

Viren spielen in der Regulierung von aquatischen mikrobiellen Gemeinschaften eine Schlüsselrolle. Durch großflächige Infektion und Lyse ihrer mikrobiellen Wirte, stellen sie bekannte Einflussfaktoren von biogeochemischen Kreisläufen, mikrobieller Diversität und Evolution dar. Unter erheblichem Forschungsaufwand wird begonnen die Virendiversität und -aktivität in marinen Systemen aufzudecken, Süßwassersysteme erhielten jedoch trotz der zahlenmäßigen Dominanz von Viren eine vergleichsweise geringe Aufmerksamkeit. In extremen alpinen Seeökosystemen, exemplarisch vertreten durch den Gossenköllesee in den Österreichischen Alpen, ist die mikrobielle Gemeinschaft hoher UV-Strahlung im Sommer, saisonaler Eisbedeckung und oligotrophen Bedingungen ausgesetzt. Diese Faktoren sollten die Verbreitung von Viren theoretisch einschränken, trotzdem sind Viren die häufigste biologische Einheit und verursachen bis zu 28% der bakteriellen Mortalität, Werte die mit marinen Systemen vergleichbar sind. Die Virengesellschaft wird jedoch sehr ungewöhnlich von bisher nicht charakterisierten, großen filamentösen Formen dominiert, die im Gegensatz zu den in anderen aquatischen Systemen beobachteten ikosaedrischen Formen stehen. Wir erwarten, dass in diesem See eine völlig neuartige Virengemeinschaft vorkommt, die alternative Lebensstrategien, wie Lysogenie, Pseudolysogenie oder chronische Infektionsstrategien verwendet, um eine langfristige Verbindung mit ihren Wirten aufrechtzuerhalten. Die vorliegende Studie soll die erste genetische Abschätzung der Virenvelfalt in einem alpinen See hervorbringen, von den ungewöhnlichen Virenformen völlig neue Virengenome rekonstruieren und sowohl die Wirte als auch die metabolischen Prozesse, die die Virengesellschaft beeinflussen dürften, identifizieren. Somit soll eine in einem Alpinen See bisher übersehene Kontrolle der mikrobiellen Gemeinschaft aufgedeckt werden.