

Das VIRALP-Projekt untersuchte aquatische Viren in der Wassersäule eines hochalpinen Sees. Bisher wurden in diesen Lebensräumen ungewöhnlich große Virusformen beobachtet, und wir sagten voraus, dass viele davon für die Wissenschaft neu sein würden. In der vorliegenden Studie sequenzierten wir die gesamte kollektive Virus-DNA aus einer großen Wasserprobe, um das Genom von Tausenden von Süßwasserviren zu entschlüsseln und vorherzusagen, welche Wirte sie möglicherweise infizieren. Das übergeordnete Ziel bestand darin, neuartige Viren zu charakterisieren und die Erforschung der Mikrobiologie alpiner Seen voranzutreiben. Unsere Analyse ergab Tausende neuer Viren, von denen die meisten Bakterien infizierten und kaum Ähnlichkeiten mit bekannten aquatischen Viren aufwiesen. Durch die Sequenzierung der DNA von diesen neuen Viren konnten wir die bisher bekannte Vielfalt der Süßwasserviren erheblich erweitern und werden Mikrobiologen einen großen, öffentlich zugänglichen Datensatz zur Verfügung stellen. Das bedeutendste Ergebnis war die Entdeckung mehrerer neuer Hauptgruppen von Viren, die als Polinton-ähnliche Viren bezeichnet werden und eine Vielzahl mikroskopisch kleiner Pflanzen, Tiere und Pilze befallen. Wir konnten somit erstmalig zeigen, dass Polinton-ähnliche Viren zu den am häufigsten in einem See vorkommenden Viren gehören und daher wichtige und bisher unerkannte Mitglieder von aquatischen Lebensgemeinschaften sind. Durch eine detaillierte Genomanalyse und die Suche in globalen DNA-Sequenzdatenbanken zeigten wir außerdem, dass ähnliche Viren in Seen auf der ganzen Welt vorkommen, wodurch wir ein großes Netzwerk global verteilter Viren entdeckten. Die Entdeckung von Polinton-ähnlichen Viren in Seewasser ist besonders für die Bereiche Mikrobiologie und Virologie von großer Bedeutung, da diese Viren kurzen DNA-Regionen im Genom von Hunderten verschiedenen Organismen, von mikroskopisch kleinen Pflanzen bis hin zu großen Tieren, sehr ähnlich sind, was darauf hindeutet, dass sie eine noch größere Bandbreite von Organismen infizieren, als derzeit bekannt ist. Das VIRALP-Projekt konnte erfolgreich alpine Seen als wichtige Orte für die Entdeckung neuer mikrobieller Entitäten hervorheben und einen neuen Forschungsbereich auf dem Gebiet der Virologie erschließen. Die Hunderten neuen Polinton-ähnlichen Virusgenome, die wir entdeckten, basieren auf der eingehenden Analyse eines einzelnen Hochgebirgssees. Wir gehen daher davon aus, dass bei der Untersuchung weiterer Lebensräume mit der von uns entwickelten Methodik weitaus mehr Genome entdeckt werden und unsere Ergebnisse daher nur die Spitze des Eisbergs für ihre wahre globale Vielfalt darstellen. Viele neue Forschungsfragen sind durch die Entdeckung der Polinton-ähnlichen Viren entstanden. Wir wissen wenig über die gesamte Bandbreite der von ihnen infizierten Organismen und nichts über ihre Lebenszyklen oder Auswirkungen auf ihre Wirte. Wir gehen davon aus, dass diese Viren das Wachstum von Algen und mikroskopisch kleinen Tieren in aquatischen Ökosystemen signifikant beeinflussen. Weitere Forschungen müssen sich nun diesen Fragen widmen, indem diese neuen Viren in einer Laborumgebung isoliert und charakterisiert werden.