

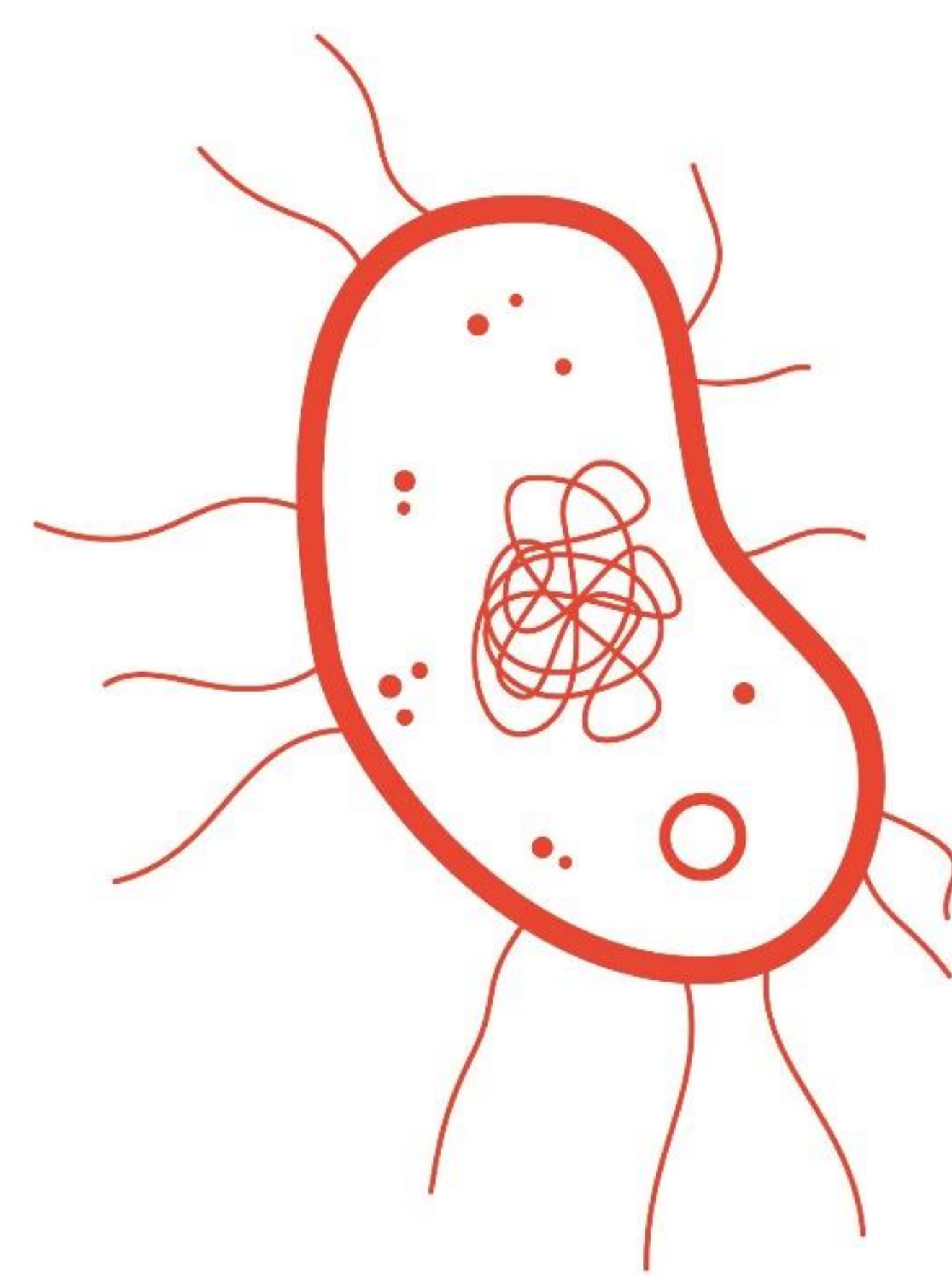
Untersuchung von mikrobiologischen Gemeinschaften im Boden während der Verwesung eines Hausschweins

Selina Wüst

Bachelor-Thesis, Studienrichtung Bioanalytik und Zellbiologie

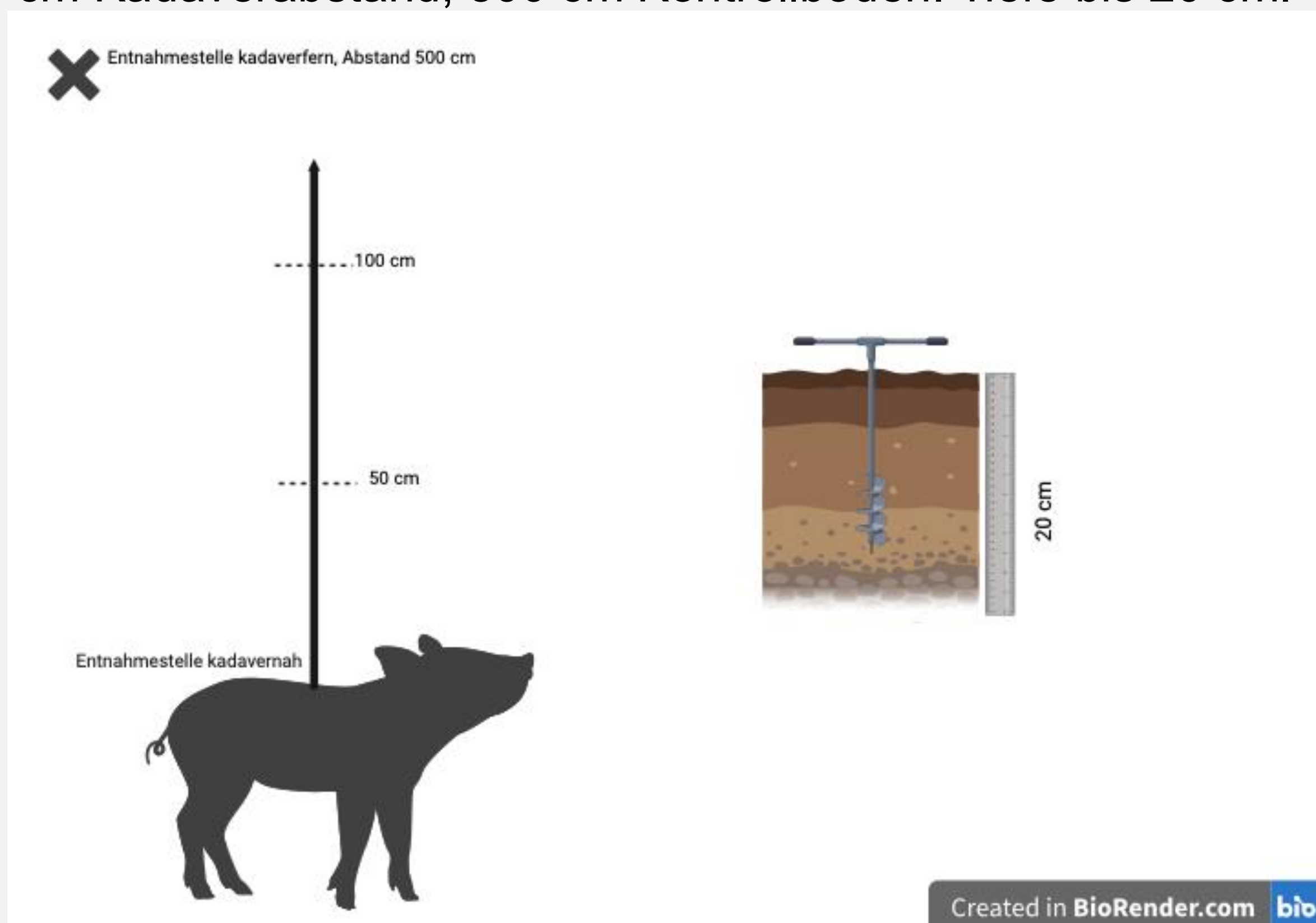
Experte: Dr. ès Sc. MLaw Martin Zieger, Institut für Rechtsmedizin Bern

Verantwortlicher: Dr. rer. nat. Armin Zenker, Fachhochschule Nordwestschweiz, Hochschule für Life Sciences

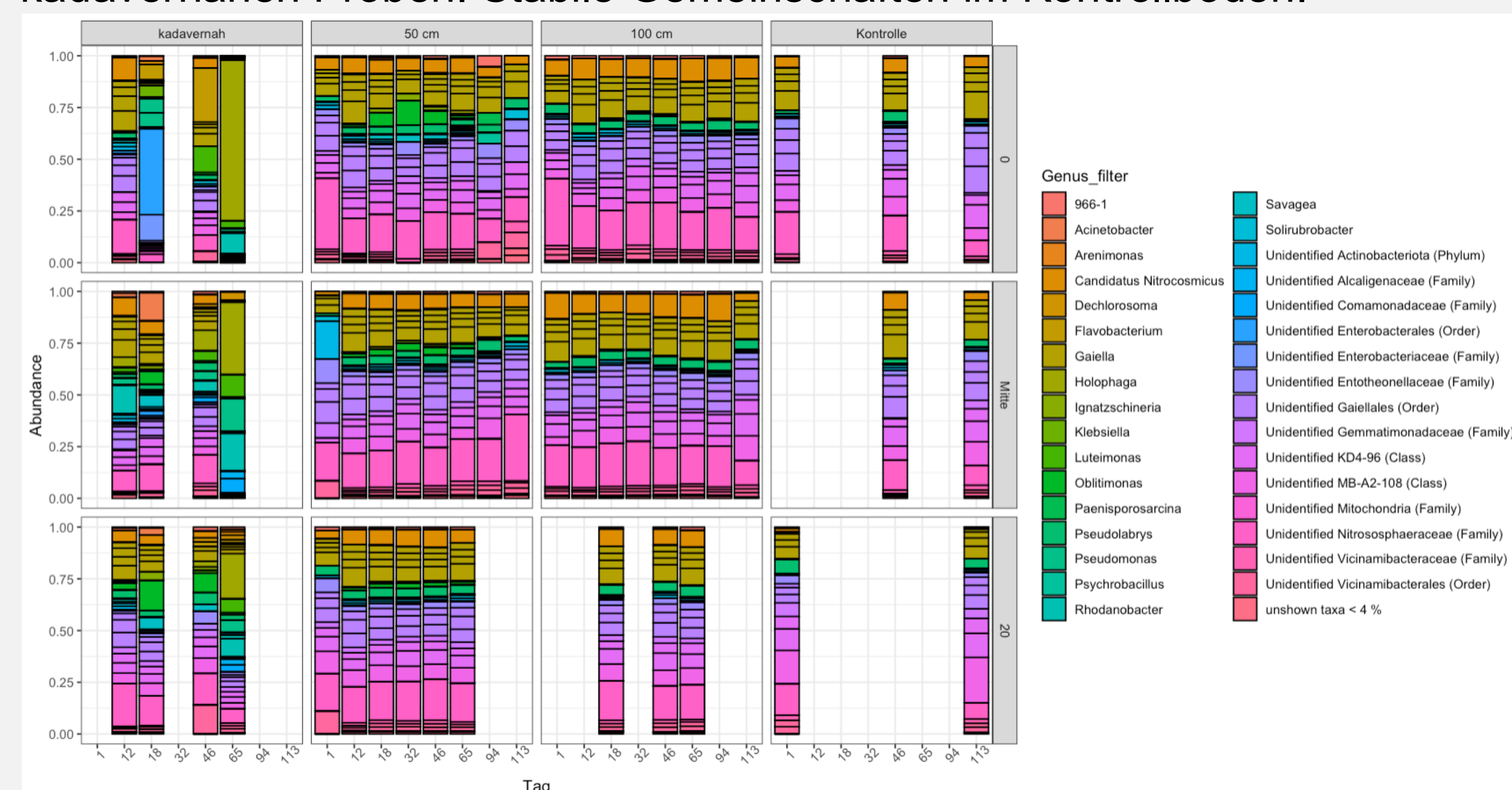


Was?	Warum?	Wozu?	Aktuelle Studienlage?	Perspektiven?
<ul style="list-style-type: none"> • Untersuchungen vom bakteriellen Metagenom in Bodenproben über den Verwesungszeitraum eines Schweinekadavers, sowohl in lateralen Kadaverabständen als auch im Tiefenprofil über verschiedene Bodenhorizonte 	<ul style="list-style-type: none"> • Spezifische Suche nach Indikatororganismen zu bestimmten post mortem Intervallen • Abundanzveränderungen über die Zeit • Prüfung für den forensischen Kontext, ob ein Kadaverproxy vergleichbar mit der menschlichen Verwesung ist 	<ul style="list-style-type: none"> • Feststellung der Kadaverliegezeit anhand von Indikatorbakterien • Ökologisches Verständnis der Kadaververwesung in Schweizer Klimabedingungen • Feststellung des Kadaverliegeortes wenn keine Überreste mehr vorhanden sind 	<ul style="list-style-type: none"> • Grundsätzlich wenige Studien • Sehr wenige Studien in der Schweiz • Schwieriger Vergleich zwischen Tierkadaver- und Humanstudien 	<ul style="list-style-type: none"> • Interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen mehreren Fachbereichen • Ausdehnung der Analysen auf Pilze, Amöben, Arthropoden, Nematoden • Untersuchungen von verschiedenen Bodenarten in der Schweiz • Grosse Studien mit vielen Replikaten

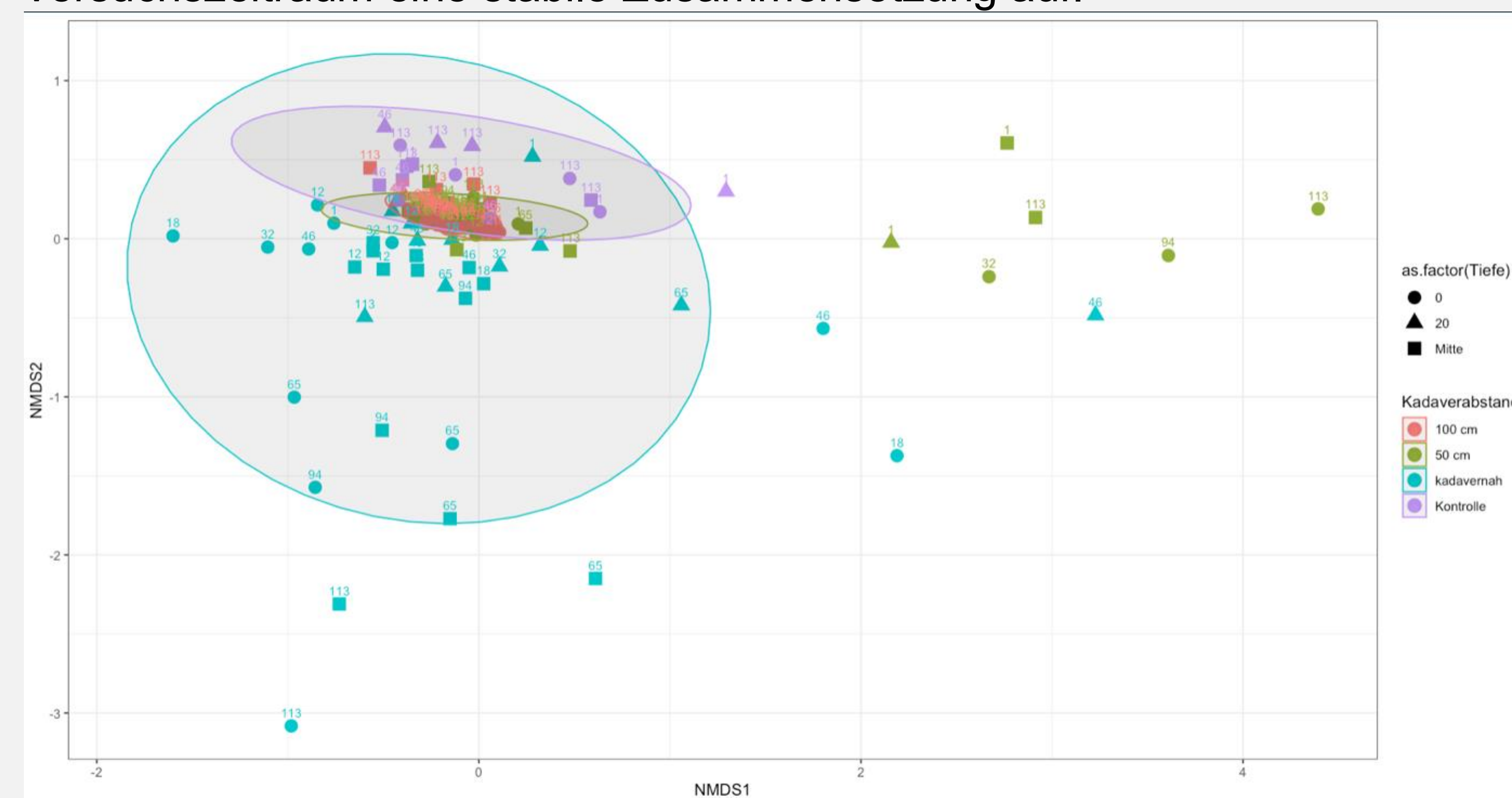
Probennahme: kadavernah, 50 cm Kadaverabstand, 100 cm Kadaverabstand, 500 cm Kontrollboden. Tiefe bis 20 cm.



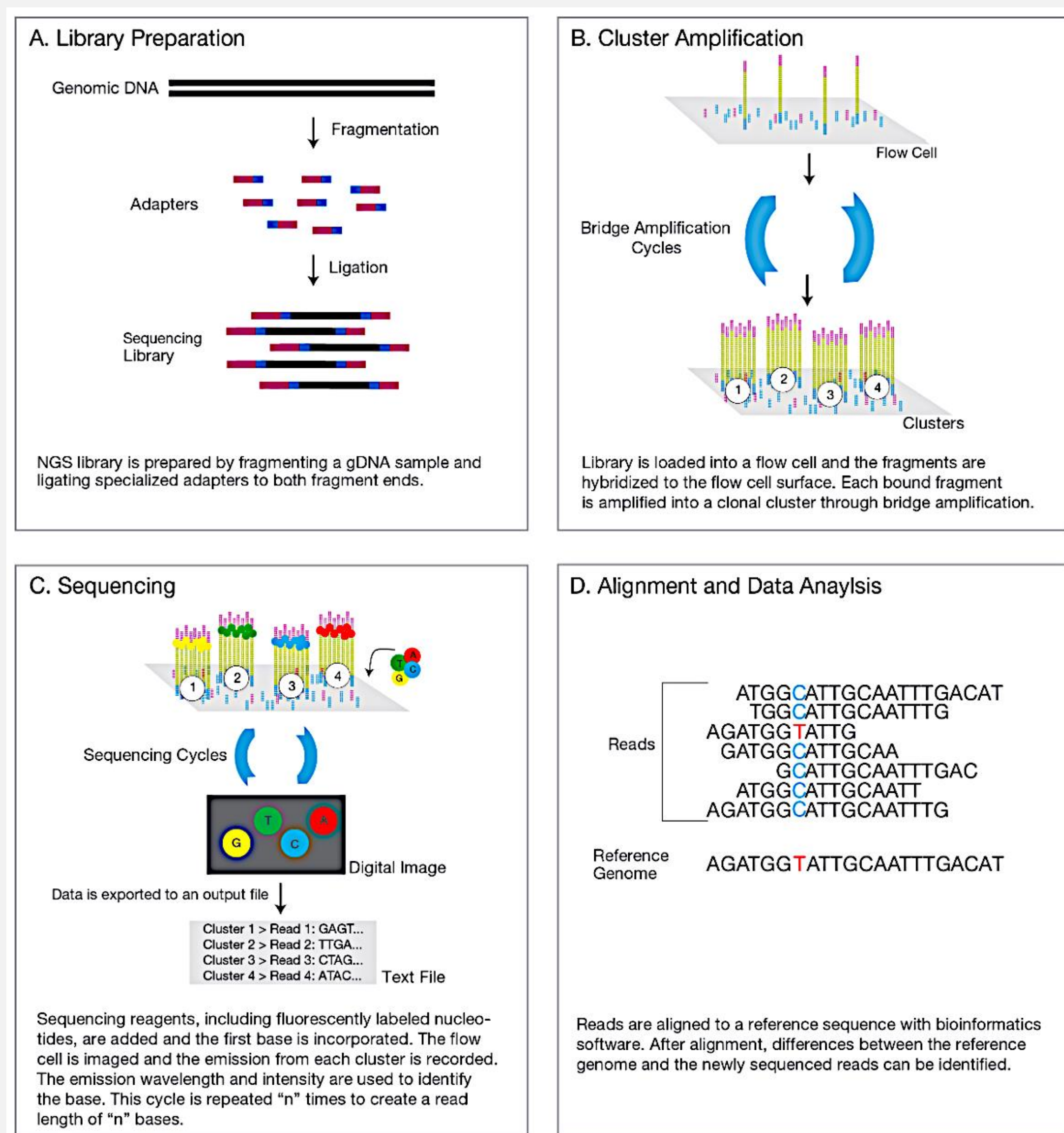
Ergebnisse: Abundanzveränderungen über alle Bodentiefen, zeitliche Sukzession und Dominanzveränderungen einzelner Gattungen in kadavernahen Proben. Stabile Gemeinschaften im Kontrollboden.



Klare Trennung zwischen den kadavernahen Proben und den Proben der Kontrollgruppe im Bezug auf die mikrobiologische Diversität. Die kadavernahen Proben wiesen eine grosse Streuung auf. Die Kontrollproben bildeten eine eng gepackte Gruppe und wiesen über den gesamten Versuchszeitraum eine stabile Zusammensetzung auf.



Methode: NGS-basierte Metabarcoding-Techniken



NGS diente zur Generierung umfangreicher Sequenzierungsdaten, Metabarcoding ermöglichte durch die genaue Sequenzierung von Zielregionen der DNA (Barcoding-Regionen) die spezifische Identifizierung der vorhandenen Mikroorganismen anhand der V4-Region des 16S-rRNA-Gens.

Fazit:

- Das Bodenmikrobiom veränderte sich aufgrund des hohen Nährstoffeintrags durch den Kadaver besonders im obersten Bodenhorizont signifikant während der Verwesungsdauer.
- Der interessanteste nachgewiesene Keim war *Ignatzschineria*. Dieser korrelierte direkt mit der Fliegenaktivität in frühen Verwesungsstadien.
- In der Schweiz keine Möglichkeit, solche Versuche an menschlichen Kadavern durchzuführen, es muss auf tierische Analoga zurückgegriffen werden. Wir konnten zeigen, dass in diesem Setting für diese Fragestellung ein Vergleich zwischen den Daten möglich ist.