Ein Aufruf für offen zugängliche und FAIRe Daten

- Biodiversitätsdaten gelten als Gemeingut und sollten frei verfügbar sein in öffentlichen Datenablagen
- Forschende und Fördereinrichtungen werden dazu aufgerufen, die **FAIR**-Prinzipien anzuwenden: Alle Daten sollten auffindbar (**F**indable), zugänglich (**A**ccessible), austauschbar (**I**nteroperable) und wiederverwendbar (**R**eusable) sein
- Sensitive Daten von geschützten Arten werden so offen wie möglich und so unzugänglich wie nötig verfügbar gemacht

Vorkommensdaten

GBIF Global Biodiversity Information Facility

INFO SPECIES

Belegdaten

Saatgutbanken/Museen

Conservatoire et Jardin botaniques Genève

Universität Zürich[UZH]

Rohdaten Genetik

ENA European Nucleotide Archive

NIH National Library of Medicine National Center for Biotechnology Information

Bislang gab es keine ausgewiesene Plattform zum Teilen von **Daten zur genetischen Vielfalt**, und viele vorhandene Datensätze zur genetischen Vielfalt innerhalb von Populationen sind bisher nicht öffentlich zugänglich.

GenDiB wird aufgebaut als schweizerische nationale Datenbank zur genetischen Vielfalt in Populationen von wildlebenden Arten — als Hilfe für Forschende, Naturschützer und Entscheidungsträgerinnen bei der Erhaltung der Biodiversität.

Daten zu genetischer Vielfalt

gendib.wsl.ch

KONTAKT	**Corine Buser** gendib@wsl.ch www.gendib.ch Eidg. Forschungsanstalt WSL

FINANZIERUNG	Diese Infografiken wurden erstellt mit finanzieller Unterstützung durch die Open Research Data-Initiative des ETH-Rats (GenDiB-ORD) und das WSL Biodiversitätszentrum
REFERENZ	Buser CN, Weber AAT, Feulner PGD, Richman S, Fischer MC, Grossen C, Naciri Y, Paczesniak D, Paerli R, Reutimann O, Tschan J, Widmer A, Gugerli F (2025); Arten von genetischen Markern: Was können sie aussagen?; Naturschutzgenetik-Workshop, Infografik 1; Birmensdorf: Eidg. Forschungsanstalt WSL. 4 S. (2025) https://doi.org/10.55419/wsl:40645

LIZENZ	CC BY 4.0 Erstellt von: Corine N. Buser (Konzept & Leitung) & Dorota Paczesniak (Grafik & Design)

WSL eawag aquatic research ETH zürich Conservatoire et Jardin botaniques Genève Synthesezentrum Biodiversität Verbindet Forschung & Praxis

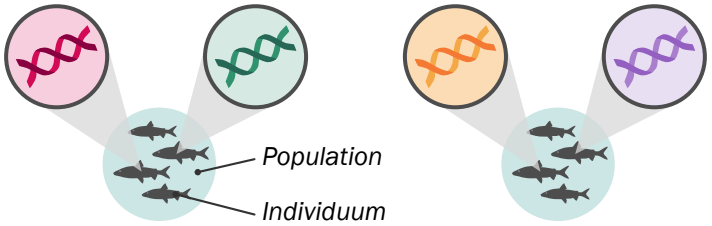
ARTEN VON GENETISCHEN MARKERN: WAS KÖNNEN SIE AUSSAGEN?

NATURSCHUTZGENETIK-WORKSHOP INFOGRAFIK 1

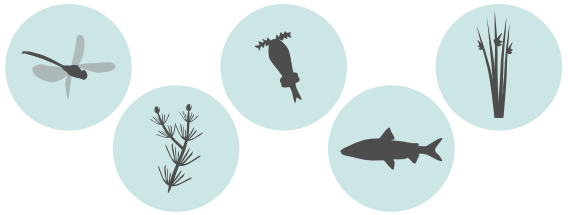
- Genetische Vielfalt ist die Grundlage der Evolution und damit eine entscheidende Voraussetzung für die Anpassung an Umweltänderungen
- Genetische Vielfalt informiert über die aktuelle Gefährdung einer Population, aber auch über vergangene und laufende evolutive Prozesse
- Biodiversität umfasst drei unterschiedliche Ebenen, und jede Ebene sollte überwacht und geschützt werden

Die drei Ebenen der Biodiversität

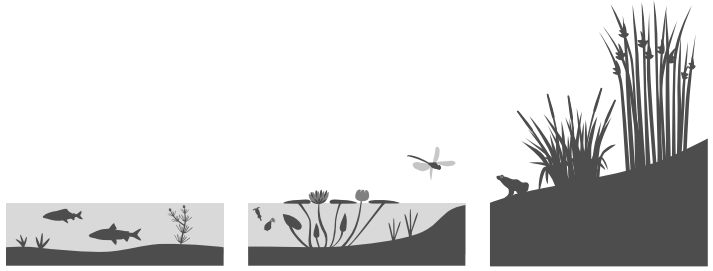
Gene



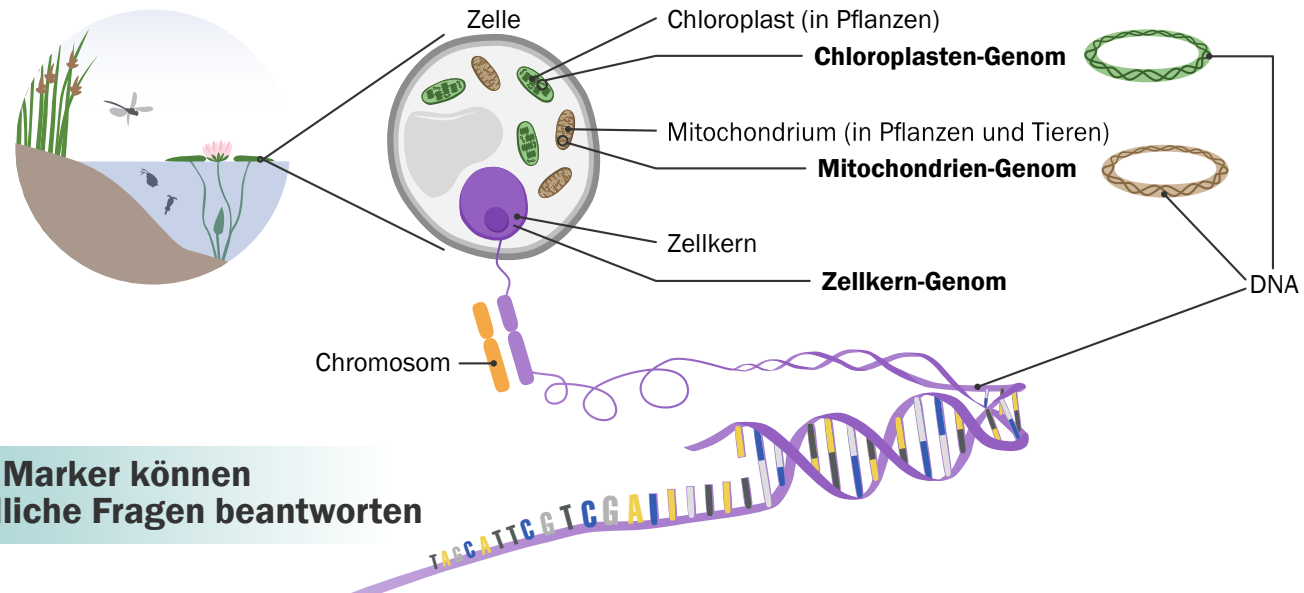
Arten



Lebensräume



Genetische Information befindet sich im Zellkern und in Zell-Organellen (Chloroplasten, Mitochondrien)

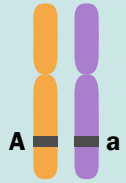


Genetische Marker können unterschiedliche Fragen beantworten

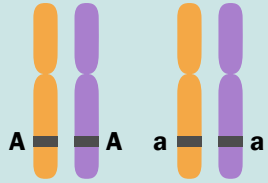
Marker	DNA-Abschnitt	übliche Anzahl unabhängiger Marker	beispielhafte Anwendungen
Barcodes	Organellen-DNA (z.B. COI, rbcL, 16S) und konservierte Zellkern-Gene (z.B. 18S, 28S, ITS)	1 (–wenige)	Taxonomie, Barcoding, Artbestimmung, Artenzusammensetzung (z.B. Meta-Barcoding); variable Marker für Variation innerhalb Arten
Mikrosatelliten	hoch-variable nicht-kodierende Zellkern-DNA	5–20	Populationsstruktur, Verwandtschaft, Elternschaft, genetischer Fingerabdruck
Target capture Sequenzierung	spezifische konservierte Zellkern-Gene	500–5000	Populationsstruktur, demografische Geschichte, Phylogenie, Anpassung
Eingeschränkte Sequenzierung (z.B. RADseq)	zufällige Abschnitte der Zellkern-DNA	5000–50 000	Genetische Vielfalt, Populationsstruktur, effektive Populationsgrösse
Ganz-Genom-Sequenzierung	gesamte Zellkern- und Organellen-DNA	>1 Million	alles obige; anpassungsrelevante Variation, Inzucht, Selektion

Referenz-Genom

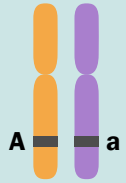
GLOSSAR



Allele (A,a) –
Varianten desselben Gens am gleichen Ort (Lokus) auf dem Chromosom



homozygot –
ein Individuum mit identischen Allelen an einem bestimmten Lokus



heterozygot –
ein Individuum mit unterschidlichen Allelen an einem bestimmten Lokus

Heterozygotie –

i) der Anteil Heterozygote an einem bestimmten Lokus bezogen auf alle Genotypen einer Popoulation

ii) Anteil heterozygoter Loci innerhalb des Genoms eines Individuums