

Metagenomdaten besser analysieren

04.10.2017, 16:00 | Wissenschaft, Forschung, Bildung

Pressemitteilung von: *Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung*

Presseagentur: *Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung*



Billionen Bakterien aus über 500 verschiedenen Arten bilden das Mikrobiom des Darms. (Fotolia)

Forscher am BRICS definieren neue Standards der Metagenomanalyse

Mikroben sind für unser Auge unsichtbar und dennoch überall. Sie sind die einflussreichen Kräfte hinter der Regulation von Schlüsselprozessen in unserer Umwelt, zum Beispiel des Kohlenstoffzyklus. Viele der Mikroorganismen sind noch unbekannt oder gar nicht kultivierbar. Aufschlüsse über diese Artenvielfalt geben moderne molekulargenetische Methoden, mit denen heute die Gesamtheit des Erbgutes eines Lebensraumes – das sogenannte Metagenom – untersucht werden kann. Die komplexe Auswertung dieser Datenmengen mit einer Vielzahl von Computerprogrammen stellt Forscher jedoch vor große Probleme. Deshalb haben Wissenschaftler des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) in Braunschweig, der Universität Wien und der Universität Bielefeld die Initiative mit dem Namen „CAMI – Critical Assessment of Metagenome Interpretation“ ins Leben gerufen, die die Werkzeuge der Metagenomanalyse testet und neue Standards und Anwendungsmöglichkeiten definiert. Ihre Ergebnisse veröffentlichten die Forscher jetzt im Fachjournal *Nature Methods*.

Um Bakterien aus einem speziellen Lebensraum zu untersuchen, musste man sie früher im Labor kultivieren. Die gewachsenen Kulturen wurden analysiert und identifiziert. Mit der Entwicklung molekulargenetischer Methoden sind diese aufwändigen Verfahren nicht mehr nötig. An ihre Stelle treten metagenomische Methoden zur Analyse der mikrobiellen Artenvielfalt.

Gerade in der Mikrobiomforschung ist es sehr wichtig, für neue Therapieansätze die Wechselwirkungen zwischen dem Mikrobiom, dem Immunsystem und Pathogenen zu verstehen. Dabei ist es gar nicht so einfach, das Mikrobiom genau zu untersuchen: Eine Sequenzierung beispielsweise liefert riesige Datenmengen aller vorhandenen Bakterien, bezeichnet als Metagenom, aus der Informationen über die einzelnen Arten mühsam herausgefiltert werden müssen. Dafür gibt es zwar viele Methoden, welche sich aber für die jeweilige Fragestellung am besten eignen, ist oft unklar.

„Da klassische Sequenzierungsverfahren nur bei Mikroorganismen funktionieren, die im Labor in Reinkultur gezüchtet werden können, steht die Untersuchung des Metagenoms im Gegensatz zur klassischen Genomsequenzierung ausgewählter Organismen“, sagt Prof. Alice McHardy, Leiterin der HZI-Abteilung „Bioinformatik der Infektionsforschung“ am BRICS, dem Braunschweiger Zentrum für Systembiologie. „Sie ermöglicht ganz neue Einblicke in die Erbinformation der mikrobiellen Welt.“

Bei der Auswertung von Metagenomen stehen die Wissenschaftler regelmäßig vor großen Problemen. „Es gibt sehr viele verschiedene Methoden, die man nutzen kann. Dabei ist es sehr schwierig für die Forscher herauszufinden, welches Programm für ihre speziellen Datensätze und Analysen genutzt werden kann“, sagt McHardy. „Die Werkzeuge für verschiedene Fragestellungen variieren immens. Auf der anderen Seite investieren die Softwareentwickler viel Zeit, um die Eigenschaften von neuentwickelter Software und schon vorher beschriebener Software zu vergleichen.“

Um diese Probleme zu lösen, hat ein internationales Wissenschaftler-Team unter Federführung von Alice McHardy und Alexander Sczyrba, Leiter der Arbeitsgruppe „Computational Genomics“ an der Universität Bielefeld, die Initiative „CAMI – Critical Assessment of Metagenome Interpretation“ gegründet. In einem von ihnen organisierten Wettbewerb konnten Wissenschaftler bioinformatische Methoden auf verschiedenen Metagenom-Datensätzen testen und anschließend die Ergebnisse gemeinsam evaluieren. „Das Ziel von CAMI ist es, Standards für die Leistungsbeurteilung von metagenomischer Analysesoftware zu entwickeln, diese einheitlich und mit biologisch relevanten Daten zu bewerten und schließlich Empfehlungen zu geben, welche Verfahren für welche Fragestellungen am besten eingesetzt werden sollten“, sagt Alice McHardy.

Der CAMI-Wettbewerb lief über drei Monate im Jahre 2015. Um die Computertools zu testen, entwickelten die Organisatoren drei simulierte Metagenom-Datensätze unter Nutzung von ungefähr 700 Genomen von Bakterien- und Archaeen-Isolaten, die vom US Department of Energy Joint Genome Institute (DOE JGI) und anderen Instituten sequenziert wurden. 19 Teams beteiligten sich an dem Wettbewerb, sechzehn stimmten einer Veröffentlichung ihrer Ergebnisse zu und testeten 25 Programme aus der ganzen Welt. Jetzt wurden die Ergebnisse des Wettbewerbs – definierte Standards und Best-Praxis-Anwendungsbeispiele – erstmals im Journal Nature Methods publiziert. Die Ergebnisse sind frei verfügbar unter .

Die CAMI-Organisatoren planen eine Fortsetzung des sehr erfolgreichen Wettbewerbs, um die Prüfung von Metagenomik-Software und die Entwicklung von Standards fortzuführen. „CAMI ist eine fortlaufende Initiative“, sagt McHardy. „Wir laden jeden Mikrobiomforscher ein, der sich mit der Erzeugung oder Auswertung von Omics-Daten beschäftigt, sich in CAMI einzubringen.“

Originalpublikation:

A. Sczyrba, P. Hofmann, P. Belmann, D. Koslicki, S. Janssen, J. Dröge, I. Gregor, S. J. Fiedler, E. Dahms, A. Bremges, A. Fritz, R. Garrido-Oter, T. Sparholt Jørgensen, N. Shapiro, P.D. Blood, A. Gurevich Yang Bai, D. Turaev, M.Z. DeMaere, R. Chikhi, N. Nagarajan, C. Quince, F. Meyer, M. Balvoc?iute, L. Hestbjerg Hansen, S.J. Sørensen, B.K.H. Chia, B. Denis, J.L. Froula, Z. Wang, R. Egan, D. Don Kang, J.J. Cook, C. Deltel, M. Beckstette, C. Lemaître, P. Peterlongo, G. Rizk, D. Lavenier, Y.W. Wu, S.W. Singer, C. Jain, M. Strous, H. Klingenberg, P. Meinicke, M.D. Barton, T. Lingner, H.-H. Lin, Y.-C. Liao, G.G.Z. Silva, D. A. Cuevas, R. A. Edwards, S. Saha, V. C. Piro, B.Y. Renard, M. P. H.-P. Klenk, M. Göker, N.C. Kyrpides, T. Woyke, J.A. Vorholt, P. Schulze-Lefert, E. M. Rubin, A. E. Darling, T. Rattei, and A. C. McHardy: Critical Assessment of Metagenome Interpretation – a benchmark of metagenomics software. Nature Methods, 2017, DOI: 10.1038/nmeth.4458

Die Pressemitteilung und Bildmaterial finden Sie auch auf unserer Webseite unter dem Link

Das Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung:

Am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI) untersuchen Wissenschaftler die Mechanismen von Infektionen und ihrer Abwehr. Was Bakterien oder Viren zu Krankheitserregern macht: Das zu verstehen soll den Schlüssel zur Entwicklung neuer Medikamente und Impfstoffe liefern.

Das Braunschweig Integrated Centre of Systems Biology:

Das Braunschweig Integrated Centre of Systems Biology (BRICS) ist ein gemeinsames Forschungszentrum des HZI mit

der Technischen Universität Braunschweig. Ziel des BRICS ist die Erforschung von Infektionen und der Wirkstoffbildung sowie die Entwicklung biotechnologischer Prozesse mithilfe der Systembiologie.

Ihre Ansprechpartner:
Susanne Thiele, Pressesprecherin

Dr. Andreas Fischer, Wissenschaftsredakteur

Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung GmbH
Presse und Kommunikation
Inhoffenstraße 7
D-38124 Braunschweig

Tel.: 0531 6181-1400; -1405

Quelle: idw

Portrait

-

News-ID: 972313 • Views: 177 (Stand: 26.05.2026)

Link zur Pressemitteilung:

<https://www.openpr.de/news/972313/Metagenomdaten-besser-analysieren.html>