

Weitere Standards: EML, GGBN, Humboldt Core

Ecological Metadata Language (EML)

[Die Ecological Metadata Language \(EML\)](#) bietet ein umfassendes Vokabular und eine lesbare XML-Syntax für die Dokumentation von Forschungsdaten. Sie ist in den Erd- und Umweltwissenschaften weit verbreitet und wird zunehmend auch in anderen Forschungsdisziplinen eingesetzt. Der EML-Standard wird vom Knowledge Network for Biocomplexity (KNB) verwaltet und gepflegt. Der Standard umfasst Module zur Identifizierung und Zitierung von Datenpaketen, zur Beschreibung des räumlichen, zeitlichen, taxonomischen und thematischen Umfangs der Daten, zur Beschreibung von Forschungsmethoden und -protokollen sowie zur Annotation mit semantischen Vokabularen. Jedes Darwin Core-Archiv enthält eine EML-Datei als Komponente.

Global Genome Biodiversity Network Standard (GGBN)

Um den Austausch von Informationen über genomische Proben und die daraus gewonnenen Daten zu erleichtern, wurde auf der Grundlage des ABCDDNA-Standards ein neuer, umfassenderer Datenstandard, der [GGBN-Standard](#), für die Sammlung von DNA-, Gewebe- und Umweltproben entwickelt. Es handelt sich dabei nicht um einen eigenständigen Standard, da er nur in Verbindung mit DarwinCore oder ABCD verwendet werden kann und die dort vorhandenen Informationen um Details zu Definitionen, Beschreibungen, Qualität, unterstützenden Informationen und zugehörigen Metadaten für genomische Proben ergänzt.

Humboldt Core

Der [Humboldt Core](#) stellt einen Datenstandard für bestandsbezogene Informationen dar. Die Inventardaten enthalten Informationen wie z. B. die Erfassung mehrerer Arten für einen bestimmten Ort und eine bestimmte Zeit, was wiederum Aufschluss über die Charakterisierung der Biodiversität und deren Veränderung im Laufe der Zeit gibt. Die Möglichkeit, mehrere verschiedene Bestandsdatenbanken miteinander zu vergleichen, ermöglicht eine bessere und umfassendere Nutzung dieser sammlungsbezogenen Daten.

Das Projekt [Map of Life](#) diente als Pilotprojekt, um die Machbarkeit der Umsetzung des neu entwickelten Datenstandards zu testen. Die Aufnahme und Bereitstellung von Metadaten zu Inventarisierungsprozessen aus dem Map of Life-Datenaggregator ermöglicht die Aggregation von Inventarisierungsinformationen aus Hunderten von zuvor veröffentlichten Inventaren. Der Humboldt Core war ursprünglich als ein von der TDWG ratifizierter Standard geplant, wurde aber noch nicht umgesetzt. Es wird eine breitere Nutzung angestrebt, um mehr Input über die Nutzbarkeit des Standards und seine Kompatibilität mit bestehenden Datenstandards wie DarwinCore zu erhalten. Zu diesem Zweck wurde mit der Taxonomic Database Working Group (heute [Biodiversity Information Standards](#)) eine Arbeitsgruppe eingerichtet, die sich mit der möglichen Integration des Humboldt Core als Erweiterung des DarwinCore-Standards befasst.



e

si

Version #12

Erstellt: 6 Februar 2023 12:41:30 von JP

Zuletzt aktualisiert: 18 April 2024 07:10:42