BoTiKI

Offenes KI-System für die Beschreibung von Bodenfauna-Gemeinschaften zur Optimierung der Treibhausgas-Emissionsmodellierung

Clément Schneider[1] & André Seeliger[2]

Böden sind die Grundlage terrestrischer Ökosysteme. Sie erbringen wesentliche Ökosystemleistungen wie zum Beispiel die Kontrolle von Krankheitserregern, die Nahrungsmittelproduktion u. a.. Die Funktionsweise der Böden führt zur Speicherung oder Freisetzung von potenten Treibhausgase (THG): **CO_2**, **N_2O** und **CH_4**. Das Bodenmikrobiom (Pilze und Bakterien) gilt als Hauptakteur bei der Produktion dieser Gase, die als Nebenprodukte ihrer Aktivität entstehen.

Die Aktivität des Mikrobioms wird von der **Mikro- und Mesofauna** gesteuert: kleine Wirbellose, die entweder direkt Mikroorganismen fressen oder sich von abgestorbenem organischem Material ernähren. Im Projekt BoTiKI wollen wir die Rolle der Bodenfauna entschlüsseln und ihren Wert als **Indikator für die THG-Flüsse aus Böden** untersuchen.

Motivation: Bedarf an einer neuartigen Methodik zur Analyse der Biodiversität der Bodenfauna.

Herausforderung: Bodentiergemeinschaften sind komplexe Zusammensetzungen vielfältiger, winziger Wirbelloser (**Abb. 1**). Traditionelle Methoden zu ihrer Untersuchung sind sehr arbeitsintensiv und lassen sich nur schwer skalieren. DNA-basierte Ansätze (z. B. Metabarcoding) beschleunigen zwar die Artidentifizierung, liefern jedoch keine quantitativen Ergebnisse.

Lösung: KI-gestützte Computer-Vision kann mit Hochdurchsatz-DNA-Methoden kombiniert werden, um Mischproben der Bodenfauna automatisch zu charakterisieren, d. h. Arten zu identifizieren sowie ihre Häufigkeit und Biomasse zu erfassen.

Im Projekt **BoTiKI** arbeiten Bodenzoologen und Ingenieure zusammen, um einen schnellen, skalierbaren, präzisen, kosteneffizienten und letztlich praxisnahen Workflow zu entwickeln (**Abb. 2, 3**).

Abb. 1: Eine Mischung von Collembolen: ein kleines Beispiel der Biodiversität der Bodenfauna.

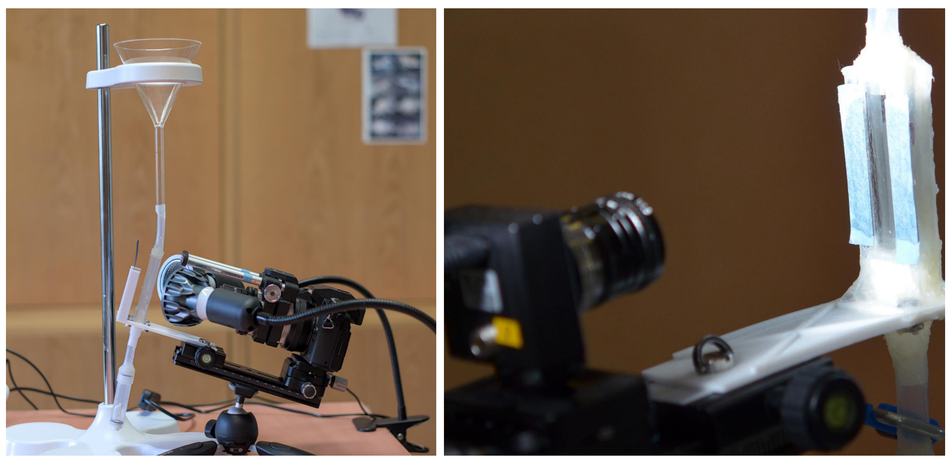

Abb. 2: Erstes Konzept für einen Digitalisierer für Bodenfauna-Gemeinschaften. Standardisierte, benutzerfertige Version in Vorbereitung.

Abb. 3: Einspeisen einer Boden-Gemeinschafts-Metagenombibliothek in einen Hochdurchsatz-Sequenzierer.

Abb. 4. Momentaufnahmen der THG aus dem Boden werden erfasst und gleichzeitig wird die Bodenfauna beprobt.

Ein KI-beschleunigter Workflow ermöglicht die Erstellung eines umfangreichen Datenbestandes, der die Biodiversität der Bodenfauna mit den THG-Flüssen aus Böden verknüpft.

Wir entwickeln neuartige Modelle der THG-Flüsse, die unter anderem die Biodiversität der Bodenfauna als Prädiktoren einbeziehen **(Abb. 4**).

Wir untersuchen, ob

- die Diversität der Bodenfauna die Boden-THG-Flüsse moduliert und
- Veränderungen in Bodentiergemeinschaften als Frühwarnsignal für Veränderungen im THG-Haushalt des Bodens dienen können

Wir entwickeln daraus **Open-Source-Tools** zur Diagnose der **Bodengesundheit**.

Gefördert durch:

Bundesministerium für Umwelt, Klimaschutz, Naturschutz und nukleare Sicherheit

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Aktionsprogramm Natürlicher Klimaschutz – Natur stärken – Klima schützen

BoTiKI: Förderkennzeichen: 67KIA4034A

[1]Projektleiter Dr. Clément Schneider
Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz
clement.schneider@senckenberg.de / +49 3581 4760-5510

[2]Dr.-Ing. André Seeliger
Hochschule Zittau/Görlitz
Institut für Prozesstechnik, Prozessautomatisierung und Messtechnik
a.seeliger@hszg.de / +49 3583 612 4772