

Pressemitteilung

Universität Innsbruck

Dr. Christian Flatz

11.04.2023

<http://idw-online.de/de/news812401>

Forschungsergebnisse, Wissenschaftliche Publikationen
Biologie
überregional



Blinde Pas-sagiere im Erb-gut

An der Universität Innsbruck haben Wissenschaftler:innen mit Hilfe des Hochleistungscomputer-Clusters "Leo" und detaillierter Detektivarbeit über 30.000 Viren entdeckt. Diese verstecken sich in den Genomen einzelliger Organismen. In manchen Fällen besteht bis zu 10% der mikrobiellen DNA aus eingebauten Viren.

Bei einer groß angelegten Untersuchung von komplexen einzelligen Mikroben machten Dr. Christopher Bellas, Marie-Sophie Plakolb und Prof. Ruben Sommaruga vom Institut für Ökologie der Universität Innsbruck eine unerwartete Entdeckung. Eingebaut in das Genom der Mikroben fanden sie die DNA von über 30.000 bisher unbekannten Viren. Diese "versteckte" DNA könnte den Zusammenbau von vollständigen und funktionalen Viren in der Wirtszelle ermöglichen.

"Wir waren sehr überrascht, wie viele Viren wir in dieser Studie gefunden haben", sagt Bellas. "In einigen Fällen stellte sich heraus, dass bis zu 10% des Genoms einer Mikrobe aus versteckten Viren besteht." Offenbar scheinen diese Viren ihren Wirten nicht zu schaden. Im Gegenteil, einige könnten sie sogar schützen, denn sie ähneln so genannten Virophagen. Diese Viren infizieren und zerstören andere, schädliche Viren, die ihre Wirtszelle befallen.

Die vom Wissenschaftsfonds (FWF) finanzierte Studie wurde in der renommierten Fachzeitschrift "Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)" veröffentlicht und in Zusammenarbeit mit Forscher:innen des Max-Planck-Instituts für medizinische Forschung und der Universität Groningen durchgeführt.

Viren als Beschützer

Von Bakterien bis zum Menschen sind alle Lebensformen durchgehend mit Viren infiziert. Einige sind ständig präsent, lösen aber nur gelegentlich Symptome aus, wie z. B. die Herpesviren beim Menschen. Andere verstecken sich noch gründlicher und werden Teil der DNA ihres Wirtes. Aus dieser Studie geht hervor, dass viele der äußerst zahlreichen eukaryotischen Einzeller – also komplexe Einzeller mit Zellkern – voller Viren sind. Diese Organismen sind überall zu finden, von Algen in Seen und Ozeanen über Amöben im Boden bis hin zu menschlichen Parasiten.

"Warum in den Genomen dieser Mikroben so viele Viren zu finden sind, ist noch nicht klar", sagt Bellas. "Unsere stärkste Hypothese ist, dass sie die Zelle vor einer Infektion durch gefährliche Viren schützen." Viele einzellige Organismen werden von "Riesenviren" infiziert, einer Gruppe von Viren, die so groß wie Bakterien sein können. Diese Infektionen töten den Wirt und erzeugen dabei neue Kopien des Riesenvirus. Wenn sich jedoch ein Virophage in der Wirtszelle befindet, 'programmiert' er das Riesenvirus so um, dass es weitere Virophagen bildet. Infolgedessen kann das Riesenvirus manchmal abgewehrt und die Wirtszellen vor der Zerstörung bewahrt werden.

Die DNA der neu entdeckten Viren ist der DNA von Virophagen ähnlich. Daher ist es wahrscheinlich, dass sich die Wirtsmikroben durch diese eingebauten Viren vor Riesenviren schützen.

DNA aus einem Bergsee

Das Forschungsprojekt drehte sich ursprünglich um eine neue Gruppe von Viren, die Bellas und Sommaruga 2021 im Wasser des Gossenköllesee in Tirol entdeckten. "Ursprünglich wollten wir mit unserer Studie den Ursprung der neuen 'Polinton-ähnlichen Viren' finden", erklärt Bellas. "Wir wussten aber nicht, welche Organismen normalerweise von diesen Viren befallen werden. Deshalb haben wir eine groß angelegte Studie durchgeführt und alle Mikroben untersucht, deren DNA-Sequenzen bekannt sind."

Der riesige Datensatz, den die Forscher:innen untersuchten, enthält nur DNA-Sequenzen, d.h. eine Abfolge der Buchstaben ATGC, aus denen alle Gene kodiert sind. Dennoch besteht der Datensatz aus mehreren hundert Gigabyte. Die im Vergleich winzigen Sequenzen der Viren konnten in dieser großen Datenmenge nur dank modernster Technik gefunden werden. Mit dem Hochleistungscomputer-Cluster "Leo" der Universität Innsbruck konnte der Datensatz schnell analysiert werden. „Außerdem können DNA-Sequenzen dank der neuen Oxford-Nanopore-Technologie auch viel schneller gelesen werden", sagt Bellas. Bei dieser Technologie wird die DNA durch winzige Poren in einer Membran geleitet. Jede Base - A, G, C oder T - unterbricht einen elektrischen Strom und erzeugt so ein Signal, aus dem die DNA-Sequenz gelesen werden kann.

Am Ende fanden die Forscher:innen viel mehr als die Viren, nach denen sie gesucht hatten. Diese unerwartete Entdeckung wird weitere Forschung anregen, um die Rolle, die diese Viren spielen, zu untersuchen.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Dr. Christopher Bellas
Telefon: +447808581503
E-Mail: christopher.bellas@bristol.ac.uk

Univ.-Prof. Dr. Ruben Sommaruga
Institut für Ökologie
Universität Innsbruck
Telefon: +43 512 507 51710
E-Mail: ruben.sommaruga@uibk.ac.at

Originalpublikation:

Christopher Bellas, Thomas Hackl, Marie-Sophie Plakolb, Anna Koslová, Matthias G. Fischer, Ruben Sommaruga.
Large-scale invasion of unicellular eukaryotic genomes by integrating DNA viruses. PNAS, April 10, 2023.
<https://doi.org/10.1073/pnas.2300465120>

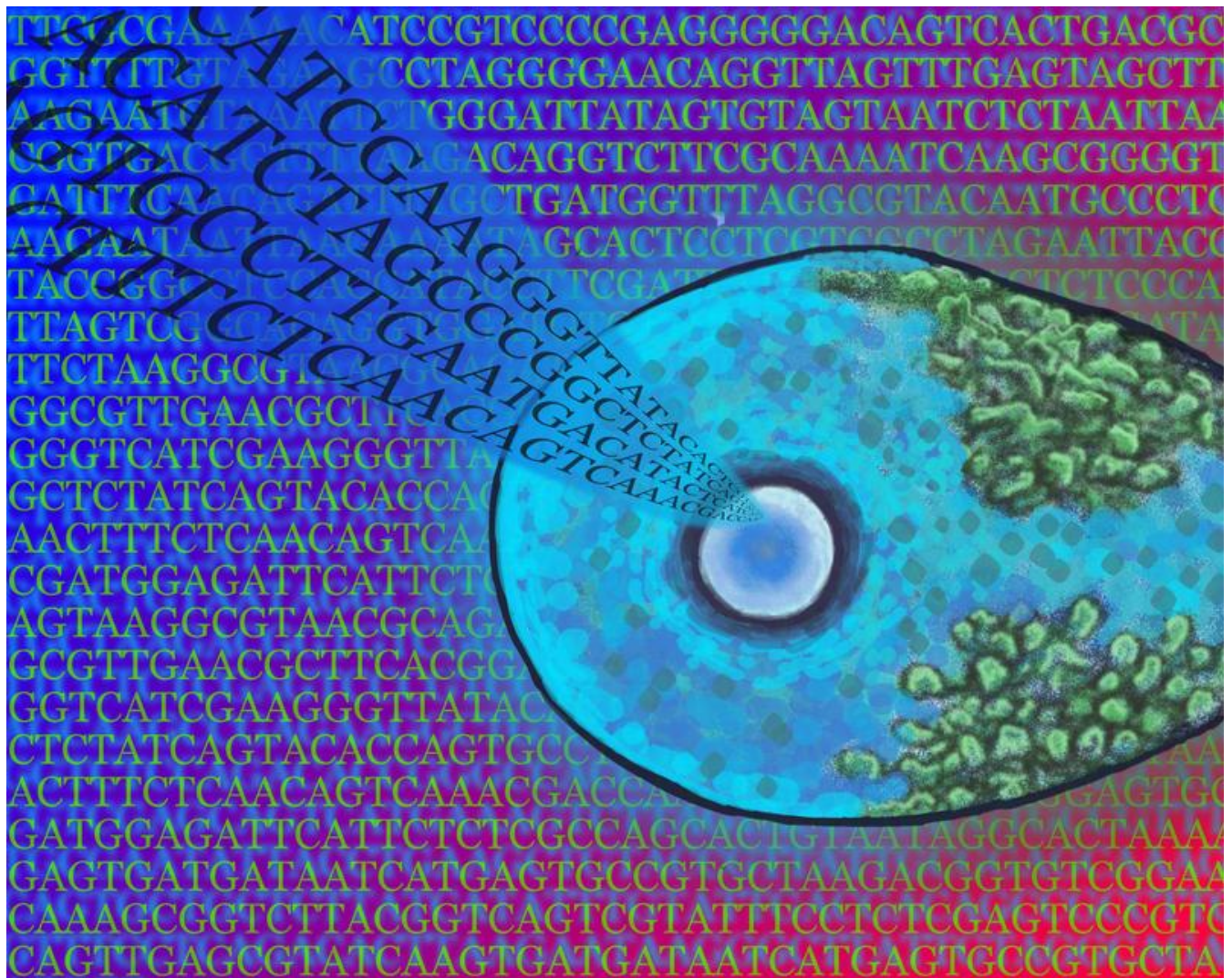


Illustration: Blinde Passagiere im Erbgut
Fabian Oswald



Christopher Bellas
Privat