrität der Genbankmuster zu erhalten, ist hierzu aus populationsgenetischen Gründen eine Mindestmenge keimfähigen Saatgutes nötig. Diese Mindestmenge an Vermehrungssaatgut wird um einen Sicherheitszuschlag erhöht, der den Keimfähigkeitsverlust von der Feststellung des Vermehrungsbedarfs bis zur tatsächlichen Vermehrung kompensiert. Die artspezifische Mindestmenge kann als ein „Bestellpunkt“ im Sinne eines Warenwirtschaftssystems (Zimmermann 1992) verstanden werden. Ist dieser Schwellenwert noch nicht unterschritten, so kann die Genbank Saatgut von diesem

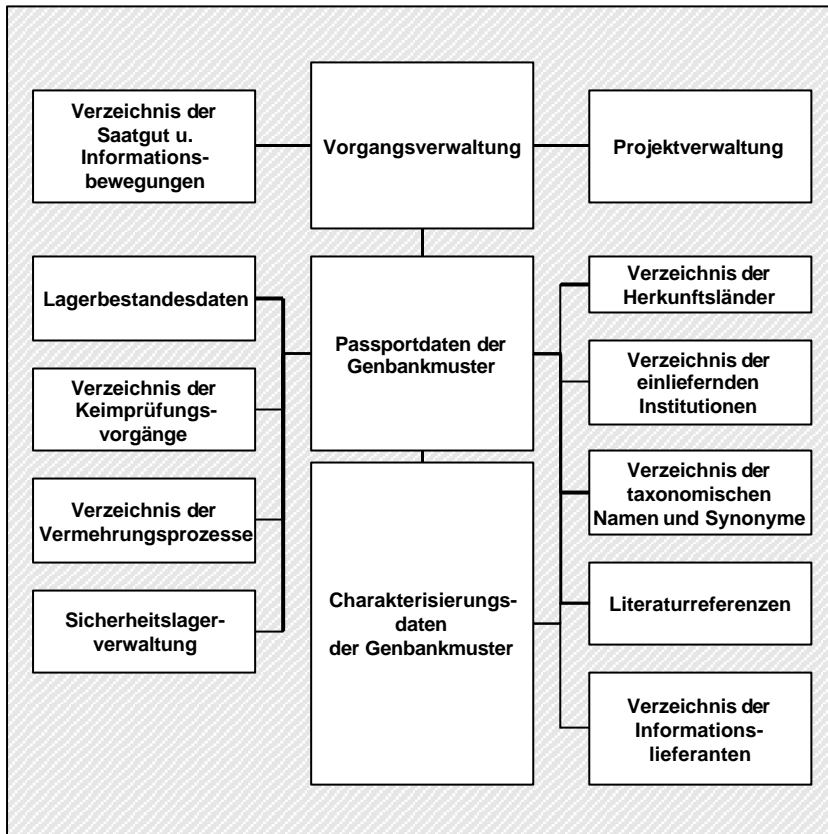


Abb.2: Vereinfachte Struktur des dem Genbankinformationssystems GENSTORE zugrunde liegenden Datenbankmodells.

Muster an Interessenten abgeben.

Um den Verfügbarkeitsstatus bzw. den Reproduktionsbedarf eines Musters zu ermitteln, wurde an der BAZ Genbank ein automatisiertes Verfahren eingeführt. Ausgehend von den Keimfähigkeitswerten und dem Tausendkorngewicht eines Musters wird bei diesem Verfahren die Anzahl der keimfähigen Samen innerhalb einer Saatguteinheit bestimmt. Die aktuelle Restzahl keimfähiger Samen und nicht die eingelagerte Menge oder die Keimfähigkeit selbst wird als Maß für

die Verfügbarkeit eines Musters sowie für die Festlegung von Prioritäten für die Saatgutregeneration herangezogen.

Die Menge keimfähiger Samen in einem Saatgutbehälter zum Zeitpunkt t ergibt sich als Funktion der aktuell vorliegenden Saatgutmenge, des Tausend-Korn-Gewichtes (TKG) und der aktuellen Keimfähigkeit des Musters aus folgender Gleichung:

$$S(t) = M(t) * 1000/TKG * K_f/100 \quad (1)$$

S(t) = Anzahl keimfähiger Samen pro Lagereinheit zum Zeitpunkt t

M(t) = Verfügbares Lagergewicht zum Zeitpunkt t

TKG = Musterspezifisches Tausendkorngewicht bzw. Tausendeinheiten-gewicht des betrachteten Musters

K_f = Keimfähigkeitsergebnis der letzten Keimprüfung in %.

Zu beachten ist, dass der tatsächliche Wert der Keimfähigkeit zum betrachteten Zeitpunkt t nur aus dem letzten Keimprüfungsergebnis abgeschätzt werden kann. Der Verlust an Keimfähigkeit zwischen der letzten Keimprüfung und dem betrachteten

Zeitpunkt t ist hierbei eine nicht näher beschriebene Funktion des Musters, der Lagertemperatur, der Lagerfeuchte, der Aufbewahrungsform, dem letzten Keimprüfungsergebnis, der Zeit zwischen letzter Keimprüfung und dem betrachteten Zeitpunkt sowie sonstiger Einflussfaktoren. Da der Keimfähigkeitsverlust im Langzeitlager der Genbank nicht hinreichend genau beschrieben werden kann, wird der Verlust an Keimfähigkeit zwischen der letzten Keimprüfung und dem betrachteten Zeitpunkt vernachlässigt und geht in den Sicherheitszuschlag ein. Abb.3 zeigt die sich aus diesem Ansatz ergebende Funktion als Pseudocode. Der Verfügbarkeitsstatus wird hierbei bei jeder Saatgutentnahme bestimmt. Der Sicherheitszuschlag ergibt sich in Abhängigkeit vom

//Pseudocode für die Funktion zur Bestimmung der Abgabefähigkeit eines Genbankmusters:

//-----

//Berechnung der Anzahl keimfähiger Samen eines Musters anhand der vorhandenen Datenbankeinträge

Anzahl_keimfähiger_Samen=Ganzzahl_von (Lagergewicht_in[g] / TKG_in[g] *1000) *

letzter_verfügbarer_K_fWert_in [%]/100)

//Entscheidungsbaum zur Bestimmung der Abgabefähigkeit eines Musters:

Wenn die Anzahl_Keimfähige_Samen < 2000 und das TKG_in [g] < 3g ist,

oder die Anzahl_Keimfähige_Samen < 1000 und das TKG_in [g] zwischen 3g und 100g ist,

oder die Anzahl_Keimfähige_Samen < 1500 und das TKG_in [g] > 100g ist, dann

setze die Verfügbarkeit des Musters auf „Nicht abgabefähig!“ und

vermerke im Bemerkungsfeld, daß das Muster einen minimalen Lagerbestand aufweist!

//Freigabe des Musters und Abfrage auf die Reservierungsmarkierung als Vermehrungsmuster

Setze in allen anderen Fällen die Verfügbarkeit des Musters auf „Abgabefähig!“ und überprüfe, ob im Be-

merkungsfeld bereits der Eintrag „Vermehrungsmuster“ vorliegt, falls ja, gebe eine Warnmeldung „Achtung:

Vermehrungsmuster!“ aus, falls nein, lösche die ggf. vorhandenen Einträge im Bemerkungsfeld.

// Ende des Entscheidungsbaums

Abb.3: Pseudocode für die Funktion zur Bestimmung der Abgabefähigkeit eines Genbankmusters.

TKG eines Musters und den Erfahrungen des Lagerverwalters nach folgenden Regeln:

- Mindestmenge für eine geglückte Vermehrung: 100 Pflanzen pro Muster
- Sicherheitsfaktor für Muster mit einem TKG $< 3g = 20$
- Sicherheitsfaktor für Muster mit einem TKG zwischen $3g$ und $100g = 10$
- Sicherheitsfaktor für Muster mit einem TKG $< 100g = 1,5$

Während der Einführung dieses Entscheidungssystems wurde überprüft, ob die vom Rechner ermittelte Verfügbarkeit und die vom Lagerverwalter geschätzte Verfügbarkeit in etwa gleich sind. Wie aus Abb.4 hervorgeht, ist dies bis auf einen geringen Unterschied der Fall. Durch die einheitliche Bewertung des Saatgutbestandes konnte zum einen die langjährige Erfahrung des Lagerverwalters abgebildet werden. Zum andern ermöglicht dieses Verfahren der Genbank in Zukunft eine wesentlich genauere Planung des Reproduktionsanbaus, da eine Vermehrungsmarke direkt nach dem unterschreiten der Saatgutmindestmenge gesetzt wird.

pflanzengenetischer Ressourcen spielen, bleiben sie nicht von Einsparungen in den öffentlichen Haushalten verschont. Zwangsläufig entstehen Kapazitätsengpässe personeller und technischer Art. Clark et al (1997) beschreiben die Auswirkungen dieser Entwicklungen auf Genbanken am Beispiel des National Plant Germplasm System (NPGS) der USA.

Bis zu einer bestimmten Grenze lassen sich Kapazitätsprobleme mit folgenden Managemententscheidungen beheben:

- Konzentration auf einzelne Fruchtarten.
- Konzentration auf die genetische Diversität einer bestimmten Region.

Beide Strategien haben den Vorteil, dass sie im Rahmen einer internationalen Arbeitsteilung den Aufbau von Sammlungsschwerpunkten und Expertenwissen erlauben. Die Verantwortung für Sortimentsteile müsste jedoch an andere Genbanken abgegeben werden. Grundvoraussetzung dafür ist ein verlässliches internationales Netz kooperierender Genbanken mit Qualitätssicherungssystemen.

Die für die BAZ Genbank derzeit geltenden Rahmenbedingungen erlauben jedoch keine drastischen Änderungen

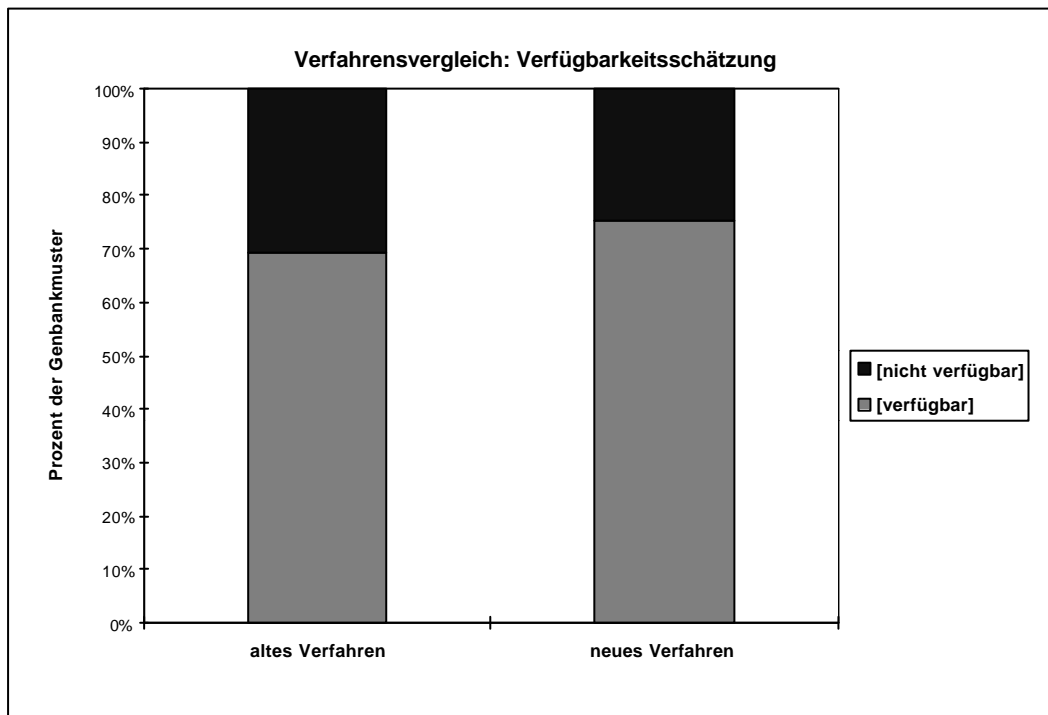


Abb.4: Verfügbarkeitsstatistik in Prozent der gelagerten Genbankmuster. Gezeigt wird die Aufteilung der Muster in den verfügbaren bzw. nicht verfügbaren Bestand vor (altes Verfahren) und nach der Einführung der automatischen Verfügbarkeitsbestimmung (neues Verfahren).

4 Das EDV-gestützte Konzept für die Bestandsverwaltung der BAZ Genbank

Konservierung von Saatgut in Genbanken ist ein sehr effektiver und ökonomisch sinnvoller Weg, um die genetische Diversität von Kulturpflanzenarten zum Nutzen der Allgemeinheit und der Pflanzenzüchtung zu sichern (Virchow, 1997). Die Aktivitäten der Genbanken konzentrieren sich dabei auf Kulturpflanzen mit besonderer Bedeutung für die nationale Landwirtschaft und Pflanzenzüchtung. Obwohl Genbanken, wie die BAZ Genbank, seit Jahrzehnten eine bedeutende Rolle bei der Sicherung und Nutzbarmachung

der Sammlungsstruktur. Deshalb wurde einhergehend mit der Modernisierung des Informationssystems eine EDV-gestützte Lösungsalternative mit dem Ziel der Optimierung des Lagerhaltungs- und Reproduktionsmanagement entwickelt. Hierzu wurde der Zweck und die Verantwortung für die Erhaltung unterschiedlicher Sortimente geklärt. Wie in Abb.5 dargestellt, wird nunmehr konsequent zwischen Referenzmuster, Demonstrationsmuster (temporäre z.B. für die Öffentlichkeitsarbeit beschaffte Muster) und Projektmuster unterschieden. Neueingänge können nach erfolgreicher Vermehrung dem Referenzbestand zugefügt werden. Für Referenzmuster übernimmt die BAZ Genbank die Erhal-

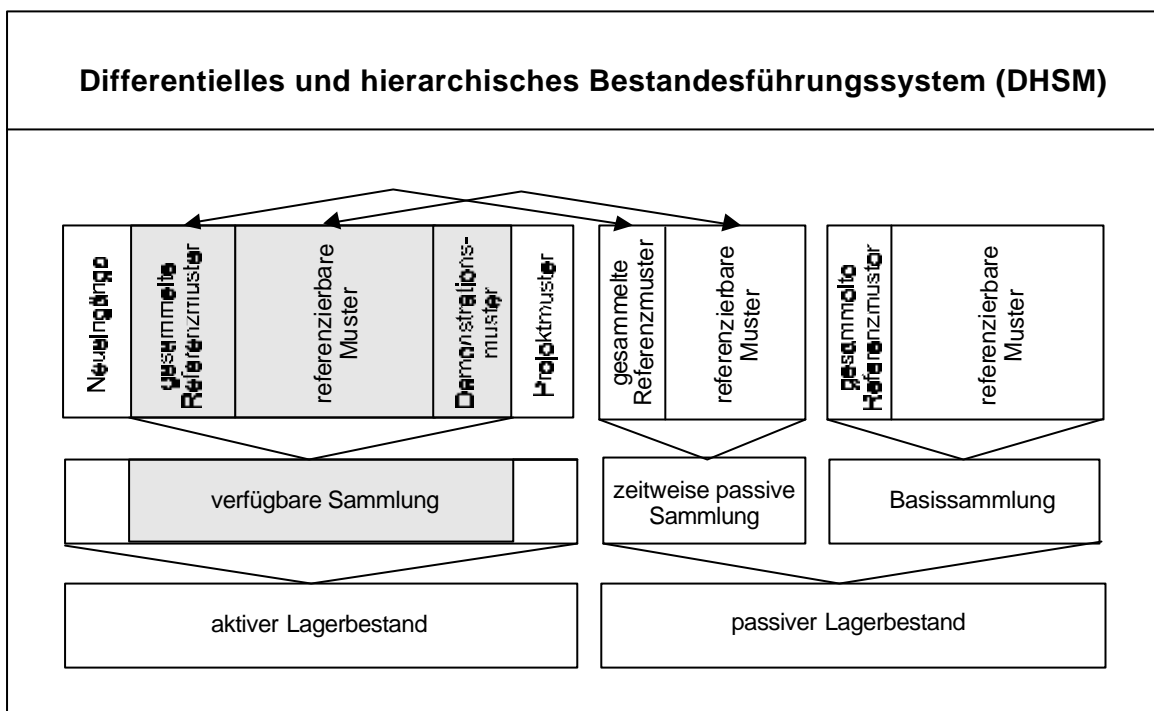


Abb.5: Darstellung der dynamischen und hierarchischen Bestandsverwaltung der BAZ Genbank (Erläuterung im Text).

tungsverantwortung. Projektmuster werden hingegen nur für die Dauer eines Projektes aufbewahrt.

Nach den von FAO/IPGRI (1994) empfohlenen Richtlinien sollten Genbanken einen aktiven und einen passiven Bestand aufweisen. Der aktive Bestand dient der Abgabe von Saatgut, der passive Bestand stellt eine genbankinterne Sicherheitsreserve dar und wird als Basissammlung bezeichnet. Sollte Saatgut eines Musters im aktiven Bestand verloren gehen, kann das Muster aus der Basissammlung reaktiviert werden. Der Mengenanteil eines Basismusters ist meist sehr viel kleiner als der Mengenanteil des aktiven Saatgutpostens. Zusätzlich zu dieser FAO/IPGRI Empfehlung wurde das Lagersystem der BAZ Genbank in einem weiteren Schritt mit einer rechnergestützten, differentiellen und hierarchischen Bestandsverwaltung (DHSM, Differential and Hierarchical Storage Management) für den aktiven Teil der Sammlung überlagert.

Die Kernidee dieses Konzeptes ist es, analog zum Konzept eines *Hierarchical Storage Managements* in der EDV, die aktive Sammlung entsprechend der Nachfragehäufigkeit in einen direkt verfügbaren Sammlungsbestand und in einen mengenmäßig reduzierten („komprimierten“), zeitweise stillgelegten Bestand aufzuteilen. Neu an diesem Konzept ist, dass nicht der gesamte aktive Saatgutbestand der Genbanksammlung unmittelbar verfügbar ist, sondern nur aktuell häufiger nachgefragte Muster. Akzeptiert wird hierbei die verlängerte Zugriffszeit auf den passiven, zeitweise nicht verfügbaren Bestand (vgl. Abb.5, rechter Teil), der erst durch eine Vermehrung verfügbar wird.

Durch die Reduktion der für zeitweise stillgelegte Genbankmuster vorgehaltenen Saatgutmenge, lässt sich bei gegebenen Lagerressourcen das Lagervolumen für die nicht stillgelegten Muster ausdehnen. Hierdurch ergeben sich

längere Regenerationsintervalle für aktive Muster, da aus dem größeren Saatgutvorrat über einen längeren Zeitraum hinweg Anfragen bedient werden können. Die Regenerationsintervalle für die stillgelegten Muster verlängern sich ebenfalls, da diese in kleinen Chargen bei tieferen Temperaturen (-18 °C) gelagert werden können.

Das neue Modell für die Bestandsverwaltung wurde der physischen Lagerverwaltung mittels des Genbankinformationssystems lediglich logisch überlagert. Hieraus ergibt sich der Vorteil, dass die Einführung des neuen Systems weitgehend ohne physische Reorganisation der Lagerbestände erfolgen konnte. Der physische „Kompressionsschritt“ in der Lagerhaltung kann somit nach und nach durchgeführt werden.

Abb.5 zeigt das Prinzip der Sammlungsauflistung mittels DHSM. Als differenziell wurde die Bestandsverwaltung bezeichnet, da es, wie weiter oben beschrieben, neben der hierarchischen Aufteilung der Sammlung, die Klassifikation des Bestandes nach Art der Erhaltungsverantwortung abbildet.

5 Ansatz zur Verbesserung des Identifikationssystems der BAZ Genbank

Die eindeutige Kennzeichnung von Genbankmustern ist seit der Entstehung von Genbanken ein nicht gelöstes Problem der Genbankdokumentation. Jede nationale Genbank hat hier ihr eigenes System. Zu unterscheiden sind einfache Nummernsysteme, wie sie z.B. mit der BGRC Nummer (BGRC, Braunschweig Genetic Resources Collection) bisher an der BAZ Genbank etabliert waren und Identifikationsnummern mit Zusätzen, die entweder eine Zuordnung zu einer bestimmten Musterklasse oder aber zu einer bestimmten Art erlauben. Oft sind die Kennzeichnungen mit Zusatz für eine Genbank eindeutig, so dass sich über die Kennzeichnung die Herkunftsgenbank eines Musters bestimmen lässt. Beispiele dieser Art von Identifikationssystemen sind z.B.

das Bezeichnersystem der IPK Genbank in Gatersleben, welches u.a. die jeweilige Fruchtart in den Bezeichner aufnimmt (AVE 234 = Muster der Gattung *Avena* mit der Ordnungsnummer 234) oder das System der amerikanischen Genbanken, deren Nummern u.a. mit „PI“ (Plant Introduction) gekennzeichnet sind.

Das Identifikationssystem der BAZ Genbank, die BGRC Nummer, ist eine fortlaufende Nummer, die für jeden Genbankeingang vergeben wurde. Die BGRC Nummer birgt jedoch aus heutiger Sicht einige Nachteile: Als einfache, fortlaufende Nummer kann sie im internationalen Musteraustausch nicht eindeutig verfolgt werden. Sobald ein Muster aus der Genbank an eine andere Sammlung abgegeben und dort ohne den Vermerk BGRC oder BAZGB dokumentiert wurde, ist die Herkunft des Musters nicht mehr nachvollziehbar. Weiterhin ist eine einfache Nummernfolge anfällig für Übertragungsfehler. Da die BAZ Genbank im Rahmen der Einführung des DHSM mehrere Saatgutbehälter pro Genbankmuster bzw. eingelagertem Genotyp verwalten muss, ergibt sich weiterhin das Problem, dass die eindeutige Zuordnung einer BGRC Nummer zu einem Saatgutbehälter nicht mehr gegeben ist. Hierdurch lässt sich der Standort einer bestimmten Musterfraktion im Lager nicht mehr eindeutig bestimmen. Das Problem war daher ein neues Identifikationssystem einzuführen, das eine eindeutige Zuordnung des Standortes, der Musterkategorie und des Genotyps erlaubt.

Umkodierungen von Identifikationssystemen im Genbankbereich sind jedoch äußerst problematisch, da die einmal vergebenen Kennzeichnungen in der wissenschaftlichen Literatur als Referenz für einen bestimmten Genotypen angegeben werden. Um trotzdem eine Umkodierung der Kennzeichnung zu ermöglichen, muss ein neues Identifikationssystem das alte System vollständig umfassen. Dies bedeutet, dass das neue Identifikationssystem eine eindeutige Genotypenzuordnung sowohl auf Basis der alten BGRC Nummern als auch auf Basis des neuen Identifikationssystems erlauben muss. Für die BAZ Genbank wurde somit aufbauend auf der alten BGRC Nummer ein neues Kodierungssystem entworfen. Die BGRC Nummer selbst bekommt nach diesem System den Status einer Lagernummer, welche einen Saatgutbehälter und nicht den darin enthaltenen Genotyp eindeutig klassifiziert. Das neue Kodierungssystem für die in den Saatgutbehältern gelagerten Genotypen, mit der Bezeichnung PGRCODE, wird zur Zeit genbankintern auf seine Handhabbarkeit getestet.

Der prinzipielle Aufbau des PGRCODE ist: DE1-XXXXXX-Z. Das Präfix „DE1“ repräsentiert eine Kurzform des internationalen FAO Schlüssels (Serwinski und Menini 1998) für die BAZ Genbank (DEU001). Dieses Präfix ermöglicht eine eindeutige Zuordnung der Kennzeichnung zur BAZ Genbank. Der mit Bindestrichen abgetrennte sechsstellige Nummerncode mit führenden Nullen entspricht der alten BGRC Nummer, also der Eingangsnummer der Genbank. Dies bedeutet, dass ein PGRCODE mit der Ausprägung „DE1-023497-K“ den Genotyp bzw. das Genbankmuster mit der früheren BGRC Nummer 23497 repräsentiert. Die Integration der alten BGRC Nummern in den neuen PGRCODE ermöglicht es, das Identifikationssystem zu ändern, ohne den Bezug zu schon veröffentlichten Informationen über Genbankmustern zu verlieren. Auch kann auf

diese Weise vorerst eine Umetikettierung der Lagerbehälter vermieden werden.

Das aus Gründen der Lesbarkeit als Buchstabe kodierte Prüfzeichen des PGRCODES macht es möglich, die Korrektheit eines PGRCODES zu prüfen. Zur Berechnung des Prüfzeichens wird das Modulo 11 Verfahren verwendet, welches z.B. auch bei der ISBN, dem international standardisierten Kennzeichnungssystem für Bücher, Anwendung findet (Michael 1996). Das Prüfzeichen ermöglicht es, die bei Dateneingaben entstehenden Übertragungsfehler im Umgang mit den Genbankmustern zu verringern. Weiterhin wird bei der Berechnung des Prüfzeichens eine im PGRCODE nicht sichtbare Zeichenfolge berücksichtigt, so dass sich eine PGRCODE Angabe in Literaturquellen, in Datenbanken zu pflanzengenetischen Ressourcen oder in allen anderen Quellen, welche Muster der BAZ Genbank beschreiben oder dokumentieren, auf die tatsächliche Herkunft aus der BAZ Genbank prüfen lässt.

6 Literatur

- BOMMER, D. (1972): Entwicklung und Bedeutung von Genbanken in der Welt und in der Bundesrepublik Deutschland. Saatgutwirtschaft SAFA, 24, Nr. 15 und 16.
- CLARK, R.L., Shands, H.L., Bretting, P.K., Eberhard, S.A. (1997): Managing Large Diverse Germplasm Collections, Crop Science 37 (1) 1-6.
- FAO/IPGRI (1994): FAO/IPGRI Genebank Standards, Food and Agriculture Organisation of the United Nations/International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- IBPGR (1987): Report on a *Beta* Workshop: European Cooperative Programme for the Conservation and Exchange of Crop Genetic Resources. IBPGR, Rome.
- MICHAEL, J. (1996): Mit Sicherheit, Prüfziffernverfahren auf Modulo-Basis, c't 7: 264-268.
- SCHMIDT, F. (1993): Dokumentation genetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland - Ein Konzept für ein zentrales Informationssystem. In: Pflanzengenetische Ressourcen - Situationsanalyse und Dokumentationssysteme. Schriftenreihe des BML, Angewandte Wissenschaft, Heft 422: 165-188.
- SEIDEWITZ, L., Frese, L., Dambroth, M. (1993): Datendokumentation und computergestützte Informationsbereitstellung der Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen am Institut für Pflanzenbau. In: Pflanzengenetische Ressourcen - Situationsanalyse und Dokumentationssysteme. Schriftenreihe des BML, Angewandte Wissenschaft, Heft 422: 131-143.
- SERWINSKI, J., Menini, U.G. (1998): World information and early warning system on plant genetic resources. „<http://apps.fao.org:8080/wiews.new/welcom.htm>.“ FAO, Rom.
- UNDP/IBPGR (1984): Report of a Working Group on Oat held at the Aegean Regional Agricultural Research Institute, Menemen, Izmir, Turkey, 25-27 September 1984, UNDP/IBPGR European Cooperative Programme for Conservation and Exchange of Crop Genetic Resources, IBPGR, Rome, 1984.
- VIRCHOW, D. (1997): Who is bearing the costs of plant genetic resources conservation ? Paper presented at the CIMMYT Symposium at the Stanford University, California,

USA, August 1997 ‚Building the theoretical and empirical basis for the economics of genetic diversity and genetic resources conservation in crop plants.‘ Institute of Food Economics and Consumption Studies (CAU), Olshausenstr. 40, D-24118 Kiel.

ZIMMERMANN, Z. (1992): Operations Research. 6. verb. und erg. Aufl., Oldenbourg, München, Wien.

Informationssystem für eine Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen (Genbank) – Konzept und Implementierung (S. Bücken, L. Frese)

Zusammenfassung

Die BAZ Genbank lagert, vermehrt und dokumentiert eine umfangreiche Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen und stellt Interessenten im In- und Ausland Saat- und Pflanzgut sowie Daten zur Verfügung. Aufbauend auf den Strukturen einer fast 25 Jahre alten Datenbank wurde das neue, benutzerfreundliche Genbankinformationssystem GENSTORE entwickelt und ein neues Managementkonzept für die Lagerhaltung implementiert. Sowohl das Reorganisationskonzept für das Informationssystem der Genbank als auch der hierfür eigens entwickelte Managementansatz des ‚DHSM‘ (Differential and Hierarchical Storage Management) wird in diesem Beitrag beschrieben. Das ‚DHSM‘ Konzept unterteilt nach sachlogischen Kriterien den Lagerbestand in einen aktiven sowie einen zeitweise passiven Bestand. Letzterer ist erst mit einer zeitlichen Verzögerung verfügbar. Um die Einführung des ‚DHSM‘ Konzeptes zu ermöglichen und eine geringe Fehlerrate beim Umgang mit dem Saatgut in der Genbank zu gewährleisten, wurde weiterhin ein neues Identifikationssystem für die Genbankmuster entworfen.

Dipl.-Ing. agr. Stefan Bücken war bis zum 31. Januar 1998 wissenschaftlicher Mitarbeiter der Genbank für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen und für das Informationsmanagement der Genbank verantwortlich. Dr. Lothar Frese ist der Leiter der Genbank (BAZ Genbank, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig, Tel.: 0531-596617, e-mail: s.buecken@kws.de bzw. l.frese@bafz.de).

Stichworte: Genbank, Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen, Informationssystem, Managementsystem, Datenbank

Information system for a plant genetic resources collection (gene bank) – concept and implementation (S. Bücken, L. Frese)

Summary

The BAZ Gene Bank stores, regenerates and documents an extensive collection of plant genetic resources and provides interested persons from Germany and elsewhere with seed and plant material as well as information. A new storage and user-friendly information management system has been developed based upon a 25 years old computerised database. In addition, a new storage management concept has been implemented. This paper describes the reorganisation concept for the information system as well as a corresponding solution concept for the gene bank management on the basis of the ‚DHSM‘ approach (Differential and Hierarchical Storage Management). The DHSM concept classifies seed stocks according to logical criteria into an active and passive part. To ensure the seed stock integrity during the reorganisation process a new, largely faultless identification system for gene bank accessions has been designed.

Key words: Gene bank, plant genetic resources collection, information system, management system, data base