

19. Dezember 2018

Neue Viren: Richtlinien für die Erforschung und Praxisempfehlungen

Mikroorganismen in, auf und um unseren Planeten wird nachgesagt in ihrer Zahl die Anzahl der Sterne in der Milchstraße zu übersteigen. Die Gesamtanzahl der Viren ist jedoch um ein Vielfaches höher. Zahlreiche Arten sind derzeit noch unbekannt und der Forschung nicht zugänglich. Die Anzahl derartiger Datensätze verdreifacht sich jedes Jahr. Ein internationales Forschungsteam hat nun neue Standards zur Einordnung der Forschungsdaten definiert.

Um einheitliche Qualitätsstandards in diesem wichtigen Forschungsbereich einzuführen, hat sich vor 2 Jahren ein internationales Konsortium formiert. Seitens der Universität Wien arbeitete Thomas Rattei vom Department für Mikrobiologie und Ökosystemforschung in dieser Gruppe mit. Das Team um den Mikrobiologen erforscht seit Jahren die Evolution viraler Proteinfamilien und entwickelt dafür spezielle Bioinformatik-Werkzeuge und -Datenbanken. Rattei argumentiert: „Viren sind nicht nur wichtige Krankheitserreger des Menschen, sondern essenzielle Bestandteile aller Ökosysteme. Deren Erforschung mit Hilfe moderner Genomik-Methoden ist nur möglich, wenn die erzeugten großen Datenmengen einheitlichen Qualitätsstandards gehorchen.“

Definition von Inhalt und Struktur

Das internationale Forschungsteam hat Inhalt und Struktur der minimalen Informationen definiert, die in der Genomforschung unkultivierbarer Viren wichtig sind. Dies umfasst Angaben zu Probenmaterial, Virus-Identifikation, Sequenzierung und Datenqualität. Die Angabe dieser Informationen wird für künftige Forschungsprojekte obligatorisch sein. Im Rahmen der aktuellen Publikation im Fachjournal Nature Biotechnology werden diese neuen Standards vorgestellt und durch Richtlinien und Praxisempfehlungen ergänzt.

Eine zentrale Rolle nahm bei der Koordination dieses Projekts das „Genomic Standards Consortium (GSC)“ ein. Diese, für alle Wissenschaftler offene, Gemeinschaft engagiert sich seit vielen Jahren für die Erstellung von Standards in der Genomforschung und hat schon zahlreiche internationale Projekte in diesem Bereich koordiniert.

„Diese Standards schließen eine wichtige Lücke und sind ein wirksames Instrument, um angesichts des massiven Wachstums der Sequenzdaten von Viren und Mikroorganismen vergleichende Analysen durchführen zu können“, so Rattei und ergänzt: „Sie bieten die Möglichkeit, Barrieren für den Datenaustausch niederzubrechen und die Reproduzierbarkeit der Genomforschung sicherzustellen. Die Notwendigkeiten sehen wir Bioinformatiker in unserer täglichen Arbeit immer wieder.“

Quelle: Universität Wien