

Datenbanken

SILVA – Referenzdatensätze für den Nachweis von Mikroorganismen

FRANK OLIVER GLÖCKNER¹, JÖRG PEPLIES²

¹ JACOBS UNIVERSITY UND MAX-PLANCK-INSTITUT FÜR MARINE MIKROBIOLOGIE, BREMEN

² RIBOCON GMBH, BREMEN

DOI: 10.1007/s12268-018-0987-5
© Springer-Verlag 2018

Das im Jahr 2007 gestartete SILVA-Projekt (www.arb-silva.de) ist auf hochwertige rRNA(ribosomale RNA)-Gen-Datensätze für Forschung und Industrie spezialisiert. Diese Gene kommen in allen Lebewesen vor und

stellen somit – wie ein Barcode im Supermarkt – einen idealen Marker für die Identifikation von Mikroorganismen dar, die anhand äußerer Merkmale kaum zu differenzieren sind. Auch das Verständnis von stammesgeschichtlichen Abstammungen ermöglicht dieser Marker – eine wichtige

Grundlage für die mikrobielle Systematik, also die Beschreibung neuer Arten und die Bereitstellung eines Klassifikationssystems (Taxonomie).

SILVA hält aktuell sieben Millionen dieser Gensequenzen bereit, eingeteilt in diverse Kategorien und Klassen und angereichert mit aktuellen taxonomischen Informationen. Letztere übertragen die SILVA-Kuratoren, basierend auf international anerkannten Quellen wie den *Bergey's Taxonomic Outlines*, auf die Referenzdatensätze. Als Besonderheit vergeben sie auch „Arbeitsnamen“ an die Vielzahl von taxonomischen Gruppen, die bisher nicht offiziell beschrieben und somit nicht referenzierbar waren. Ferner bietet SILVA als weiteres Alleinstellungsmerkmal nicht nur prokaryotische (Bakterien/Archaeen), sondern auch eukaryotische (18S- und 28S-)rRNA-Gene an [1]. Hieraus ergibt sich ein umfangreiches Anwendungsspektrum der SILVA-Datenbank, das sich von der globalen Biodiversitätsforschung über die medizinische Forschung und Diagnostik bis hin zur industriellen Qualitätskontrolle (Lebensmittel, Pharmazeutika etc.) erstreckt. Eine Beispielanwendung aus dem Bereich Umweltanalyse, die mit dem SILVA-NGS-Service erstellt wurde, zeigt **Abbildung 1**.

Die hohe Qualität und Zuverlässigkeit der SILVA-Datensätze und Serviceangebote führten in den letzten elf Jahren zu einem steten Anstieg an Nutzern. Aktuell greifen täglich mehr als 3.000 Besucher aus 200 Ländern auf die Webseite und die dort frei zugänglichen Daten und Dienste zu.

Hieraus resultierend wurde SILVA im Jahr 2015 als Mitglied des Deutschen Netzwerks für Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI; www.denbi.de) ausgewählt. In diesem Netzwerk bilden 40 Partner acht eng miteinander verknüpfte Zentren, die gemeinsam ein umfassendes Bioinformatik-Serviceangebot zur Verfügung stellen. Seit 2016 repräsentiert

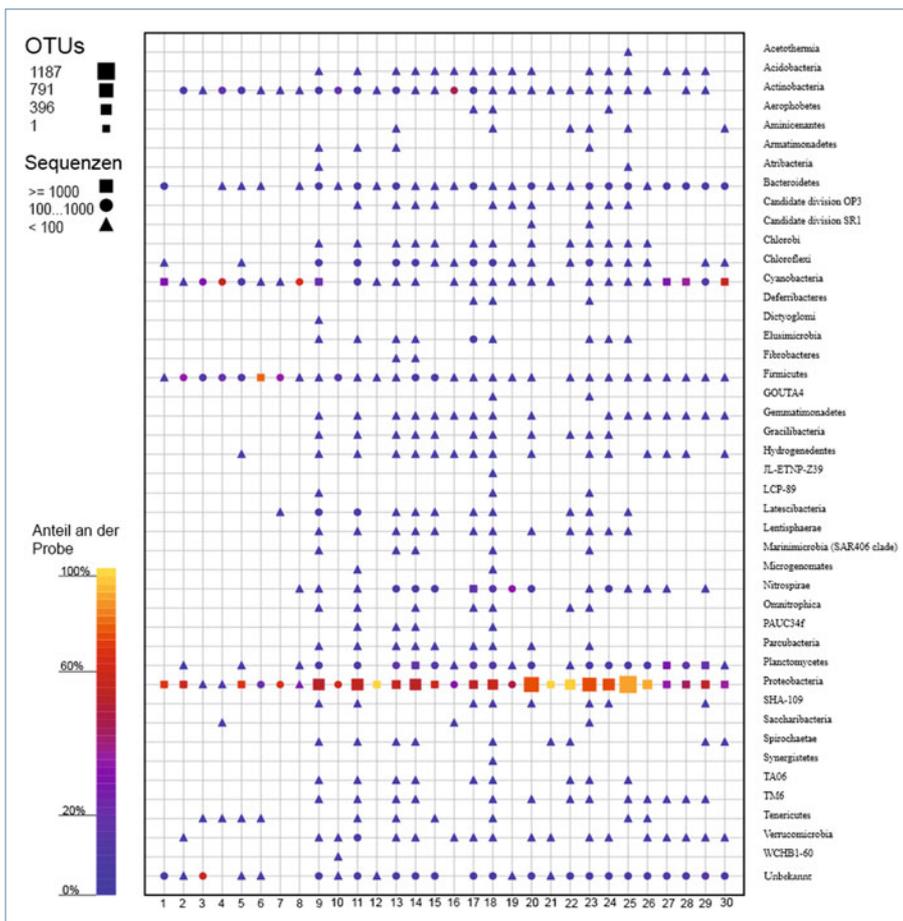


Abb. 1: Taxonomische Klassifikation von 30 Proben auf Phylumebene. Die Symbole geben Auskunft über die Häufigkeit und Diversität der einzelnen Phyla in den Proben. Beispiel: Probe 1 ist geprägt von einer geringen Diversität. Nur die Proteobacteria und Cyanobacteria sind mit mehr als 1.000 Sequenzen vertreten (symbolisiert durch kleine Quadrate). Die Proteobacteria vereinen dabei den größten Anteil der Sequenzen auf sich, gezeigt durch die orange Farbe. Probe 23 zeigt dagegen eine hohe Diversität, indiziert durch die Präsenz von vielen Phyla. Dennoch vereinen die Proteobacteria erneut den größten Teil der Sequenzen auf sich.

de.NBI den deutschen Knoten der Europäischen Bioinformatik-Infrastruktur ELIXIR, die führende europäische Organisationen der Biowissenschaften in der Verwaltung und Sicherung der zunehmenden Datenmengen vereint. Als systemrelevant hat ELIXIR bisher 18 Datenbanken anerkannt – darunter auch SILVA –, die eine fundamentale Rolle für die langfristige Erhaltung und Bereitstellung biologischer Forschungsdaten spielen. Damit bewegt sich SILVA auf Augenhöhe unter anderem mit dem Europäischen Nukleotid-Archiv ENA.

Ein häufig unterschätzter Aspekt öffentlicher Forschungsdaten ist deren große Bedeutung auch für den nicht-akademischen Bereich. Hierbei haben insbesondere Routineanwendungen wie die mikrobielle Qualitätskontrolle sehr spezielle Anforderungen an die Aufbereitung der Daten und die zugehörigen Dienste, die durch akademische Serviceangebote nicht mehr abgedeckt werden können. Aus diesem Grund wurde bereits zu

Beginn des SILVA-Projekts die Firma Ribocon GmbH gegründet, die durch die Erstellung nutzerspezifischer Datensätze sowie die Entwicklung von passgenauen IT-Lösungen für den Einsatz in der Produktion als Brücke zwischen Forschungsinfrastruktur und Industrie agiert.

Mit der Anerkennung von SILVA als eine der zentralen europäischen bioinformatischen Ressourcen ist die Hoffnung verbunden, den Betrieb in Zukunft dauerhaft finanzieren zu können. Die Etablierung von de.NBI legte bereits einen wichtigen Grundstein, jedoch bedarf es weiterer Anstrengungen, bevor ein nachhaltiger Betrieb von Infrastrukturen wie SILVA realisiert werden kann.

Danksagung

Wir danken der Max-Planck-Gesellschaft, der Deutschen Forschungsgemeinschaft und dem Bundesministerium für Bildung und Forschung für die finanzielle Unterstützung des SILVA-Projekts. ■

Literatur

- [1] Glöckner FO, Yilmaz P, Quast C et al. (2017) 25 years of serving the community with ribosomal RNA gene reference databases and tools. *J Biotechnol* 261:169–176



Frank Oliver Glöckner (li.) und Jörg Peplies

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. Frank Oliver Glöckner
Jacobs University und
Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie
Celsiusstraße 1
D-28359 Bremen
Tel.: 0421-2028970
fog@mpi-bremen.de
www.microbial-genomics.de