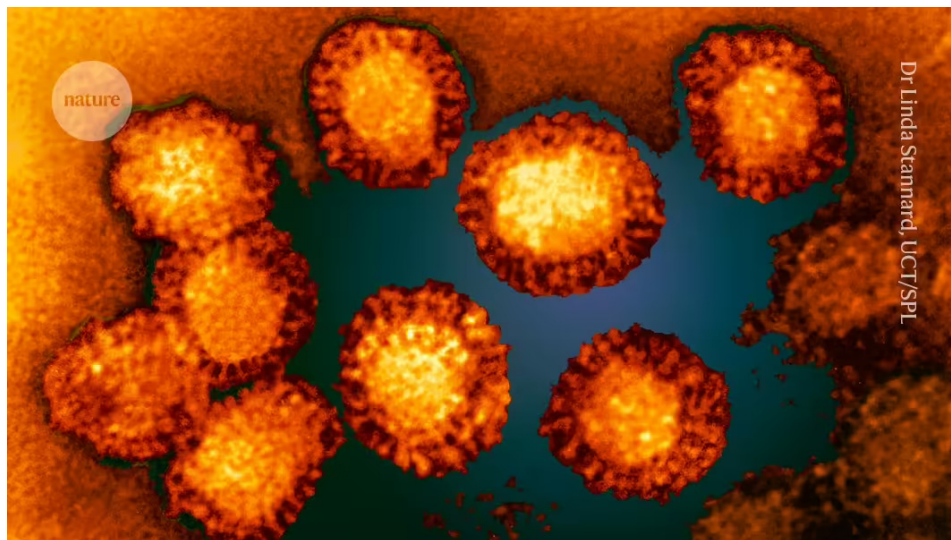


Neue Virus-Genom-Website: Einfache und faire Sequenzteilung für alle

Entdecken Sie Pathoplexus, die neue Datenbank zur gemeinsamen Nutzung von Genomen gefährlicher Viren.

Erfahren Sie, wie dieses innovative System Forschern helfen soll, genetische Sequenzen effektiv zu teilen und so die Identifikation und Verfolgung von Viren wie Ebola und dem West-Nil-Virus zu verbessern. Informieren Sie sich über die Vorteile, Herausforderungen und das Potenzial für mehr Zusammenarbeit in der Gemeinschaft der Virologen.



Eine neue Datenbank für Forscher zur gemeinsamen Nutzung der Genome gefährlicher Viren verspricht, viele der Probleme zu lösen, die bestehende Alternativen behindern. Doch zunächst müssen die Forscher davon überzeugt werden, sie zu nutzen.

Pathoplexus – eine Kombination aus Pathogen und Plexus – wurde letzten Monat ins Leben gerufen, und das Team von Wissenschaftlern hinter der Datenbank hofft, dass sie mehr Forscher dazu motiviert, genetische Sequenzen bekannter und

neu auftretender Viren mit Bedeutung für die öffentliche Gesundheit zu teilen.

Die schnellstmögliche Weitergabe von Sequenzen ist wichtig, um neue Viren zu identifizieren und Veränderungen zu verfolgen, die sie für Menschen gefährlicher machen könnten, sowie zur Entwicklung von Impfstoffen, erklärt Edward Holmes, ein Virologe an der Universität Sydney, Australien.

Pathoplexus konzentriert sich derzeit auf vier Viren, die nicht speziell in anderen Datenbanken aufgeführt sind: das Virus der Crimean-Congo-Hämorrhagischen Fieber, Ebola Sudan, Ebola Zaire und das West-Nil-Virus. Weitere Erreger sollen später hinzugefügt werden, so das Team.

Bestehende Hürden

Zu den größten bestehenden Repositories gehört GenBank in den Vereinigten Staaten, die uneingeschränkten Zugang zu ihren genomischen Daten bietet. Aber der öffentliche Zugang bedeutet, dass theoretisch jeder die Daten verwenden kann, um wissenschaftliche Artikel zu veröffentlichen, ohne die Datenbesitzer anzuerkennen. Dies hat Wissenschaftler, insbesondere aus einkommensschwachen Ländern, davon abgehalten, ihre Daten schnell zu teilen, etwa während eines öffentlichen Gesundheitsnotstands. Ein alternatives Repository, GISAID, verlangt von den Nutzern, sich zu registrieren, den Datenbesitzern Anerkennung zu erweisen und ihr Bestes zu tun, um mit den Eigentümern zusammenzuarbeiten. Die Datenbank wurde entwickelt, um die Rechte der Dateneinreicher zu gewährleisten.

GISAID war während der COVID-19-Pandemie äußerst **beliebt** und enthält fast 17 Millionen Sequenzen von SARS-CoV-2, dem Virus hinter COVID-19. Forscher haben jedoch Bedenken hinsichtlich der **Transparenz** in seiner Governance geäußert, wie es Streitigkeiten über Anerkennung vermittelt und wie es Sanktionen gegen diejenigen verhängt, die seiner Auffassung

nach gegen die Nutzungsbedingungen verstoßen haben.

„GISAID hat in den letzten Jahren viel Frustration verursacht“, sagt Spyros Lytras, ein evolutionärer Virologe an der Universität Tokio. „Aus diesen Erfahrungen hat die wissenschaftliche Gemeinschaft gelernt, wie wir es besser machen können. Ein Neustart ist das, was wir als Gemeinschaft brauchen, und Pathoplexus könnte die Lösung sein.“

Ein Vertreter von GISAID erklärte in einer E-Mail, dass das Vertrauen, das es bei der wissenschaftlichen Gemeinschaft besitzt, stark ist und dass mehr als 70.000 Forscher die Seite nutzen. Die Rollen seiner Governance-Organe und Geldgeber werden auf der Website dargestellt, und ihre Nutzungsbedingungen haben sich seit der Gründung im Jahr 2008 nicht geändert, so der Vertreter.

Vertrauen aufbauen

Pathoplexus bietet einige Schutzmaßnahmen für die Nutzer. Forscher können beispielsweise Einschränkungen festlegen, wie ihre Daten verwendet werden dürfen, zum Beispiel dürfen sie nicht ohne ihre ausdrückliche Genehmigung bis zu einem Jahr lang als zentraler Fokus wissenschaftlicher Veröffentlichungen verwendet werden. Dies sollte den Datenbesitzern genügend Zeit geben, um ein Manuskript über ihre Ergebnisse einzureichen.

Nutzer müssen auch die Datenbesitzer in ihren Veröffentlichungen anerkennen. „Wir beabsichtigen, eine Gemeinschaft aufzubauen, in der Forscher das Vertrauen haben, dass ihre Beiträge respektiert und ordnungsgemäß anerkannt werden“, sagt Jamie Southgate, ein Mitglied von Pathoplexus und Leiter der Operationen der globalen Koalition Public Health Alliance for Genomic Epidemiology mit Sitz in Kapstadt, Südafrika.

Pathoplexus sperrt keine Personen, die gegen die

Nutzungsbedingungen verstoßen, vom Zugriff auf die Seite, was **GISAID in seltenen Fällen getan hat**. Stattdessen wird das Team die Fachzeitschriften kontaktieren, um sicherzustellen, dass die veröffentlichten Daten entsprechend der Art und Weise verwendet werden, in der sie geteilt wurden, erklärt Emma Hodcroft, Mitgründerin von Pathoplexus und molekulare Epidemiologin am Schweizer Tropen- und Public Health Institute in Basel, Schweiz. „Wir haben versucht, die Bedingungen unglaublich klar zu formulieren“, sagt sie.

„Es ist eine gute, clevere Lösung“, sagt Senjuti Saha, eine molekulare Mikrobiologin am Child Health Research Foundation in Dhaka, die die Vorgehensweise, Verlage zu kontaktieren, unterstützt. „So sollte es sein.“ Sie denkt, dass die Transparenz von Pathoplexus das Vertrauen innerhalb der wissenschaftlichen Gemeinschaft stärken wird.

Doch es ist noch zu früh, um zu sagen, ob das Repository die aktuellen Probleme beim Datenaustausch lösen wird, meint Saha. „Es ist ein ausgezeichneter und fantastischer erster Schritt.“

Nutzer könnten auch dazu neigen, Sequenzen in lokalen Datenbanken zu teilen. In China beispielsweise veröffentlichen Forscher wahrscheinlich eher Sequenzen neu auftretender Viren in chinesischen Datenbanken, sagt Shi Mang, ein evolutionärer Biologe an der Sun Yat-sen-Universität in Shenzhen, China, der ebenfalls im wissenschaftlichen Beirat von Pathoplexus sitzt. Doch für etablierte Viren werden sie wahrscheinlich Repositories mit gut gewarteten Sammlungen nutzen, die Pathoplexus bietet.

Verbesserte Nutzererfahrung

Die Entwickler von Pathoplexus haben versucht, die Benutzererfahrung zu verbessern, unter anderem indem sie das Hochladen so einfach wie möglich gestalten. Pathoplexus prüft auch die Sequenzdaten und begleitenden Informationen auf Fehler und hilft, Viren in Subtypen zu organisieren. „Das ist

tatsächlich das, was mich zu dieser Datenbank gezogen hat“, sagt Shi. Falsche Sequenzen in den aktuellen Repositories können Forscher erheblich behindern, fügt er hinzu.

Bis jetzt hat Pathoplexus GenBank-Daten für die vier Viren verwendet, um die Seite zu befüllen. Tausende von Besuchern haben die Seite bereits aufgerufen, und 50 haben Konten erstellt, um Daten einzureichen, jedoch hat bislang niemand Sequenzen eingereicht, erklärt Hodcroft. „Wir haben nicht mit hohen Datenmengen für die Pathogene gerechnet, mit denen wir gestartet sind.“

Forscher, die an anderen Viren arbeiten, müssen warten, bis die Datenbank erweitert wird, um sie einzuschließen. Um zu expandieren, muss das Team langfristige Finanzierungen sichern. Die Seite wird derzeit von Freiwilligen und gespendeter Computerzeit betrieben, was in etwa sechs Monaten endet. Hodcroft sagt, dass es ihr derzeitiges Ziel ist, Spender zu gewinnen. „Ich bin vorsichtig optimistisch.“

Details

Besuchen Sie uns auf: natur.wiki