

FACHBEREICH BIOCHEMIE, CHEMIE UND PHARMAZIE  
DER GOETHE UNIVERSITÄT IN FRANKFURT AM MAIN,  
DEUTSCHLAND



Charakterisierung des Mikrobioms und des Viroms  
unterschiedlicher *Camelidae*-Arten mit Next Generation  
Sequencing-Methoden unter Berücksichtigung  
verschiedener Umweltfaktoren

**Masterarbeit**

zur Erlangung des akademischen Grades eines Master of Science im Studiengang  
Biochemie (M. Sc.)

vorgelegt von Nicole Ackermann

(7 251 591)

aus Aschaffenburg

Frankfurt a.M., Dezember 2023

Erstgutachter: Prof. Dr. Paul Dierkes

Zweitgutachter: Prof. Dr. Klaas Martinus Pos

## Inhalt

Abbildungsverzeichnis .....	iii
Tabellenverzeichnis .....	v
Zusammenfassung .....	1
Abstract .....	3
Einleitung .....	5
Übersicht <i>Camelidae</i> -Arten .....	5
Guanakos .....	5
Lamas .....	6
Vikunjas .....	6
Alpakas .....	7
Trampeltiere .....	8
Dromedare .....	8
Verdauungstrakt der <i>Camelidae</i> .....	9
Übersicht des Mikrobioms .....	9
Aktueller Stand der Forschung .....	10
Ziel der Arbeit .....	11
Methoden und Material .....	12
Geräte- und Chemikalienliste .....	12
Probensammlung .....	12
Extraktion der DNS .....	13
Kot- und Bodenproben .....	13
Futterproben .....	13
Vorbereitung und Durchführung Sequenzierung .....	13
Rapid Barcoding Kit SQK-RBK004 .....	14
Rapid PCR Barcoding SQK-RPB004 .....	14
Sequenzierung .....	14
Taxonomische Klassifizierung .....	15
Alpha-Diversität .....	17
Beta-Diversität .....	18
Ergebnisse .....	19
Alpha-Diversität .....	19
Zusammensetzung des Mikrobioms .....	19
Vergleich der Vielfalt und Zusammensetzung des Mikrobioms .....	54
Beta-Diversität .....	60
Bakterien .....	61

Pilze.....	61
Viren .....	62
Diskussion .....	64
Danksagung .....	69
Literatur .....	70
Anhang .....	73
Ausführungen der Methoden.....	73
Metadaten der Proben .....	73
Angepasstes Protokoll für das Barcoding Kit SQK-RBK004 .....	76
Angepasstes Protokoll für das Barcoding Kit SQK-RPB004 .....	77
Protokoll zur taxonomischen Klassifizierung .....	79
Protokoll zum Erstellen der Barplots .....	83
Protokoll zum Erstellen der NMDS-Plots.....	93
Zusätzliche Ergebnisse .....	96
Krona-Plot zu der Zusammensetzung des Viroms.....	96
Daten zu den Häufigkeiten der Mikrobiome .....	184

## Abbildungsverzeichnis

<b>Abbildung 1  Übersicht der Camelidae (Dromedar, Lama, Guanako, Alpaka, Vikunjas und Trampeltier) mit ihrem natürlichen Lebensraum.</b> .....	5
<b>Abbildung 2  Verdauungstrakt der Alpakas als Vertreter der Camelidae.</b> .....	9
<b>Abbildung 3  Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiome der Dromedare.</b> .....	20
<b>Abbildung 4  Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiome der Lamas.</b> .....	21
<b>Abbildung 5  Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiome der Vikunjas.</b> .....	22
<b>Abbildung 6  Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiome der Guanakos.</b> .....	23
<b>Abbildung 7  Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiome der Alpakas.</b> .....	24
<b>Abbildung 8  Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiome der Trampeltiere.</b> .....	25
<b>Abbildung 9  Vergleich der Mikrobiome der Augsburger Alpakas mit einer Bodenprobe und einer Futterprobe.</b> .....	27
<b>Abbildung 10  Vergleich der Mikrobiome der Landauer Dromedare mit mehreren Futterproben sowie einer Bodenprobe.</b> .....	28
<b>Abbildung 11  Vergleich von Kot-, Futter- und Bodenproben der Neunkirchener Alpakas.</b> .....	29
<b>Abbildung 12  Vergleich von Futterproben und der mittleren Kotprobe Neunkirchener Lamas.</b> .....	30
<b>Abbildung 13  Vergleich der Futterproben, Bodenprobe und der mittleren Kotprobe der Trampeltiere aus Neunkirchen.</b> .....	31
<b>Abbildung 14  Vergleich der Futter- und der Kotproben der Vikunjas aus Neuwied.</b> ....	32
<b>Abbildung 15  Vergleich der Futter- und der Kotproben der Alpakas aus Schwerin.</b> ....	33
<b>Abbildung 16  Vergleich der Futter- und der Kotproben der Vikunjas aus Schwerin.</b> ....	34
<b>Abbildung 17  Zusammensetzung des Mycobioms der Alpakas.</b> .....	35
<b>Abbildung 18  Zusammensetzung des Mycobioms der Dromedare.</b> .....	36
<b>Abbildung 19  Zusammensetzung des Mycobioms der Guanakos.</b> .....	37
<b>Abbildung 20  Zusammensetzung des Mycobioms der Lamas.</b> .....	38
<b>Abbildung 21  Zusammensetzung des Mycobioms der Trampeltiere.</b> .....	39
<b>Abbildung 22  Zusammensetzung des Mycobioms der Vikunjas.</b> .....	40
<b>Abbildung 23  Vergleich der Futter- und Kotproben der Vikunjas aus Schwerin.</b> .....	42
<b>Abbildung 24  Vergleich der Futter- und Kotproben der Alpakas aus Schwerin.</b> .....	43
<b>Abbildung 25  Vergleich der Futter- und Kotproben der Vikunjas aus Neuwied.</b> .....	44
<b>Abbildung 26  Vergleich der Bodenprobe, Futter- und Kotproben der Trampeltiere aus Neunkirchen.</b> .....	45
<b>Abbildung 27  Vergleich der Futter- und Kotproben der Lamas aus Neunkirchen.</b> .....	46

<b>Abbildung 28  Vergleich der Bodenprobe, Futter- und Kotproben der Alpakas aus Neunkirchen.....</b>	<b>47</b>
<b>Abbildung 29  Vergleich der Bodenprobe, Futter- und Kotproben der Dromedare aus Landau.....</b>	<b>48</b>
<b>Abbildung 30  Vergleich der Boden-, Futterprobe und Kotproben der Alpakas aus Augsburg.....</b>	<b>49</b>
<b>Abbildung 31  Vergleich der Kamelartigen in Bezug auf die Richness (links), den Shannon-Index (Mitte) und die ENS (rechts) der Bakterien in den Kotproben.....</b>	<b>55</b>
<b>Abbildung 32  Vergleich der Anzahl der Pilzfamilien in Bezug auf die Richness (links), den Shannon-Index (Mitte) und die ENS (rechts) in den Kotproben. ....</b>	<b>57</b>
<b>Abbildung 33  Vergleich der Anzahl der Virenspezies in Bezug auf die Richness (links), den Shannon-Index (Mitte) und die ENS (rechts) in den Kotproben. ....</b>	<b>60</b>
<b>Abbildung 34  Unterschiedsanalyse der Bakterienfamilien in einem NMDS-Plot.....</b>	<b>61</b>
<b>Abbildung 35  Unterschiedsanalyse der Pilzfamilien in einem NMDS-Plot.....</b>	<b>62</b>
<b>Abbildung 36  Unterschiedsanalyse der Virenspezies in einem NMDS-Plot.....</b>	<b>63</b>

## Tabellenverzeichnis

<b>Tabelle 1  Auflistung der verwendeten Geräte bis zur Sequenzierung.....</b>	<b>12</b>
<b>Tabelle 2  Auflistung der verwendeten Kits und Chemikalien zum Verarbeiten der Proben und Vorbereitung der Sequenzierung.....</b>	<b>12</b>
<b>Tabelle 3  Abkürzungen der Zoos.....</b>	<b>16</b>
<b>Tabelle 4  Abkürzungen der Kamelartigen.....</b>	<b>16</b>
<b>Tabelle 5  Abkürzungen der Futterproben.....</b>	<b>16</b>
<b>Tabelle 6  Metadaten der verschiedenen Proben.....</b>	<b>73</b>
<b>Tabelle 7  Anzahl der Bakterienfamilien sowie die errechneten Indizes.....</b>	<b>184</b>
<b>Tabelle 8  Anzahl der Pilzfamilien sowie die errechneten Indizes.....</b>	<b>187</b>
<b>Tabelle 9  Anzahl der Virenspezien sowie die errechneten Indizes.....</b>	<b>191</b>

## Zusammenfassung

Kamele gehören zu den Säugetieren und werden in Lamini (Südamerika) und Camelini (Nordafrika/Asien) unterteilt. Lamini umfassen Guanakos, Lamas, Vikunjas und Alpakas. Guanakos, in Argentinien beheimatet, sind robuste Tiere in verschiedenen Habitaten, die in freier Wildbahn anzutreffen sind. Lamas, domestiziert für Lasten und Nahrung, teilen Lebensräume mit Alpakas. Vikunjas, aus den Anden, haben sich an unterschiedliche Höhen und karge Umgebungen angepasst. Alpakas, domestiziert und kommen nicht in freier Wildbahn vor, stammen von Vikunjas ab und sind auf spezifische Pflanzen in den Anden angewiesen. Trampeltiere (Camelini) in Asien und Dromedare (Nordafrika, Asien und Australien) in wasserarmen Regionen zeigen Größenunterschiede und Anpassungen an ihre Umgebung, sodass sie Nahrung niedriger Qualität effektiv nutzen können. (Wilson et al., 2011) Trotz der weitauseinanderliegenden Lebensräume ist der Verdauungstrakt aller Arten ähnlich gebaut. (Duren, 2016) Die Mikrobiota im Darm von Säugetieren, bestehend aus Bakterien, Viren, Pilzen und anderen Organismen, beeinflusst den Wirt in symbiotischer Beziehung, insbesondere das Immunsystem und den Stoffwechsel. Veränderungen in Umwelt und Nährstoffen beeinflussen die Mikrobiota, was Krankheiten verursachen kann. (Bibbo et al., 2016; Pilla et al., 2021) Das Mikrobiom (Bakterien und Pilze) und das Virom (Viren) sind genetische Informationen der Mikrobiota. (Taneja, 2017) Forschungen zu *Camelidae* zeigen vorwiegend Bakterien-Mikrobiom-Studien, während Mycobiom (Pilze) und Virom weniger erforscht sind. Das Ziel dieser Arbeit ist es, mithilfe von Next Generation Sequencing das Mikrobiom (Familien), Mycobiom (Familien) und Virom (Spezies) der sechs Kamelarten zu analysieren und deren Gemeinsamkeiten, Unterschiede sowie den Einfluss des Futters auf die Mikrobiota zu untersuchen.

Mithilfe einer Long-Read Sequencing Technology (MinION) wurden die aus den Kot-, Futter- und Bodenproben extrahierten DNS-Abschnitte sequenziert und anschließend mithilfe von bioinformatischen Methoden verarbeitet. Dadurch war eine Abgleichung mit den Datenbanken Kraken2 und Kaiju möglich. Aus diesen Daten wurden Ähnlichkeitsanalysen anhand von der Zusammensetzung, der Richness, des Shannon-Index, der ENS sowie der in NMDS-Plots dargestellten Distanzmatrix erstellt.

Die Zusammensetzung der Bakterien zeigt eine ständige Abundanz der Familien *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* in erhöhter Häufigkeit und die der Familien *Sporichaeaceae*, *Rikenellaceae*, *Lactobacillaceae*, *Prevotellaceae*, *Peptostreptococcaeae*, *Porphyromonadaceae*, *Erysipelotrichaceae* sowie *Bacillaceae* in geringerer Anwesenheit. Besonders der Shannon-Index und die ENS (effective number of species) zeigen ähnliche Werte in Hinsicht auf die Bakterienvielfalt zwischen den

Arten, wobei die Richness stärker abweicht. Auch zeigt die Distanzmatrix keine Clusterbildung innerhalb der Arten. Im Mycobiom gibt es ebenfalls große Übereinstimmungen in den Familien *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Mortierellaceae*, *Malasseziaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*, die in den meisten Proben auftreten. In der Richness, dem Shannon-Index und der ENS liegen starke Schwankungen vor, jedoch zeigt die Analyse der Distanzmatrix, dass die Proben eine hohe Ähnlichkeit zwischen den Arten aufweisen. Obwohl bei den Viren die Spezies herangezogen wurden, konnten viele Übereinstimmungen festgehalten werden. Die Viren *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211* und *Geobacillus virus E3* werden in allen Arten gefunden. Auch zeigen die Richness, der Shannon-Index und die ENS eine gewisse Vergleichbarkeit der Proben, die durch die NMDS-Plots ohne Clusterbildung mit einer gleichmäßigen Verteilung bestätigt wird. Für alle Proben wurde eine Abhängigkeit von der Ernährung festgestellt, jedoch sind die Wechselwirkungen zwischen den Kot- und Bodenproben nur bei Pilzen eindeutig nachweisbar sind.

Die Kamele sind sich nicht nur anatomisch im Verdauungstrakt ähnlich, sondern auch in Bezug auf die darin lebenden Mikroorganismen und Viren. Die Ernährung spielt für das Mikrobiom, Mycobiom und Virom eine besondere Rolle, wobei es irrelevant ist, in welchem Zoo die Probe gesammelt wurde.

## Abstract

Camels belong to mammals and are divided into Lamini (South America) and Camelini (North Africa/Asia). Lamini includes Guanacos, Lamas, Vicuñas, and Alpacas. Guanacos, native to Argentina, are robust animals found in various habitats in the wild. Lamas, domesticated for carrying loads and as a food source, share habitats with Alpacas. Vicuñas, from the Andes, have adapted to different altitudes and harsh environments. Alpacas, domesticated and not found in the wild, are derived from Vicuñas and depend on specific plants in the Andes. Bactrian camels (Camelini) in Asia and dromedaries (North Africa, Asia, and Australia) in arid regions show size differences and adaptations to effectively utilize low-quality food. (Wilson et al., 2011) Despite their widely varying habitats, the digestive tracts of all species are similarly structured. (Duren, 2016) The microbiota in the mammalian gut, consisting of bacteria, viruses, fungi, and other organisms, influences the host in a symbiotic relationship, particularly the immune system and metabolism. Changes in the environment and nutrients can affect the microbiota, leading to diseases. (Bibbo et al., 2016; Pilla et al., 2021) The microbiome (bacteria and fungi) and the virome (viruses) constitute genetic information of the microbiota. (Taneja, 2017) Research on *Camelidae* predominantly focuses on bacterial microbiome studies, while mycobiome (fungi) and virome are less explored. This study aims to analyze the microbiome (families), mycobiome (families), and virome (species) of the six camel species using Next Generation Sequencing and investigate their similarities, differences, and the influence of diet on the microbiota.

Using Long-Read Sequencing Technology (MinION), DNA sections extracted from fecal, feed, and soil samples were sequenced and processed using bioinformatic methods, allowing comparison with Kraken2 and kaiju databases. Similarity analyses based on composition, richness, Shannon index, effective number of species (ENS), and distance matrices represented in NMDS plots were conducted.

The bacterial composition consistently shows abundance of families *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae*, and *Bacteroidaceae* at higher frequencies, and families *Spirochaetaceae*, *Rikenellaceae*, *Lactobacillaceae*, *Prevotellaceae*, *Peptostreptococcaceae*, *Porphyromonadaceae*, *Erysipelotrichaceae*, and *Bacillaceae* at lower frequencies. The Shannon index and ENS exhibit similar values for bacterial diversity among species, while richness varies more. The distance matrix does not show clustering within species. The mycobiome also demonstrates significant overlaps in families *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Mortierellaceae*, *Malasseziaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae*, and *Aspergillaceae* across most samples. Although richness, Shannon index, and ENS exhibit fluctuations, the distance matrix

analysis indicates high similarity between species. While viral species were considered, numerous similarities were identified, including *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211*, and *Geobacillus virus E3* found in all species. Richness, Shannon index, and ENS also show some comparability, confirmed by NMDS plots without clustering and even distribution. All samples exhibit a dependence on diet, with clear interactions between fecal and soil samples observed only for fungi.

Camels not only share anatomical similarities in the digestive tract but also harbor similar microorganisms and viruses. Nutrition plays a crucial role in the microbiome, mycobiome, and virome, regardless of the zoo where the sample was collected.

# Einleitung

## Übersicht *Camelidae*-Arten

Die Kamele zählen zu den Säugetieren (*Mammalia*) und werden in zwei unterschiedliche Stämme aufgeteilt, Lamini, die in Südamerika angesiedelt sind, und Camelini, deren Ausbreitungsgebiet sich in Nordafrika und Asien erstreckt. Zu dem Stamm der Lamini zählen die Lamas, Alpakas, Vikunjas und Guanakos, während die Trampeltiere und Dromedaren den Camelini zugeordnet werden. (Wilson et al., 2011)

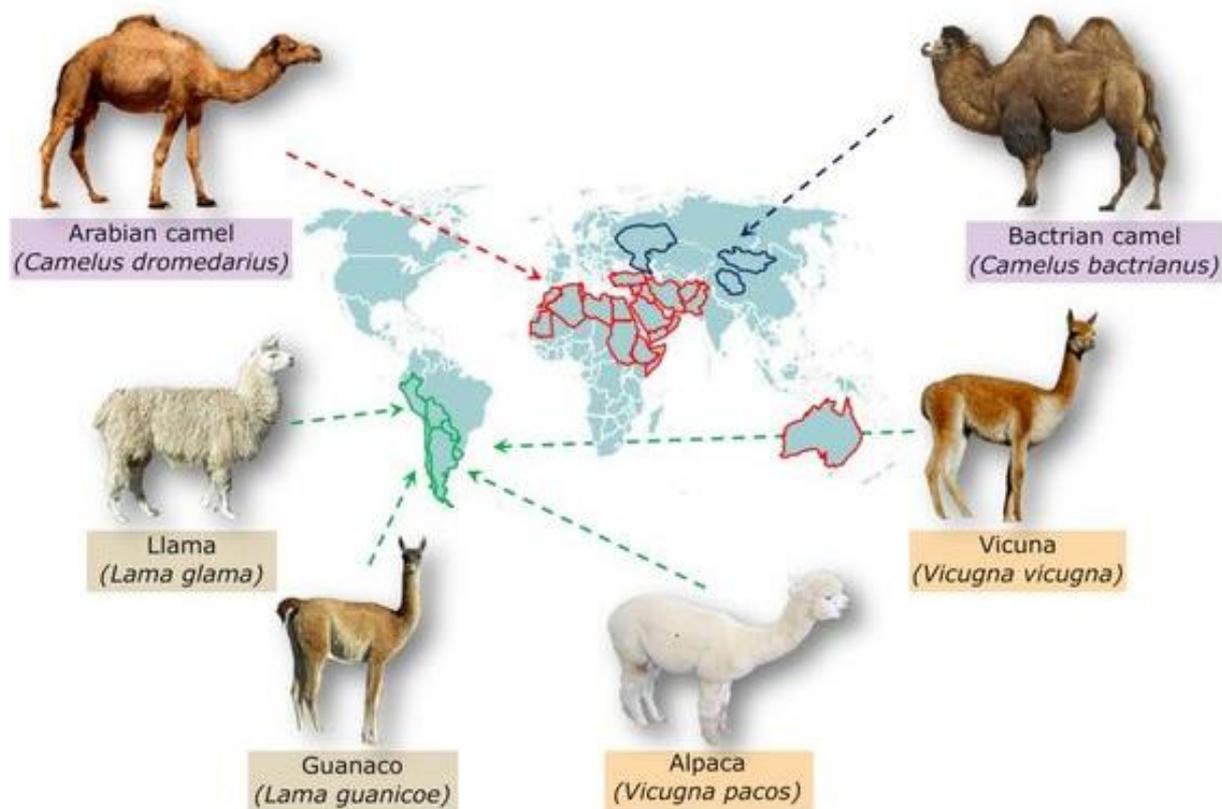


Abbildung 1| Übersicht der *Camelidae* (Dromedar, Lama, Guanako, Alpaka, Vikunjas und Trampeltier) mit ihrem natürlichen Lebensraum. (<https://en.m.wikipedia.org/wiki/Camelidae>)

## Guanakos

Guanakos (*Lama guanicoe*) sind eine *Camelidae*-Art, die hauptsächlich in Argentinien auftritt. Die ältesten Fossilienfunde weisen darauf hin, dass sie bereits vor 2 Millionen Jahren existierten. Sie stammen ursprünglich von *Hemiauchenia*, die von Nord- nach Südamerika immigrierten, ab und haben sich im Laufe der Jahrtausende in zwei Subspezies unterteilt. Die Unterschiede zwischen den Subspezies werden in ihrer Größe deutlich, die zwischen 190 –

215 cm liegt, wobei die Schulterhöhe nur 90 – 130 cm beträgt, wodurch die Art zu einer der größten der Landsäugetiere in Südamerika gehört. Sie besitzen einen langen Hals sowie ein dichtes Fell, das in verschiedenen Farben von gelblich bis tiefbraun vorkommt, und die Tiere vor den herrschenden Wetterbedingungen auf bis zu 4500 m Höhe schützt. Dabei müssen sie unter anderem Kälte mit Schnee und hohen Windgeschwindigkeiten trotzen. In den Jahrtausenden haben es die Guanakos geschafft, viele verschiedene Habitats zu erobern, zu denen neben den Bergen auch Savannen und Wälder zählen. Aus diesem Grund ist die Art nicht auf eine Futterquelle beschränkt, sondern hat sich im Laufe der Zeit an eine Vielzahl an Pflanzen angepasst. Sind die Winter streng und die Nahrungssuche gestaltet sich aufgrund der Kälte schwer, ernähren sich die Guanakos hauptsächlich von Sträuchern und Baumschichten. Ist die Futtervielfalt größer, zählen auch Pilze, Kakteen und Früchte zu ihren Nahrungsquellen. (Wilson et al., 2011)

## Lamas

Während die Guanakos auch in freier Wildbahn leben, wurden Lamas (*Lama glama*) durch gezielte Züchtung der *L. guanicoe* vor 4000 – 4500 Jahren in den Süd-zentralen Anden oder 4500 – 5500 Jahren in den Zentralanden domestiziert, um als Lastentier und Nahrungsquelle zu dienen. Aus diesem Grund ähneln sie ihren Vorfahren stark. Lamas leben in Höhen bis zu 5000 m in den Zentralanden, die zu der Zeit des Inka-Imperiums ihre Hochzeit besaßen. Inzwischen sind Lamas auf der ganzen Welt verbreitet, wobei ihre Funktion sich im Laufe der Zeit zu einem Begleit- oder Hütetier für Schafe gewandelt hat. Auch werden sie für ihre Wolle gehalten. Lamas sind die größte Art des Stamms Lamini mit einer Gesamtgröße von 180 – 229 cm, wobei die Schulterhöhe nur 102 – 106 cm beträgt. Wie die Guanakos besitzen die Lamas einen langen Hals und einen kleinen Kopf, außerdem besitzen Wildtyp-Lamas die gleichen Farben wie Guanakos. Da Lamas domestiziert wurden, haben sie den Lebensraum der Anden zunächst nicht verlassen. Besonders in den großen Höhenlagen ist die Futtersuche schwierig, weshalb sie sich diesen widrigen Lebensumständen angepasst haben. Obwohl sie eine ähnliche Ernährung wie Alpakas aufweisen, ist es möglich die Arten gemeinsam zu halten. Dabei dient vor allem nasse und trockene Wiese als Quelle, die durch einen hohen Verdauungskoeffizienten umgesetzt werden kann. (Wilson et al., 2011)

## Vikunjas

*Vicugna vicugna* spaltete sich vor 2 – 3 Millionen Jahren von den Guanakos, gehört aber ebenfalls zum Stamm der Lamini. Die Trennung erfolgte aus *Hemiauchenia*, nachdem die Vikunjas sich östlich der Anden im niedrigen gelegenen Gelände ansiedelten. Von dort erfolgte

die Verbreitung nach Bolivien, Paraguay, Patagonia und Tierra del Fuego. Aufgrund der steigenden Temperatur während des Holozäns verlegten die Vikunjas ihren Lebensraum in größere Höhen, wo sie bis heute zu finden sind. Die nördliche Subspezies ist mit der Art der Alpakas nah verwandt, was unter anderem an der Größe erkennbar ist. Die südliche Subspezies („Argentinische Vikunjas“) sind bis zu 15 % größer, was eine Gesamthöhe von 190 cm bedeutet, dagegen sind die kleinsten Exemplare der Vikunjas nur 125 cm groß. Die Schulterhöhe beträgt 85 – 90 cm, was wieder auf den langen Hals hinweist. Obwohl die Vikunjas sich stark ausgebreitet hatten, beschränkt sich die Population heute auf die Provinzen Puna und Altoandina, dem Hochland der Anden, wo sie auf 3200 – 4800 m leben. Die Puna ist sehr trocken und besteht ausschließlich aus Wiesen, da sie über der Baumgrenze, aber unter der Schneegrenze gelegen ist. Dadurch ist die Region nur spärlich bewachsen und liefert nur wenig Nahrung. Deshalb war die Ernährung der Vikunjas stark durch das Klima, die Verfügbarkeit, die Populationsdichte sowie den sozialen Rang des Individuums geprägt. Aus diesem Grund sind die Ergebnisse abhängig von den genommenen Stichproben. Die Futtervielfalt umfasst verschiedene Arten von Gräsern und Schichten von Bäumen, wobei diese vor allem in Argentinien gefressen werden. Diese Anpassungsfähigkeit führt zu einer möglichen Koexistenz von gezüchteten und wilden Arten in einer Region. (Wilson et al., 2011)

## Alpakas

Alpakas (*Vicugna pacos*) sind eine domestizierte Kamelart, die dem Genus *Lama* zugeordnet wird, jedoch zeigen DNS-Untersuchungen, dass sie von der Vikunja-Subspezies *V. vicugna mensalis* abstammen. Dabei sind allerdings deutliche Unterschiede im genetischen Material feststellbar, sodass die Alpakas als weitere Art geführt werden. Archäologische Funde legen nahe, dass die Domestizierung 5500 – 6500 Jahren in den Zentralanden zurückliegt. Trotz ihrer weiten Verbreitung in Peru bis Bolivien, USA und weitere Kontinente gibt es keine wilden Populationen der Alpakas. Da sie von den Vikunjas aus den nördlichen Verbreitungsgebieten abstammen, kann damit ihre geringe Größe von 114 – 150 cm erklärt werden, da die Vikunjas in dieser Region kleiner als ihre südlichen Verwandten sind. Sie besitzen einen langen Hals und eine lange Wolle, weshalb sie vor allem geschoren die Ähnlichkeit zu den Vikunjas zeigen. Wie ihre wilden Verwandten werden die Alpakas im Hochland der Anden aufgezogen, weshalb die dicke Wolle in den frostigen Wintern einen guten Kälteschutz liefert. Aufgrund der Höhe wachsen in diesen Gebieten größtenteils Gräser und Stauden, wohingegen Bäume und Büsche kaum vorhanden sind. Aufgrund dieser raren Bewachsung besteht die Nahrung der Alpakas aus diesen sehr speziellen Pflanzen, wie beispielsweise *Hipochaeris stenocephala* oder *Werneria novigena*. Sobald die Regensaison anbricht, fressen Alpakas Pflanzenblätter, Stiele und Blüten mit einem hohen Proteingehalt. (Wilson et al., 2011)

## Trampeltiere

Während die Arten des Stamms Lamini aus Südamerika stammen, ist das Trampeltier (*Camelus bactrianus*) in Asien heimisch. Es kommen sowohl wilde als auch domestizierte Arten (vor 4000 – 6000 Jahren) der Trampeltiere vor, jedoch war lange Zeit nicht bekannt, ob sie einer Linie entstammen. Eine genetische Untersuchung ergab, dass es viele Unterschiede zwischen den Erbmaterialien gibt, weshalb die domestizierten nicht direkt von den wilden Trampeltieren abstammen. Die Camelini werden deutlich größer als die Lamini, so liegt die Größe der Trampeltiere zwischen 320 und 350 cm mit einer Schulterhöhe von 160 – 180 cm. Im Gegensatz zu den Dromedaren besitzen die Trampeltiere zwei Höcker, in dem Fett gelagert wird, und einen stämmigeren Körperbau. Dies wird benötigt, da Trampeltiere hauptsächlich in Regionen angesiedelt sind, die kaum Vegetation vorweisen. Dazu zählen die flacheren Landschaften, wie die Wüste Gobi, aber auch Hügel, die kaum bewachsen sind. Dabei vermeiden die Tiere jedoch den lockeren Sand und bevorzugen stattdessen den festeren Untergrund, der auf den Hügeln und der Wüste Gobi zu finden sind. Aufgrund der vegetationsarmen Ausbreitungsregionen sind die Trampeltiere gut an die Nahrungsverhältnisse angepasst. Ihnen ist es möglich, aus Futter niedriger Qualität dennoch die benötigten Nährstoffe zu entziehen. Je nach Jahreszeit fressen die Trampeltiere entweder Stauden (Winter) oder Sträucher (Frühling), wobei die Stauden bevorzugt werden, sie jedoch im Frühling und Sommer weniger vorhanden sind. Aus der Nahrung ziehen sie zudem ihre Wasserversorgung, weshalb sie, mit Ausnahme des Winters, kaum Flüssigkeit zu sich nehmen. (Wilson et al., 2011)

## Dromedare

Wie die Trampeltiere werden Dromedare (*Camelus dromedarius*) in wasserarmen Regionen wie dem Nahen Osten oder Nordafrika gehalten, wobei die vorkommenden Tiere domestiziert sind, wohingegen in Australien wilde Dromedare leben. Auch Dromedare werden als Lastentiere verwendet, um Wagen zu ziehen oder die Pakete direkt auf dem Rücken zu tragen, aber auch um auf ihnen zu reiten. Bereits vor 4000 – 5000 Jahren wurden die Tiere domestiziert, um Arbeiten zu übernehmen. Alle in Afrika vorkommenden Kamele sind Dromedare, während in Asien Trampeltiere und Dromedare nebeneinander existieren. Dabei weisen sie deutlichere Größenunterschiede mit 220 – 340 cm als Trampeltiere auf, haben jedoch eine ähnliche Schulterhöhe von 180 – 200 cm. Ebenfalls lagern sie Fett in ihrem einzelnen Höcker, das angesammelt wird, sofern es möglich ist. Dafür ernähren sich die Dromedare in den wenig bewachsenen Lebensräumen vielfältig, da sie sowohl Gräser und Sträucher als auch Stauden und Teile von Bäumen fressen. Ihnen ist es möglich, Nahrung

niedriger Qualität zu verarbeiten, aber vor allem ist ihnen die Fähigkeit zum Unterscheiden der Qualität der Pflanzen nützlich. (Wilson et al., 2011)

## Verdauungstrakt der Camelidae

Die Verdauung der Kamele wird in vielen Fällen mit der von Wiederkäuern wie Schafen oder Rindern verglichen. Dabei ist jedoch zu beachten, dass der Magen eines „echten“ Wiederkäuers aus vier verschiedenen Kompartimenten besteht, während der der Kamele nur in drei verschiedene Untergliederungen geteilt ist, wobei die Herkunft der Art in Bezug auf den Verdauungstrakt unwichtig ist. (Fowler, 2009) Das 1. Kompartiment des Magens umfasst 83 % des Magenvolumens und wird

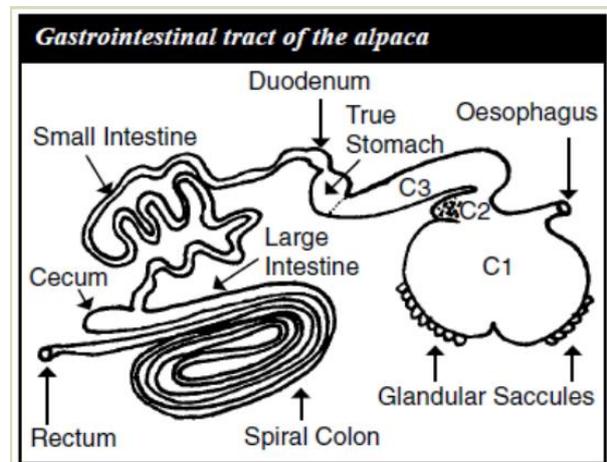


Abbildung 2| Verdauungstrakt der Alpakas als Vertreter der Camelidae. (Duren, 2016)

mit dem Rumen der Wiederkäuer verglichen, in welchem die Fermentation der Nahrung mithilfe von Mikroorganismen stattfindet. (Johnson, 1983, Vallenas et al., 1971) Das zweite Kompartiment nimmt ein deutlich geringeres Volumen (6 %) ein und mithilfe von absorbierenden Zellen und Schleimdrüsen, die netzartig gelegen sind, wird die fermentierte Nahrung vom ersten in das dritte Kompartiment weitergeleitet. (Esteban et al., 1988) Das dritte und letzte Kompartiment des Magens wird in Fünftel geteilt, wobei das Letzte als der „wahre Magen“ (Abbildung 2) bezeichnet wird, da sich dort die echten Magen- und Pylorusdrüsen befinden. (Esteban et al., 1988) Während im Magen die Nahrung verarbeitet wird, findet die Wasseraufnahme wiederum im Darm statt, sodass die Flüssigkeit, die die Kamele zu sich nehmen, direkt den Magen passiert. (Idalan et al., 2019)

## Übersicht des Mikrobioms

Die Mikrobiota ist eine komplexe Zusammensetzung von Mikroorganismen im Darm von Säugetieren, die sich gemeinsam mit dem Wirt entwickelt. Sie umfasst Bakterien, Viren, insbesondere Phagen, Pilze und eukaryotische Organismen. (Bibbo et al., 2016) Die Bakterien bilden den größten Teil und haben die entscheidende Funktion, die Verdauung aufrechtzuerhalten. (Pilla et al., 2021) Der Wirt und die Mikroorganismen leben in einer symbiotischen Beziehung, da die Mikrobiota verschiedene Funktionen im Wirt beeinflusst, wie

zum Beispiel das Immunsystem, das den Organismus gegen Krankheitserreger verteidigt, Stoffwechselreaktionen und physiologische Funktionen. (Pilla et al., 2021) Veränderungen in der Umgebung sowie intrinsische Faktoren wie der pH-Wert beeinflussen die Mikrobiota, beispielsweise als Reaktion auf Stress oder eine Ernährungsumstellung. (Karmacharya et al., 2019) Untersuchungen haben gezeigt, dass insbesondere Veränderungen in den Nährstoffen die Zusammensetzung der Mikrobiota beeinflussen, um sich an die neuen Umstände anzupassen. (Pilla et al., 2021) Veränderungen in der Darmmikrobiota sind verantwortlich für verschiedene Krankheiten wie Entzündungen oder Stimmungsstörungen. (Mondo et al., 2019) Während die Mikroorganismen und Viren als Mikrobiota bekannt sind, wird die genetische Information dieser als Mikrobiom (Bakterien und Pilze) bzw. Virom (Viren) bezeichnet. Da sich die Mikrobiota im Organismus verändert, tut dies auch das Mikrobiom. (Taneja, 2017) Der Teil des Mikrobioms, der von den Pilzen belegt wird, wird das Mycobiom genannt. In den vergangenen Jahren wurde das Mycobiom häufiger Teil der Forschung in Bezug auf pathologische Bedingungen, jedoch wird nun auch häufiger das gesunde Biom und dessen Entwicklung beobachtet. (Zhang et al., 2022) Das Mikrobiom ist 150-mal größer als die meisten Genome von Tieren, was auf die  $10^{13}$  –  $10^{14}$  Zellen im Darm zurückzuführen ist. (Mondo et al., 2019) Um die Mikrobiota zu analysieren, ist der einfachste Zugang das Mikrobiom.

## Aktueller Stand der Forschung

Im Regelfall werden die Bakterien der Mikrobiota aufgrund ihrer großen Mehrheit untersucht, was bereits für mehrere *Camelidae* durchgeführt wurde. (Bedenice et al., 2022; Rabee et al., 2023) Dabei werden häufig bestimmte Umstände in die Untersuchung eingebracht, welche beispielsweise eine Krankheit oder das Alter der Tiere sein können. (Bedenice et al., 2022, He et al., 2019) Zudem werden die Mikrobiome von Wiederkäuern (wie Schafe) mit dem der *Camelidae* aufgrund der ähnlichen Anatomie verglichen. (Chao et al., 2021) Wiederum ist das Mycobiom deutlich weniger erforscht, wenn die Aufmerksamkeit auf die *Camelidae* gerichtet wird. Eine aktuelle Untersuchung hat das Mycobiom auf die globale Ebene befördert, in dem mehrere Herbivore verglichen wurden. Dabei wurden die Kamele als die „Pseudoruminanten“ gewählt. Dabei zeigte sich eine große Ähnlichkeit der *Camelidae* bezüglich des Mycobioms. (Meili et al., 2023) Dem Virom der *Camelidae* wurde bisher kaum Aufmerksamkeit gewidmet, wobei in einer Untersuchung mehrerer Tierarten auch das Virom von Lamas aufgezeigt wurde. (Steel et al., 2016)

## Ziel der Arbeit

Das Ziel dieser Arbeit ist es, mithilfe von Next Generation Sequencing-Methoden das Mikrobiom (Bakterien und Pilze) sowie das Virom der sechs Kamelarten aus verschiedenen Zoos auf ihre Gemeinsamkeiten und Unterschiede zu testen, sowie den Einfluss des Futters auf die Mikrobiota nachzuweisen. Dazu werden die Zusammensetzungen und Ähnlichkeiten innerhalb einer Art mithilfe der Alpha-Diversität und zwischen den Arten (Beta-Diversität) betrachtet. Zudem soll die Wechselwirkung dem Boden getestet werden. Abschließend soll ein Überblick über Zusammenhänge zwischen dem Mikrobiom der Bakterien und der Pilze gegeben werden.

# Methoden und Material

## Geräte- und Chemikalienliste

**Tabelle 1| Auflistung der verwendeten Geräte bis zur Sequenzierung.**

<b>Gerät</b>	<b>Bezeichnung</b>
Thermocycler PCR	analytikjena - Biometra Tone 96G
Schüttelplattform	VWR – rocking Plattform
Fluorometer	invitrogen – Qubit 4 Fluorometer
Feinwaage	Electronic Balance Type ABS 80-4
Heizblock	Benchmark – my Block (BSH200)
Zentrifuge	Benchmark – High Speed Microcentrifuge
Minizentrifuge	My FUGE mini CENTRIFUGE
Vortex-Schüttler	Benchmark – Vortex mixer
Sequenzier-Gerät	Oxford Nanopore Technologies - MinION
Sequenzierchip	Oxford Nanopore Technologies – FLO-FLG001

**Tabelle 2| Auflistung der verwendeten Kits und Chemikalien zum Verarbeiten der Proben und Vorbereitung der Sequenzierung.**

<b>Chemikalie/ Kit</b>	<b>Bezeichnung</b>
Standard 1 und 2 (Qubit Kalibrierung)	Qubit™ 1X dsDNA BR Standard
Puffer-Lösung DNS Messung	1X dsDNA BR Working Solution
DNS-Lösungsmittel	Trizma® hydrochloride solution 1 M
Futterkit	DNeasy® Plant Mini Kit (50)
Kot- und Bodenkit	QIAamp® PowerFecal® Pro DNA Kit (50)
Barcoding ohne PCR	Rapid Barcoding Kit SQK-RBK004
Barcoding mit PCR	Rapid PCR Barcoding Kit SQK-RPB004
Flongle Loading	Flongle Sequencing Expansion EXP-FSE001

## Probensammlung

Die Proben für diese Arbeit wurden von den Mitarbeitenden der Zoos (Augsburg, Tierpark Berlin, Zoo Berlin, Heidelberg, Krefeld, München, Neunkirchen, Neuwied,

Nürnberg, Opel Zoo, Osnabrück, Schwerin und Zürich) gesammelt und für wissenschaftliche Zwecke zur Verfügung gestellt. Dabei sollte die Anzahl der Kotproben und die der Individuen im Zoo übereinstimmen. Zusätzlich zu den Kotproben wurde darum gebeten, Futter- und Bodenproben beizulegen. Nach der Sammlung wurden die Proben bei -26 °C gelagert, bis sie zur weiteren Analyse vorbereitet werden konnten.

## Extraktion der DNS

Bei der Extraktion der DNS wird zwischen zwei verschiedenen Kits unterschieden, da die Futterproben mit einem gesonderten Kit bearbeitet wurden.

### Kot- und Bodenproben

Zur Vorbereitung dieser Proben zur Sequenzierung wurde das QIAamp PowerFecal Pro DNA Kit angewandt. Dafür wurde zunächst die gewünschte Masse abgewogen (Tabelle 6). Anschließend wurde die Probe von Verunreinigungen mit den bereitgestellten Lösungen gereinigt. Im letzten Schritt wurde die DNS der Kotproben mit 75 µl und die der Bodenproben mit 50 µl der Lösung C6 von der Filtermembran gewaschen und bis zur Sequenzierung bei -26 °C gelagert. (Qiagen, Hilden, Germany)

### Futterproben

Die DNS-Extraktion der Futterproben, die alle Pflanzen-basiert waren, wurde das DNeasy Plant Mini Kit herangezogen. Dafür wurden die Proben abgewogen (Tabelle 6) und in einem Mörser zerkleinert. Anschließend wurde entsprechend dem Protokoll zunächst die RNS gespalten und mit anderen Verunreinigungen entfernt. Mithilfe des Puffers AE wurde die DNS in zwei Schritten von der Membran entfernt und in Lösung gehalten. (Qiagen, Hilden, Germany) Die Proben wurde bei -26 °C bis zur weiteren Verarbeitung gelagert.

## Vorbereitung und Durchführung Sequenzierung

Um zu bestimmen, ob eine Probe für eine direkte Sequenzierung geeignet ist, wurde zunächst Fluoreszenz der Probe, die durch Interaktion mit den Molekülen des Puffers hervorgerufen wurde, mithilfe des Qubit 4 Fluorometers bestimmt. Dafür wurde zuerst die Kalibrierungskurve mithilfe der Lösungen Qubit 1x dsDNA BR Standard 1 und Standard 2 aufgenommen und

anschließend die optische Dichte jeder Probe bestimmt. Bei einer Konzentration von mindestens 50 ng/µl konnte eine Sequenzierung mit dem Rapid Barcoding Kit durchgeführt werden. Bei einem geringeren Wert der Dichte musste eine PCR angewandt werden.

### Rapid Barcoding Kit SQK-RBK004

Zur Vorbereitung wurden die Chemikalien und die DNS wie im Protokoll vorgegeben aufgetaut bzw. auf Eis gelagert. Bei einer bestimmten DNS-Dichte entsprechend wurde das benötigte Volumen für 400 ng DNS der einzelnen Proben entnommen und mit Nuklease-freiem Wasser auf 7,5 µl Gesamtvolumen angepasst. Anschließend wurden die Barcodes an den jeweiligen Proben angebracht, mit magnetischen Perlen gebunden, mit Ethanol (70 %) gewaschen und in Tris-HCl (10 mM) in Lösung gebracht. Der letzte Schritt vor der Analyse ist die Anheftung des Adapters für die Poren der Flongle Zelle. (Angepasstes Protokoll für das Barcoding Kit SQK-RBK004)

### Rapid PCR Barcoding SQK-RPB004

Bei zu geringer DNS-Dichte wurde eine PCR (polymerase chain reaction) durchgeführt. Dafür wurden die Chemikalien und die DNS wie im Protokoll beschrieben vorbereitet. Für jede PCR wurden 3 µl DNS-Lösung entnommen und mit 1 µl Fragmentierungsmix in kleinere Teile auseinandergenommen. Anschließend wurde der Master Mix und die Barcodes für die PCR hinzugegeben. Es wurden 60 oder 70 Zyklen bei der PCR angewandt (Tabelle 6). Die DNS wurde danach an magnetische Perlen gebunden, mit Ethanol (70 %) gewaschen und in Tris-HCl (10 mM) in Lösung gebracht. Dann wurde die DNS quantifiziert und es wurde die geringste Dichte als Grundwert herangezogen, um die DNS-Masse für 7,5 µl zu bestimmen. Von der Probe mit der geringsten DNS-Dichte wurden 7,5 µl entnommen und für die restlichen 7 Proben wurde das benötigte Volumen für die berechnete DNS-Masse entnommen. Dadurch lagen die einheitliche DNS-Massen in der gesammelten Probe für die Flongle-Zelle vor. Von dieser gesammelten Probe wurden 10 µl entnommen und mit dem Adapter für die Poren auf der Flongle-Zelle versetzt. (Angepasstes Protokoll für das Barcoding Kit SQK-RPB004)

### Sequenzierung

Um die Sequenzierung durchzuführen, wurde zunächst die Flongle-Zelle auf Raumtemperatur gebracht. Die Flongle-Zelle entsprach immer dem Typ Flo-FLG001, da dies nicht abhängig von dem verwendeten Barcoding-Kit war. Anschließend wurden die Chemikalien aufgetaut und in

den benötigten Volumen mit der vorbereiteten Probe gemischt. Zur Verwendung der Flongle-Zelle in einem MinION-Gerät wurde der Flongle-Adapter eingesetzt. Mit dem bestandenen Porencheck (mindestens 50 Poren wurden benötigt) konnte die Probe aufgetragen und die Sequenzierung gestartet werden. Um in der Statistik der DNS-Fragmente aufgenommen zu werden, mussten die sogenannten Reads mindestens 20 Basen lang sein und einen q-Score von 5 erfüllen. Dies ist relevant, da die erkannten Ströme (fast5-Format) direkt im Basecalling in die korrespondierenden Basen (fastq-Format) umgewandelt werden.

## Taxonomische Klassifizierung

Zur Klassifizierung der DNS-Daten wurden sowohl die Kraken2- als auch die kaiju-Datenbank herangezogen. Dafür mussten zunächst die Adapter, die zur Porenerkennung auf der Flongle-Zelle dienen entfernt werden. Anschließend wurden die Daten gefiltert, wobei alle Sequenzen, die kürzer als 450 bp waren und eine höhere Fehlerquote als 25 % aufwiesen, entfernt. Danach erfolgte die Umwandlung der fastq-Dateien in fasta-Dateien. Die umgewandelten Daten wurden in die Datenbanken gegeben, um Übereinstimmungen mit bekannten Bakterien-, Pilz- und Viren-DNS herauszufinden. Da jede Datenbank ein separates Ergebnis liefert, müssen diese im Anschluss zusammengeführt werden, wobei das Hauptargument die Ergebnisse der kaiju-Datenbank lag, sofern die Zuordnung in den Datenbanken voneinander abwich. So wurden die Ergebnisse der Kraken2-Datenbank ergänzend verwendet. So ließen sich besonders für die Viren und Pilze aussagekräftigere Ergebnisse erzielen. Die namentliche Zuordnung erfolgte anhand von einer von kaiju erstellten Namensdatenbank. (Protokoll zur taxonomischen Klassifizierung) Als letzter Schritt wurden die Barcodes von der Sequenzierung durch die gegebenen Identifikationen ersetzt, welche sich bei den Kotproben aus sechs Buchstaben, drei Buchstaben für den Zoo und drei für die Art, und einer aufsteigenden Zahl zusammensetzt, bei den Futter- und Bodenproben besteht sie aus neun Buchstaben, da als Zusatz entweder zur Erkennung der Futterproben (Tabelle 5) oder der Bodenproben (BOD) drei weitere Buchstaben angehängt werden. Besteht ein Code nur aus sechs Buchstaben, ist damit der Mittelwert dieser Art aus diesem Zoo gemeint. Eine Ausnahme bildet der Zoo Schwerin, da dort die Abkürzung „SCHAV...“ verwendet wird. Dies wird verwendet, da die Futterproben für die Alpakas und die Vikunjas identisch waren.

**Tabelle 3| Abkürzungen der Zoos.**

<b>Zoo</b>	<b>Abkürzung</b>
Augsburg	AUG
Tierpark Berlin	BER
Zoo Berlin	BEZ
Heidelberg	HEI
Kopenhagen	KOP
Krefeld	KRE
München	MUE
Neunkirchen	NEK
Neuwied	NEU
Nürnberg	NUR
Opel Zoo	OPZ
Osnabrück	OSN
Schwerin	SCH
Zürich	ZUE

**Tabelle 4| Abkürzungen der Kamelartigen.**

<b>Art</b>	<b>Abkürzung</b>
Alpaka	ALP
Dromedar	DRO
Guanako	GUA
Lama	LAM
Trampeltier	TRA
Vikunja	VIK

**Tabelle 5| Abkürzungen der Futterproben.**

<b>Futter</b>	<b>Abkürzungen</b>
Heu	HEU
Stroh	STR
Pellet	PEL
Grünfutter	GRU
Gemüse	GEM
Müsli (Mischung aus Kernen, Mais und Saaten)	MUS

## Alpha-Diversität

Zunächst müssen die Daten auf ihre Vielfalt untersucht werden. Um die Ergebnisse der Datenbanken am anschaulichsten darstellen zu können, werden zunächst die Familien der Bakterien und der Pilze als Barplot im Programm R aufgezeigt. Um die Daten vergleichbar zu gestalten, werden die Familien individuelle Farben zugeordnet. Zudem werden die Daten auf 100 % skaliert. Aus den einzelnen Proben jedes Zoos und einer Art wird ein Mittelwert errechnet, wobei alle Familien einbezogen werden, die mindestens 10 Reads aufweist. Diese werden anschließend verglichen. Danach erfolgt eine Aufstellung der Futter- und Bodenproben (sofern vorhanden) einer Art aus einem Zoo mit dem Mittelwert der Kotdaten.

Da die Auswertung der Virenfamilien keine eindeutige Aussage zuließ, wurde entschieden, dass die Spezies betrachtet werden. Da die Übersicht der Viren-Spezies in einem Barplot nicht gegeben war, wurde für jede Probe ein Krona-Plot erstellt. Dabei ist eine graphische Darstellung mehrerer Daten, wie Futter- und Bodenproben, nicht möglich, weshalb diese ausschließlich schriftlich erfolgt.

Neben der Zusammensetzung des Mikrobioms ist vor allem eine Aussage über die Diversität in Anzahl und relativer Häufigkeit entscheidend. Zur effektiven Darstellung werden dafür die Messeinheit der Richness, des Shannon-Index und der ENS (effective number of species) herangezogen. Die Richness zeigt auf, wie viele verschiedene Familien oder Spezies in einer Probe vorhanden sind. Der Shannon-Index wird mit folgender Formel bestimmt: (Shannon and Wiener, 1949)

$$\text{Shannon - Index} = - \sum_{i=1} p_i \cdot \ln p_i \quad \text{mit } p_i = \frac{n_i}{N} \quad (1)$$

$p_i$  = Anteil der Spezies  $i$  zu Gesamtanzahl  $N$

$N$  = Gesamtanzahl Reads

$n_i$  = Anzahl der Reads der Spezies  $i$

Mit diesem Index lässt sich eine Aussage über die Vielfalt einer Probe treffen, indem die Gesamtanzahl der Spezies sowie die relative Häufigkeit in die Berechnung miteinbezogen werden. Um dadurch die effektive Anzahl der Spezies zu errechnen, wird die folgende Formel verwendet:

([http://www.loujost.com/Statistics%20and%20Physics/Diversity%20and%20Similarity/EffectiveNumberOfSpecies.htm#:~:text=The%20number%20of%20equally-common%20species%20required%20to%20give%20a,4.5\)%20%3D%2090%20effective%20species.](http://www.loujost.com/Statistics%20and%20Physics/Diversity%20and%20Similarity/EffectiveNumberOfSpecies.htm#:~:text=The%20number%20of%20equally-common%20species%20required%20to%20give%20a,4.5)%20%3D%2090%20effective%20species.))

$$ENS = e^{\text{shannon-Index}} \quad (2)$$

Mithilfe dieser Berechnung werden der Vergleich und die Interpretation der Ergebnisse erleichtert.

Diese drei Kennzahlen werden mithilfe eines Boxplots im Programm R dargestellt, um den Medianwert sowie die dazugehörigen Abweichungen herauszufinden. Dadurch können Ausreißer bewertet und eingeordnet werden. Zudem wird die Abhängigkeit der Richness, des Shannon-Index und der ENS von den Reads aufgezeigt, indem diese als Punktediagramme mit einer Trendlinie im Programm Excel dargestellt werden.

## Beta-Diversität

Nachdem die Zusammensetzung der individuellen Proben veranschaulicht wurde, werden diese im nächsten Schritt miteinander verglichen. Eine bewerte Methode ist eine Distanzmatrix, die in einem NMDS-Plot, non-metric multidimensional scaling, dargestellt wird. Um die Distanzmatrix zu erstellen, wurde die Berechnung nach Bray-Curtis für Unähnlichkeit verwendet: (<https://www.statology.org/bray-curtis-dissimilarity/>)

$$BC_{ij} = 1 - \frac{2 \cdot C_{ij}}{S_i + S_j} \quad (2)$$

$C_{ij}$ : Die Summe der geringeren Werte für die Arten, die in den Stellen  $i$  und  $j$  gefunden wurden.

$S_j$ : Die Gesamtanzahl der gezählten Exemplare an der Stelle  $i$

$S_i$ : Die Gesamtanzahl der gezählten Exemplare an der Stelle  $j$

So wird jedem Probenpaar aufgrund ihrer Unterschiede eine Distanz zugeordnet, die im 2-dimensionalen Plot nach iterativen Berechnungen der optimalen Anordnung dargestellt wird.

## Ergebnisse

Bei der Auswertung der Daten wurde neben Bakterien, Pilzen sowie Viren auch zwischen der Alpha-Diversität und der Beta-Diversität unterschieden. Die Bakterien, Pilze und Viren werden zunächst unabhängig voneinander betrachtet.

### Alpha-Diversität

Die Alpha-Diversität ist ein Maß für die Vielfalt an verschiedenen Mikroorganismen einer Probe. Zur Bestimmung wird zuerst die Zusammensetzung betrachtet, danach werden mit dem Shannon-Index, der Richness sowie der effektiven Artenanzahl (effective number of species, ENS) drei Parameter herangezogen, mit deren Hilfe die Ausgewogenheit der Probe beurteilt werden soll.

### Zusammensetzung des Mikrobioms

Um die Vielfalt des Mikrobioms besser darstellen zu können, wurden die Proben in Barplots dargestellt, um die Verteilung der Bakterienfamilien herauslesen zu können. Alle Proben wurden auf 100 % skaliert, nachdem ein Cut-Off-Wert der Read-Anzahl von zehn bei den Bakterien und drei bei den Pilzen angewandt wurde. Diese Werte wurden herangezogen, um falsch zugeordnete Reads minimalen Einfluss auf die Ergebnisse zu gewähren.

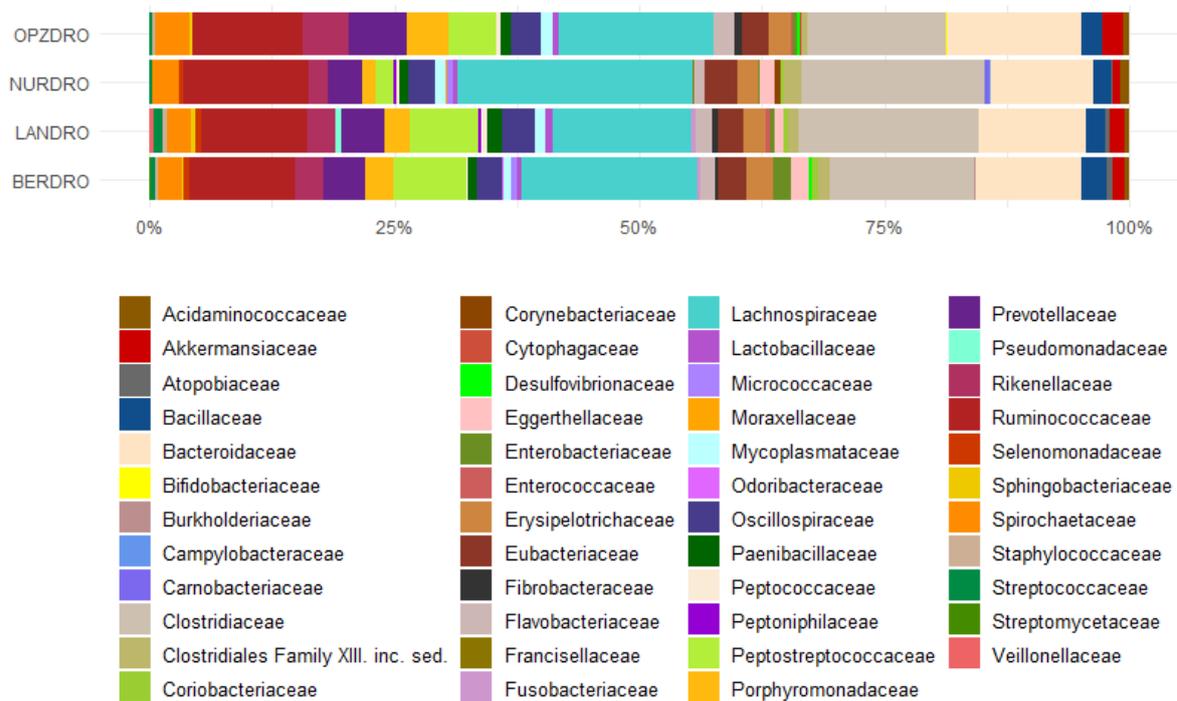
### *Bakterien*

Als erstes wird das größte Biom angeschaut, das der Bakterien. In dieser Untersuchung zeigte sich, dass mehr als 60 % der gesammelten DNS-Daten auf Bakterien entfallen.

### Vergleich der Kotproben

Bei der Betrachtung aller Kamelartiger, der Dromedare (Abbildung 3), der Lamas (Abbildung 4), der Vikunjas (Abbildung 5), der Guanakos (Abbildung 6), der Alpakas (Abbildung 7) und der Trampeltiere (Abbildung 8), zeigt sich, dass die Mikrobiome der Individuen trotz unterschiedlicher Herkunft der Proben sehr ähnlich in Anwesenheit der verschiedenen Familien sowie deren relativer Häufigkeit sind. So kommen in allen Proben im Mittel

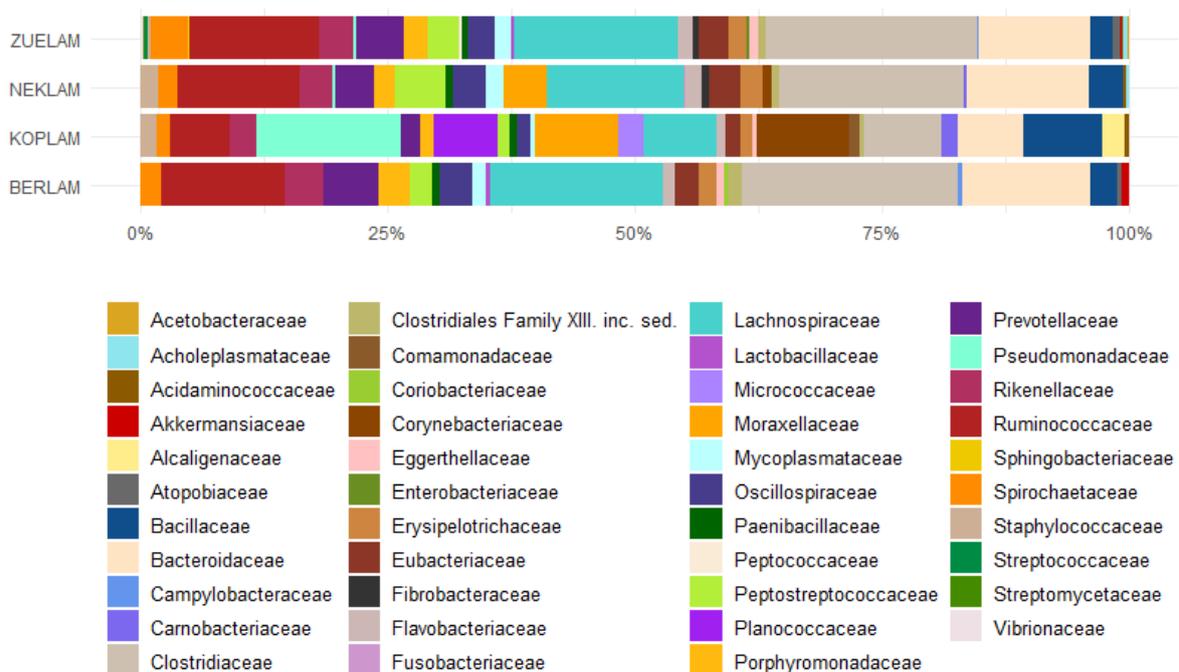
*Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* zu mindestens 10 % vor. Auch gibt es deutliche Übereinstimmungen bei den Bakterienfamilien, die zu maximal 5 % vorliegen. So kann in allen Probensätzen die Abundanz von *Spirochaetaceae*, *Rikenellaceae*, *Lactobacillaceae*, *Prevotellaceae*, *Peptostreptococcaeae*, *Porphyromonadaceae*, *Erysipelotrichaceae* sowie *Bacillaceae* nachgewiesen werden. Eine Auffälligkeit bei den Dromedaren ist die stetige Anwesenheit von *Akkermansiaceae*, die unabhängig von den Zoos in den vier verschiedenen Probesätzen vorkommt (Abbildung 3).



**Abbildung 3| Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiota der Dromedare.** In allen Proben aus den vier verschiedenen Zoos, Tierpark Berlin, Landau, Nürnberg und Opel Zoo, sind *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* in größerer Anzahl, mindestens 10 %, vorhanden. Aber auch bei den Bakterienfamilien mit weniger Read-Zahlen wurden viele Übereinstimmungen festgestellt, wie sich durch die Anwesenheit von unter anderem *Spirochaetaceae*, *Peptostreptococcaeae*, *Eubacteriaceae*, *Bacillaceae* und *Akkermansiaceae* zeigt.

Im Gegensatz zu den Dromedaren zeigt sich ebenfalls bei den Lamas nur bei drei der vier Zoos (Tierpark Berlin, Neunkirchen und Zürich) eine sehr gleichmäßige Verteilung (Abbildung 4). Die Zusammensetzung der Daten aus Kopenhagen weicht stattdessen stark ab. Während in den drei erst genannten Probensätzen die Bakterienfamilien *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* mit über 10 % vertreten sind, sind in der Kopenhagener Probensammlung keine dieser Bakterienfamilien in so großem Maße zu verzeichnen. Dagegen ist die Familie der *Pseudomonadaceae* in diesem Probensatz sehr

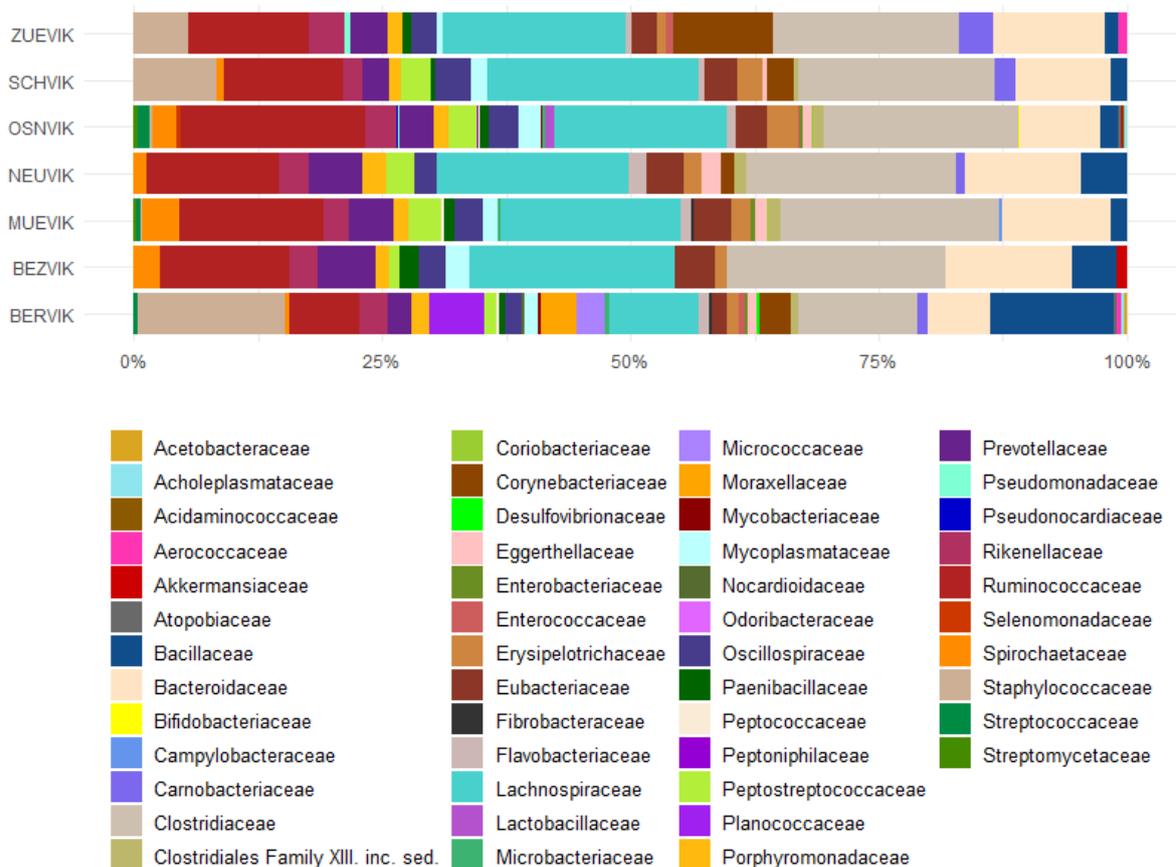
stark vertreten, wohingegen sie in den anderen Lama-Proben kaum auffällig sind. Im Gesamten ist der Probensatz der Kopenhagener Lamas deutlich diverser als vergleichbare von anderen Lamas. Er weist mehrere Bakterienfamilien ähnlicher Anzahl auf, wozu *Ruminococcaceae*, *Planococcaceae*, *Moraxellaceae*, *Lachnospiraceae*, *Corynebacteriaceae*, *Clostridiaceae*, *Bacteroidaceae* und *Bacillaceae* gehören. Obwohl die relative Häufigkeit in den Probensätzen sehr unterschiedlich ist, gibt es jedoch auch viele Übereinstimmungen in der Abundanz verschiedener Bakterienfamilien. Es kommen, bis auf die Ausnahme von *Pseudomonadaceae* und *Planococcaceae*, die restlichen Familien alle in einer signifikanten Häufigkeit in den vier verschiedenen Zoos vor.



**Abbildung 4| Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiota der Lamas.** Drei der vier Probensätze, Tierpark Berlin, Neunkirchen und Zürich, zeigen deutliche Übereinstimmungen. Die Proben aus Kopenhagen weichen dagegen vom Mittel der anderen stark ab. Während *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* in den drei ähnlichen Probensätzen sich auf mindestens 10 % belaufen, liegen die Werte des Probensatzes aus Kopenhagen bei deutlich unter diesem Wert. Auch kommen in den Kopenhagener Proben mehr Bakterienfamilien vor, die jedoch meist nur in geringerer Menge vorhanden sind. Zwei Besonderheiten sind *Pseudomonadaceae* und *Planococcaceae*, die in den anderen Probensätzen der anderen Zoos entweder nicht oder nur in verschwindend geringer Anzahl vorkommen.

Wie bei den Lamas und den Dromedaren lässt sich eine Regelmäßigkeit in den Daten der Vikunjas (Abbildung 5) aus den sieben Zoos (Tierpark Berlin, Zoo Berlin, München, Neuwied, Osnabrück, Schwerin und Zürich) feststellen. Eine Ausnahme dabei bildet der Datensatz aus dem Tierpark Berlin, der eine deutlich erhöhte Anwesenheit von *Staphylococcaceae* aufweist. Ebenfalls wurde in den Probensätzen aus Schwerin und Zürich diese Bakterienfamilie

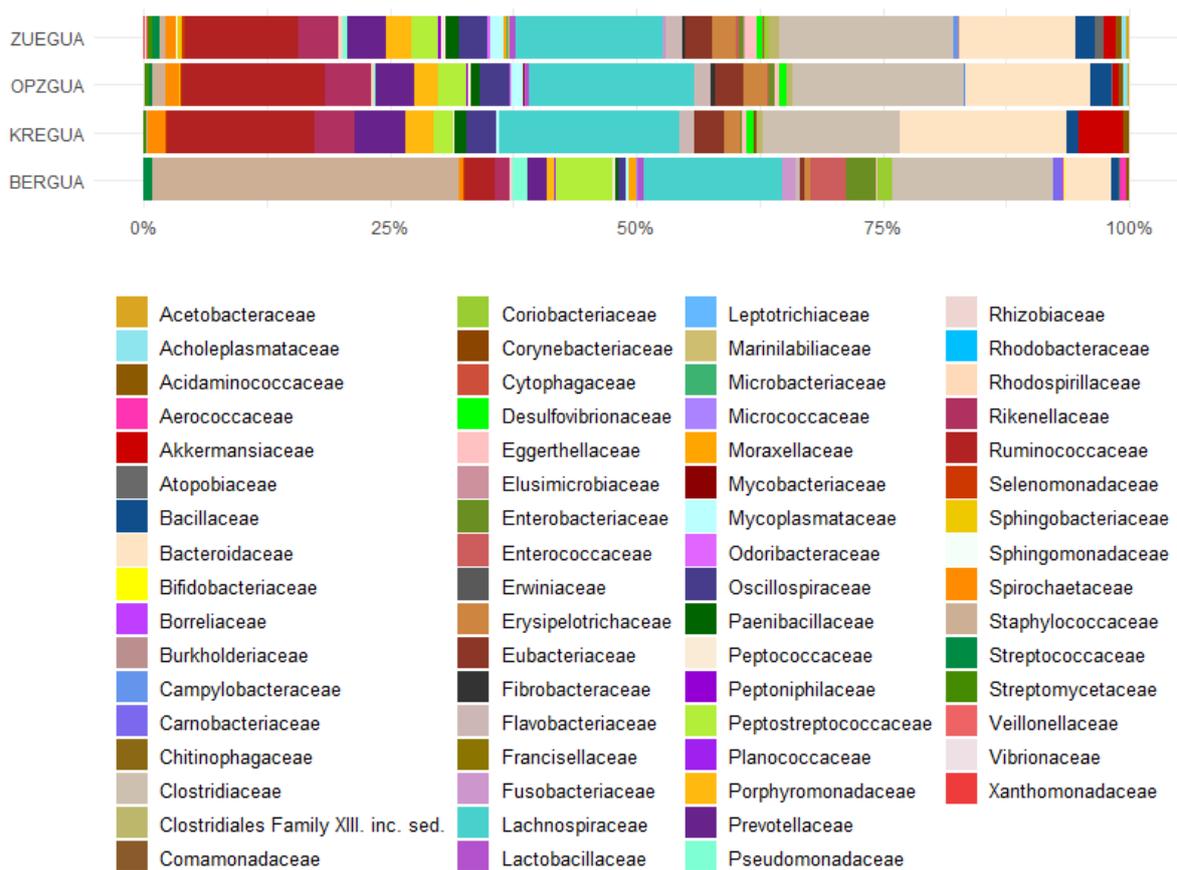
nachgewiesen. Zudem zeigt sich eine im Vergleich zu den weiteren Datensätzen der Vikunjas, aber auch zu den Dromedaren oder Lamas, ungewöhnliche hohe Anwesenheit der *Bacillaceae*, die dort bei unter 5 % liegt, im Tierpark Berlin jedoch über 10 % aufweist. Obwohl eine solch hohe Abweichung von den vier großen Bakterienfamilien vorliegt, sind die in geringeren Mengen vorliegenden Bakterienfamilien dennoch vorhanden und kaum durch diesen Einfluss geprägt. So können *Prevotellaceae*, *Rikenellaceae*, *Porphyromonadaceae* aber auch *Eubacteriaceae* nachgewiesen werden.



**Abbildung 5| Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiota der Vikunjas.** Die Vielfalt in den Probensätzen weist deutliche Übereinstimmungen zwischen den sieben Zoos, Tierpark Berlin, Zoo Berlin, München, Neuwied, Osnabrück, Schwerin und Zürich, auf. Während jedoch in allen Zoos außer dem Tierpark Berlin die Anzahl der Reads von *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* bei über 10 % liegt, ist in diesem Zoo die Abundanz deutlich geringer. Dafür liegen in erhöhter Menge, mindestens 15 %, *Staphylococcaceae* und *Bacillaceae* vor. Werden die Bakterienfamilien betrachtet, die nur in geringer Read-Anzahl vorliegen, gibt es wieder deutliche Übereinstimmungen zwischen allen Zoos, wie bei *Prevotellaceae* oder *Eubacteriaceae*.

Während die Familien der *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* auch im Tierpark Berlin bei den Guanakos in dieser Menge vorliegen, sind *Ruminococcaceae* und *Bacteroidaceae* in deutlich verringerter Menge nachweisbar (Abbildung 6). Dafür sind mit über 25 % die Familie der *Staphylococcaceae* der überwiegende Anteil des Datensatzes, in den anderen Proben

entweder nicht (Krefeld und Zürich) oder kaum (Opel Zoo) vorhanden sind. Auch lassen sich in den Proben aus dem Tierpark Berlin keine *Eubacteriaceae* oder *Spirochaetaceae* nachweisen, die in den anderen Sätzen der Kamelartigen in konstanter relativer Menge zu finden sind. Abgesehen von der Gemeinsamkeit der *Lachnospiraceae* und der *Clostridiaceae* ist der Probensatz der Guanakos aus dem Tierpark Berlin stark abweichend von den weiteren Probensätzen unabhängig davon, ob der betrachtete Probensatz ebenfalls *Staphylococcaceae* aufweist oder nicht. Dies wird vor allem durch die nachgewiesene relative Abundanz der verschiedenen Bakterienfamilien deutlich, wie sich mit den *Rikenellaceae*, die im Tierpark deutlich weniger vertreten ist, oder *Peptostreptococcaceae*, die in erhöhter Anwesenheit nachweisbar ist, verdeutlichen lässt.



**Abbildung 6 | Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiota der Guanakos.** Während bei den Probensätzen eine deutliche Übereinstimmung zwischen den mindestens 10 % *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* festzustellen ist, liegt die Anzahl der *Ruminococcaceae* sowie der *Bacteroidaceae* des Probensatzes aus dem Tierpark Berlin deutlich unter diesem Wert. In den Zoos Krefeld, Opel Zoo sowie Zürich sind die Werte dieser Bakterienfamilien bei mindestens 10 %. Die am häufigsten vorkommende Bakterienfamilie ist im Probensatz aus Berlin *Staphylococcaceae* mit über 25 %. Werden nun die Familien betrachtet, die in allen Proben zu maximal 5 % vorliegen, ergeben sich in allen Proben wieder Übereinstimmungen, wie die *Peptostreptococcaceae* und die *Prevotellaceae* zeigen.

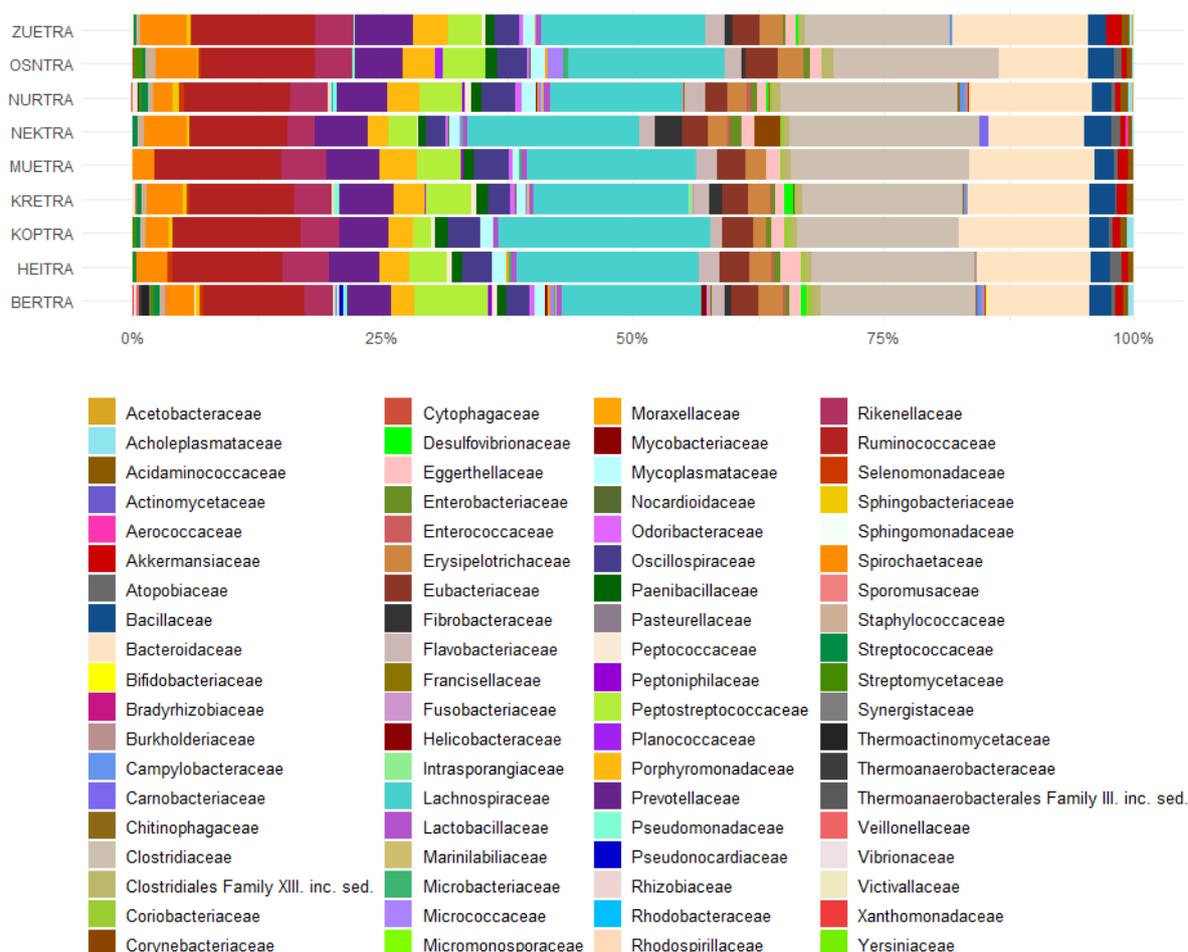
Wie bereits bei Proben anderer Kamelartiger aus dem Tierpark Berlin festgestellt, beinhalten die Proben der Alpakas (Abbildung 7) ebenfalls eine deutlich erhöhte Menge an *Staphylococcaceae* (ca. 30 %). Außerdem ist zu erkennen, dass die Anwesenheit von *Corynebacteriaceae* mit ca. 15 % erheblich über dem in anderen Datensätzen festgestellten Wert liegt. Bei Betrachtung der weiteren sieben Proben, kann eine deutliche Übereinstimmung in der Anwesenheit von *Streptococcaceae* sowie der *Paenibacillaceae* erkannt werden.



**Abbildung 7 | Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiota der Alpakas.** Die Daten der Alpakas aus sieben der acht Zoos (Augsburg, Zoo Berlin, Krefeld, Neunkirchen, Nürnberg, Schwerin und Zürich) sind durch ihre Gleichmäßigkeit in der Anwesenheit von *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* geprägt, die jeweils mit über 10 % in den Proben nachweisbar sind. Eine Ausnahme davon ist die Familie der *Bacteroidaceae* in den Proben der Augsburg Alpakas, da diese einen geringeren Umfang der Probe einnehmen. Trotz kleiner Verschiebungen der relativen Häufigkeit sind in diesen Proben die *Streptococcaceae*, *Rikenellaceae*, *Porphyromonadaceae*, *Eubacteriaceae* und *Erysipelotrichaceae* in konstanter Häufigkeit nachweisbar. Die Proben aus dem Tierpark Berlin fallen durch ihre erhöhte Abundanz der *Staphylococcaceae* (ca. 30 %) und *Corynebacteriaceae* (ca. 15 %) auf. Damit sowie der Abwesenheit wie von *Rikenellaceae* weisen die Daten kaum Zusammenhänge mit den weiteren gesammelten Alpaka-Proben auf.

Eine weitere Abweichung ist das erhöhte Vorkommen der Bacillaceae im Datensatz der Alpakas aus Augsburg (Abbildung 7), während die Bacteroidaceae in geringeren Mengen vorhanden sind. Dies hat jedoch kaum einen Einfluss auf die Anwesenheit der Familien Ruminococcaceae, Lachnospiraceae und Clostridiaceae.

Im Gegensatz zu den Alpakas weisen die Trampeltiere eine sehr gleichmäßige Verteilung auf, die sich auf die meisten Bakterienfamilien erstreckt (Abbildung 8). Es kann den Daten entnommen werden, dass bei diesen Kamelartigen die Familie der *Oscillospiraceae* in den einzelnen Proben nachweisbar ist und die relative Häufigkeit nahezu konstant. Zudem kann aus den Daten abgelesen werden, dass das Vorkommen an *Bacillaceae* in allen Proben stetig ist.



**Abbildung 8 | Vergleich der mittleren bakteriellen Mikrobiota der Trampeltiere.** Die Proben der verschiedenen Zoos (Tierpark Berlin, Heidelberg, Kopenhagen, Krefeld, München, Neunkirchen, Nürnberg, Osnabrück und Zürich) sind durch das konstante Aufkommen der Familien *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* mit jeweils mehr als 10 % sowie der stetigen Vielfalt an geringeren Vorkommen gezeichnet. Die Bakterienfamilien der *Spirochaetaceae*, *Rikenellaceae*, *Prevotellaceae*, *Porphyromonadaceae*, *Peptostreptococcaceae*, *Oscillospiraceae*, *Eubacteriaceae*, *Bacillaceae* und *Akkermansiaceae* sind in allen Datensätzen vertreten, was zu einem einheitlichen Bild der untersuchten Mikrobiome beiträgt.

## Vergleich der Kotproben mit Futter- und Bodenproben

Ein großer Einfluss auf das Mikrobiom ist die Ernährung der Tiere, zudem gibt es durch die Liegezeit des Kots eine Wechselwirkung mit dem Boden. Im Folgenden werden diese Faktoren anhand einiger Beispiele aufgezeigt.

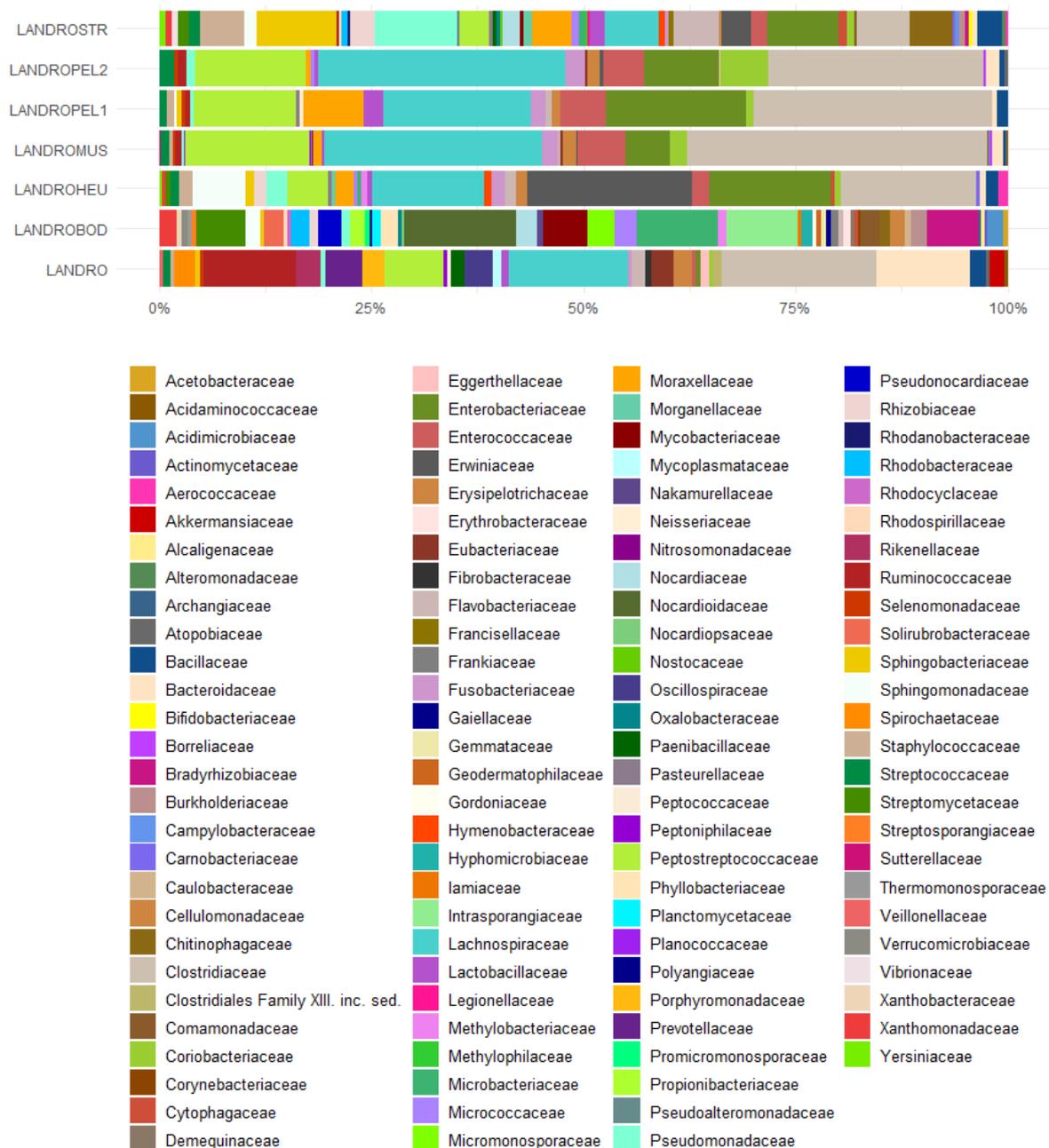
In allen Daten wurde festgestellt, dass die Bodenproben eine größere Vielfalt an Bakterien aufweisen, sobald sie in Vergleich zu den Futter- und Kotproben gesetzt werden. Zudem kann nicht festgestellt werden, dass bestimmte Bakterienfamilien dominant in allen Proben sind, was eine Regelmäßigkeit der Proben ausschließt. Die Futterproben weisen dagegen in den meisten Fällen mehrere dominante Familien auf. Dabei sind in den einzelnen Proben weniger Familien als in den Bodenproben vertreten, jedoch sind sie den Kotproben in der Anzahl nicht unterlegen. Ein weiterer Zusammenhang zwischen den Kot- und Futterproben besteht in einer erhöhten relativen Häufigkeit von *Bacillaceae* in den Kotproben, sofern sie in den Futterproben vermehrt nachgewiesen wurden (Abbildung 9, Abbildung 11). Außerdem wurde die Anwesenheit in den verschiedenen Futterproben die Familien der *Lachnospiraceae* und der *Clostridiaceae* festgestellt, was die ständige Anwesenheit in den Mikrobiomen der Kamelartigen erklärt (Abbildung 9, Abbildung 10).

Wie sich bei den Alpakas aus Augsburg (Abbildung 9) feststellen lässt, gibt es eine Übereinstimmung in der Anwesenheit von *Moraxellaceae* in der Futterprobe und den Kotproben. Zwischen der Bodenprobe und den Kotproben kann nur eine Übereinstimmung in der Abundanz von *Mycobacteriaceae* nachgewiesen werden.

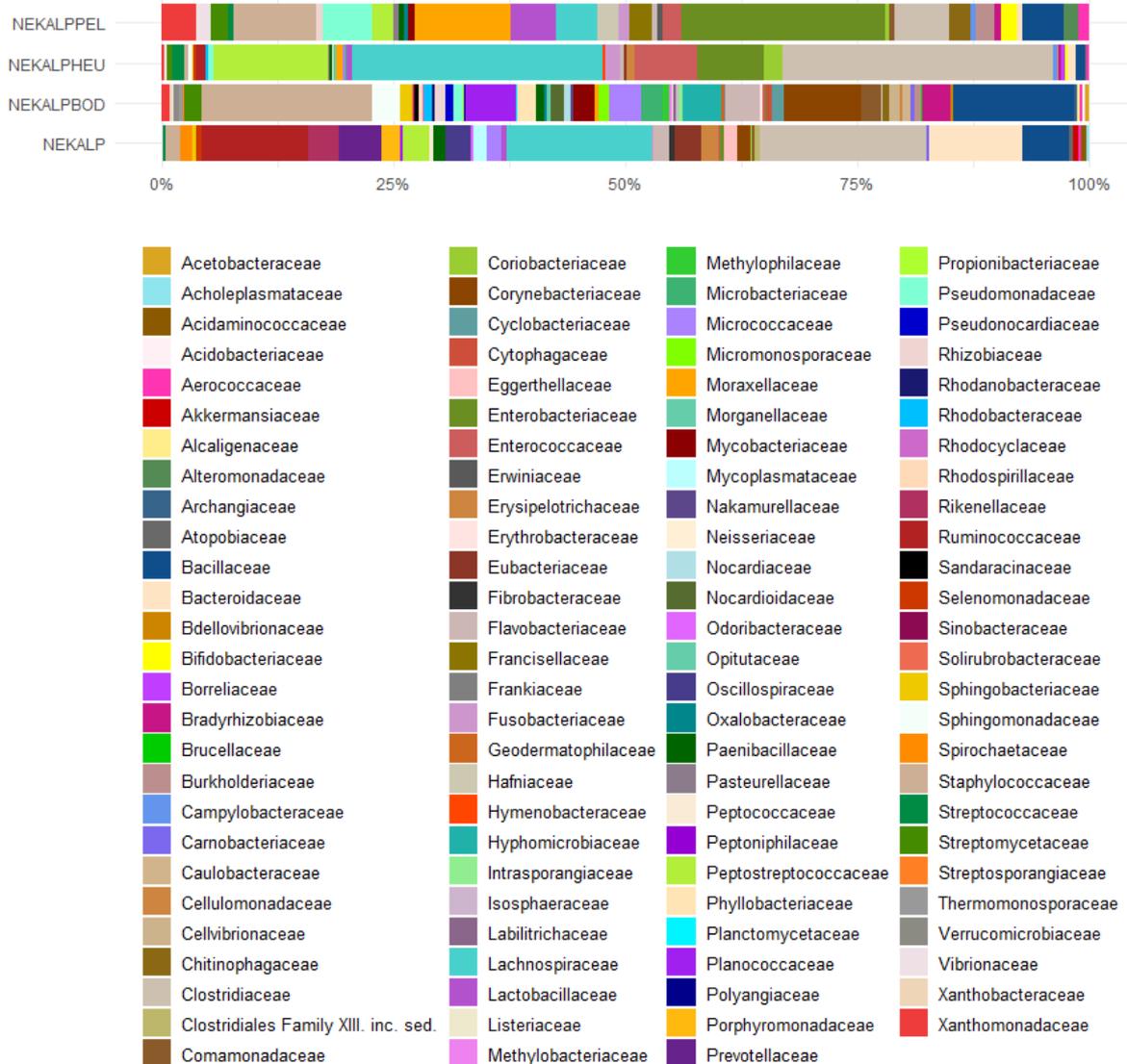


**Abbildung 9| Vergleich der Mikrobiota der Augsburger Alpakas mit einer Bodenprobe und einer Futterprobe.** Es ist zu sehen, dass die Bodenprobe eine höhere Vielfalt als die Kot- oder Futterprobe, die eine Art Müsli war, aufweist. Eine Annahme besteht darin, dass Ähnlichkeiten zwischen der Futter- und der Kotprobe nachweisbar sind. Dies zeigt sich in der Anwesenheit von *Moraxellaceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacillaceae* in beiden Proben. Hingegen sind die Zusammenhänge zwischen der Boden- und der Kotprobe kaum erkennbar, da nur in der Familie der *Mycobacteriaceae* eine Übereinstimmung gefunden werden kann. In der Bodenprobe ist keine Bakterienfamilie in einer höheren relativen Häufigkeit (mehr als 10 %) erkennbar, zudem sind die vorliegenden Familien, die mit *Streptomyetaceae*, *Nocardioideaceae*, *Micromonosporaceae*, *Intrasporangiaceae* und *Bradyrhizobiaceae* nicht in den Kotproben nachweisbar.

Die Futterproben der Dromedare aus Landau (Abbildung 10) weisen eine sehr starke Ähnlichkeit auf, die sich auch in der Kotprobe mit den Familien *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* nachweisen lässt. Eine Ausnahme davon lässt sich in der Strohprobe feststellen, die ein vielfältigeres Mikrobiom aufweist. Die gleiche Tatsache ist auch in der Bodenprobe gegeben.

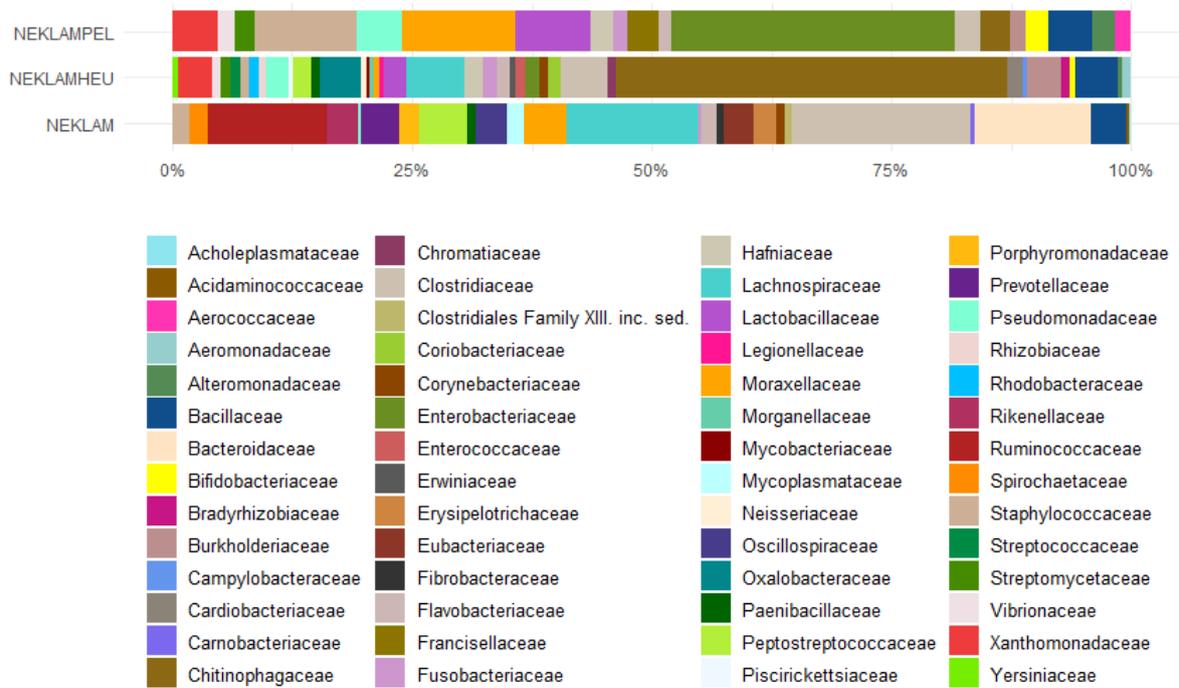


**Abbildung 10| Vergleich der Mikrobiota der Landauer Dromedare mit mehreren Futterproben sowie einer Bodenprobe.** Bei Betrachtung der Futterproben, mit Ausnahme des Strohs, fällt auf, dass die Familien der *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Enterococcaceae*, *Enterobacteriaceae* sowie *Clostridiaceae* in jeder Probe vertreten ist. In der Kotprobe sind davon nur *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* in einer erhöhten relativen Häufigkeit (mindestens 5 %) nachweisbar. Die genommene Strohprobe weist kaum Ähnlichkeiten, nur die Anwesenheit der Familien *Lachnospiraceae*, *Enterobacteriaceae* sowie *Clostridiaceae*, mit den restlichen Futterproben auf. Dagegen zeigen die Boden- und die Strohprobe im Vergleich eine größere Vielfalt, wobei keine Übereinstimmungen zwischen diesen Proben gefunden werden konnte.



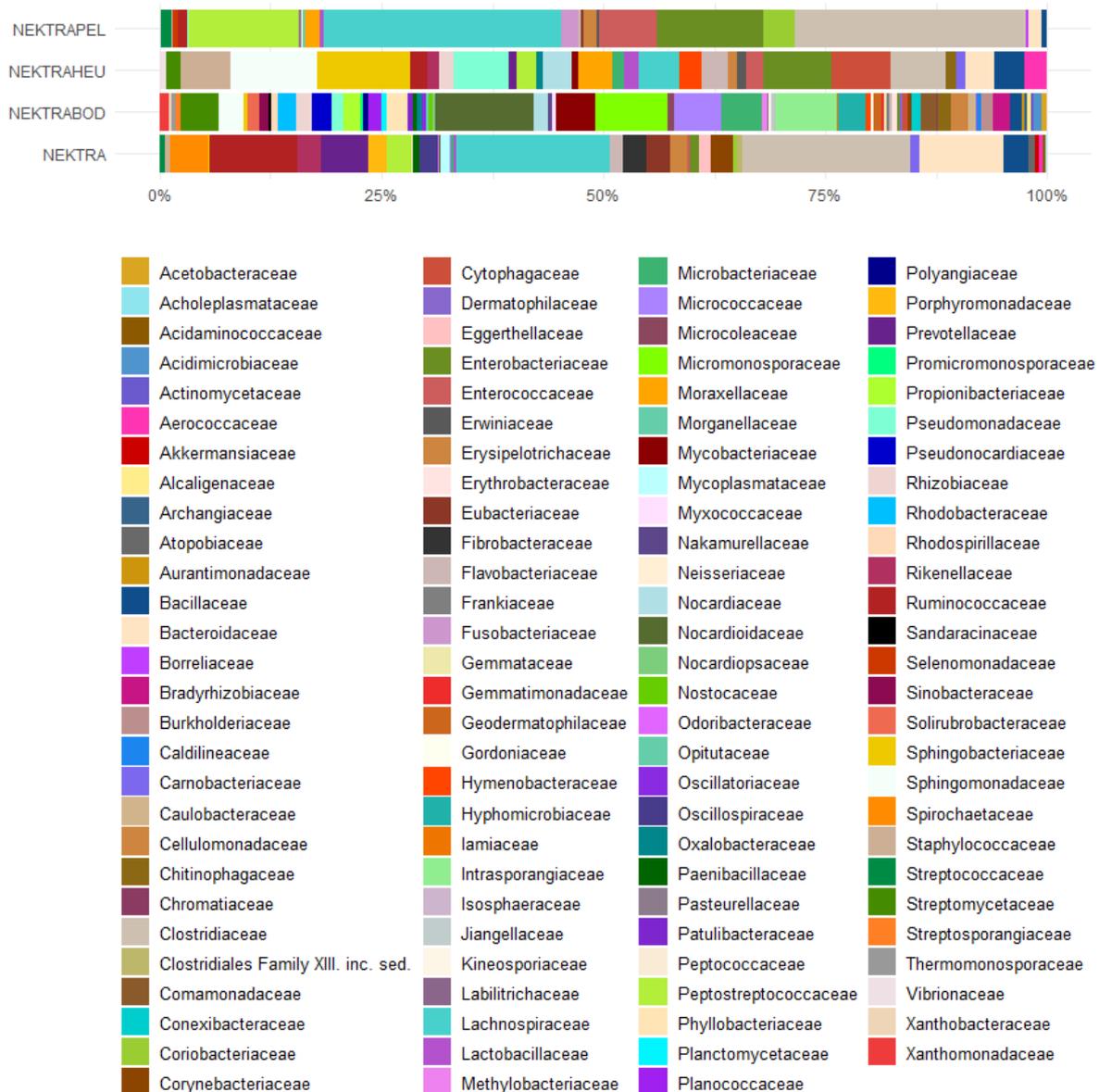
**Abbildung 11| Vergleich von Kot-, Futter- und Bodenproben der Neunkirchener Alpakas.** Die Bodenprobe weist eine erhöhte Häufigkeit an *Staphylococcaceae*, *Corynebacteriaceae* und *Bacillaceae* auf, jedoch sind andere Familien nur in geringerer Anzahl vertreten. Hingegen lässt sich in den Futterproben eine deutliche Übereinstimmung miteinander feststellen, die sich in der Anwesenheit von *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Enterococcaceae*, *Enterobacteriaceae* sowie *Clostridiaceae* zeigt. Die relative Häufigkeit schwankt jedoch sehr stark. Es ließen sich zudem im Pellet *Staphylococcaceae* und *Bacillaceae* nachweisen, die ebenfalls in der Kotprobe, wenn auch in geringer relativer Häufigkeit, belegen lassen.

Wie bei den Landauer Dromedaren ist in den Futterprobe der Alpakas aus Neunkirchen (Abbildung 11) eine Übereinstimmung mit den Kotproben in den Familien *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* nachweisbar. In diesen Proben gibt es ein erhöhtes Vorkommen an *Staphylococcaceae* und *Bacillaceae*, das in der Pellet-, Boden- und den Kotproben belegbar ist. Abgesehen von dieser Abundanz kann keine weitere Übereinstimmung zwischen der Boden- und den Kotproben festgestellt werden.



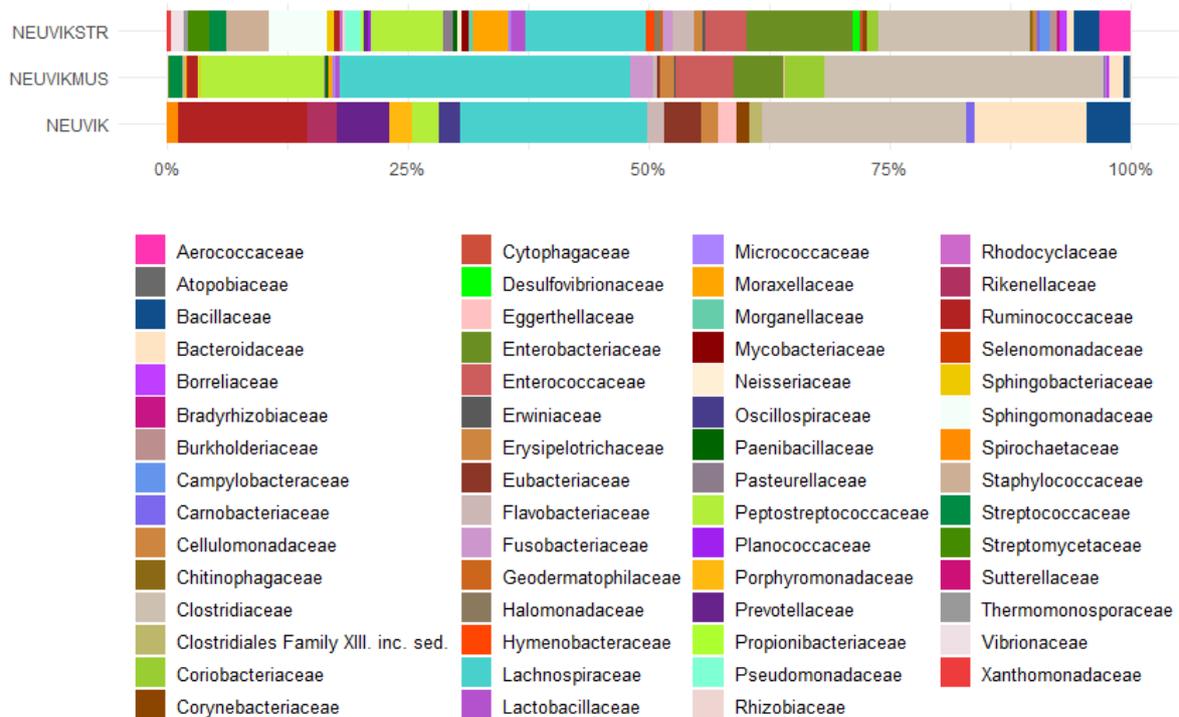
**Abbildung 12| Vergleich von Futterproben und der mittleren Kotprobe Neunkirchener Lamas.** Beim Vergleich der drei Proben ist festzustellen, dass die Bodenprobe die größte Vielfalt an Bakterienfamilien aufweist. Trotz dieser Vielfalt kann mit der Familie der *Bacillaceae* nur eine Übereinstimmung in allen drei Proben abgeleitet werden. Dagegen kommen sowohl in der Boden- als auch in den Kotproben *Lachnospiraceae* vor. *Moraxellaceae* sind in der Futter- und den Kotproben vorhanden. Weitere Ähnlichkeiten in den Proben sind nicht vorhanden. Auffällig ist das gehäufte Auftreten der Familie *Chitinophagaceae* in der Heuprobe, die Pelletprobe eine hohe Abundanz an *Enterobacteriaceae* aufweist.

Im Gegensatz zu vorher betrachteten Daten (Abbildung 10) zeigen die Proben der Lamas aus Neunkirchen stärkere Abweichungen zwischen den Futter- und den Kotproben (Abbildung 12), so kommen keine vier großen Bakterienfamilien der Kotproben *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* in den Futterproben mit einer erhöhten Abundanz vor. In der Heuprobe können nur in einem geringeren Umfang die Familien *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* nachgewiesen werden, wofür sich die Anwesenheit in großer Anzahl die Familie der *Chitinophagaceae* zeigen lässt. Die einzige Gemeinsamkeit der drei Proben zeigt sich mit der Familie der *Bacillaceae*.



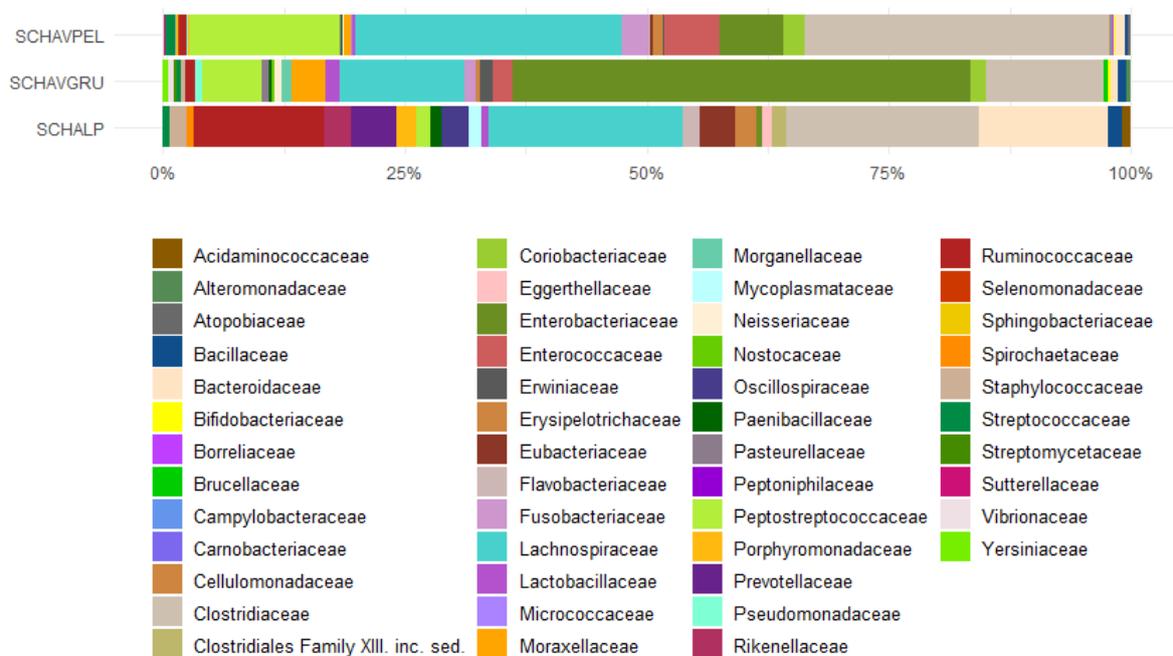
**Abbildung 13| Vergleich der Futterproben, Bodenprobe und der mittleren Kotprobe der Trampeltiere aus Neunkirchen.** Die Bodenprobe zeigt eine Vielzahl an verschiedenen Bakterien Familien, von denen *Nocardioideae*, *Micromonosporaceae* und *Intrasporangiaceae* in erhöhter Häufigkeit auftreten. Die Futterproben zeigen eine Übereinstimmung in der Anwesenheit von *Lachnospiraceae*, *Enterococcaceae*, *Enterobacteriaceae* und *Clostridiaceae*, welche vermehrt eine höhere Abundanz zeigen. In der Heuprobe wurden zudem *Spingomonadaceae* und *Spingobacteriaceae* nachgewiesen.

Die Gemeinsamkeiten der Futter- und Kotproben der Trampeltiere aus Neunkirchen (Abbildung 13) zeigen sich in der Abundanz der Familien *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae*, obwohl sie in der Heuprobe im Vergleich zu der Pelletprobe in einem geringeren Umfang vorliegen. Es zeigt sich in diesen Daten, dass die Bodenprobe keine deutlichen Berührungspunkte mit den Kotproben zeigen, wie bereits bei anderen Tieren gezeigt wurde (Abbildung 10).



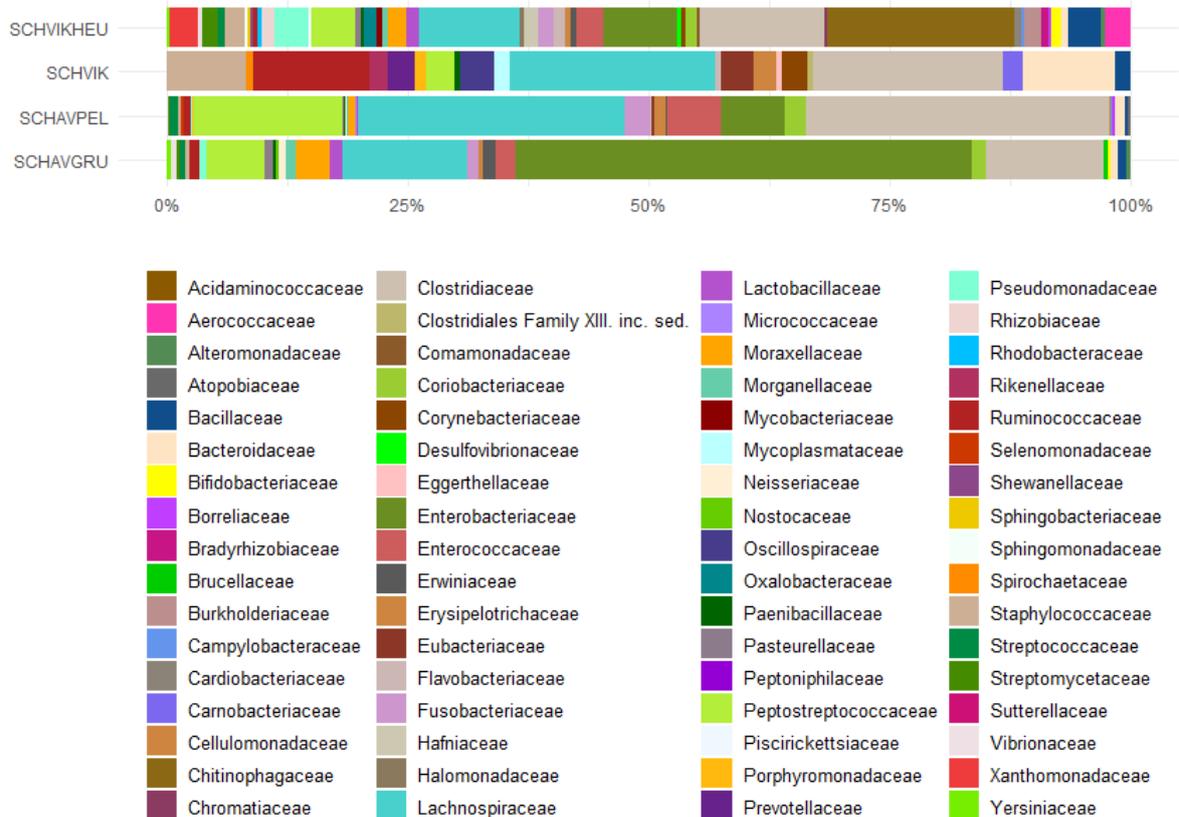
**Abbildung 14| Vergleich der Futter- und der Kotproben der Vikunjas aus Neuwied.** Die Proben zeigen eine Ähnlichkeit in ihrer Zusammensetzung, die durch die Anwesenheit von *Propionibacteriaceae*, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* gestützt wird. Zudem zeigen die Futterproben weitere Übereinstimmungen in der Anwesenheit von *Enterococcaceae* und *Enterobacteriaceae*. Eine größte Vielfalt dieser Proben zeigt die, die dem Stroh entnommen wurde.

Die Daten der Vikunjas aus Neuwied (Abbildung 14) zeigen eine hohe Übereinstimmung der Bakterienfamilien, die sich auch in der Anwesenheit von *Propionibacteriaceae* widerspiegelt. Aufgrund der hohen Vielfalt an Bakterien in der Strohprobe, ist die relative Häufigkeit der *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* geringer als in der Müsliprobe. In ähnlicher Häufigkeit treten die Bakterienfamilien *Enterococcaceae* und *Enterobacteriaceae* auf, die in den Kotproben nicht nachgewiesen werden können. *Moraxellaceae* können hingegen nur in der Strohprobe und den Kotproben belegt werden.



**Abbildung 15| Vergleich der Futter- und der Kotproben der Alpakas aus Schwerin.** In allen Proben können die Bakterienfamilien *Peptostreptococcaceae*, obwohl in den Kotproben in geringer Häufigkeit, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* nachgewiesen werden. In den Futterproben treten zudem die Familien *Enterococcaceae* und *Enterobacteriaceae* vermehrt auf, wobei im Grünfutter die Dominanz der *Enterobacteriaceae* festgestellt wird. In der Anzahl der verschiedenen Bakterienfamilien unterscheiden sich die untersuchten Proben nicht signifikant.

Werden den Proben der Alpakas (Abbildung 15) und der Vikunjas (Abbildung 16) aus Schwerin betrachtet, fällt zunächst auf, dass die Pellets und das Grünfutter für die Arten identisch sind. Alle Proben weisen Übereinstimmungen in Bezug auf die Familien *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* auf. Weitere Übereinstimmungen werden unter den Futterproben gefunden, da in allen *Enterococcaceae* und *Enterobacteriaceae* nachgewiesen werden kann. Aufgrund der Vielfältigkeit der Familien in der Heuprobe (Abbildung 16) ist keine der genannten Familien in der Häufigkeit vertreten, wie sie in den weiteren Proben auftritt. Dafür ist die Familie der *Chitinophagaceae* eine weitere Auffälligkeit, da sie in keiner anderen Probe nachweisbar ist.



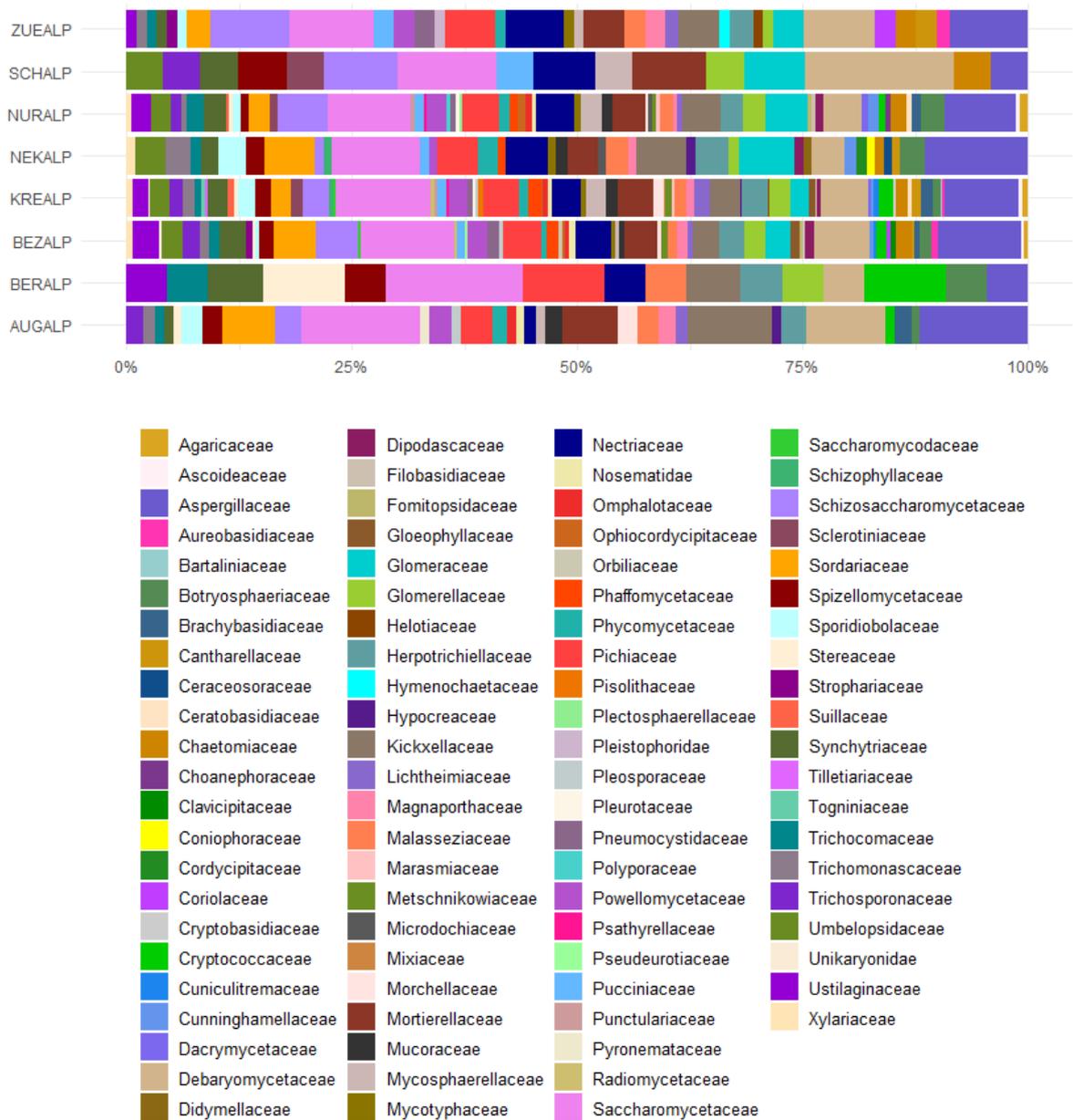
**Abbildung 16| Vergleich der Futter- und der Kotproben der Vikunjas aus Schwerin.** Die Proben stimmen in der Anwesenheit der Familien *Peptostreptococcaceae*, *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* überein. Die Heuprobe weist eine Vielzahl an Bakterienfamilien auf, weshalb die relative Häufigkeit geringer ist, als bei den weiteren Proben erkennbar ist. Dafür ist eine Familie stärker als jede andere vertreten, *Chitinophagaceae* kommen ausschließlich in dieser Probe vor. Die größte Gemeinsamkeit der Futterproben, was sie jedoch von den Kotproben unterscheidet, ist die Abundanz von *Enterococcaceae* und *Enterobacteriaceae*, welche sehr unterschiedlich in den Proben ausfällt.

## Pilze

Die zweite untersuchte Gruppe an Mikroorganismen ist das Reich der Pilze. Da diese in einem deutlich geringeren Umfang (im Regelfall weniger als 10 % einer Probe) als die Bakterien vorliegen, wurde die benötigte Read-Anzahl für eine Familie auf drei reduziert.

## Vergleich der Kotproben

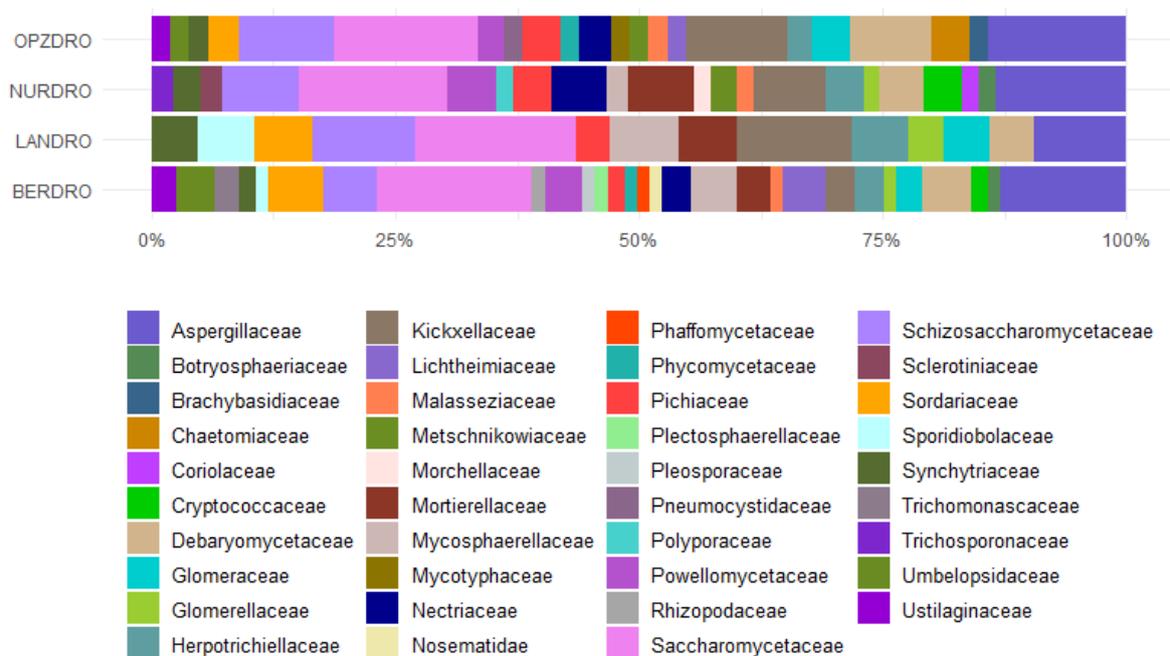
Wie bei den Bakterien liegt auch bei den Pilzen eine Regelmäßigkeit in der Anwesenheit einzelner Familien vor. Bei jeder der sechs Arten (Abbildung 17, Abbildung 18, Abbildung 19, Abbildung 20, Abbildung 21, Abbildung 22) können in dem Mycobiom die Familien *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Mortierellaceae*, *Malasseziaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* nachgewiesen werden.



**Abbildung 17| Zusammensetzung des Mycobioms der Alpakas.** Die Daten der Zoos Zürich, Nürnberg, Neunkirchen, Krefeld, Zoo Berlin, Augsburg zeigen eine hohe Vielfalt der vorhandenen Pilz-Familien, während diese in zwei Zoos (Schwerin, Tierpark Berlin) weniger belegbar ist. Trotz einer geringeren Vielfalt lassen sich *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* in allen Proben mit einer höheren relativen Häufigkeit (mindestens 5 %) nachweisen. Zudem sind die Familien der *Nectriaceae* und *Debaryomycetaceae* in allen Proben in unterschiedlicher relativer Häufigkeit, welche von unter 1 % bis 5 % reicht, anwesend. Ohne die Daten der Zoos Schwerin und Tierpark Berlin sind die Familien *Schizosaccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Mortierellaceae*, *Malasseziaceae*, *Kickxellaceae* sowie *Herpotrichiellaceae* weitere Konstanten, wenn auch in geringerer Häufigkeit, in den Proben.

Beim Vergleich die Proben der Alpakas (Abbildung 17) wird festgestellt, dass die Vielfalt der Familien für die Daten der Zoos Schwerin und Tierpark Berlin geringer ausfällt, und in diesen Daten die Familie der *Sordariaceae* nicht nachgewiesen werden kann. Zudem enthalten diese

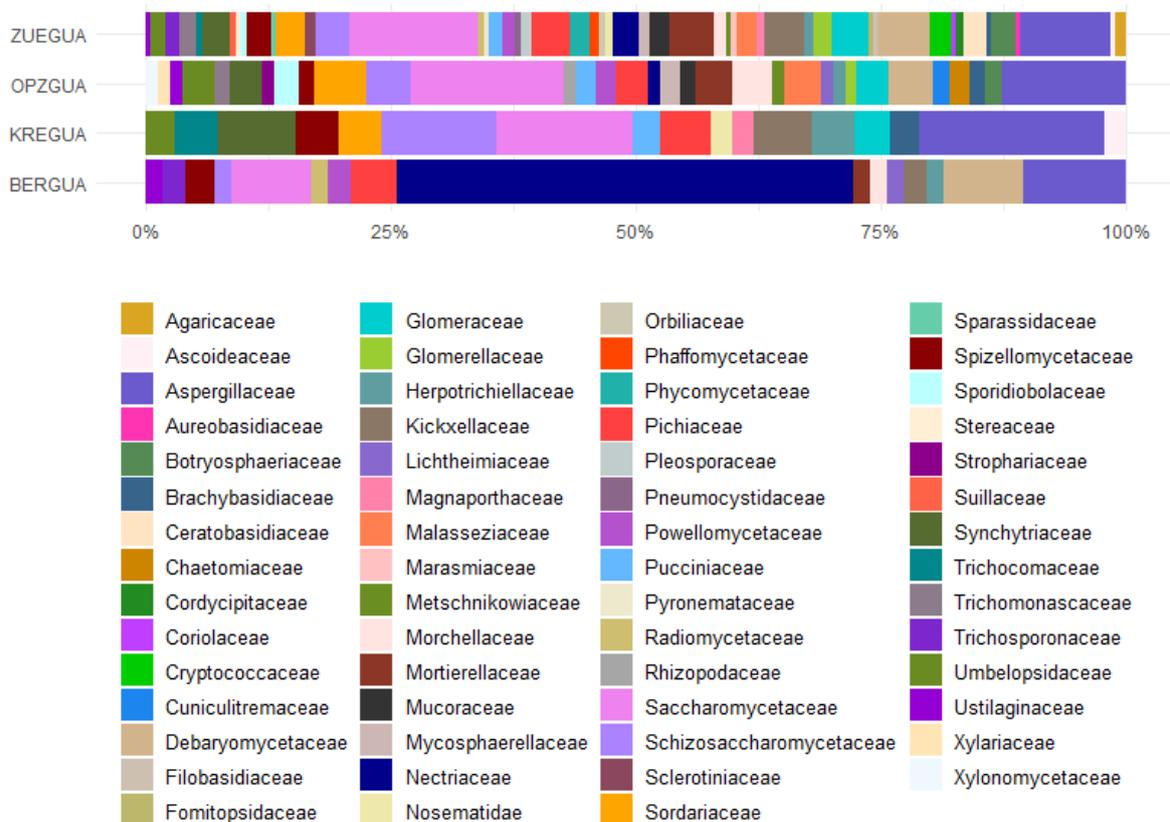
Probe auch den geringsten Wert an *Aspergillaceae*. Aufgrund der geringen Vielfaltigkeit der Familien kann die Anwesenheit bestimmter Pilze nicht belegt werden, die im Regelfall erscheinen, wozu die Familie der *Schizosaccharomycetaceae* (Tierpark Berlin) oder *Kickxellaceae* (Schwerin) zählen. Bei den weiteren Zoos wird festgestellt, dass nur die *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* mit einer relativen Häufigkeit von über 10 % auftreten. Es lässt sich außerdem erkennen, dass die vorkommenden Familien immer in mehreren Zoos auftreten, was sich auch für die geringer auftretenden Pilze zeigt, wie sich am Beispiel die Familie der Hyporeaceae (Neunkirchen und Augsburg) zeigen lässt.



**Abbildung 18| Zusammensetzung des Mycobioms der Dromedare.** Die aufgezeichneten Mycobiome der Dromedare zeigen ein regelmäßiges Bild, da in allen Daten die Familien *Synchytriaceae*, *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* in einer ähnlichen Häufigkeit vorkommen. Die Familien *Sordariaceae* und *Glomeraceae* sind nur in den Proben aus dem Opel Zoo, Landau und Tierpark Berlin nachweisbar, während *Nectriaceae* und *Malasseziaceae* in allen Proben, außer denen aus Landau, vorhanden sind. Die Familien *Mortierellaceae* und *Mycosphaerellaceae* können nicht in den Proben des Opel Zoos nachgewiesen werden, jedoch in den weiteren drei Zoos. Die Vielfalt der Familien in den Proben ist vergleichbar, da noch einige Pilzfamilien hinzukommen, die nur in einzelnen Proben vertreten sind. Zu diesen Familien gehören unter anderem die *Chaetomiaceae* (Opel Zoo) und *Rhizopodaceae* (Tierpark Berlin).

Die Dromedare (Abbildung 18) zeigen in der Vielfalt der Familien einen deutlich geringeren Umfang als die Alpakas (Abbildung 17). Allerdings zeigen auch die Proben der Dromedare, dass die Familien *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* am häufigsten (mehr als 10 %) vertreten sind. Sie zeigen ein ungleichmäßigeres Schema als die Alpakas, da manche Pilze

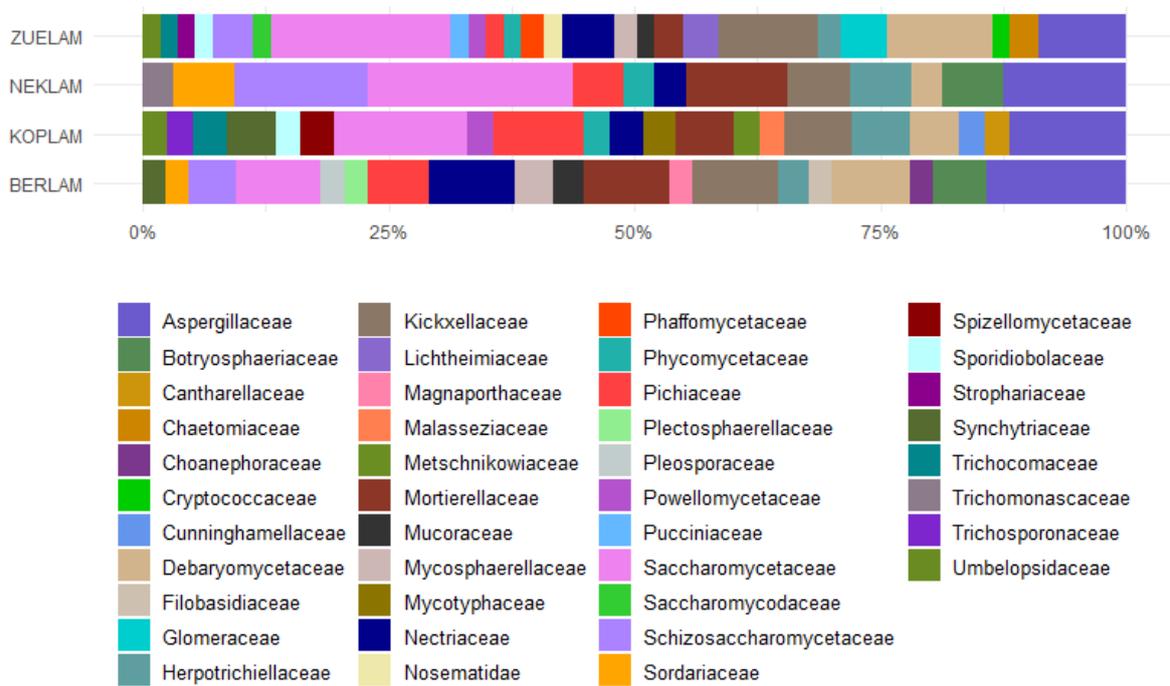
nur in drei der vier Datensätze vertreten sind, dazu zählen unter anderem die *Sordariaceae* (Opel Zoo, Landau und Tierpark Berlin) und *Nectriaceae* (Opel Zoo, Nürnberg und Tierpark Berlin). Jedoch treten auch Familien auf, die nur in einem Datensatz nachgewiesen werden können, worunter die Familien *Trichomonascaceae* (Tierpark Berlin) und *Polyporaceae* (Nürnberg) fallen. Dies zeigt, dass sich die Mycobiome der Dromedare deutlicher unterscheiden, wenn die Familien mit geringerer relativer Häufigkeit betrachtet werden.



**Abbildung 19| Zusammensetzung des Mycobioms der Guanakos.** Die Proben aus den Zoos Zürich, Opel Zoo sowie Krefeld zeigen eine große Ähnlichkeit in ihrer Struktur, da die Familien *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae* und *Aspergillaceae* in ähnlicher Häufigkeit zu finden sind. Diese Pilze sind auch in den Proben des Tierpark Berlins vorhanden, jedoch in einer deutlich geringeren Menge. Dieses Mycobiom wird von der Familie *Nectriaceae* (ca. 50 %) dominiert, die in geringer Fülle auch in den Proben aus Zürich und dem Opel Zoo nachgewiesen werden kann. Die Familien *Umbelopsidaceae*, *Synchytraiceae*, *Spizellomycetaceae*, *Sordariaceae*, *Pucciniaceae* und *Glomeraceae* zeigen keine Anwesenheit in den Proben des Tierpark Berlins, sondern ausschließlich in den Daten der weiteren drei Zoos. Die Familien *Debaryomycetaceae* und *Mortierellaceae* sind nur in den Proben der Zoos Zürich, Opel Zoo und Tierpark Berlin abundant. Da die Daten des Tierpark Berlins von einer Familie dominiert werden, ist die Vielfalt geringer als bei den weiteren drei Zoos.

Während bei den bisher betrachteten Kamelartigen die *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* die Familien mit den höchsten relativen Häufigkeiten waren, ist diese Tatsache nur bei den Zoos Zürich, Opel Zoo und Krefeld für die Guanakos (Abbildung 19)

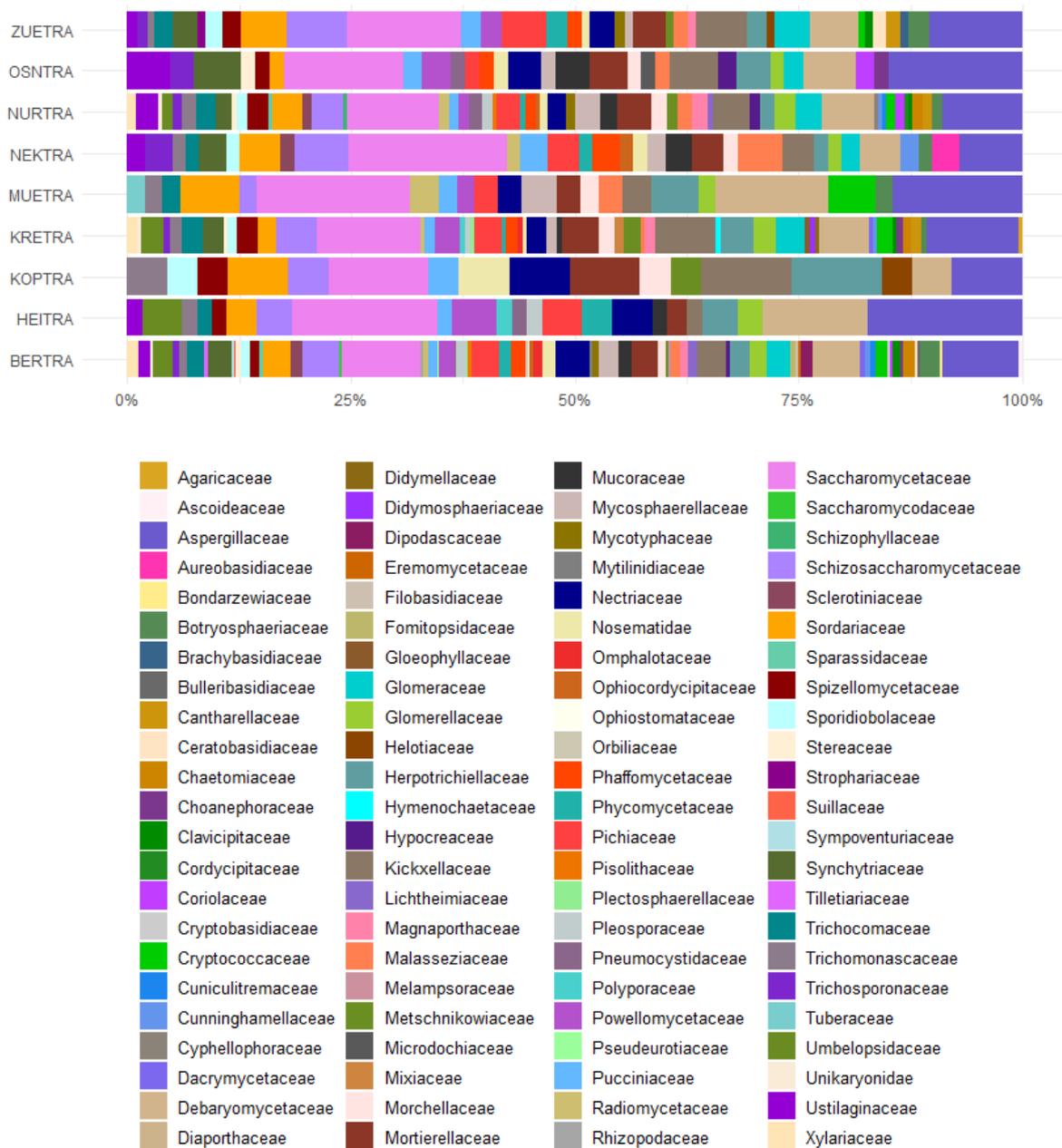
übereinstimmend, auch wenn sie in allen Proben vertreten sind. Bei den Daten aus dem Zoo Tierpark Berlin zeigt sich, dass die Proben von *Nectriaceae* dominiert werden. Trotz dessen ist die Vielfalt nicht geringerer als bei den Proben aus Krefeld. Die größte Anzahl an verschiedenen Familien zeigen die Zoos Zürich und Opel Zoo, die sich mit der Abundanz von unterschiedlichen weniger vorhandenen Familien (*Trichosporonaceae*, *Powellomycetaceae* und *Mucoraceae*) auch dabei gleichen.



**Abbildung 20| Zusammensetzung des Mycobioms der Lamas.** Die Proben der Lamas zeigen eine hohe Ähnlichkeit der nachgewiesenen Pilzfamilien. In den Daten aller Zoos wurden *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Mortierellaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*, jedoch in unterschiedlicher Häufigkeit, nachgewiesen. Die Familie *Schizosaccharomycetaceae* war nicht in den Proben des Zoos Kopenhagen vorhanden, wofür die Familie *Cunninghamellaceae* ausschließlich in diesen Proben abundant war. Eine Gemeinsamkeit der Zoos Zürich, Neunkirchen und Kopenhagen sind die *Phycomycetaceae*. Die Vielfalt der Familien in den Proben ist vergleichbar.

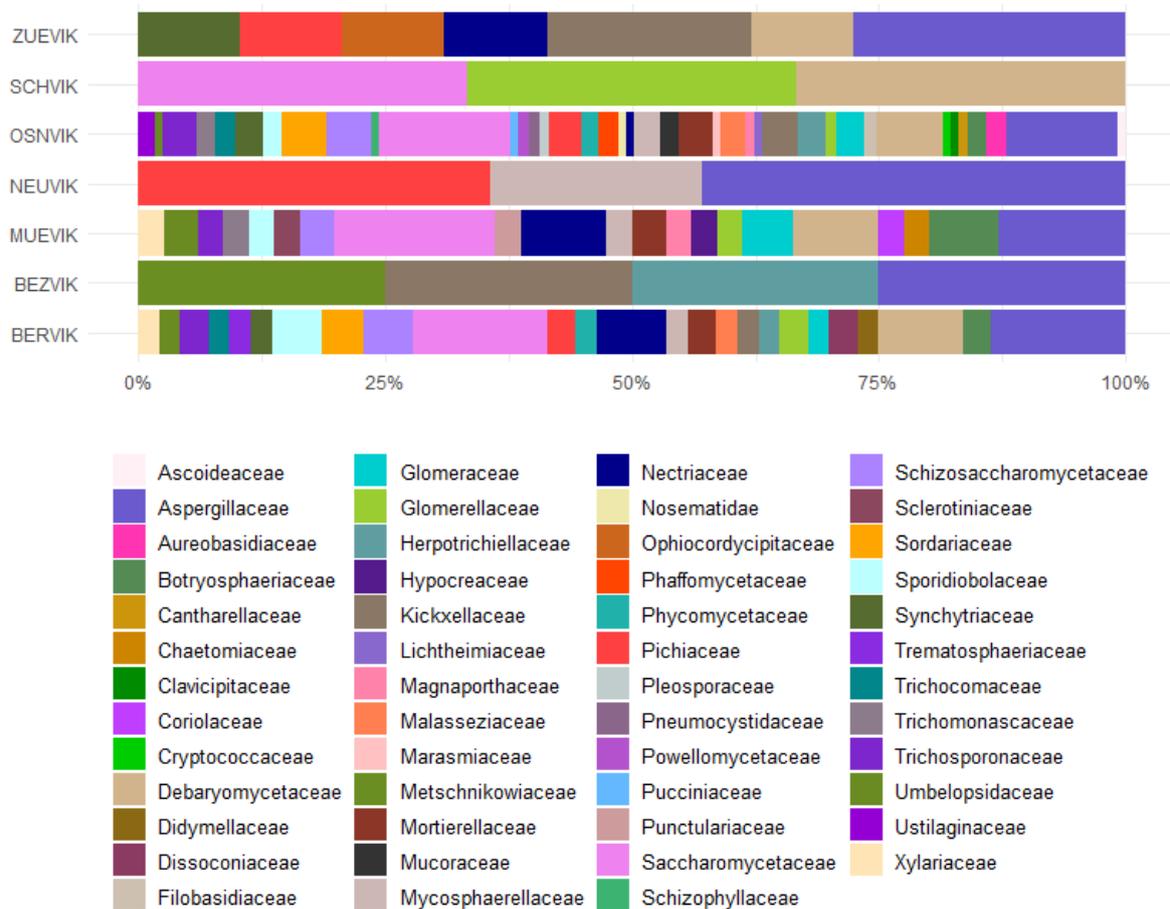
Die Daten der Guanakos aus Krefeld und dem Tierpark Berlin (Abbildung 19) zeigen eine ähnliche Vielfalt wie die Datensätze der Lamas (Abbildung 20), wobei die Übereinstimmungen innerhalb der Lamas deutlich größer als zwischen den Guanakos sind. Insgesamt acht Familien, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Mortierellaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*, treten in allen auf. Dafür gibt es nur zwei Familien (*Schizosaccharomycetaceae* und *Phycomycetaceae*), die in drei der vier Datensätze nachgewiesen werden können. Des Weiteren ist jede Familie mit mindestens 1 %

vertreten, was bei anderen Kamelartigen nicht festgestellt werden kann (Guanakos aus Zürich, *Ustilaginaceae*).



**Abbildung 21| Zusammensetzung des Mycobioms der Trampeltiere.** Die Daten der Trampeltiere zeigen, dass sehr viele Familien in allen Proben vorkommen, dazu gehören *Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Mortierellaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*. Weitere Familien sind in sieben bis acht der neun Datensätze vorhanden, so *Trichomonascaceae*, *Trichocomaceae*, *Spizellomycetaceae*, *Pichiaceae* und *Glomerellaceae*. Alle Datensätze zeigen eine ähnliche Vielfalt, die von der Anwesenheit der *Saccharomycetaceae* und der *Aspergillaceae* dominiert wird. Die meisten Familien kommen in mehreren Proben vor, es gibt jedoch auch solche, die nur in einer Probe nachgewiesen werden können, wozu die *Aureobasidiaceae* (Neunkirchen) gehören.

Während bei den Lamas (Abbildung 20) in den Datensätzen der vier Zoos viele Übereinstimmungen in den Proben vorhanden sind, können bei den Trampeltieren (Abbildung 21) trotz der umfangreicheren Untersuchung sieben Familien bei allen Zoos nachgewiesen werden, *Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Mortierellaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*. Dies zeigt eine Ähnlichkeit der Proben, jedoch zeigt sich auch eine große Vielfalt in den Daten, die durch weniger häufig vorkommende Familien gestützt wird.



**Abbildung 22| Zusammensetzung des Mycobioms der Vikunjas.** Die Vielfalt der vorhandenen Familien unterscheidet sich zwischen den einzelnen Datensätzen sehr stark, so sind in den Proben aus den Zoos Schwerin, Neuwied und Zoo Berlin nur drei bzw. vier verschiedene Familien nachweisbar. Zwischen diesen Proben zeigt sich keine eindeutige Übereinstimmung, da verschiedene Familien vorkommen. Auch die Daten der Vikunjas aus Zürich enthalten nur sieben verschiedene Familien. *Aspergillaceae* konnten in allen Proben, außer Schwerin, nachgewiesen werden, was die größte Gemeinsamkeit der Proben darstellt. Werden die Daten aus den Zoos Osnabrück, München und Tierpark Berlin gegenübergestellt, zeigt sich, dass dort mehr Berührungspunkte gefunden werden. Die Familien *Trichosporonaceae*, *Sporidiobolaceae*, *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae*, *Mycosphaerellaceae*, *Mortierellaceae*, *Glomeraceae*, *Debaryomycetaceae*, *Botryosphaeriaceae* und *Aspergillaceae* sind in jedem der Datensätze zu finden.

Die Zusammensetzung aus vielen Familien mit einer geringen relativen Häufigkeit ist insbesondere am Beispiel des Tierpark Berlins zu erkennen, da in diesen Daten die zwei Familien mit der höchsten relativen Häufigkeit (*Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae*) nicht 10 % erreichen, wobei auch weitere Familien keine hohen Werte erreichen (Abbildung 21). Dafür sind insgesamt 74 verschiedene Pilzfamilien vertreten, was die größte Anzahl an verschiedenen Familien eines Datensatzes darstellt.

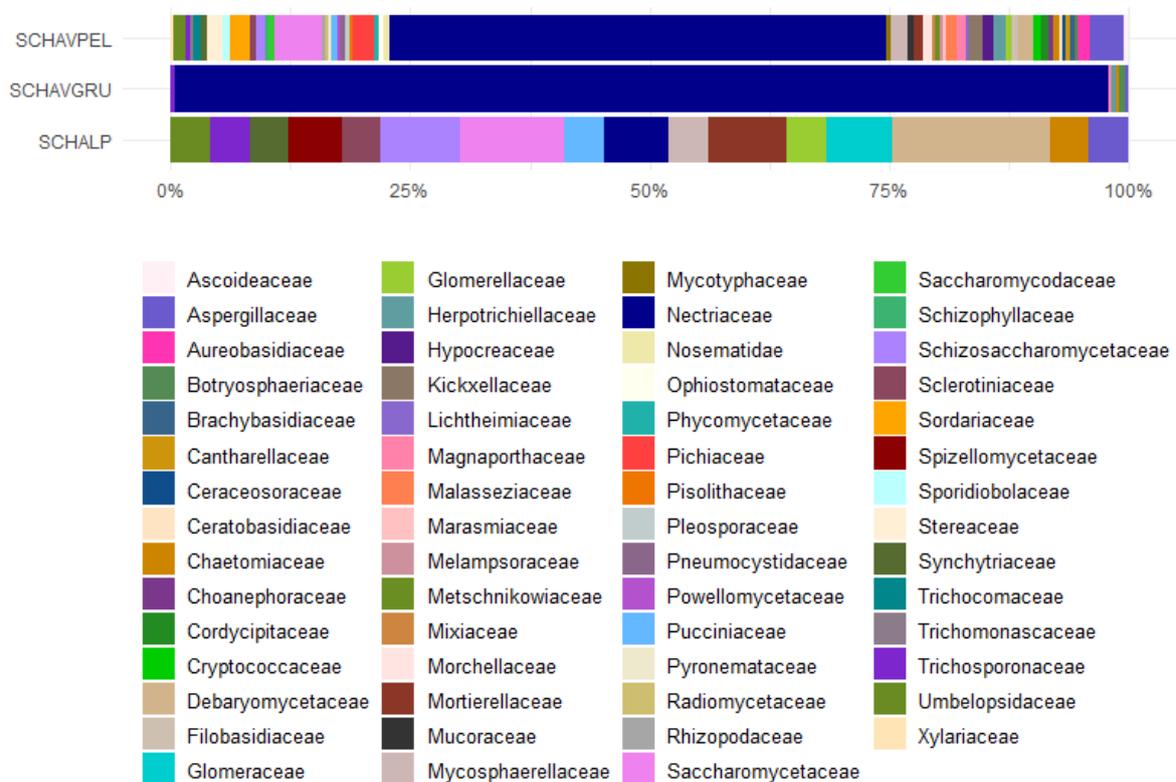
Die geringste Vielfalt zeigt sich bei den Vikunjas (Abbildung 22), da bei den Untersuchungen der Zoos Schwerin und Neuwied nur drei verschiedene Familien gefunden wurden, wovon keine übereinstimmt. Die Daten des Zoo Berlins zeigen, dass dabei ebenfalls nur vier verschiedene Familien nachweisbar sind, wovon die *Aspergillaceae* mit den Proben aus dem Zoo Neuwied die einzige Gemeinsamkeit bilden. Mit nur sieben Familien sind ebenfalls die Vikunjas aus Zürich nicht vielfältig. Jedoch zeigen sich dabei mehr Übereinstimmungen mit den Daten aus den Zoos Osnabrück, München und Tierpark Berlin. In jedem Datensatz wurde die Anwesenheit von *Aspergillaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Nectriaceae* belegt. Werden nur die Zoos Osnabrück, München und Tierpark Berlin betrachtet, ist eine deutlichere Vielfalt erkennbar und weitere Gemeinsamkeiten, wie *Schizosaccharomycetaceae* oder *Martiereiaceae*, können entnommen werden. Allerdings gibt es in diesen Daten ebenfalls weniger häufig vorkommende Familien, wie *Aureobasidiaceae* im Zoo Osnabrück, wodurch sich die Proben der Zoos unterscheiden.

### Vergleich der Kotproben mit den Futter- und Bodenproben

In jeder Futter- und Bodenprobe wurde die Familie der *Nectriaceae* nachgewiesen (Abbildung 23, Abbildung 24, Abbildung 25, Abbildung 26, Abbildung 27, Abbildung 28, Abbildung 29, Abbildung 30), jedoch konnte sie in den Kotproben selten gefunden werden (Abbildung 23, Abbildung 25, Abbildung 26, Abbildung 29). *Saccharomycetaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* sind die Familien, die die größte Konstanz ausweisen, da sie in nahezu jeder Probe vorhanden sind. Trotz der hohen Vielfalt der Familien sind keine weiteren Übereinstimmungen zwischen den Daten zu finden, da die Zusammensetzung stark abweichend voneinander ist. Trotz dessen gibt es zwischen den Futterproben die Gemeinsamkeit, dass sie von einer oder mehreren Familien dominiert wird. Dadurch werden weitere Familien verdrängt und sind nicht zu identifizieren. Dagegen zeigen die Bodenproben ein gegensätzliches Bild, da sie aus vielen verschiedenen Familien bestehen, diese jedoch in ähnlicher Häufigkeit vertreten sind (Abbildung 26, Abbildung 28, Abbildung 29, Abbildung 30). Dabei zeigt jede Probe, dass *Aspergillaceae*, *Nectriaceae* und *Saccharomycetaceae* zu den häufig vertretenen Familien gehören, wobei die Werte jedoch nicht über die 10 % kommen.



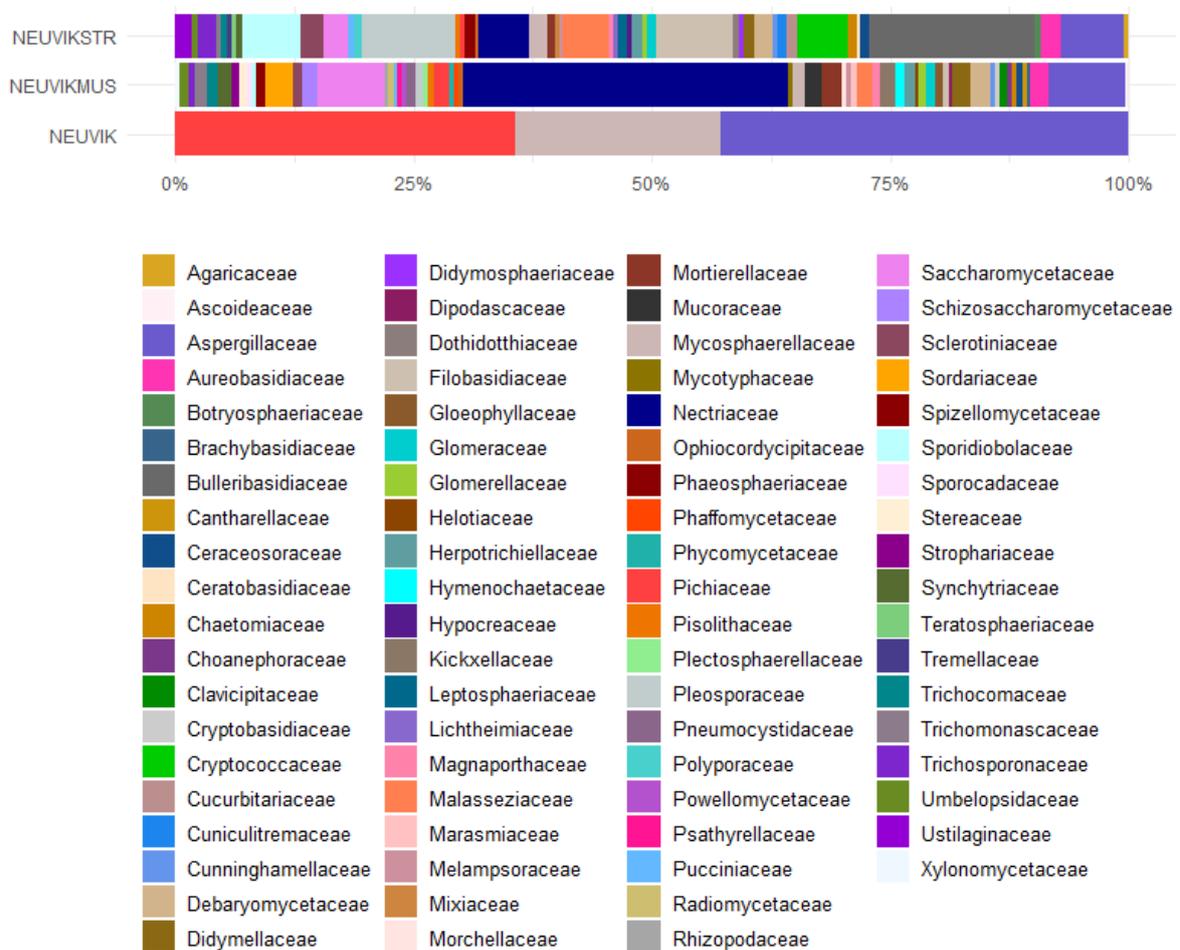
(Abbildung 24) nachgewiesen. Weitere Übereinstimmungen sind mit der Pelletprobe zu finden, was durch die Vielfalt beider Proben begründet ist. In beiden Proben sind die Familien der *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* abundant. Da in der Probe der Pellets jedoch die *Nectriaceae* mehr als 50 % der gefundenen DNS einnehmen, sind weitere Familien in deutlich geringerer relativer Häufigkeit vorhanden, sodass weitere Berührungspunkte nicht nachgewiesen werden können. Familien, wie *Stereaceae* oder *Pichiaceae*, sind nur in der Pelletprobe, aber nicht in den Daten der Kotproben vorhanden.



**Abbildung 24| Vergleich der Futter- und Kotproben der Alpakas aus Schwerin.** Der deutlichste Zusammenhang zwischen den Proben stellt die Anwesenheit von *Nectriaceae* dar, da die Familie in allen auftritt. Weitere Berührungspunkte von den Kotproben mit der Grünfutterprobe können aufgrund der hohen Abundanz von *Nectriaceae* nicht ausgemacht werden. Obwohl die Probe der Pellets ebenfalls einen hohen Wert an dieser Familie zeigt, ist erkennbar, dass sowohl *Saccharomycetaceae* als auch *Aspergillaceae* in signifikanter Menge nachweisbar sind. Diese Familien sind auch ein Teil des Mycobioms der Kotproben, in welchem *Debaryomycetaceae* stark vertreten sind, die in der Pelletprobe nur eine geringe relative Häufigkeit einnimmt. Im Vergleich ist die Vielfalt der Pelletprobe mit den Kotproben deutlich größer, die im Grünfutter jedoch geringer.

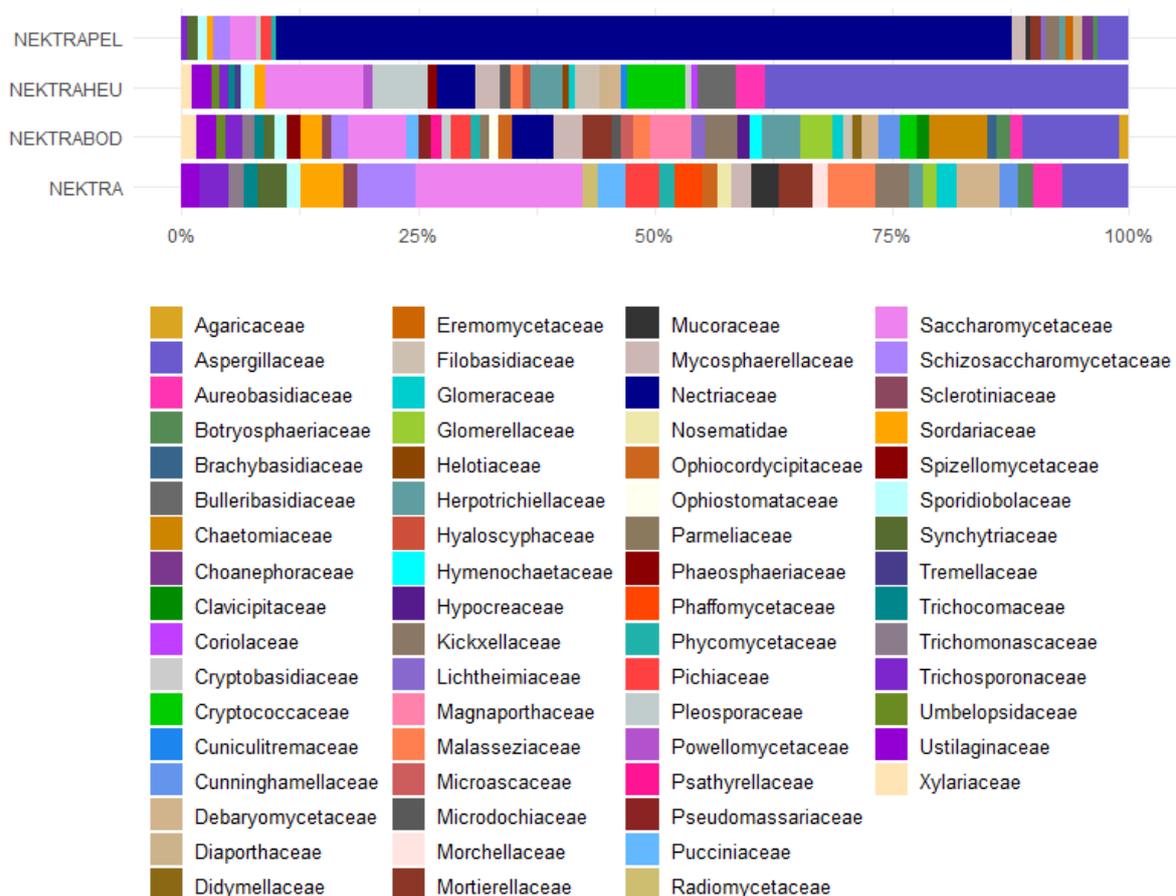
Wie bei den Proben der Vikunjas aus Schwerin zeigen auch diese der Vikunjas aus Neuwied eine eingeschränkte Vielfalt an Familien (Abbildung 25), da nur drei verschiedene Familien (*Pichiaceae*, *Filobasiceaceae* und *Aspergillaceae*) in den Daten der Kotproben erfasst wurden. Nur *Aspergillaceae* stellen eine Übereinstimmung mit den Proben von Stroh und Müsli dar. Dagegen zeigen die Daten der Futterproben eine große Vielfalt, wobei in der Müsliprobe die

*Nectriaceae* dominieren. *Aspergillaceae* und *Saccharomycetaceae* sind folgend in ihrer Häufigkeit, die weiteren Familien sind nur in geringen Werten in den Zusammensetzungen zu sehen. Die dem Stroh entnommene Probe zeigt wiederum acht Familien (*Sporidiobolaceae*, *Pleosporaceae*, *Nectriaceae*, *Malasseziaceae*, *Filobasidiaceae*, *Cryptococcaceae*, *Bulleribasidiaceae* und *Aspergillaceae*), die mindestens jeweils 5 % des Bioms ausmachen, hierbei belegt *Bulleribasidiaceae* (18 %) den größten Teil.



**Abbildung 25| Vergleich der Futter- und Kotproben der Vikunjas aus Neuwied.** Die Futterproben weisen eine deutlich größere Vielfalt als die Kotproben, die aus drei Familien besteht, auf, weshalb die einzige Übereinstimmung die Anwesenheit der *Aspergillaceae* ist. Diese Familie ist sowohl in der Stroh- als auch der Müsliprobe mit einer ähnlichen relativen Häufigkeit vertreten. Zwei weitere Gemeinsamkeiten dieser Proben stellen die Anwesenheit der *Nectriaceae* und *Saccharomycetaceae* dar, welche jedoch in der Müsliprobe deutlich größer ausfällt. Die Müsliprobe besteht abgesehen von diesen Familien vor allem aus solchen mit einer geringeren relativen Häufigkeit. In der Strohprobe sind die Familien *Sporidiobolaceae*, *Pleosporaceae*, *Malasseziaceae*, *Filobasidiaceae*, *Cryptococcaceae* und *Bulleribasidiaceae* mit einer ähnlichen oder höheren relativen Häufigkeit als *Aspergillaceae* vertreten.

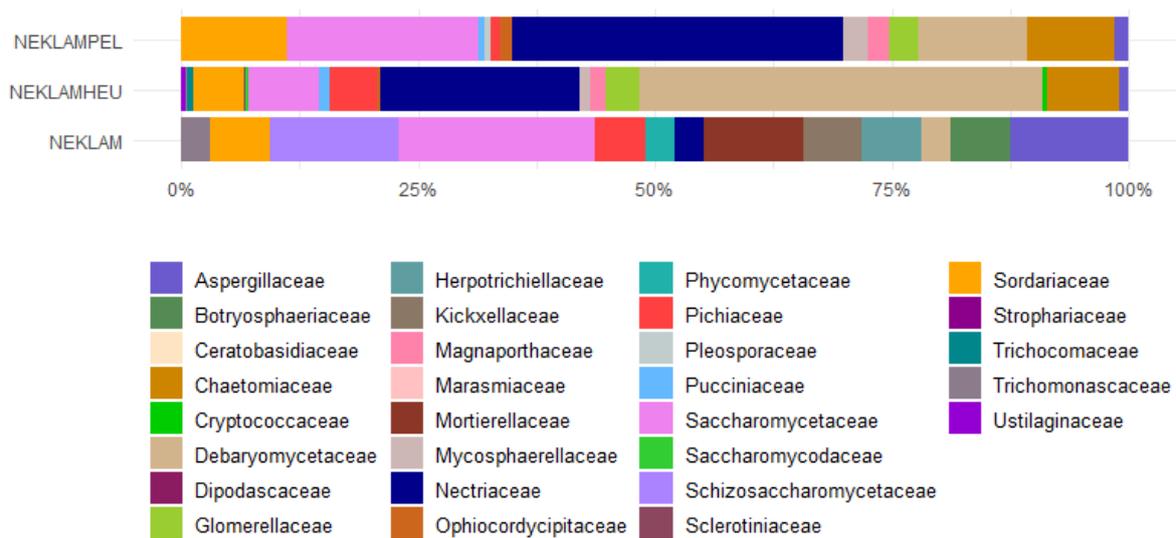
Die Daten der Trampeltiere aus Neunkirchen (Abbildung 26) zeigen wiederum, dass das Mycobiom der Kotproben sehr vielfältig sein kann. In allen Futter-, Boden- und Kotproben sind *Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* abundant, wobei die relative Häufigkeit stark voneinander abweicht. Die Daten der Pelletprobe werden von *Nectriaceae* dominiert, sodass weitere Familien verdrängt werden. Jedoch ist in dieser und den Kotproben eine weitere gemeinsame Familie mit den *Schizosaccharomycetaceae* vorhanden. Die Vielfalt in der Pelletprobe ist geringer als in der Heu- oder Bodenprobe, weshalb weitere Berührungspunkte mit den Kotproben nicht nachgewiesen werden können.



**Abbildung 26| Vergleich der Bodenprobe, Futter- und Kotproben der Trampeltiere aus Neunkirchen.** Die Vielfalt der Kotproben ist geringer als die der Bodenprobe oder der Futterproben. In allen Proben treten *Aspergillaceae*, *Kickellaceae*, *Saccharomycetaceae* und *Sordariaceae* auf, obwohl sie sich in der Häufigkeit deutlich unterscheiden, da die Heuprobe von der Familie der *Aspergillaceae* dominiert wird. Die Familie der *Aureobasidiaceae* ist dagegen in allen Proben außer den Pellets vorhanden. Eine Gemeinsamkeit der Futterproben und der Bodenprobe ist die Anwesenheit von *Nectriaceae*, welche vor allem in den Pellets vorkommen. Weitere Familien sind in der Pelletprobe nur in einer geringen relativen Häufigkeit vertreten. In der Heuprobe sind *Pleospraceae*, *Cryptococcaceae* und *Bulleribasidiaceae* dagegen häufiger vorhanden. Die Verteilung der Familien in der Bodenprobe ist deutlich gleichmäßiger im Vergleich zu den Futterproben, da in dieser die Familien *Magnaporthaceae*, *Kickellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Glomerellaceae* und *Chaetomiaceae* in ähnlicher Häufigkeit auftreten.

Dagegen zeigen drei weitere Familien (*Ustilaginaceae*, *Mycospharellaceae* und *Aureobasidiaceae*) die Gemeinsamkeiten zwischen den Kotproben und der Heu- und Bodenprobe auf. (Abbildung 26)

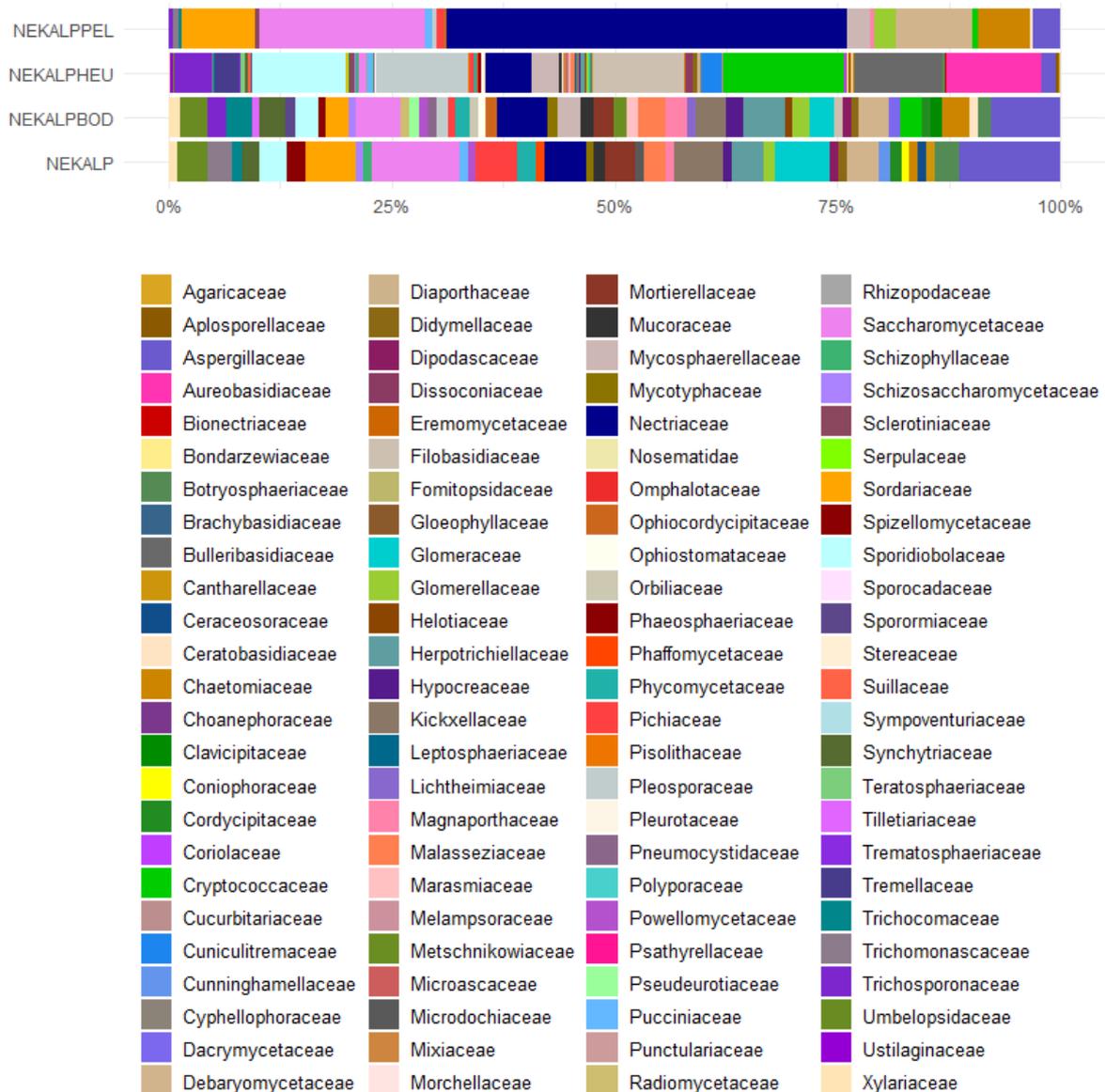
Die Lamas aus Neunkirchen (Abbildung 27) weisen dagegen deutlich mehr Übereinstimmungen als die Trampeltiere auf, da sowohl in den Futter- als auch in den Kotproben die Familien *Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* anwesend sind. Dabei zeigen die Kotproben eine ausgeglichenerere Zusammensetzung, während die Pellet- (*Nectriaceae*) und die Heuprobe (*Debaryomycetaceae*) von bestimmten Familien überwogen werden.



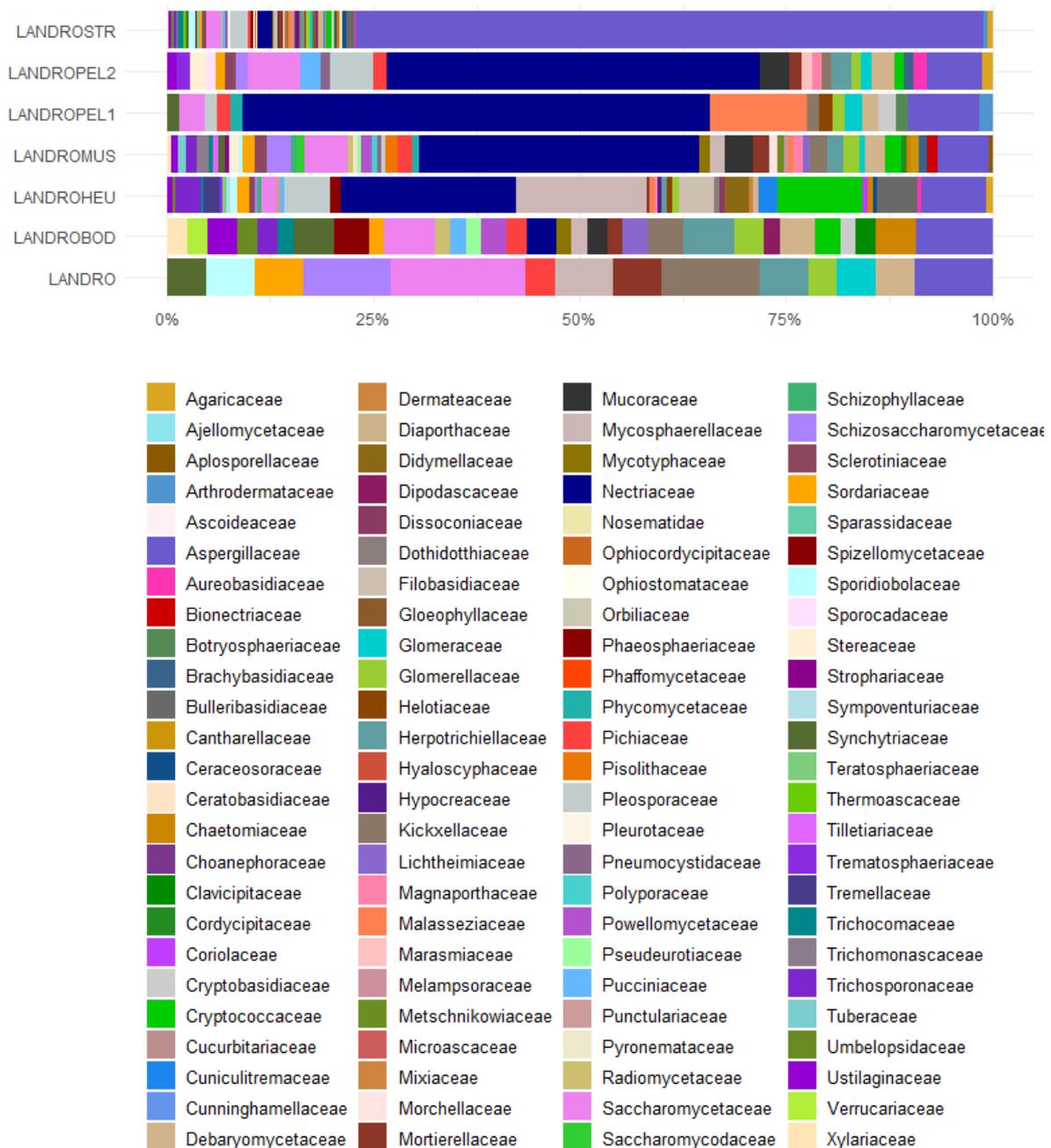
**Abbildung 27| Vergleich der Futter- und Kotproben der Lamas aus Neunkirchen.** Keine der Proben weist eine besonders hohe Vielfalt auf, jedoch ist die Anzahl der Familien ähnlich. *Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* sind Familien, die in allen Proben vorhanden sind. Während die Futterproben von fünf (Pellet) oder sechs (Heu) Familien dominiert werden, wozu auch die *Chaetomiaceae* gehören, weist die Kotprobe neun Familien, zu denen *Schizosaccharomycetaceae*, *Mortierellaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae* und *Botryosphaeriaceae* zählen, mit einer größeren relativen Häufigkeit auf.

Ebenfalls die Alpakas aus Neunkirchen (Abbildung 28) zeigen eine große Vielfalt an Familien in den verschiedenen Proben. *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae* und *Aspergillaceae* sind dabei jedoch die einzigen drei, die in allen Datensätzen nachweisbar sind. Dafür sind weitere Familien in drei der vier Proben vorhanden, wozu die *Sordariaceae* und *Debaryomycetaceae* (Pellet, Boden und Kot) sowie *Sporidiabolaceae* (Heu, Boden und Kot) gehören. Dadurch lassen sich gewisse Überschneidungen zwischen den einzelnen Proben belegen, die besonders zwischen der Bodenprobe und den Kotproben vermehrt auftreten. Auffällig ist die

Dominanz der *Nectriaceae* in der Pelletprobe, während die anderen Proben von keiner Familie in diesem Maß überwogen werden.

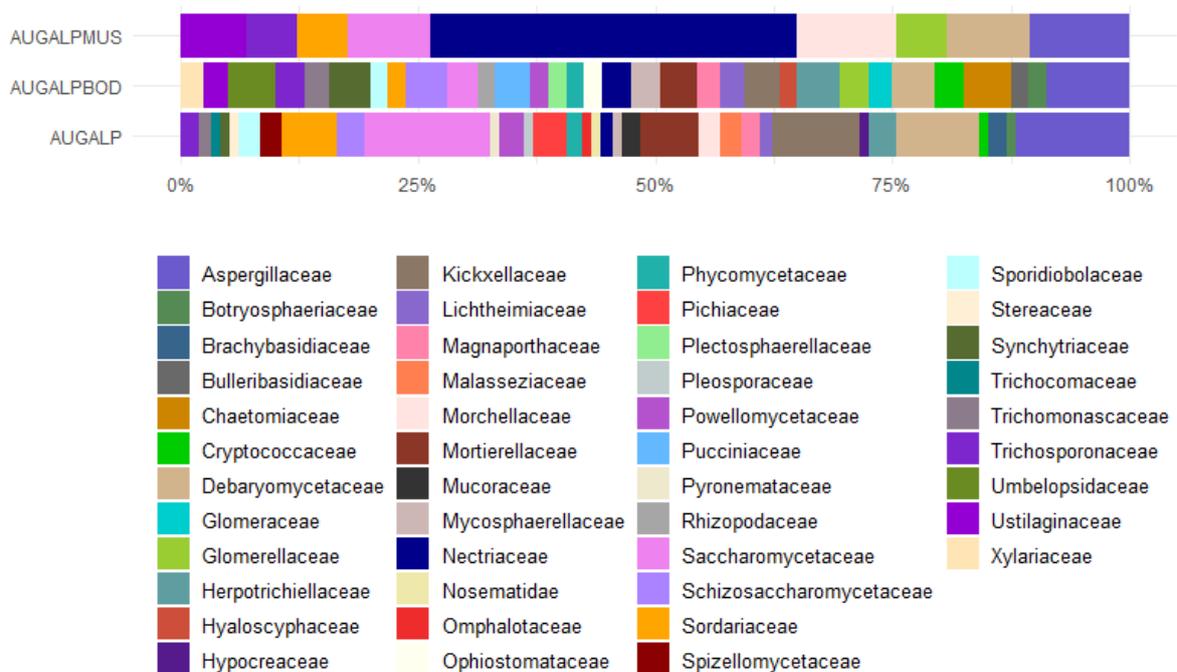


**Abbildung 28| Vergleich der Bodenprobe, Futter- und Kotproben der Alpakas aus Neunkirchen.** Jede der vier Proben weist eine hohe Anzahl an Familien auf, von denen *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae* und *Aspergillaceae* in allen Proben vorkommen. Weitere Gemeinsamkeiten zwischen den Proben sind *Sordariaceae* und *Debaryomycetaceae* (Pellet, Boden und Kot) sowie *Sporidiabolaceae* (Heu, Boden und Kot). In ihrer weiteren Zusammensetzung unterscheiden sich die Futterproben jedoch stark von den Kotproben, was bei den Pellets durch die hohe relative Häufigkeit von fünf Familien (*Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Chaetomiaceae*) beeinflusst wird. Die Heuprobe weist sechs Familien (*Sporidiabolaceae*, *Rhizopodaceae*, *Filobasidiaceae*, *Cryptococcaceae*, *Bulleribasidiaceae* und *Aureobasidiaceae*), die allerdings kaum Übereinstimmungen mit der Kotprobe aufweisen. Bei der Analyse der Bodenprobe im Vergleich zu den Kotproben zeigen sich viele Berührungspunkte, wie die Familien *Umbelopsidaceae*, *Mortierellaceae*, *Malasseziaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae* und *Glomeraceae* in ihrer ähnlichen relativen Häufigkeit zeigen. Die Bodenprobe weist eine höhere Regelmäßigkeit als die Futterproben auf, da keine Familie, abgesehen der *Aspergillaceae*, die Zusammensetzung dominiert.



**Abbildung 29| Vergleich der Bodenprobe, Futter- und Kotproben der Dromedare aus Landau.** Die Kotproben weisen eine deutlich geringere Vielfalt der Familien im Vergleich zu den weiteren Proben auf, jedoch sind in allen Proben *Saccharomycetaceae*, *Glomerellaceae* und *Aspergillaceae* vertreten. Die Strohprobe zeigt eine hohe Anzahl an Familien, jedoch wird die Probe von der Anwesenheit der *Aspergillaceae* dominiert. Die weiteren Futterproben zeigen ebenfalls eine große Vielfalt, allerdings haben trotz der hohen Anwesenheit von *Nectriaceae* weitere Familien, unter anderem *Malasseziaceae* (Pellet 1), einen signifikanten Einfluss auf die Zusammensetzung. Beim Betrachten der Heuprobe ist auffällig, dass vier Familien, *Nectriaceae*, *Mycosphaerellaceae*, *Glomerellaceae* und *Aspergillaceae*, einen besonderen Einfluss durch ihre relative Häufigkeit auf das Mycobiom haben. Dagegen ist die Bodenprobe gleichmäßiger und wird von keiner Familie dominiert. Dafür zeigen sich Berührungspunkte mit den Kotproben, da die Familien *Pichiaceae*, *Mycosphaerellaceae*, *Mortierellaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae* und *Debaryomycetaceae* in beiden Datensätzen nachgewiesen sind.

Während Anzahl der Pilzfamilien in den verschiedenen Proben oft ähnlich sind, unterliegt die der Kotproben der Dromedare aus Landau (Abbildung 29) die der weiteren Proben. Die Futterproben werden dabei jedoch von einer Familie (*Aspergillaceae* oder *Nectriaceae*) dominiert, wohingegen die Bodenprobe eine regelmäßige Verteilung aufweist. In allen Proben treten die Familien *Saccharomycetaceae*, *Glomerellaceae* und *Aspergillaceae* auf, allerdings sind die Übereinstimmungen zwischen der Bodenprobe und den Kotproben (neun identische Familien) deutlich größer als zwischen den Futter- und Kotproben (*Schizosaccharomycetaceae* und *Debaryomycetaceae*). Dafür treten in den Futterproben Familien auf, die nur einmal nachweisbar sind (*Malasseziaceae*, Pellet 1), aber einen erheblichen Einfluss auf das Mycobiom besitzen.



**Abbildung 30| Vergleich der Boden-, Futterprobe und Kotproben der Alpakas aus Augsburg.** Zwischen den drei Datensätzen sind fünf gemeinsame Familien, *Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*, festzustellen, wobei die relativen Häufigkeiten stark voneinander abweichen. Die Müsliprobe zeigt mit neun verschiedenen Familien, mit einer Dominanz der *Nectriaceae*, eine geringe Anzahl im Mycobiom, während der Bodenprobe und den Kotproben eine deutlich höhere Vielfalt nachweisbar ist. Dadurch werden weitere Berührungspunkte der Bodenprobe und den Kotproben mit den Familien *Schizosaccharomycetaceae*, *Powellomycetaceae*, *Mortierellaceae*, *Magnaporthaceae*, *Kickxellaceae* und *Herpotrichiellaceae* ersichtlich.

Im Gegensatz zu vorigen Daten weist die Futterprobe der Alpakas aus Augsburg (Abbildung 30) die geringste Anzahl an Familien, wird allerdings wieder von *Nectriaceae* dominiert. Obwohl die Probe aus nur neun verschiedenen Familien besteht, stimmen fünf (*Sordariaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Nectriaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae*) davon mit der

Bodenprobe und den Kotproben überein. Die Gemeinsamkeiten der zuletzt genannten Proben können dann durch weitere Familien, wie *Mortierellaceae* und *Kickxellaceae*, erweitert werden. Auch zeigt keine der Familien eine ausgeprägte Dominanz, sodass die Verteilung regelmäßig erscheint.

## Viren

Da die Darstellung als Barplots aufgrund der unterschiedlichen Häufigkeiten sowie der großen Anzahl unterschiedlicher Virenspezies nicht möglich war, wurde die Darstellung als Krona-Plot gewählt. Dabei bildet der innere Kreis die Familien, während der äußere Kreis die Spezies veranschaulicht. Der Vorteil dieser Darstellung ist zudem die direkte Zuordnung der Spezies zu den Familien. Die Schwierigkeit bei den Spezies besteht darin, dass ihnen oftmals nur ein Read zugeordnet werden konnte, weshalb entschieden wurde, alle zugeordneten Reads zu verwenden. Zudem ist von einigen Reads die Sequenz bekannt, jedoch konnte noch nicht ermittelt werden, welchem Virus diese zugeordnet wird (im Plot als „NA“ angegeben). Zudem ist die Anzahl der gefundenen Viren stark abhängig von der gelesenen Read-Zahl bei der Sequenzierung. Aus diesem Grund die Qualität der Daten stark unterschiedlich (Tabelle 9).

## Zusammensetzung des Viroms

In allen Viromen ist erkennbar, dass die vorkommenden Familien sehr ähnlich sind, *Mimiviridae*, *Myoviridae*, *Phycodnaviridae* und *Siphoviridae* treten in fast jeder Probe auf, wovon den größten Teil die Familien *Myoviridae* und *Siphoviridae* stellen. Zu den Spezies, die in jeder Art nachweisbar sind, gehören *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211* und *Geobacillus virus E3*. Die Anzahl der verschiedenen Virenspezies zwischen den Proben schwankt stark (Anhang 1 bis Anhang 176).

Dagegen sind die Spezies vielfältiger, dennoch gibt es Gemeinsamkeiten in den Arten. Bei Betrachtung der Alpakas ist zu erkennen, dass 70 Spezies in mindestens fünf Einzelproben auftreten (Anhang 1 bis Anhang 10 und Anhang 13 bis Anhang 31 und Anhang 34 bis Anhang 38 und Anhang 42 bis Anhang 50). Das am häufigsten vertretene Virus ist das *Cafeteria roenbergensis virus*, welches in 35 Einzelproben gefunden wurde, gefolgt vom *Phaeocystis globosa virus* (30-mal vertreten). Weitere Spezies, die in mindesten 20 Proben gefunden wurden, sind die *Aeromonas virus 31*, *Aureococcus anophagefferens virus*, die *Bacillus phage phi4J1*, *Clostridium phage phiCD211*, *Clostridium phage phiCT453A*, *Enterobacteria phage phi92*, *Geobacillus virus E3*, *Only Syngen Nebraska virus 5*, *Paramecium bursaria Chlorella virus A1* und *Streptococcus phage Dp-1*. Die Daten lassen auf eine erhöhte Anwesenheit an Phagen im Virom schließen, da sie in vielen Proben vorhanden sind. Jedoch sind auch die

Viren in nicht geringer Anzahl vertreten. Obwohl es viele Übereinstimmungen zwischen den Viren in den Alpakas gibt, sind jedoch in allen 45 Proben insgesamt 438 verschiedene Virenspezies vorhanden, was auf Individualität der Daten rückschließen lässt. So ist die *Aeromonas phage PX29* nur in der Probe Alpaka Nummer 7 aus Krefeld zu finden, zu der sie nur einen Read aufweisen kann.

Da die Dromedare deutlich weniger Einzelproben aufweisen, wird die notwendige Anzahl der Einzelproben auf drei verringert, die die jeweiligen Virenspezies enthalten. Nach dieser Sortierung gibt es 34 Übereinstimmungen in den Spezies der 14 verschiedenen Dromedarproben, wovon die Spezies *Cafeteria roenbergensis virus* und *Clostridium phage phiCD211* in den meisten Proben (insgesamt 10-mal) vertreten sind. Wie bei den Alpakas sind die meisten gefundenen Virenspezies den Phagen zuzuordnen, die in mehreren Proben vorhanden sind. Dies zeigt die Anwesenheit der *Clostridium phage phiCT453A* und *Streptococcus phage Dp-1* in mehreren Proben der Dromedare. Jedoch sind auch bei dieser Art die Unterschiede deutlich größer als die Gemeinsamkeiten, da in den 14 Proben 158 verschiedene Spezies gefunden wurden (Anhang 51 bis Anhang 55 und Anhang 62 bis Anhang 69).

Wie die Dromedare weisen die Guanakos wenige Einzelproben auf, weshalb verglichen wurde, welche Virenspezies in mindestens drei Proben übereinstimmen. In 20 Guanakoproben stimmen 41 Spezies überein, was eine hohe Ähnlichkeit bedeutet, da nur 204 verschiedene in den Proben gefunden wurden. Die am häufigsten gefundenen Spezies, die in mindestens 10 Proben vorhanden sind, sind *Aeromonas virus 31*, *Bacillus phage phi4J1*, *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211*, *Enterobacteria phage phi92* und *Geobacillus virus E3*. Wieder wird eine hohe Anzahl an Phagen festgestellt, die vor allem den *Myoviridae* und *Siphoviridae* untergeordnet sind (Anhang 70 bis Anhang 88).

Da die Lamas 13 Einzelproben aufweisen, wurde nach Übereinstimmungen von mindestens drei Einzelproben geschaut. Dabei zeigten 26 von 198 Spezies eine Abundanz. Obwohl die Probenzahl deutlich geringer als bei den Guanakos ist, sind dennoch ähnliche viele Spezies gefunden worden. Jedoch zeigen sich weniger Übereinstimmungen, was für die Individualität der Proben bekräftigt. Sind die Spezies in mehreren Proben gefunden worden, handelt es sich zu 70 % um Phagen, wovon die meistens den *Bacillus* Phagen zuzuordnen sind. In mindestens 10 Proben wurden die Spezies *Clostridium phage phiCD211* und *Cafeteria roenbergensis virus* gefunden (Anhang 89 bis Anhang 97 und Anhang 100 bis Anhang 104).

Danach wurden die Trampeltiere verglichen, die mit 40 Einzelproben eine deutlich höhere Anzahl vorweisen. Werden nach Spezies gesucht, die in mindestens fünf Proben vorhanden sind, werden 56 gefunden, und 26, wenn die gewünschte Probenzahl auf 10 erhöht wird. Die häufigsten Spezies, die in mindestens 28 Proben gefunden wurden, sind *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211*, *Enterobacteria phage phi92*, *Geobacillus*

*virus E3* und *Streptococcus phage Dp-1*. Durch die Anwesenheit dieser Spezies wird die Gemeinsamkeiten der Arten deutlich, die zum einen in den immer wiederkehrende Virenspezies bestehen, aber auch in der gehäuften Abundanz der Phagen (Anhang 105 bis Anhang 130 und Anhang 134 bis Anhang 147).

Die Vikunjas weisen in ihren 26 Proben insgesamt 211 verschiedene Virenspezies auf, von denen 43 in mindestens drei verschiedenen Proben vertreten sind. Sieben davon sind in mindestens 10 Proben gefunden worden, zu denen die Spezies *Bacillus phage phi4J1*, *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211*, *Geobacillus virus E3*, *Megavirus chiliensis*, *Phaeocystis globosa virus* und *Streptococcus phage Dp-1* zählen. Viele dieser Spezies sind bereits in den weiteren fünf Arten nachgewiesen. Jedoch zeigt sich in dieser Auswahl keine Dominanz der Phagen, werden allerdings die gefundenen Spezies im Allgemeinen betrachtet, sind auch in den Vikunjas die Phagen in der Überzahl (Anhang 148 bis Anhang 159 und Anhang 162 bis Anhang 171 und Anhang 173 bis Anhang 176).

#### Vergleich der Virome der Futter-, Boden- und Kotproben

Beim Vergleich der Proben der Alpakas aus Augsburg können zwischen der Bodenprobe und den Kotproben einige Übereinstimmungen festgestellt werden, allerdings treten die meisten Spezies nur in einer individuellen Probe auf. Die Viren *Bacillus phage phi4J1*, *Cafeteria roenbergensis virus*, *Geobacillus virus E3*, *Microbacterium phage Min1*, *Microcystis aeruginosa phage Ma-LMM01*, *Only Syngen Nebraska virus 5*, *Streptococcus phage Dp-1* und *Streptomyces phage BRock* treten in mindestens zwei Kotproben sowie der Bodenprobe auf. Dagegen gibt es zwischen der Futterprobe und den Kotproben oder der Futter- und Bodenprobe keine Überschneidungen in Bezug auf die Virenspezies, wobei der Großteil der Viren in der Futterprobe der Familie der *Caulimoviridae* an, die in keiner anderen Probe der Alpakas aus Augsburg vertreten ist (Anhang 1 bis Anhang 12).

Dagegen zeigen die Alpakas aus Schwerin mit den Futterproben Berührungspunkte, da in beiden Futterproben sowie der Kotprobe die Viren *Clostridium phage c-st* und *Geobacillus virus E3* enthalten. Zwischen der Pellet- und der Kotprobe gibt es acht weitere Übereinstimmungen, von denen besonders *Clostridium phage phiCD211* und *Streptococcus phage Dp-1* erwähnenswert sind, da sie mindestens drei Reads aufweisen können. Beide Futterproben enthalten in der Mehrheit *Myoviridae*, insbesondere das *Escherichia virus P1* (Anhang 31 bis Anhang 33). Die Vielfalt ist durch diese Dominanz nicht eingeschränkt, allerdings sind die meisten Spezies so kaum von Bedeutung.

Bei den Alpakas aus Neunkirchen sind insgesamt 21 Virenspezies in der Boden-, Heu- und mindestens einer Kotprobe vorhanden, wobei die Viren *Aeromonas virus 31*, *Bacillus phage phi4J1*, *Cafeteria roenbergensis virus* und *Geobacillus virus E3* besonders interessant sind,

da sie in mehreren Kotproben abundant sind. Allerdings gibt es keine Übereinstimmungen zwischen der Pellet- und den Kotproben, obwohl die Pelletprobe eine große Vielfalt aufweist. Die größte Gemeinsamkeit der Pellet- und Heuprobe ist die Anwesenheit des Virus *Escherichia virus P1* (Anhang 34 bis Anhang 41).

Wie bei den Alpakas ist das Virus *Escherichia virus P1* auch bei den Dromedaren aus Landau in den Futterproben sowie der Boden- und Kotprobe vertreten. Dies zeigt die größte Abundanz in den Futterproben. Insgesamt sind 16 Spezies sowohl in der Kot-, als auch Bodenprobe und den Futterproben vorhanden, wobei nicht jede Spezies in jeder Futterprobe zu finden ist. Die Müsliprobe zeigt mit der Kotprobe die meisten Berührungspunkte, unter denen sich auch die Viren *Cafeteria roenbergensis virus*, der allgemein in vielen Dromedarproben anwesend ist, und *Aeromonas virus 31* befinden, die eine erhöhte Read-Zahl aufweisen. Jedoch sind die Probe allgemein sehr vielfältig, was die 198 verschiedenen Spezies in den Futterproben, der Boden- und Kotprobe zeigen (Anhang 55 bis Anhang 61).

Im Gegensatz zu den Alpakas und Dromedare ist das *Escherichia virus P1* nicht in den Futter- und Kotproben der Lamas aus Neunkirchen gefunden worden, allerdings werden die Futterproben von der Familie der *Baculoviridae* und *Caulimoviridae* dominiert. Werden Übereinstimmungen zwischen den Proben gesucht, fallen die Spezies *Agrotis ipsilon multiple nucleopolyhedrovirus*, *Agrotis segetum nucleopolyhedrovirus B*, *Catopsilia pomona nucleopolyhedrovirus* und *Pandoravirus dulcis* auf. Jedoch sind diese Spezies entweder keiner Familie zugeordnet oder *Baculoviridae* und *Caulimoviridae*, sodass keine Berührungspunkte mit den Kotproben vorhanden sind. (Anhang 94 bis Anhang 99)

Beim Vergleich der Kot-, Futterproben und der Bodenprobe der Trampeltiere aus Neunkirchen (Anhang 126 bis Anhang 133) wurden insgesamt 19 Spezies gefunden, die dort auftreten. Dabei sind die Spezies *Acanthocystis turfacea* *Chlorella virus 1* (*Phycodnaviridae*), *Aeromonas virus 31* (*Myoviridae*), *Clostridium phage phiCD211* und *Geobacillus virus E3* in mindestens fünf der acht Proben beinhaltet. Im Gegensatz zu weiteren Futterproben weisen diese keine Dominanz der *Caulimoviridae* auf, sondern eine hohe Dichte der *Myoviridae*. Viele der Übereinstimmungen treten allerdings nicht, wie in diesem Fall, in mehreren Proben auf, stattdessen sind maximal drei Berührungspunkte gegeben. Die Pellet- als auch die Heuprobe weisen einen hohen Wert des *Escherichia virus P1* auf, was bereits bei dem Futter der Alpakas feststellbar ist (Anhang 132 und Anhang 133).

Der Vergleich der Vikunjas aus Schwerin (Anhang 168 bis Anhang 172 und Anhang 32 bis Anhang 33) zeigt eine Übereinstimmung in 33 Spezies zwischen den Futter- und Kotproben, wobei das *Escherichia virus P1* nur in den Futterproben nachgewiesen wurde. Dabei werden die Grünfutter- und die Pelletprobe von diesem dominiert, jedoch zeigt die Heuprobe eine größere Vielfalt, die vor allem durch die Abundanz von *Baculoviridae* und *Nudiviridae* unterstützt wird. Die am meisten vertretenen Spezies sind *Geobacillus virus E3* (*Siphoviridae*)

und *Megavirus chiliensis* (*Mimiviridae*), die in der Betrachtung aller Vikunjas bereits stark vertreten waren. Die Futterproben zeigen jedoch eine deutlich größere Vielfalt als die Kotproben, weshalb mehr Übereinstimmungen nicht hervorgebracht werden konnten.

Dagegen zeigen die Vikunjas aus Neuwied mit zehn Spezies deutlich weniger Berührungspunkte, *Acanthocystis turfacea*, *Chlorella virus 1*, *Bacillus virus JBP901*, *Cafeteria roenbergensis virus*, *Clostridium phage phiCD211*, *Gryllus bimaculatus nudivirus*, *Megavirus chiliensis*, *Phaeocystis globosa virus*, *Staphylococcus phage SPbeta-like*, *Streptococcus phage 315.1* und *Synechococcus phage S-CAM7*, zwischen den Futter- und die Kotproben. Eine besondere Übereinstimmung ist das *Gryllus bimaculatus nudivirus*, da es zu der Familie der *Nudiviridae* gehört, diese nur selten bei den Futter- und Kotproben auftritt (Anhang 158 bis Anhang 161).

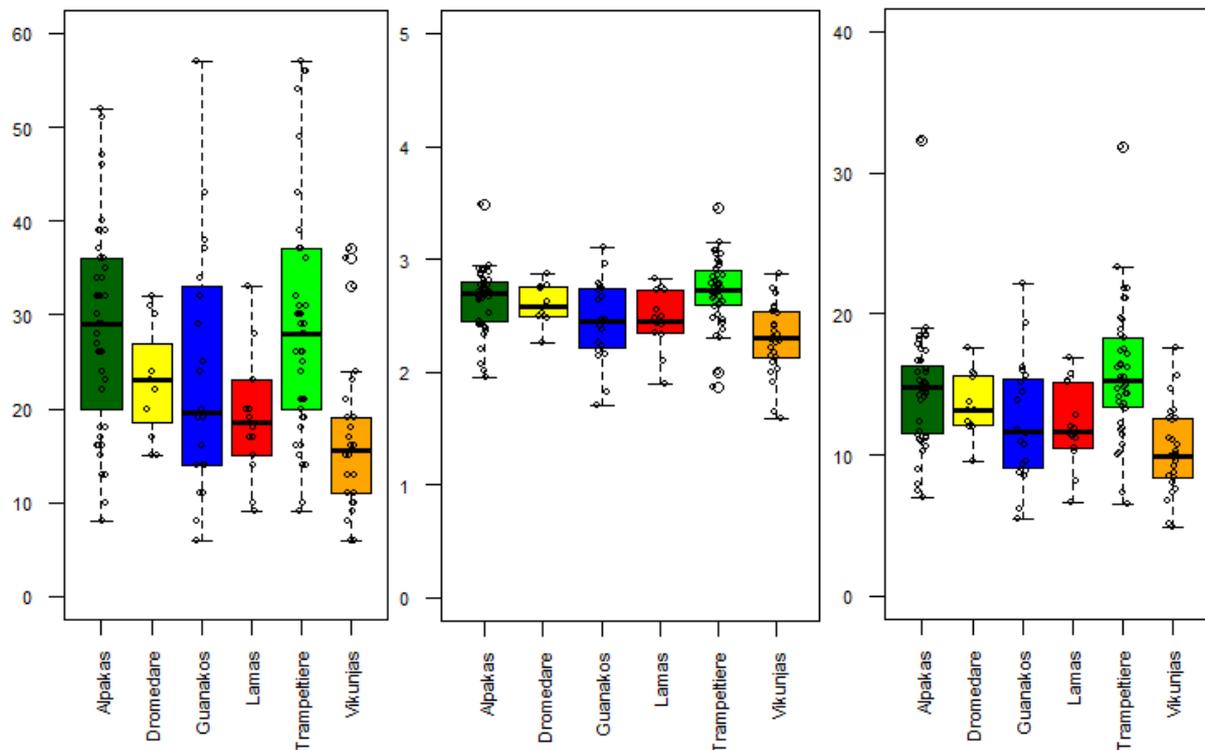
## Vergleich der Vielfalt und Zusammensetzung des Mikrobioms

Die Barplots und die Krona-Diagramme liefern einen Überblick, welche Familie in den Proben vorhanden sind. Da viele allerdings nur in einer geringen Häufigkeit vorliegen, ist die Beurteilung, wie viele Familien exakt in der Probe abundant sind, damit nicht zu beantworten. Deshalb werden im Folgenden drei verschiedene Parameter betrachtet, die die Anzahl der verschiedenen Familien (Richness) sowie die Kombination mit der relativen Häufigkeit (Shannon-Index, ENS) darstellen. Dazu werden Boxplots verwendet, die den Median sowie die Abweichung von diesem angeben.

### Bakterien

Die Anzahl der unterschiedlichen Bakterienfamilien ist stark von der betrachteten Art abhängig (Abbildung 31), was durch die Richness (links) dargestellt wird. So haben Alpakas im Durchschnitt 29, Vikunjas aber nur 16 verschiedene Familien in ihren Daten. Die Arten mit weniger Stichproben (Dromedare, Guanakos, Lamas und Vikunjas) zeigen einen geringeren Median, während die Alpakas und Trampeltiere, deren Daten aus mehr als 40 Einzelproben bestehen, einen höheren Durchschnitt haben. Auch fällt auf, dass die Streuung mit einem größeren Datensatz höher wird. Eine Ausnahme davon zeigt sich in den Guanakos, die eine Datenmenge von 22 Einzelproben aufweisen, aber die größte Streuung zeigen. Im Gegensatz zu den anderen Arten ist der Median nicht ausgeglichen in der Hälfte der Quartile, sondern im unteren Viertel, was eine deutliche Unausgeglichenheit der Proben bedeutet. Dies wird durch die hohe Anzahl an Ausreißern bestätigt. Dagegen weisen die Daten der Dromedare und Lamas einen geringen Ausschlag und kaum Ausreißer auf. Die Zusammensetzung der

Vikunjas zeigt einen geringer Median, dafür aber auch Ausreißer, die weit über dem Durchschnitt liegen (BERVIK2 mit 37 Familien).



**Abbildung 31| Vergleich der Kamelartigen in Bezug auf die Richness (links), den Shannon-Index (Mitte) und die ENS (rechts) der Bakterien in den Kotproben.** Die Anzahl der ermittelten Bakterienfamilien steigt im Durchschnitt mit der Anzahl der Proben, wie anhand der Richness der Alpakas mit 29 und Trampeltiere bei 28 zu erkennen ist. Bei diesen Proben ist die Abweichung am größten, wobei die Guanakos (Median von 20) die Ausnahme bilden. Der geringste Median zeigt sich bei den Vikunjas mit einem Wert von 16, wobei diese Art starke Ausreißer aufweist. Die Dromedare zeigen einen Median von 23 und die Lamas von 19. Die Guanakos zeigen eine große Streuung mit niedrigen Minimal- und hohen Maximalwerten, zudem ist der Median unausgeglich und ist zu einem geringeren Wert als der Hälfte verschoben. Die weiteren Proben zeigen keine große Abweichung von der Mitte der Quartile. Der Shannon-Index ist bei allen Arten ähnlich bei dem Wert von 2,5. Dabei zeigen die Alpakas und die Trampeltiere Ausreißer, jedoch sind die Minimal- und Maximalwerte unausgeprägter als die der Guanakos. Alle Arten zeigen eine stärkere Abweichung des Medians von der Mitte der Quartile. Die ENS zeigt ein ähnliches Bild zu dem Shannon-Index, jedoch sind die Ausreißer der Alpakas und Trampeltiere deutlicher. Die Werte bewegen sich zwischen 10 (Vikunjas) und 15 (Trampeltiere).

Obwohl die Anzahl der unterschiedlichen Familien stark voneinander abweicht, ist der Shannon-Index (Abbildung 31, Mitte) kaum voneinander abweichend. Da für diese Berechnung die Häufigkeit der einzelnen Familien zusätzlich zu der Anzahl betrachtet wird, lässt sich daraus entnehmen, dass trotz erhöhter Vielfalt der Einfluss durch geringe Anwesenheit auf das Mikrobiom niedrig ist. Es sind allerdings die gleichen Tendenzen wie bei der Richness zu erkennen. Wieder haben die Alpakas und die Trampeltiere den höchsten

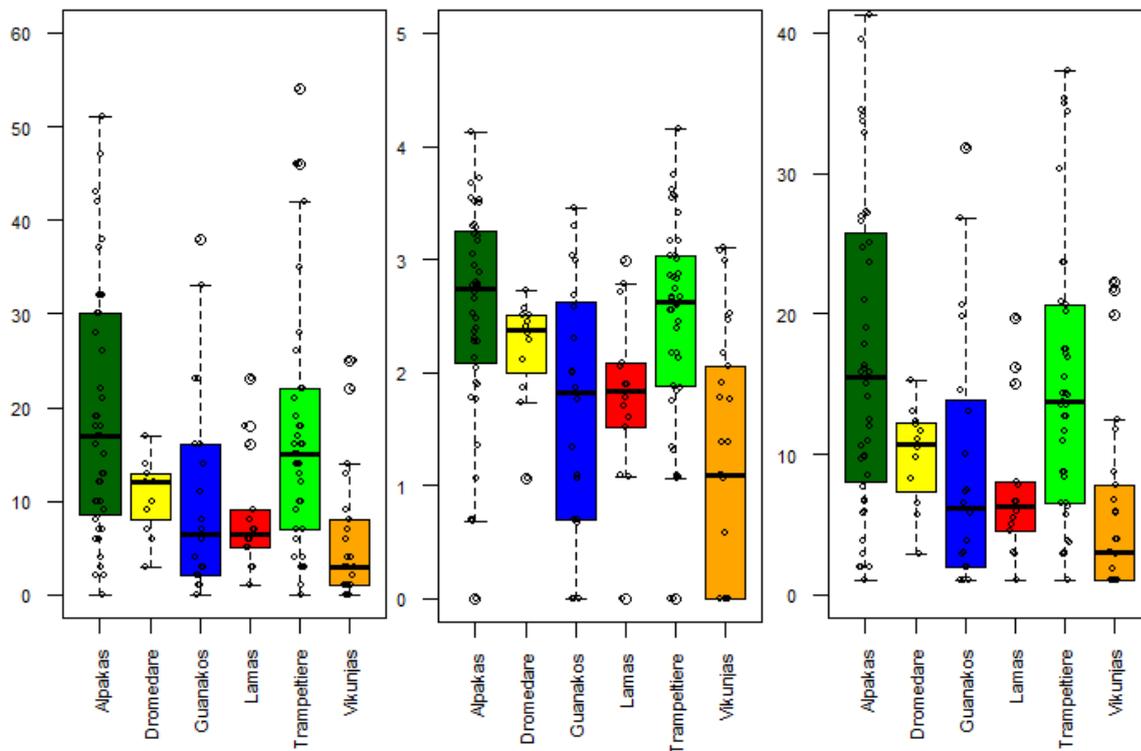
Median, während die Vikunjas den niedrigsten Wert innehaben. Auch zeigen die Guanakos die größte Streuung, wobei die größten Ausreißer bei den Alpakas und den Trampeltieren zu finden sind. Bei diesen Arten ist der Median auch von der Mitte verschoben, was eine Verlagerung zu einem höheren (Alpakas) bzw. einen niedrigeren Wert (Trampeltiere) zur Folge hat.

Die Verlagerung des Medians von Shannon-Index und ENS (Abbildung 31, rechts) zeigen ähnliche Verschiebungen, was durch den mathematischen Zusammenhang zwischen Shannon-Index und ENS erklärt wird. Die Ausreißer der Alpakas und Trampeltiere werden durch diese Darstellung noch deutlicher. Der Unterschied zwischen der Richness, die alle Familien umfasst, und der ENS, die aus dem Shannon-Index errechnet wird, besteht in der Häufigkeit der Familien, die damit Einfluss auf den Wert nehmen. Deshalb ist der Wert der ENS deutlich geringer als der der Richness.

Im Allgemeinen zeigt sich eine starke Abhängigkeit der drei Faktoren von der Anzahl der Reads (Anhang 177, Anhang 178, Anhang 179), wie die Trendlinie (rot) in dem jeweiligen Diagramm zeigt. Je mehr Reads sequenziert und zugeordnet werden konnten, desto mehr Familien werden sowohl im signifikanten (ENS) als auch im nicht-signifikanten (Richness) Bereich gefunden. Die Bereiche der hohen Read-Zahlen haben jedoch nicht die Anzahlen an unterschiedlichen Familien linear beeinflusst, sodass dies nicht unendlich gestiegen ist.

## *Pilze*

Wie bei den Bakterien zeigt die Richness (Abbildung 32, links) der Alpakas und Trampeltiere den größten Median, während bei den Vikunjas der niedrigste vorliegt. Die Dromedare, Guanakos, Lamas und Vikunjas zeigen eine Verschiebung des Medians von der Hälfte der Quartile, was bedeutet, dass die Werte eine Unausgeglichenheit beinhalten. Die Dromedare zeigen einen stark verschobenen Median zu größeren Werten, wohingegen die Lamas und Vikunjas einen verschobenen Median zu geringeren Werten aufzeigen. Je weniger Proben vorhanden sind, desto geringer ist die Streuung der Daten und damit der Interquartilsabstand. Eine Ausnahme davon bilden die Proben der Guanakos, die eine große Streuung, damit einen abweichenden Median und eine große Box aufgrund der abweichenden Quartile vorweisen. Ausreißer sind sowohl bei Arten mit weniger Proben (Guanakos, Lamas und Vikunjas) als auch bei solchen mit einer größeren Probenzahl (Trampeltiere). Alle Ausreißer sind größere Werte als die des Maximums, wobei das Minimum geringgehalten ist, wie der Wert von 0 bei den Alpakas, Guanakos, Trampeltieren und Vikunjas zeigt.



**Abbildung 32| Vergleich der Anzahl der Pilzfamilien in Bezug auf die Richness (links), den Shannon-Index (Mitte) und die ENS (rechts) in den Kotproben.** Die Streuung der Richness ist in den Daten der Alpakas (Median von 18 mit Interquartilsabstand von 9 bis 30), Trampeltiere (Median von 17 mit Interquartilsabstand von 7,5 bis 22) und Guanakos (Median von 7 mit Interquartilsabstand von 2 bis 17,5) deutlich erkennbar. Dabei sind die Minimal- und Maximalwerte ebenfalls stark ausgeprägt, wobei jeder Minimalwert bei 0 liegt. Die Dromedare (Median von 12 mit Interquartilsabstand von 9 bis 12,5), Lamas (Median von 7 mit Interquartilsabstand von 6 bis 13) und Vikunjas (Median von 4 mit Interquartilsabstand von 2 bis 8) zeigen dagegen eine geringere Streuung, somit auch geringere Ausschläge bei den Minimal- und Maximalwerten. Ausreißer treten bei Guanakos (38), Lamas (18 bis 23), Trampeltiere (47 und 54) und Vikunjas (22 und 24) auf. Der Shannon-Index zeigt bei den Alpakas (Median von 2,75 mit Interquartilsabstand von 2,05 bis 3,2), Guanakos (Median von 2,9 mit Interquartilsabstand von 0,75 bis 2,6) und den Vikunjas (Median von 1 mit Interquartilsabstand von 0 bis 2) die größte Streuung der Quartile, wobei auch nur die Alpakas einen Ausreißer mit dem Wert 0 beinhalten. Die Dromedare (Median von 2,3 mit Interquartilsabstand von 2 bis 2,5), Lamas (Median von 2,75 mit Interquartilsabstand von 1,55 bis 2,05) und Trampeltiere (Median von 2,7 mit Interquartilsabstand von 1,9 bis 3) zeigen eine geringere Verteilung der Einzelproben, wobei in jeder Art Ausreißer auf 0 (Lamas und Trampeltiere) oder 1 (Dromedare) festgestellt werden. Bei der ENS zeigen die Alpakas (Median von 15 mit Interquartilsabstand von 8 bis 26), Guanakos (Median von 8 mit Interquartilsabstand von 2 bis 13) und Trampeltiere (Median von 13,5 mit Interquartilsabstand von 7 bis 21) die größten Abstände der Quartile, mit weiteren Ausschlägen zum Minimum und Maximum. Ausreißer sind nur den Guanakos (32), Lamas (15 bis 20) und Vikunjas (20 bis 22) festzustellen. Die Dromedare (Median von 10,5 mit Interquartilsabstand von 8 bis 12), Lamas (Median von 6 mit Interquartilsabstand von 4 bis 8) und Vikunjas (Median von 3 mit Interquartilsabstand von 1 bis 8) zeigen ohne die Ausreißer eine geringe Streuung der Einzeldaten.

Die Verteilung der Proben nach der Berechnung des Shannon-Index (Abbildung 32, Mitte) verhält sich ähnlich zu der der Richness, da die Alpakas den größten Median mit 2,8 zeigen, während die Vikunjas den niedrigsten mit 1,05 vorweisen. Jedoch zeigen die Vikunjas nun

keine Ausreißer mehr, dafür einen deutlich größeren relativen Interquartilsabstand und ein Quartil beim Minimum von 0. Die Guanakos weisen ein ähnliches Bild (mit einem größeren Median) wie die Vikunjas, jedoch ist die untere Grenze nicht das untere Quartil, sondern der Minimalwert. Die Alpakas, Lamas und Trampeltiere besitzen in ihren Daten ebenfalls Proben mit einem Shannon-Index von 0, die jedoch als Ausreißer gewertet werden. Die Daten der Dromedare zeigen ebenfalls Ausreißer nach unten, haben aber vergleichsweise mit den Alpakas oder Guanakos einen geringeren Quartilsabstand (Alpakas liegen zwischen 2 und 3,2, während die Guanakos einen Bereich von 0,7 bis 2,5 abdecken) und geringere Ausschläge bei den Minimal- und Maximalwerten. Nur die Lamas zeigen einen Ausreißer in größere Werte.

Aufgrund der engen Verknüpfung von ENS und Shannon-Index zeigen sich einige Übereinstimmungen mit dem Plot des Index. Die Verteilung der Mediane ist mit dem größten Wert bei den Alpakas (15), dann der Trampeltiere (13,5), Dromedare (10,5), Lamas (6) und Guanakos (8) sowie dem geringsten Wert bei den Vikunjas (3) (Abbildung 32, rechts) in der relativen Reihenfolge gleich der der Shannon-Indizes. Die Alpakas weisen einen hohen Interquartilsabstand von 8 bis 26 auf, sowie eine hohe Maxima- (42) sowie geringe Minimalgrenzen (1) auf. Diese Minimalgrenze ist identisch zu der der Guanakos, Lamas, Trampeltiere und Vikunjas, wobei bei diesen Daten die Minimalgrenze und die untere Quartilgrenze identisch sind. Dagegen ist das Maximum der Vikunjas bei 12 und das Maximum des Quartils bei 8, es zeigen sich jedoch Ausreißer bei 20 bis 22. Die Lamas zeigen ebenfalls Ausreißer, die von 15 bis 20 verlaufen, wobei das Maximum bei 8 liegt. Die Trampeltiere weisen einen großen Interquartilsabstand (7 bis 21) auf, jedoch sind die Minimal- (1) und die Maximalgrenze (37) deutlich abweichend, sodass eine große Streuung der Daten vorliegen muss. Die Guanakos zeigen einen geringen Median mit einem großen Interquartilsabstand (2 bis 13), allerdings sind das Maximum (27) und die Ausreißer (32) deutlich über dem Median gelegen.

Wie bei den Bakterien zeigt sich ein deutlicher Zusammenhang zwischen der Anzahl der Reads und der Richness (Anhang 180), dem Shannon-Index (Anhang 181) sowie der ENS (Anhang 182), der durch die rote Trendlinie dargestellt wird. Besonders bei der ENS wird diese Tatsache deutlich, da die Anzahl an Ausreißern gering ist.

## *Viren*

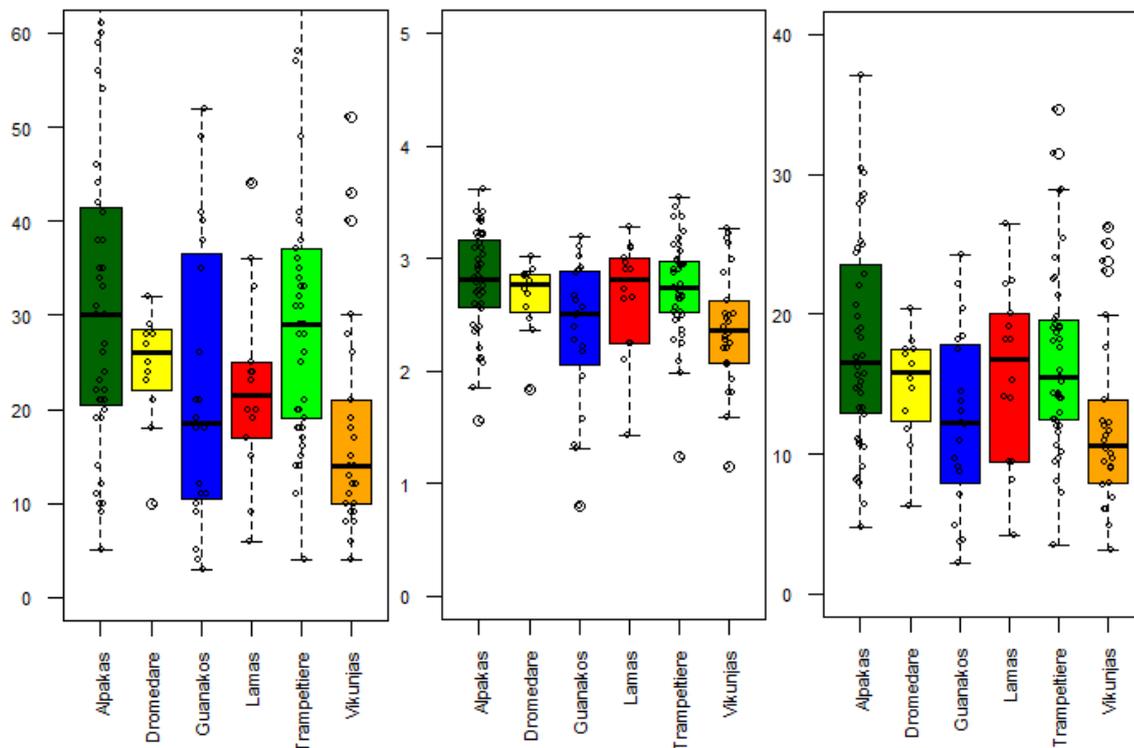
Während bei den Bakterien und Pilzen die Familien betrachtet wurden, werden für die Viren die Spezies herangezogen. Dabei ist die Anzahl der Spezies in den Proben mit der Anzahl an Bakterien- oder Pilzfamilien vergleichbar. Dies zeigt sich an der Skalierung der Richness (Abbildung 33, links). Die Alpakas weisen den höchsten Median (30) auf, während die Vikunjas

(14) den geringsten Wert besitzen. Dazwischen liegen in der Reihenfolge von größerem zu niedrigerem Median die Trampeltiere (29), Dromedare (26), Lamas (21,5) und Guanakos (19). Die Streuung der Anzahl ist bei den Dromedaren, Lamas und Vikunjas im Vergleich geringer, allerdings weisen diese Daten Ausreißer auf. Bei den weiteren Arten sind die Interquartilsabstände größer, bzw. die Minima und Maxima weisen eine größere Spanne auf, ohne jedoch Ausreißer zu zeigen. Obwohl die Guanakos aus weniger Einzelproben bestehen, weisen sie den größten Abstand der Quartile auf. Die Mediane von Alpakas, Lamas und Trampeltieren sind nicht signifikant von der Mitte der Interquartilsabstände abweichend, was eine regelmäßige Verteilung der Anzahlen bedeutet. Im Gegensatz dazu sind bei den Dromedaren, Guanakos und Vikunjas die Mediane verschoben, was auf eine ungleichmäßige Verteilung schließen lässt.

Die Streuungen bei den errechneten Shannon-Indizes sind deutlich geringer als bei der reinen Anzahl der Spezies (Abbildung 33, Mitte), jedoch weisen alle Arten außer den Lamas Ausreißer auf. Obwohl die Trampeltiere bei der Richness den zweitgrößten Median (2,7) innehatte, sind die Mediane der Shannon-Indizes der Lamas (2,8) und Dromedare (2,75) höher. Den größten Wert haben die Alpakas (2,8) gemeinsam mit den Lamas. Weiterhin die geringsten Werte weisen die Guanakos (2,5) und Vikunjas (2,35) auf. Jedoch liegen alle Werte eng beieinander und der Bereich inklusive Minima und Maxima deckt maximal die Werte von 1,3 bis 3,2 (Guanakos) ab. Dabei zeigen die Daten der Guanakos wieder die größte Ausdehnung des Interquadrilsabstandes.

Eine ähnliche Tendenz der Mediane ist ebenfalls bei der ENS erkennbar. Die Lamas (17) zeigen den größten Wert, gefolgt von den Alpakas (16,5), Dromedaren (16), Trampeltieren (15), Guanakos (12,5) und Vikunjas (10). Die Abstände der Quadrile ist deutlich geringer als im Vergleich zu denen der Richness, jedoch sind die Mediane verschoben von der Mitte der Quadrile, was bei den Lamas schlussfolgern lässt, dass die ENS zu größeren Werten verschoben ist, auch wenn niedrigere Werte auch vorhanden sind. Eine gegenteilige Entwicklung ist bei den Daten der Alpakas zu erkennen, die eher zu niedrigeren Werten neigen. Während die Trampeltiere bei der Richness einen deutlich höheren Wert als die Lamas aufweisen konnten, ist der Median bei der ENS geringer. Jedoch sind Ausreißer bei den Trampeltieren nachweisbar, wohingegen die Daten der Lamas keine aufweisen. Ebenfalls zeigen die Daten der Vikunjas Ausreißer.

Eine Anhängigkeit der Reads und der Richness (Anhang 183), des Shannon-Index (Anhang 184) und der ENS (Anhang 185) kann durch die Tendenzlinie (rot) gezeigt werden



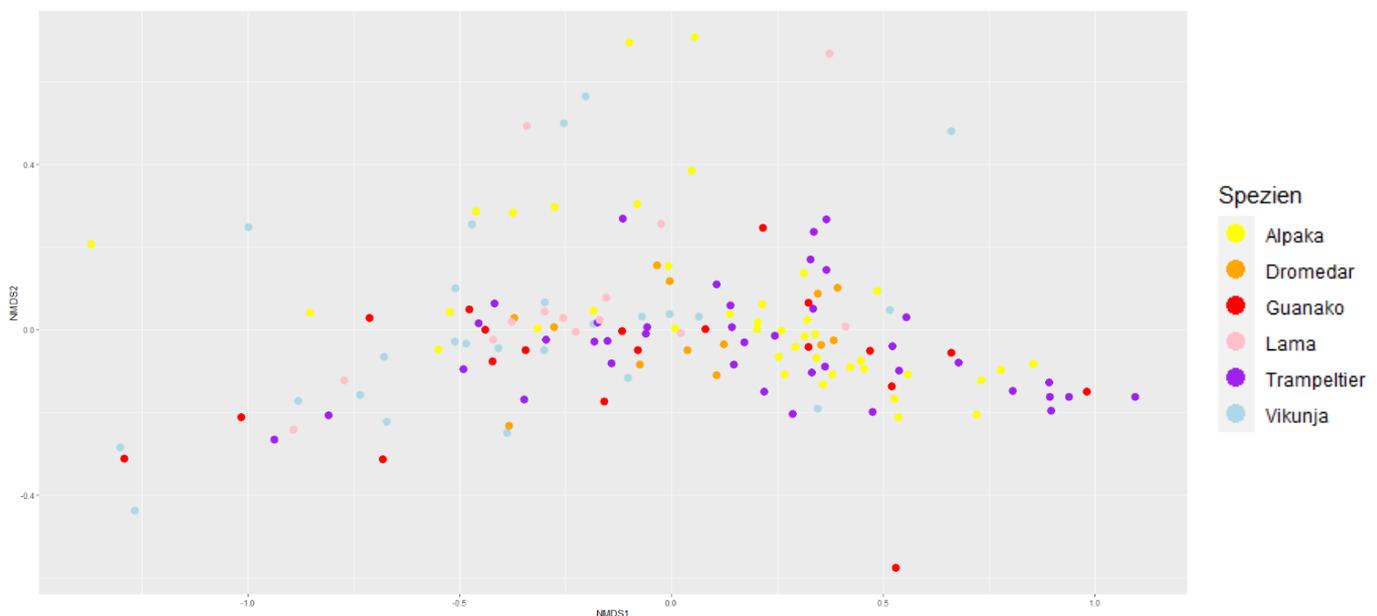
**Abbildung 33| Vergleich der Anzahl der Virenspezies in Bezug auf die Richness (links), den Shannon-Index (Mitte) und die ENS (rechts) in den Kotproben.** Die größten Interquartilsabstände bei der Richness weisen die Alpakas (Median von 30 mit Quartilen von 20,5 bis 41), Guanakos (Median von 19 mit Quartilen von 10 bis 36) und Trampeltiere (Median von 29 mit Quartilen von 19,5 bis 37) auf. Dabei liegen keine Ausreißer aus dem Minimal- oder Maximalbereich vor. Im Gegensatz dazu zeigen die Dromedare (Median von 26 mit Quartilen von 22 bis 28,5), Lamas (Median von 21,5 mit Quartilen von 18 bis 25) und Vikunjas (Median von 14 mit Quartilen von 10 bis 20,5) einen engeren Plot, allerdings auch Ausreißer sowohl zu kleineren Werten (Dromedare) als auch größeren (Lamas und Vikunjas). Der Shannon-Index zeigt für die Alpakas (Median von 2,8 mit Quartilen von 2,6 bis 3,1), Dromedare (Median von 2,75 mit Quartilen von 2,55 bis 2,85), Guanakos (Median von 2,5 mit Quartilen von 2 bis 2,9), Lamas (Median von 2,8 mit Quartilen von 2,25 bis 3), Trampeltiere (Median von 2,7 mit Quartilen von 2,5 bis 2,95) und Vikunjas (Median von 2,35 mit Quartilen von 2 bis 2,6) kleinere Streuungen. Alle Arten außer den Lamas weisen Ausreißer in geringere Werte auf. Die ENS-Daten zeigen nur bei den Trampeltieren (Median von 15 mit Quartilen von 12 bis 19,5) und Vikunjas (Median von 10 mit Quartilen von 8 bis 13) Ausreißer, während die Alpakas (Median von 16,5 mit Quartilen von 12,5 bis 23), Dromedare (Median von 16 mit Quartilen von 12 bis 17,5), Guanakos (Median von 12,5 mit Quartilen von 8 bis 18) und Lamas (Median von 17 mit Quartilen von 9,5 bis 20) alle Daten zwischen dem Minimum und Maximum verzeigen.

## Beta-Diversität

Nachdem die Zusammensetzung des Mikrobioms aufgezeigt wurde, womit bereits Ähnlichkeiten und Unterschiede erkennbar waren, soll nun die Distanzanalyse zeigen, wie ähnlich bzw. verschiedenen die Daten der Arten sind. Dafür wurde nach Bray-Curtis eine Distanzmatrix berechnet, die in einem zweidimensionalen NMDS-Plot dargestellt wird.

## Bakterien

Die Abstände zwischen zwei Punkten zeigen, wie ähnlich oder unähnlich die Daten der Proben sind. Je größer der Abstand, desto signifikanter sind die Unterschiede zwischen den Daten. Wie in Abbildung 34 zu erkennen ist, sind die Abstände zwischen den Daten sehr unterschiedlich, wobei vor allem die Abstände in einer Art interessant sind. Keine der Arten konzentriert sich mit einem bestimmten Abstand zueinander, sondern alle Arten sind verteilt über den gesamten Plot. Nur die Dromedare sind vorwiegend mittig zu finden, während die weiteren Arten sich auch durch größere Abstände zu den eigenen als auch den fremden Proben orientieren. Jedoch ist keine Clusterbildung erkennbar. Der Großteil der Datenpunkte befindet sich im Zentrum, wobei die Ausbreitung in x-Richtung deutlich ausgeprägter als diese in y-Richtung ist.

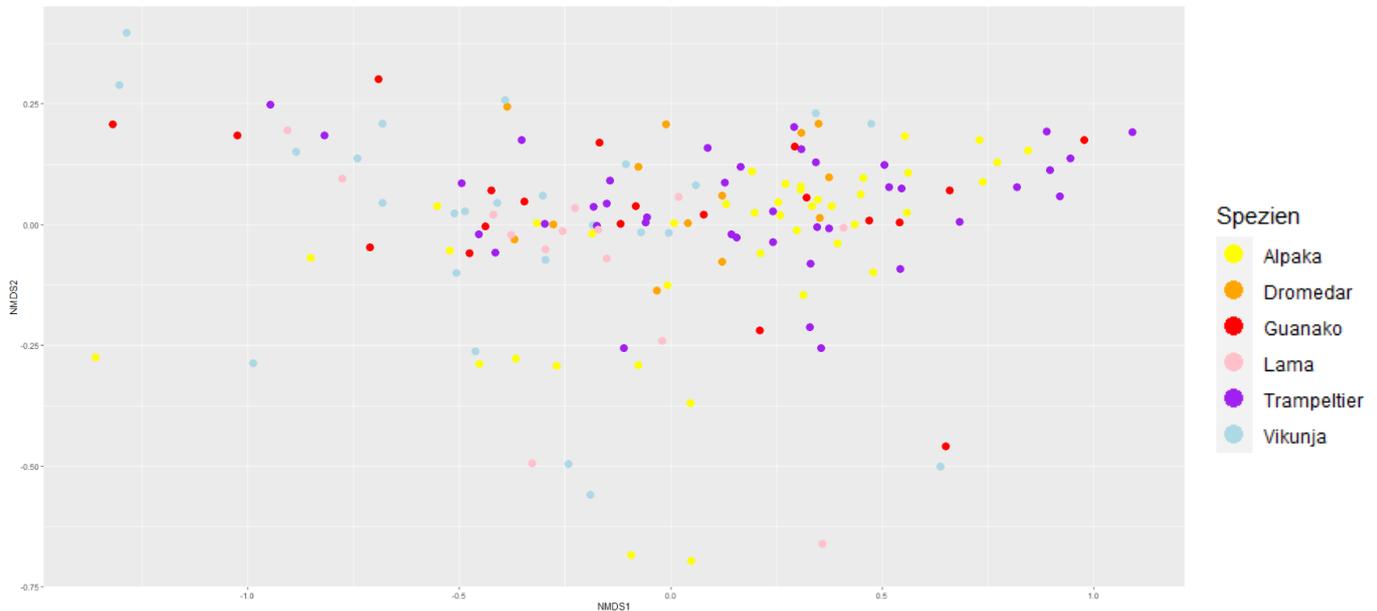


**Abbildung 34| Unterscheidungsanalyse der Bakterienfamilien in einem NMDS-Plot.** Der NMDS-Plot mit der Distanzmatrix wird zur Untersuchung von Ähnlichkeiten und Unterschieden der Bakterienfamilien verwendet. Es fällt auf, dass keine der Arten sich stark zueinander orientiert, sondern alle über den Plot verteilt liegen. Der Hauptteil der Daten befindet sich in der Mitte des Plots, wozu alle Familien zählen, jedoch gibt es auch einige Datenpunkte, weiter entfernt vom Zentrum liegen. Dazu zählen eine Guanako-Probe sowie zwei Alpaka-Proben, die der hauptsächlichsten Verzerrung in der x-Richtung entgegenstehen.

## Pilze

Wie bei den Bakterien zeigen auch die Daten der Pilze keine Clusterbildung (Abbildung 35). Auf der NMDS2-Achse ist der Großteil der Punkte um den Wert 0,00 zu finden, es sind jedoch mehr Werte in den negativen Bereich, was besonders durch die Alpakas deutlich wird. Die

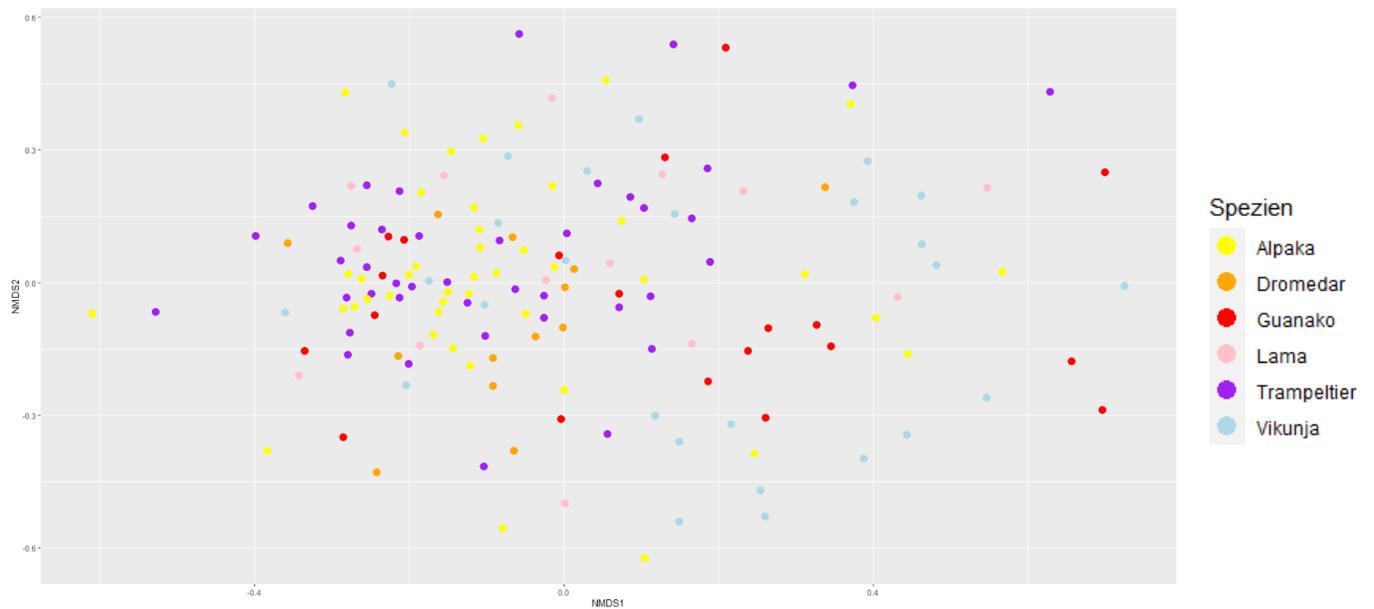
gleiche Beobachtung trifft auch auf die NMDS1-Achse zu, wobei diese Verschiebung durch ein Alpaka, zwei Vikunja und ein Guanako hervorgerufen wird. Wieder zeigen die Dromedare in ihrer Gesamtheit den engsten Zusammenhalt, wohingegen die Vikunjas und Alpakas die größte Streuung der Punkte zeigen. Die Trampeltiere sind in der NMDS1-Richtung weit voneinander entfernt, jedoch sind sie in der NMDS2-Richtung kompakt um den Ursprung herum.



**Abbildung 35| Unterschiedsanalyse der Pilzfamilien in einem NMDS-Plot.** Die Abstände innerhalb einer Art und zwischen den Arten sind ähnlich, sodass keine Clusterbildung für eine Art entsteht. Nur die Dromedare sind komplett zentral gehalten, während jede weitere Art über den Plot verteilt ist. Besondere Ausreißer gibt es bei den Alpakas (NDMS1- und NMDS2-Richtung) sowie den Vikunjas und Guanakos (beide NMDS1-Richtung).

## Viren

Während bei den Bakterien und den Pilzen eine gewisse Ansammlung um den Nullpunkt der Achsen zu finden war, sind bei den Virenspezies Anhäufungen nicht zu erkennen (Abbildung 36). Die Abstände innerhalb der Arten und zu unterschiedlichen Arten zeigt keine Regelmäßigkeit, sodass die Datenpunkte einer Art nicht näher beieinander sind. Dadurch ist es nicht möglich, dass sich Cluster ausbilden. Die Daten, die am wenigsten in sich selbst abweichen, sind die der Dromedare und der Lamas. Während die meisten Datenpunkte der Alpakas eng beieinander liegen, gibt es aber auch viele Ausreißer. Ein solches Cluster kann jedoch bei keiner anderen Art gefunden werden.



**Abbildung 36| Unterschiedsanalyse der Virenspezies in einem NMDS-Plot.** Es kann keiner Art ein richtiges Cluster zugeordnet werden, da die Verteilung sehr durcheinander ist. Die Alpakas zeigen eine größere Anhäufung, jedoch sind viele Daten der Art Ausreißer. Die Dromedare sind ebenfalls in relativer Nähe zueinander, allerdings sind viele weitere Datenpunkte dazwischen, die damit eine größere Ähnlichkeit aufweisen. Im Plot ist keine Struktur zu erkennen.

## Diskussion

Bei der Zusammensetzung der Mikrobiome ist für alle Arten eine Ähnlichkeit in Bezug auf die am häufigsten vertretenen Bakterienfamilien zu erkennen, da jede Probe die Familien *Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* sowie *Bacteroidaceae* beinhaltet. Die Bakterien dieser Familien zählen zu den immer vorhandenen der Darmflora der Alpakas. (Xia et al., 2020) Da die Verdauungssysteme der Kamele sehr ähnlich sind, wird die Zusammensetzung der Darmflora ebenfalls die gleiche Funktion haben und damit die gleichen Mikroorganismen enthalten. Neben der ständigen Anwesenheit ist auch die Häufigkeit vergleichbar, wobei es drei Ausnahmen in Form der Vikunjas, Guanakos sowie den Alpakas aus dem Tierpark Berlin gibt. Diese weisen eine erhöhte Häufigkeit an *Staphylococcaceae*, sodass weitere Familien zurückgedrängt werden. Der bekannteste Vertreter der Familie sind die Staphylokokken, die als pathogener Krankheitserreger gelistet wird. (Bundesinstitut für Risikobewertung) Da die Kamele ebenfalls zu den Säugetieren gehören, kann dies zu ähnlichen Symptomen wie bei Menschen führen. Die Proben der Trampeltiere, Dromedare und Lamas weisen keine Anwesenheit von *Staphylococcaceae* auf, was durch die Haltung im Zoo erklärt wird, da die südamerikanischen Kamele getrennt von den Camelini gehalten werden. Die einzige Ausnahme bilden die Lamas, die die Krankheit entweder schon kuriert haben oder nie angesteckt waren. Abgesehen von den großen vier Bakterienfamilien treten auch weitere in einem geringeren Umfang, aber in allen Arten auf, wozu unter anderem die Familien der *Prevotellaceae* und *Eubacteriaceae* zählen. Die gesamte Zusammensetzung weist viele Ähnlichkeit und nur kleine Unterschiede auf, sodass damit gezeigt wird, dass die Herkunft und die Art der Kamele in Hinsicht auf das bakterielle Mikrobiom keinen großen Einfluss haben. Die gleiche Aussage wird durch die effektive Artenanzahl gestützt, die bei den sechs verschiedenen Arten ähnlich ausfällt, obwohl die Richness deutlichere Unterschiede aufweist. Da die ENS aus dem Shannon-Index bestimmt wird, ist die Häufigkeit der der Bakterienfamilien wichtig, was wiederum bedeutet, dass die Familien, die zur Vielfalt der Probe beitragen, in einer geringeren Häufigkeit vorliegen und damit einen deutlich geringeren Einfluss auf das Mikrobiom als die Familien, die in den meisten Proben vorhanden sind, nehmen. Die Auswertung der Indizes zeigt jedoch, dass die Vielfalt an relevanten Familien gering ist. Die Ähnlichkeit der Probe wird durch die Analyse mit der Distanzmatrix unterstrichen, wofür ein NMDS-Plot gewählt wurde. Im Regelfall wird eine Principal Coordinates Analysis (PCoA) herangezogen, die in diesem Fall aber keine Streuung, sondern einen Halbkreis anzeigt (Anhang 186). Für die Distanzmatrix wird für jedes Probenpaar aufgrund der Ähnlichkeit ein Abstand berechnet, was als Matrix aufgeführt wird. Sind die Proben kaum unterscheidbar, weisen also untereinander geringe Abstände auf, wird im Plot

keine Clusteranalyse gezeigt, sondern der beschriebene Halbkreis erzeugt. Dieses Problem wird der „Horseshoe-Effect“ genannt und tritt bei einer Sättigung der Daten auf. (Morton, et al., 2017) Der wesentliche Unterschied zwischen der PCoA und NMDS liegt darin, dass bei der NMDS Analyse ein iterativer Ansatz gewählt wird, um ein zufriedenstellendes Ergebnis zu Erlangen, während bei der PCoA die Punkte mit ihrem Abstand zueinander dargestellt werden, ohne das eine weitere Bearbeitung erfolgt. (Holland, 2008) Die Darstellung des NMDS-Plots zeigt ebenfalls, dass die Daten sich sehr ähneln, da die einzelnen Arten keine Cluster bilden. Einen großen Einfluss auf das Mikrobiom hat die Ernährung der Tiere, was sich bei der Zusammensetzung der Futterproben bestätigt hat. Es konnten in den Daten Übereinstimmungen mit den Kotproben nachgewiesen werden, die sich in der Anwesenheit von *Lachnospiraceae* und *Clostridiaceae* zeigt. Das weist darauf hin, dass diese Familien besonders über die Nahrung aufgenommen werden, während andere Familien wie *Ruminococcaceae* entweder erblich oder durch weitere äußere Faktoren in den Kamelen vorhanden sind. Allerdings weist die ständige Anwesenheit auf eine genetische Ursache hin. Der Vergleich der Boden- mit den Kotproben zeigt dagegen, dass die Wechselwirkung zwischen diesen kaum gegeben ist, da die Übereinstimmungen der Bakterienfamilien nur in geringem Maße vorhanden sind. Besonders das Fehlen der *Ruminococcaceae* und *Clostridiaceae* in den Bodenproben ist auffällig, da die Vertreter dieser Familie jedoch anaerob leben, können sie an Sauerstoff nicht überleben. (Bindayna, 2023; Roy, 2017)

Wie bei dem Mikrobiom der Bakterien ist auch das Mycobiom in seiner Gesamtheit sehr ähnlich, da die Familien *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae*, *Pichiaceae*, *Nectriaceae*, *Mortierellaceae*, *Malasseziaceae*, *Kickxellaceae*, *Herpotrichiellaceae*, *Debaryomycetaceae* und *Aspergillaceae* in den meisten Proben nachgewiesen werden konnte, in denen der Großteil der Reads auf diese Familien entfällt. Besonders die *Schizosaccharomycetaceae*, *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* sind im humanen Mycobiom nachweisbar. (Kambouris, 2020) Dies zeigt, dass das Mycobiom vielfältig ist, und verschiedene Familien in den Arten vorkommen. Obwohl auf diese Familien die meisten Reads entfallen, gibt es doch weitere Familien, die in mehreren Proben unterschiedlicher Art abundant sind, wozu auch die *Sporidiabolaceae* zählen. Diese Übereinstimmungen in den häufig und weniger häufig vorhandenen Familien zeigt, dass die Gemeinsamkeiten nicht nur in den Bakterienfamilien, sondern auch in den Pilzfamilien zu finden sind. Trotz dessen, dass die Zusammensetzungen sehr ähnlich wirken, zeigt sich in den Daten der Richness, des Shannon-Index und der ENS, dass die Unterschiede deutlicher sind, als es nach der Analyse der Barplots erwartet wurde. Die größte Auffälligkeit liegt darin, dass die Trampeltiere und Alpakas die meisten Einzeldaten aufweisen und die höchsten Werte bei allen drei Parametern erzielen. Diese Ungenauigkeit kann aufgrund der zur Verfügung gestellten Proben nicht

umgangen werden. Durch die große Anzahl an einzelnen Proben kann jedoch vermieden werden, dass die Daten, die keine oder nur sehr wenige Familien aufweisen, stark gewichtet werden (vgl. Tabelle 8 SCHVIK). Dies lässt sich durch die Daten der Dromedare bestätigen, die keine sehr niedrigen Werte vorweisen, womit die Parameter keinen negativen Trend verfolgen. Aus diesem Grund sind die Werte der Dromedare zu denen der Alpakas und Trampeltiere sehr ähnlich. Im Allgemeinen ist die Richness der Pilzfamilien geringer als die der Bakterien, was an dem höheren Gehalt der Bakterien liegt. Obwohl die drei genannten Parameter sehr unterschiedliche Werte für die Arten aufweisen, womit sich vermuten lässt, dass die Ähnlichkeiten gering sind, zeigt der NMDS-Plot, dass die Proben große Ähnlichkeiten aufweisen, da es keine Clusterbildung gibt. Da die Abstände zwischen den Punkten einer Art sehr verschieden sind und dazwischen andere Arten liegen, weist darauf hin, dass die Mycobioome der Arten nicht sehr unterschiedlich sind. Da das Mycobiom Teil des Mikrobioms ist, ist die Ähnlichkeit zueinander aufgrund der ähnlichen Anatomie verständlich. Bei diesen Untersuchungen erschien die Abhängigkeit von der Anzahl der Reads besonders hoch, da manche Proben wie SCHVIK nur wenige Pilzfamilien zeigten und die Read-Zahlen zwischen 7700 und 24000 liegen, worunter alle Mikroorganismen fallen.

Das Mycobiom wird, wie das Mikrobiom, durch das Futter beeinflusst, was sich an der Anwesenheit der *Saccharomycetaceae* und *Aspergillaceae* in den jeweiligen Proben zeigen lässt. Viele Futterproben zeigen eine erhöhte Abundanz von *Nectriaceae*, weshalb die weiteren Familien stark zurückgedrängt sind. Da alle Futterproben einer PCR zur DNS-Vervielfältigung unterzogen wurde, liegt die Ursache nicht darin. Da das Futter nicht luftdicht gelagert wird, ist das Absetzen von Pilzsporen auf der Oberfläche möglich. Dennoch sind weitere Familien nachweisbar. Größere Übereinstimmungen sind jedoch zwischen den Boden- und den Kotproben zu finden. Im Gegensatz zu den Bakterien wachsen Pilze nicht unter Sauerstoffausschluss, weshalb sie sich im Boden gut anlagern können. Zudem werden die Kotproben vom Boden gesammelt, sodass der Kontakt immer vorhanden ist. In Hinsicht auf die Pilzfamilien liegt dementsprechend eine große Wechselwirkung zwischen dem Boden und dem Kot vor.

Während bei den Pilzen und Bakterien jeweils die Familien betrachtet wurden, wurden für das Virom die Spezies herangezogen. Deshalb konnte ein genauere Vergleich durchgeführt werden, da im Regelfall nur vier verschiedene Virenfamilien gefunden wurden. Da die Viren sich in RNS- und DNS-Viren unterscheiden, fiel ein Teil der möglich identifizierbaren Familien weg, da in dieser Arbeit nur die DNS untersucht wurde. Die gefundenen Familien *Mimiviridae*, *Myoviridae*, *Phycodnaviridae* und *Siphoviridae* sind alle den dsDNS Viren zuzuordnen. (Claverie et al., 2018; Wilson et al., 2009; Khan et al., 2023; Fokine et al., 2014) Wird die Zusammensetzung des Viroms auf dieser Grundlage untersucht, ist festzustellen, dass es sehr

große Überschneidungen gibt, was die Virome der unterschiedlichen Arten zeigen. Trotz der geringen Read-Zahl, weshalb alle ausgewertet wurden, zeigt sich bei den Viren auch auf Speziesebene, dass viele Gemeinsamkeiten innerhalb einer Art vorliegen, wobei die Spezies *Cafeteria roenbergensis virus* der Familie *Mimiviridae* dabei besonders hervorsteicht, da sie in vielen Proben gefunden wurde. Jedoch werden in allen Arten mehrere Übereinstimmungen gefunden, was die Ähnlichkeit der Virome stützt. Ein Großteil der vorhandenen Viren ist Phagen, die in Kombination mit dem dazugehörigen Bakterium auftreten, beispielsweise treten die *Staphylococcaceae* und *Staphylococcus phage SPbeta-like* gemeinsam bei den Alpakas aus dem Tierpark Berlin auf. Die Individualität dagegen zeigt sich darin, dass viele Spezies in nur einer Probe gefunden wurden. Das Virom setzt sich entsprechend aus einer bestimmten Anzahl an Viren zusammen, die in jeder Art zu finden sind, sowie einem Anteil, der zwischen den Individuen abweicht. Dies spricht für eine genetische Komponente, aber auch dem Einfluss durch Futter oder andere äußere Begebenheiten. Trotz der Tatsache, dass der Rang auf die Spezies reduziert wurde, ist die Richness nicht höher als bei den Bakterien oder Pilzen. Dadurch wird deutlich, dass durch die alleinige Betrachtung der DNS-Viren die Vielfalt reduziert hat. Während die Richness stark schwankt, ist die ENS im Median zwischen den Arten sehr ähnlich. Da die ENS und die Richness der Lamas und der Vikunjas sich kaum unterscheidet, bedeutet, dass die meisten Spezies als relevant angesehen werden, was ein sehr ausgeglichenes Virom kennzeichnet. Dagegen zeigen die Alpakas, Dromedare, Guanakos und Trampeltiere einen Rückgang, was bedeutet, dass das Virom der einzelnen Probe sich stark voneinander unterscheidet. Da die Alpakas und Trampeltiere die größten Probenzahl aufweisen, sind diese Schwankungen darauf zurückzuführen, da die Individualität mit mehr Proben sichtbar wird. Im Allgemeinen zeigen diese Parameter jedoch, dass das Virom, wie das Mikro- und Mycobiom, sich zwischen den Arten nicht stark unterscheidet und die Gemeinsamkeiten vorhanden sind. Diese Beobachtung wird durch die Analyse mithilfe der Distanzmatrix unterstrichen, da keine Clusterbildung im NMDS-Plot erkannt wird, sondern die Datenpunkte der Arten sich gleichmäßig über den Plot verteilen.

Während im Myco- und im Mikrobiom immer Übereinstimmungen zwischen den Futter- und Kotproben gefunden werden konnten, sind diese im Virom deutlich seltener. Da in den Futterproben häufig die Familie der *Caulimoviridae* (dsDNS) nachgewiesen wurde, die ein Pflanzenschädling ist, werden weitere Viren verdrängt. (Schoelz et al., 2021) Da diese Familie in den Kotproben nicht nachgewiesen wurde, kann sie vermutlich das saure Milieu des Magens nicht überleben. Allerdings gibt es Wechselwirkungen zwischen dem Virom des Bodens und des Kots, was sich durch einige Übereinstimmungen zwischen den Proben nachweisen lässt. Da Viren keinen eigenen Stoffwechsel besitzen, sind sie von den äußeren Umständen unabhängig und können sowohl mit als auch ohne Sauerstoff überleben.

Diese Arbeit zeigt, dass der Standort der Kamele sowie das Futter nicht die alleinigen Einflussfaktoren für die Mikrobiota der Kamele sind. Es wurden viele Gemeinsamkeiten aufgezeigt, die nicht anhand des Futters erklärbar sind, was die Annahme einer genetischen Komponente verstärkt. Neben den anatomischen Gemeinsamkeiten besteht die Ähnlichkeit auch in den im Gastrointestinaltrakt lebenden Mikroorganismen und Viren. Obwohl diese Ergebnisse aussagen, dass die Mikrobiome, Mycobiome und Virome der *Camelidae* sich stark ähneln, wurden nur Kamele aus Zoos, also einer sehr kontrollierten Umgebung, untersucht. Um dies zu bestätigen, müssen weitere Studien mit in der Wildnis lebenden Kamelen durchgeführt werden.

## Danksagung

Ich möchte mich von ganzem Herzen für die Unterstützung und die inspirierende Zusammenarbeit im Rahmen meiner Abschlussarbeit bedanken. Ein besonderer Dank geht an Prof. Dierkes und den Arbeitskreis, die mit Fachkompetenz und konstruktivem Feedback einen maßgeblichen Beitrag zur wissenschaftlichen Qualität meiner Arbeit geleistet haben. Insbesondere die ständige Unterstützung durch Franziska und Jonas war mir eine große Hilfe. Zudem bedanke ich mich bei den beteiligten Zoos Augsburg, Heidelberg, Kopenhagen, Krefeld, Landau, München, Neunkirchen, Neuwied, Nürnberg, Opel Zoo, Osnabrück, Schwerin, Tierpark Berlin, Zoo Berlin und Zürich, ausdrücklich bei den Pflegern, bedanken, dass sie mit ihrer Zusammenarbeit diese Arbeit ermöglichten.

Nicht zuletzt möchte ich meiner Familie meinen tiefen Dank aussprechen. Ihre unermüdliche Unterstützung, ermutigenden Worte und Geduld haben mich in meinem ganzen Studium, aber besonders in dieser Arbeit gestützt.

## Literatur

- Bedenice, D., Resnick-Sousa, J., Bookbinder, L., Trautwein, V., Creasey, H. N., Widmer, G., „The association between fecal microbiota, age and endoparasitism in adult alpacas“, *PLoS One*, 17(8), e0272556, 2022.
- Bibbò, S., Ianiro, G., Giogio, V., Scaldaferrì, F., Masucci, L., Gasbarrini, A., Cammarota, G., „The role of diet on gut microbiota composition“, *European Review for Medical and Pharmacological Science*, 20(22), 4742-4749, 2016.
- Bindayna, K. M., Al-Salman, J., „Infections of the central and sensory nervous system“, *Problem-Based Learning Approach in Microbiology*, 67-122, 2023.
- Chao, R., Xia, C., Pei, C., Huo, W., Liu, Q., Zhang, C., Ren, Y., „Comparison of the microbial communities of alpacas and sheep fed diets with three different ratios of corn stalk to concentrate“, *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*, 105(1), 26-34, 2021.
- Claverie, J.-M., Abergel, C., „*Mimiviridae*: An Expanding Family of Highly Diverse Large dsDNA Viruses Infecting a Wide Phylogenetic Range of Aquatic Eukaryotes“, *Viruses*, 10(9), 2018.
- Duren, S., „Ruminants and camelids digestive overview and forage feeding instruction“, *Nutritional White Paper*, 1605, 2016.
- Esteba, L., Thompson, J., „The Digestive System of New World Camelids - Common Digestive Diseases of Llamas“, *Iowa State University Veterinarian*, 50, Issue 2, 1988.
- Fokine, A., Rossmann, M. G., „Molecular architecture of tailed double-stranded DNA phages“, *Bacteriophage*, 4, e28281, 2014.
- Fowler, M. E., „Camelids are not ruminants“, *Zoo and Wild Animal Medicine*, 375-385, 2009.
- He, J., Hai, L., Orgoldol, K., Yi, L., Ming, L., Guo, F., Li, G., Ji, R., „High-Throughput Sequencing Reveals the Gut Microbiome of the Bactrian Camel in Different Ages“, *Current Microbiology*, 76(7), 810-817, 2019.
- Holland, S. M., „Non-metric multidimensional scaling (MDS)“, Department of Geology, University of Georgia, Athens, GA 30602-2501, 2008.
- Idalan, N., Martin, L. F., Clauss, M., „Physical characteristics of gastrointestinal content of llama (*Lama glama*)“, *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*, 103(4), 1015-1022, 2019.

Johnson, L.W., „The Llama stomach: structure and function“, *Llama World*, 4, 33-34, 1983.

Kambouris, M. E., Velegraki, A., “Microbiomics”, Academic Press, 29-52, 2020.

Karmacharya, D., Manandhar, P., Manandhar, S., Sherchan, A. M., Sharma, A. N., Joshi, J., Bista, M., Bajracharya, S., Awasthi, N. P., Sharma, N., Llewellyn, B., Waits, L. P., Thapa, K., Kelly, M. J., Vuyisich, M., Starkenburg, S. R., Hero, J.-M., Hughes, J., Wultsch, C., Bertola, L., Fountain- Jones, N. M., Sinha, A. K., „Gut microbiota and their putative metabolic functions in fragmented Bengal tiger population of Nepal“, *PLoS One*, 14(8), e0221868, 2009.

Khan, M. F., Khan, M. I., Kato, I., “Microbiome and the Eye”, 19-86, 2023.

Meili, C. H., Jonas, A.L., Arreoly, A. X., Habel, J., Pratt, C. J., Hanafy, R. A., Wang, Y., Yassin, A. S., TagElDein, M. A., Moon, C. D., Janssen, P. H., Shrestha, M., Rajbhandari, P., Nagler, M., Vinzelj, J., Podmirseg, S. M., Stajich, J. E., Goetsch, A. L., Hayes, J., Young, D., Fliegerova, K., Grilli, D. J., Vodička, R., Moniello, G., Mattiello, S., Kashef, M. T., Nagy, Y. I., Edwards, J. A., Dagar, S. S., Foote, A. P., Youseef, N. H., Elshahed, M. S., „Patterns and determinants of the global herbivorous mycobiome“, *Nature Communications*, 14, 3798, 2023.

Mondo, E., Marliani, G., Accorsi, P. A., Cocchi, M., Di Leone, A., „Role of gut microbiota in dog and cat’s health and diseases“, *Open Veterinary Journal*, 9(3), 253–258, 2019.

Morton, J. T., Toran, L., Edlund, A., Metclaf, J. L., Lauber, C., Knight, R., “Uncovering the Horseshoe Effect in Microbial Analyses”, *American Society for Microbiology Journals*, Volume 2, 2017.

Pilla, R., Suchodolski, J. S. „The Gut Microbiome of Dogs and Cats, and the Influence of Diet“, *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice*, 51(3), 605-621, 2021.

Rabee, A. E., Abd El Rahman, T., Lamara, M., „Changes in the bacterial community colonizing extracted and non-extracted tannin-rich plants in the rumen of dromedary camels“, *PLoS One*, 18(3), e0282889, 2023.

Rabee, A. E., Forster, R. J., Elekwachi, C. O., Kewan, K. Z., Sabra, E., Mahrous, H. A., Khamiss, O. A., Shawket, S. M., „Composition of bacterial and archaeal communities in the rumen of dromedary camel using cDNA-amplicon sequencing“, *International Microbiology*, 23(2), 137-148, 2020.

Roy, D., “Yogurt in Health and Disease Prevention”, 237-258, 2017.

Schoelz, J. E., Adhab, M., "Encyclopedia of Virology", 4. Auflage, Academic Press, 313-321, 2021.

Steel, O., Kraberger, S., Sikorski, A., Young, L. M., Catchpole, R. J., Stevens, A. J., Ladley, J. J., Coray, D. S., Stainton, D., Dayaram, A., Julian, L., van Bysterveldt, K., Varsani, A., „Circular replication-associated protein encoding DNA viruses identified in the faecal matter of various animals in New Zealand“, *Infection, Genetics and Evolution*, 43, 151-64, 2016.

Taneja, V., „Principles of Gender-Specific Medicine“, 3rd edition, p. 569-583, 2017.

Vallenas A., Cummings, L.F, Munnell, J.F., „A gross study of the compartmentalized stomach of two new world camelids, the Llama and Guanaco“, *Journal of Morphology*, 134, 399-424, 1971.

Wilson, D. E., Mittermeier, R A., „Handbook of the Mammals of the World, Vol. 2: Hoofed Mammals“, 1. Auflage, Lynx Edicions, 2011, 235-246.

Wilson, W. H., Van Etten, J. L., Allen, M. J., „The *Phycodnaviridae*: The Story of How Tiny Giants Rule the World“, *Current Topics in Microbiology and Immunology*, 328, 1-42, 2009.

Xia, C. Q., Pei, C.X., Huo, W.J., Liu, Q., Zhang, C.X., Ren, Y.S., „Forestomach fermentation and microbial communities of alpacas (*Lama pacos*) and sheep (*Ovis aries*) fed maize stalk-based diet“, *Journal of Animal and Feed Sciences*, 29, 323–329, 2020.

Zhang, F., Aschenbrenner, D., Youn Yoo, J., Zuo, T., „The gut mycobiome in health, disease, and clinical applications in association with the gut bacterial microbiome assembly“, *Lancet Microbe*, 3(12), e969-e983, 2022.

Bundesinstitut für Risikobewertung, *Staphylokokken*, <https://www.bfr.bund.de/de/staphylokokken-54362.html>, aufgerufen am 06.12.2023.

Lageplan des Tierpark Berlins, <https://www.tierpark-berlin.de/de/service/tierpark-plan>, aufgerufen am 01.12.2023.

# Anhang

## Ausführungen der Methoden

### Metadaten der Proben

**Tabelle 6| Metadaten der verschiedenen Proben.** Nach den Protokollen wurden die verschiedenen Probemassen abgewogen, anschließend wurden die Dichten der DNS der Proben gemessen. Die Read-Zahl sagt aus, wie viele DNS-Fragmente dieser Probe aus dem Pool der acht Proben einer Analyse zugeordnet werden konnten. Die Anzahl der PCR-Zyklen wurde auf 60 bzw. 70 festgelegt.

ID	abgewogene Probenmasse [mg]	DNS-Dichte [ng/ $\mu$ l]	Read-Zahl	Anzahl der PCR-Zyklen
AUGALP1	211	270	12806	
AUGALP10	221	233	46903	
AUGALP2	230	223	5648	
AUGALP3	224	233	18054	
AUGALP4	229	249	7810	
AUGALP5	230	213	18315	
AUGALP6	215	178	13574	
AUGALP7	249	204	8846	
AUGALP8	226	223	11451	
AUGALP9	214	172	8368	
AUGALPBOD	521	482	47678	
AUGALPMUS	97	18,8	11046	60 Zyklen
BERALP1	237	84,1	14857	
BERALP2	231	50,6	6151	
BERALP3	246	256	25660	
BERDRO1	248	68,8	56590	
BERDRO2	250	70,4	50505	
BERDRO3	243	64,2	38361	
BERDRO4	248	53,4	36793	
BERGUA1	233	66,9	25907	
BERGUA2	241	57,2	25687	70 Zyklen
BERGUA3	229	84,8	7924	
BERLAM1	232	49,4	20504	
BERLAM2	224	240	31382	
BERLAM3	237	204	11254	
BERTRA1	240	76,9	54019	
BERTRA2	249	61,9	44386	
BERTRA3	225	187	77132	
BERTRA4	246	85,9	99929	
BERVIK1	244	60,7	15397	
BERVIK2	211	281	38231	
BERVIK3	236	81	6707	
BEZALP1	236	269	37364	
BEZALP2	235	240	32829	
BEZALP3	249	271	19717	
BEZALP4	240	246	49911	
BEZALP5	244	215	46257	

BEZALP6	232	187	38845	
BEZALP7	240	190	48572	
BEZALP8	250	133	40156	
BEZVIK1	239	230	12648	
BEZVIK2	235	170	21189	
HEITRA1	247	140	30304	
HEITRA2	247	98,2	14079	
HEITRA3	238	159	28170	
HEITRA4	251	77,6	21446	
KOPLAM1	204	147	13713	
KOPLAM2	217	168	5332	
KOPTRA1	217	149	59660	
KOPTRA2	218	149	8708	
KREALP1	244	107	48664	
KREALP2	229	122	55274	
KREALP3	238	123	41587	
KREALP4	249	146	58948	
KREALP5	250	120	48398	
KREALP6	206	346	92821	
KREALP7	195	236	53814	
KREGUA1	246	175	11419	
KREGUA10	247	201	22351	
KREGUA3	250	186	7071	
KREGUA4	238	199	15920	
KREGUA5	239	245	21297	
KREGUA7	250	254	26330	
KREGUA8	250	265	20238	
KREGUA9	250	194	12670	
KRETRA1	228	219	37923	
KRETRA2	228	260	26136	
KRETRA3	237	227	37670	
KRETRA4	221	168	36357	
KRETRA5	236	234	38529	
KRETRA6	234	257	26824	
KRETRA8	245	149	14155	
KRETRA9	241	121	19612	
LANDRO	252	123	43509	
LANDROBOD	530	710	22953	
LANDROHEU	75	5,88	14470	70 Zyklen
LANDROMUS	80	5,42	39218	60 Zyklen
LANDROPEL1	100	6,25	8121	70 Zyklen
LANDROPEL2	88	20,8	10755	60 Zyklen
LANDROSTR	86	3,62	24034	60 Zyklen
MUETRA1	214	136	13733	
MUETRA2	224	225	24976	
MUETRA3	221	168	24297	
MUEVIK1	229	194	17954	
MUEVIK2	221	90,1	11849	
MUEVIK3	236	150	10881	
MUEVIK4	241	241	22989	
MUEVIK5	232	210	24283	
NEKALP1	231	185	111234	

NEKALP2	229	79,9	6900	
NEKALP3	224	222	45339	
NEKALP4	209	153	48874	
NEKALP5	240	193	27585	
NEKALPBOD	498	329	36638	
NEKALPHEU	99	4,53	24029	60 Zyklen
NEKALPPEL	97	30,7	9849	70 Zyklen
NEKLAM1	207	125	44451	
NEKLAM2	208	160	15177	
NEKLAM3	235	232	16542	
NEKLAM5	225	110	46144	
NEKLAMHEU	92	11,7	12368	70 Zyklen
NEKLAMPEL	94	41,4	10359	70 Zyklen
NEKTRA1	221	148	78659	
NEKTRA2	239	146	72951	
NEKTRA3	231	124	36938	
NEKTRA4	229	143	9677	
NEKTRA5	216	169	47524	
NEKTRABOD	677	234	60054	
NEKTRAHEU	99	4,36	9808	70 Zyklen
NEKTRAPEL	98	7,77	6919	70 Zyklen
NEUVIK1	198	230	28624	
NEUVIK2	210	143	11791	
NEUVIKMUS	89	1,15	39571	60 Zyklen
NEUVIKSTR	84	1,09	56811	60 Zyklen
NURALP1	245	318	21821	
NURALP2	240	325	22181	
NURALP3	220	359	59580	
NURALP4	222	284	30900	
NURALP5	209	268	54392	
NURDRO1	238	152	44975	
NURDRO2	247	166	33829	
NURDRO3	239	167	64474	
NURDRO4	251	75,2	16316	
NURDROBOD	514	215	32873	
NURTRA1	246	203	25627	
NURTRA2	244	84,6	54533	
NURTRA3	233	212	28930	
NURTRA4	247	183	39500	
NURTRA5	250	199	49658	
OPZDRO1	219	126	11392	
OPZDRO2	242	177	56504	
OPZDRO3	218	304	27944	
OPZDRO4	226	223	79822	
OPZGUA1	209	251	42054	
OPZGUA2	234	207	62967	
OPZGUA3	208	223	15533	
OPZGUA4	220	107	35333	
OSNTRA1	241	63	26497	
OSNTRA2	230	113	25235	
OSNTRA3	233	56,7	11952	
OSNTRA4	228	36,8	15836	

OSNVIK1	239	177	36800	
OSNVIK2	245	179	21055	
OSNVIK3	238	116	17679	
OSNVIK4	233	185	59792	
OSNVIK5	240	130	9122	
OSNVIK6	249	125	19572	
SCHALP2	247	51,8	25446	
SCHAVGRU	83	2,53	13165	70 Zyklen
SCHAVPEL	94	7,42	66133	60 Zyklen
SCHVIK1	240	133	7750	
SCHVIK2	250	50,5	18474	
SCHVIK3	195	205	23790	
SCHVIK4	249	85,3	19799	
SCHVIKHEU	88	3,9	21459	60 Zyklen
ZUEALP1	203	385	8771	
ZUEALP2	215	308	8301	
ZUEALP3	234	324	15737	
ZUEALP4	218	312	15706	
ZUEALP5	236	162	31739	
ZUEGUA1	222	327	42107	
ZUEGUA2	207	308	21497	
ZUEGUA3	238	195	21242	
ZUEGUA4	238	288	30933	
ZUEGUA5	240	320	49885	
ZUELAM1	205	248	11306	
ZUELAM2	229	298	19430	
ZUELAM3	240	309	34046	
ZUELAM4	215	281	25849	
ZUELAM5	219	231	21434	
ZUETRA1	181	229	9023	
ZUETRA2	191	298	17908	
ZUETRA3	182	277	12509	
ZUETRA4	178	214	47508	
ZUETRA5	199	257	23276	
ZUETRA6	207	276	26301	
ZUEVIK1	213	203	15592	
ZUEVIK2	244	214	7920	
ZUEVIK3	220	228	5404	
ZUEVIK4	207	298	7825	

### Angepasstes Protokoll für das Barcoding Kit SQK-RBK004

1. Thaw kit components at room temperature, spin down briefly using a microfuge and mix by pipetting  
Barcodes, RAP, AXP (in fridge)
2. 400 ng DNA + additional nuclease free water to adjust to 7.5 µl, mix by flicking, spin down briefly
3. in PCR tube: 7.5 µl DNA-Water + 2.5 µl Barcode (one per sample) = 10 µl

mix gently by flicking, then spin down

4. Incubate at 30 °C for 1 min, then at 80 °C for 1 min. Put briefly on ice to cool down
5. Pool barcoded samples in 1.5 ml DNA loBind tube (~10 µl per DNA sample)
6. Resuspend AMPure XP beads by vortexing.
7. To the entire pooled barcoded sample, add an equal volume of resuspended AMPure XP beads, and mix by flicking the tube.
8. Incubate on Hula mixer for 5 min at room temperature.
9. Prepare 500 µl of 70 % Ethanol in nuclease free water.
10. Spin down sample and pellet on magnet. Keep on magnet, pipette of supernatant.
11. Wash with 200 µl of prepared ethanol while holding on magnet without disturbing the pellet. Remove ethanol with pipette. Repeat the procedure one more time. (Washing twice)
12. Spin down and place back on magnet. Pipette off any residual 70 % ethanol. Briefly allow to dry.
13. Remove the tube from the magnetic rack and resuspend pellet in 10 µl of 10 mM Tris-HCl pH 7.5-8.0 with 50 mM NaCl. Incubate for 2 minutes at room temperature.
14. Pellet the beads on a magnet until the eluate is clear and colourless, for at least 1 minute.
15. Remove and retain 10 µl of eluate into a clean 1.5 ml Eppendorf DNA LoBind tube. Discard beads.
16. Add 1 µl of RAP to 10 µl of barcoded DNA. Mix gently by flicking the tube, and spin down.
17. Incubate the reaction for 5 min at room temperature.

## Angepasstes Protokoll für das Barcoding Kit SQK-RPB004

### Tools:

- **MicroCentrifuge**
- **Thermal Cycler**
- **Vortex mixer**
- **Hula mixer**
- **magnet**
- **Qubit fluorometer**

1. Thaw barcodes at room temperature, mix by pipetting. Fragmentation Mix (FRM) and RAP are stored on ice.
2. Add to PCR tube: 3  $\mu$ l DNA + 1  $\mu$ l FRM  
Mix by flicking and spin down.
3. In a thermal cycler, incubate the tube at 30° C for 1 minute and then at 80° C for 1 minute. Briefly put the tube on ice to cool it down.
4. Add to each PCR tube:  
20  $\mu$ l nuclease-free water + 25  $\mu$ l LongAmp Taq 2X master mix + 1  $\mu$ l Barcode 1-12A  
Mix by flicking and spin down.
5. Amplify (Program PCR Community, check number of cycles):

Cycle Step	Temperature	Time	Number of cycles
<b>Initial denaturation</b>	95 °C	3 min	1
<b>Denaturation</b>	95 °C	15 s	60/ 70
<b>Annealing</b>	56 °C	15 s	60/ 70
<b>Extension</b>	65 °C	6 min	60/ 70
<b>Final extension</b>	65 °C	6 min	1
<b>Hold</b>	4 °C		

6. Transfer each sample in a separate LoBind Tube.
7. Mix AMPure XP Beads by vortexing.
8. Add 50  $\mu$ l AMPure XP Beads to each sample. Mix by pipetting.
9. Incubate on Hula mixer for 5 min at room temperature.
10. Prepare 3.5 ml 70 % Ethanol (adjust volume if more than 8 samples).
11. Place on magnet until supernatant is clear and beads are bound towards magnet.
12. Remove and discard supernatant without disturbing the beads.
13. Wash with 200  $\mu$ l of prepared ethanol while holding on magnet without disturbing the pellet. Remove ethanol with pipette. Repeat the procedure one more time. (Washing twice)
14. Spin down and place back on magnet. Pipette off any residual 70 % ethanol. Briefly allow to dry.
15. Remove the tube from the magnetic rack and resuspend pellet in 10  $\mu$ l of 10 mM Tris-HCl pH 7.5-8.0 with 50 mM NaCl. Incubate for 2 minutes at room temperature.
16. Pellet the beads on a magnet until the eluate is clear and colourless, for at least 1 minute.
17. Remove and retain 10  $\mu$ l of eluate into a clean 1.5 ml Eppendorf DNA LoBind tube. Discard beads.

18. Quantify 1 µl of each sample with the Qubit Broad range. Aim for at least 40 ng/µl DNA per sample.
19. Pool samples: aim for an equimolar solution.
20. Optional: Quantify the pool with Qubit Broad range.
21. Transfer 10 µl of final library into LoBind Tube.
22. Add 1 µl RAP. Flick gently to mix and spin down.
23. Incubate for 5 min at room temperature.

## Protokoll zur taxonomischen Klassifizierung

### Schritt 1: Entfernen nicht benötigter Ordner

Der erste Schritt besteht darin, in den Ordner `fastq_pass` zu navigieren und alle Ordner nicht verwendeter Barcodes zu löschen, sodass am Ende nur noch die 8 eingesetzten Barcodes vorhanden sind. Dies ist über das Terminal mit dem Befehl `rm` oder die graphische Oberfläche möglich.

### Schritt 2: Navigieren in auszuführenden Ordner

Nachdem die nicht benötigten Ordner entfernt wurden, muss in den Ordner „`fastq_pass`“ des zu analysierenden Runs navigiert werden.

```
cd ~/Schreibtisch/master_jan_nicole/Auswertung_450length/
```

### Schritt 3: Erstellen der kombinierten kaiju-kraken-Dateien aus fastq-Dateien

Zunächst wird in der Schleife definiert, dass alle Ordernamen gelesen werden sollen, die nicht „unclassified“ heißen und anschließend als Variablen verwendet werden. Deshalb ist es wichtig, dass ausschließlich die benötigten Ordner vorliegen. Danach wird in die einzelnen Ordner navigiert, um die Einzeldateien zu einer Datei mit dem Namen des Barcodes zusammenzuführen. Diese Gesamtdatei wird nicht im Barcode-Ordner sondern im darüber liegenden Elternordner gespeichert.

Anschließend wird den Dateien mit der Funktion `mv` die Endung `.gz` angehängt, um sie mithilfe von `gzip` entpacken zu können.

Mit `porechop` wird der Adapter (Erkennungssequenz für die Poren auf der Flongle) von der Sequenz abgetrennt.

`NanoFilt` wird zum Filtern der gelesenen Sequenzen verwendet. Dabei wird die Länge mit `-l` (in diesem Fall 450 bp) und der Quality-Score mit `-q` (in diesem Fall 6, was einer Fehlerrate von 25% entspricht) festgelegt. Um die besten Parameter für den individuellen Fall herauszufinden, ist es sinnvoll, einen `NanoPlot` von den ungefilterten sowie den gefilterten Dateien zu erstellen. Diese sollen Aufschluss darüber geben, welche Read-Längen aufgrund

ihrer Kürze keine zusätzlichen Informationen liefern, da sie nicht klassifiziert werden können. Zudem gibt der N50-Wert Auskunft darüber, ob eine qualitativ hochwertigere Analyse vorliegt.

Der Quality-Score (Q) kann mithilfe folgender Formel bestimmt werden, wobei  $e$  für die Fehlerrate steht:

$$Q = -10 \cdot \log_{10}(e)$$

Danach werden die fastq-Dateien in fasta-Dateien umgewandelt (`seqtk`).

Die fasta-Dateien werden dann verwendet, um einen Abgleich mit der Kraken-Datenbank durchzuführen. Dafür wird zum Programm `Kraken2` navigiert. Dann wird zwischen der bakteriellen und der Archeen, Viren, Protozoen und Pilze enthaltenen Datenbank unterschieden, wofür die Funktion `--db` lautet. Nach der Festlegung der Datenbank wird mit `--report` der Kreport erstellt, der bereits Zuordnungen von Reads enthält. Anschließend wird die Input-Datei festgelegt, aus der die Output-Datei erstellt wird. Die `--threads` legen fest, auf wie vielen Kernen der Abgleich laufen wird.

Die fasta-Dateien werden auch für den Abgleich mit der `kaiju`-Datenbank benötigt. Dabei wird zwischen den Datenbanken für Bakterien, Pilze und Viren unterschieden. Zuerst wird zum Programm `kaiju` navigiert, dann werden die verwendeten Kerne mit `-z` angegeben. Mit `-t` wird die benötigte `nodes.dmp` Datei angegeben und `-f` für die verwendete Datenbank vorgesehen ist. Zuletzt werden die Input-Datei (`-i`) und Output-Datei (`-o`) spezifiziert.

Im letzten Schritt der Schleife werden die Output-Dateien der Kraken- und der `kaiju`-Datenbank zusammengeführt. Dafür wird das Programm `kaiju-mergeOutputs` benötigt. Die erste Datei wird mit `-i` und die Zweite mit `-j` festgelegt, wobei sie mit der Funktion `sort -k2,2` zunächst nach der zweiten Spalte sortiert werden. Danach wird die Output-Datei mit `-o` festgelegt. Unter `-c` wird angegeben, welchem Taxon-Pfad gefolgt wird, sofern in beiden Dateien der Read klassifiziert wurde, aber unterschiedliche Ergebnisse dabei herauskommen. Dafür gibt es folgende Optionen:

1: Taxon-Identifizierung der ersten Datei (`-i`) wird verwendet

2: Taxon-Identifizierung der zweiten Datei (`-j`) wird verwendet

`lca`: der geringste gemeinsame Vorfahre beider Identifizierungen wird verwendet

`lowest`: die niedrigere Rangstufe der Taxon-Identifikation wird verwendet, falls sie innerhalb der gleichen Linie sind. Ansonsten wird `lca` verwendet.

Als letzte Option wird für den Output ans Ende `-v` geschrieben, um die folgenden Informationen zu gewinnen: C oder U für `classified` oder `unclassified`, Read-Name, NCBI Taxon-Identifikation, Länge oder Score der besten Übereinstimmung zur Klassifizierung, Taxon-Identifikationen aller Datenbank-Sequenzen mit der besten Übereinstimmung, Zugangsnummern aller Datenbanksequenzen mit der besten Übereinstimmung sowie die zusammenpassenden Fragmentsequenzen.

```
for i in $(ls -l unclassified); do cat ./${i}/* > ${i}.fastq; mv
${i}.fastq ${i}.fastq.gz; gzip -d ${i}.fastq.gz; porechop -i
${i}.fastq -o ${i}.fastq_trim; NanoFilt ${i}.fastq_trim -l 450 -q 6
```

```

> ${i}_filt.fastq; NanoPlot --fastq ${i}.fastq --N50 -o
${i}.fastq_nanoplot; NanoPlot --fastq ${i}_filt.fastq --N50 -o
${i}_filt.fastq_nanoplot; seqtk seq -a ${i}_filt.fastq >
${i}_filt.fastq.fasta; ~/Schreibtisch/nanopore/kraken2/./kraken2 --
db ~/Schreibtisch/nanopore/kraken2/bacteria/ --threads 15 --report
${i}_filt.fastq.fasta_kreport_bac ${i}_filt.fastq.fasta >
${i}_filt.fastq.fasta_kraken-out_bac;
~/Schreibtisch/nanopore/kraken2/./kraken2 --db
~/Schreibtisch/nanopore/kraken2/archaea_viral_protozoa_fungi/ --
threads 15 --report ${i}_filt.fastq.fasta_kreport_vir_fun
${i}_filt.fastq.fasta > ${i}_filt.fastq.fasta_kraken-out_vir_fun;
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/./kaiju -z 15 -t
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/nodes.dmp -f
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/nr/kaiju_db_nr.fmi
-i ${i}_filt.fastq.fasta -o ${i}_filt.fastq.fasta_kaiju-out_bac;
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/./kaiju -z 15 -t
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/nodes.dmp -f
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-
x86_64/fungi/kaiju_db_fungi.fmi -i ${i}_filt.fastq.fasta -o
${i}_filt.fastq.fasta_kaiju-out_fun; ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-
v1.9.0-linux-x86_64/./kaiju -z 15 -t ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-
v1.9.0-linux-x86_64/nodes.dmp -f ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-
v1.9.0-linux-x86_64/viruses/kaiju_db_viruses.fmi -i
${i}_filt.fastq.fasta -o ${i}_filt.fastq.fasta_kaiju-out_vir;
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/./kaiju-
mergeOutputs -i <(sort -k2,2 ${i}_filt.fastq.fasta_kraken-
out_vir_fun) -j <(sort -k2,2 ${i}_filt.fastq.fasta_kaiju-out_vir) -o
${i}_combined_vir.out -c 2 -v; ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-
linux-x86_64/./kaiju-mergeOutputs -i <(sort -k2,2
${i}_filt.fastq.fasta_kraken-out_vir_fun) -j <(sort -k2,2
${i}_filt.fastq.fasta_kaiju-out_fun) -o ${i}_combined_fun.out -c 2 -
v; ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/./kaiju-
mergeOutputs -i <(sort -k2,2 ${i}_filt.fastq.fasta_kraken-out_bac) -
j <(sort -k2,2 ${i}_filt.fastq.fasta_kaiju-out_bac) -o
${i}_combined_bac.out -c 2 -v; done

```

#### Schritt 4: Namentliche taxonomische Zuordnung

Nachdem die Reads nun taxonomisch klassifiziert wurden, müssen den Klassifizierungen noch Namen zugeordnet werden. Dafür werden drei verschiedene `for`-Schleifen verwendet, jeweils eine für die Bakterien, die Pilze sowie die Viren. Die benötigten Dateien sind die kombinierten Dateien aus Kraken2 und kaiju. Das benötigte Programm ist `kaiju2table`, welches zwei verschiedene Eingaben zum Abgleichen benötigt: mit `-t` wird die verwendete `nodes.dmp`-Datei angegeben, während unter `-n` die `names.dmp`-Datei die taxonomischen Namen liefert. Mit `-r` wird das geringste taxonomische Level zum Benennen festgelegt, während `-l` bestimmt, welche zusätzlichen taxonomischen noch ausgegeben werden. `-o` legt den Output-Namen der entstehenden Datei fest. Ein Zusatz, der nur bei den Viren benötigt wird, ist `-e`, damit die Level unter `superkingdom`, wie z.B. `family`, aufgelistet werden.

`&&` wird verwendet, um mehrere Kommandos nacheinander auszuführen.

```

for x in *combined*bac.out; do ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-
linux-x86_64/./kaiju2table -t ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-
linux-x86_64/nodes.dmp -n ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-
linux-x86_64/names.dmp -r family -l superkingdom,family -o
${x}_summary.tsv ${x}; done && for x in *combined*fun*; do
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/./kaiju2table -t
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/nodes.dmp -n
~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-x86_64/names.dmp -r
family -l kingdom,family -o ${x}_summary.tsv ${x}; done && for x in
*combined*vir*; do ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-
x86_64/./kaiju2table -t ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-
x86_64/nodes.dmp -n ~/Schreibtisch/nanopore/kaiju-v1.9.0-linux-
x86_64/names.dmp -r family -l superkingdom,family -e -o
${x}_summary.tsv ${x}; done

```

### Schritt 5: Zusammenführen der Dateien

Im fünften Schritt werden die Einzeldateien der Datenbankabgleiche zusammengeführt, damit danach eine Bakterien-, eine Pilz- und eine Viren-Datei entsteht.

Dafür werden in den drei unabhängigen `for`-Schleifen zunächst die Bakterien bearbeitet. Als erstes wird die alte Titelzeile mit `tail` entfernt und in einer neuen Datei mit dem Zusatz `_ohne` gespeichert. Danach werden alle Dateien, die `bac` und `_ohne` im Namen haben, zu einer Datei mit `cat` zusammengefasst. Die Dateien, die `_ohne` im Namen haben, werden mit `rm` entfernt.

Äquivalent wird mit den Pilz- und Viren-Dateien verfahren.

```

for x in *bac*summary*; do tail -n +2 ${x} > ${x}_ohne; done && cat
*bac*_ohne > all_samples_bac && rm *bac*_ohne && for x in
*fun*summary*; do tail -n +2 ${x} > ${x}_ohne; done && cat
*fun*_ohne > all_samples_fun && rm *fun*_ohne && for x in
*vir*summary*; do tail -n +2 ${x} > ${x}_ohne; done && cat
*vir*_ohne > all_samples_vir && rm *vir*_ohne

```

### Schritt 6: Einfügen der Titelzeile

Zunächst muss eine Datei mit der gewünschten Titelzeile erstellt werden. Dafür wird mit `echo` ein Text geschrieben, der dann in einer `.tsv`(tab-separated-value)-Datei gespeichert wird. `\t` fügt die benötigten Tabstopps ein. Dafür muss bekannt sein, welche Spalten im Dokument vorliegen werden.

Danach kann für jede der drei im Schritt 5 erstellten Dateien die `cat`-Funktion separat angewandt werden, damit der Titel in allen Listen vorhanden ist. `$(basename "$(dirname "$(dirname "$PWD")")")".tsv` sorgt dafür, dass im Dateinamen der Name des Ordners steht, der drei Ebenen über dem momentan verwendeten Ordner liegt. (Man befindet sich gerade im Ordner `fastq_pass`. Ist die Hierarchie Dokumente → Run1 → Flongle → ABC123 → `fastq_pass`, wird im Namen „Run1“ eingefügt.)

```

echo -e "file\tpercent\treads\ttaxom_ID\tsuperkingdom\tname" >
header.tsv && cat header.tsv all_samples_vir > vir_final_$(basename
"$(dirname "$(dirname "$(dirname "$PWD")")")").tsv && rm header.tsv
&& echo -e "file\tpercent\treads\ttaxom_ID\tsuperkingdom\tname" >
header.tsv && cat header.tsv all_samples_bac > bac_final_$(basename
"$(dirname "$(dirname "$(dirname "$PWD")")")").tsv && rm header.tsv
&& echo -e "file\tpercent\treads\ttaxom_ID\tkingdom\tname" >
header.tsv && cat header.tsv all_samples_fun > fun_final_$(basename
"$(dirname "$(dirname "$(dirname "$PWD")")")").tsv && rm header.tsv

```

## Schritt 7: Verschieben der Dateien in Zielordner

Um die Arbeit mit den Daten zu erleichtern, ist es sinnvoll, die Auswertungslisten am Ende in einem gesammelten Ordner zu speichern. Dies ist am einfachsten mit dem Befehl `mv`, wobei die zu verschiebenden Dateien angegeben werden und danach der Zielordner.

```

mv *final_$(basename "$(dirname "$(dirname "$(dirname
"$PWD")")")").tsv
~/Schreibtisch/master_jan_nicole/Auswertung_450length/kaiju-kraken

```

## Protokoll zum Erstellen der Barplots

### *Bakterien*

```

# Barplots (100 %, individual coloring)
#install.packages("readxl") # To read Excel files into R
#install.packages("tidyr") # Sorting data
#install.packages("ggplot2") # Barplot Program
#install.packages("dplyr")

library(readxl)
library(tidyr)
library(ggplot2)
library(dplyr)

# Path to data
setwd("C:/Users/Masterstudent1/Desktop/Auswertung_Masterarbeit/Alpha_Diversität/Barplots/")

# Reading data
data <- read_excel("R-Liste-Bakterien-Mittelwert.xlsx")

```

#Hier werden die Tiere eingetragen, die im Plot zu sehen sein sollen.

```
Tiere <- c("AUGALP01", "AUGALP02", "AUGALP03", "AUGALP04", "AUGALP10")
```

```
data2 <- data %>%
```

```
  select(Familie, all_of(Tiere)) %>%
```

```
  filter(rowSums(select(., all_of(Tiere))) != 0)
```

```
# Tidiing data
```

```
daten_tidied2 <- gather(data2, key = "ZUEALP", value = "Wert", -Familie)
```

```
# Filter data (using the variable)
```

```
daten_filtered2 <- daten_tidied2 %>%
```

```
  filter(ZUEALP %in% Tiere)
```

```
# Erstellen Sie eine Farbzuoordnung für die Bakterien
```

```
farben <- c(
```

```
"Acetobacteraceae"      = "#DAA520",
```

```
"Acholeplasmataceae"   = "#8EE5EE",
```

```
"Acidaminococcaceae"   = "#8B5A00",
```

```
"Acidimicrobiaceae"    = "#4F94CD",
```

```
"Acidobacteriaceae"    = "#FFF0F5",
```

```
"Actinomycetaceae"     = "#6A5ACD",
```

```
"Aerococcaceae"        = "#FF34B3",
```

```
"Aeromonadaceae"       = "#96CDCD",
```

```
"Akkermansiaceae"      = "#CD0000",
```

```
"Alcaligenaceae"       = "#FFEC8B",
```

```
"Alteromonadaceae"     = "#548B54",
```

```
"Archangiaceae"        = "#36648B",
```

```
"Atopobiaceae"         = "#696969",
```

```
"Aurantimonadaceae"    = "#CD950C",
```

```
"Bacillaceae"          = "#104E8B",
```

```
"Bacteroidaceae"       = "#FFE4C4",
```

```
"Bdellovibrionaceae"   = "#CD8500",
```

```
"Beijerinckiaceae"     = "#7A378B",
```

```
"Beutenbergiaceae"     = "#008B00",
```

```
"Bifidobacteriaceae"   = "#FFFF00",
```

"Bogoriellaceae" = "#228B22",  
 "Borreliaceae" = "#BF3EFF",  
 "Bradyrhizobiaceae" = "#C71585",  
 "Brevibacteriaceae" = "#CCCCCC",  
 "Brucellaceae" = "#00CD00",  
 "Burkholderiaceae" = "#BC8F8F",  
 "Caldilineaceae" = "#1C86EE",  
 "Campylobacteraceae" = "#6495ED",  
 "Cardiobacteriaceae" = "#8B8378",  
 "Carnobacteriaceae" = "#7B68EE",  
 "Caulobacteraceae" = "#D2B48C",  
 "Cellulomonadaceae" = "#CD853F",  
 "Cellvibrionaceae" = "#CDB38B",  
 "Chitinophagaceae" = "#8B6914",  
 "Chlamydiaceae" = "#9B30FF",  
 "Christensenellaceae" = "#8B1C62",  
 "Chromatiaceae" = "#8B3A62",  
 "Chromobacteriaceae" = "#8B7D7B",  
 "Chroococciopsidaceae" = "#8B814C",  
 "Chthoniobacteraceae" = "#CD6600",  
 "Clostridiaceae" = "#CDC0B0",  
 "Clostridiales Family XIII. inc. sed." = "#BDB76B",  
 "Comamonadaceae" = "#8B5A2B",  
 "Conexibacteraceae" = "#00CDCD",  
 "Coriobacteriaceae" = "#9ACD32",  
 "Corynebacteriaceae" = "#8B4500",  
 "Cyclobacteriaceae" = "#5F9EA0",  
 "Cytophagaceae" = "#CD4F39",  
 "Defluviitaleaceae" = "#00FFFF",  
 "Deinococcaceae" = "#551A8B",  
 "Demequinaceae" = "#8B7765",  
 "Dermabacteraceae" = "#DA70D6",  
 "Dermacoccaceae" = "#00688B",  
 "Dermatophilaceae" = "#8968CD",  
 "Desulfovibrionaceae" = "#00FF00",  
 "Dietziaceae" = "#FF82AB",  
 "Ectothiorhodospiraceae" = "#FF7F50",

"Eggerthellaceae"	=	"#FFC1C1",
"Elusimicrobiaceae"	=	"#CD919E",
"Enterobacteriaceae"	=	"#6B8E23",
"Enterococcaceae"	=	"#CD5C5C",
"Erwiniaceae"	=	"#595959",
"Erysipelotrichaceae"	=	"#CD853F",
"Erythrobacteraceae"	=	"#FFE4E1",
"Eubacteriaceae"	=	"#8B3626",
"Fibrobacteraceae"	=	"#333333",
"Flavobacteriaceae"	=	"#CDB7B5",
"Francisellaceae"	=	"#8B7500",
"Frankiaceae"	=	"#7F7F7F",
"Fusobacteriaceae"	=	"#CD96CD",
"Gaiellaceae"	=	"#00008B",
"Gemmataceae"	=	"#EEE8AA",
"Gemmatimonadaceae"	=	"#EE2C2C",
"Geodermatophilaceae"	=	"#CD661D",
"Gordoniaceae"	=	"#FFFFFF0",
"Hafniaceae"	=	"#CDC8B1",
"Halomonadaceae"	=	"#8B795E",
"Helicobacteraceae"	=	"#8B0000",
"Hymenobacteraceae"	=	"#FF4500",
"Hyphomicrobiaceae"	=	"#20B2AA",
"Hyphomonadaceae"	=	"#FF4040",
"Iamiaceae"	=	"#EE7600",
"Intrasporangiaceae"	=	"#90EE90",
"Isosphaeraceae"	=	"#CDB5CD",
"Jiangellaceae"	=	"#C1CDCD",
"Kineosporiaceae"	=	"#FDF5E6",
"Labilitrichaceae"	=	"#8B668B",
"Lachnospiraceae"	=	"#48D1CC",
"Lactobacillaceae"	=	"#B452CD",
"Legionellaceae"	=	"#FF1493",
"Leptolyngbyaceae"	=	"#9AFF9A",
"Leptospiroaceae"	=	"#8B2323",
"Leptotrichiaceae"	=	"#63B8FF",
"Leuconostocaceae"	=	"#CD9B9B",

"Listeriaceae"	=	"#EEE8CD",
"Marinilabiliaceae"	=	"#CDBE70",
"Merismopediaceae"	=	"#A6A6A6",
"Methylobacteriaceae"	=	"#EE82EE",
"Methylophilaceae"	=	"#32CD32",
"Microbacteriaceae"	=	"#3CB371",
"Micrococcaceae"	=	"#AB82FF",
"Microcoleaceae"	=	"#8B475D",
"Micromonosporaceae"	=	"#7FFF00",
"Moraxellaceae"	=	"#FFA500",
"Morganellaceae"	=	"#66CDAA",
"Mycobacteriaceae"	=	"#8B0000",
"Mycoplasmataceae"	=	"#BBFFFF",
"Myxococcaceae"	=	"#FFE1FF",
"Nakamurellaceae"	=	"#5D478B",
"Neisseriaceae"	=	"#FFefd5",
"Nitrosomonadaceae"	=	"#8B008B",
"Nitrospiraceae"	=	"#FF6347",
"Nocardiaceae"	=	"#B0E0E6",
"Nocardiodiaceae"	=	"#556B2F",
"Nocardioptaceae"	=	"#7CCD7C",
"Nostocaceae"	=	"#66CD00",
"Odoribacteraceae"	=	"#E066FF",
"Opitutaceae"	=	"#66CDAA",
"Oscillatoriaceae"	=	"#8A2BE2",
"Oscillospiraceae"	=	"#473C8B",
"Oxalobacteraceae"	=	"#00868B",
"Paenibacillaceae"	=	"#006400",
"Pasteurellaceae"	=	"#8B7B8B",
"Patulibacteraceae"	=	"#7D26CD",
"Pectobacteriaceae"	=	"#79CD79",
"Pelagibacteraceae"	=	"#698B22",
"Peptococcaceae"	=	"#FAEBD7",
"Peptoniphilaceae"	=	"#9400D3",
"Peptostreptococcaceae"	=	"#B3EE3A",
"Phyllobacteriaceae"	=	"#FFE4B5",
"Piscirickettsiaceae"	=	"#F0F8FF",

"Planctomycetaceae"	=	"#00F5FF",
"Planococcaceae"	=	"#A020F0",
"Polyangiaceae"	=	"#00008B",
"Porphyromonadaceae"	=	"#FFB90F",
"Prevotellaceae"	=	"#68228B",
"Prolixibacteraceae"	=	"#FFA54F",
"Promicromonosporaceae"	=	"#00FF7F",
"Propionibacteriaceae"	=	"#ADFF2F",
"Pseudoalteromonadaceae"	=	"#668B8B",
"Pseudomonadaceae"	=	"#7FFFD4",
"Pseudonocardiaceae"	=	"#0000CD",
"Rhizobiaceae"	=	"#EED5D2",
"Rhodanobacteraceae"	=	"#191970",
"Rhodobacteraceae"	=	"#00BFFF",
"Rhodocyclaceae"	=	"#CD69C9",
"Rhodospirillaceae"	=	"#FFDAB9",
"Rikenellaceae"	=	"#B03060",
"Rubricoccaceae"	=	"#009ACD",
"Rubrobacteraceae"	=	"#00FA9A",
"Ruminococcaceae"	=	"#B22222",
"Sandaracinaceae"	=	"#000000",
"Sanguibacteraceae"	=	"#0000FF",
"Selenomonadaceae"	=	"#CD3700",
"Shewanellaceae"	=	"#8B4789",
"Sinobacteraceae"	=	"#8B0A50",
"Solirubrobacteraceae"	=	"#EE6A50",
"Sphingobacteriaceae"	=	"#EEC900",
"Sphingomonadaceae"	=	"#F5FFFA",
"Spirochaetaceae"	=	"#FF8C00",
"Sporomusaceae"	=	"#F08080",
"Staphylococcaceae"	=	"#CDAF95",
"Streptococcaceae"	=	"#008B45",
"Streptomycetaceae"	=	"#458B00",
"Streptosporangiaceae"	=	"#FF7F24",
"Succinivibrionaceae"	=	"#000080",
"Sutterellaceae"	=	"#CD1076",
"Synechococcaceae"	=	"#8B6969",

```

"Synergistaceae"          = "#7D7D7D",
"Thermoactinomycetaceae" = "#242424",
"Thermoanaerobacteraceae" = "#3D3D3D",
"Thermoanaerobacterales Family III. inc. sed." = "#595959",
"Thermoleophilaceae"     = "#8A8A8A",
"Thermomonosporaceae"    = "#999999",
"Tissierellaceae"        = "#A6A6A6",
"Trueperaceae"           = "#C9C9C9",
"Tsukamurellaceae"      = "#C1CDC1",
"Veillonellaceae"       = "#EE6363",
"Verrucomicrobiaceae"   = "#8B8B83",
"Vibrionaceae"           = "#EEE0E5",
"Victivallaceae"        = "#EEE9BF",
"Williamsiaceae"        = "#D1EEEE",
"Xanthobacteraceae"     = "#EED5B7",
"Xanthomonadaceae"      = "#EE3B3B",
"Yersiniaceae"          = "#76EE00"
)

```

```

# Verwenden Sie den Farbvektor in Ihrer ggplot-Codezeile
p <- ggplot(daten_filtered2, aes(x = ZUEALP, y = Wert, fill = Familie)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = "fill", width=0.9) +
  labs(title = NULL, x = "", y = "") +
  scale_y_continuous(labels = scales::percent_format(scale = 100)) +
  scale_fill_manual(values = farben) + # Verwenden Sie den Farbvektor
  theme_minimal() +
  coord_flip()
p + guides(fill = guide_legend(title = NULL, ncol=5)) + theme(legend.position = "bottom",
legend.text = element_text(size = 10))

```

## Pilze

Der Code ist identisch zu dem der Bakterien. Nur die Farbpalette wird angepasst.

```

farben <- c(
"Agaricaceae" = "#DAA520",
"Ajellomycetaceae" = "#8EE5EE",
"Aplosporellaceae" = "#8B5A00",

```

"Arthrodermataceae" = "#4F94CD",  
 "Ascoideaceae" = "#FFF0F5",  
 "Aspergillaceae" = "#6A5ACD",  
 "Aureobasidiaceae" = "#FF34B3",  
 "Bartaliniaceae" = "#96CDCD",  
 "Bionectriaceae" = "#CD0000",  
 "Bondarzewiaceae" = "#FFEC8B",  
 "Botryosphaeriaceae" = "#548B54",  
 "Brachybasidiaceae" = "#36648B",  
 "Bulleribasidiaceae" = "#696969",  
 "Cantharellaceae" = "#CD950C",  
 "Ceraceosoraceae" = "#104E8B",  
 "Ceratobasidiaceae" = "#FFE4C4",  
 "Chaetomiaceae" = "#CD8500",  
 "Choanephoraceae" = "#7A378B",  
 "Clavicipitaceae" = "#008B00",  
 "Coniophoraceae" = "#FFFF00",  
 "Cordycipitaceae" = "#228B22",  
 "Coriolaceae" = "#BF3EFF",  
 "Cryphonectriaceae" = "#C71585",  
 "Cryptobasidiaceae" = "#CCCCCC",  
 "Cryptococcaceae" = "#00CD00",  
 "Cucurbitariaceae" = "#BC8F8F",  
 "Cuniculitremaceae" = "#1C86EE",  
 "Cunninghamellaceae" = "#6495ED",  
 "Cyphellophoraceae" = "#8B8378",  
 "Dacrymycetaceae" = "#7B68EE",  
 "Debaryomycetaceae" = "#D2B48C",  
 "Dermateaceae" = "#CD853F",  
 "Diaporthaceae" = "#CDB38B",  
 "Didymellaceae" = "#8B6914",  
 "Didymosphaeriaceae" = "#9B30FF",  
 "Dipodascaceae" = "#8B1C62",  
 "Dissoconiaceae" = "#8B3A62",  
 "Dothidotthiaceae" = "#8B7D7B",  
 "Epitheliaceae" = "#8B814C",  
 "Eremomycetaceae" = "#CD6600",

"Filobasidiaceae" = "#CDC0B0",  
 "Fomitopsidaceae" = "#BDB76B",  
 "Gloeophyllaceae" = "#8B5A2B",  
 "Glomeraceae" = "#00CDCD",  
 "Glomerellaceae" = "#9ACD32",  
 "Helotiaceae" = "#8B4500",  
 "Herpotrichiellaceae" = "#5F9EA0",  
 "Hyaloscyphaceae" = "#CD4F39",  
 "Hymenochaetaceae" = "#00FFFF",  
 "Hypocreaceae" = "#551A8B",  
 "Kickxellaceae" = "#8B7765",  
 "Lasiosphaeriaceae" = "#DA70D6",  
 "Leptosphaeriaceae" = "#00688B",  
 "Lichtheimiaceae" = "#8968CD",  
 "Lindgomycetaceae" = "#00FF00",  
 "Magnaporthaceae" = "#FF82AB",  
 "Malasseziaceae" = "#FF7F50",  
 "Marasmiaceae" = "#FFC1C1",  
 "Melampsoraceae" = "#CD919E",  
 "Metschnikowiaceae" = "#6B8E23",  
 "Microascaceae" = "#CD5C5C",  
 "Microdochiaceae" = "#595959",  
 "Mixiaceae" = "#CD853F",  
 "Morchellaceae" = "#FFE4E1",  
 "Mortierellaceae" = "#8B3626",  
 "Mucoraceae" = "#333333",  
 "Mycosphaerellaceae" = "#CDB7B5",  
 "Mycotyphaceae" = "#8B7500",  
 "Mytilinidiaceae" = "#7F7F7F",  
 "Myxotrichaceae" = "#CD96CD",  
 "Nectriaceae" = "#00008B",  
 "Nosematidae" = "#EEE8AA",  
 "Omphalotaceae" = "#EE2C2C",  
 "Ophiocordycipitaceae" = "#CD661D",  
 "Ophiostomataceae" = "#FFFFFF",  
 "Orbiliaceae" = "#CDC8B1",  
 "Parmeliaceae" = "#8B795E",

"Phaeosphaeriaceae"= "#8B0000",  
 "Phaffomycetaceae" = "#FF4500",  
 "Phycomycetaceae" = "#20B2AA",  
 "Pichiaceae" = "#FF4040",  
 "Pisolithaceae" = "#EE7600",  
 "Plectosphaerellaceae" = "#90EE90",  
 "Pleistophoridae" = "#CDB5CD",  
 "Pleosporaceae" = "#C1CDCD",  
 "Pleurotaceae" = "#FDF5E6",  
 "Pneumocystidaceae" = "#8B668B",  
 "Polyporaceae" = "#48D1CC",  
 "Powellomycetaceae"= "#B452CD",  
 "Psathyrellaceae" = "#FF1493",  
 "Pseudeurotiaceae" = "#9AFF9A",  
 "Pseudomassariaceae" = "#8B2323",  
 "Pucciniaceae" = "#63B8FF",  
 "Punctulariaceae" = "#CD9B9B",  
 "Pyronemataceae" = "#EEE8CD",  
 "Radiomycetaceae" = "#CDBE70",  
 "Rhizopodaceae" = "#A6A6A6",  
 "Saccharomycetaceae" = "#EE82EE",  
 "Saccharomycodaceae" = "#32CD32",  
 "Schizophyllaceae" = "#3CB371",  
 "Schizosaccharomycetaceae" = "#AB82FF",  
 "Sclerotiniaceae" = "#8B475D",  
 "Serpulaceae" = "#7FFF00",  
 "Sordariaceae" = "#FFA500",  
 "Sparassidaceae" = "#66CDAA",  
 "Spizellomycetaceae"= "#8B0000",  
 "Sporidiobolaceae" = "#BBFFFF",  
 "Sporocadaceae" = "#FFE1FF",  
 "Sporormiaceae" = "#5D478B",  
 "Stereaceae" = "#FFefd5",  
 "Strophariaceae" = "#8B008B",  
 "Suillaceae" = "#FF6347",  
 "Sympoventuriaceae"= "#B0E0E6",  
 "Synchytriaceae" = "#556B2F",

```

"Teratosphaeriaceae" = "#7CCD7C",
"Thermoascaceae" = "#66CD00",
"Tilletiariaceae" = "#E066FF",
"Togniniaceae" = "#66CDAA",
"Trematosphaeriaceae" = "#8A2BE2",
"Tremellaceae" = "#473C8B",
"Trichocomaceae" = "#00868B",
"Tricholomataceae" = "#006400",
"Trichomonascaceae" = "#8B7B8B",
"Trichosporonaceae" = "#7D26CD",
"Tuberaceae" = "#79CDCD",
"Umbelopsidaceae" = "#698B22",
"Unikaryonidae" = "#FAEBD7",
"Ustilaginaceae" = "#9400D3",
"Verrucariaceae" = "#B3EE3A",
"Xylariaceae" = "#FFE4B5",
"Xylonomycetaceae" = "#F0F8FF"
)

```

## Protokoll zum Erstellen der NMDS-Plots

#Zunächst werden für die Auswertung die verschiedenen Pakete installiert, falls dies noch nicht getan wurde.

```

install.packages("dplyr") # To manipulate dataframes
install.packages("readxl") # To read Excel files into R
install.packages("magrittr") # A "pipe"-like operator %>%
install.packages("ade4") # Tools for multivariate data analysis
install.packages("ggplot2") # for high quality graphics
install.packages("ape") # Analyses of Phylogenetics and Evolution
install.packages("igraph") # Network Analysis
install.packages("vegan") # Community Ecology Package

```

#Install phyloseq, dass von BiocManager unterstützt wird.

```

if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("phyloseq")

```

#Das anschließende Laden der Pakete muss immer durchgeführt werden.

```
library(vegan)
library("tibble")
library(phyloseq)
library(ggplot2)
library(readxl)
library(dplyr)
library("magrittr")
library("vctrs")
```

#Mit diesem Befehl kann der aktuelle Dateipfad ausgegeben werden.

```
getwd()
```

#Zum Navigieren zum richtigen Dateipfad, in dem die Input-Dateien gefunden und die Output-Dateien gespeichert werden, erfolgt mit diesem Befehl.

```
setwd("C:/Users/Masterstudent1/Desktop/Auswertung_Masterarbeit/Beta_Diversität/Bakterien/Kamele/")
```

#Als nächstes müssen die benötigten Dateien für die Distanzmatrix und die NMDS Analyse eingelesen werden.

#Dieser Code liest eine Excel-Datei ein und ändert dann die Zeilenbezeichnungen der Datenmatrix, indem er die Werte aus der Spalte "otu" als Zeilenbezeichnungen verwendet.

```
otu_mat <- read_excel("otumat.xlsx")
otu_mat <- otu_mat %>% tibble::column_to_rownames("otu")
```

#Dieser Code liest eine Excel-Datei ein und ändert dann die Zeilenbezeichnungen der Datenmatrix, indem er die Werte aus der Spalte "otu" als Zeilenbezeichnungen verwendet.

```
tax_mat <- read_excel("taxmat.xlsx")
tax_mat <- tax_mat %>% tibble::column_to_rownames("otu")
```

#Dieser Code liest eine Excel-Datei ein und ändert dann die Zeilenbezeichnungen der Datenmatrix, indem er die Werte aus der Spalte "sample" als Zeilenbezeichnungen verwendet.

```
samples_df <- read_excel("metadata.xlsx")
```

#Filtern nach Zoo oder Spezies, wobei entweder für Zoo oder für Spezies mindestens eine Variable angegeben werden muss

```

filtered_samples_df <- samples_df %>% filter(Spezien == c("Lama", "Alpaka"))

filtered_samples_df <- filtered_samples_df %>% tibble::column_to_rownames("sample")
filtered_samples_df <- as.data.frame(filtered_samples_df)

#Umwandeln der Tabellen in das Matrixformat
otu_mat <- as.matrix(otu_mat)
tax_mat <- as.matrix(tax_mat)

#Umwandeln der Tabellen in phyloseq Objekte, Zusammenfügen zu einem gemeinsamen
phyloseq Objekt
#Die Benennung "Carbom" ist dem Tutorial (vault) übernommen und kann geändert werden
OTU = otu_table(otu_mat, taxa_are_rows = TRUE)
TAX = tax_table(tax_mat)
samples = sample_data(filtered_samples_df)
carbom <- phyloseq(OTU, TAX, samples)
carbom

#Berechnung der Distanzmatrizen über Bray-Curtis Dissimilarities und Darstellung in NMDS-
Plot
carbom.nmnds <- ordinate(carbom, "NMDS", "bray")

#Mehr als 6 Formen einsetzen
shape_values <- c("circle", "square", "diamond", "cross", "plus", "asterisk", "triangle", "square
plus", "star", "circle plus", "square cross", "diamond plus", "bullet")

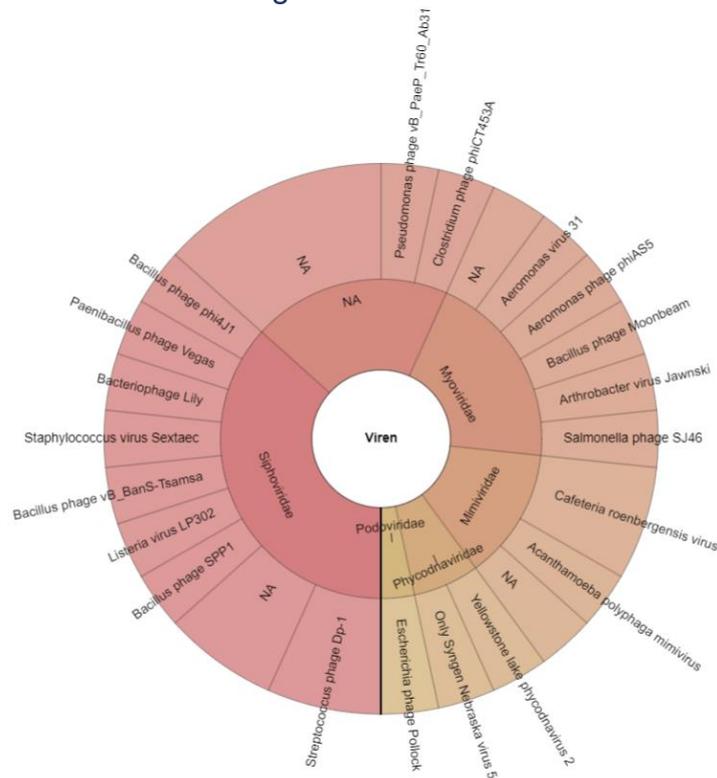
#Anpassen der Farben
color_chosen <- c("orange", "red", "pink", "purple", "light blue", "blue", "grey", "green",
"brown", "black", "yellow", "white")

x = plot_ordination(carbom, carbom.nmnds, type="samples", color="Spezien", title="OTUs") +
scale_shape_manual(values = shape_values) + scale_color_manual(values=color_chosen)
x2 <- x + geom_point(size=4)
x2

```

## Zusätzliche Ergebnisse

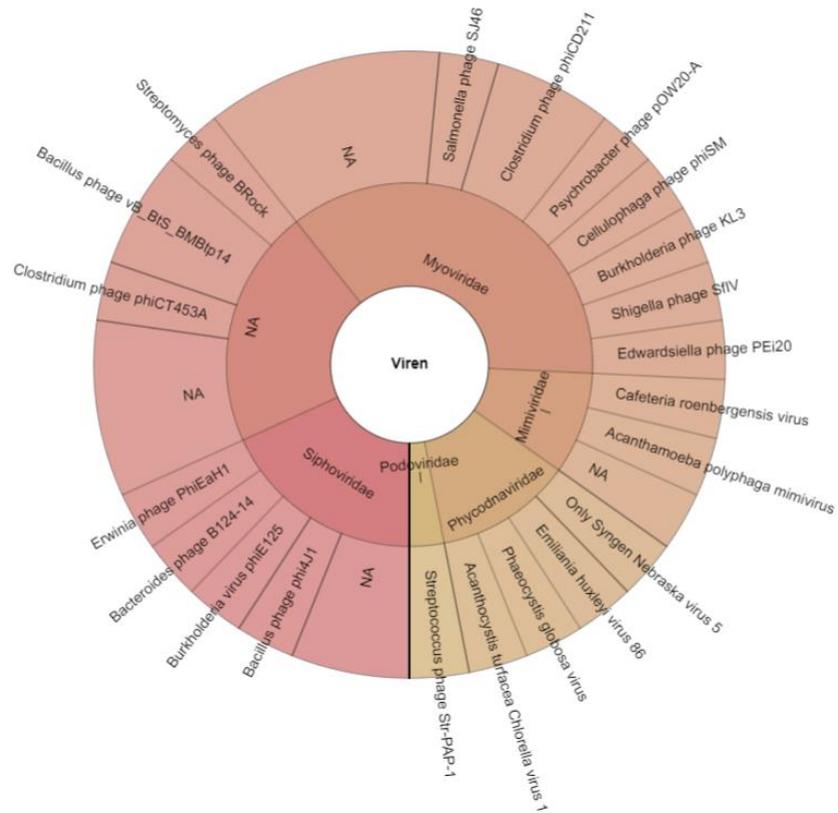
### Krona-Plot zu der Zusammensetzung des Viroms



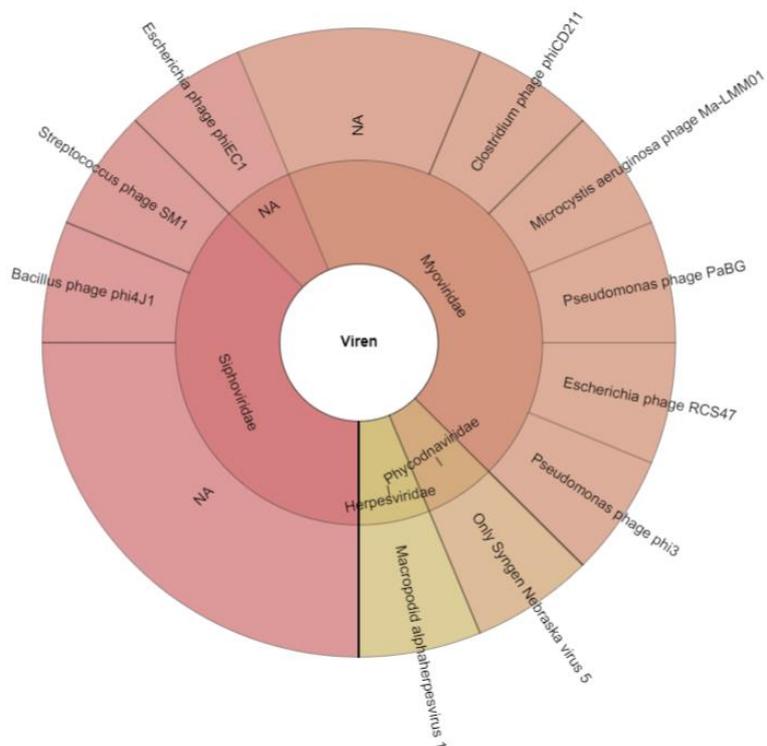
**Anhang 1| Krona-Plot der Probe AUGALP1.** Die gleichmäßige Verteilung zeigt, dass die meisten Spezies mit nur einem Read vorkommen, wobei die Ausnahmen *Cafeteria roenbergensis virus* und *Streptococcus phage Dp-1* darstellen. Eine weitere Familie ist die der *Podoviridae*.



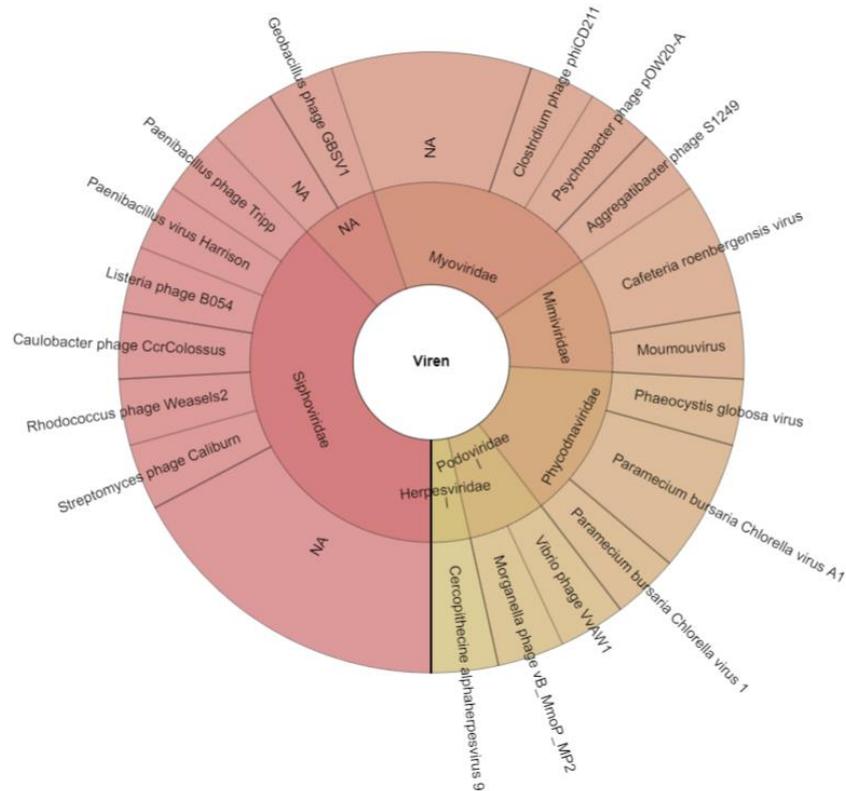
**Anhang 2| Krona-Plot der Probe AUGALP2.** Der Plot zeigt eine geringe Anzahl verschiedener Spezies, von denen nur *Geobacillus virus E3* eine höhere Häufigkeit aufweist.



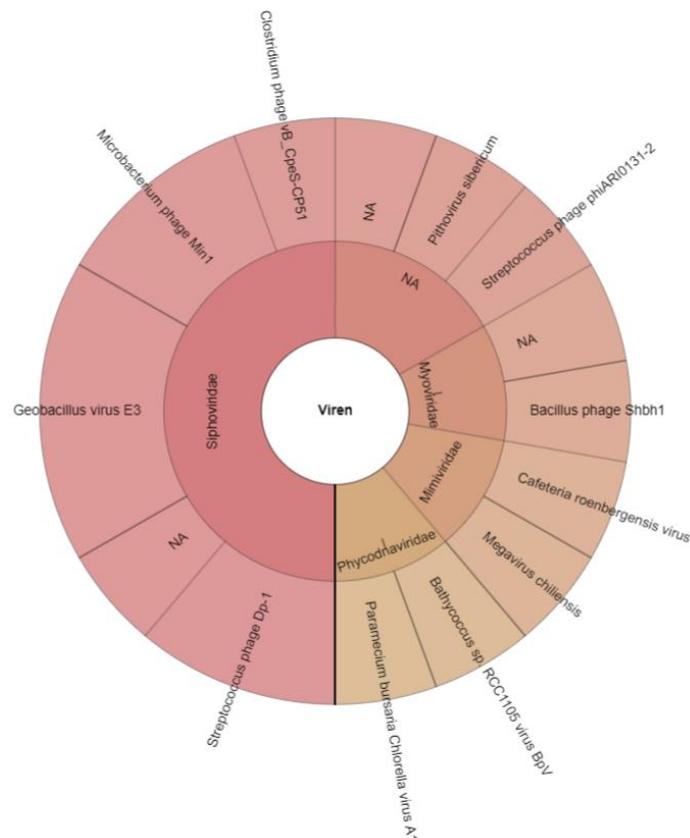
**Anhang 3| Krona-Plot der Probe AUGALP3.** Die Viren-Spezies zeigen eine hohe Vielfalt, wobei die Anzahlen sehr gleichmäßig verteilt sind.



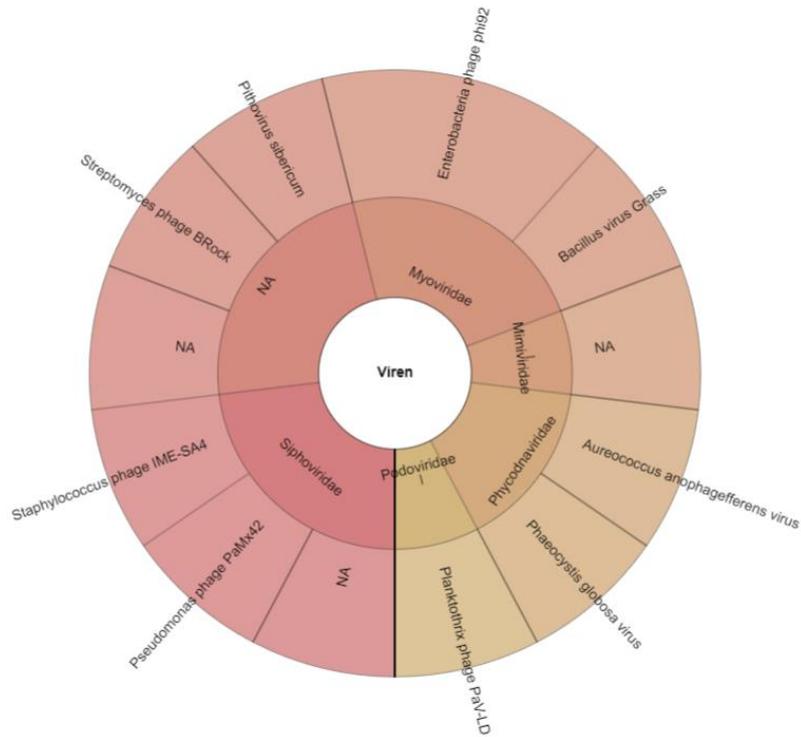
**Anhang 4| Krona-Plot der Probe AUGALP4.** Es treten wenig verschiedene Spezies auf, wofür allerdings die Familie der *Herpesviridae* vorkommt.



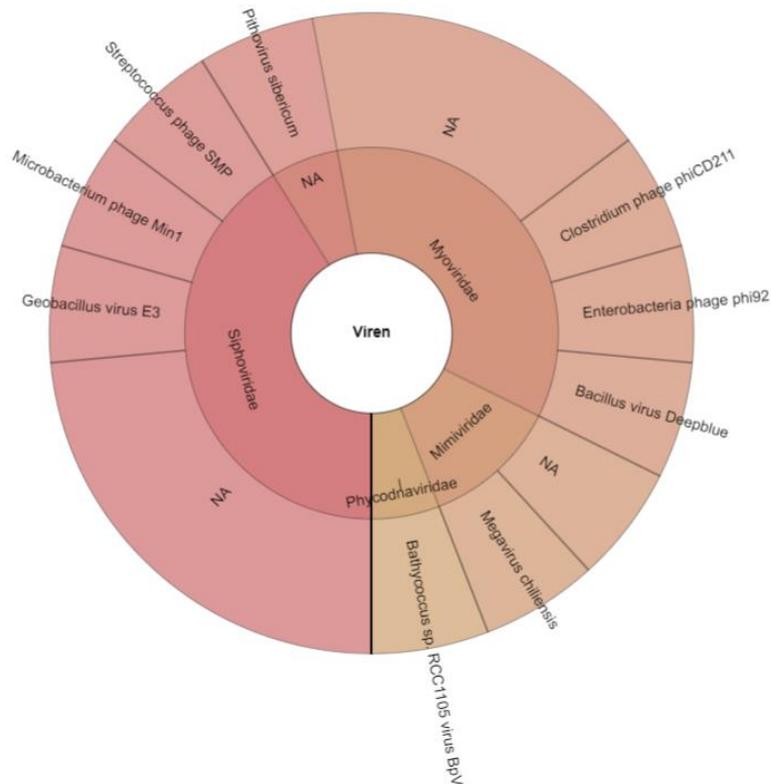
**Anhang 5| Krona-Plot der Probe AUGALP5.** Es ist eine erhöhte Vielfalt an Viren-Spezies zu erkennen, zu denen auch Spezies der Familien *Podoviridae* und *Herpesviridae* zählen.



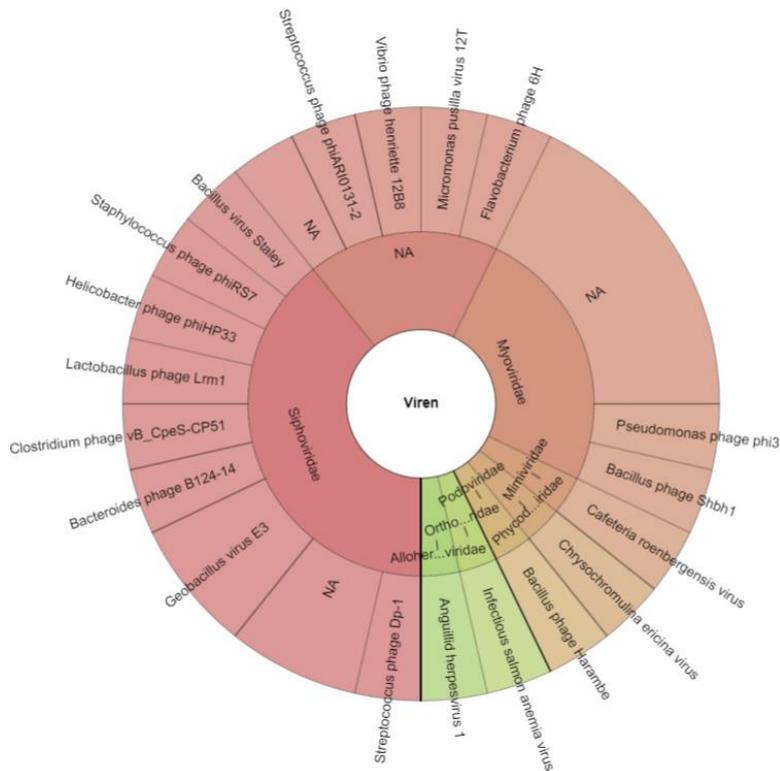
**Anhang 6| Krona-Plot der Probe AUGALP6.** Der Plot zeigt eine geringe Anzahl verschiedener Spezies, von denen nur *Geobacillus virus E3* eine höhere Häufigkeit aufweist.



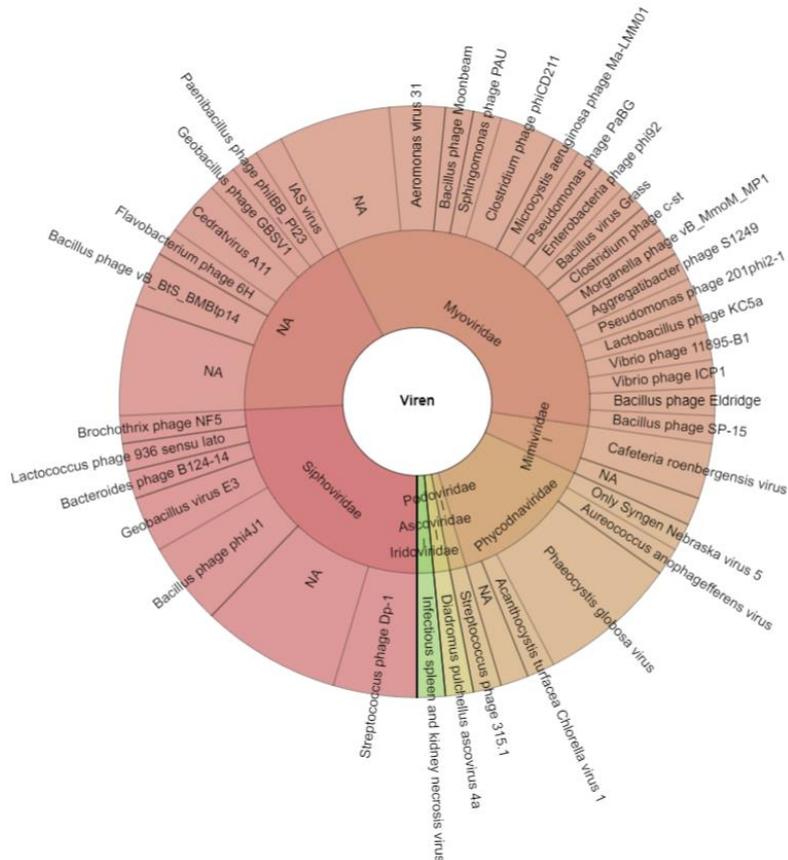
**Anhang 7| Krona-Plot der Probe AUGALP7.** Der Plot zeigt eine geringe Anzahl verschiedener Spezies, von denen nur *Enterobacteria phage phi92* eine höhere Häufigkeit aufweist.



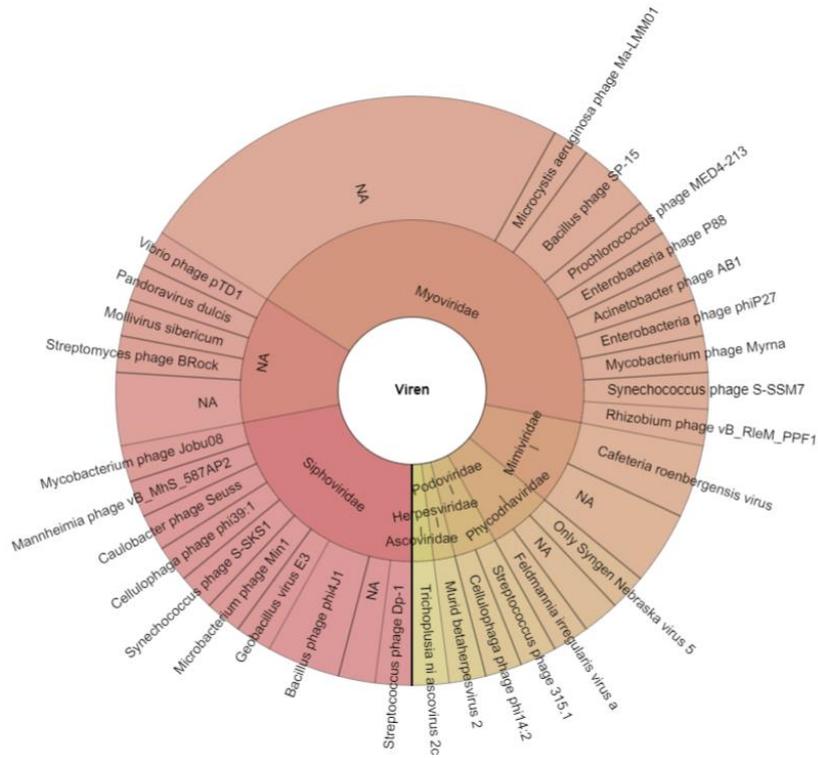
**Anhang 8| Krona-Plot der Probe AUGALP8.** Der Plot zeigt eine geringe Anzahl verschiedener Spezies, wobei keine der Spezies in einer erhöhten Häufigkeit auftritt.



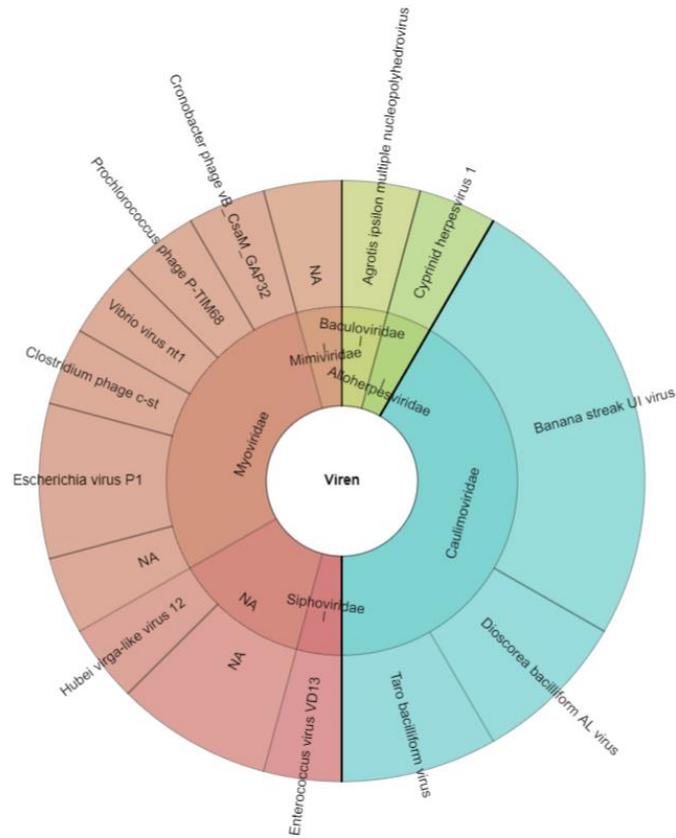
**Anhang 9| Krona-Plot der Probe AUGALP9.** Die Vielfalt der Virenfamilien wird durch die Anwesenheit von *Orthomyxoviridae* und *Alloherpesviridae* erhöht, jedoch ist keine Häufigkeit einer Spezies erhöht.



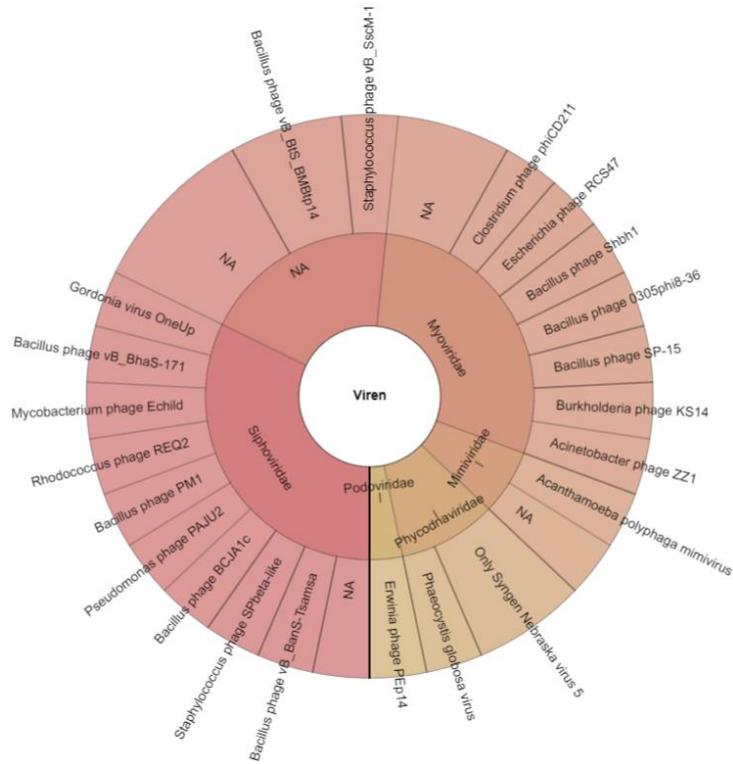
**Anhang 10| Krona-Plot der Probe AUGALP10.** Die Probe weist eine Vielzahl von verschiedenen Virenspezies auf, die durch die Anwesenheit der Familien *Iridoviridae*, *Ascoviridae* und *Podoviridae* unterstützt wird.



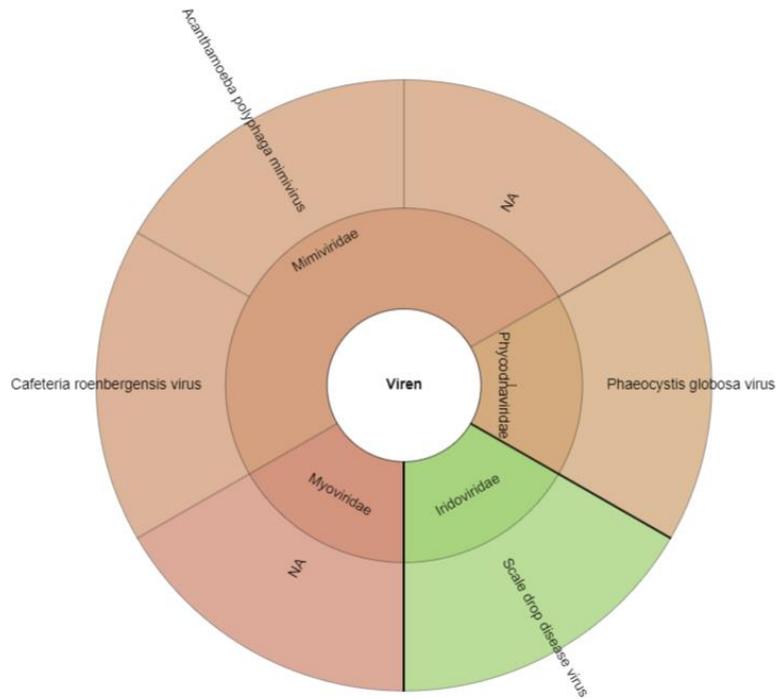
**Anhang 11| Krona-Plot der Probe AUGALPBOD.** Die Probe weist eine Vielzahl von verschiedenen Virenspezies auf, die durch die Anwesenheit der Familien *Herpesviridae*, *Ascoviridae* und *Podoviridae* unterstützt wird.



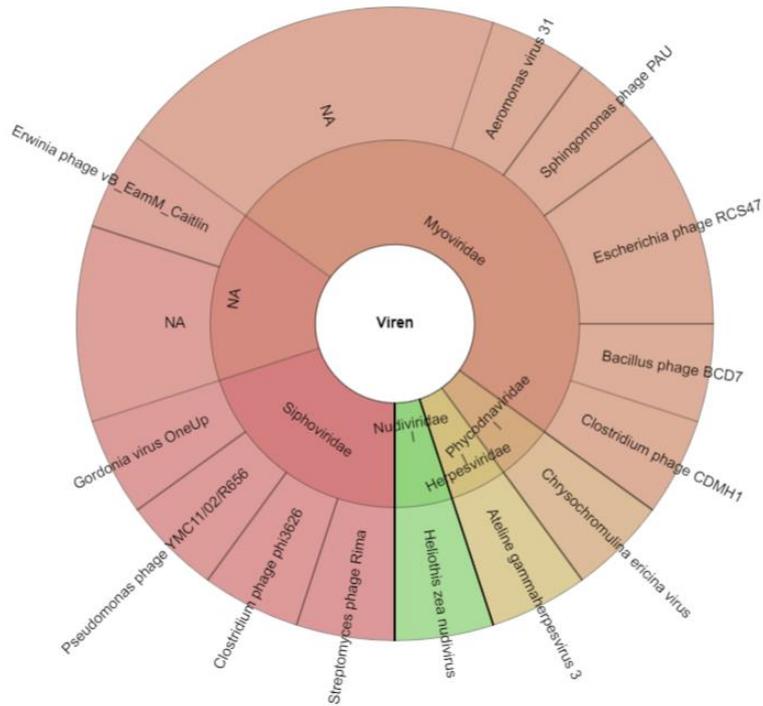
**Anhang 12| Krona-Plot der Probe AUGALPMUS.** Die Virenspezies werden von der Familie der *Caulimoviridae* dominiert, welche jedoch nur drei Spezies in diesen Daten beinhaltet. Eine ähnliche Häufigkeit weist nur das *Escherichia virus P1* auf.



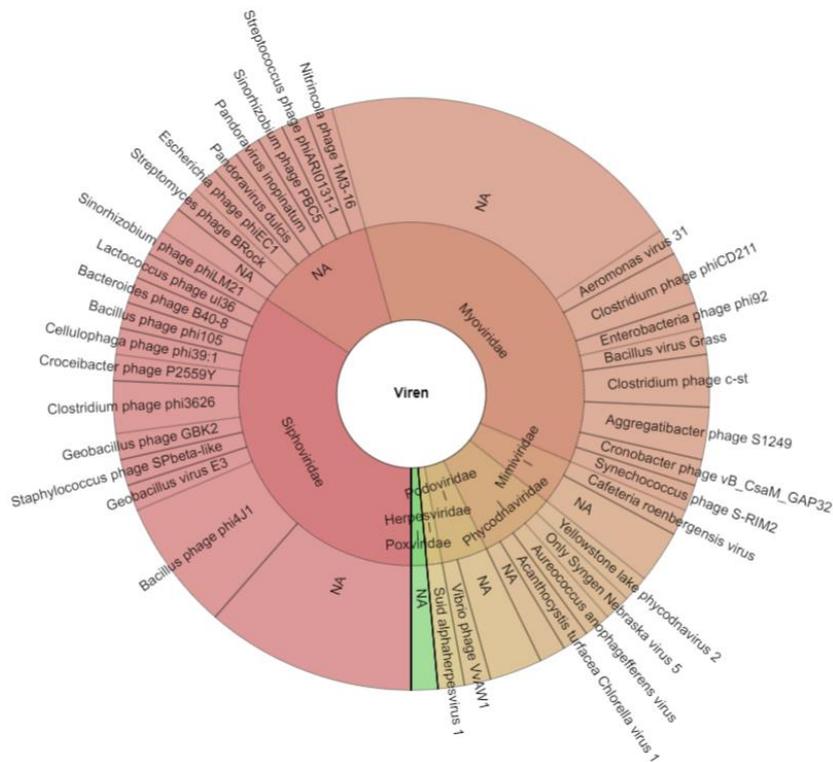
**Anhang 13| Krona-Plot der Probe BERALP1.** Die Familien werden von den *Siphoviridae* und *Myoviridae* dominiert, wobei sie viele Spezies innehaben, aber diese nicht häufiger als die der anderen Familien vorkommen.



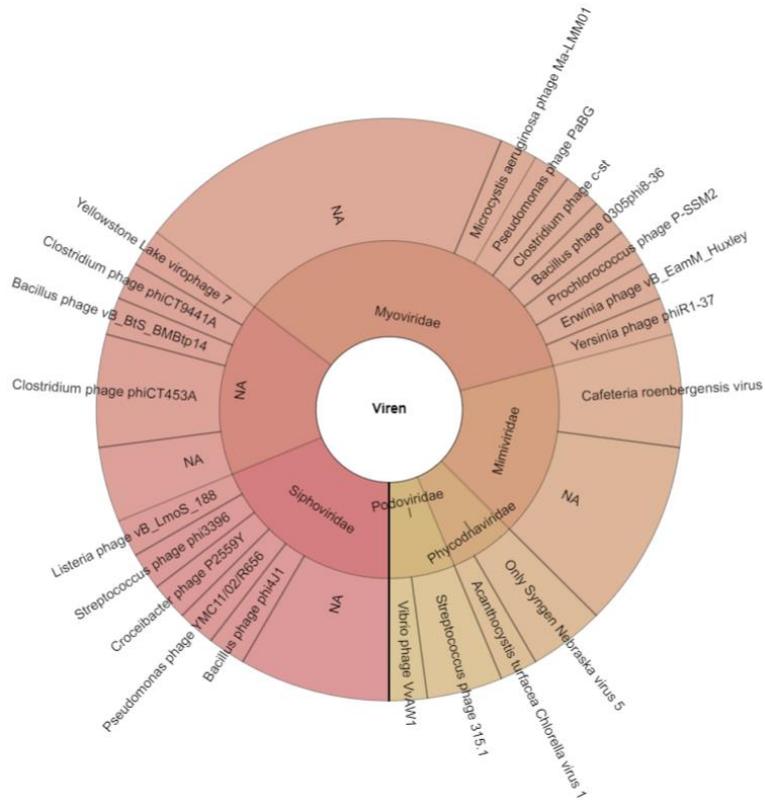
**Anhang 14| Krona-Plot der Probe BERALP2.** Die Probe besteht aus wenigen Spezies, wobei die Familie der *Mimiviridae* die meisten unter sich vereint.



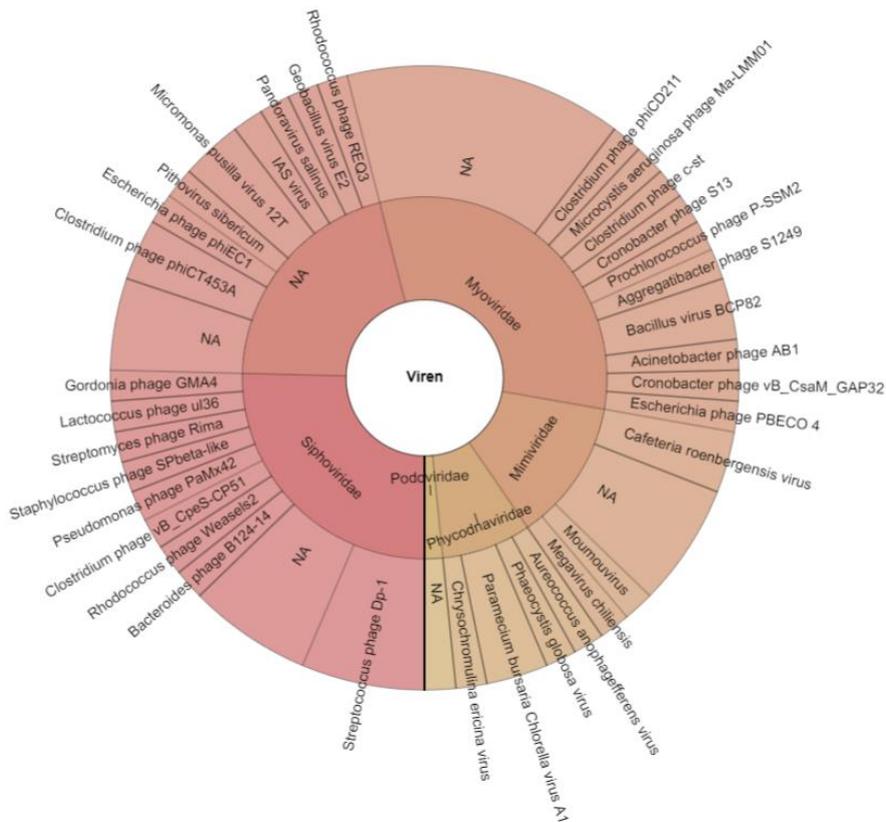
**Anhang 15| Krona-Plot der Probe BERALP3.** Die am meiste vertretene Familie ist die der *Myoviridae*, jedoch ist die Vielfalt nur durch Familien, *Nudiviridae*, *Herpesviridae* und *Phycodnaviridae*, mit einer Spezies gegeben.



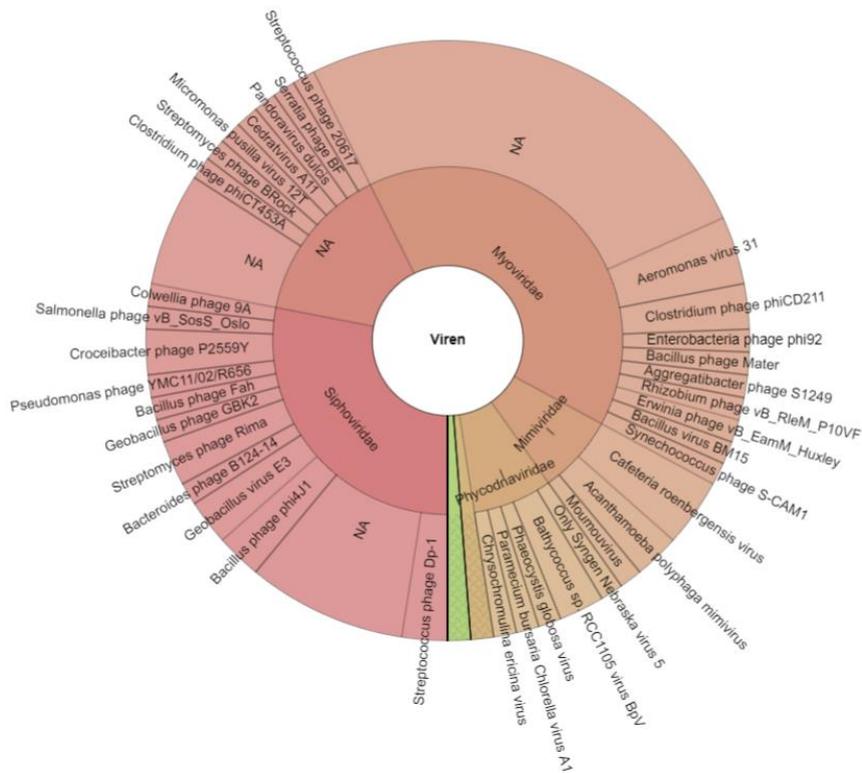
**Anhang 16| Krona-Plot der Probe BEZALP1.** Die Mehrheit der Reads entfallen auf die *Myoviridae* und *Siphoviridae*, die beide eine hohe Anzahl an Phagen aufweisen. Die Vielfalt an Familien wird durch die *Poxviridae* und *Herpesviridae* aufgewertet.



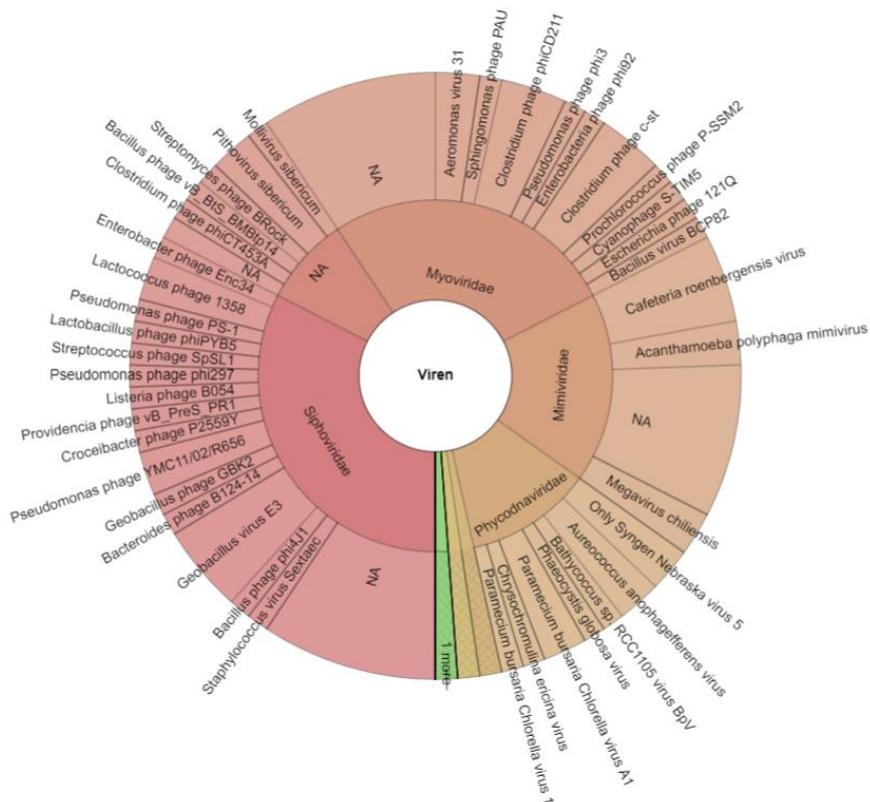
**Anhang 17| Krona-Plot der Probe BEZALP2.** Die *Myoviridae* sind der größte Teil der Probe, jedoch ist die Vielfalt bezüglich der Familien nicht übermäßig. Es sind allerdings in den wenigen Familien viele Spezies gefunden worden.



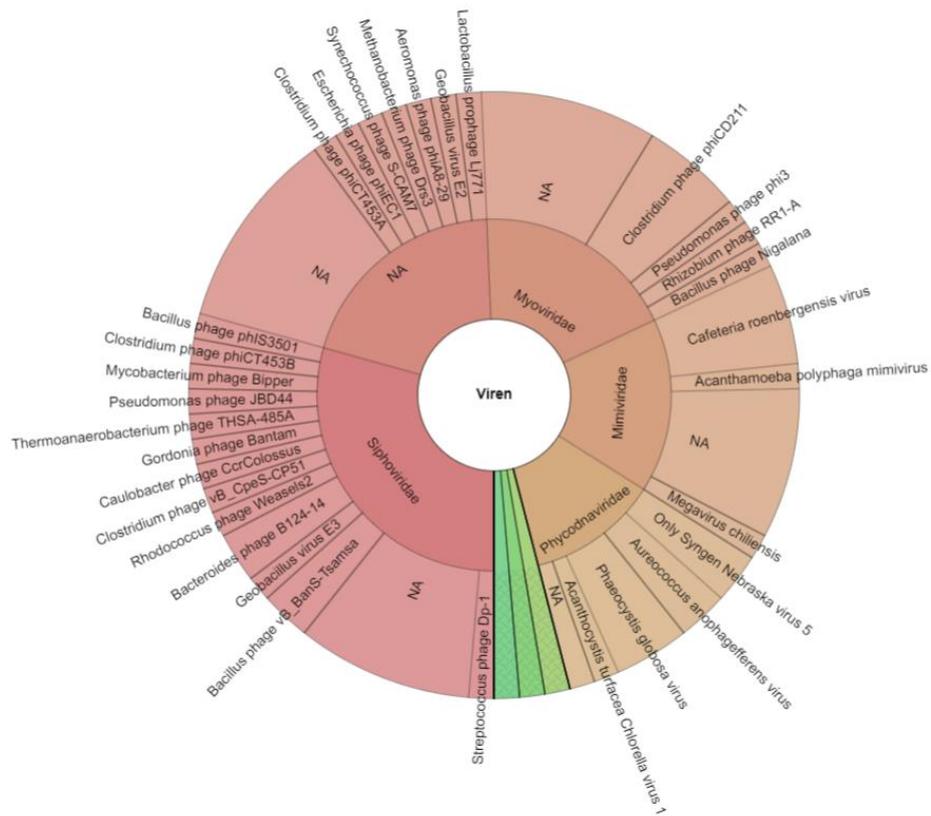
**Anhang 18| Krona-Plot der Probe BEZALP3.** Obwohl mit fünf nur wenige Familien vorliegen, sind viele Spezies gefunden worden, wovon die meisten in die Familien der *Siphoviridae* und *Myoviridae* fallen.



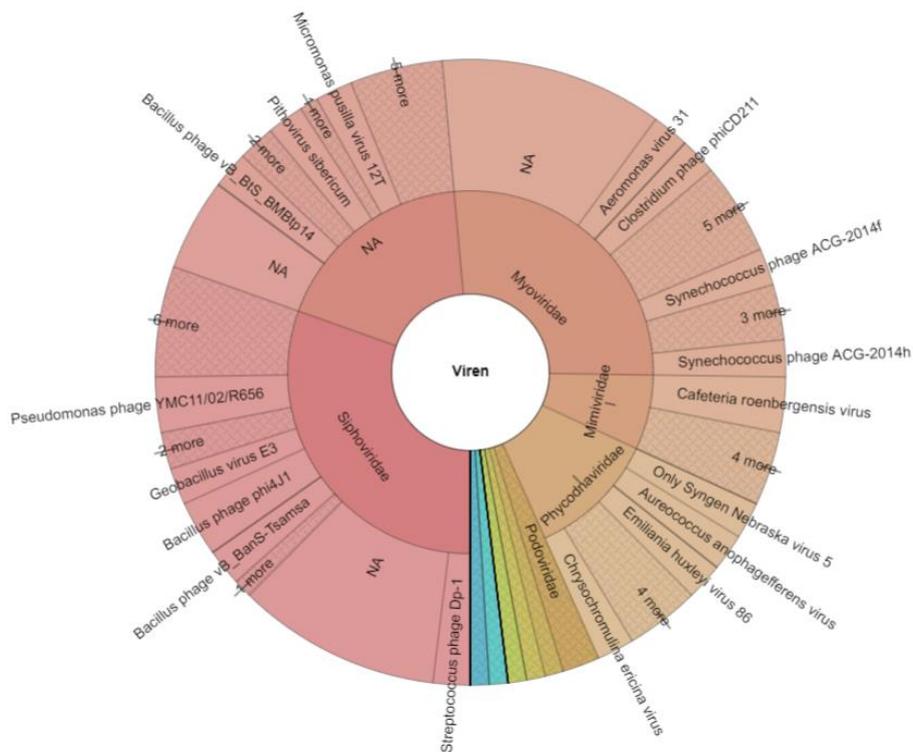
**Anhang 19| Krona-Plot der Probe BEZALP4.** Der größte Teil der Viren entfällt auf die Familie der *Myoviridae*, wovon jedoch viele Reads keiner Spezies zugeordnet werden konnte. Als zusätzliche Familien sind die *Alloherpesviridae* (grün) und *Podoviridae* (Ocker) in dem Diagramm zu erkennen.



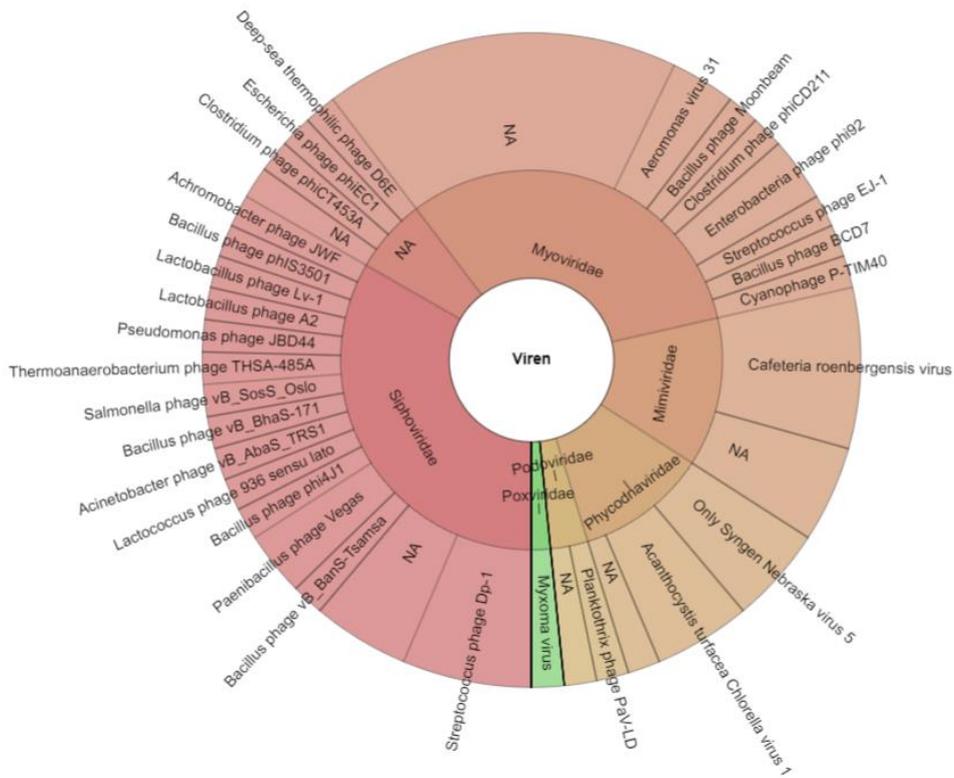
**Anhang 20| Krona-Plot der Probe BEZALP5.** Es wurden viele verschiedene Virenspezies gefunden, die vor allem den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* zugeordnet werden konnten. Die *Nudiviridae* (grün), *Herpesviridae* (helles Ocker) und *Podoviridae* (dunkleres Ocker) erhöhen die Vielfalt der Probe.



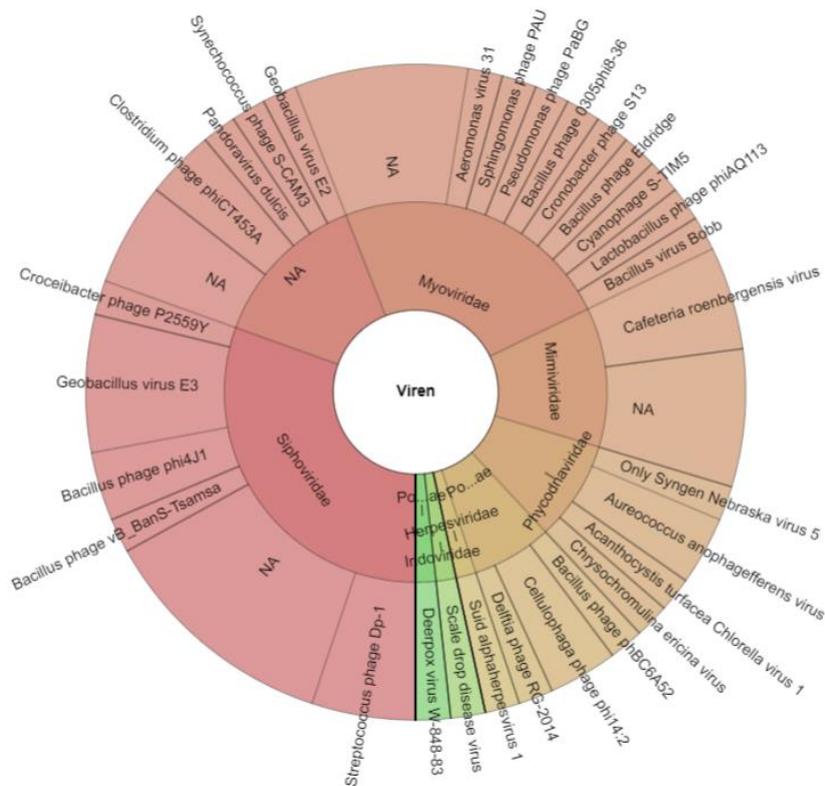
Anhang 21| Krona-Plot der Probe BEZALP6. Die Verteilung der Spezies entfällt vor allem auf die Familie *Siphoviridae*, wobei die Familien *Tectiviridae*, *Iridoviridae* und *Poxviridae* viel zur Vielfalt der Probe beitragen.



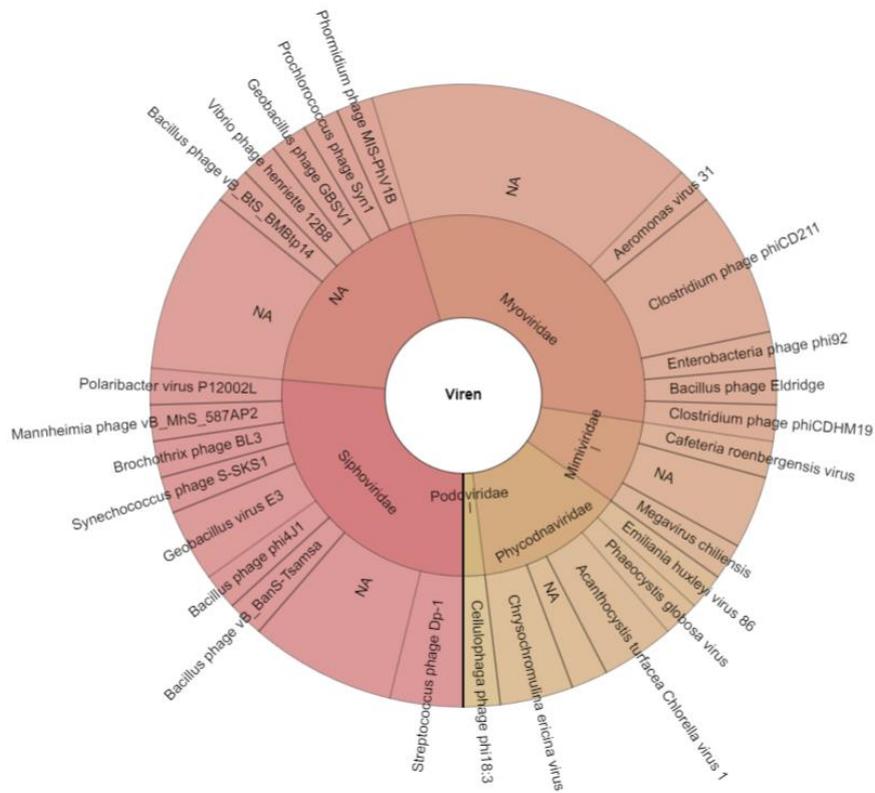
Anhang 22| Krona-Plot der Probe BEZALP7. Der Großteil der Virenspezies ist in den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* zu finden, jedoch ist eine große Anzahl an verschiedenen Familien im Plot vorhanden. Dazu zählen *Pneumoviridae* (dunkelblau), *Caulimoviridae* (hellblau), *Baculoviridae* (gelb), *Ascoviridae* (Ocker) und *Herpesviridae* (orange).



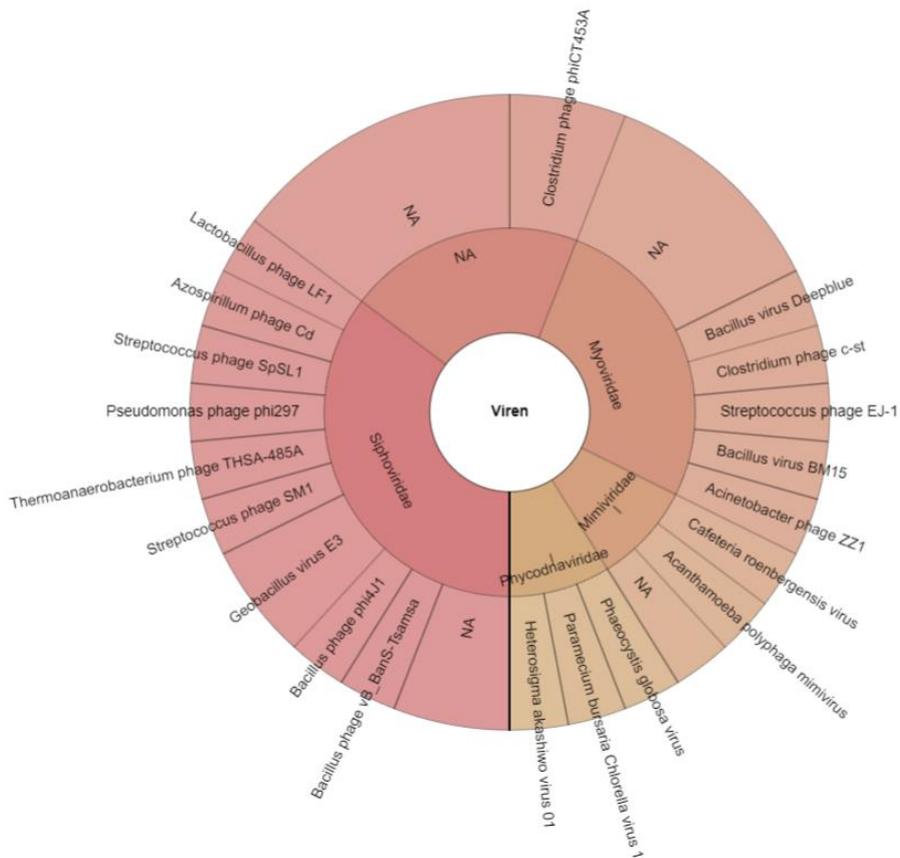
**Anhang 23| Krona-Plot der Probe BEZALP8.** Die Vielfalt der Probe in Bezug auf die Familien ist mit sechs verschiedenen nicht besonders hoch, allerdings zeigt sich dafür eine große Anzahl an Spezies, die vor allem den *Siphoviridae* zuzuordnen sind.



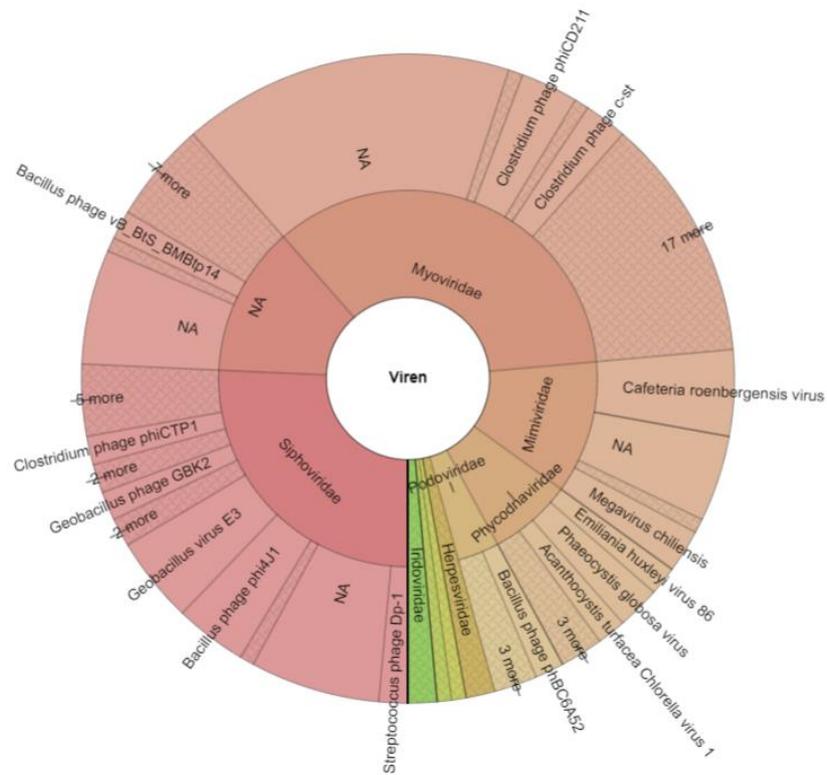
**Anhang 24| Krona-Plot der Probe KREALP1.** Die Vielfalt der Familien wird durch die Anwesenheit von unter anderem *Poxviridae* und *Podoviridae* erhöht, dabei zeigen jedoch die *Myoviridae* die größte Anzahl an unterschiedlichen Spezies.



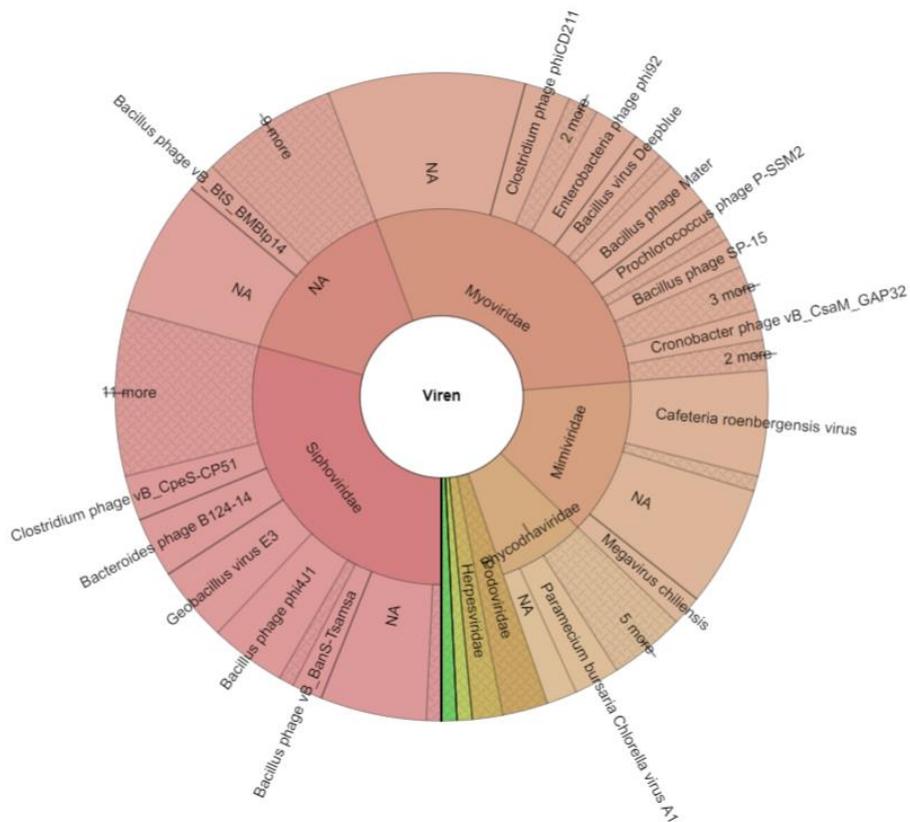
**Anhang 25| Krona-Plot der Probe KREALP2.** Die Spezies der Probe können fünf Familien zugeordnet werden, wovon die meisten den *Siphoviridae* angehören.



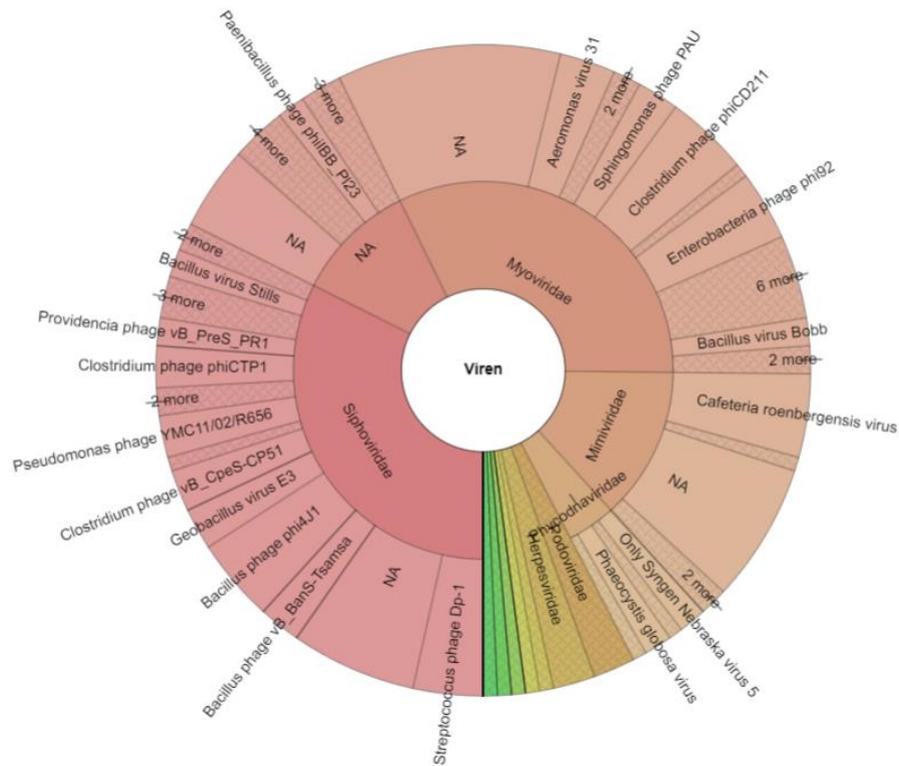
**Anhang 26| Krona-Plot der Probe KREALP3.** Die *Siphoviridae* stellen den Großteil der Spezies, jedoch sind auch nur vier Familien gefunden worden.



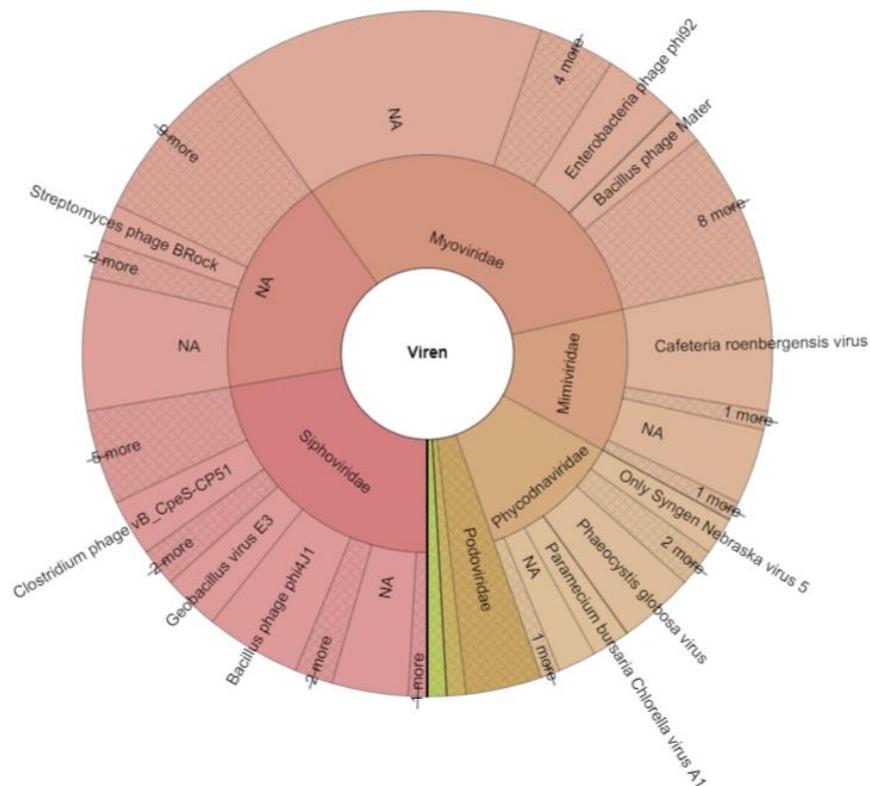
**Anhang 27| Krona-Plot der Probe KREALP4.** Die Anzahl der Familien wird durch die Abundanz von *Baculoviridae* und *Marseilleviridae* erhöht, obwohl die meisten Spezies den *Myoviridae* zufallen.



**Anhang 28| Krona-Plot der Probe KREALP5.** Die meisten Spezies sind der Familie *Myoviridae* zuzuordnen, obwohl den *Siphoviridae* ebenfalls viel unterliegen. Durch die Anwesenheit der *Poxviridae* und *Baculoviridae* wird die Anzahl der Familien auf acht erhöht.

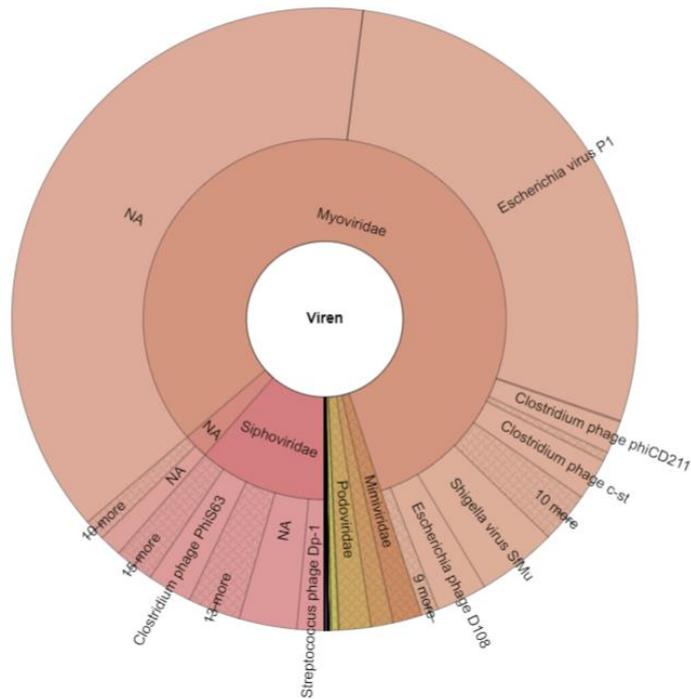


**Anhang 29| Krona-Plot der Probe KREALP6.** Obwohl die meisten Spezies den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* zuzuordnen sind, konnten elf verschiedene Familien gefunden werden, zu denen *Papillomaviridae* (dunkelgrün), *Poxviridae* (mittelgrün), *Iridoviridae* (hellgrün), *Marseilleviridae* (gelb) und *Ascoviridae* (Ocker) gehören.

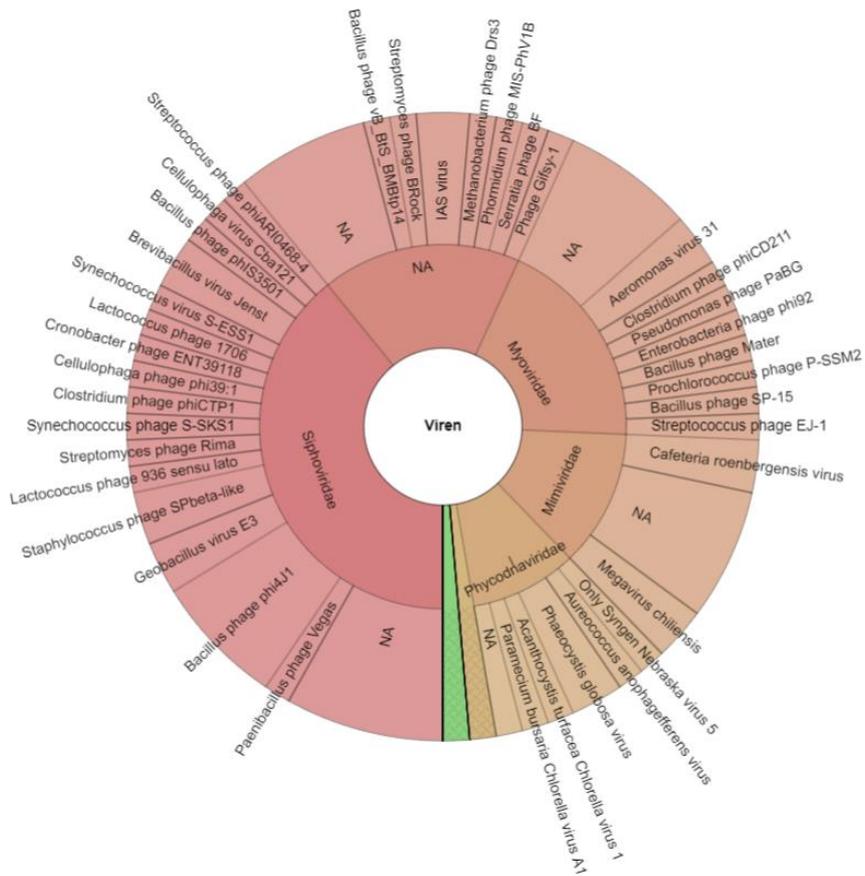


**Anhang 30| Krona-Plot der Probe KREALP7.** Die meisten Spezies sind den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* zuzuordnen, jedoch wird die Vielfalt durch die Abundanz von *Herpesviridae* (Ocker) und *Baculoviridae* (gelb) erhöht.

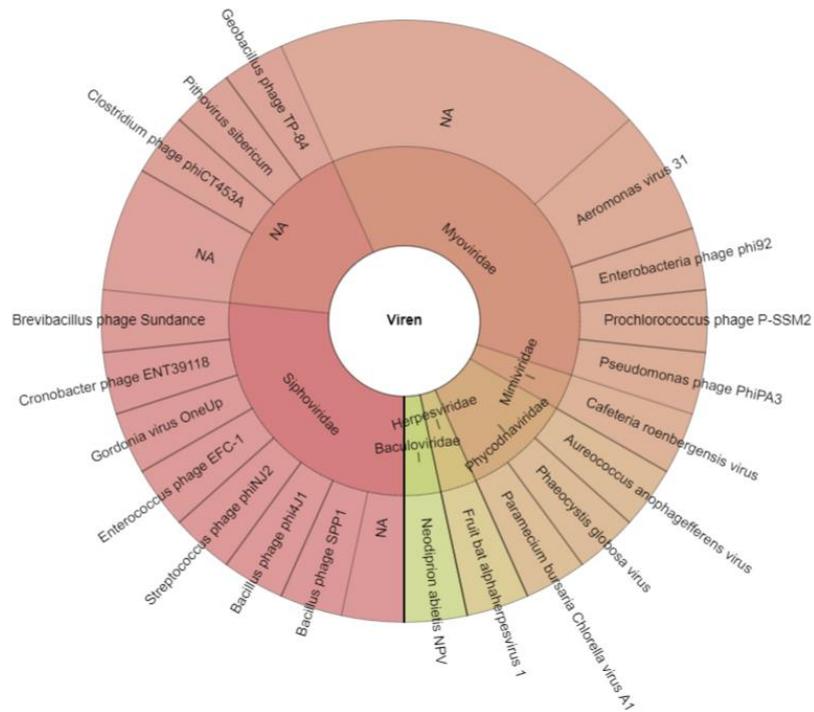




**Anhang 33| Krona-Plot der Probe SCHALPEL.** Die Vielfalt wird von der Familie der *Myoviridae* dominiert, wobei weitere Familien sehr unterdrückt werden. Die häufigste Spezies ist *Escherichia virus P1*.



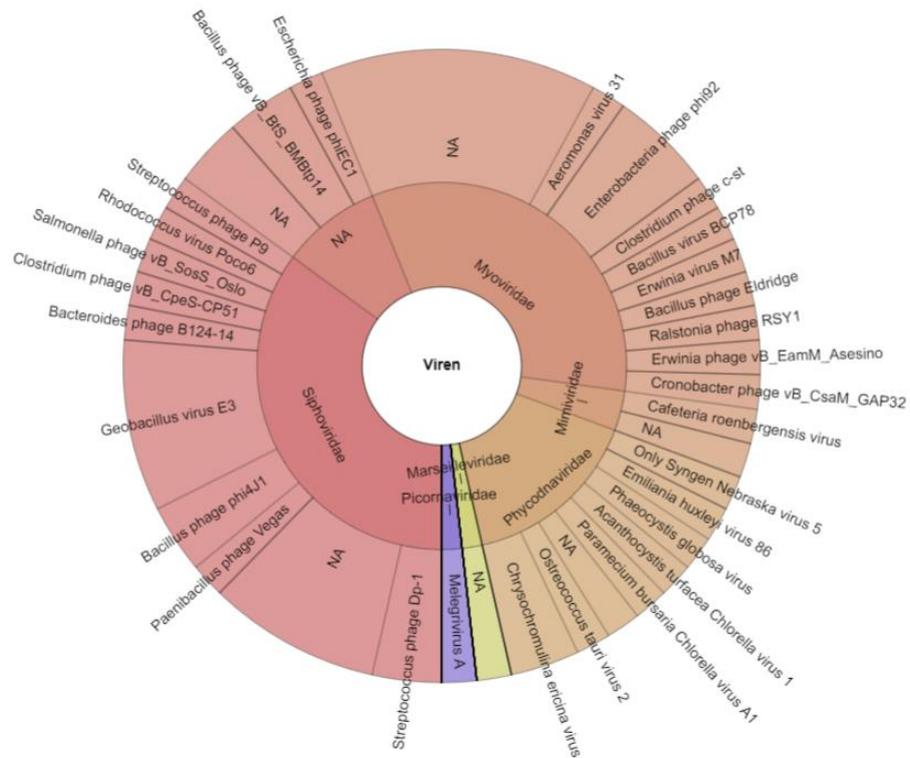
**Anhang 34| Krona-Plot der Probe NEKALP1.** Die Vielfalt der Virenspezies wird durch die Anwesenheit der Familie *Poxviridae* unterstützt. Die größte Anzahl zeigt die Familie der *Siphoviridae*.



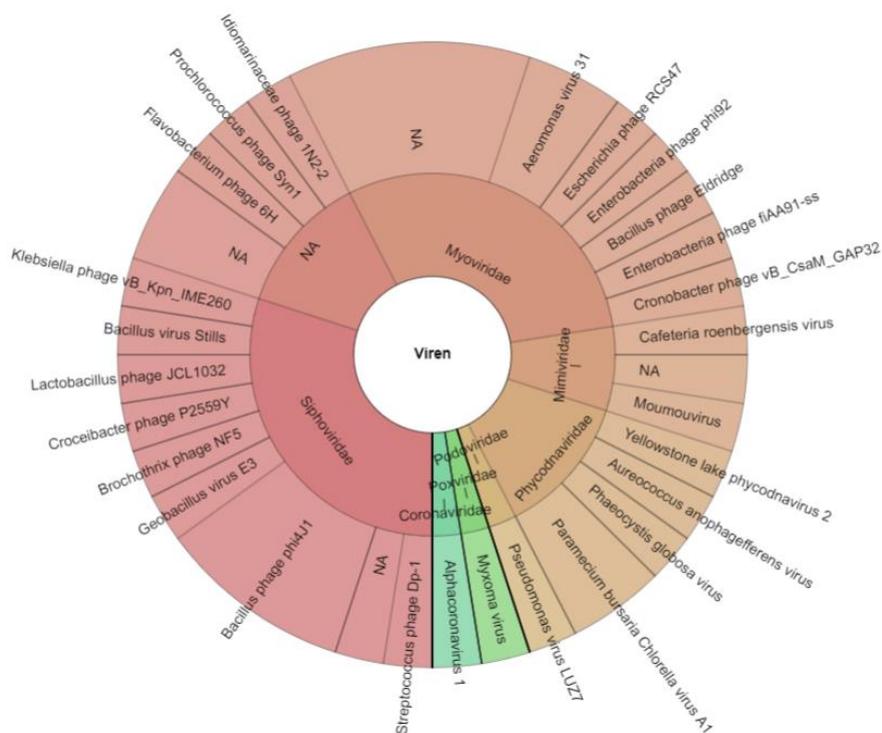
**Anhang 35| Krona-Plot der Probe NEKALP2.** Die erhöhte Anzahl der verschiedenen Virenspezies verteilt sich auf sechs verschiedene Familien, zu denen auf *Baculoviridae* und *Herpesviridae* zählen.



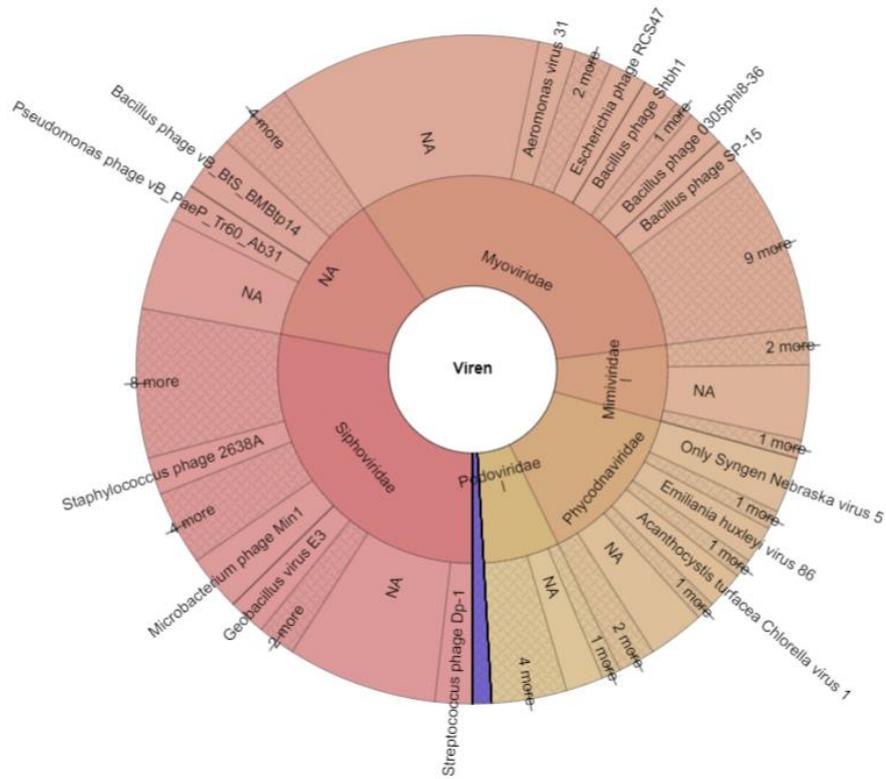
**Anhang 36| Krona-Plot der Probe NEKALP3.** Der größte Teil der Virenspezies entfällt auf die *Siphoviridae*, wobei die *Myoviridae* ebenfalls gut vertreten sind.



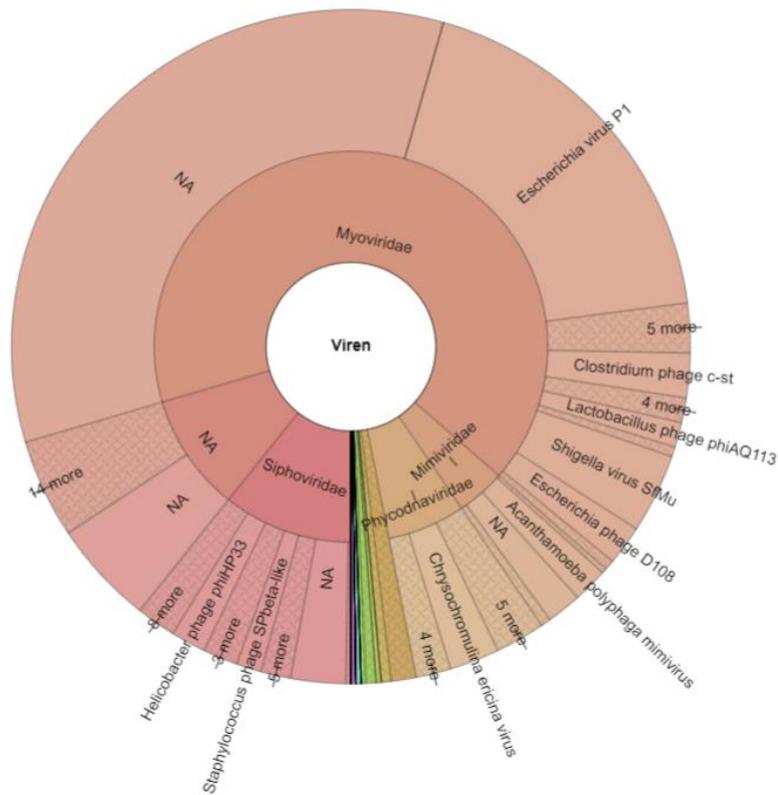
**Anhang 37| Krona-Plot der Probe NEKALP4.** Die Familien der *Myoviridae* und *Siphoviridae* vereinen insgesamt mehr als 50 % der Virenspezies in diesen Daten. Die Vielfalt wird durch die Familie der *Picornaviridae* und *Marseilleviridae* unterstützt.



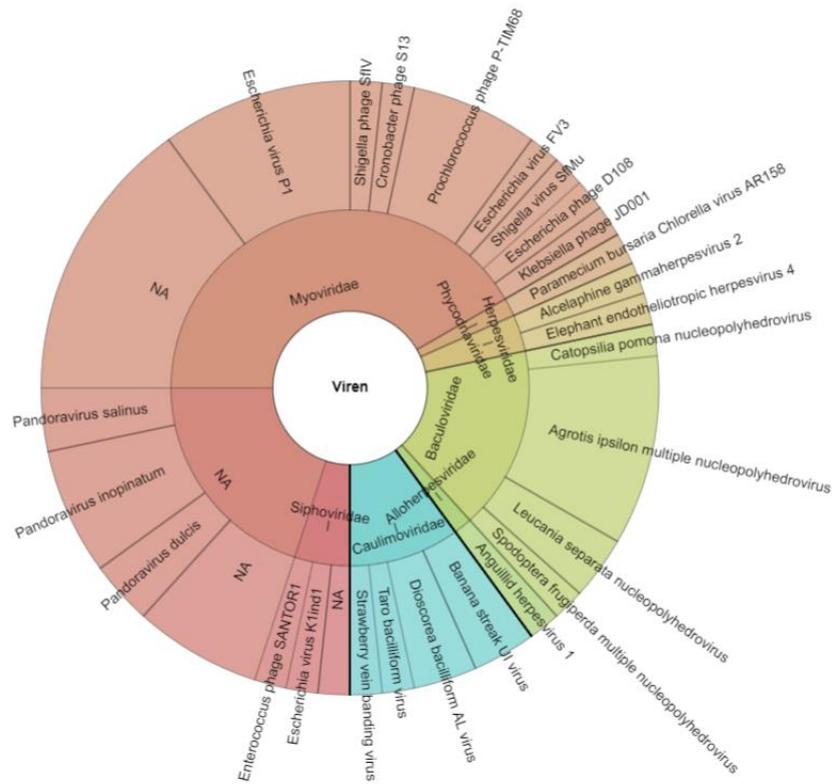
**Anhang 38| Krona-Plot der Probe NEKALP5.** Die Probe weist sieben verschiedene Virenfamilien auf, von denen die *Siphoviridae* und *Myoviridae* den Großteil einnehmen. Diese Familien vereinen auch die meisten Spezies unter sich. Zur Vielfalt trägt auch die Anwesenheit der Familien *Coronaviridae*, *Poxviridae* und *Podoviridae* bei.



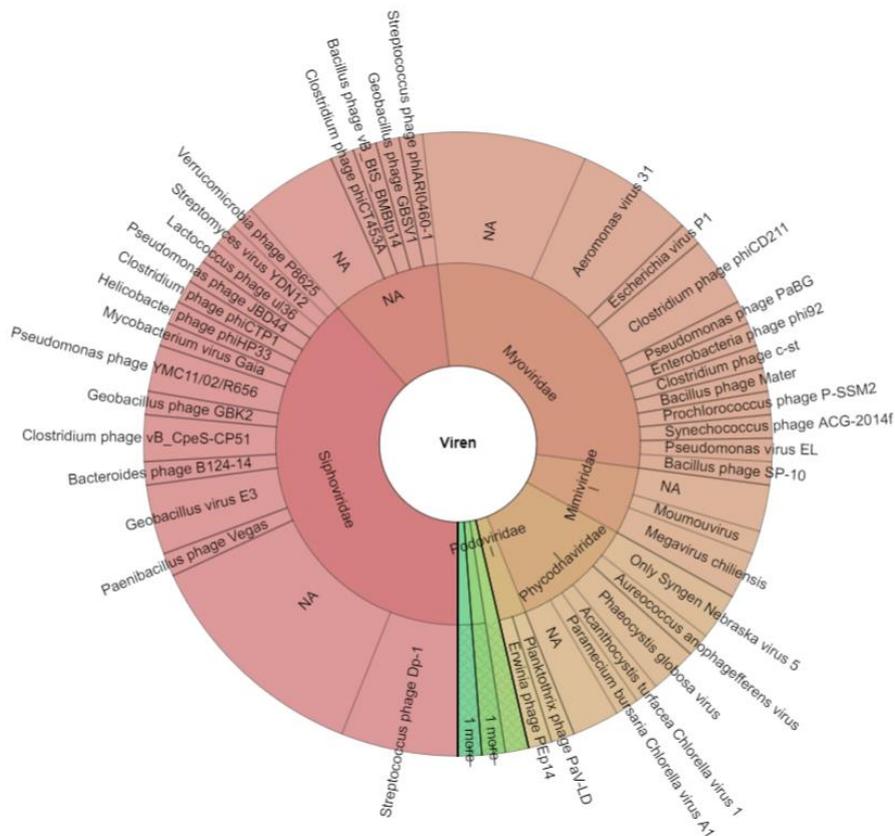
**Anhang 39| Krona-Plot der Probe NEKALPBOD.** Die hohe Vielfalt der Spezies in der Bodenprobe wird durch die Abundanz von der Familie der *Microviridae* (lila) zusätzlich unterstützt, wobei die *Siphoviridae* und *Myoviridae* den größten Teil dazu beitragen.



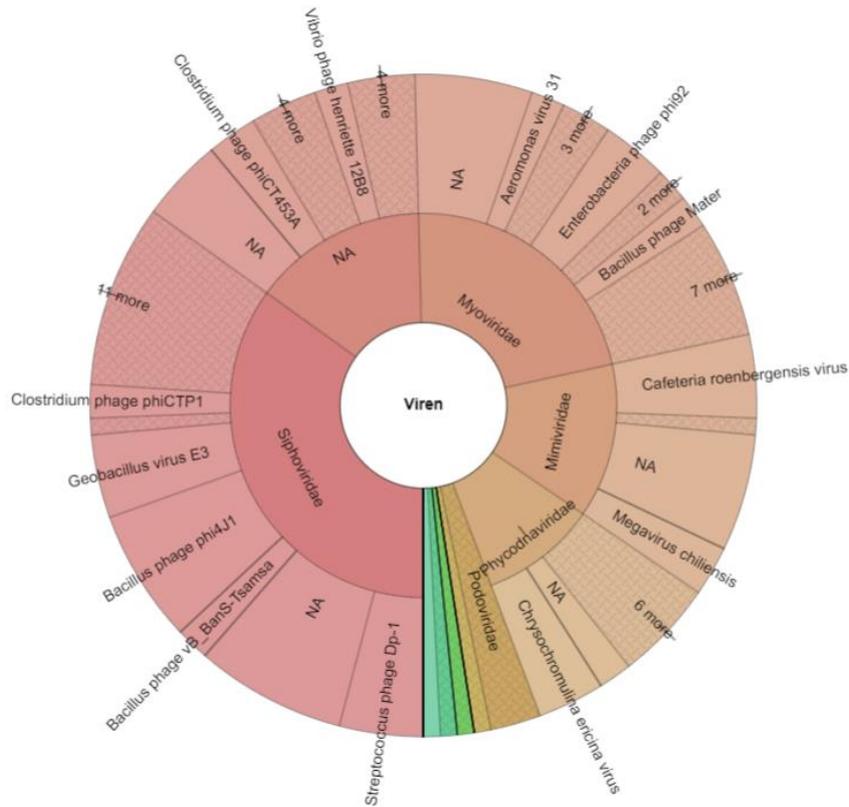
**Anhang 40| Krona-Plot der Probe NEKALPHEU.** Die Probe wird von den *Myoviridae* mit der Spezies *Escherichia virus P1* dominiert, erhält allerdings durch weitere Familien wie *Siphoviridae*, *Phycoviridae* oder *Alloherpesviridae* (grün) eine sehr große Vielfalt.



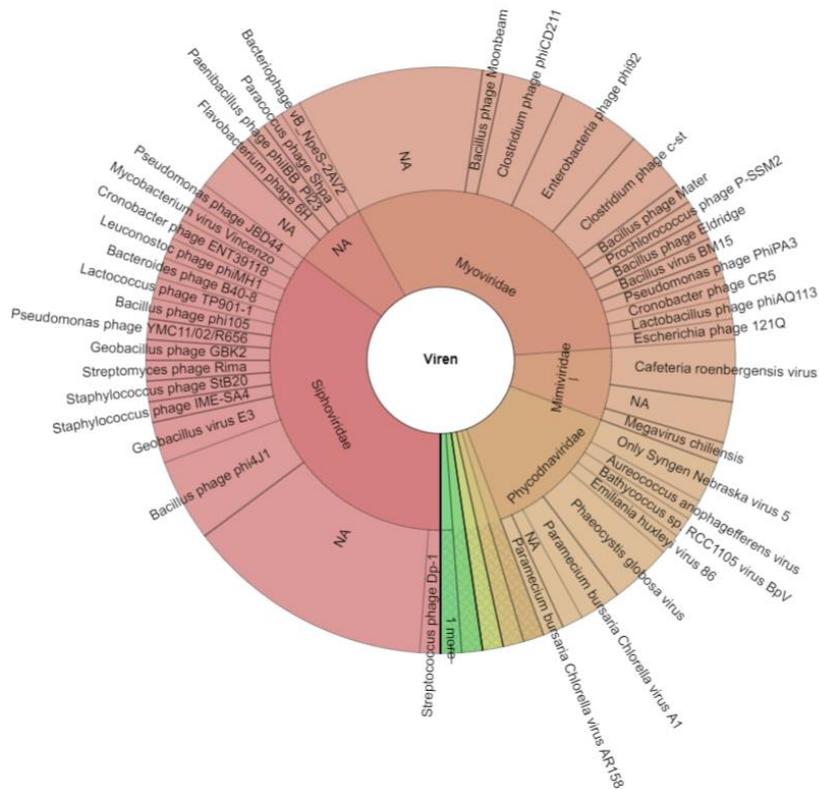
**Anhang 41| Krona-Plot der Probe NEKALPPEL.** Obwohl die *Myoviridae* den größten Teil der Daten belegen, sind auch die Familien *Caulimoviridae* und *Baculoviridae* mit mehreren Spezies vertreten.



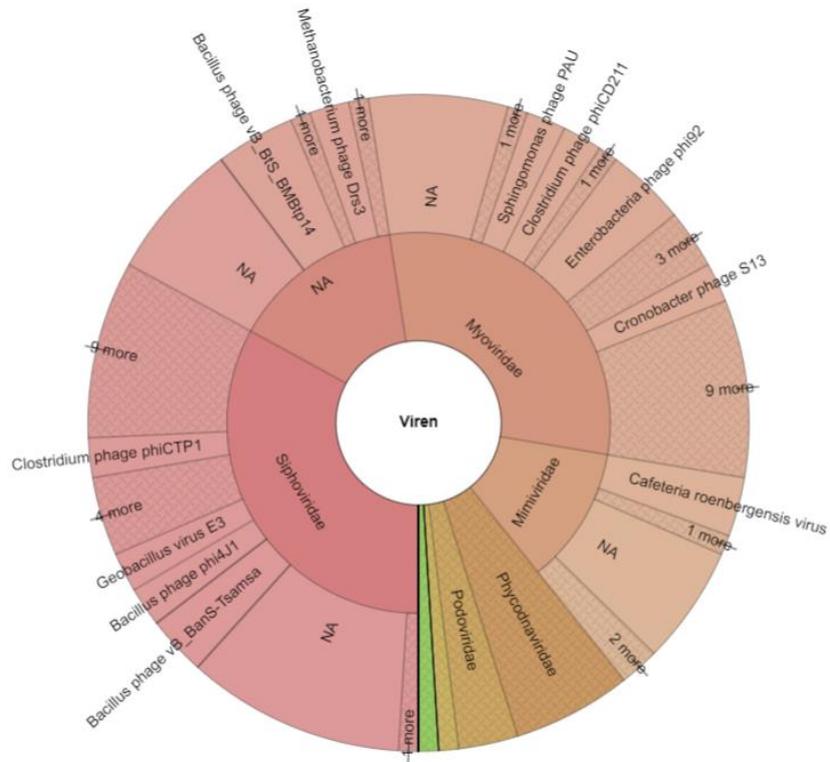
**Anhang 42| Krona-Plot der Probe NURALP1.** Die meisten Spezies sind den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae*. Die Vielfalt wird durch die Anwesenheit der *Polydnaviridae* (hellgrün), *Nudiviridae* (mittelgrün) und *Iridoviridae* (dunkelgrün) erhöht.



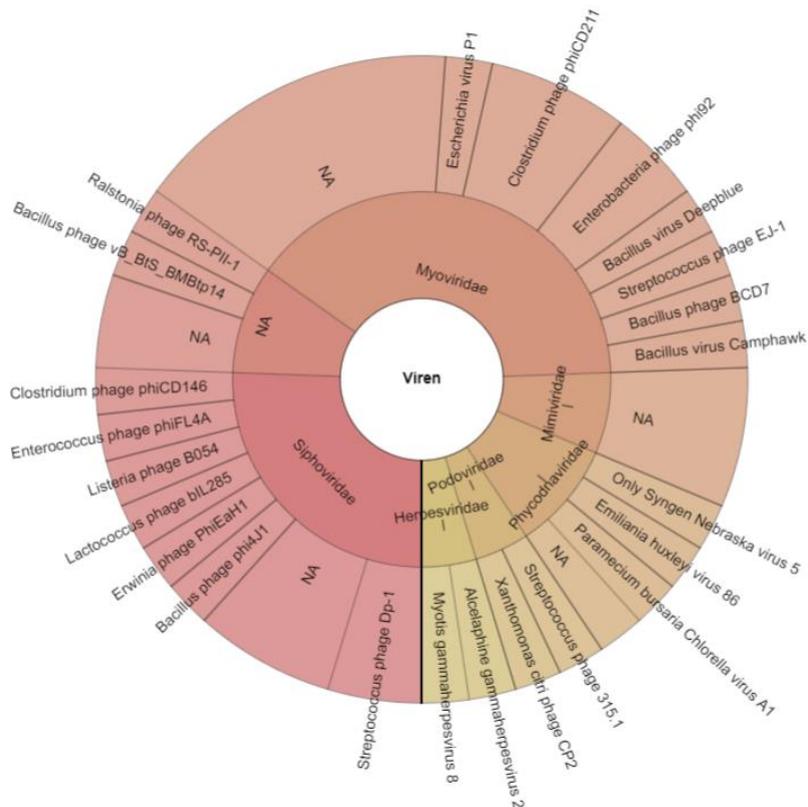
**Anhang 43| Krona-Plot der Probe NURALP2.** Die meisten Spezies sind den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae*. Die Vielfalt wird durch die Anwesenheit der *Poxnaviridae* (hellgrün), *Coronaviridae* (mittelgrün) und *Cutaviridae* (dunkelgrün) erhöht.



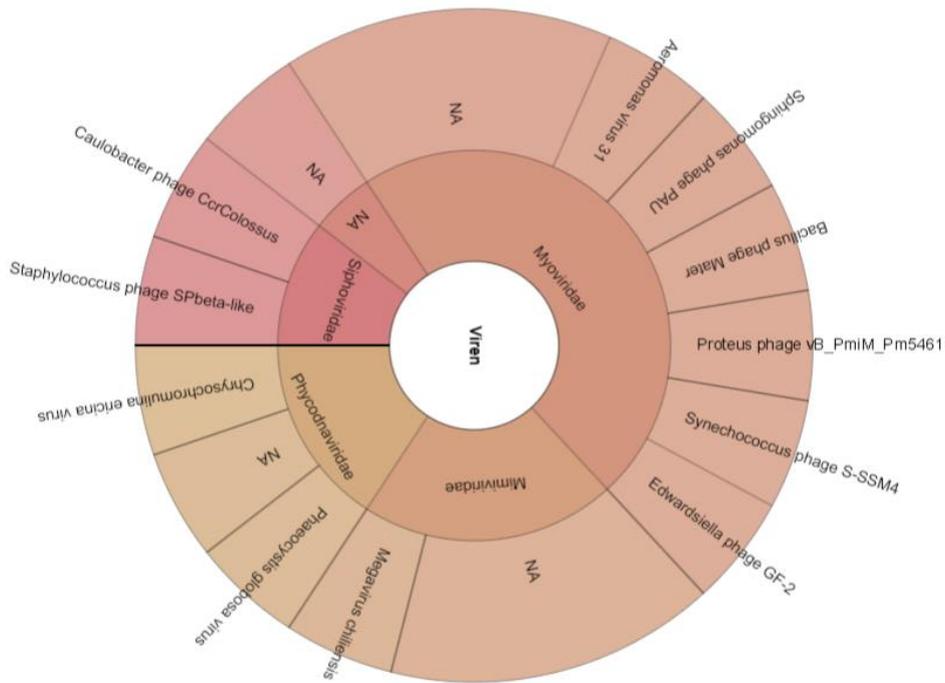
**Anhang 44| Krona-Plot der Probe NURALP4.** Die am häufigsten vertretene Familie ist die der *Siphoviridae*, jedoch sind auch viele Reads den *Myoviridae* zuzuordnen. Weitere Vielfalt ist mit den *Papillomviridae* (dunkelgrün), *Poxviridae* (mittelgrün), *Baculoviridae* (gelb), *Herpesviridae* (Ocker) und *Podoviridae* (orange) gegeben.



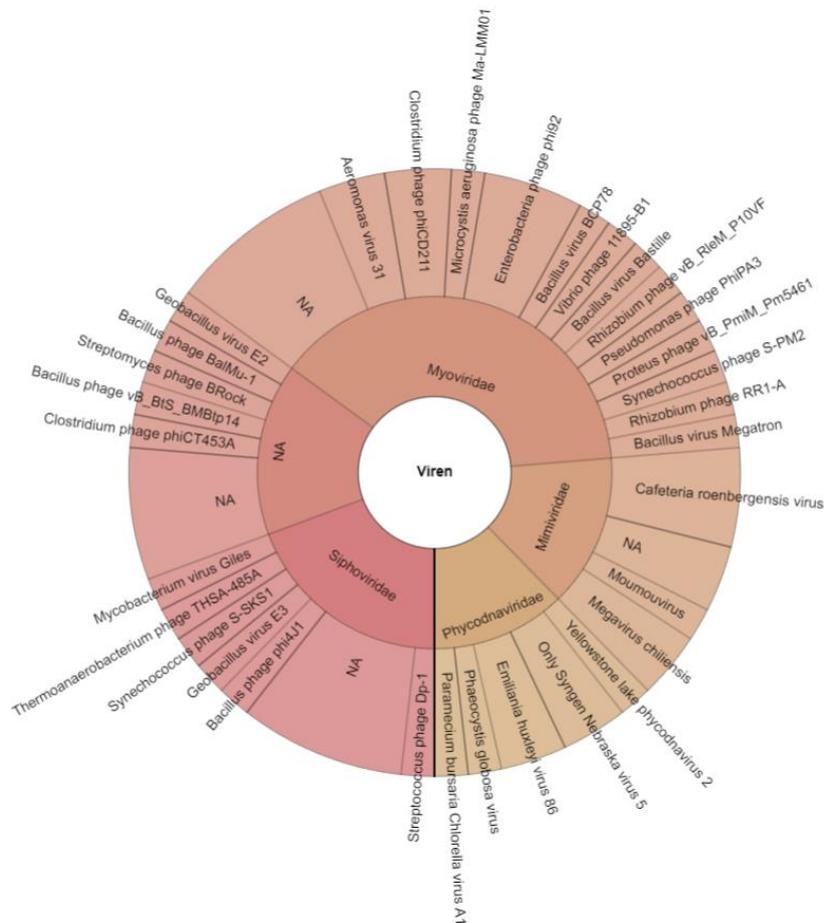
**Anhang 45| Krona-Plot der Probe NURALP5.** Die Probe wird von den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* dominiert, jedoch erhöhen die *Iridoviridae* (grün) und *Herpesviridae* (orange) die Vielfalt.



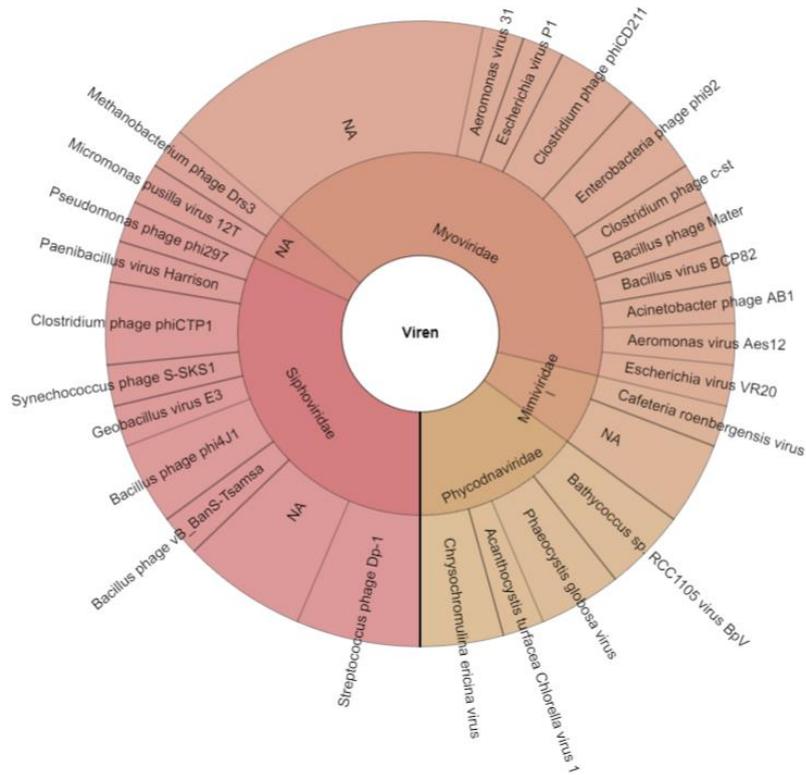
**Anhang 46| Krona-Plot der Probe ZUEALP1.** Die meisten Reads sind der Familie der *Myoviridae* zugeordnet, jedoch finden sich in der Familie der *Siphoviridae* ebenfalls sieben Spezies.



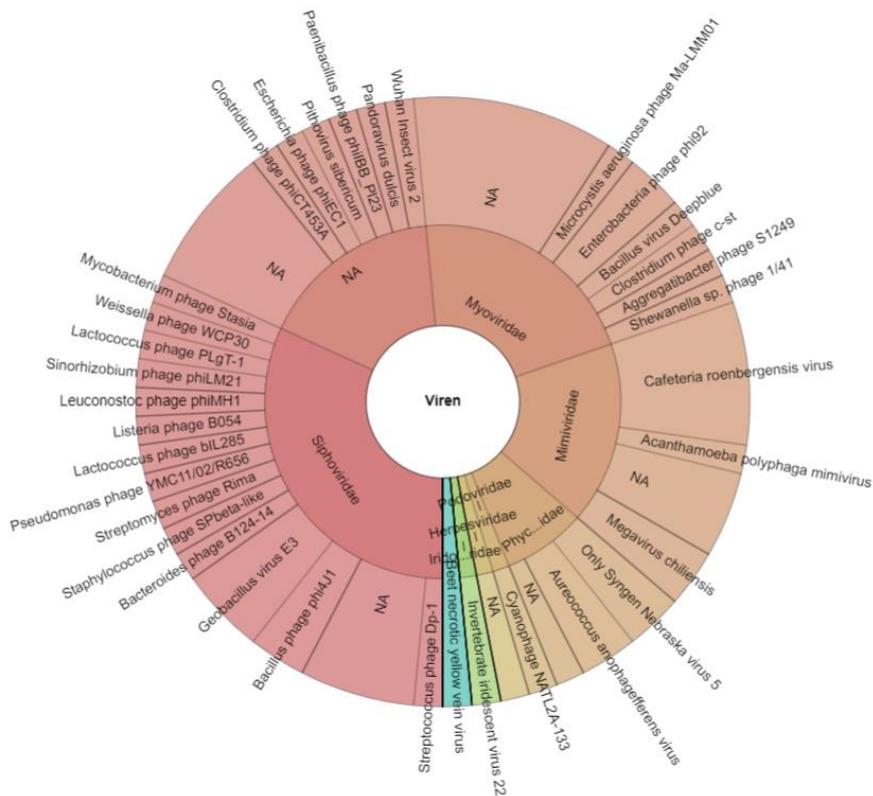
**Anhang 47| Krona-Plot der Probe ZUEALP2.** Nahezu die Hälfte der Reads sind der Familie der *Myoviridae* zugeordnet, weshalb dieser auch die meisten Spezies unterliegen. Die Vielfalt ist mit vier verschiedenen Familien gering.



**Anhang 48| Krona-Plot der Probe ZUEALP3.** Obwohl nur vier verschiedene Familien vorliegen, ist die Anzahl der Spezies sehr hoch, wovon die meisten der Familie der *Myoviridae* zufallen.



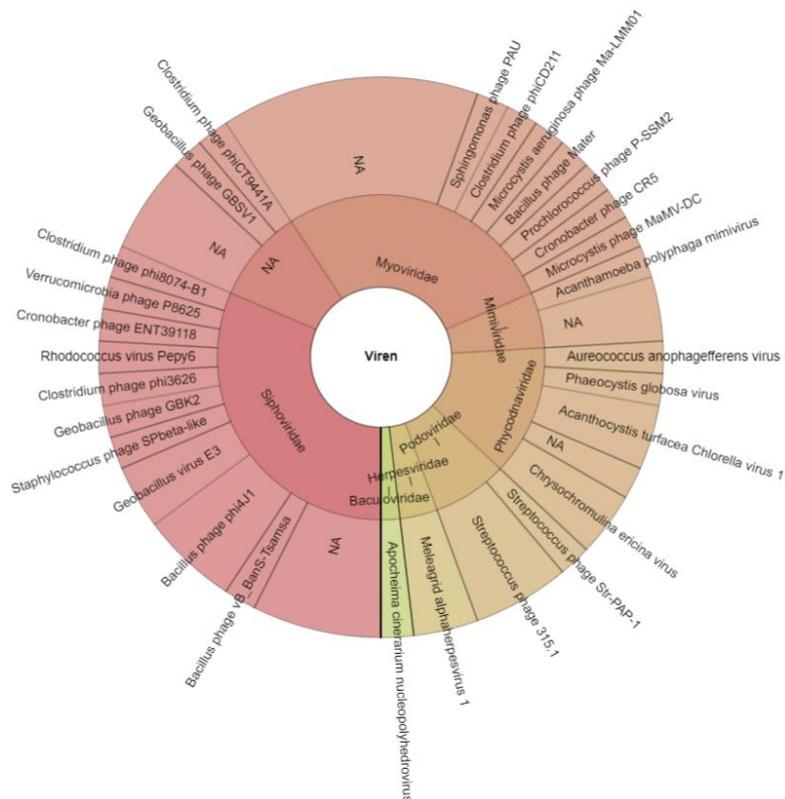
**Anhang 49| Krona-Plot der Probe ZUEALP4.** Obwohl nur vier verschiedene Familien vorliegen, ist die Anzahl der Spezies sehr hoch, wovon die meisten der Familie der *Myoviridae* zufallen.



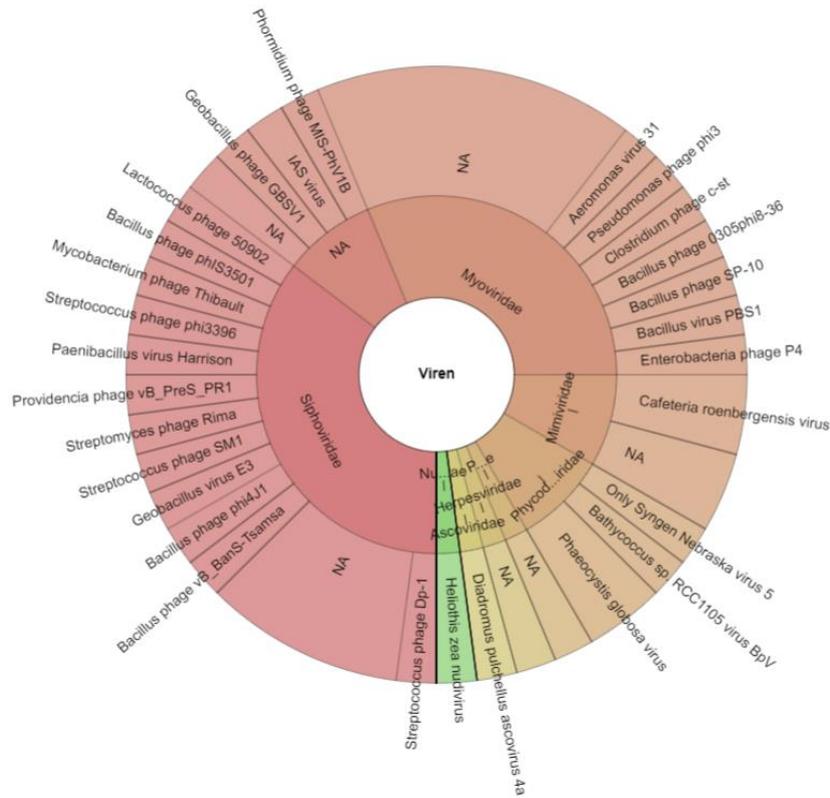
**Anhang 50| Krona-Plot der Probe ZUEALP5.** Die am häufigsten vertretene Familie ist die der *Siphoviridae*, jedoch sind auch viele Reads den *Myoviridae* zuzuordnen. Weitere Vielfalt ist mit den *Iridoviridae* (grün) und *Herpesviridae* (Ocker) gegeben.



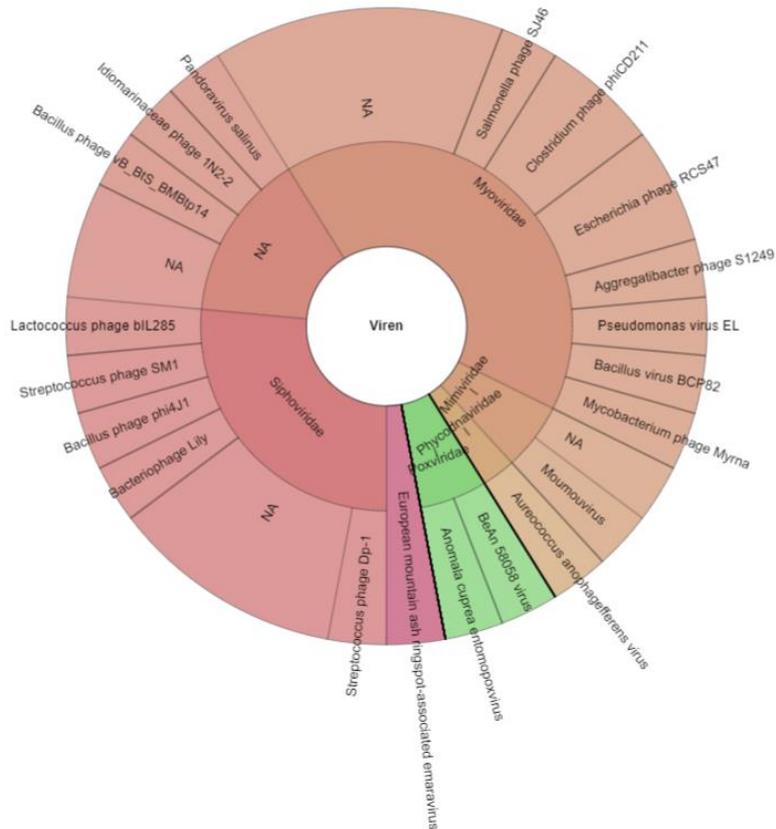
**Anhang 51| Krona-Plot der Probe BERDRO1.** Die Probe wird von der Anwesenheit der *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert, wobei die Vielfalt durch die *Geminiviridae* (lila), *Baculoviridae* (gelb) und *Podoviridae* (Ocker) erhöht wird.



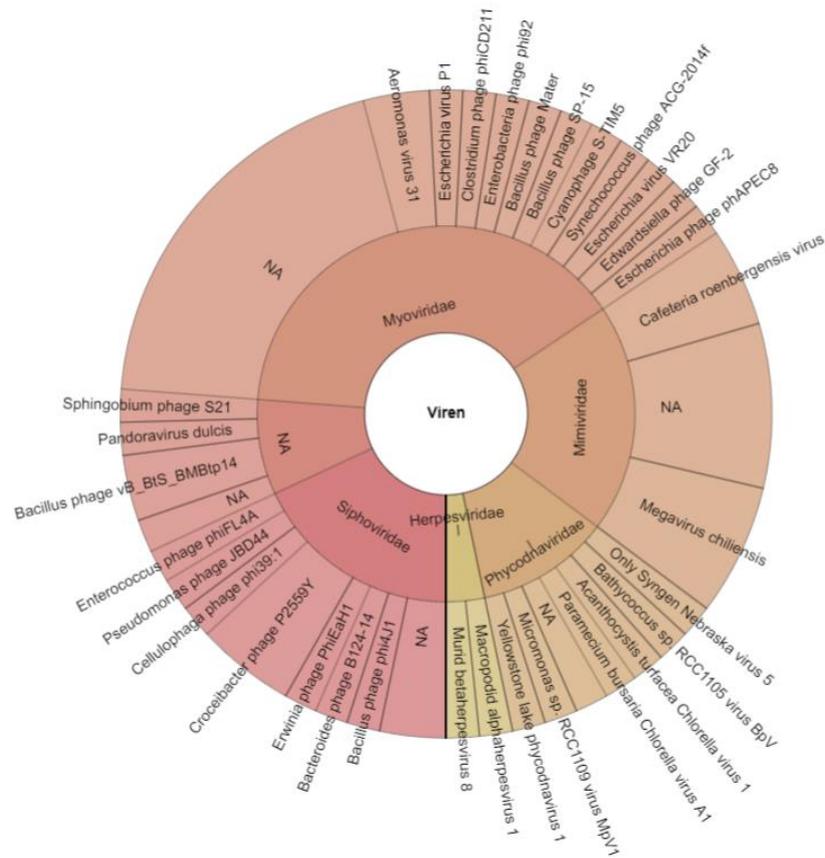
**Anhang 52| Krona-Plot der Probe BERDRO2.** Die meisten Spezies sind der Familie der *Siphoviridae* zuzuordnen, wobei ebenfalls viele den *Myoviridae* unterstehen. Die Vielfalt mit sieben verschiedenen Familien ist annehmbar.



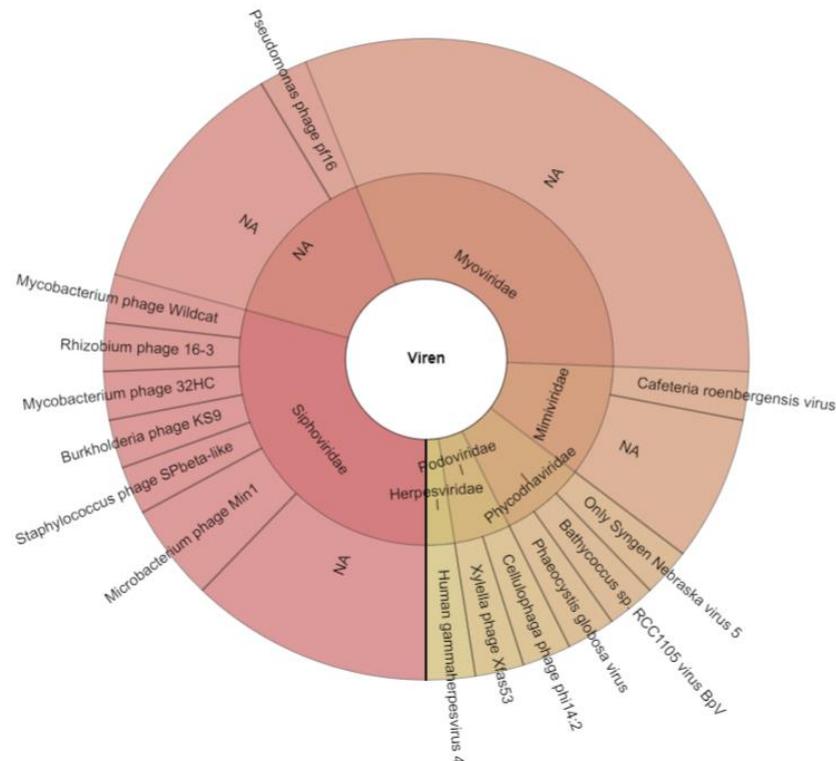
**Anhang 53| Krona-Plot der Probe BERDRO3.** Die am häufigsten vertretene Familie ist die der *Siphoviridae*, jedoch sind auch viele Reads den *Myoviridae* zuzuordnen. Weitere Vielfalt ist mit den *Nudiviridae* (grün) und *Podoviridae* (Ocker) gegeben.



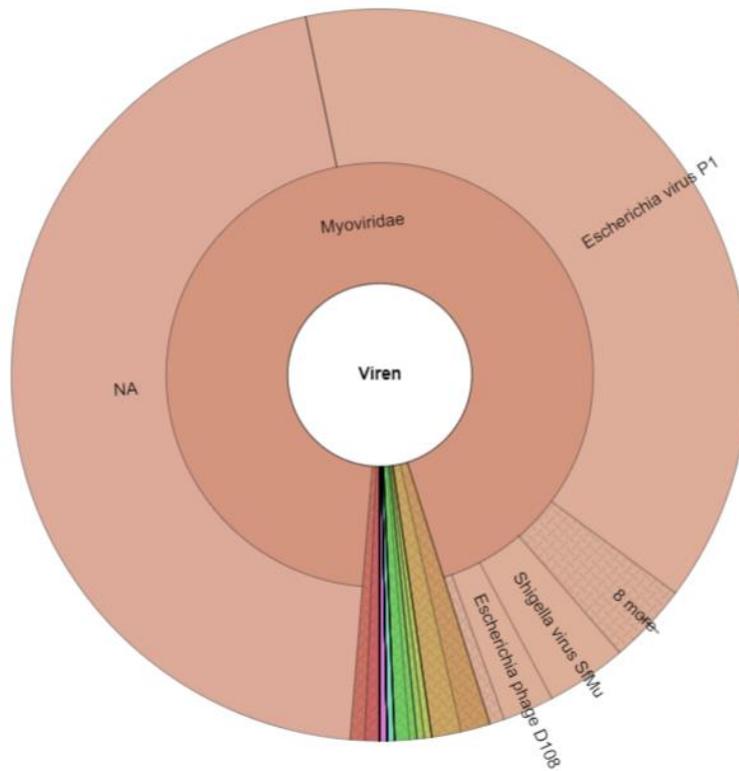
**Anhang 54| Krona-Plot der Probe BERDRO4.** Die Familie der *Myoviridae* vereint die meisten Reads unter sich, jedoch sind die Spezies insgesamt sechs Familien zuzuordnen.



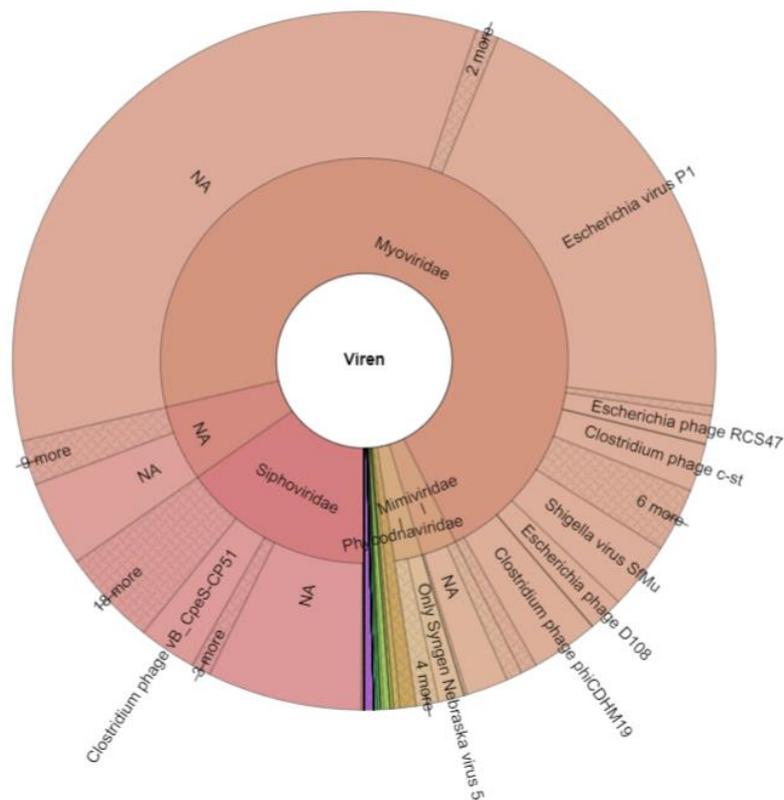
**Anhang 55| Krona-Plot der Probe LANDRO.** Die meisten Reads sind der Familie der *Myoviridae* zuzuordnen, sodass diese auch die meisten Spezies beinhaltet. In der Probe liegen jedoch nur fünf verschiedene Familien vor.



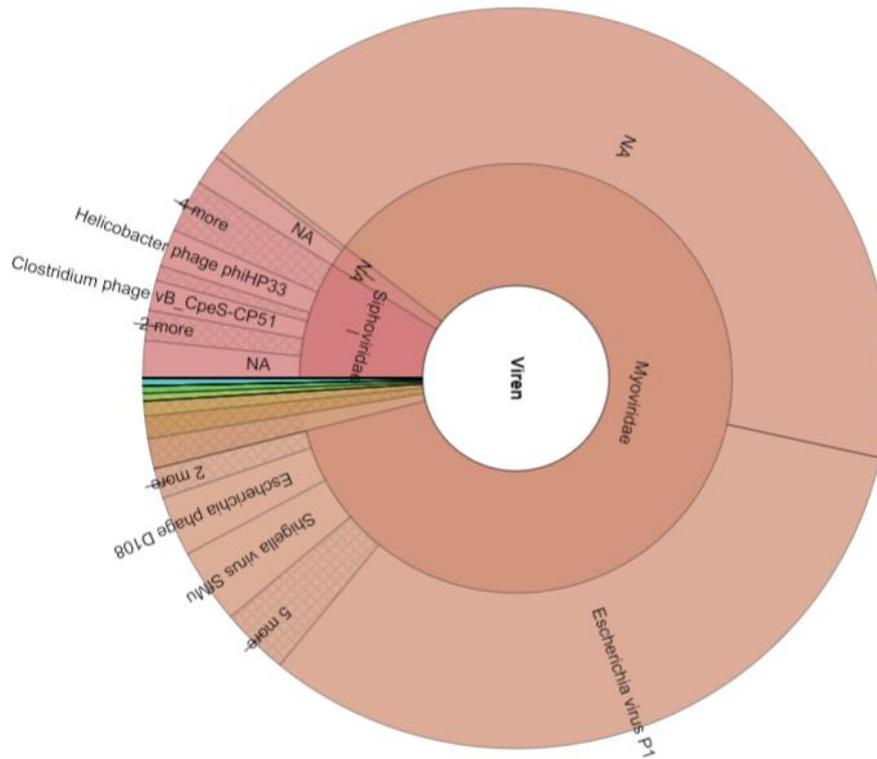
**Anhang 56| Krona-Plot der Probe LANDROBOD.** Obwohl viele Reads den *Myoviridae* zuzuordnen sind, konnte keine Spezies dazu ermittelt werden. Dagegen zeigen die *Siphoviridae* eine ähnliche Anzahl an Reads, denen die Spezies größtenteils zugeordnet werden konnte.



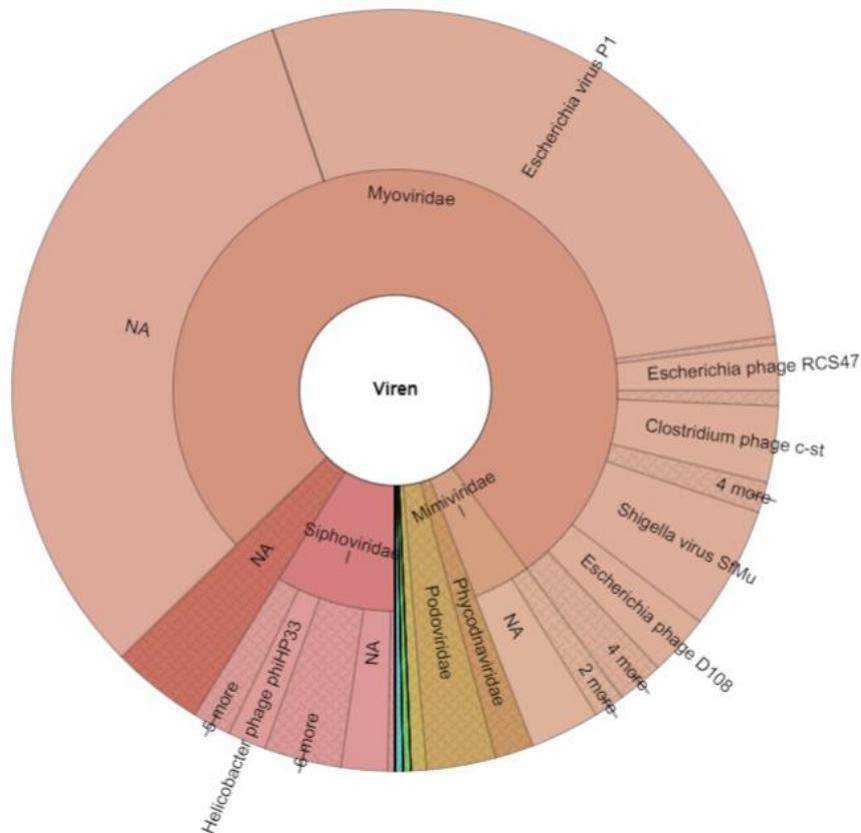
**Anhang 57| Krona-Plot der Probe LANDROHEU.** Die Probe wird von den *Myoviridae* dominiert, welche besonders viele des *Escherichia virus P1* beinhaltet.



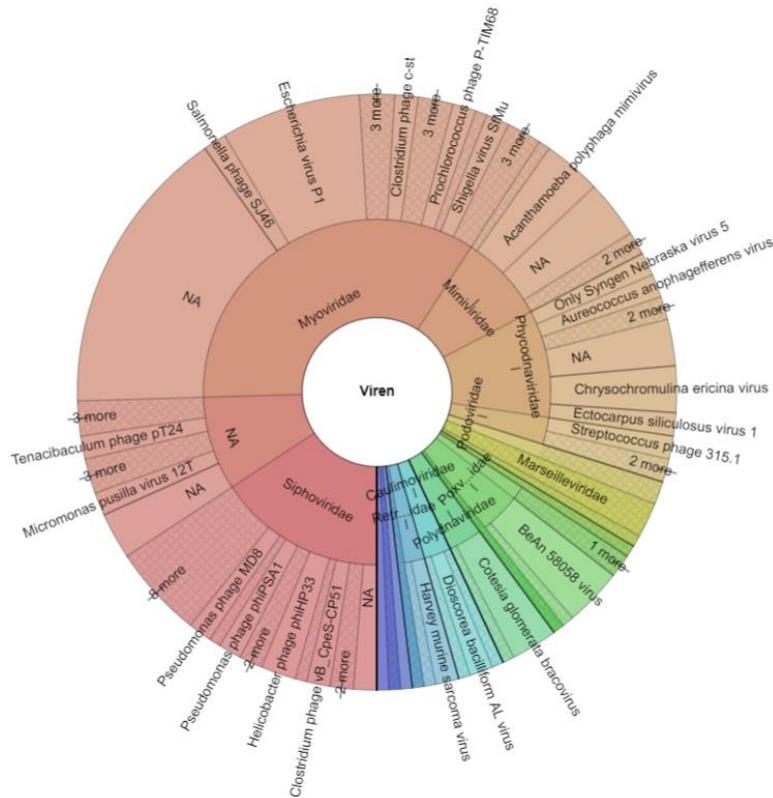
**Anhang 58| Krona-Plot der Probe LANDROMUS.** Die größte Familie ist die der *Myoviridae*, die die meisten Spezies enthält, jedoch ist die Vielfalt der Familien dadurch nicht gefährdet.



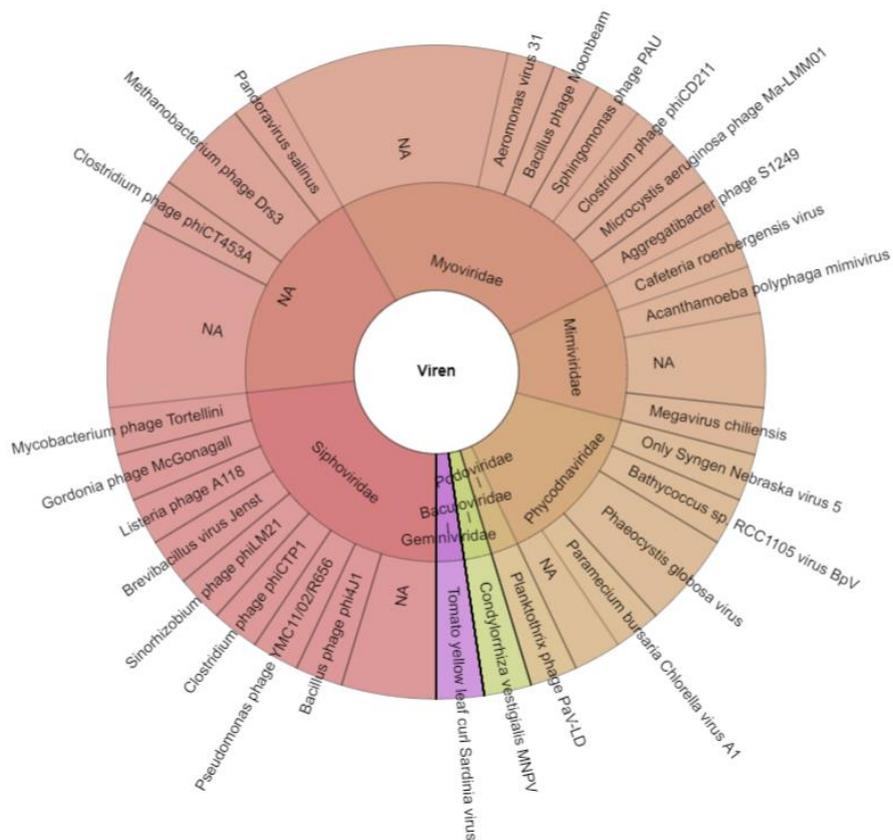
**Anhang 59| Krona-Plot der Probe LANDROPEL1.** Die größte Familie ist die der *Myoviridae*, die die meisten Spezies enthält, jedoch ist die Vielfalt der Familien dadurch nicht gefährdet.



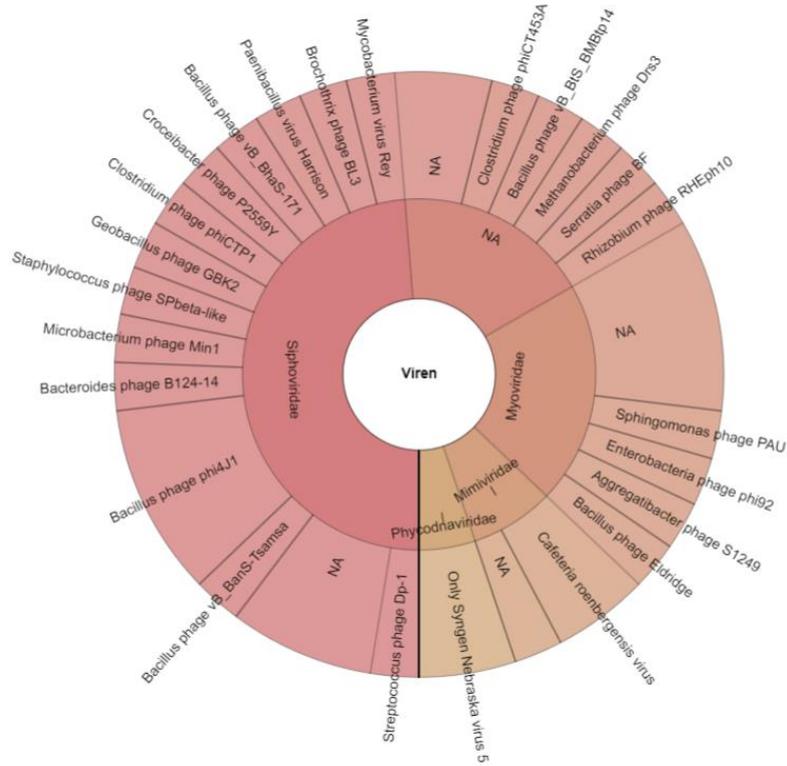
**Anhang 60| Krona-Plot der Probe LANDROPEL2.** Die größte Familie ist die der *Myoviridae*, die die meisten Spezies enthält, jedoch ist die Vielfalt der Familien dadurch nicht gefährdet.



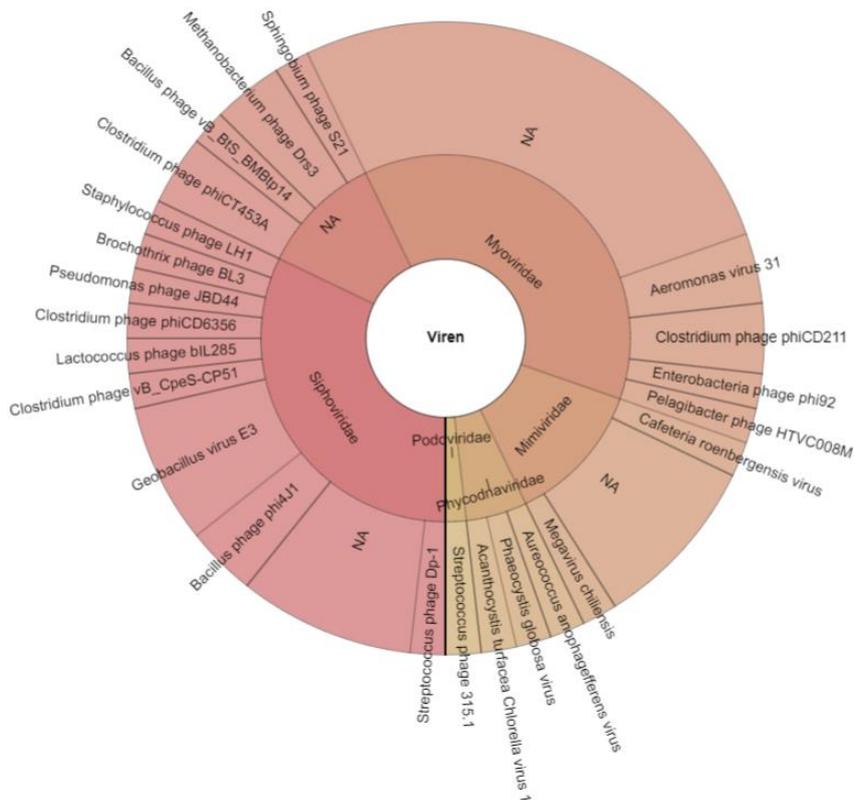
**Anhang 61| Krona-Plot der Probe LANDROSTR.** Die größte Familie ist die der *Myoviridae*, die die meisten Spezies enthält, jedoch ist die Vielfalt der Familien mit 20 verschiedenen in dieser Probe sehr hoch.



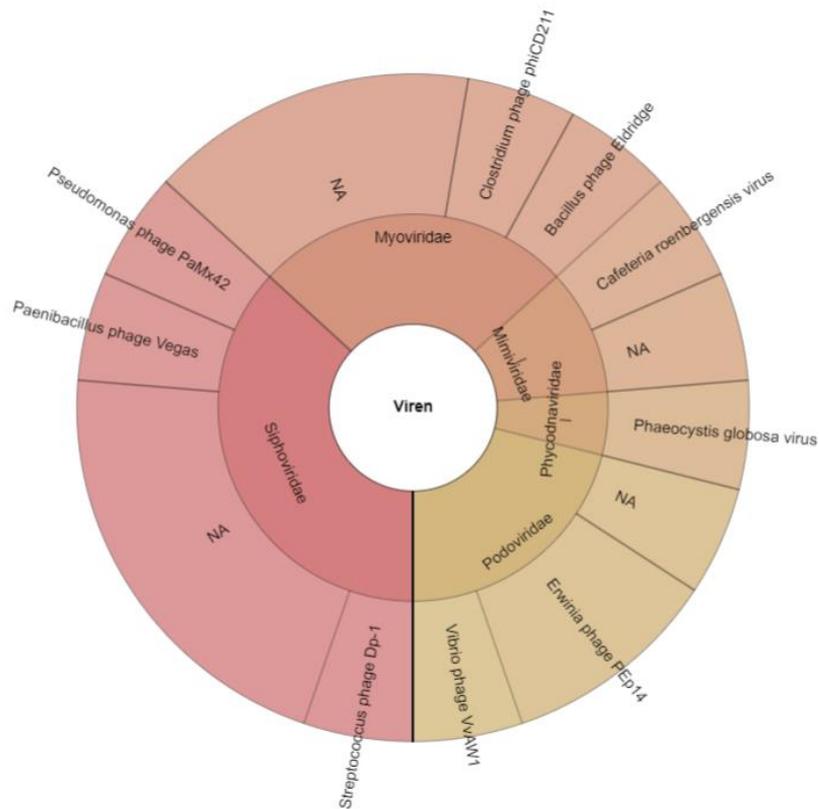
**Anhang 62| Krona-Plot der Probe NURDRO1.** Die größten Familien sind die der *Myoviridae* und *Siphoviridae*, die ähnlich viele Spezies enthalten. Insgesamt befinden sich sieben verschiedene Familien in der Probe.



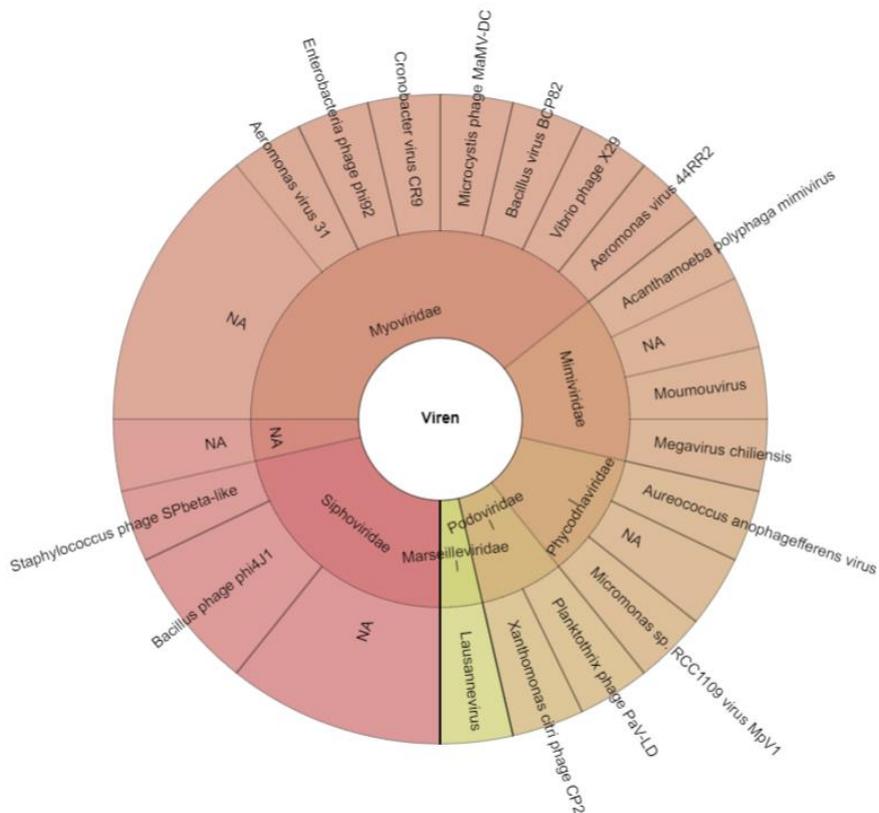
**Anhang 63| Krona-Plot der Probe NURDRO2.** Die größten Familien sind die der *Myoviridae* und *Siphoviridae*, wobei letztere nahezu die Hälfte der Reads ausmachen. Die Vielfalt der Familien ist gering mit einer Anzahl von vier verschiedenen.



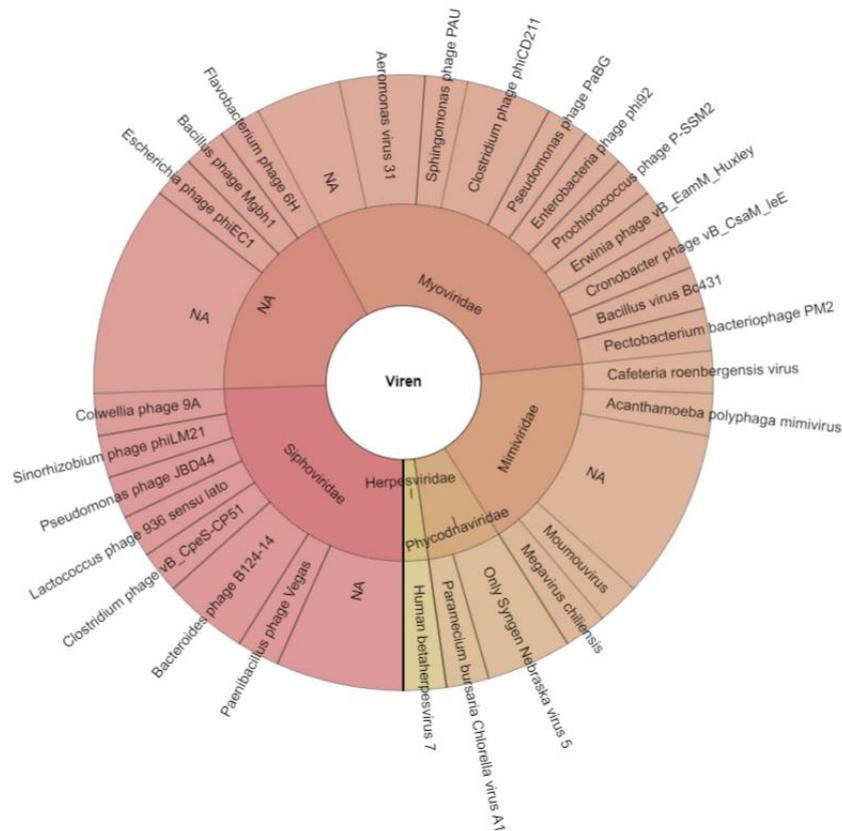
**Anhang 64| Krona-Plot der Probe NURDRO3.** Die Mehrheit der Reads wird den *Siphoviridae* und *Myoviridae* zugeordnet, während die Vielfalt geringer ausfällt.



**Anhang 65| Krona-Plot der Probe NURDRO4.** Die Probe beinhaltet am meisten *Siphoviridae*, jedoch sind darin nur wenige Spezies enthalten. Allgemein ist die Vielfalt der Spezies eher gering.



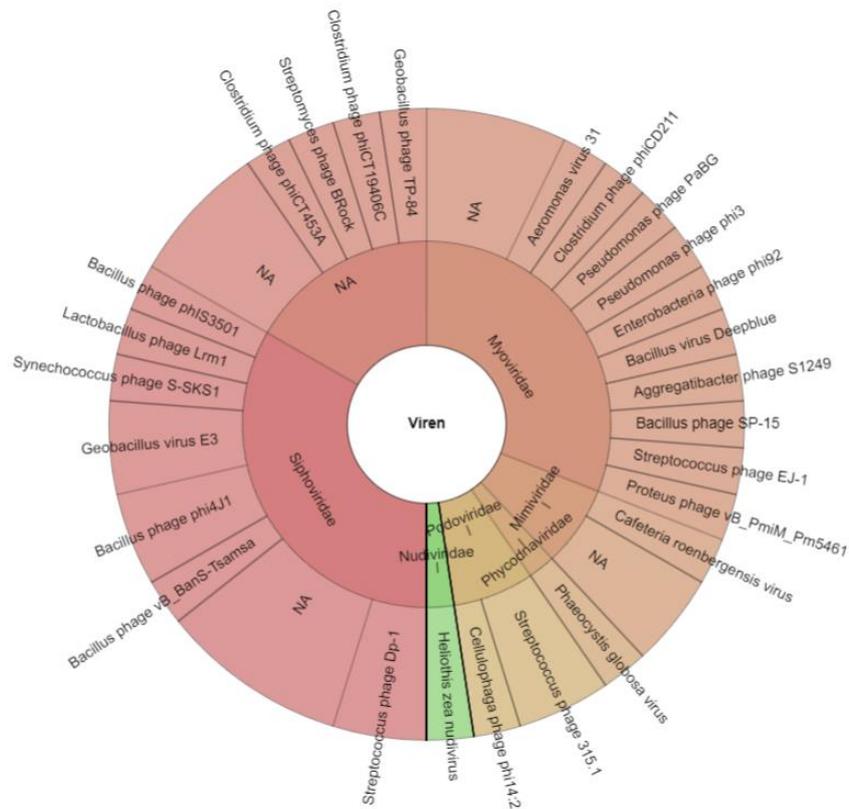
**Anhang 66| Krona-Plot der Probe OPZDRO1.** Die meisten Reads werden in den Familien der *Siphoviridae* und *Myoviridae* vereint, wobei die *Myoviridae* eine größere Anzahl an Spezies aufweist. Obwohl viele Spezies erfasst wurden, sind diese nur sechs verschiedenen Familien zuzuordnen.



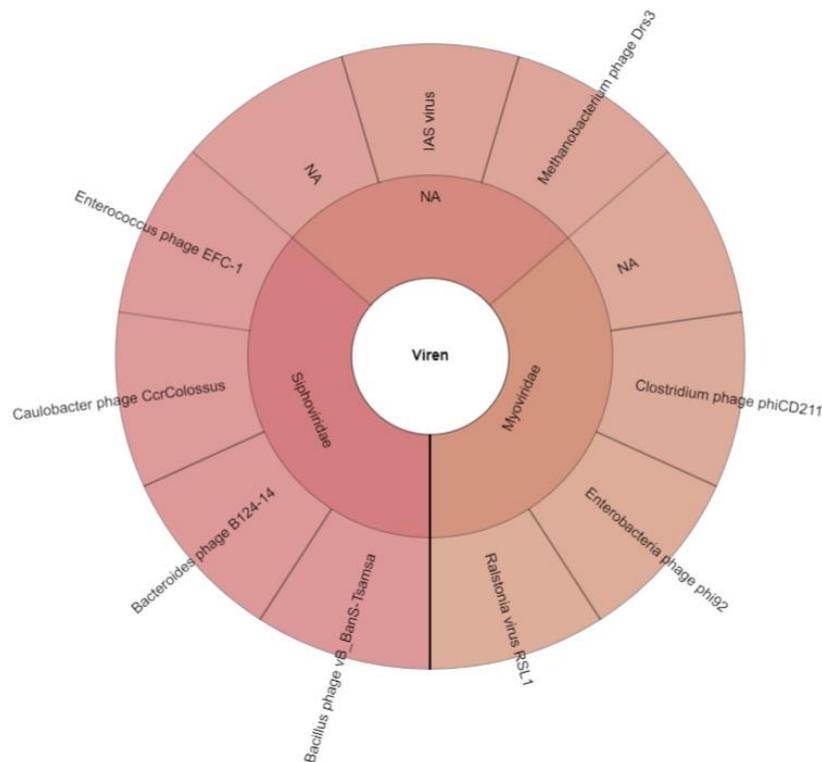
**Anhang 67| Krona-Plot der Probe OPZDRO2.** Die meisten Reads werden in den Familien der *Siphoviridae* und *Myoviridae* vereint, die eine große Vielfalt an Spezies zeigen. Obwohl viele Spezies erfasst wurden, sind diese nur fünf verschiedenen Familien zuzuordnen.



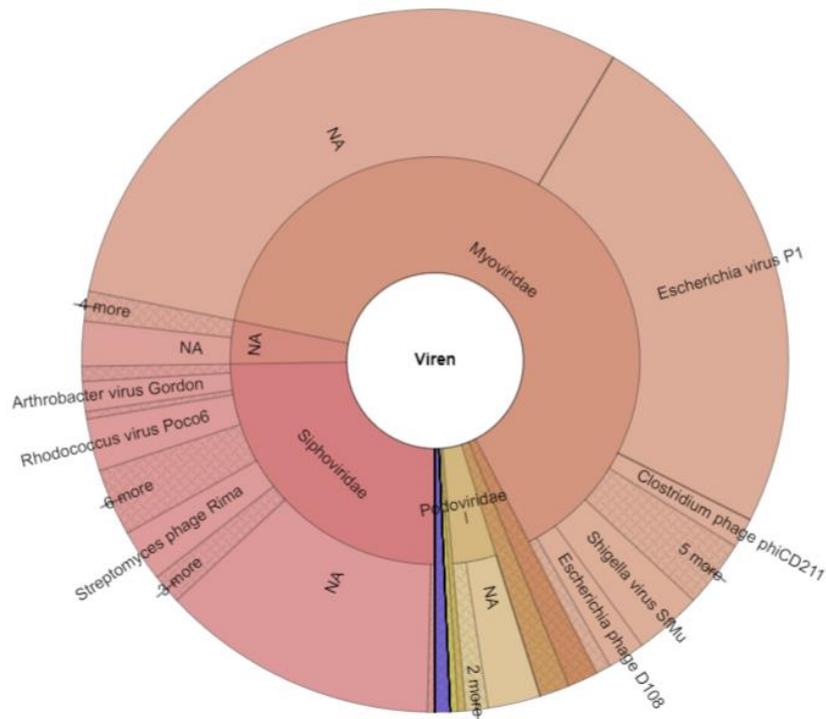
**Anhang 68| Krona-Plot der Probe OPZDRO3.** Die Dominanz der *Myoviridae* ist auf die große Anzahl der Spezies zurückzuführen, da keine eine erhöhte Read-Zahl zeigt. Die Vielfalt mit fünf verschiedenen Familien ist gering.



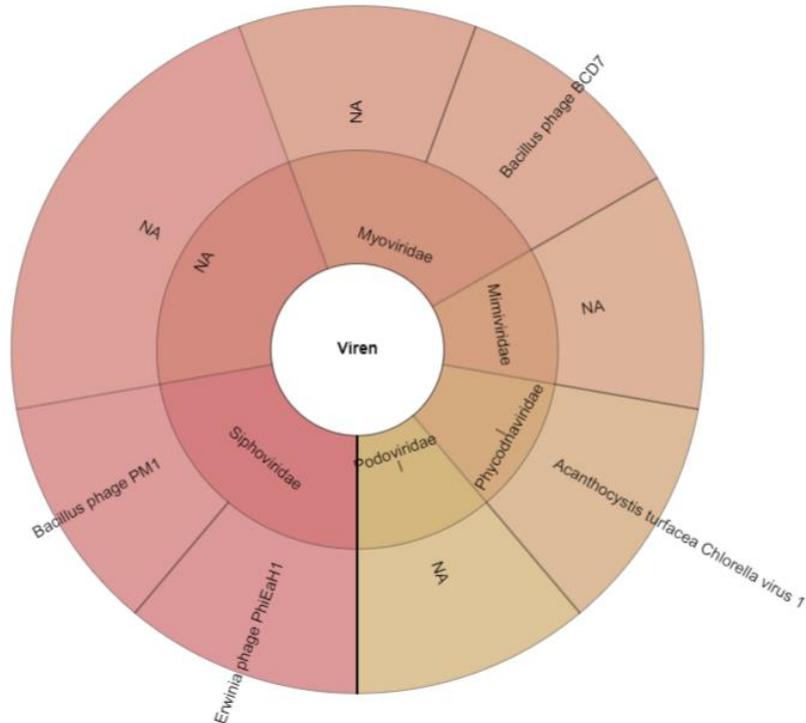
**Anhang 69| Krona-Plot der Probe OPZDRO4.** Die meisten Reads werden in den Familien der *Siphoviridae* und *Myoviridae* vereint, die eine große Vielfalt an Spezies zeigen. Obwohl viele Spezies erfasst wurden, sind diese nur sechs verschiedenen Familien zuzuordnen.



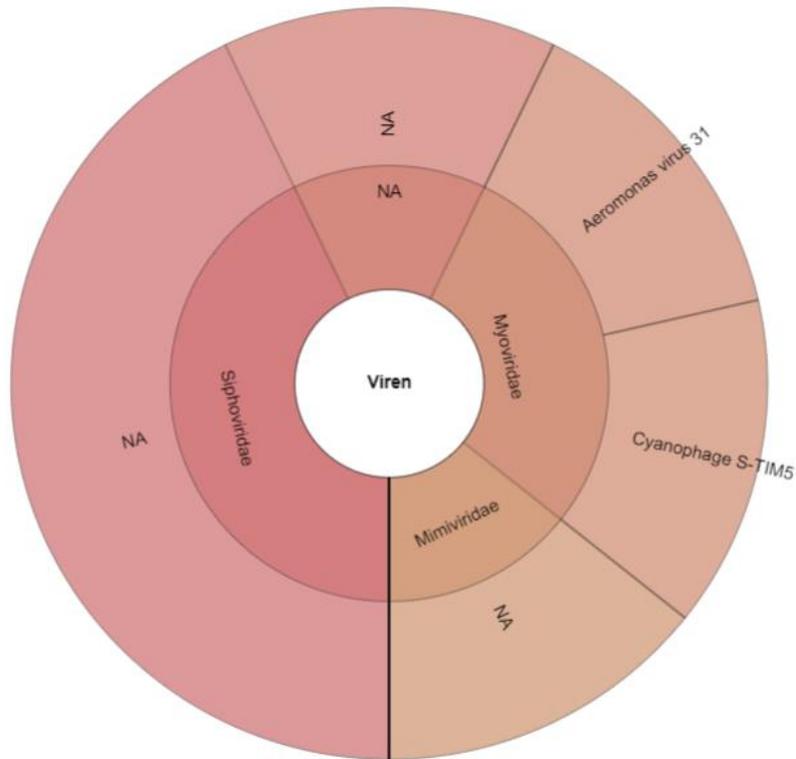
**Anhang 70| Krona-Plot der Probe BERGUA1.** Die Probe weist nur zwei Familien und wenige Spezies auf. Dies zeigt eine geringe Vielfalt.



**Anhang 71| Krona-Plot der Probe BERGUA3.** Neben den *Siphoviridae* und *Myoviridae*, die gemeinsam den größten Anteil der Reads beinhalten, wird die Vielfalt der Familien durch die *Microviridae* (lila), *Phycodnaviridae* (orange) und *Mimiviridae* (rot) erhöht.



**Anhang 72| Krona-Plot der Probe KREGUA1.** Obwohl fünf Familien in der Probe zu finden sind, ist die Anzahl der Spezies sehr gering, sodass die Vielfalt klein ist.



Anhang 73| Krona-Plot der Probe KREGUA3. Die Probe weist keine Vielfalt auf.



Anhang 74| Krona-Plot der Prob KREGUA4. Es sind fünf verschiedene Familien in der Probe gefunden worden, wobei die *Myoviridae* den größten Teil belegen.



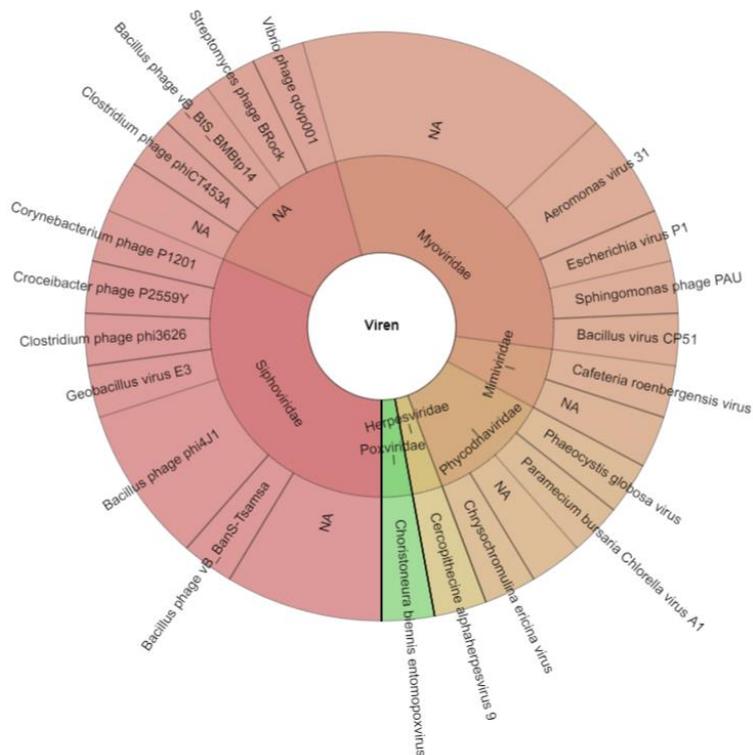
**Anhang 75| Krona-Plot der Probe KREGUA5.** Die Probe weist keine hohe Vielfalt an Familien auf, jedoch sind die unterschiedliche Spezies vertreten, wovon die meisten den *Siphoviridae* und *Myoviridae* zuzuordnen sind.



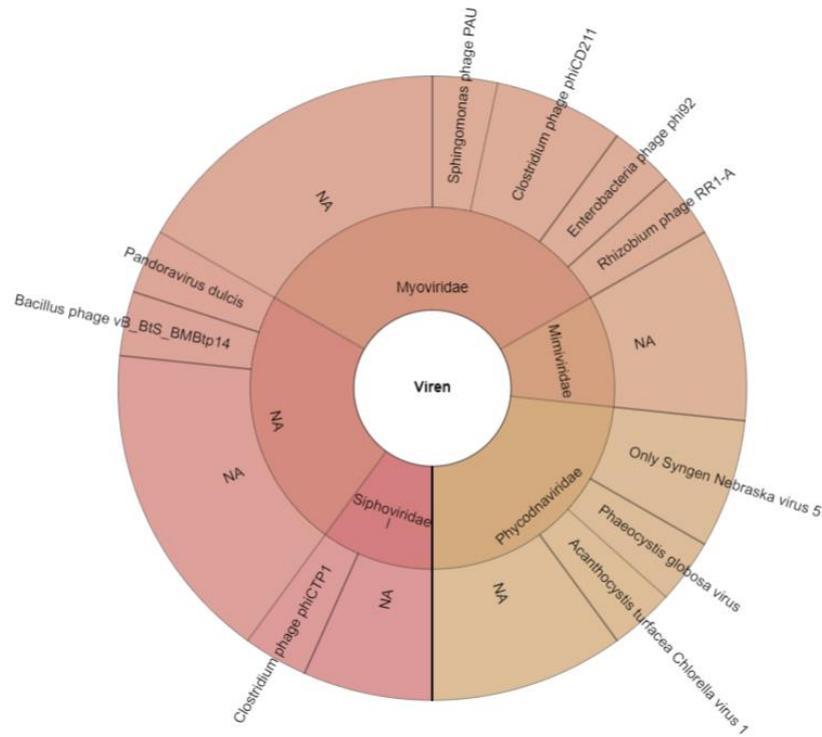
**Anhang 76| Krona-Plot der Probe KREGUA7.** Die Probe weist eine hohe Vielfalt an Spezies auf, die sich auf sechs verschiedene Familien verteilen, wovon die *Siphoviridae* die größte ist.



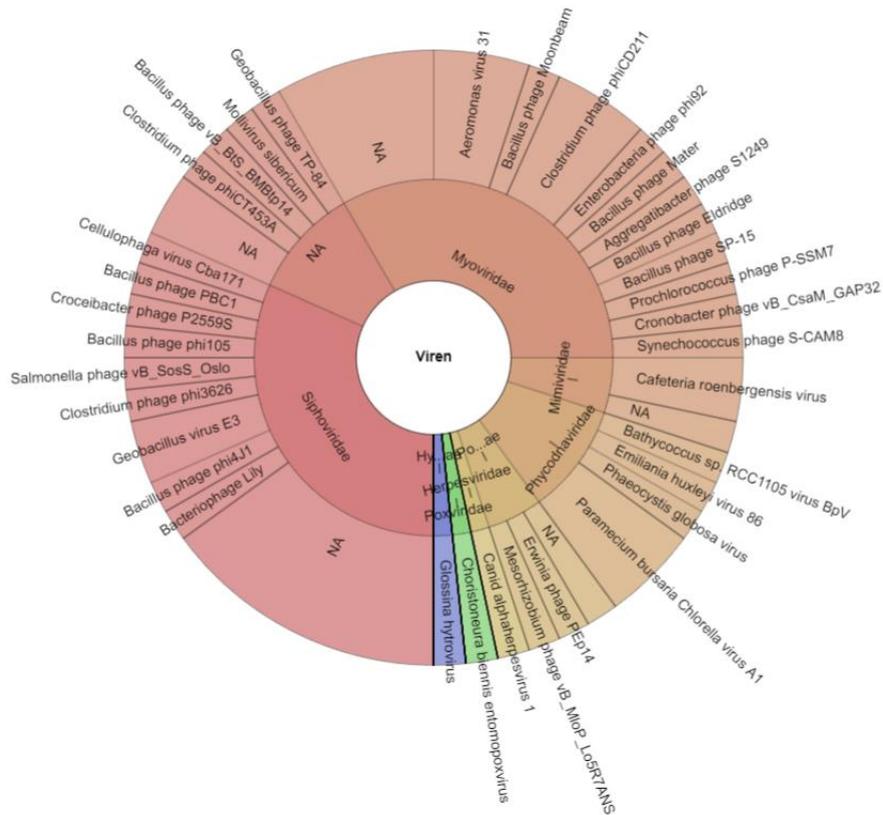
**Anhang 77| Krona-Plot der Probe KREGUA8.** Obwohl nur fünf Familien in der Probe gefunden wurden, zeigen die Spezies eine hohe Vielfalt, die besonders den *Siphoviridae* und *Myoviridae* zuzuordnen ist.



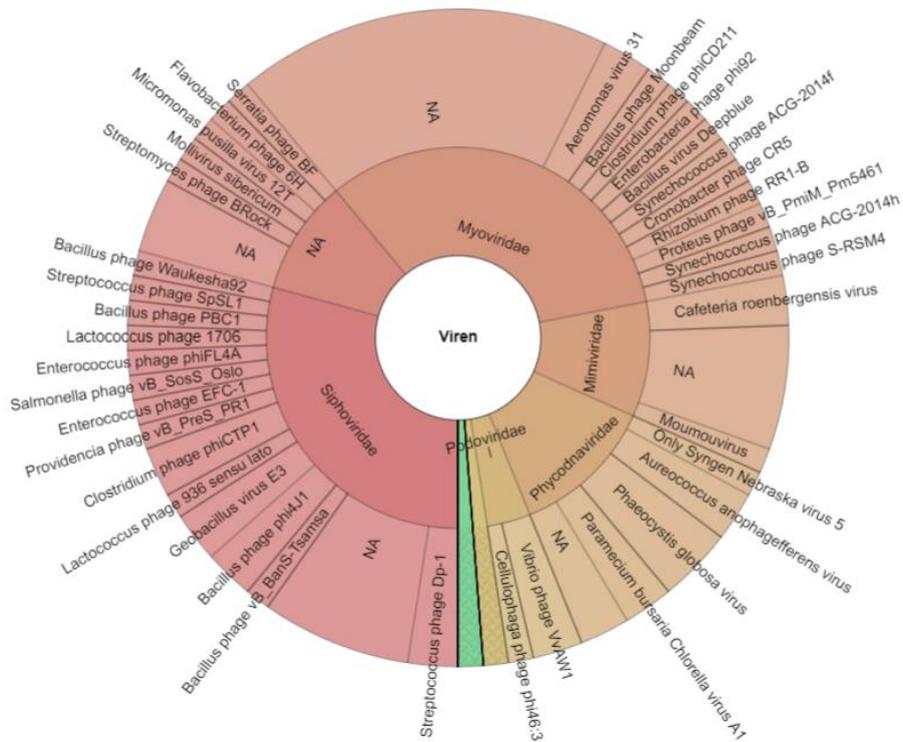
**Anhang 78| Krona-Plot der Probe KREGUA9.** Den sechs gefundenen Familien werden eine hohe Anzahl an Spezies untergeordnet, wobei die Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* den größten Teil belegen.



**Anhang 79| Krona-Plot der Probe KREGUA10.** Die Probe zeigt eine geringe Vielfalt sowohl in den Familien als auch in den Spezies.



**Anhang 80| Krona-Plot der Probe OPZGUA1.** Unter acht verschiedenen Familien, unter denen sich auch *Hytrosaviridae* (lila) und *Podoviridae* (orange) befinden, befinden sich eine Vielzahl an Spezies.



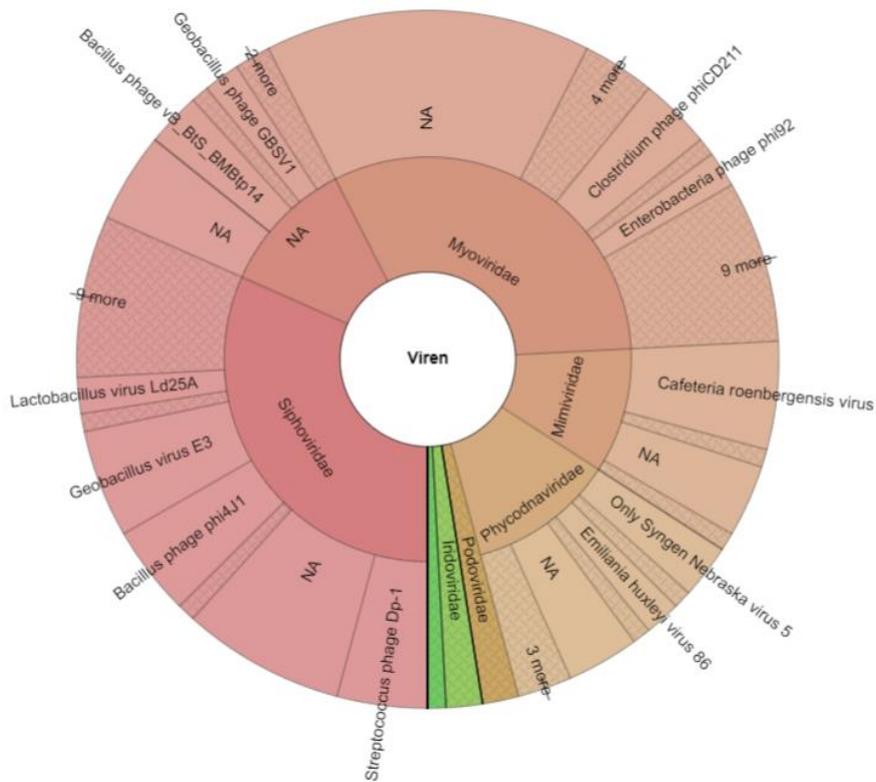
Anhang 81| Krona-Plot der Probe OPZGUA2. Die *Siphoviridae* und *Myoviridae* weisen die größte Vielfalt an Spezies auf, jedoch sind auch die Familien mit *Polydnaviridae* (grün) und *Herpesviridae* (gelb) gut vertreten.



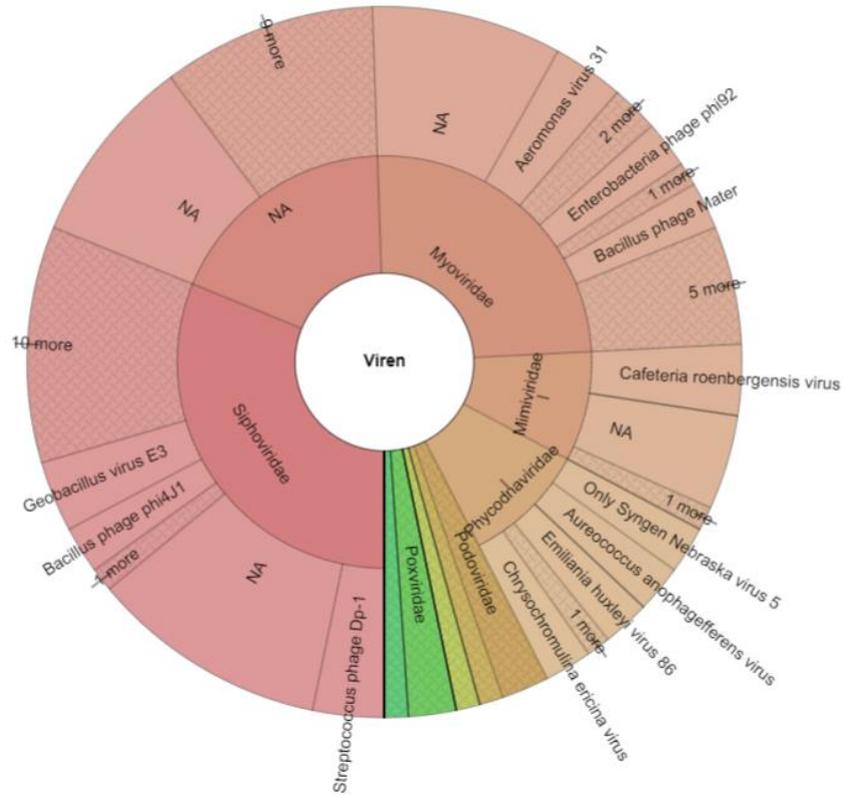
Anhang 82| Krona-Plot der Probe OPZGUA3. Die Vielfalt der Probe ist mit fünf Familien eingeschränkt, jedoch zeigt die Familie der *Siphoviridae* mit vier untergeordneten Spezies eine große Mehrheit.



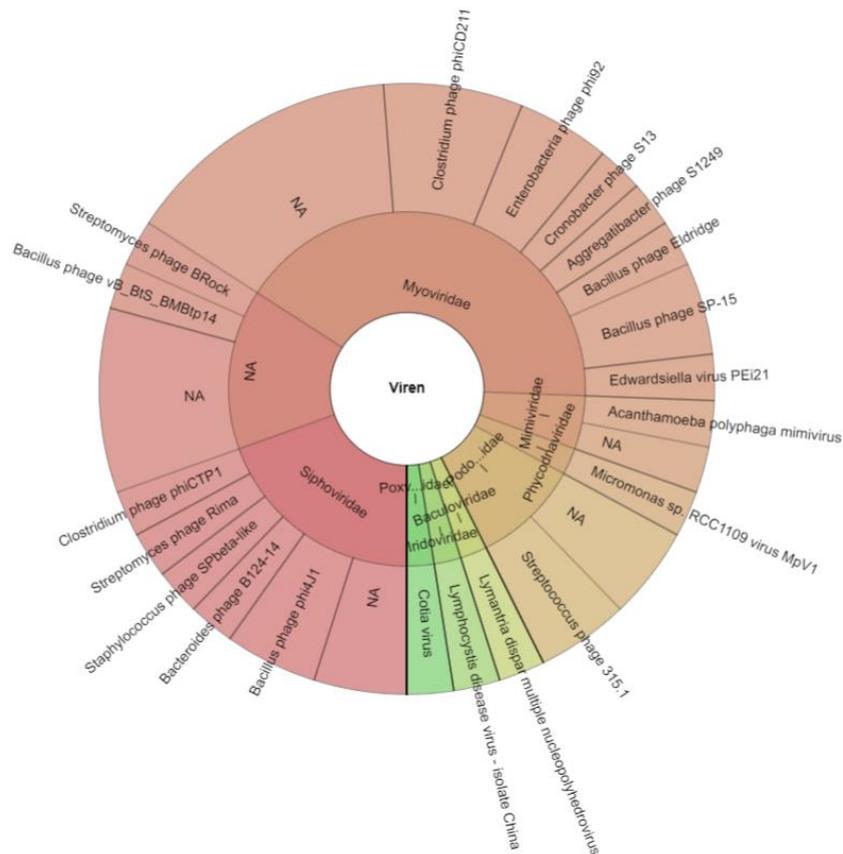
**Anhang 83| Krona-Plot der Probe OPZGUA4.** Die Probe wird von den *Myoviridae* dominiert, zeigt allerdings auch keine große Vielfalt.



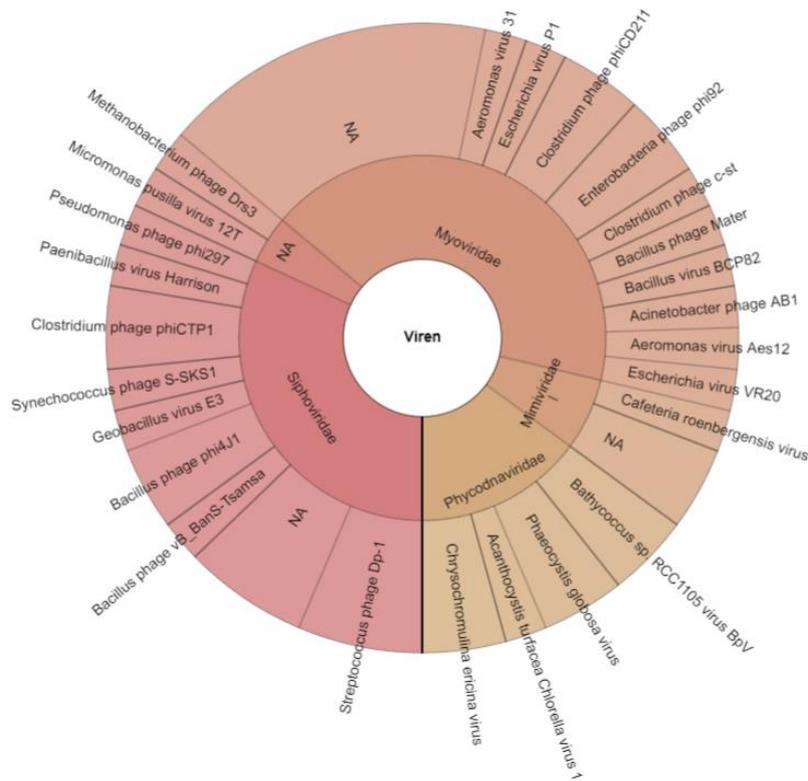
**Anhang 84| Krona-Plot der Probe ZUEGUA1.** Die Probe zeigt eine hohe Vielfalt sowohl bei den Familien, zu denen auch die *Poxviridae* zählen, sowie den Spezies.



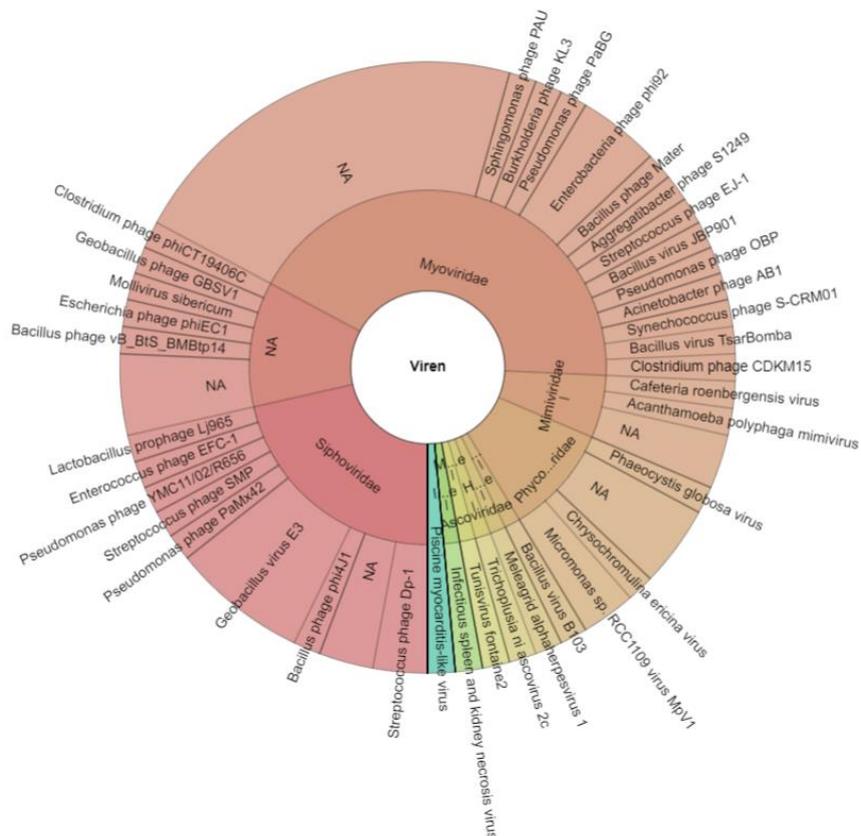
**Anhang 85| Krona-Plot der Probe ZUEGUA2.** Die Familien mit *Tectiviridae* (grün), *Baculoviridae* (gelb) und *Herpesviridae* (orange) sind vielfältig, jedoch sind auch die Spezies gut vertreten.



**Anhang 86| Krona-Plot der Probe ZUEGUA3.** Die Probe wird von den *Myoviridae* in Bezug auf die Spezies, aber auch die Read-Anzahl dominiert.

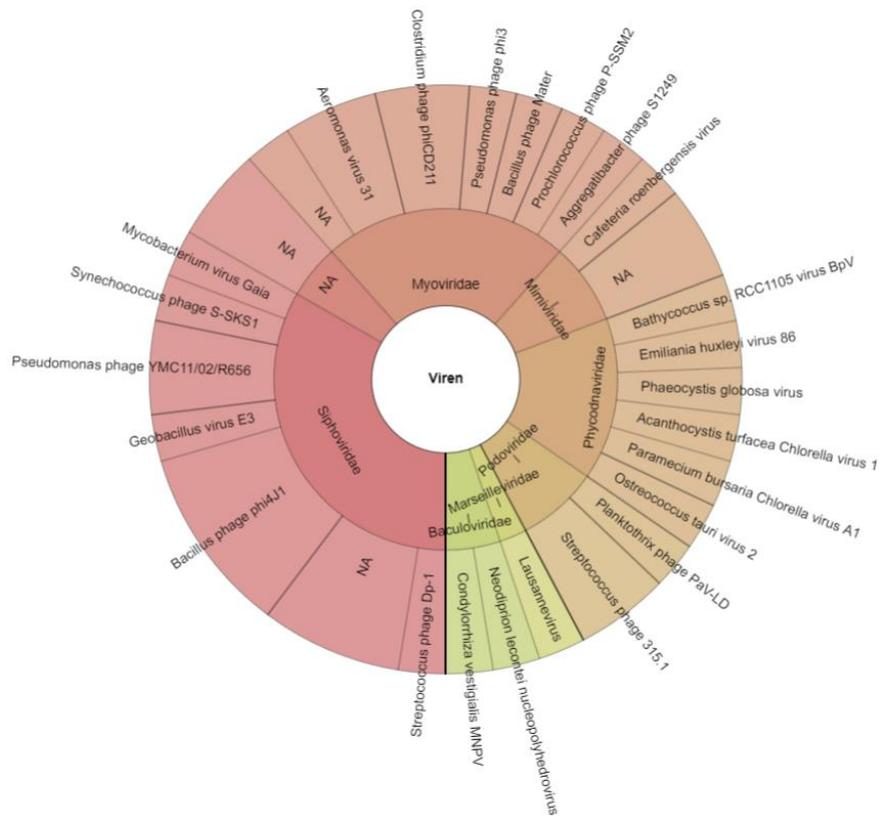


**Anhang 87| Krona-Plot der Probe ZUEGUA4.** Obwohl nur vier verschiedene Familien vorliegen, ist die Anzahl der Spezies sehr hoch, wovon die meisten den *Siphoviridae* und *Myoviridae* zugeordnet werden.

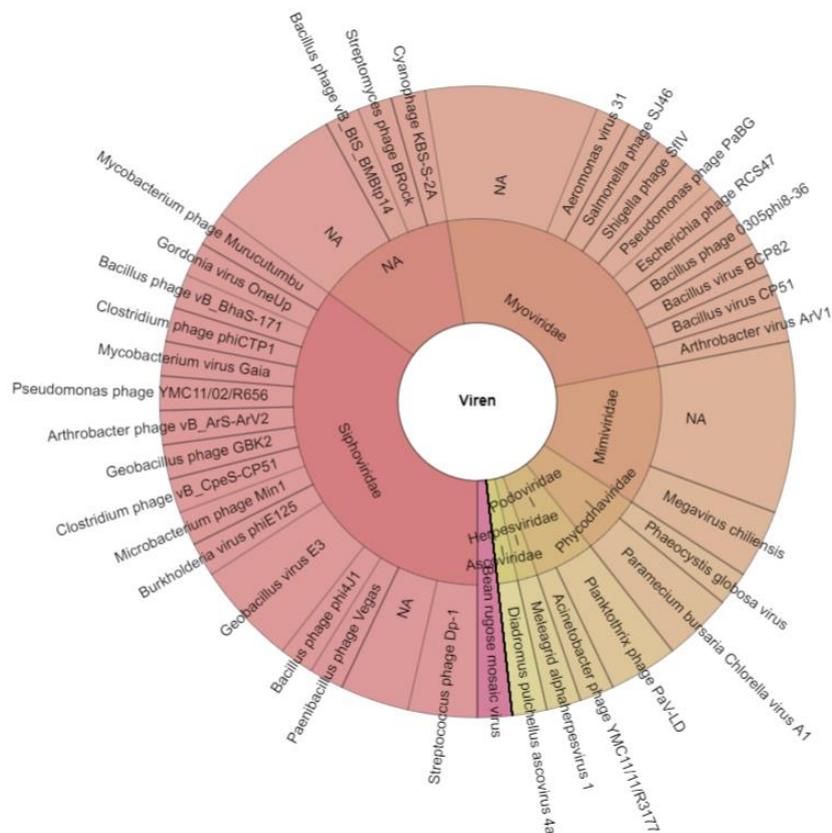


**Anhang 88| Krona-Plot der Probe ZUEGUA5.** Die Familien sind sehr vielfältig, was sich in der Abundanz von *Iridoviridae* (grün), *Marseilleviridae* (gelb), *Herpesviridae* (Ocker) und *Podoviridae* (orange) zeigt. Jedoch sind die Spezies ebenfalls gut vertreten.





**Anhang 91| Krona-Plot der Probe BERLAM3.** Die Probe zeigt eine hohe Vielfalt an Familien und Spezies, wovon die meisten den *Siphoviridae*, *Phycodnaviridae* und *Myoviridae* zugeordnet werden.

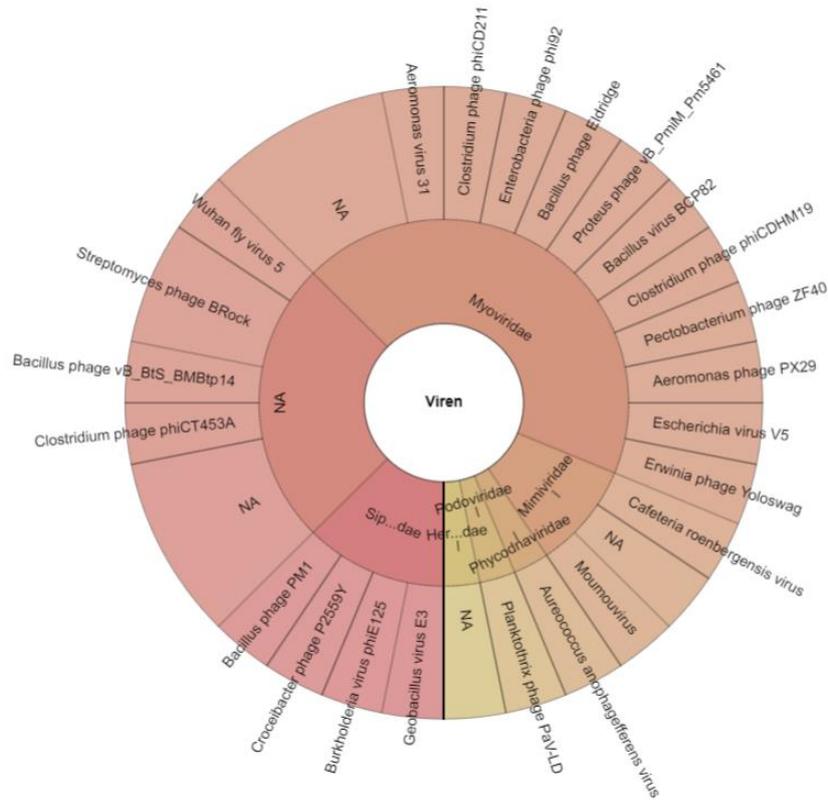


**Anhang 92| Krona-Plot der Probe KOPLAM1.** Trotz der großen Anzahl unterschiedlicher Familien, entfallen die meisten Spezies auf die *Siphoviridae* und *Myoviridae*.

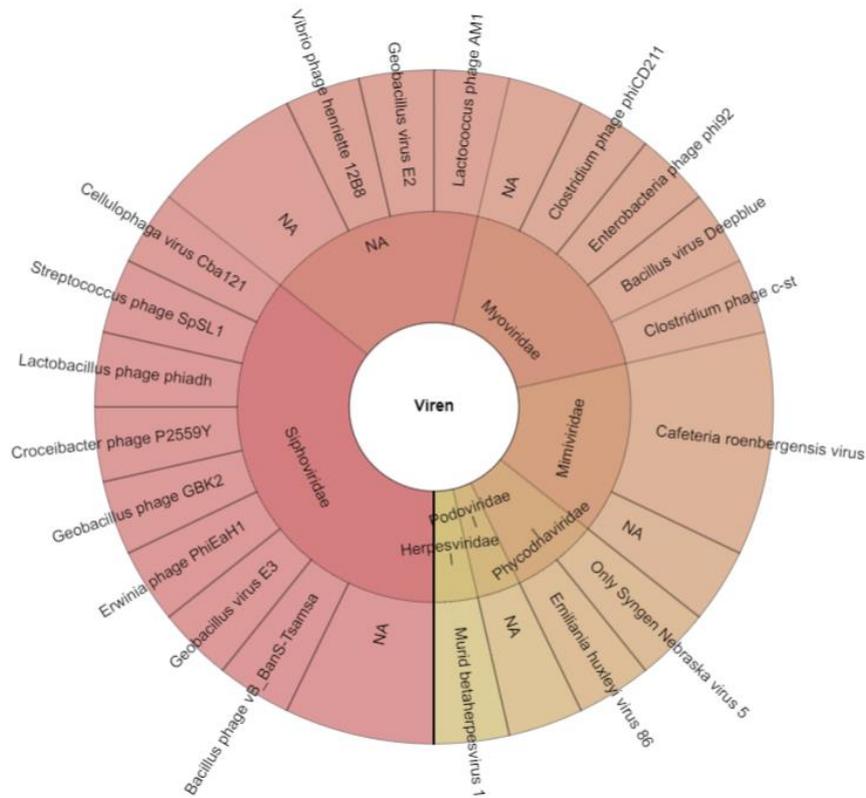




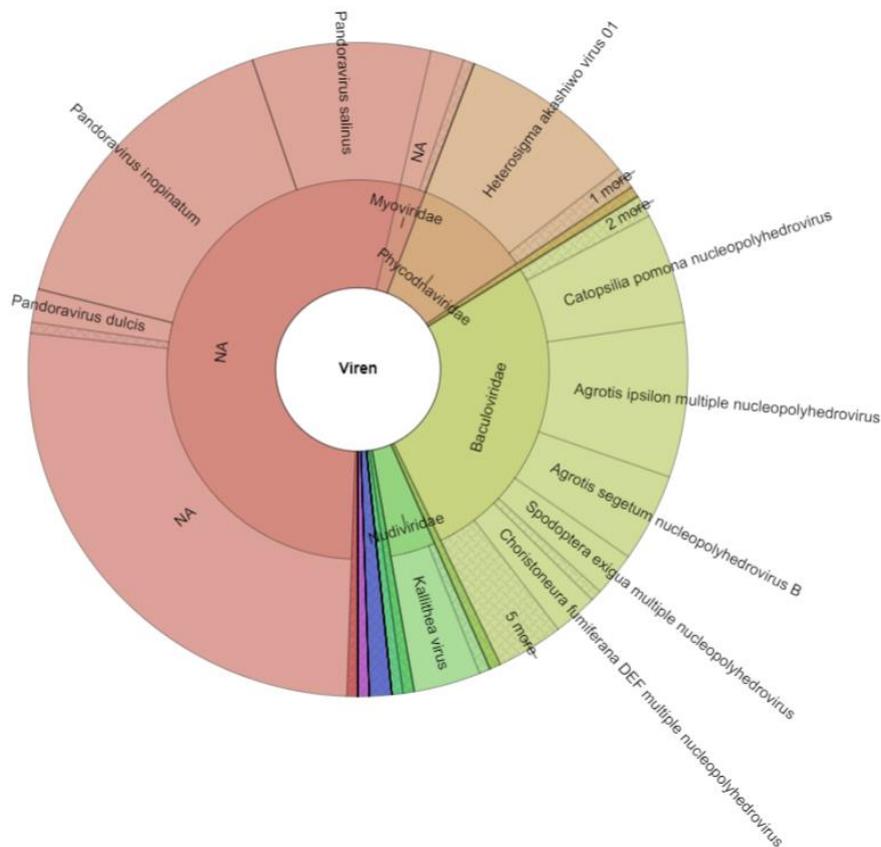
**Anhang 95| Krona-Plot der Probe NEKLAM2.** Die Probe wird von der Familie der *Siphoviridae* dominiert, auf die auch die meisten Spezies entfallen.



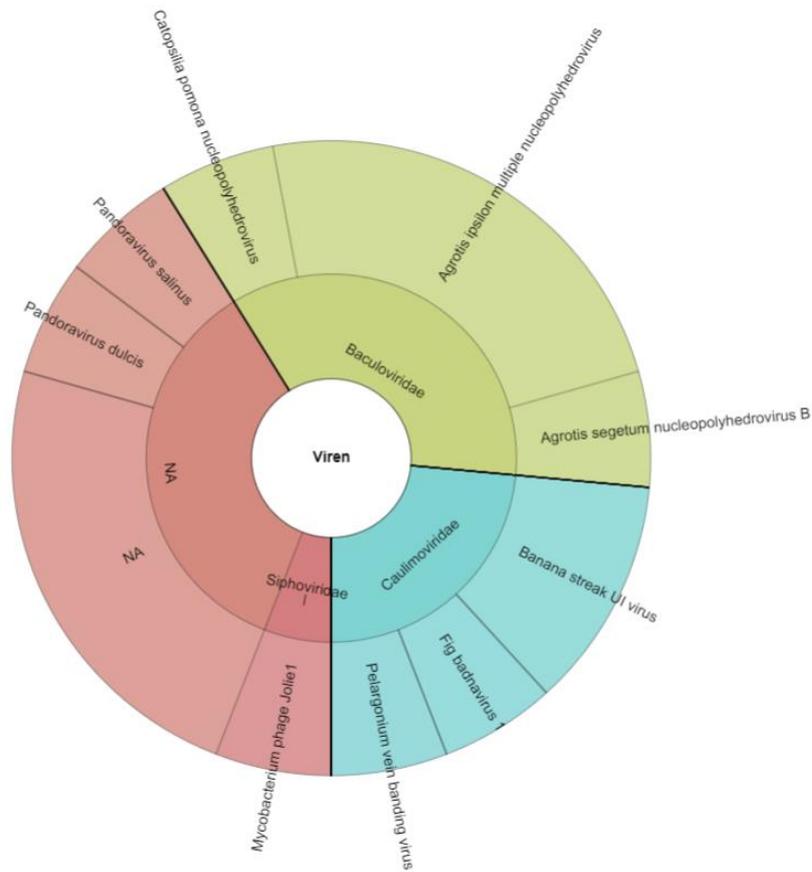
**Anhang 96| Krona-Plot der Probe NEKLAM3.** Die Probe weist eine Vielzahl von Spezies auf, die vor allem der Familie der *Myoviridae* zufallen.



**Anhang 97| Krona-Plot der Probe NEKLAM5.** Die Probe wird von der Familie der *Siphoviridae* dominiert, auf die auch die meisten Spezies entfallen.



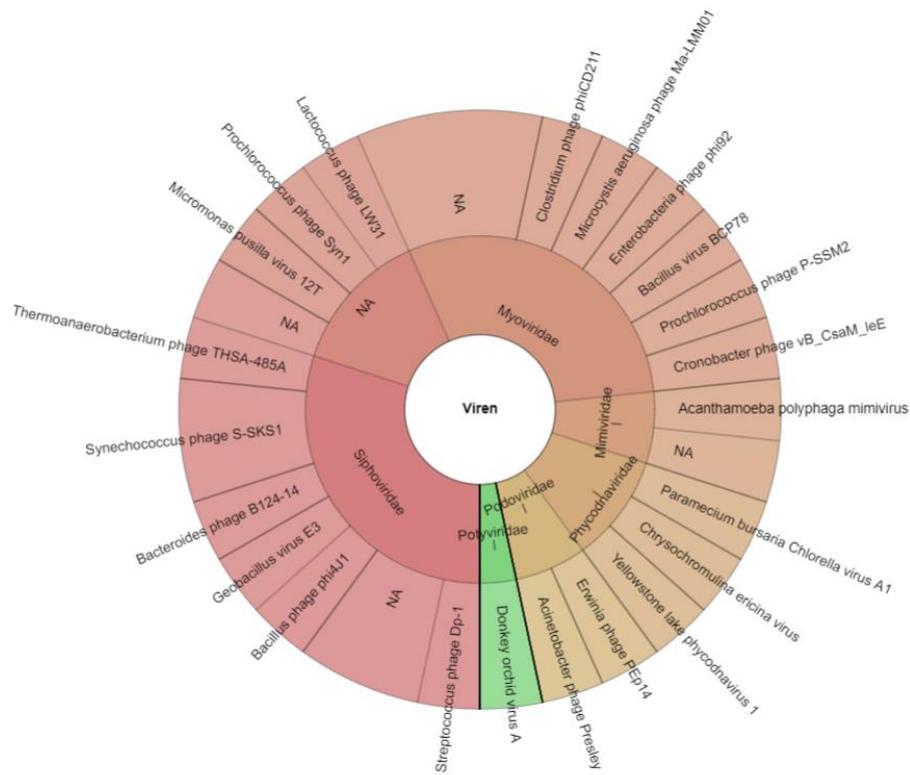
**Anhang 98| Krona-Plot der Probe NEKLAMHEU.** Die am meisten vertretene Familie ist die der *Baculoviridae*, wobei die gesamte Probe eine hohe Vielfalt aufweist.



**Anhang 99| Krona-Plot der Probe NEKLAMPEL.** Die Probe wird von den Familien *Baculoviridae* und *Caulimoviridae* dominiert. Zudem sind keine *Myoviridae* gefunden worden.



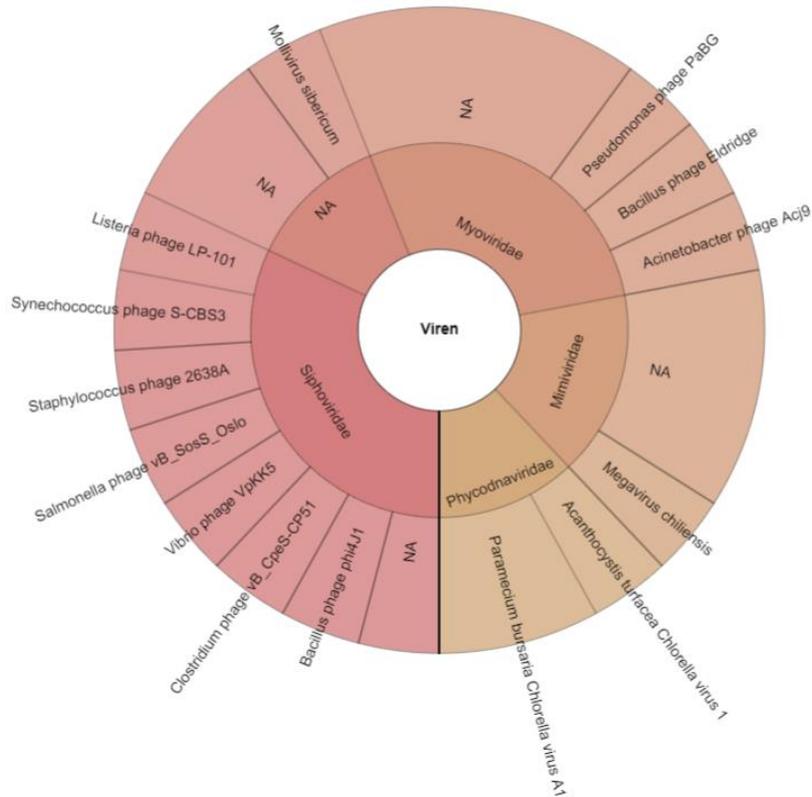
**Anhang 100| Krona-Plot der Probe ZUELAM1.** Die Vielfalt der Probe ist gering, wobei dies bei der Betrachtung der Familien als auch Spezies zutrifft.



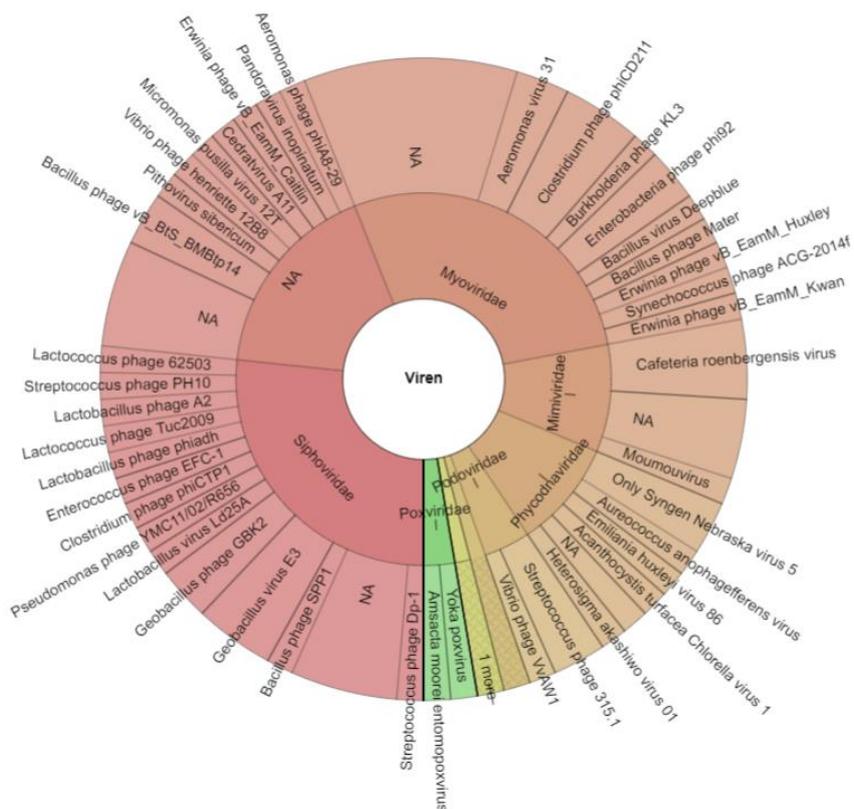
**Anhang 101| Krona-Plot der Probe ZUELAM2.** Obwohl nur sechs Familien vertreten sind, ist die Vielfalt der Spezies sehr hoch.



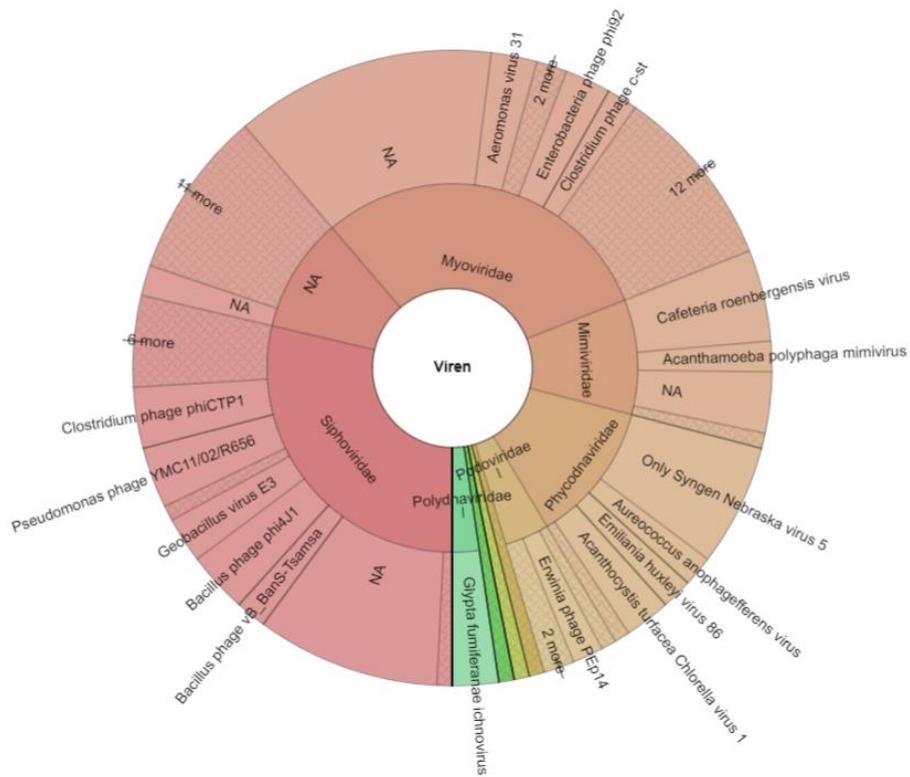
**Anhang 102| Krona-Plot der Probe ZUELAM3.** Unter den nur sechs vertretenen Familien befindet sich nur eine geringe Anzahl an Spezies.



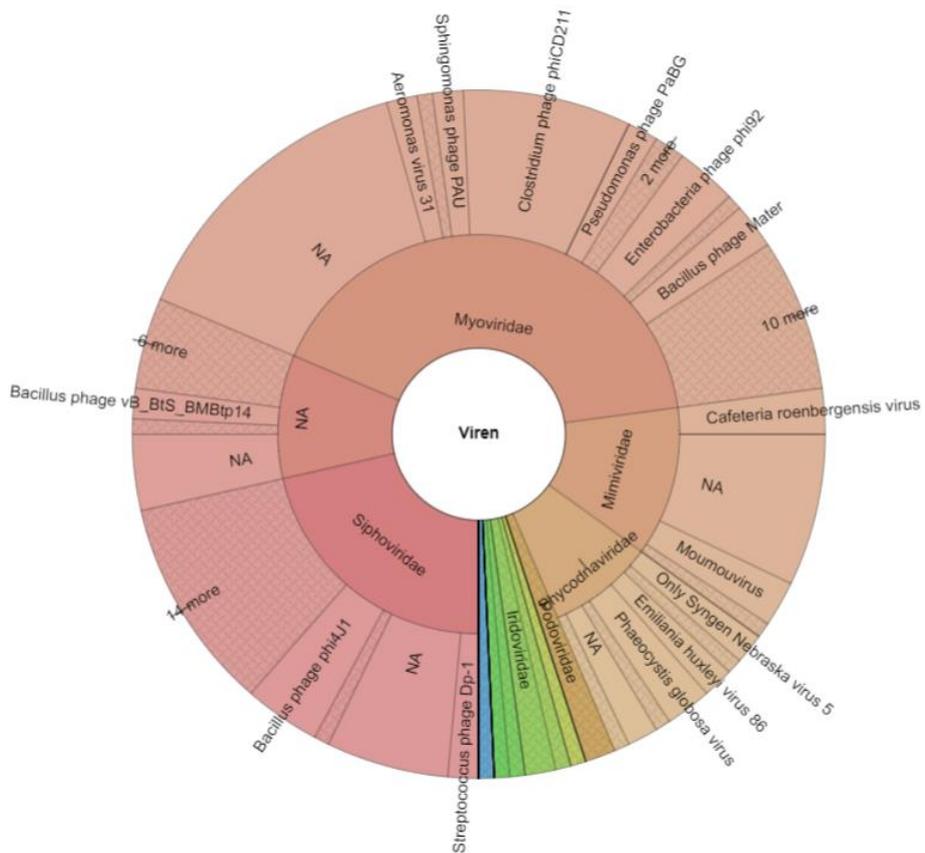
**Anhang 103| Krona-Plot der Probe ZUELAM4.** Die Probe weist vor allem Spezies der Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* auf.



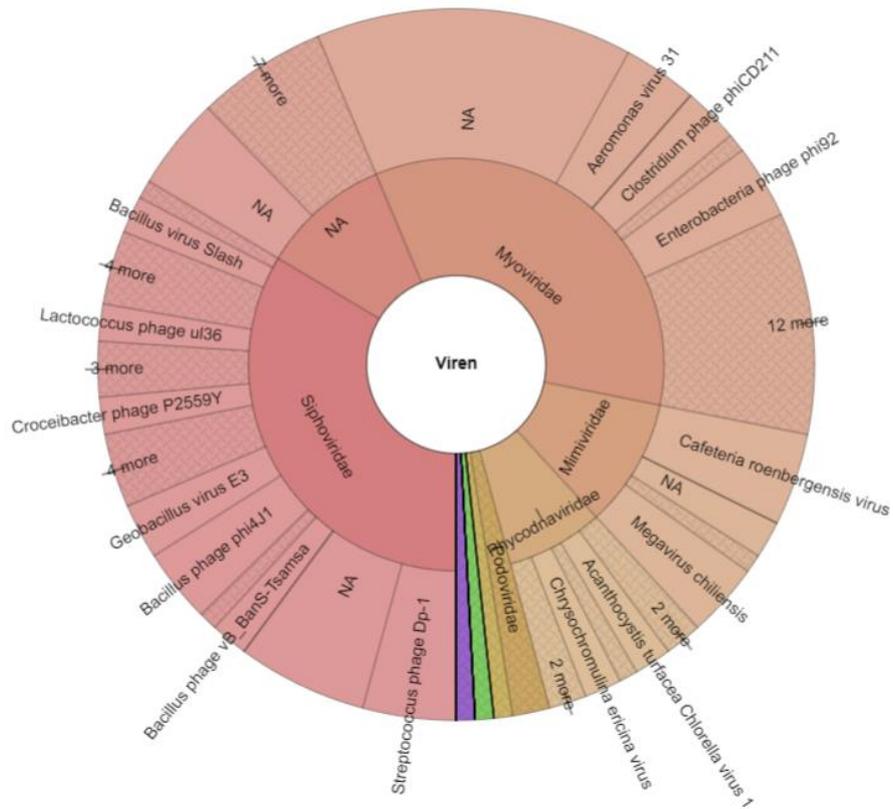
**Anhang 104| Krona-Plot der Probe ZUELAM5.** Trotz der großen Anzahl unterschiedlicher Familien (zusätzlich *Marseilleviridae* (gelb) und *Herpesviridae* (orange)), entfallen die meisten Spezies auf die *Siphoviridae* und *Myoviridae*.



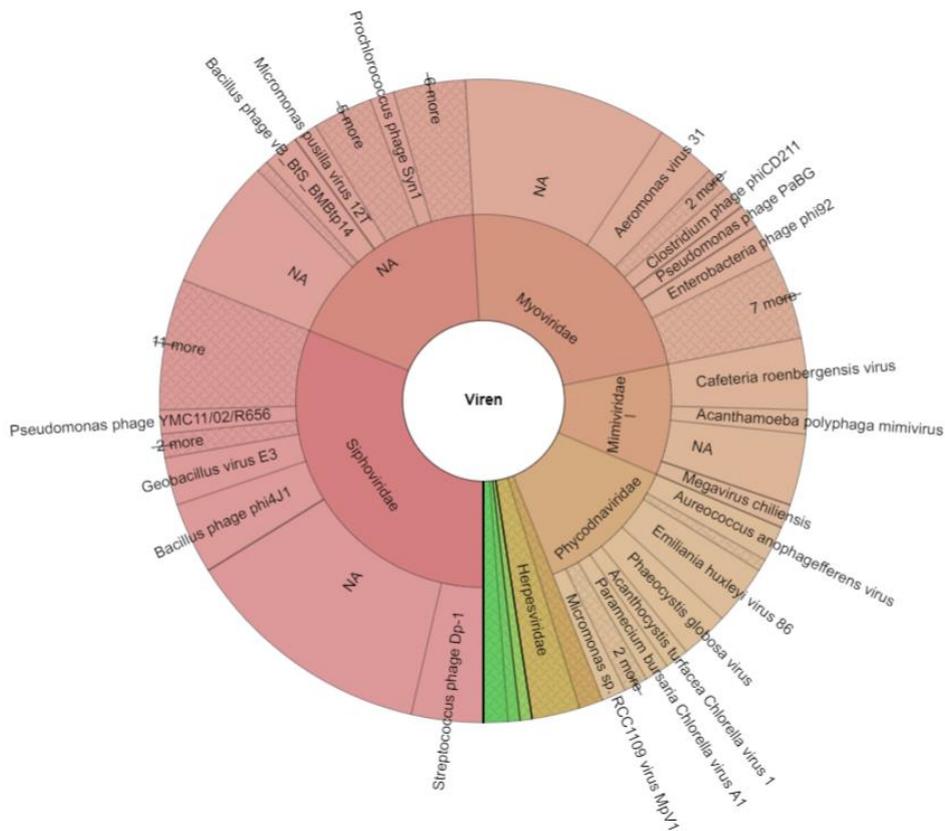
**Anhang 105| Krona-Plot der Probe BERTRA1.** Die meisten Reads sind die Familien der *Myoviridae* und *Siphoviridae* zuzuordnen, jedoch ist die Vielfalt der Probe mit neun Familien, darunter auch *Poxviridae* (grün), *Baculoviridae* (gelb) und *Herpesviridae* (orange), dadurch nicht eingeschränkt.



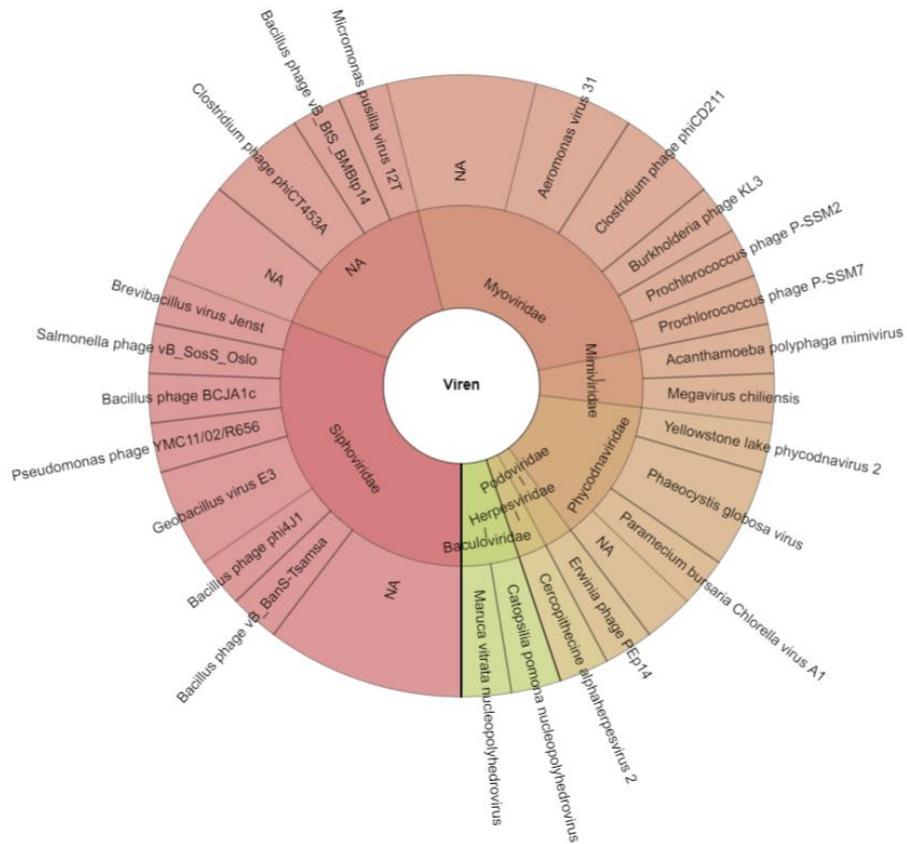
**Anhang 106| Krona-Plot der Probe BERTRA2.** Die Probe wird von der Anwesenheit der *Myoviridae* dominiert, zeigt jedoch eine große Vielfalt an Familien und Spezies.



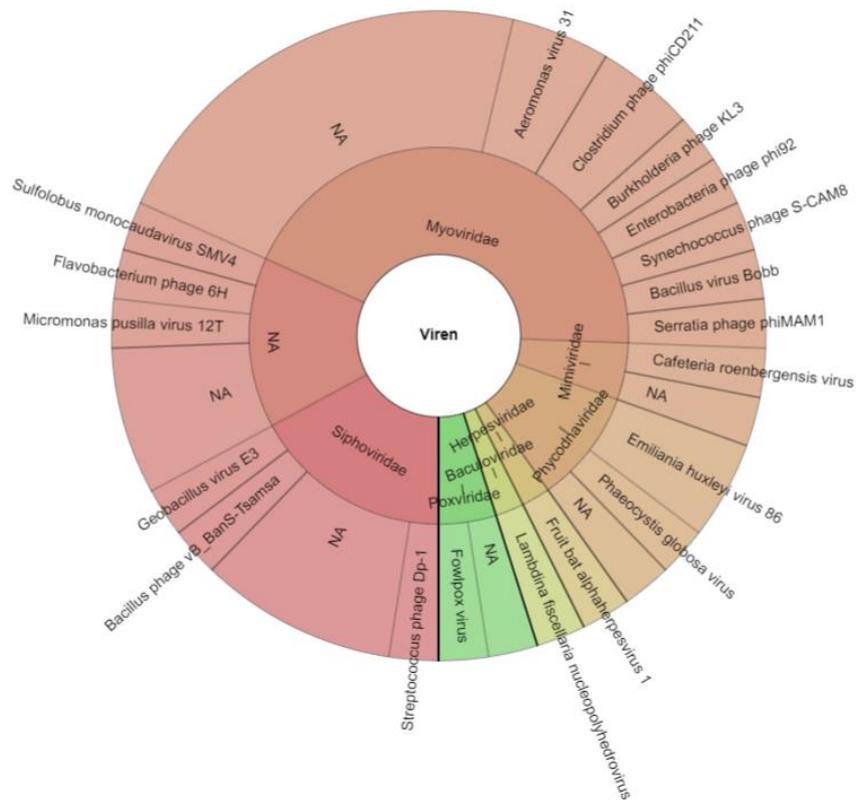
**Anhang 107| Krona-Plot der Probe BERTRA3.** Die größte Vielfalt an Spezies unterliegen den *Siphoviridae* und *Myoviridae*, jedoch wird diese durch weitere Familien erweitert.



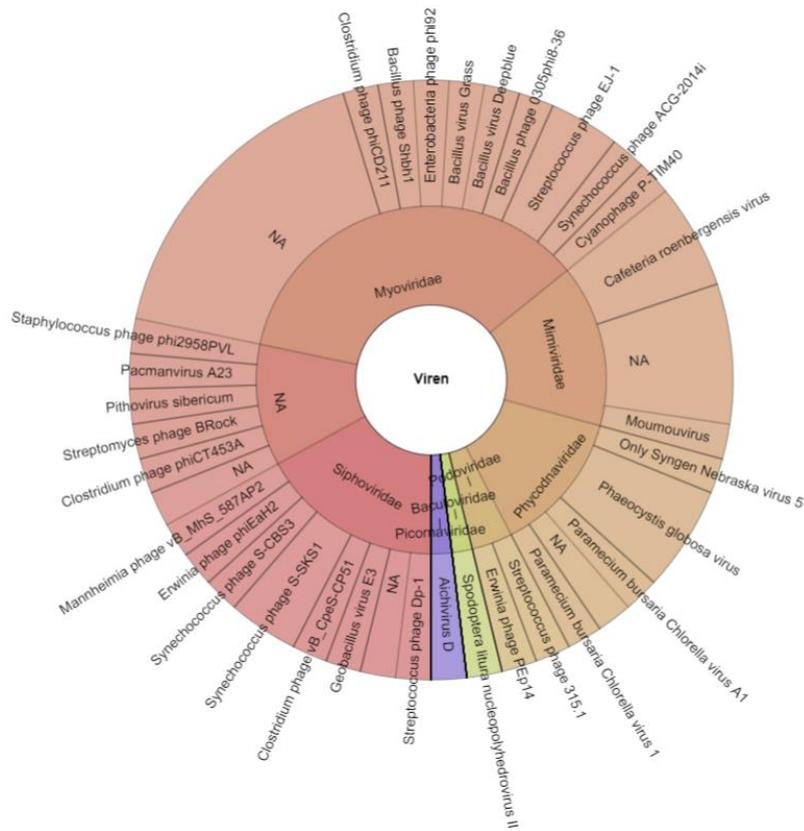
**Anhang 108| Krona-Plot der Probe BERTRA4.** Die größte Vielfalt an Spezies unterliegen den *Siphoviridae* und *Myoviridae*, jedoch wird diese durch weitere Familien erweitert.



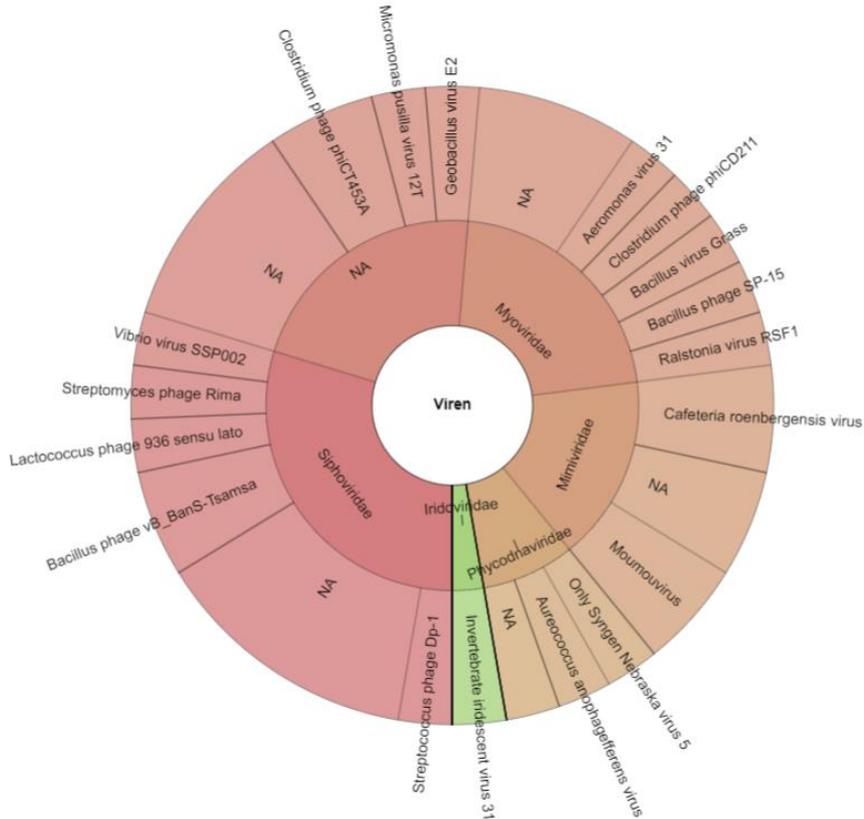
**Anhang 109| Krona-Plot der Probe HEITRA1.** Obwohl sieben verschiedene Familien gefunden wurden, sind die meisten Spezies den Familien *Siphoviridae* und *Myoviridae* untergeordnet.



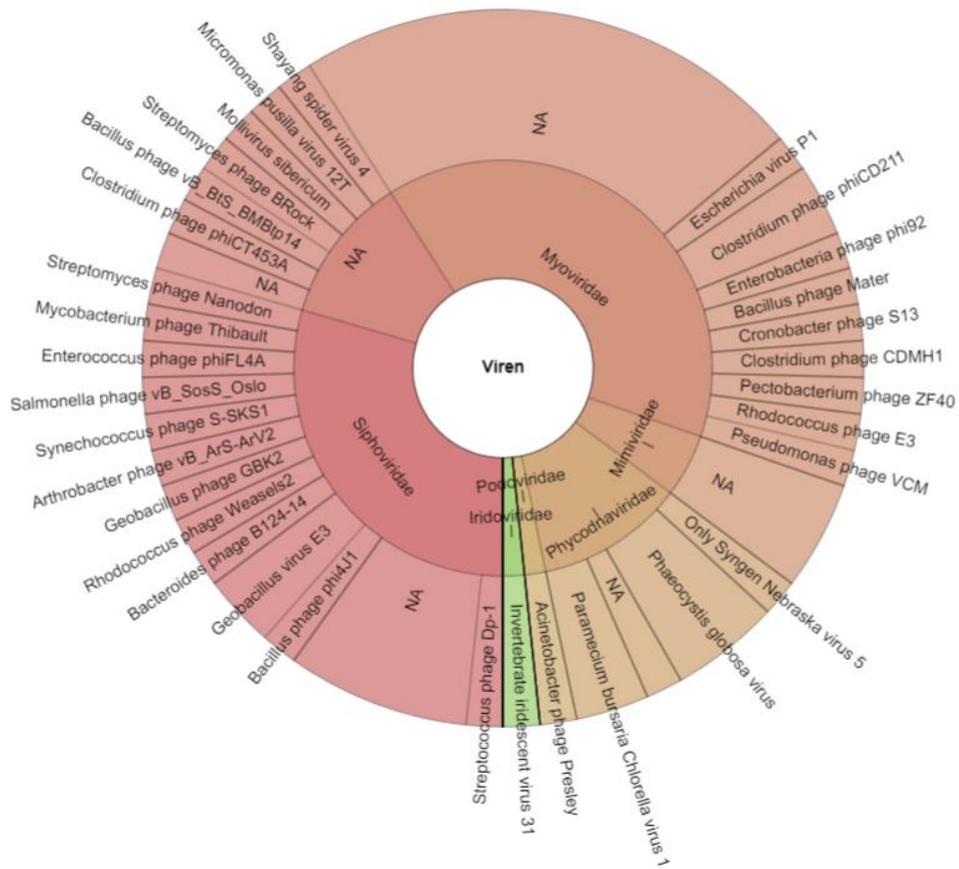
**Anhang 110| Krona-Plot der Probe HEITRA2.** Die Probe wird von den *Myoviridae* dominiert, unter welchen auch die meisten Spezies geordnet sind.



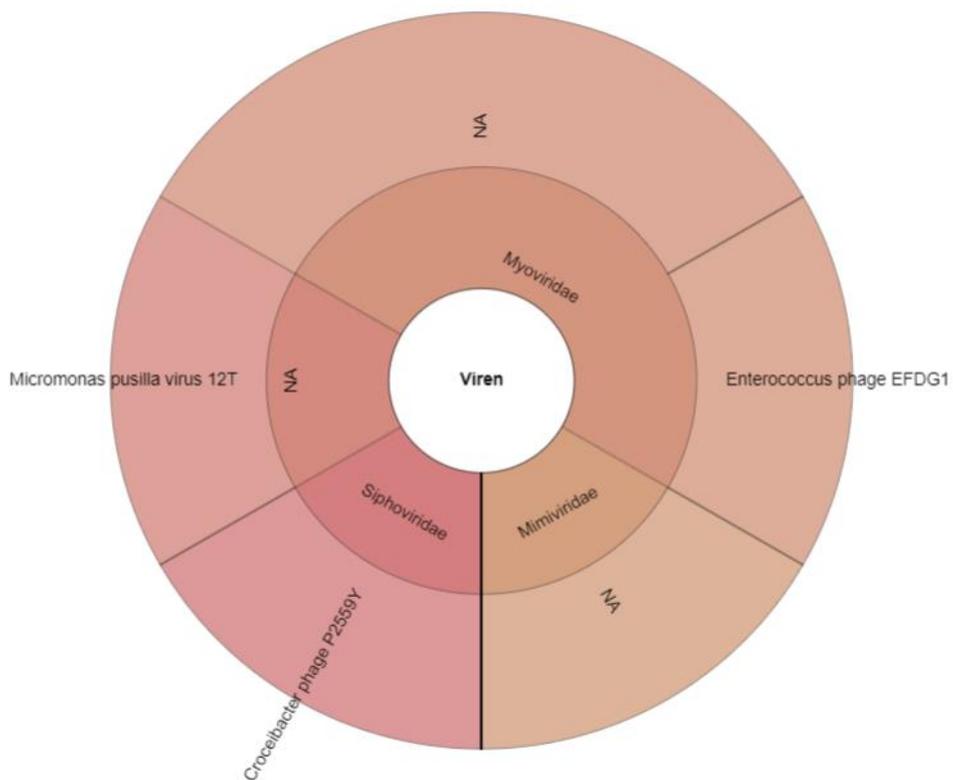
**Anhang 111| Krona-Plot der Probe HEITRA3.** Die Probe wird von den *Myoviridae* dominiert, unter welchen auch die meisten Spezies geordnet sind. Jedoch ist auch die Familie der *Siphoviridae* gut vertreten.



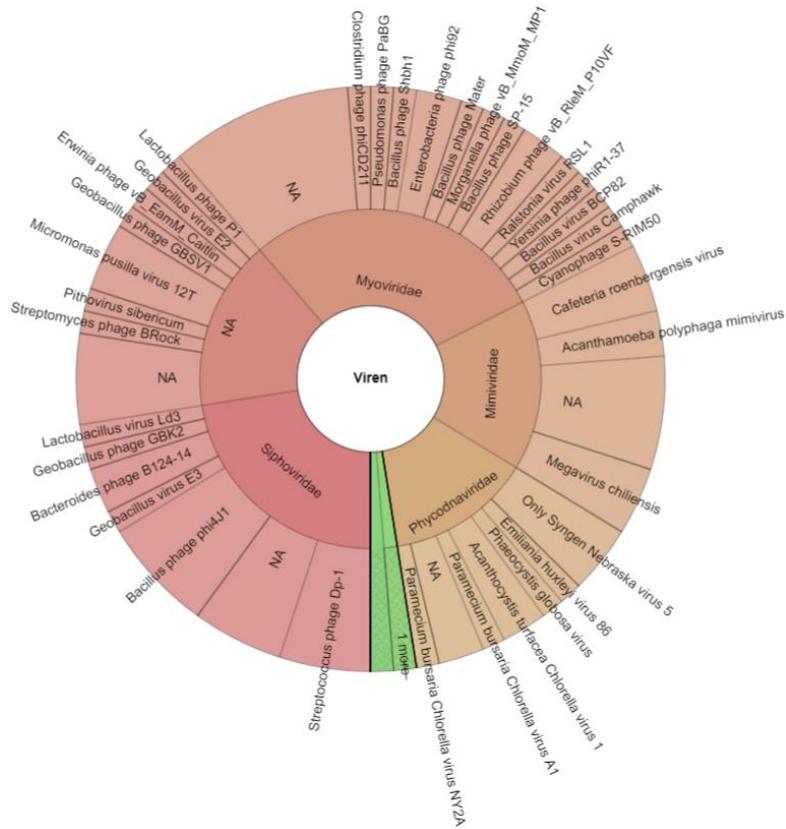
**Anhang 112| Krona-Plot der Probe HEITRA4.** Die Vielfalt der Familien ist mit fünf verschiedenen gering, allerdings sind dennoch viele Spezies diesen untergeordnet.



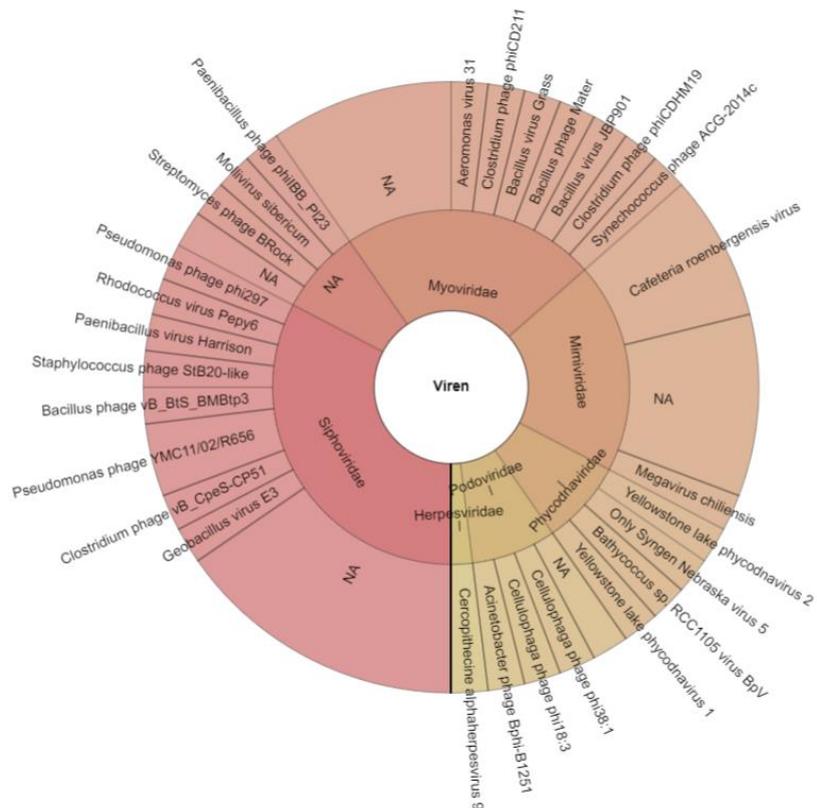
Anhang 113| Krona-Plot der Probe KOPTRA1. Die Probe enthält größtenteils Spezies aus den Familien der *Myoviridae* und *Siphoviridae*. Jedoch sind weitere vier Familien vertreten.



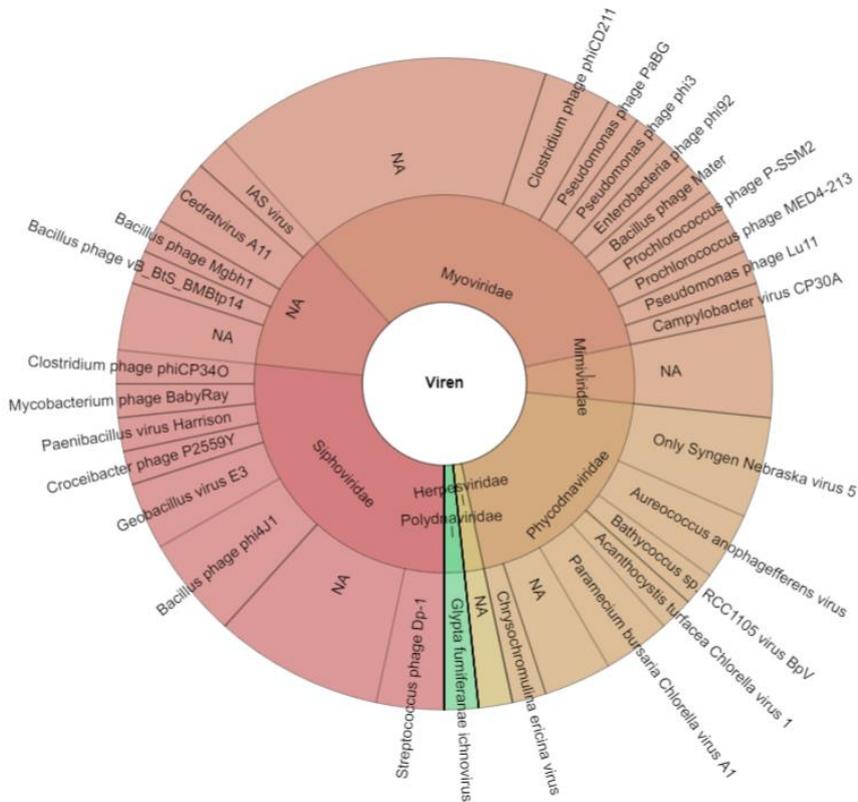
Anhang 114| Krona-Plot der Probe KOPTRA2. Die Vielfalt ist in dieser Probe nicht gegeben.



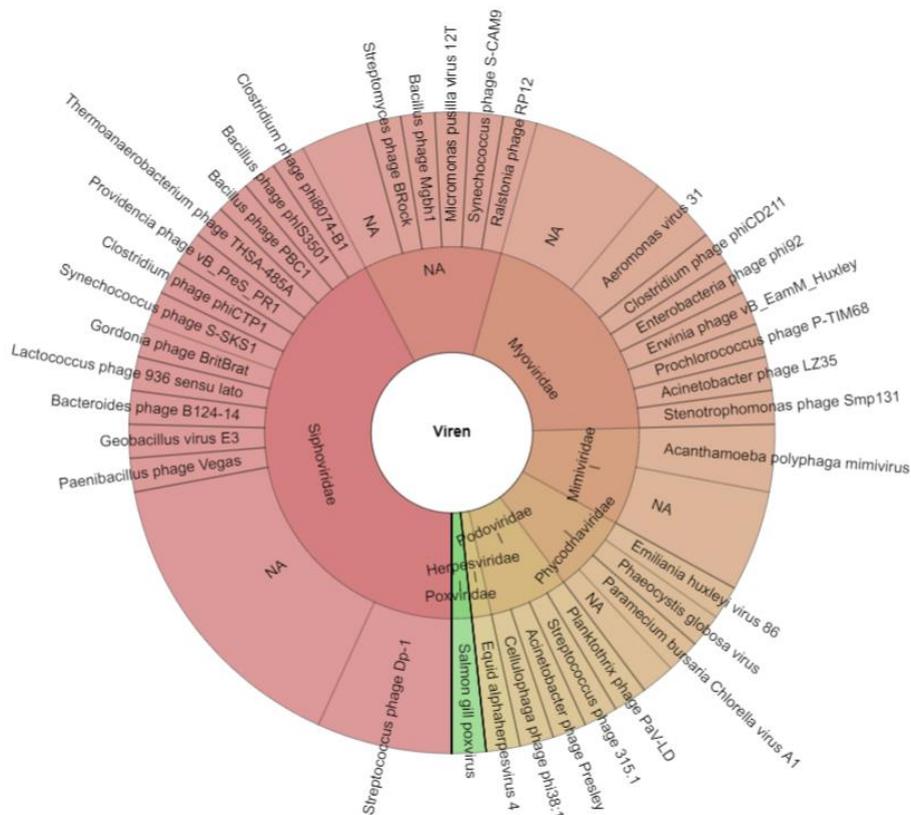
**Anhang 115| Krona-Plot der Probe KRETRA1.** Obwohl nur sechs verschiedene Familien (darunter *Poxviridae* und *Nudiviridae*) vertreten sind, ist die Vielfalt an Spezies sehr hoch.



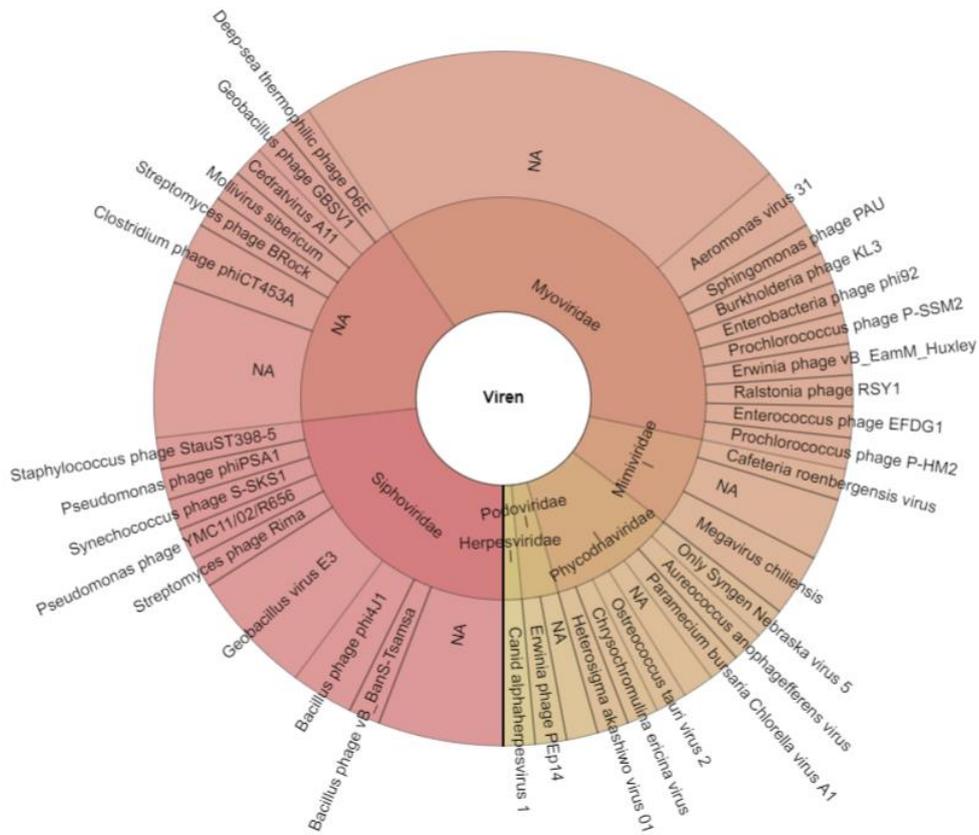
**Anhang 116| Krona-Plot der Probe KRETRA2.** In den sechs gefundenen Familien ist eine große Vielfalt an Spezies erkennbar.



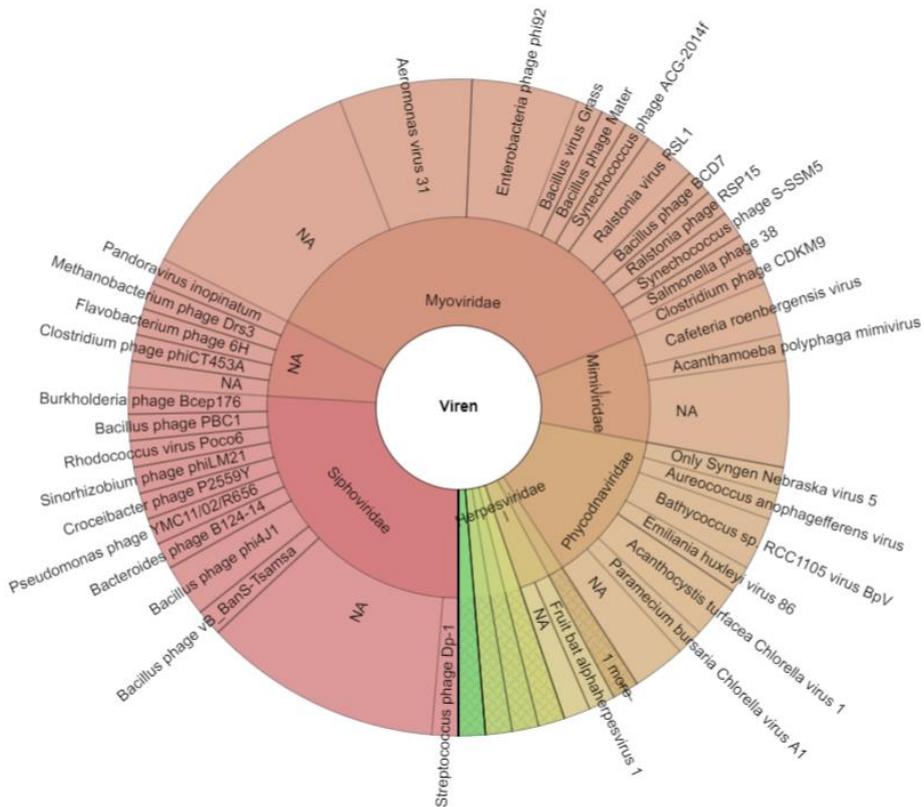
**Anhang 117| Krona-Plot der Probe KRETRA3.** Trotz der sechs gefundenen Familien entfallen die meisten Reads auf die *Myoviridae*, *Siphoviridae* und *Phycodnaviridae*.



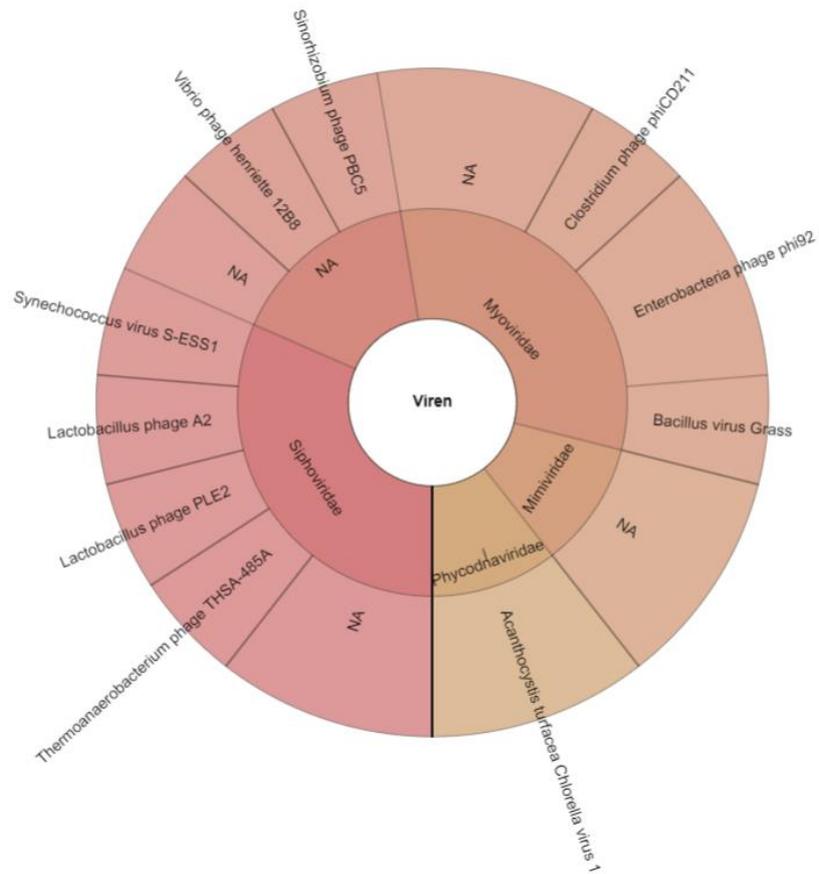
**Anhang 118| Krona-Plot der Probe KRETRA4.** Die größte Anzahl der Reads wird von die *Siphoviridae* eingenommen, unter denen auch die meisten Spezies zu finden sind.



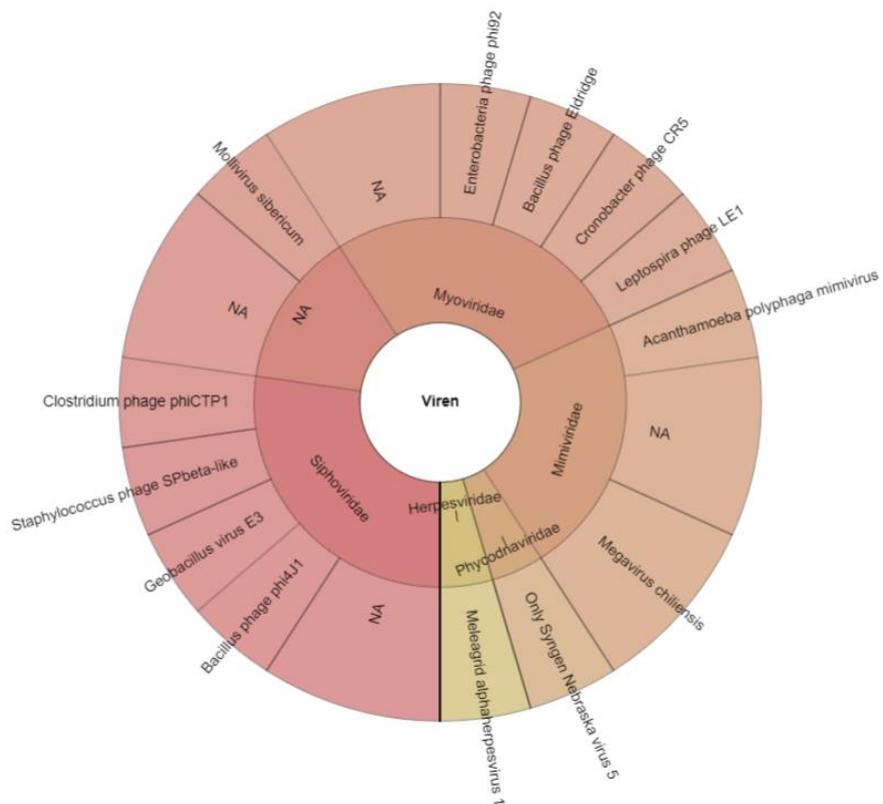
**Anhang 119| Krona-Plot der Probe KRETRA5.** Trotz der sechs gefundenen Familien entfallen die meisten Reads und Spezies auf die *Myoviridae*, *Siphoviridae* und *Phycodnaviridae*.



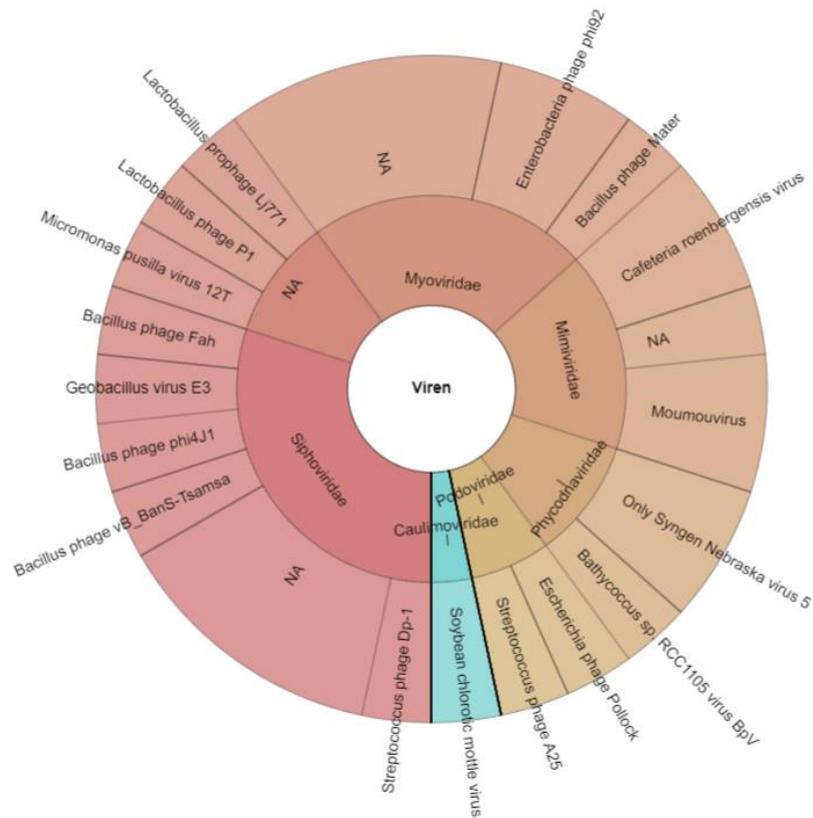
**Anhang 120| Krona-Plot der Probe KRETRA6.** Die Probe weist eine Vielzahl an Familien, unter anderem *Poxviridae* und *Baculoviridae*, auf, jedoch entfallen die meisten Reads auf die *Myoviridae* und *Siphoviridae*.



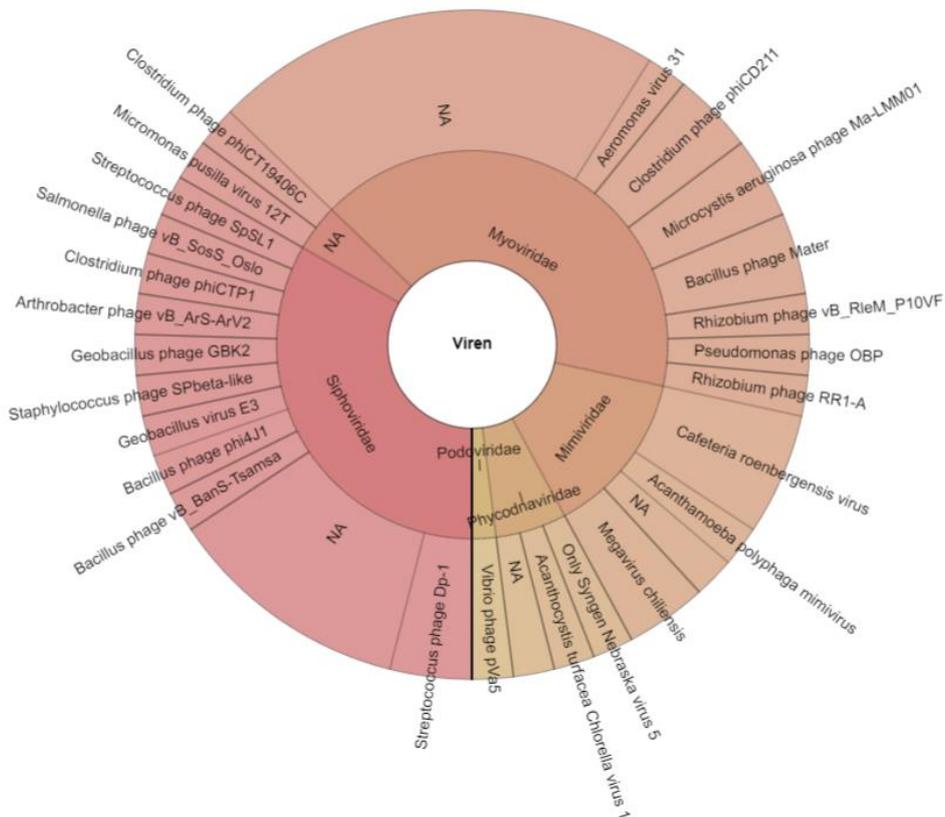
Anhang 121| Krona-Plot der Probe KRETRA8. Die Vielfalt der Probe in Bezug auf die Familien und Spezies ist gering.



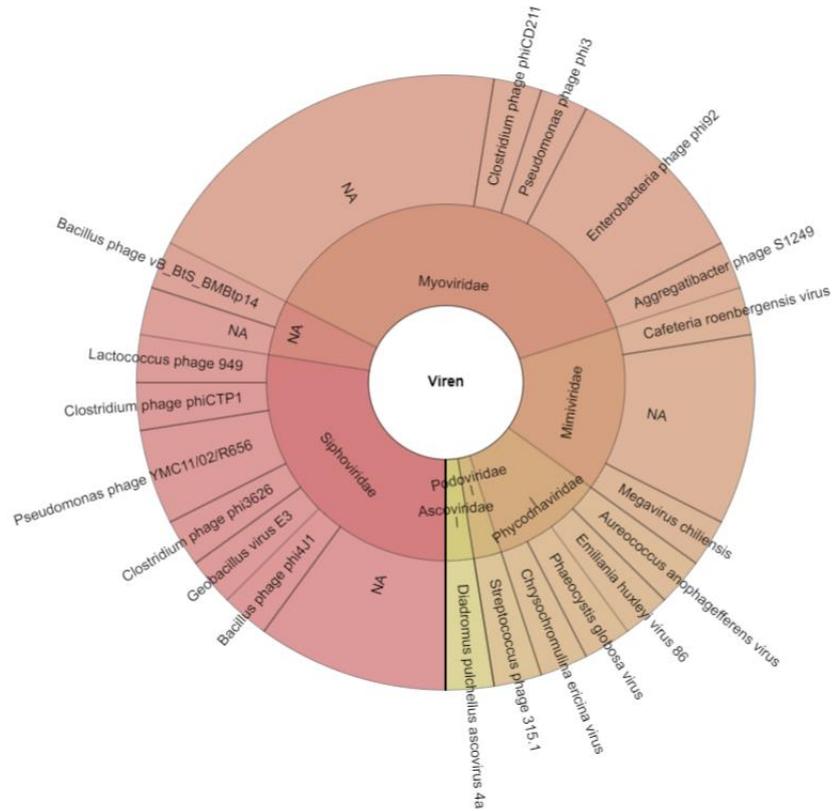
Anhang 122| Krona-Plot der Probe KRETRA9. Trotz fünf gefundener Familien ist die Vielfalt der Spezies gering.



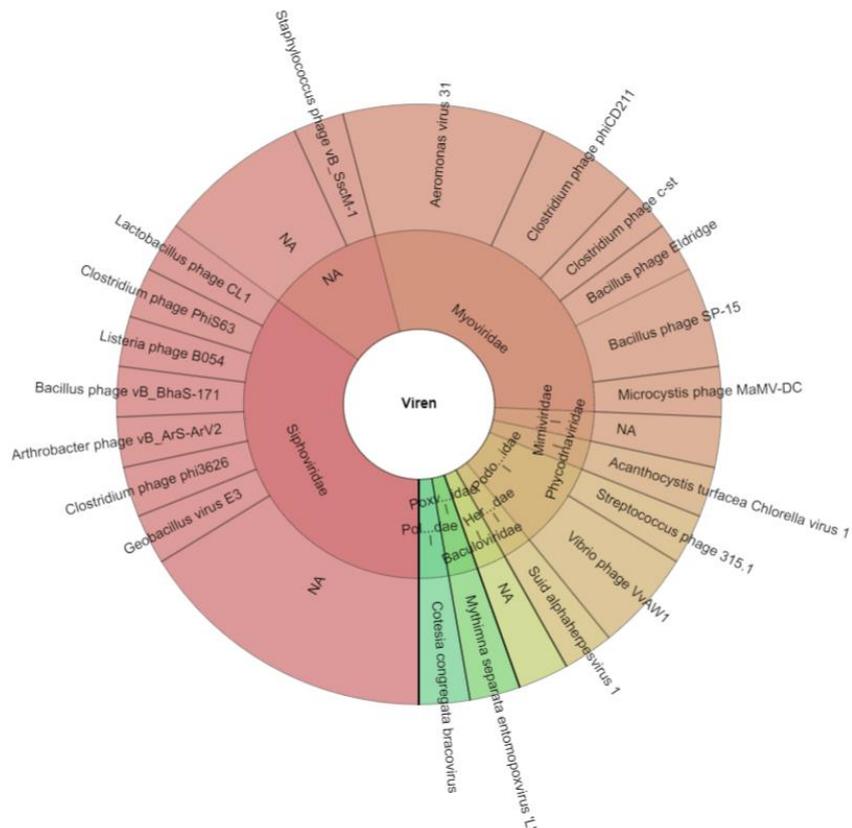
**Anhang 123| Krona-Plot der Probe MUETRA1.** Obwohl sechs Familien erkannt wurden, ist die Vielfalt gering. Besonders ist das Vorhandensein der *Caulimoviridae*.



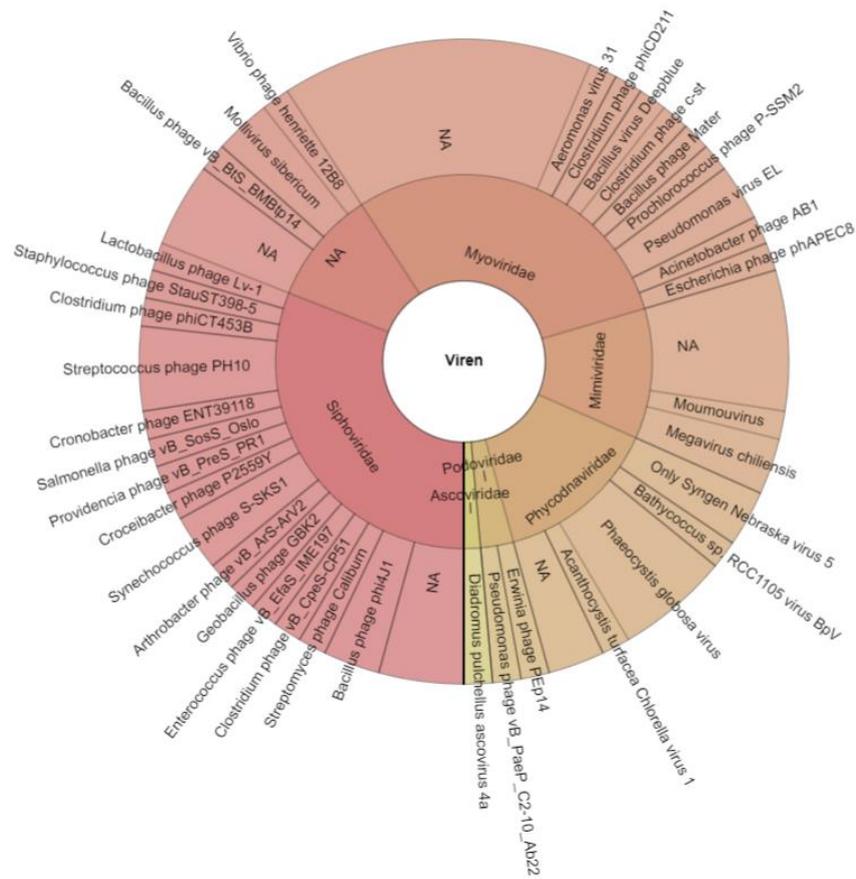
**Anhang 124| Krona-Plot der Probe MUETRA2.** Obwohl nur fünf Familien vorhanden sind, ist die Anzahl der Spezies, besonders unter *Siphoviridae* und *Myoviridae* sehr hoch.



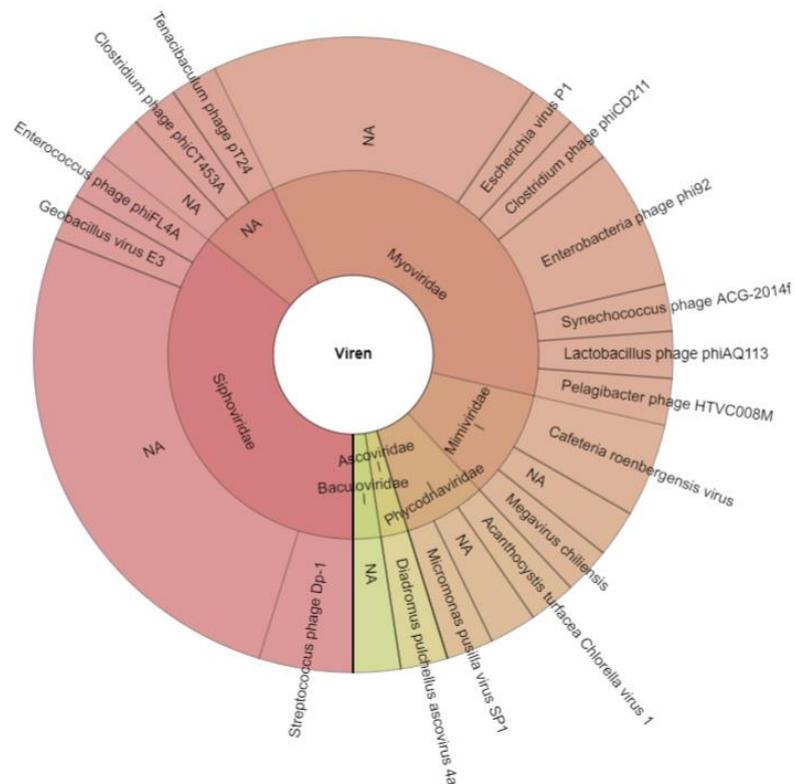
**Anhang 125| Krona-Plot der Probe MUETRA3.** Die meisten Reads entfallen auf die *Siphoviridae* und *Myoviridae*, die damit die Vielfalt der Spezies deutlich erhöhen.



**Anhang 126| Krona-Plot der Probe NEKTRA1.** Die Probe weist eine Vielzahl von Familien, unter anderem *Polydnaviridae*, auf, wodurch die Vielfalt der Spezies erhöht wird.



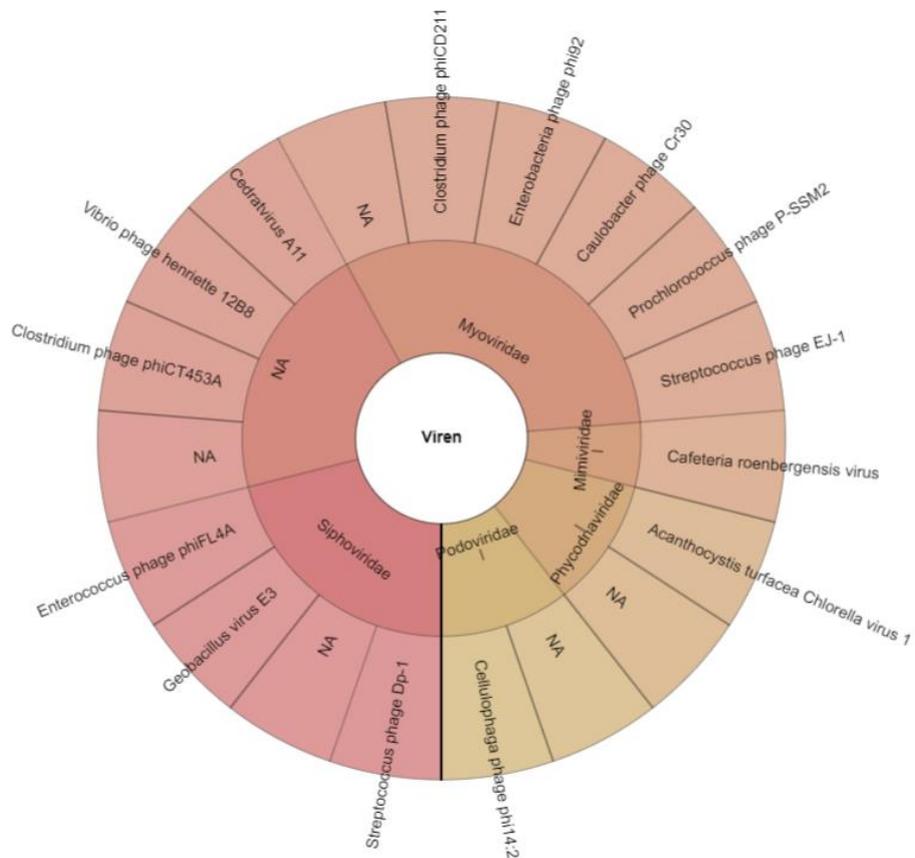
**Anhang 127| Krona-Plot der Probe NEKTRA2.** Trotz der sechs gefundenen Familien entfallen die meisten Reads auf die *Myoviridae*, *Siphoviridae* und *Phycodnaviridae*.



**Anhang 128| Krona-Plot der Probe NEKTRA3.** Die Probe wird von den *Siphoviridae* und *Myoviridae* dominiert, jedoch tragen nur letztere zu einer erhöhten Vielfalt bei.

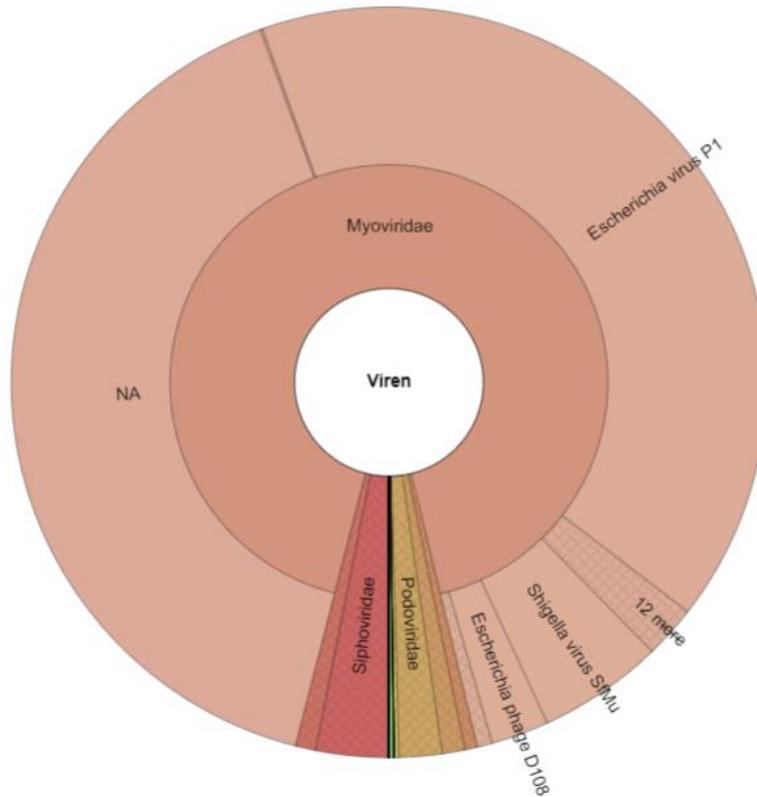


Anhang 129| Krona-Plot der Probe NEKTRA4. Die Vielfalt der Familien und der Spezies ist gering.

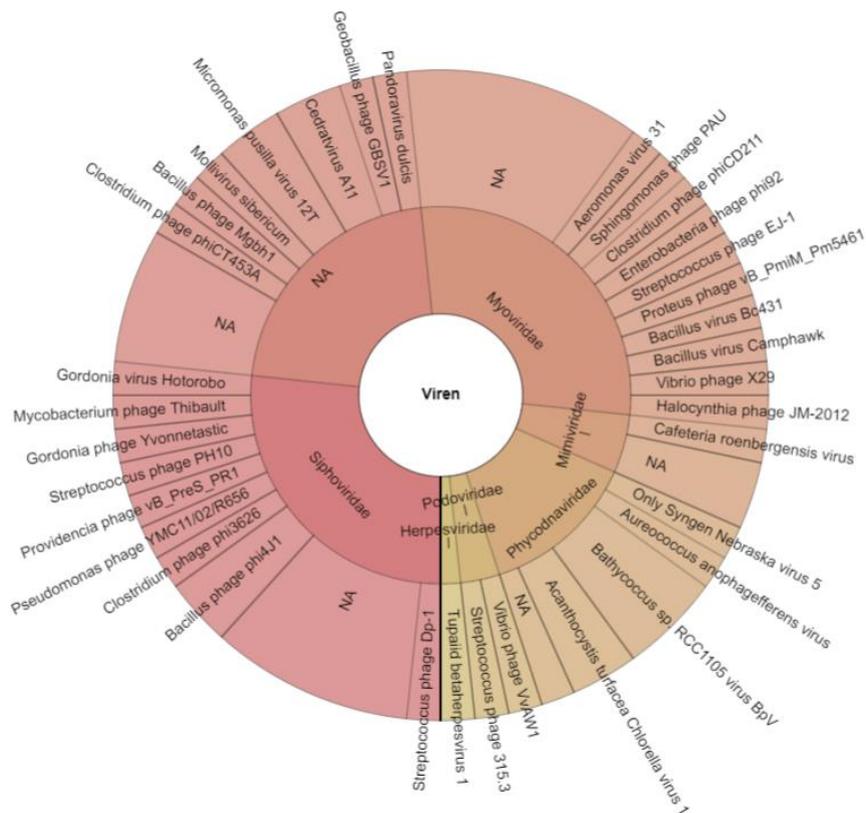


Anhang 130| Krona-Plot der Probe NEKTRA5. Die Probe wird von den *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert, auf die die meisten Spezies entfallen.



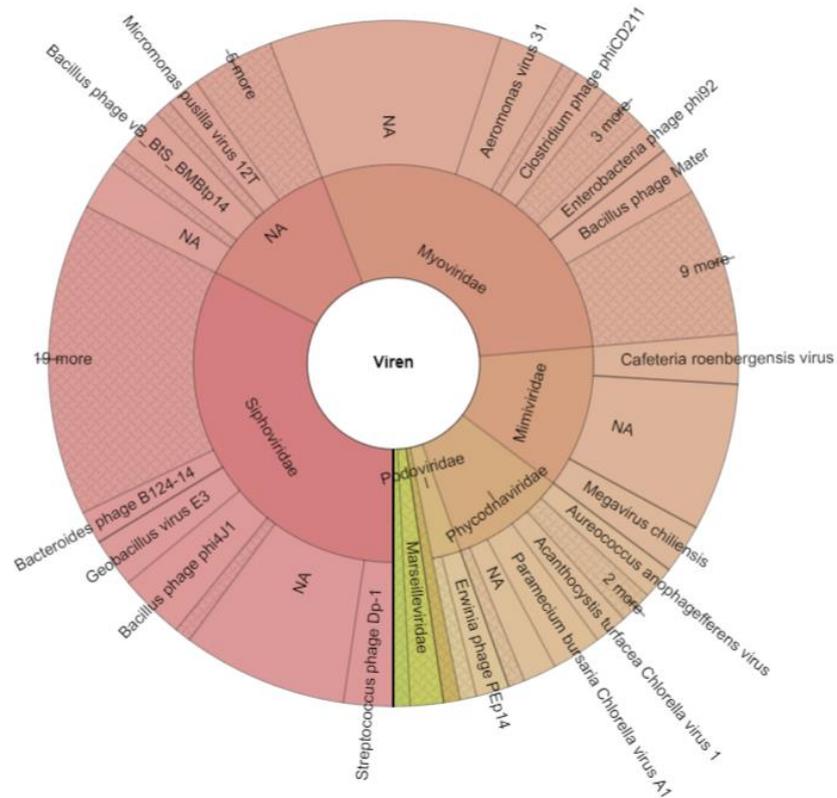


**Anhang 133| Krona-Plot der Probe NEKTRAPEL.** Die Probe enthält fast ausschließlich *Myoviridae* mit *Escherichia virus P1*, sodass kaum weitere Familien feststellbar sind.

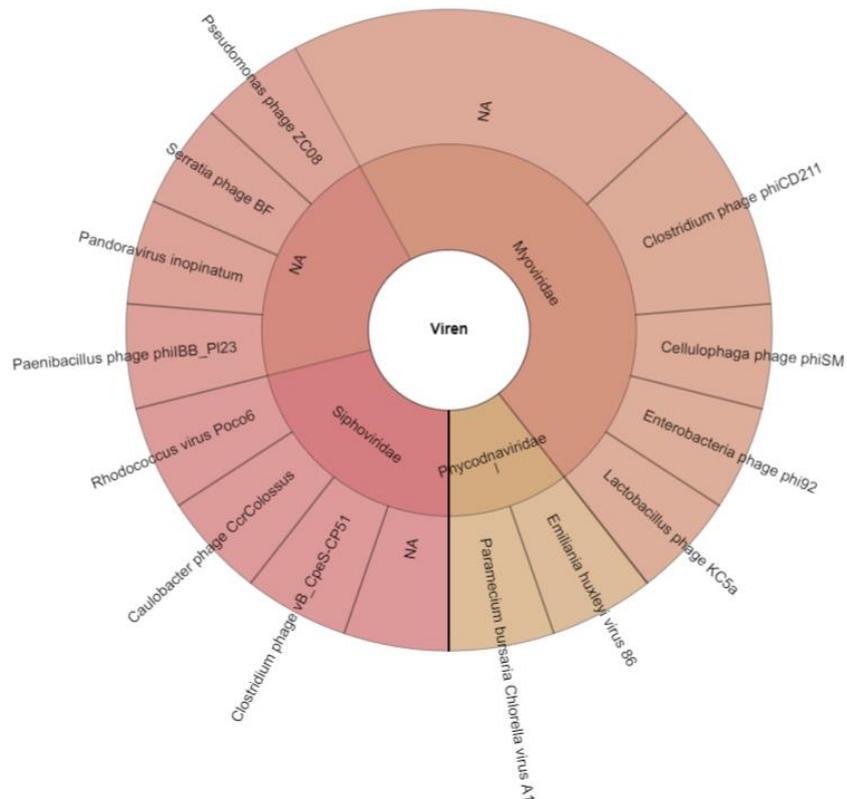


**Anhang 134| Krona-Plot der Probe NURTRA1.** Trotz nur sechs vorhandener Familien ist die Vielfalt der Spezies gegeben, die vor allem auf die *Myoviridae* und *Siphoviridae* entfallen.





**Anhang 137| Krona-Plot der Probe NURTRA5.** Die Probe zeigt in den Familien und den Spezies eine Vielfalt, die von den *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert wird.



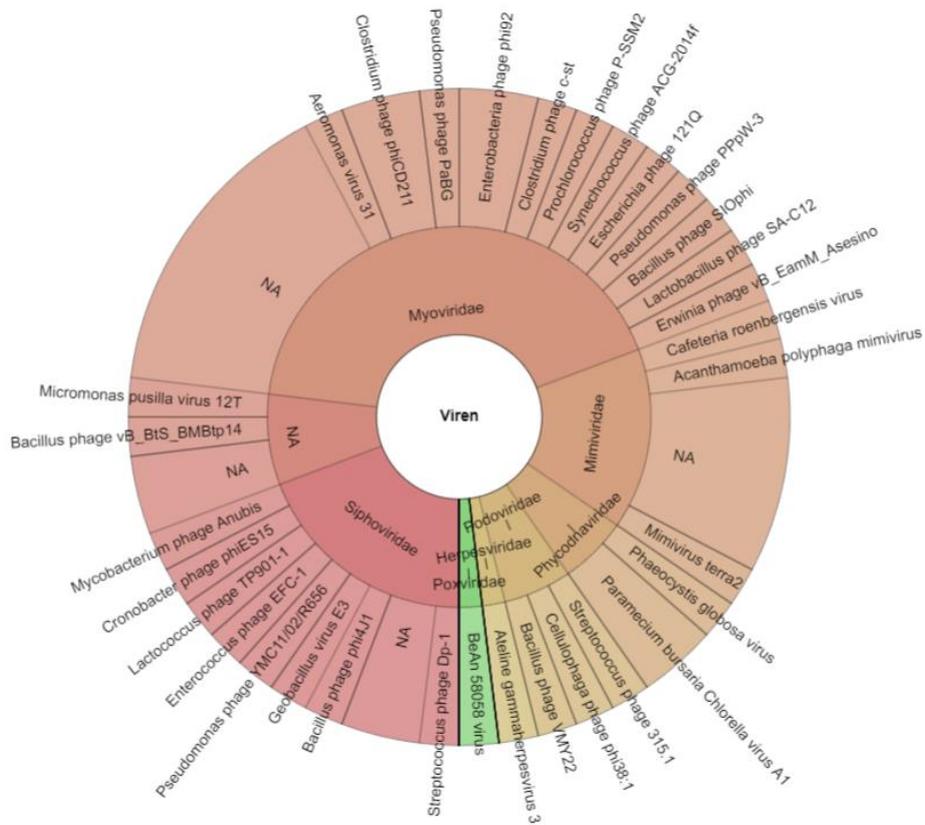
**Anhang 138| Krona-Plot der Probe ZUETRA1.** Die Vielfalt der Familien und der Spezies ist gering, wobei die Hälfte der Reads auf die *Myoviridae* entfallen.



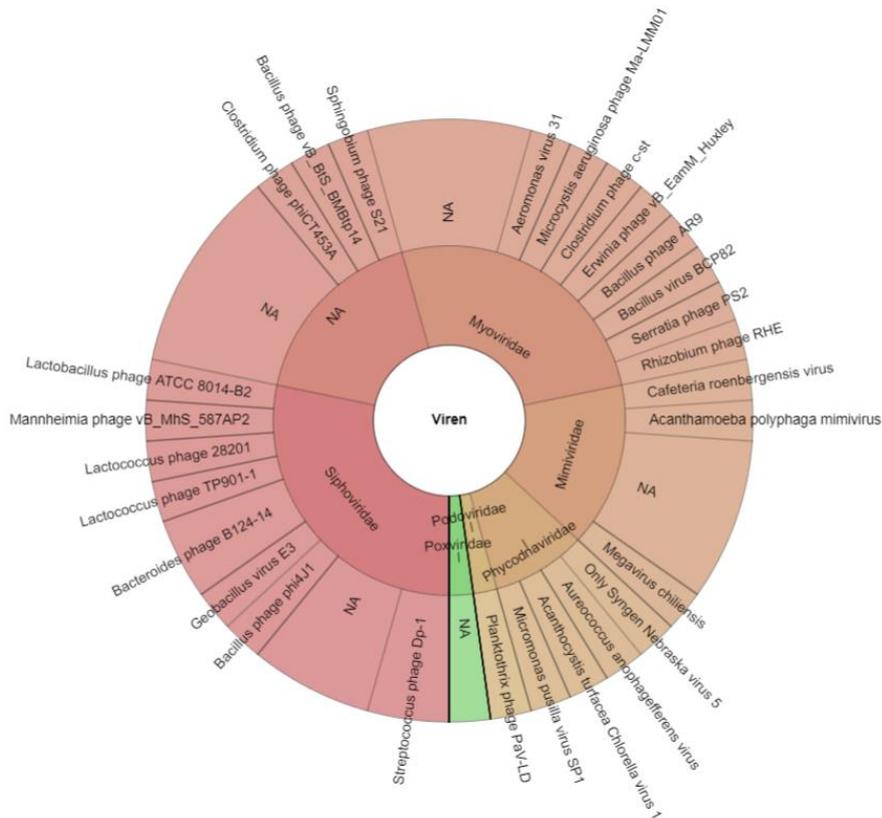
**Anhang 139| Krona-Plot der probe ZUETRA2.** Die Probe zeigt die größte Anzahl an Spezies in der Familie der *Myoviridae* und *Phycodnaviridae*.



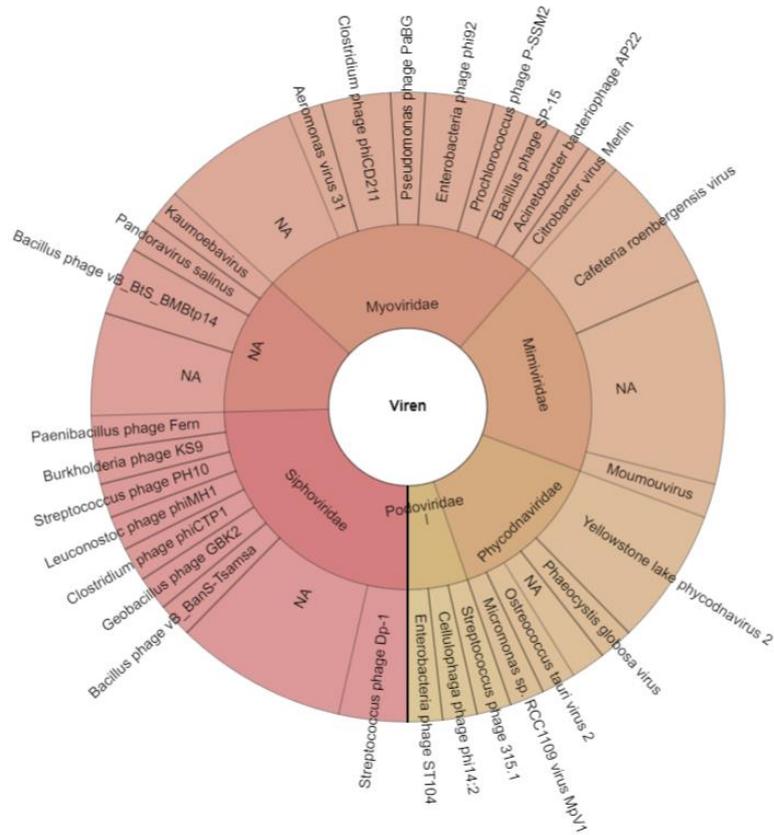
**Anhang 140| Krona-Plot der Probe ZUETRA3.** Die Vielfalt ist sowohl in den Familien als auch den Spezies erkennbar.



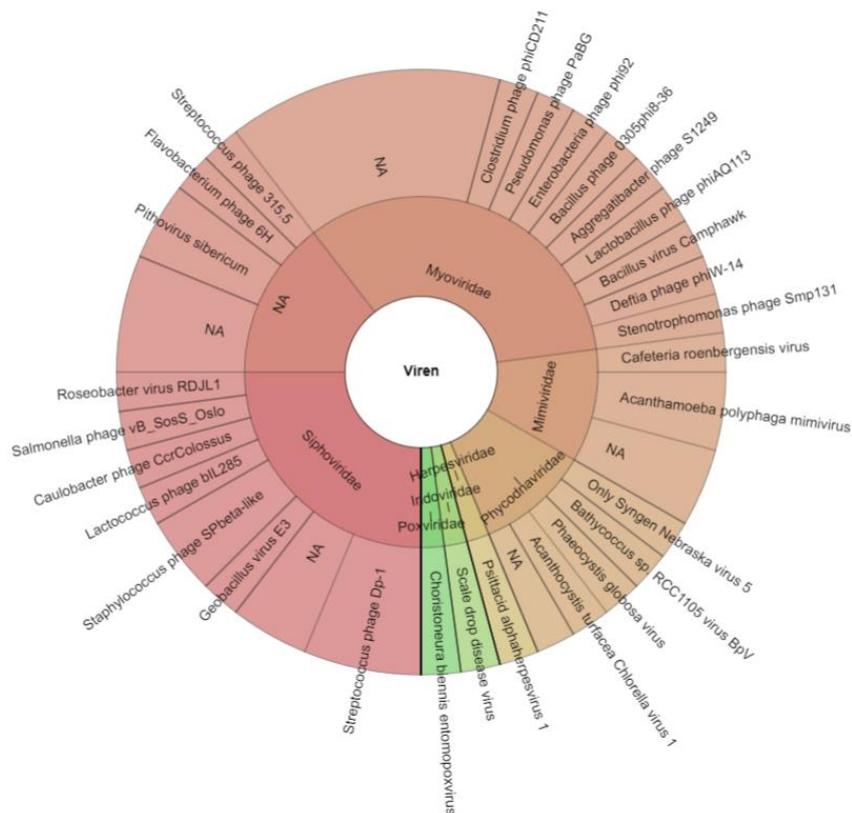
**Anhang 141| Krona-Plot der Probe ZUETRA4.** Die Probe wird von den *Myoviridae* sowohl in der Anzahl der Reads als auch der der Spezies dominiert.



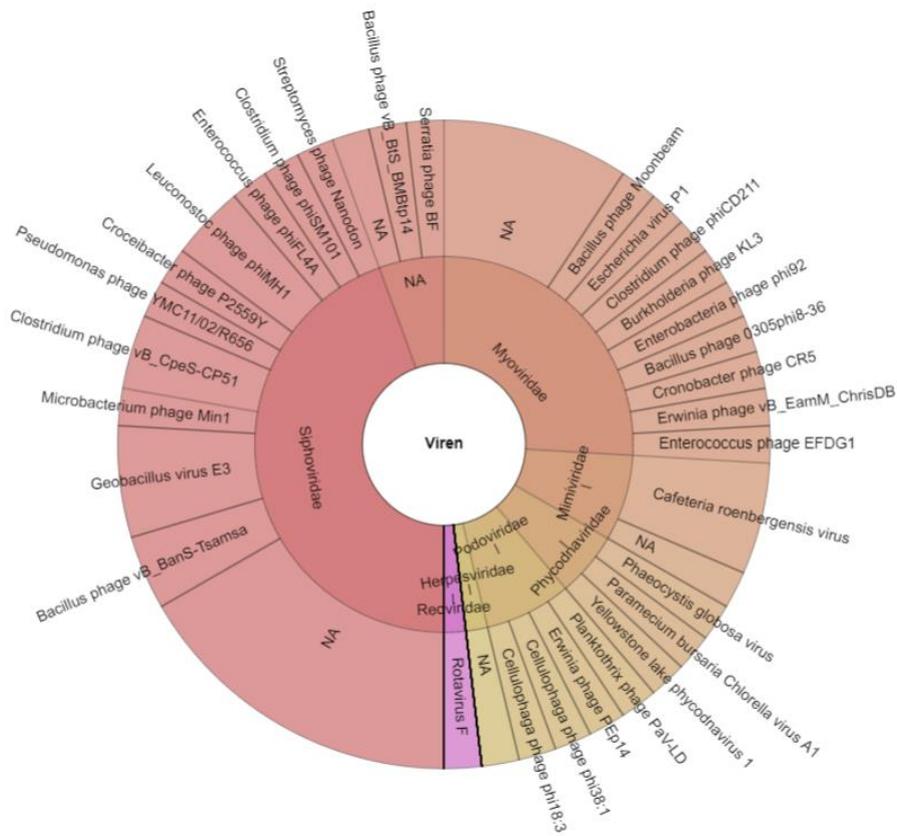
**Anhang 142| Krona-Plot der Probe ZUETRA5.** Die Probe wird von den Familien der *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert, wobei dort auch die meisten Spezies untergeordnet sind.



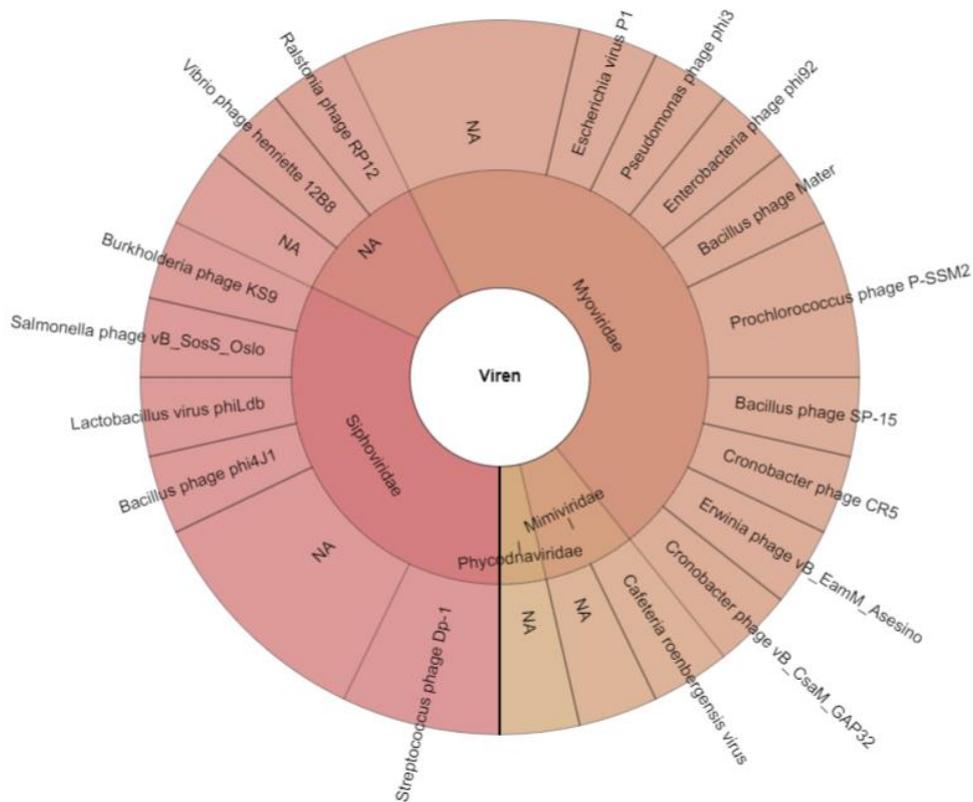
**Anhang 143| Krona-Plot der Probe ZUETRA6.** Obwohl in der Probe nur fünf verschiedene Familien gefunden wurden, ist die Anzahl der Spezies sehr hoch.



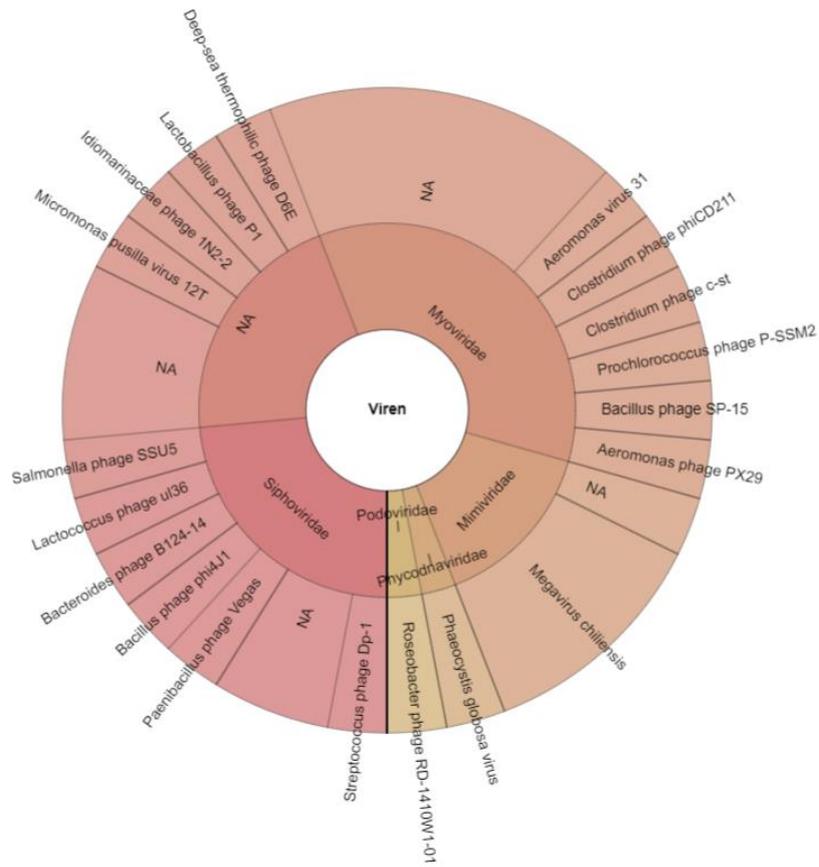
**Anhang 144| Krona-Plot der Probe OSNTRA1.** Sowohl in Bezug auf die Familien als auch die Spezies zeigt die Probe eine große Vielfalt.



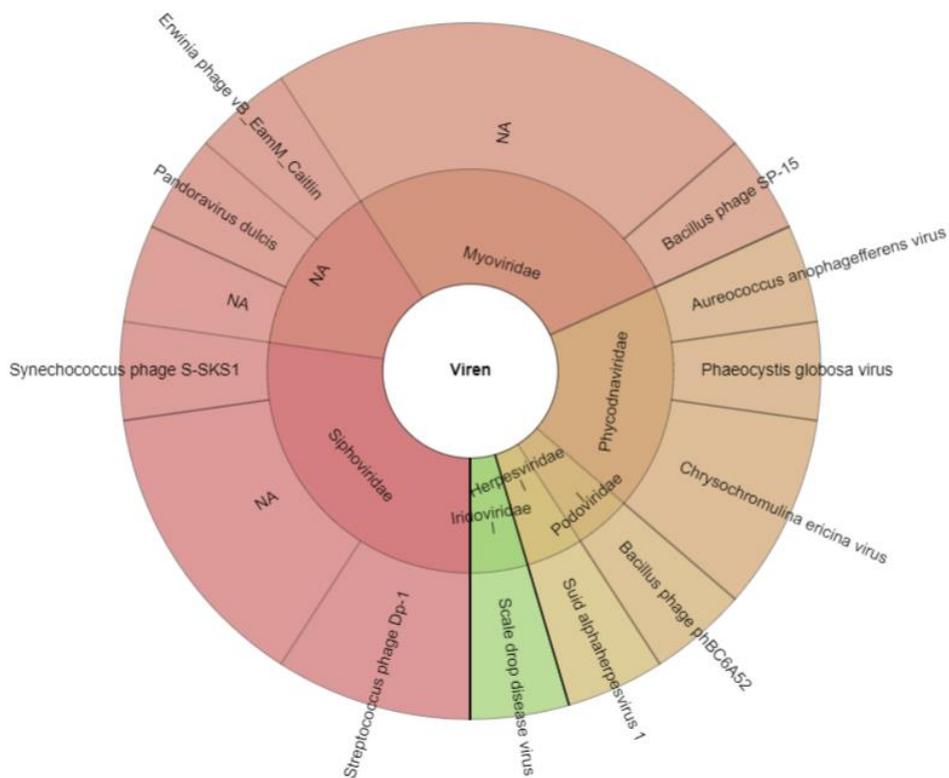
Anhang 145| Krona-Plot der Probe OSNTRA2. Die Probe wird von der Abundanz der *Siphoviridae* dominiert, wobei die *Myoviridae* ebenfalls viele Spezies beitragen.



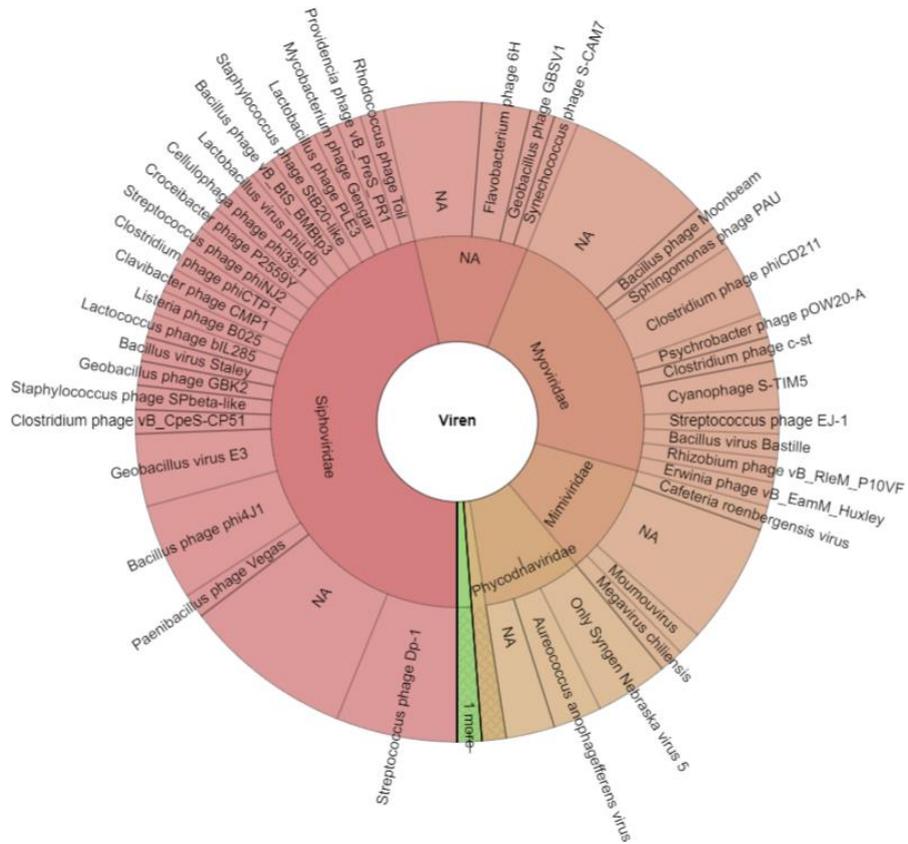
Anhang 146| Krona-Plot der Probe OSNTRA3. Die meisten Spezies und Reads entfallen auf die Familie der *Myoviridae*, wobei die *Siphoviridae* ebenfalls fünf Spezies zur Vielfalt beitragen.



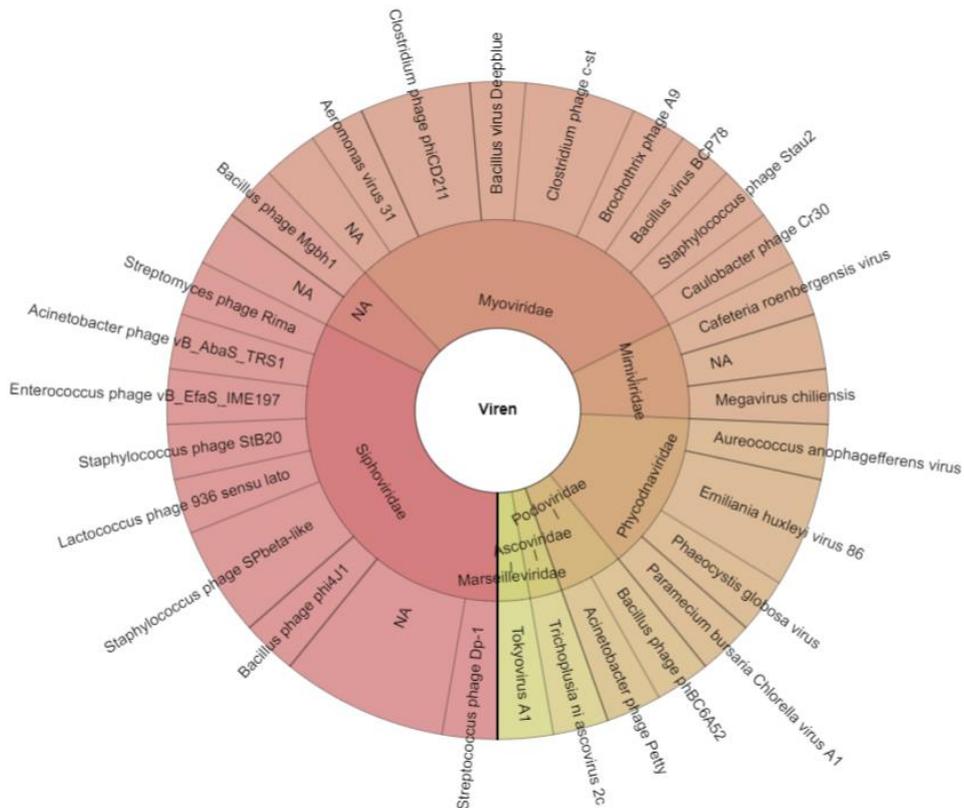
**Anhang 147| Krona-Plot der Probe OSNTRA4.** Der Großteil der Reads wird von den Familien *Myoviridae* und *Siphoviridae* eingenommen, die auch die meisten Spezies beinhalten.



**Anhang 148| Krona-Plot der Probe BERVIK1.** Trotz sechs vorhandener Familien ist die Vielfalt der Spezies nicht erhöht.



Anhang 149| Krona-Plot der Probe BERVIK2. Trotz wenig gefundener Familien (inklusive *Betaflexiviridae*) ist die Vielfalt der Spezies sehr hoch, die vor allem den *Siphoviridae* unterliegen.



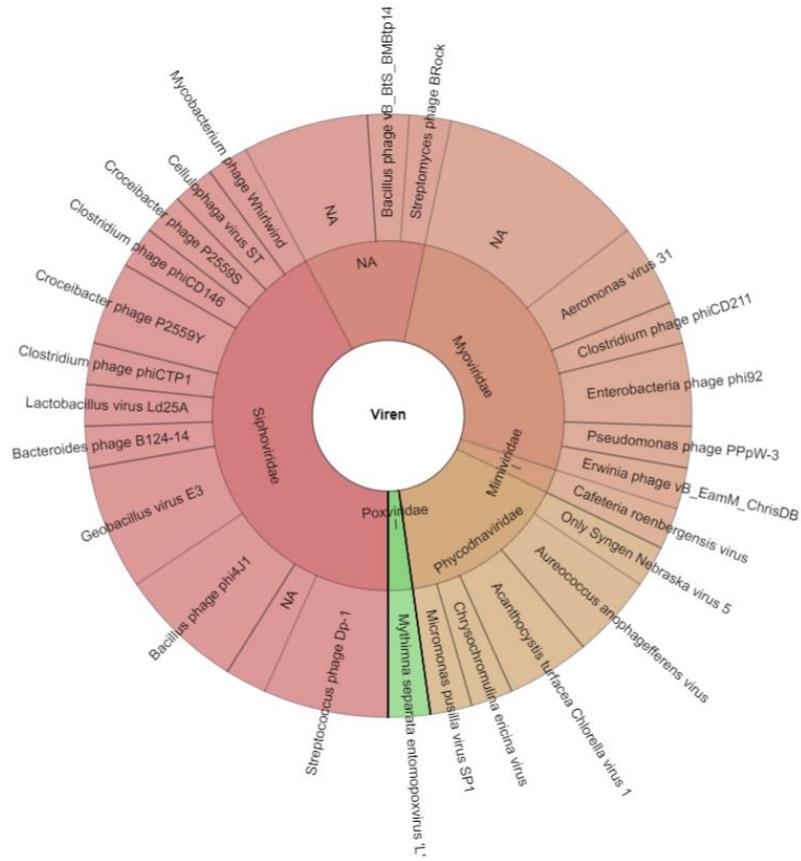
Anhang 150| Krona-Plot der Probe BERVIK3. Unter den sieben vorhandenen Familien ordnen sich viele verschiedene Spezies ein.



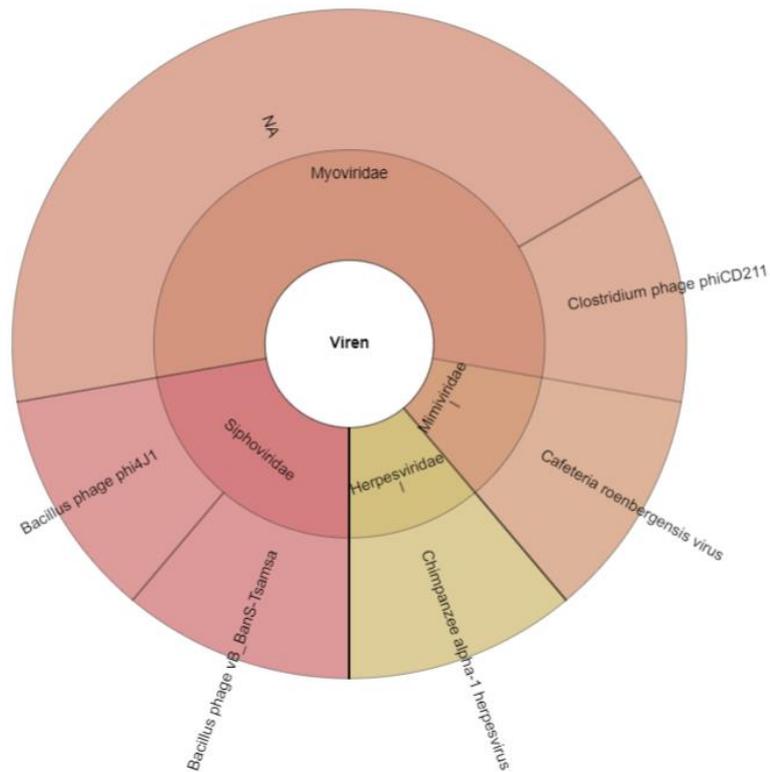
Anhang 151| Krona-Plot der Probe BEZVIK1. Die Vielfalt der Spezies und Familien ist gering.



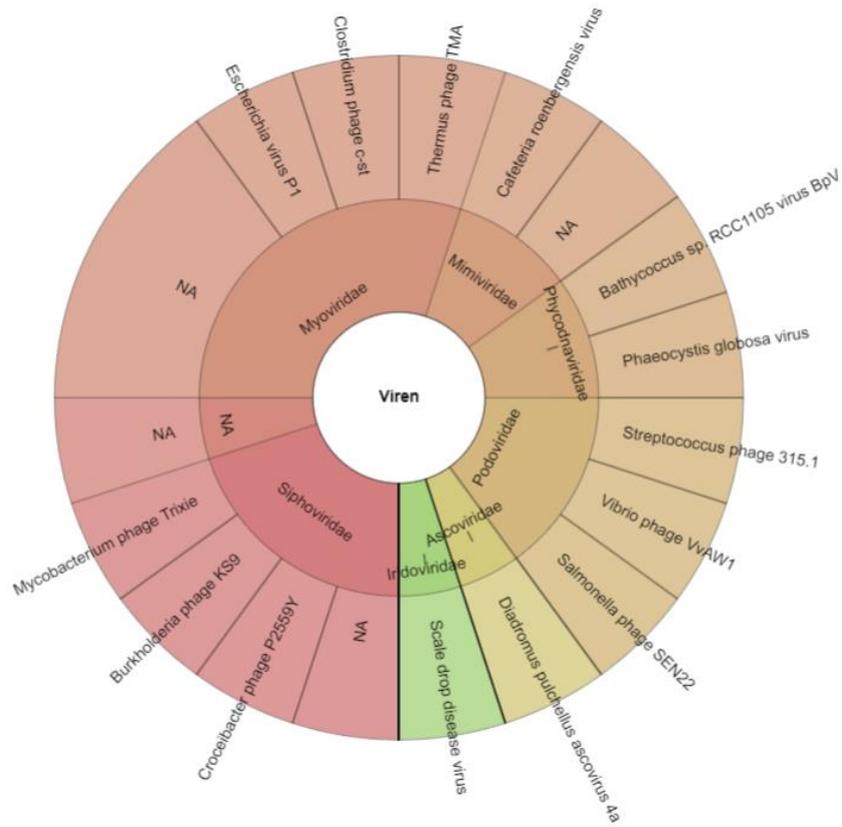
Anhang 152| Krona-Plot der Probe BEZVIK2. Die meisten Reads der Probe entfallen auf die Familien Siphoviridae, Myoviridae und Mimiviridae.



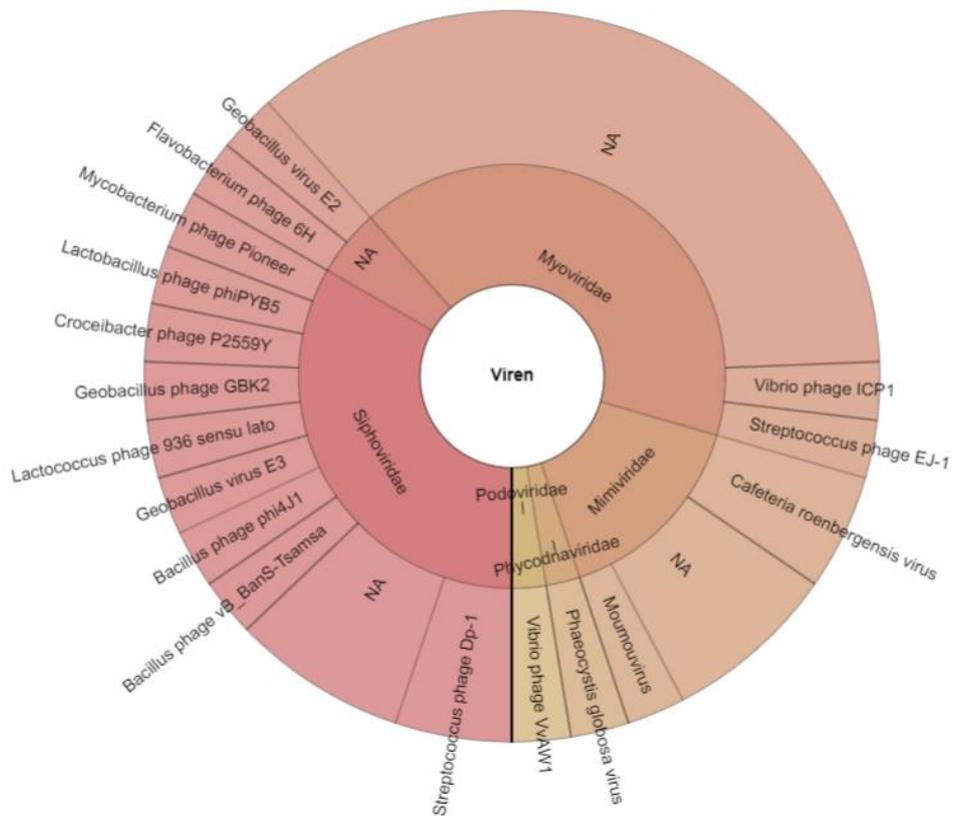
Anhang 153| Krona-Plot der Probe MUEVIK1. Die Vielfalt der Probe ist in den *Siphoviridae* und *Myoviridae* zu erkennen.



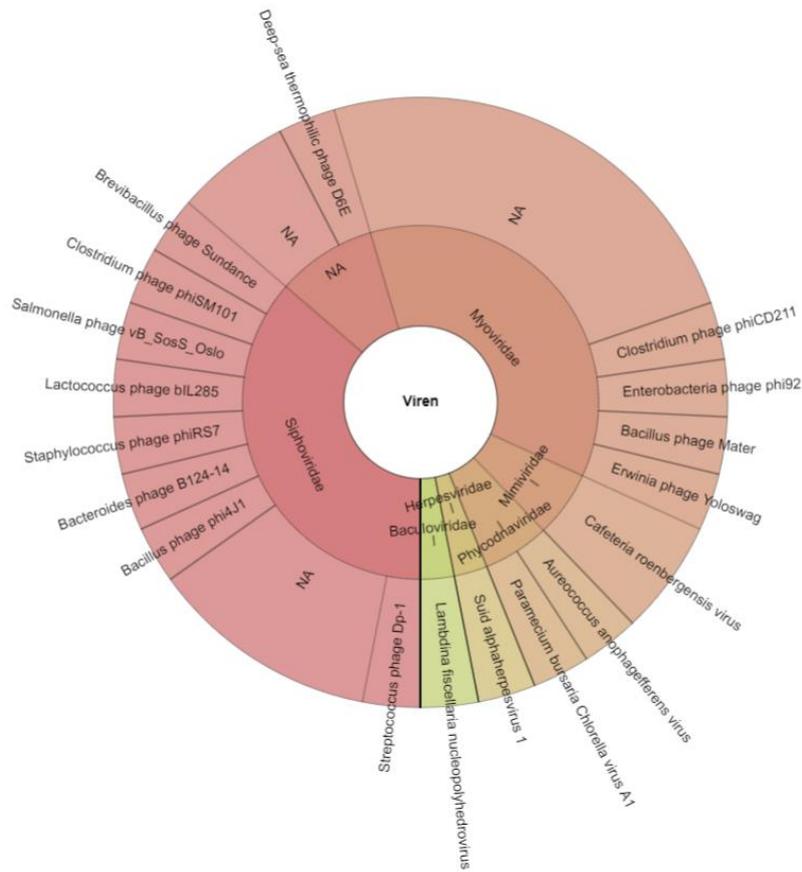
Anhang 154| Krona-Plot der Probe MUEVIK2. Die Probe weist keine Vielfalt in Bezug auf die Spezies und Familien auf.



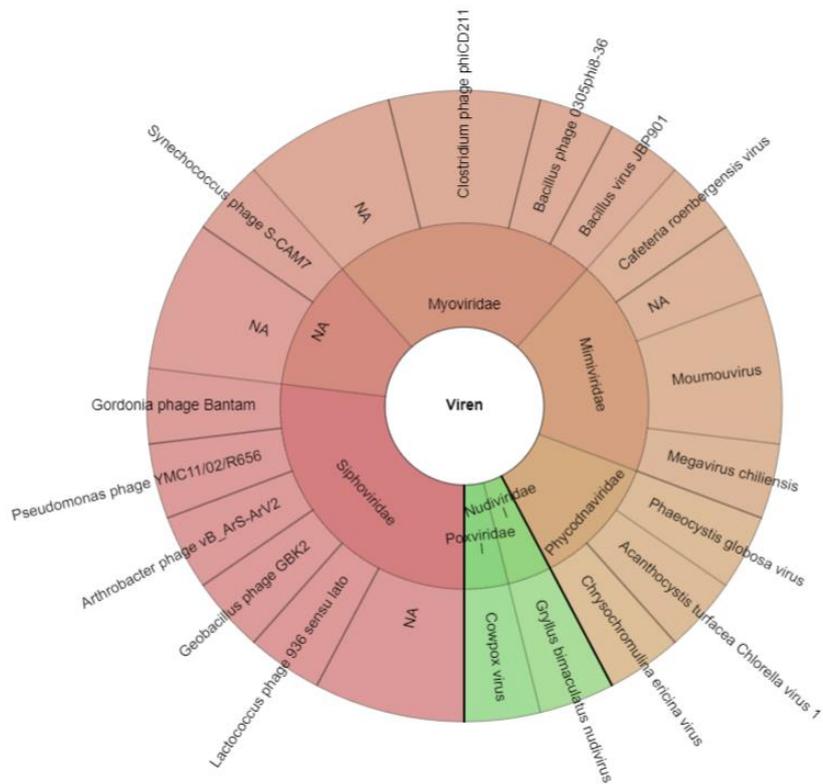
Anhang 155| Krona-Plot der Probe MUEVIK3. Obwohl viele Familien in der Probe vorhanden sind, ist die Anzahl der Spezies gering.



Anhang 156| Krona-Plot der Probe MUEVIK4. Die Probe wird von den Familien *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert.



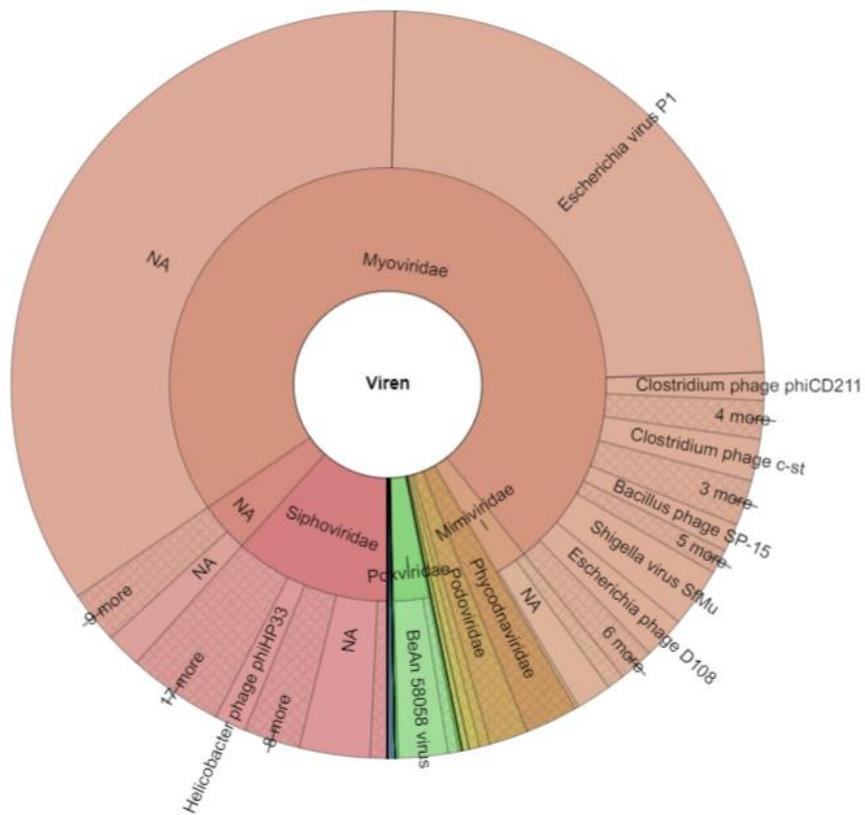
Anhang 157| Krona-Plot der Probe MUEVIK5. Die Probe wird von den Familien *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert.



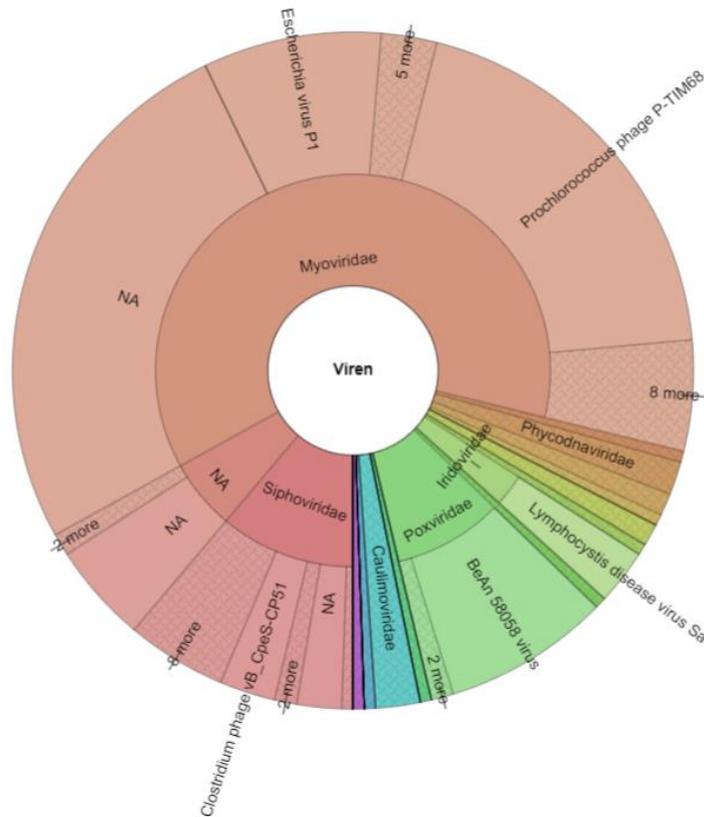
Anhang 158| Krona-Plot der Probe NEUVIK1. Die Spezies in dieser Probe sind auf sechs verschiedene Familien verteilt.



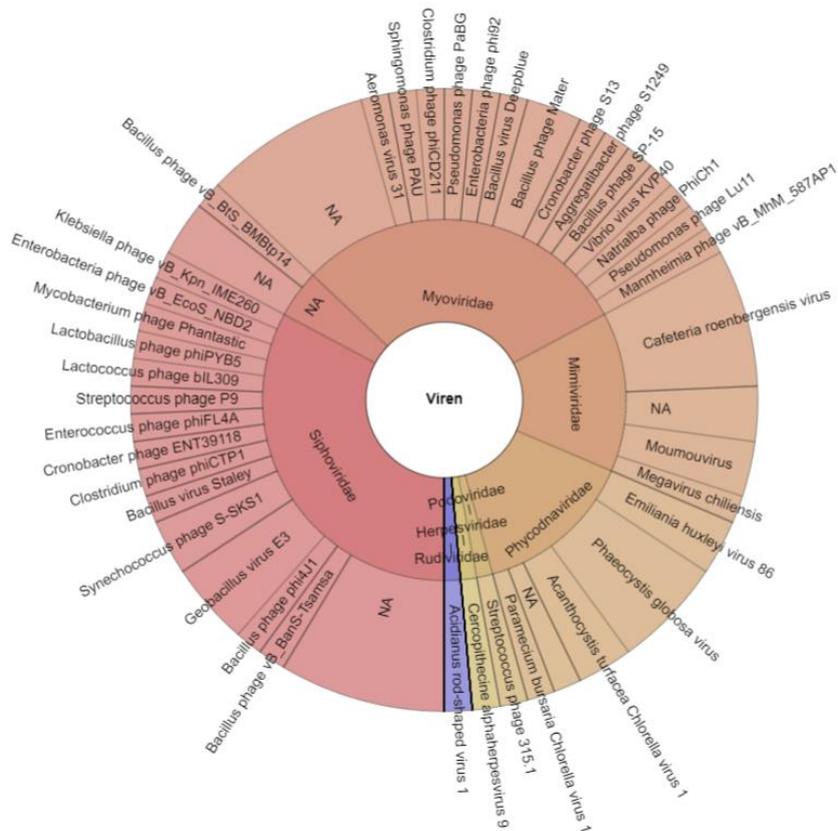
Anhang 159| Krona-Plot der Probe NEUVIK2. Die Probe wird von den *Siphoviridae* und *Myoviridae* dominiert.



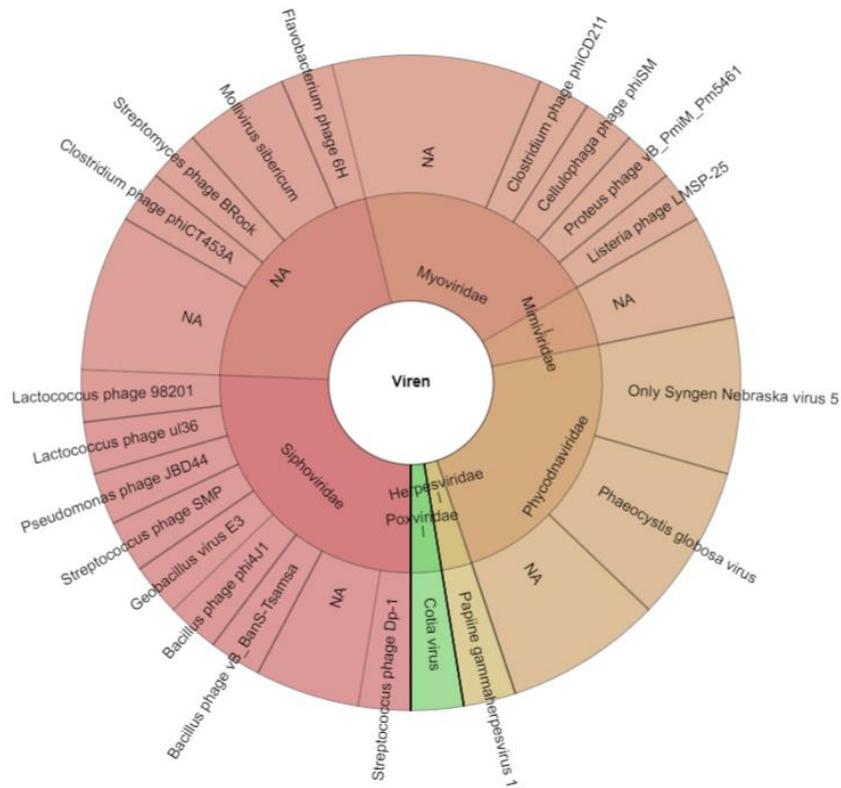
Anhang 160| Krona-Plot der Probe NEUVIKMUS. Obwohl die Probe von den *Myoviridae* dominiert wird, zeigt sich eine große Vielfalt in den Familien und Spezies.



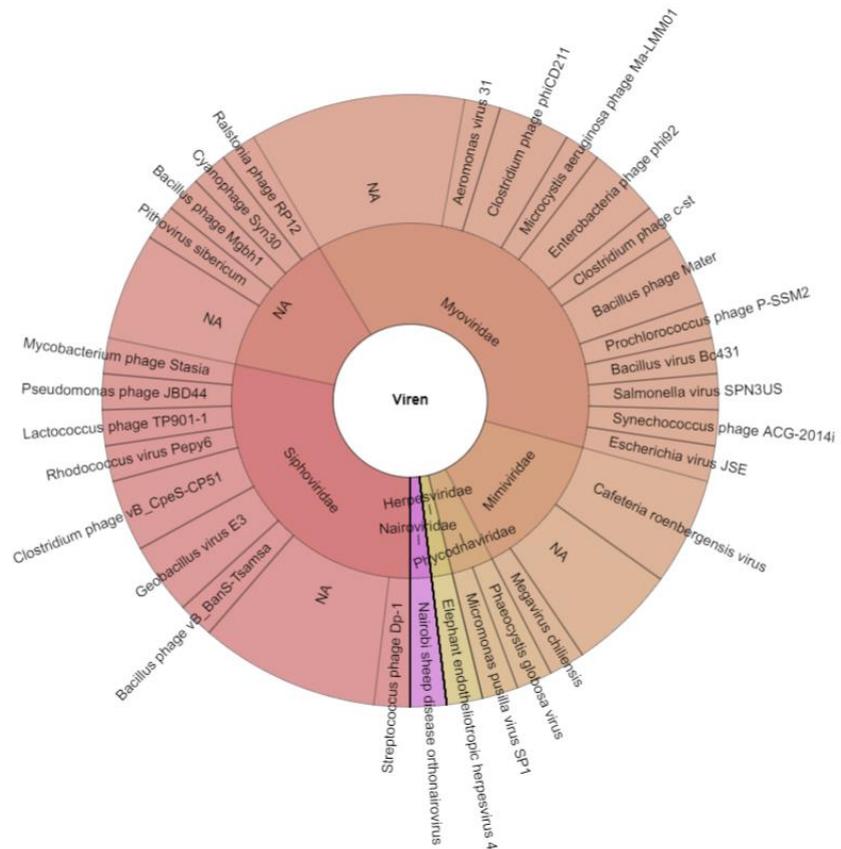
**Anhang 161| Krona-Plot der Probe NEUVIKSTR.** Obwohl die Probe von den *Myoviridae* dominiert wird, zeigt sich eine große Vielfalt in den Familien und Spezies.



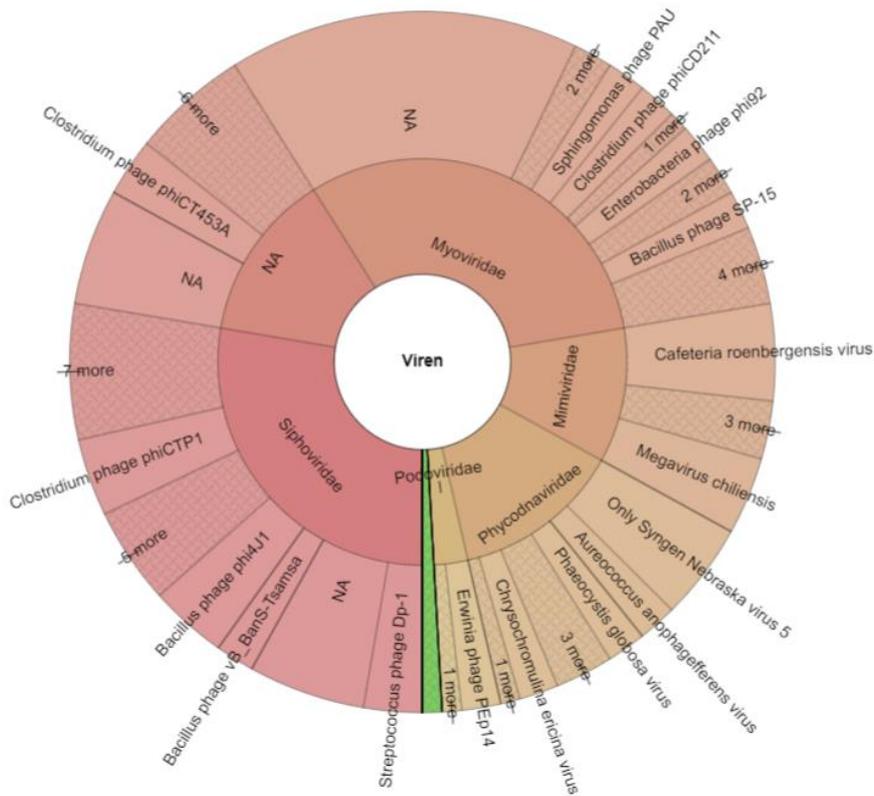
**Anhang 162| Krona-Plot der Probe OSNVIK1.** Die sieben gefundenen Familien vereinen eine große Anzahl an Spezies unter sich, wobei die *Siphoviridae* und *Myoviridae* den größten Anteil stellen.



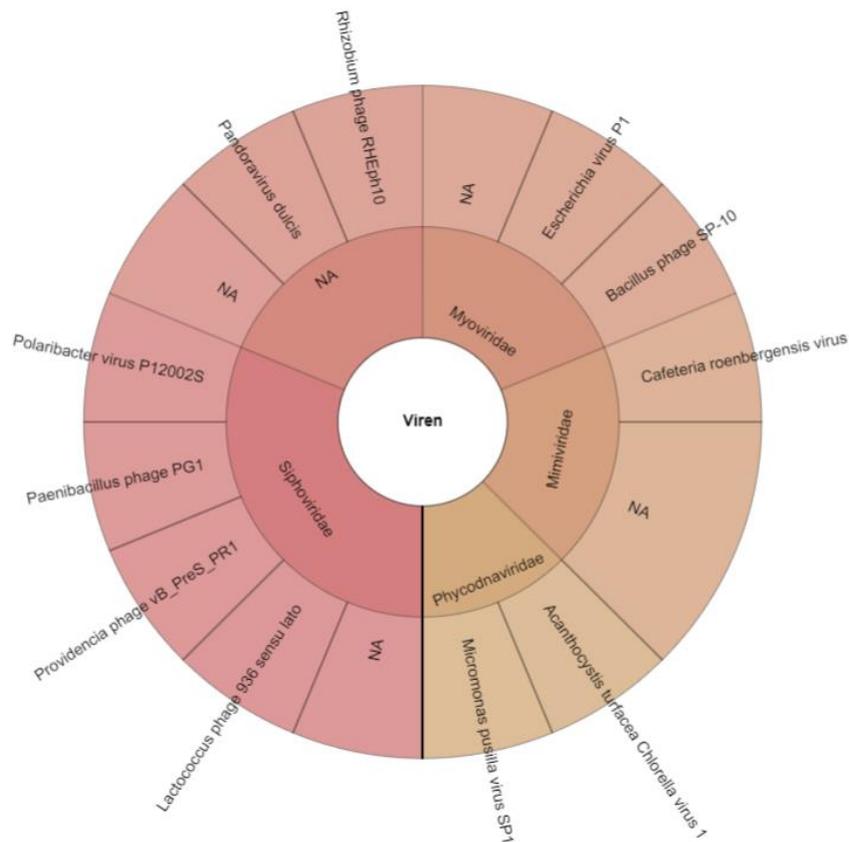
**Anhang 163| Krona-Plot der Probe OSNVIK2.** Die Probe wird in der Read-Zahl sowie der Anzahl der Spezies von den *Myoviridae*, *Phycodnaviridae* und *Siphoviridae* dominiert.



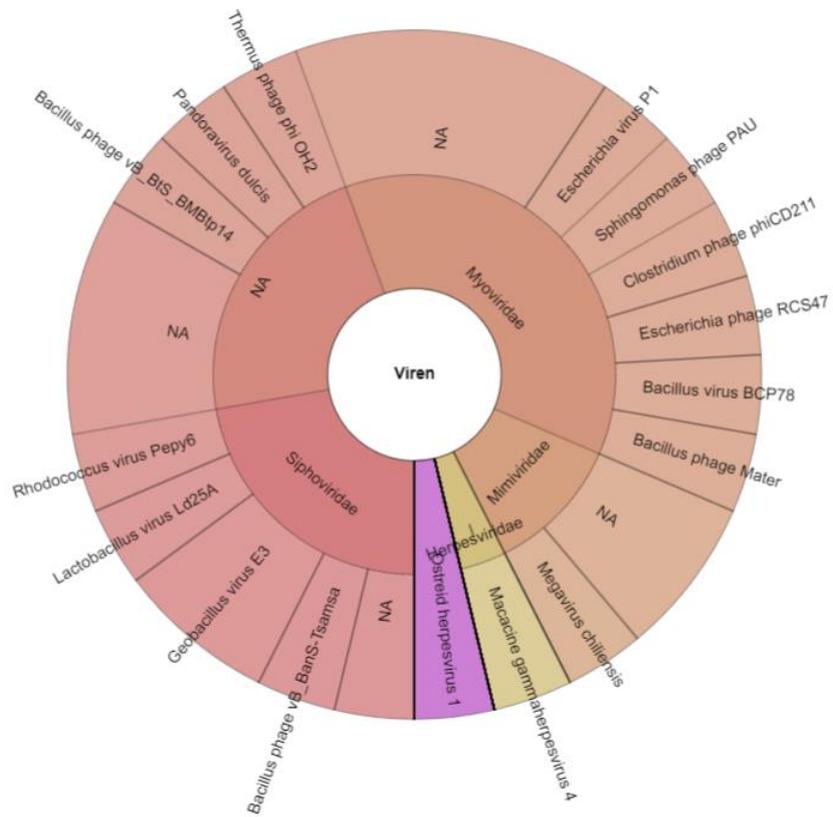
**Anhang 164| Krona-Plot der Probe OSNVIK3.** Die sechs gefundenen Familien vereinen eine große Anzahl an Spezies unter sich, wobei die *Siphoviridae* und *Myoviridae* den größten Anteil stellen.



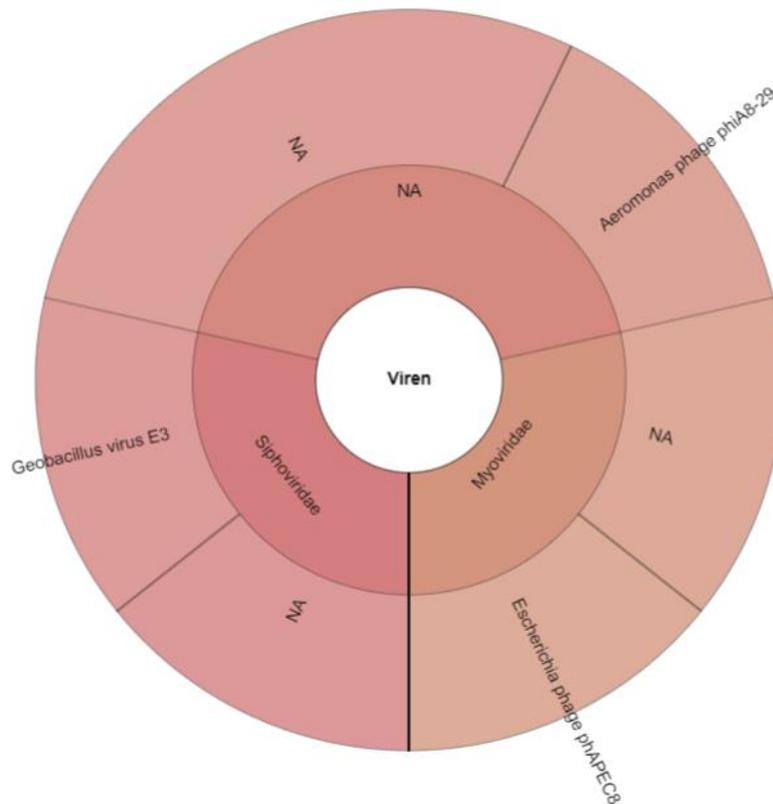
**Anhang 165| Krona-Plot der Probe OSNVIK4.** Die sieben gefundenen Familien vereinen eine große Anzahl an Spezies unter sich, wobei die *Myoviridae* den größten Anteil stellen.



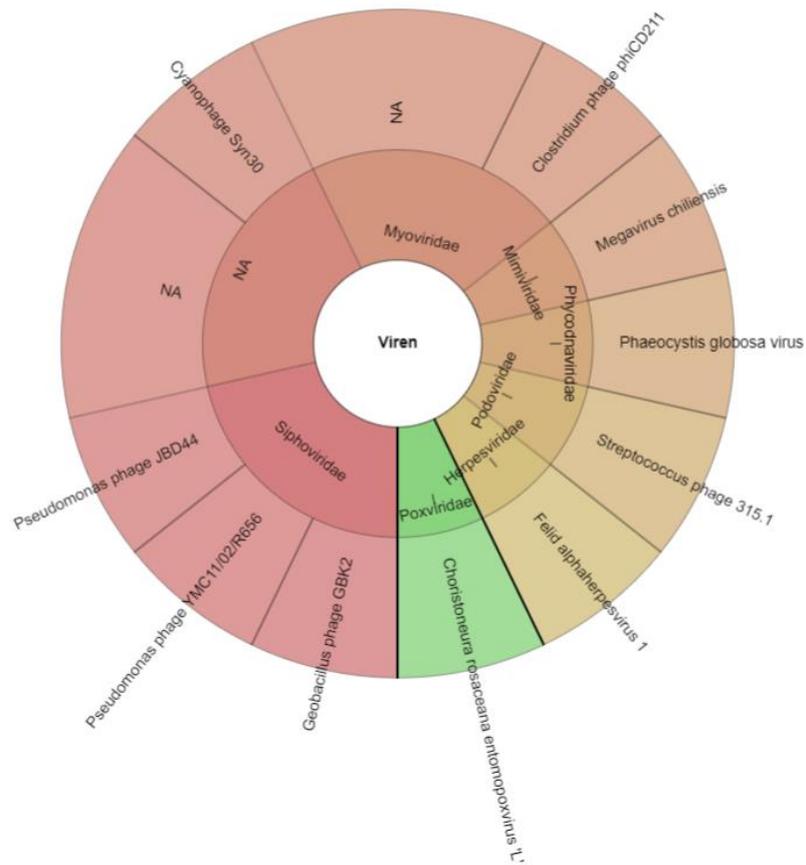
**Anhang 166| Krona-Plot der Probe OSNVIK5.** Die Spezies sind gleichmäßig auf die vier Familien in dieser Probe verteilt, jedoch ist die Vielfalt insgesamt gering.



**Anhang 167| Krona-Plot der Probe OSNVIK6.** Die Probe wird in der Read-Zahl sowie der Anzahl der Spezies von den *Myoviridae* und *Siphoviridae* dominiert.



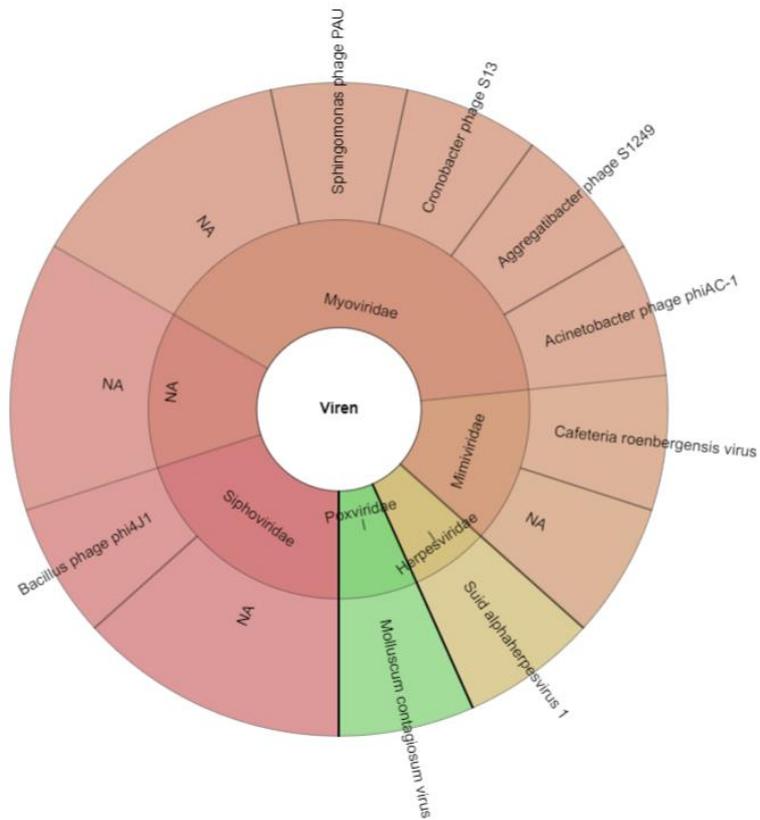
**Anhang 168| Krona-Plot der Probe SCHVIK1.** Die Vielfalt ist in dieser Probe nicht gegeben.



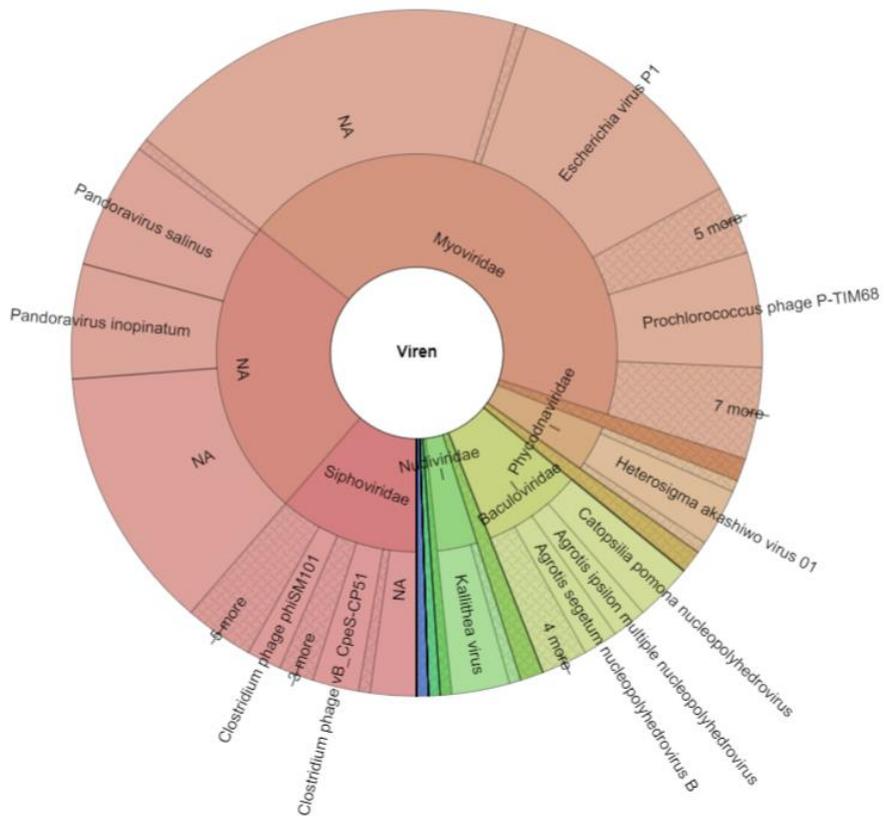
**Anhang 169| Krona-Plot der Probe SCHVIK2.** Die Spezies sind gleichmäßig auf die sieben Familien in dieser Probe verteilt.



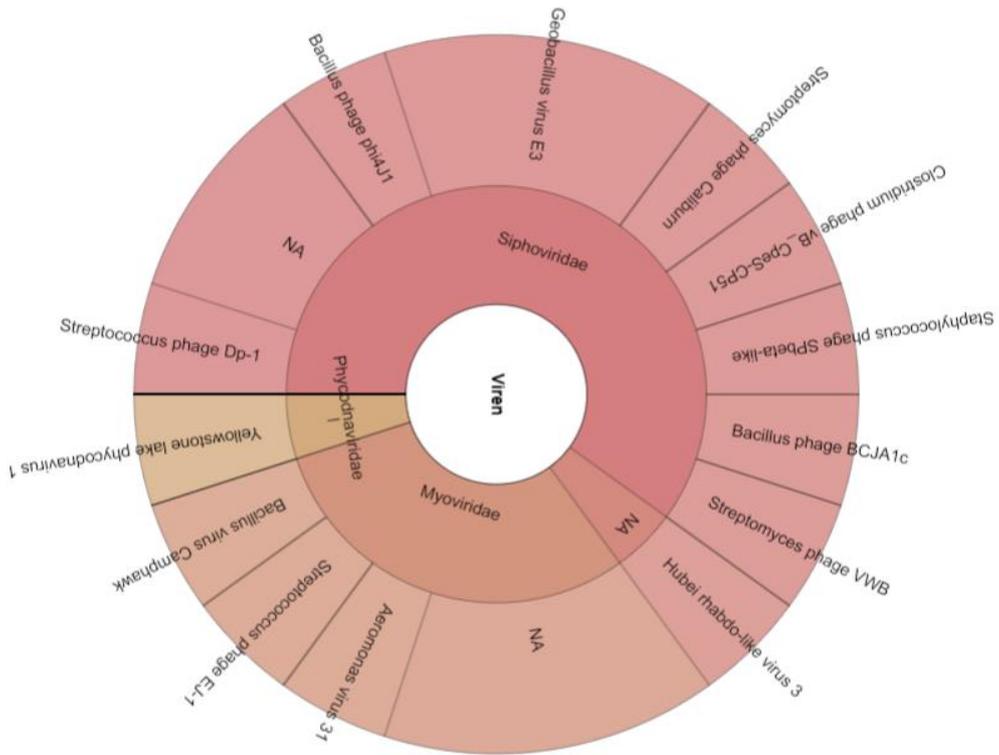
**Anhang 170| Krona-Plot der Probe SCHVIK3.** Die Spezies sind gleichmäßig auf die sechs Familien in dieser Probe verteilt.



Anhang 171| Krona-Plot der Probe SCHVIK4. Die meisten Spezies entfallen auf die *Myoviridae*, jedoch ist die Vielfalt der Familien und Spezies eingeschränkt.



Anhang 172| Krona-Plot der Probe SCHVIKHEU. Obwohl fast die Hälfte der Viren der Familie der Myoviridae zuzuordnen sind, zeigt die Probe eine sehr große Vielfalt.



**Anhang 173| Krona-Plot der Probe ZUEVIK1.** Die Probe wird von den *Siphoviridae* sowohl in der Anzahl der Spezies als auch der Reads dominiert.



**Anhang 174| Krona-Plot der Probe ZUEVIK2.** Die Anzahl der Spezies ist gleichmäßig auf die vier vorhandenen Familien verteilt.



**Anhang 175| Krona-Plot der Probe ZUEVIK3.** Die Probe wird von den *Siphoviridae* dominiert, wobei die *Myoviridae* die gleiche Anzahl an Spezies aufweisen.



**Anhang 176| Krona-Plot der Probe ZUEVIK4.** Die Vielfalt in den Familien in dieser Probe ist nicht vorhanden, wobei auch die Anzahl der Spezies gering ist.

## Daten zu den Häufigkeiten der Mikrobiome

**Tabelle 7| Anzahl der Bakterienfamilien sowie die errechneten Indizes.** Es werden von allen behandelten Proben die Richness, der errechnete Shannon-Index sowie die ENS aufgeführt.

ID	Reads	Richness	ShannonIndex	ENS
AUGALP01	12806	18	2,43404799	11,4049559
AUGALP02	5648	10	2,06983744	7,92353498
AUGALP03	18054	24	2,51591507	12,3779303
AUGALP04	7810	15	2,39584548	10,9774754
AUGALP05	18315	16	2,41139886	11,1495469
AUGALP06	13574	22	2,67252018	14,4764064
AUGALP07	8846	13	2,19580739	8,98725438
AUGALP08	11451	16	2,33128911	10,2911995
AUGALP09	8368	16	2,36437657	10,6374051
AUGALP10	46903	30	2,67187805	14,4671137
AUGALPBOD	47678	57	3,64782932	38,3912405
AUGALPMUS	11046	18	2,34763961	10,4608489
BERALP1	14857	13	1,94574753	6,99886176
BERALP2	6151	8	2,00519791	7,42756376
BERALP3	25660	22	2,40122479	11,0366857
BERDRO1	56590	30	2,74398473	15,5488197
BERDRO2	50505	32	2,86936462	17,6258156
BERDRO3	38361	17	2,48867999	12,0453656
BERDRO4	36793	20	2,61879812	13,7192248
BERGUA1	25907	11	2,16074354	8,67758742
BERGUA2	25687	37	2,39771908	10,998062
BERGUA3	7924	6	1,7009121	5,47894245
BERLAM1	20504	10	2,10041291	8,16954251
BERLAM2	31382	23	2,47089332	11,8330128
BERLAM3	11254	17	2,42842375	11,3409918
BERTRA1	54019	57	3,08110192	21,7823916
BERTRA2	44386	56	3,08130046	21,7867168
BERTRA3	77132	56	3,04771679	21,0671887
BERTRA4	99929	66	3,1476069	23,2802858
BERVIK1	15397	11	2,16579481	8,72153109
BERVIK2	38231	37	2,86631605	17,5721638
BERVIK3	6707	19	2,68852785	14,7100047
BEZALP1	37364	35	2,77638543	16,0608629
BEZALP2	32829	28	2,72314325	15,2281129
BEZALP3	19717	28	2,64454729	14,0770708
BEZALP4	49911	39	2,76240319	15,8378587
BEZALP5	46257	39	2,81385705	16,6741071
BEZALP6	38845	34	2,8634159	17,5212757
BEZALP7	48572	34	2,7140253	15,0898948
BEZALP8	40156	32	2,71304775	15,0751508
BEZVIK1	12648	13	2,21792225	9,18822017
BEZVIK2	21189	15	2,26199158	9,60219366
HEITRA1	30304	28	2,7417658	15,5143562
HEITRA2	14079	20	2,62274608	13,7734948
HEITRA3	28170	24	2,6499161	14,1528512
HEITRA4	21446	21	2,58424203	13,2532398

KOPLAM1	13713	28	2,83018267	16,9485566
KOPLAM2	5332	20	2,72798881	15,3020807
KOPTRA1	59660	30	2,66523929	14,371388
KOPTRA2	8708	9	1,86841612	6,47802787
KREALP1	48664	32	2,72147863	15,2027849
KREALP2	55274	32	2,70965974	15,0241626
KREALP3	41587	32	2,72121789	15,1988215
KREALP4	58948	51	2,91358812	18,4227833
KREALP5	48398	47	2,92027339	18,5463571
KREALP6	92821	52	2,94288817	18,9705574
KREALP7	53814	40	2,85242403	17,3297388
KREGUA01	11419	11	2,14406574	8,53406449
KREGUA03	7071	8	1,82511161	6,20348736
KREGUA04	15920	14	2,18383779	8,88032178
KREGUA05	21297	19	2,44661341	11,5491681
KREGUA07	26330	16	2,23567524	9,35279509
KREGUA08	20238	20	2,46106778	11,7173164
KREGUA09	12670	19	2,46021694	11,7073511
KREGUA10	22351	25	2,74525298	15,568552
KRETRA1	37923	37	2,93848192	18,8871524
KRETRA2	26136	25	2,66107012	14,311596
KRETRA3	37670	39	2,85116085	17,3078619
KRETRA4	36357	28	2,72902212	15,3179006
KRETRA5	38529	43	2,9804947	19,6975586
KRETRA6	26824	36	2,92008123	18,5427936
KRETRA8	14155	10	1,99762393	7,37152004
KRETRA9	19612	14	2,30522578	10,0264417
LANDRO	43509	35	2,83227157	16,9839973
LANDROBOD	22953	54	3,41129936	30,3045954
LANDROHEU	14470	32	2,63891978	13,9980744
LANDROMUS	39218	35	1,9688286	7,16228164
LANDROPEL1	8121	22	2,17780284	8,82689082
LANDROPEL2	10755	22	2,10153124	8,17868387
LANDROSTR	24034	52	3,33230229	28,0027379
MUETRA1	13733	16	2,43989217	11,4718037
MUETRA2	24976	26	2,68932755	14,721773
MUETRA3	24297	19	2,4776563	11,9133105
MUEVIK1	17954	23	2,57825832	13,174173
MUEVIK2	11849	9	2,00019723	7,3905136
MUEVIK3	10881	11	2,08170799	8,01815212
MUEVIK4	22989	18	2,33000764	10,27802
MUEVIK5	24283	24	2,51929271	12,4198092
NEKALP1	111234	37	2,91339566	18,4192379
NEKALP2	6900	17	2,45029798	11,5918003
NEKALP3	45339	23	2,63096553	13,887172
NEKALP4	48874	29	2,69204686	14,7618605
NEKALP5	27585	27	2,6544695	14,2174417
NEKALPBOD	36638	69	3,29945281	27,0978072
NEKALPHEU	24029	39	2,21864267	9,19484198
NEKALPPEL	7864	34	2,93434667	18,8092105
NEKLAM1	44451	17	2,41681376	11,2100843
NEKLAM2	15177	14	2,32554477	10,2322528

NEKLAM3	16542	23	2,72031084	15,1850416
NEKLAM5	46144	20	2,54893589	12,7934829
NEKLAMHEU	12368	39	2,63812202	13,9869118
NEKLAMPEL	10359	19	2,47286888	11,8564127
NEKTRA1	78659	31	2,85933408	17,4499028
NEKTRA2	72951	29	2,74035656	15,4925081
NEKTRA3	36938	26	2,72706495	15,2879503
NEKTRA4	9677	14	2,32078092	10,1836238
NEKTRA5	47524	15	2,37078383	10,7057805
NEKTRABOD	60054	74	3,67551014	39,4687862
NEKTRAHEU	9808	31	3,14122105	23,1320951
NEKTRAPEL	7212	25	2,10998138	8,24808774
NEUVIK1	28624	16	2,366866803	10,6639277
NEUVIK2	11791	10	2,13408126	8,44928025
NEUVIKMUS	39571	37	2,061973297	7,86146752
NEUVIKSTR	56811	49	3,120687923	22,661964
NURALP1	21821	39	2,87965169	17,8080694
NURALP2	22181	36	2,76207772	15,8327048
NURALP3	59580	86	3,47620785	32,336863
NURALP4	30900	36	2,76626466	15,8991343
NURALP5	54392	46	2,90136794	18,1990236
NURDRO1	44975	24	2,48325054	11,9801432
NURDRO2	33829	22	2,51616805	12,381062
NURDRO3	64474	31	2,57864394	13,1792542
NURDRO4	16316	15	2,26129355	9,59549341
NURDROBOD	32873	37	2,30742134	10,0484796
NURTRA1	25627	30	2,78436867	16,1895936
NURTRA2	54533	97	3,45932529	31,7955164
NURTRA3	28930	37	2,83932193	17,1041638
NURTRA4	39500	49	2,97632636	19,6156233
NURTRA5	49658	54	3,05181917	21,1537919
OPZDRO1	11392	15	2,49611138	12,1352129
OPZDRO2	56504	23	2,75306791	15,6906957
OPZDRO3	27944	23	2,76235754	15,8371356
OPZDRO4	79822	23	2,57917216	13,1862176
OPZGUA1	42054	32	2,67306245	14,4842586
OPZGUA2	62967	38	2,77111788	15,9764839
OPZGUA3	15533	14	2,25649289	9,54953913
OPZGUA4	35333	14	2,37199881	10,7187957
OSNTRA1	26497	30	2,80180157	16,4742997
OSNTRA2	25235	32	2,90593546	18,2823381
OSNTRA3	11952	18	2,50455853	12,238155
OSNTRA4	15836	21	2,78494042	16,1988527
OSNVIK1	36800	36	2,74450795	15,5569573
OSNVIK2	21055	19	2,27475954	9,72558012
OSNVIK3	17679	21	2,56830891	13,0437476
OSNVIK4	59792	33	2,5296074	12,5485786
OSNVIK5	9122	13	2,28865849	9,86169927
OSNVIK6	19572	17	2,40254981	11,0513193
SCHALP2	25446	23	2,47423744	11,8726501
SCHAVGRU	13165	28	2,00969078	7,46100992
SCHAVPEL	66133	42	1,98603303	7,28657072

SCHVIK1	7750	8	1,91111445	6,76061897
SCHVIK2	18474	13	2,12862191	8,40327837
SCHVIK3	23790	15	2,30352457	10,0093992
SCHVIK4	19799	16	2,41904338	11,2351064
SCHVIKHEU	21459	48	3,07262453	21,5985143
ZUEALP1	8771	26	2,68753237	14,6953684
ZUEALP2	8301	18	2,42236392	11,2724751
ZUEALP3	15737	26	2,66499503	14,3678782
ZUEALP4	15706	26	2,69018158	14,7343512
ZUEALP5	31739	29	2,8126007	16,6531719
ZUEGUA1	42107	57	3,09911033	22,1782111
ZUEGUA2	21497	43	2,96430818	19,3812903
ZUEGUA3	21242	24	2,63064585	13,8827332
ZUEGUA4	30933	29	2,7214867	15,2029076
ZUEGUA5	49885	34	2,78220292	16,154569
ZUELAM1	11306	9	1,88975181	6,61772605
ZUELAM2	19430	15	2,34916185	10,4767849
ZUELAM3	34046	19	2,48439892	11,9939088
ZUELAM4	25849	18	2,4311115	11,3715145
ZUELAM5	21434	33	2,7519619	15,6733512
ZUETRA1	9023	16	2,46387597	11,7502671
ZUETRA2	17908	19	2,59668959	13,4192412
ZUETRA3	12509	21	2,60994391	13,5982882
ZUETRA4	47508	29	2,70115185	14,8968808
ZUETRA5	23276	26	2,69132326	14,7511827
ZUETRA6	26301	31	2,78929629	16,2695668
ZUEVIK1	15592	19	2,53530847	12,6203232
ZUEVIK2	7920	6	1,63951568	5,15267335
ZUEVIK3	5404	10	2,02138811	7,54879624
ZUEVIK4	7825	6	1,58196891	4,8645242

**Tabelle 8| Anzahl der Pilzfamilien sowie die errechneten Indizes.** Es werden von allen behandelten Proben die Richness, der errechnete Shannon-Index sowie die ENS aufgeführt.

<b>ID</b>	<b>Reads</b>	<b>Richness</b>	<b>ShannonIndex</b>	<b>ENS</b>
AUGALP01	12806	6	1,78204716	5,94200819
AUGALP02	5648	2	0,69314718	2
AUGALP03	18054	9	2,13388866	8,44765304
AUGALP04	7810	7	1,88945146	6,61573866
AUGALP05	18315	2	0,69314718	2
AUGALP06	13574	3	1,06094424	2,88909771
AUGALP07	8846	6	1,76231371	5,82590126
AUGALP08	11451	7	1,90787908	6,73878122
AUGALP09	8368	2	0,67919327	1,97228598
AUGALP10	46903	26	3,16270291	23,6343914
AUGALPBOD	47678	32	3,37850136	29,3267879
AUGALPMUS	11046	9	1,91969838	6,81890142
BERALP1	14857	10	2,2715832	9,69473734
BERALP2	6151	0	0	1
BERALP3	25660	10	2,2952031	9,92645183
BERDRO1	56590	12	2,40101454	11,0343655
BERDRO2	50505	17	2,72794752	15,3014489
BERDRO3	38361	9	2,10883407	8,23863005

BERDRO4	36793	13	2,49920325	12,1727914
BERGUA1	25907	0	0	1
BERGUA2	25687	16	1,99201951	7,3303225
BERGUA3	7924	1	0	1
BERLAM1	20504	3	1,07339428	2,92529193
BERLAM2	31382	16	2,71056891	15,0378283
BERLAM3	11254	9	2,08389604	8,03571546
BERTRA1	54019	46	3,53799889	34,398016
BERTRA2	44386	46	3,55331715	34,9289901
BERTRA3	77132	46	3,61883876	37,2942351
BERTRA4	99929	54	3,75199697	42,6060804
BERVIK1	15397	2	0,58595262	1,79670174
BERVIK2	38231	22	2,98940809	19,8739154
BERVIK3	6707	7	1,91042811	6,75598051
BEZALP1	37364	18	2,73882468	15,4687936
BEZALP2	32829	15	2,64880726	14,1371666
BEZALP3	19717	16	2,7088121	15,0114328
BEZALP4	49911	37	3,51714892	33,6882434
BEZALP5	46257	32	3,29531186	26,9858286
BEZALP6	38845	21	2,94422171	18,9958723
BEZALP7	48572	30	3,22140643	25,0633452
BEZALP8	40156	19	2,87791529	17,7771744
BEZVIK1	12648	1	0	1
BEZVIK2	21189	3	1,09861229	3
HEITRA1	30304	10	2,16416344	8,7073147
HEITRA2	14079	9	2,12504859	8,37330431
HEITRA3	28170	14	2,601804	13,4880485
HEITRA4	21446	7	1,8312207	6,24150098
KOPLAM1	13713	18	2,78781569	16,2454959
KOPLAM2	5332	8	2,0511545	7,77687432
KOPTRA1	59660	17	2,73832747	15,4611043
KOPTRA2	8708	0	0	1
KREALP1	48664	18	2,78072617	16,1307304
KREALP2	55274	19	2,79379957	16,3429984
KREALP3	41587	12	2,38927376	10,905571
KREALP4	58948	51	3,71991102	41,2607224
KREALP5	48398	42	3,49396196	32,9161021
KREALP6	92821	43	3,52835298	34,0678109
KREALP7	53814	47	3,67809616	39,5709855
KREGUA01	11419	2	0,67301167	1,9601317
KREGUA03	7071	2	0,69314718	2
KREGUA04	15920	2	0,69314718	2
KREGUA05	21297	7	1,87075542	6,49319962
KREGUA07	26330	4	1,34212572	3,82717037
KREGUA08	20238	3	1,09861229	3
KREGUA09	12670	6	1,75968482	5,81060575
KREGUA10	22351	8	2,01508714	7,50138106
KRETRA1	37923	16	2,59961075	13,4584982
KRETRA2	26136	22	3,03580546	20,817739
KRETRA3	37670	22	2,86440803	17,5386678
KRETRA4	36357	16	2,6617389	14,3211705
KRETRA5	38529	22	3,02477639	20,5894001

KRETRA6	26824	26	3,16361891	23,6560504
KRETRA8	14155	1	0	1
KRETRA9	19612	3	1,06708952	2,90690668
LANDRO	43509	14	2,53030151	12,5572918
LANDROBOD	22953	31	3,32089448	27,6851032
LANDROHEU	14470	42	2,8514133	17,312232
LANDROMUS	39218	51	3,05177844	21,1529303
LANDROPEL1	8121	16	1,70623983	5,50821066
LANDROPEL2	10755	27	2,35755023	10,5650378
LANDROSTR	24034	71	1,47472544	4,36983584
MUETRA1	13733	6	1,74260262	5,71219073
MUETRA2	24976	15	2,6227872	13,7740611
MUETRA3	24297	10	2,16376795	8,70387168
MUEVIK1	17954	9	2,17153035	8,77169752
MUEVIK2	11849	0	0	1
MUEVIK3	10881	0	0	1
MUEVIK4	22989	8	2,05273633	7,78918573
MUEVIK5	24283	13	2,46717017	11,7890386
NEKALP1	111234	28	3,27850777	26,5361452
NEKALP2	6900	8	2,04338093	7,7166546
NEKALP3	45339	13	2,52483039	12,4887768
NEKALP4	48874	17	2,76212506	15,8334542
NEKALP5	27585	13	2,48101784	11,9534249
NEKALPBOD	36638	50	3,71762962	41,1666974
NEKALPHEU	24029	87	3,02537637	20,6017572
NEKALPPEL	7864	19	1,84497892	6,32796637
NEKLAM1	44451	7	1,89379063	6,64450791
NEKLAM2	15177	6	1,70423305	5,497168
NEKLAM3	16542	7	1,88710681	6,6002453
NEKLAM5	46144	5	1,60205592	4,96322592
NEKLAMHEU	12368	22	1,88349805	6,57646951
NEKLAMPEL	10359	13	1,91979075	6,81953134
NEKTRA1	78659	13	2,45347133	11,6286436
NEKTRA2	72951	12	2,39000674	10,9135676
NEKTRA3	36938	18	2,83909309	17,1002501
NEKTRA4	9677	4	1,33217904	3,78929142
NEKTRA5	47524	3	1,07755633	2,9374925
NEKTRABOD	60054	48	3,63019412	37,7201381
NEKTRAHEU	9808	30	2,50702973	12,2684353
NEKTRAPEL	7212	21	1,16495885	3,20579098
NEUVIK1	28624	3	1,06708952	2,90690668
NEUVIK2	11791	1	0	1
NEUVIKMUS	39571	60	3,06893638	21,5190025
NEUVIKSTR	56811	48	3,19255122	24,3504717
NURALP1	21821	30	3,20643679	24,6909502
NURALP2	22181	32	3,30419706	27,2266716
NURALP3	59580	90	4,12978152	62,16434
NURALP4	30900	38	3,54100198	34,5014716
NURALP5	54392	32	3,30261253	27,1835642
NURDRO1	44975	12	2,3474808	10,4591877
NURDRO2	33829	10	2,28512683	9,8269325
NURDRO3	64474	13	2,51127937	12,3206826

NURDRO4	16316	3	1,06708952	2,90690668
NURDROBOD	32873	34	3,4369191	31,091022
NURTRA1	25627	14	2,54271019	12,7140818
NURTRA2	54533	85	4,15626636	63,8327485
NURTRA3	28930	28	3,16161063	23,6085901
NURTRA4	39500	35	3,41316571	30,361207
NURTRA5	49658	42	3,56551829	35,3577743
OPZDRO1	11392	6	1,73482588	5,66794081
OPZDRO2	56504	14	2,56963137	13,0610089
OPZDRO3	27944	7	1,87116041	6,49582988
OPZDRO4	79822	12	2,45194421	11,6108989
OPZGUA1	42054	23	3,02887024	20,6738629
OPZGUA2	62967	23	2,98701209	19,8263546
OPZGUA3	15533	3	1,05790542	2,8803316
OPZGUA4	35333	1	0	1
OSNTRA1	26497	18	2,82759838	16,904813
OSNTRA2	25235	14	2,54533395	12,7474844
OSNTRA3	11952	4	1,31068656	3,70871908
OSNTRA4	15836	7	1,8791778	6,5481188
OSNVIK1	36800	25	3,10194007	22,2410587
OSNVIK2	21055	6	1,78320684	5,94890304
OSNVIK3	17679	14	2,52566347	12,4991853
OSNVIK4	59792	25	3,07627536	21,6775109
OSNVIK5	9122	4	1,38629436	4
OSNVIK6	19572	6	1,76941358	5,86741158
SCHALP2	25446	16	2,65679349	14,2505214
SCHAVGRU	13165	7	0,16274613	1,17673791
SCHAVPEL	66133	57	2,48184924	11,9633671
SCHVIK1	7750	0	0	1
SCHVIK2	18474	1	0	1
SCHVIK3	23790	1	0	1
SCHVIK4	19799	1	0	1
SCHVIKHEU	21459	31	2,00088612	7,3956066
ZUEALP1	8771	10	2,27750541	9,75232195
ZUEALP2	8301	4	1,35471042	3,87563848
ZUEALP3	15737	17	2,76470886	15,8744176
ZUEALP4	15706	12	2,35651565	10,5541131
ZUEALP5	31739	22	3,04126497	20,9317044
ZUEGUA1	42107	38	3,46042777	31,8305898
ZUEGUA2	21497	33	3,28686565	26,7588604
ZUEGUA3	21242	11	2,30737437	10,0480076
ZUEGUA4	30933	14	2,57235148	13,0965846
ZUEGUA5	49885	16	2,6754983	14,5195831
ZUELAM1	11306	1	0	1
ZUELAM2	19430	3	1,09283055	2,98270484
ZUELAM3	34046	5	1,51746432	4,5606462
ZUELAM4	25849	6	1,78152039	5,93887899
ZUELAM5	21434	23	2,98322578	19,7514278
ZUETRA1	9023	3	1,08889998	2,9710041
ZUETRA2	17908	7	1,87035629	6,49060849
ZUETRA3	12509	16	2,65378568	14,2077229
ZUETRA4	47508	21	3,00576392	20,2016425

ZUETRA5	23276	15	2,66571332	14,3782021
ZUETRA6	26301	19	2,8612058	17,4825947
ZUEVIK1	15592	3	1,08889998	2,9710041
ZUEVIK2	7920	1	0	1
ZUEVIK3	5404	4	1,37781951	3,96624383
ZUEVIK4	7825	1	0	1

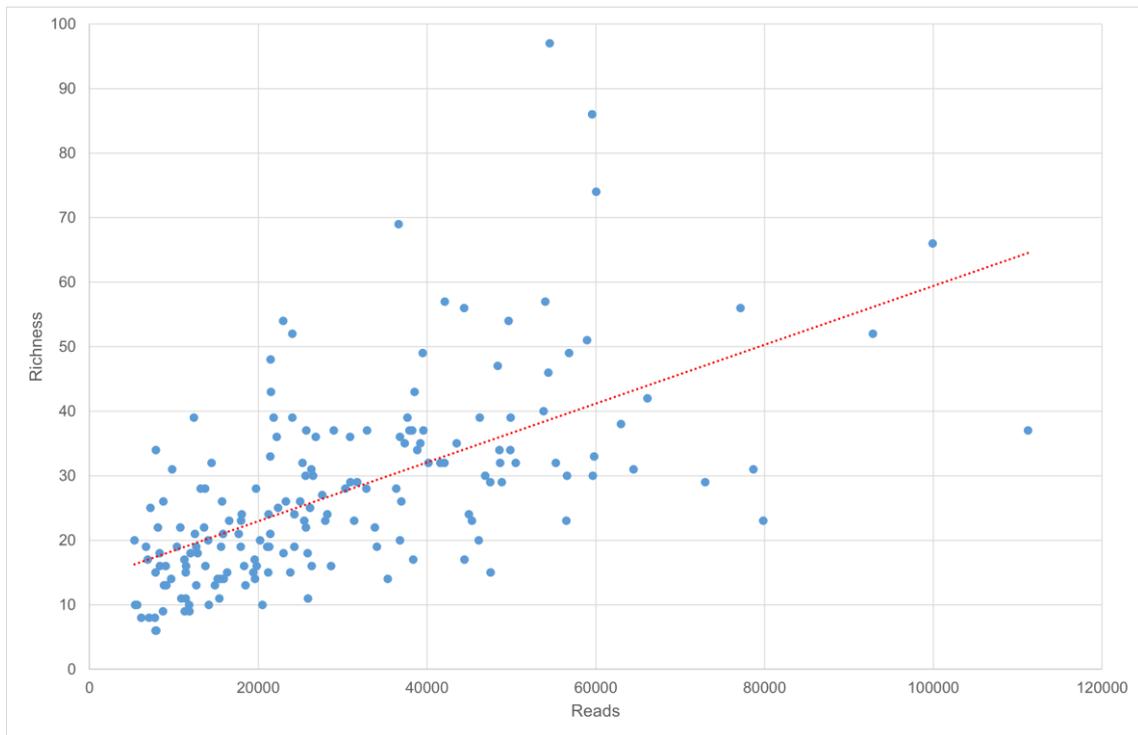
**Tabelle 9| Anzahl der Virenspezies sowie die errechneten Indizes.** Es werden von allen behandelten Proben die Richness, der errechnete Shannon-Index sowie die ENS aufgeführt.

ID	Reads	Richness	Shannon-Index	ENS
AUGALP01	12806	21	2,754260013	15,7094118
AUGALP02	5648	9	2,106577333	8,22005856
AUGALP03	18054	22	2,714736663	15,100633
AUGALP04	7810	11	2,100678921	8,17171598
AUGALP05	18315	19	2,58979204	13,3269998
AUGALP06	13574	12	2,370134955	10,698836
AUGALP07	8846	10	2,204785417	9,06830545
AUGALP08	11451	10	1,854652619	6,38947828
AUGALP09	8368	20	2,688567843	14,7105929
AUGALP10	46903	38	3,226361068	25,1878332
AUGALPBOD	47678	30	2,788311511	16,2535527
AUGALPMUS	11046	13	2,325778108	10,2346406
BERALP1	14857	23	2,905149793	18,2679799
BERALP2	6151	5	1,560710409	4,76220316
BERALP3	25660	14	2,388889715	10,9013836
BERDRO1	56590	32	3,013958498	20,3678667
BERDRO2	50505	29	2,800770291	16,4573188
BERDRO3	38361	29	2,729549337	15,3259786
BERDRO4	36793	21	2,567787921	13,0369538
BERGUA1	25907	10	2,271868513	9,6975038
BERGUA2	25687	40	1,955221101	7,06548103
BERGUA3	7924	4	1,33217904	3,78929142
BERLAM1	20504	9	2,094729048	8,12323966
BERLAM2	31382	33	3,096041774	22,1102604
BERLAM3	11254	25	2,952641461	19,1564881
BERTRA1	54019	58	3,361705783	28,8383409
BERTRA2	44386	63	3,234684371	25,3983541
BERTRA3	77132	57	3,362574936	28,8634167
BERTRA4	99929	64	3,179301789	24,0299697
BERVIK1	15397	12	2,066151093	7,89437984
BERVIK2	38231	43	3,139499093	23,0922969
BERVIK3	6707	28	3,170492662	23,8192163
BEZALP1	37364	34	2,659296012	14,2862282
BEZALP2	32829	22	2,344133643	10,4242377
BEZALP3	19717	35	2,930251862	18,7323479
BEZALP4	49911	38	2,78395366	16,1828762
BEZALP5	46257	44	3,216766252	24,9473163
BEZALP6	38845	35	2,74971547	15,6381817
BEZALP7	48572	56	3,403183654	30,0596474
BEZALP8	40156	30	2,805712992	16,5388638
BEZVIK1	12648	8	1,80804572	6,09851757
BEZVIK2	21189	14	2,507026436	12,2683949

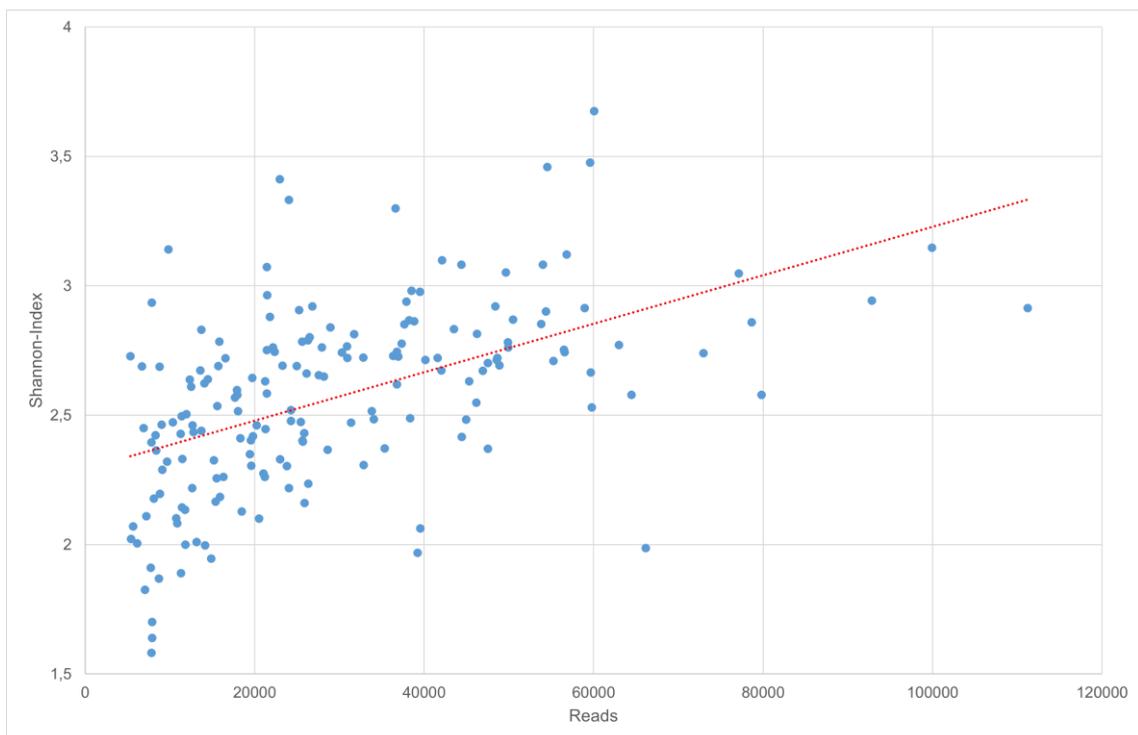
HEITRA1	30304	25	2,895425166	18,0911916
HEITRA2	14079	20	2,247639782	9,46536911
HEITRA3	28170	32	2,9565998	19,2324662
HEITRA4	21446	19	2,363190062	10,6247912
KOPLAM1	13713	36	3,109675235	22,413764
KOPLAM2	5332	19	2,63905733	14
KOPTRA1	59660	33	2,738283506	15,4604246
KOPTRA2	8708	4	1,242453325	3,46410162
KREALP1	48664	30	2,829632881	16,939241
KREALP2	55274	26	2,554719723	12,8676926
KREALP3	41587	21	2,567787921	13,0369538
KREALP4	58948	63	3,223765992	25,1225536
KREALP5	48398	61	3,354085394	28,6194167
KREALP6	92821	60	3,328691409	27,9018058
KREALP7	53814	54	3,206597543	24,6949197
KREGUA01	11419	5	1,303092404	3,68066118
KREGUA03	7071	3	0,79631164	2,21734745
KREGUA04	15920	12	2,395908119	10,978163
KREGUA05	21297	18	2,672351698	14,4739676
KREGUA07	26330	18	2,618569209	13,7160847
KREGUA08	20238	19	2,495142802	12,1234646
KREGUA09	12670	21	2,569604889	13,060663
KREGUA10	22351	11	1,574554703	4,82859098
KRETRA1	37923	38	3,059232219	21,3111886
KRETRA2	26136	29	2,665741463	14,3786068
KRETRA3	37670	28	2,643914448	14,0681651
KRETRA4	36357	36	2,988349194	19,8528822
KRETRA5	38529	34	2,658136447	14,269672
KRETRA6	26824	40	2,977125567	19,6313066
KRETRA8	14155	11	2,081598992	8,01727823
KRETRA9	19612	14	2,271868513	9,6975038
LANDRO	43509	32	2,818342535	16,7490667
LANDROBOD	22953	15	1,613650009	5,0211049
LANDROHEU	14470	28	1,453459526	4,27788841
LANDROMUS	39218	70	2,203591173	9,05748215
LANDROPEL1	8121	29	1,648085523	5,19702072
LANDROPEL2	10755	49	2,202048841	9,04352328
LANDROSTR	24034	75	3,583854457	36,0120807
MUETRA1	13733	18	2,55719076	12,8995285
MUETRA2	24976	26	2,634342314	13,9341452
MUETRA3	24297	20	2,311476988	10,0893155
MUEVIK1	17954	26	2,99346241	19,9546542
MUEVIK2	11849	6	1,58109375	4,86026883
MUEVIK3	10881	15	2,458204433	11,6838136
MUEVIK4	22989	18	2,056196667	7,81618565
MUEVIK5	24283	19	2,334898562	10,3284122
NEKALP1	111234	41	3,12649106	22,7938568
NEKALP2	6900	21	2,695820196	14,8176672
NEKALP3	45339	19	2,407934852	11,1109916
NEKALP4	48874	30	2,834018013	17,0136849
NEKALP5	27585	27	2,98655977	19,8173887
NEKALPBOD	36638	59	3,320850649	27,6838898

NEKALPHEU	24029	71	2,447570122	11,5602226
NEKALPPEL	7864	26	2,819848847	16,774315
NEKLAM1	44451	24	2,997756703	20,0405296
NEKLAM2	15177	20	2,649610384	14,1485251
NEKLAM3	16542	24	2,902553819	18,2206182
NEKLAM5	46144	20	2,728018513	15,3025352
NEKLAMHEU	12368	30	2,516582639	12,3861962
NEKLAMPEL	10359	10	2,0992928	8,16039684
NEKTRA1	78659	21	2,635758223	13,9538886
NEKTRA2	72951	37	2,946735195	19,0436782
NEKTRA3	36938	17	1,974065819	7,19989051
NEKTRA4	9677	16	2,66539416	14,3736139
NEKTRA5	47524	15	2,520902686	12,4398209
NEKTRABOD	60054	40	3,175674142	23,9429554
NEKTRAHEU	9808	30	2,526443712	12,5089415
NEKTRAPEL	7212	53	1,486126504	4,41994169
NEUVIK1	28624	18	2,627559624	13,839954
NEUVIK2	11791	10	2,204785417	9,06830545
NEUVIKMUS	39571	85	2,420872471	11,2556753
NEUVIKSTR	56811	46	2,480159198	11,9431656
NURALP1	21821	42	3,09246205	22,0312533
NURALP2	22181	59	3,415076999	30,4192916
NURALP3	59580	103	3,612207746	37,0477546
NURALP4	30900	46	3,191619821	24,3278022
NURALP5	54392	56	3,335314498	28,0872152
NURDRO1	44975	28	2,83749334	17,0729159
NURDRO2	33829	25	2,859879156	17,459417
NURDRO3	64474	24	2,365556247	10,6499612
NURDRO4	16316	10	1,830685529	6,23816163
NURDROBOD	32873	52	3,449777255	31,4933765
NURTRA1	25627	35	2,948416899	19,075731
NURTRA2	54533	89	3,543630249	34,5922701
NURTRA3	28930	41	2,927999262	18,6901989
NURTRA4	39500	49	3,115957057	22,5550065
NURTRA5	49658	65	3,448234516	31,4448279
OPZDRO1	11392	18	2,460342178	11,7088174
OPZDRO2	56504	28	2,862396266	17,5034196
OPZDRO3	27944	23	2,683427115	14,6351638
OPZDRO4	79822	27	2,895668255	18,0955899
OPZGUA1	42054	35	3,01623138	20,4142131
OPZGUA2	62967	41	2,916157181	18,4701734
OPZGUA3	15533	11	2,212256611	9,13631025
OPZGUA4	35333	9	2,163955657	8,70550563
OSNTRA1	26497	29	2,869628657	17,63047
OSNTRA2	25235	31	2,897962127	18,1371465
OSNTRA3	11952	18	2,526932727	12,5150601
OSNTRA4	15836	20	2,486241194	12,0160252
OSNVIK1	36800	40	3,220148063	25,0318262
OSNVIK2	21055	21	2,511644448	12,3251815
OSNVIK3	17679	30	2,868557281	17,6115913
OSNVIK4	59792	51	3,265804377	26,2011781
OSNVIK5	9122	12	2,269639375	9,67591081

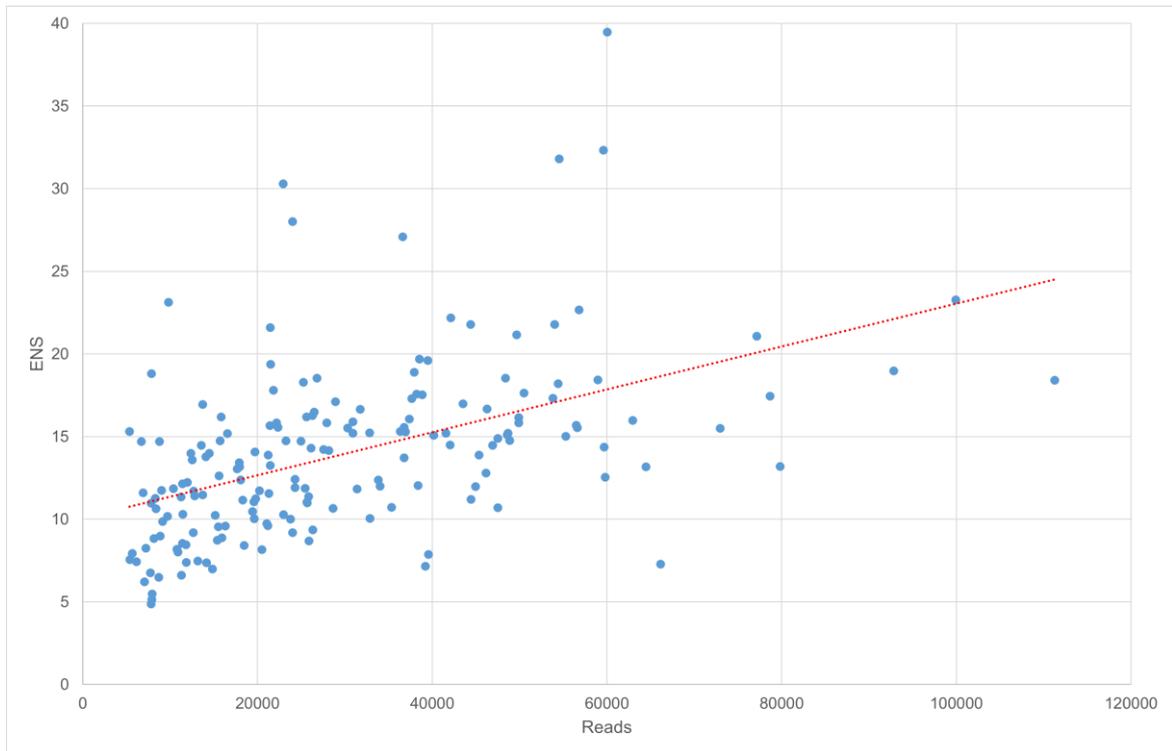
OSNVIK6	19572	17	2,391683337	10,9318805
SCHALP2	25446	25	2,672351698	14,4739676
SCHAVGRU	13165	28	1,174212914	3,23559525
SCHAVPEL	66133	92	2,066436602	7,89663407
SCHVIK1	7750	4	1,153741943	3,17003282
SCHVIK2	18474	11	2,242973226	9,42130135
SCHVIK3	23790	10	2,302585093	10
SCHVIK4	19799	9	1,799958798	6,04939821
SCHVIKHEU	21459	48	2,778629148	16,0969393
ZUEALP1	8771	24	2,588413019	13,3086343
ZUEALP2	8301	12	2,068884646	7,91598906
ZUEALP3	15737	33	3,027532582	20,6462268
ZUEALP4	15706	31	3,090634284	21,9910221
ZUEALP5	31739	35	2,94405672	18,9927385
ZUEGUA1	42107	52	3,097219247	22,13631
ZUEGUA2	21497	49	3,189337886	24,2723511
ZUEGUA3	21242	21	2,507187498	12,270371
ZUEGUA4	30933	26	2,864099963	17,5332655
ZUEGUA5	49885	38	2,897245088	18,1241461
ZUELAM1	11306	6	1,420571926	4,13948724
ZUELAM2	19430	23	2,900941868	18,1912711
ZUELAM3	34046	17	2,243509515	9,42635524
ZUELAM4	25849	15	2,242390013	9,41580832
ZUELAM5	21434	44	3,27588915	26,4667479
ZUETRA1	9023	14	2,447939825	11,5644973
ZUETRA2	17908	18	2,488836058	12,0472457
ZUETRA3	12509	31	3,113137943	22,4915109
ZUETRA4	47508	33	2,945022374	19,0110877
ZUETRA5	23276	28	2,721310623	15,200231
ZUETRA6	26301	29	2,769720164	15,9541688
ZUEVIK1	15592	14	2,428580952	11,3427747
ZUEVIK2	7920	13	2,488327743	12,0411234
ZUEVIK3	5404	8	1,925121191	6,8559795
ZUEVIK4	7825	9	2,197224577	9



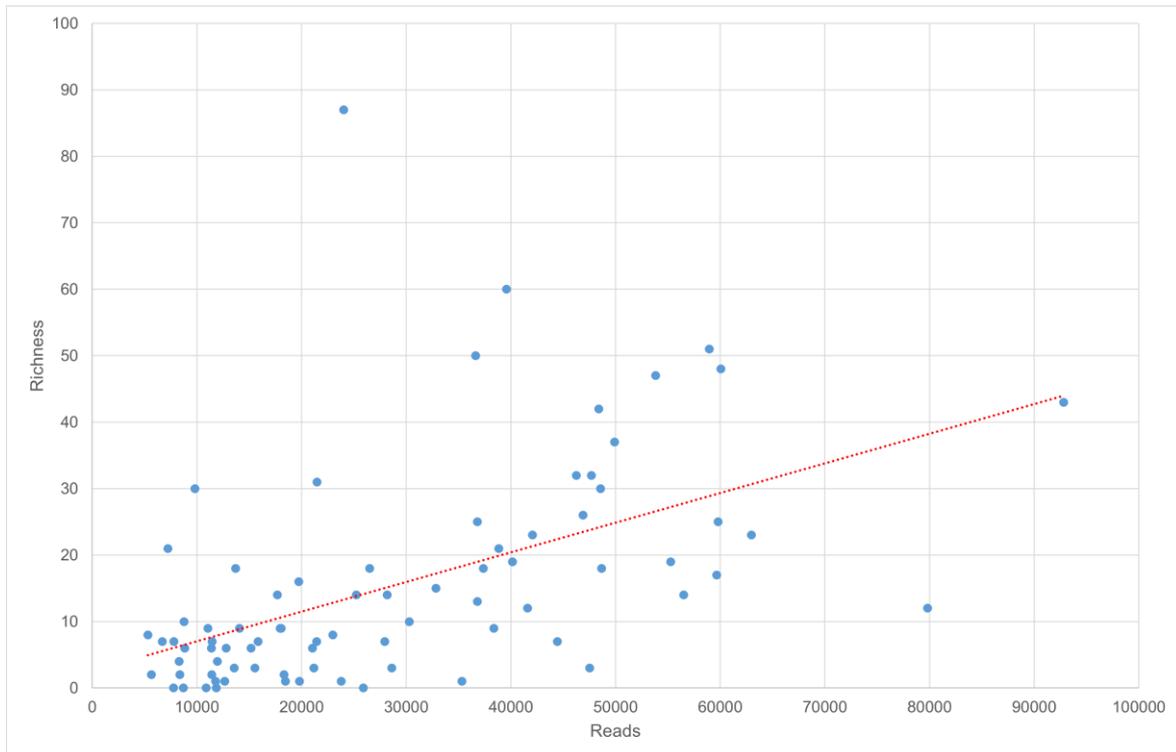
**Anhang 177| Zusammenhang von Reads und Richness aller Kamelarten der Bakterien.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der gefundenen Familien.



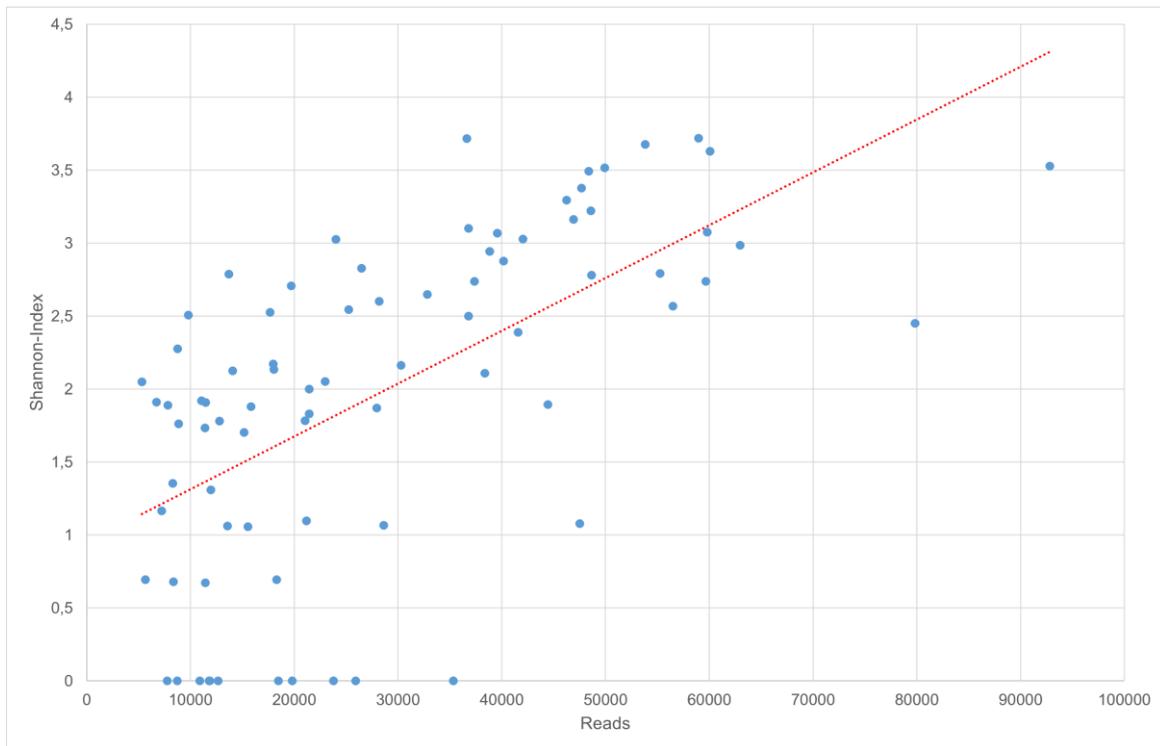
**Anhang 178| Zusammenhang der Reads und des Shannon-Index aller Kamelarten der Bakterien.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der einflussnehmenden Familien.



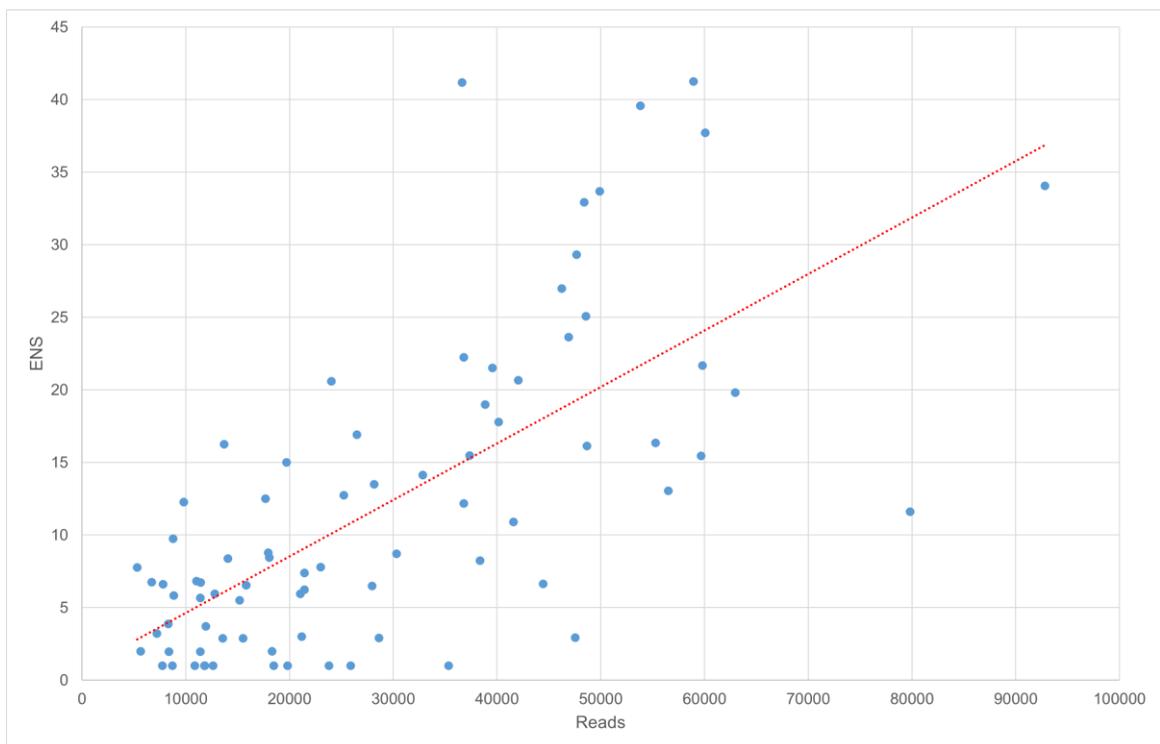
**Anhang 179| Zusammenhang von Reads und ENS aller Kamelarten der Bakterien.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der einflussnehmenden Familien.



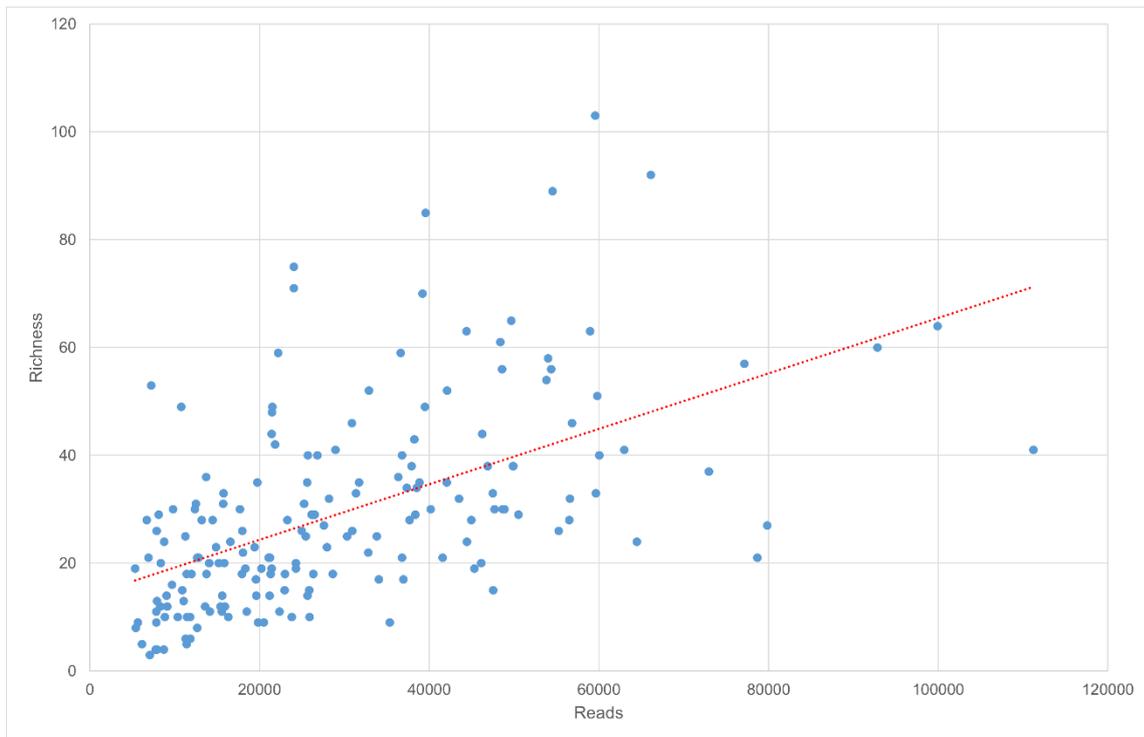
**Anhang 180| Zusammenhang von Reads und Richness aller Kamelarten der Pilzfamilien.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der gefundenen Familien.



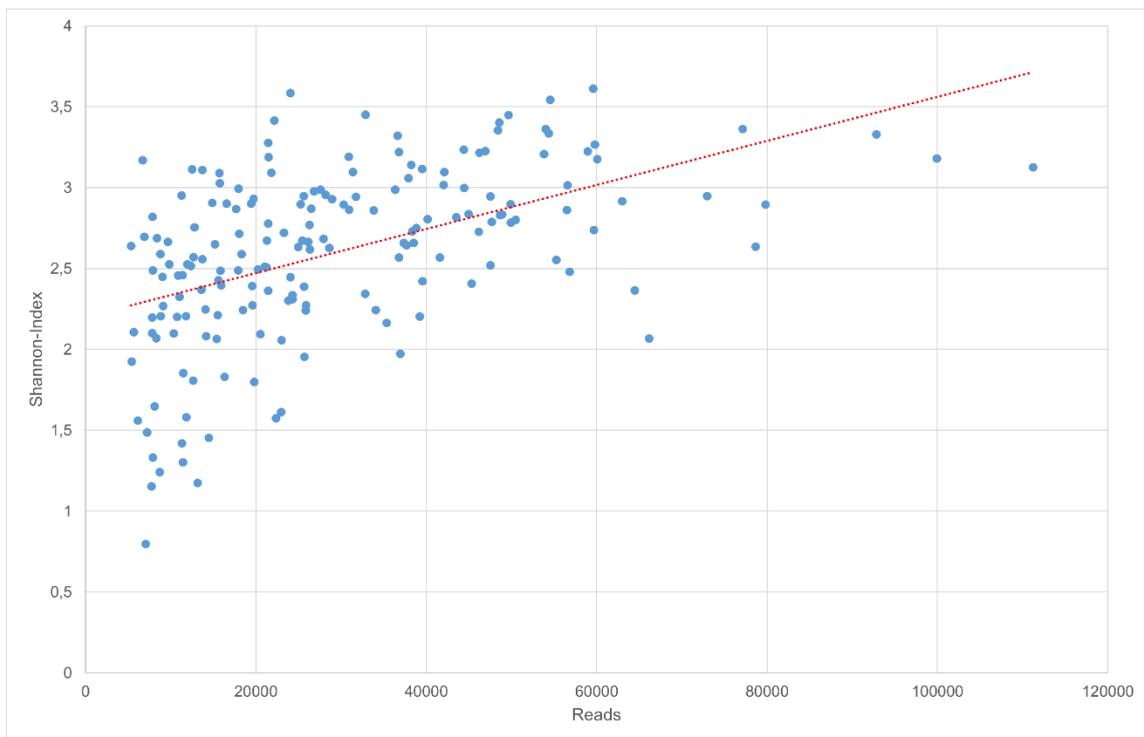
**Anhang 181| Zusammenhang der Reads und des Shannon-Index aller Kamelarten der Pilzfamilien.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der einflussnehmenden Familien.



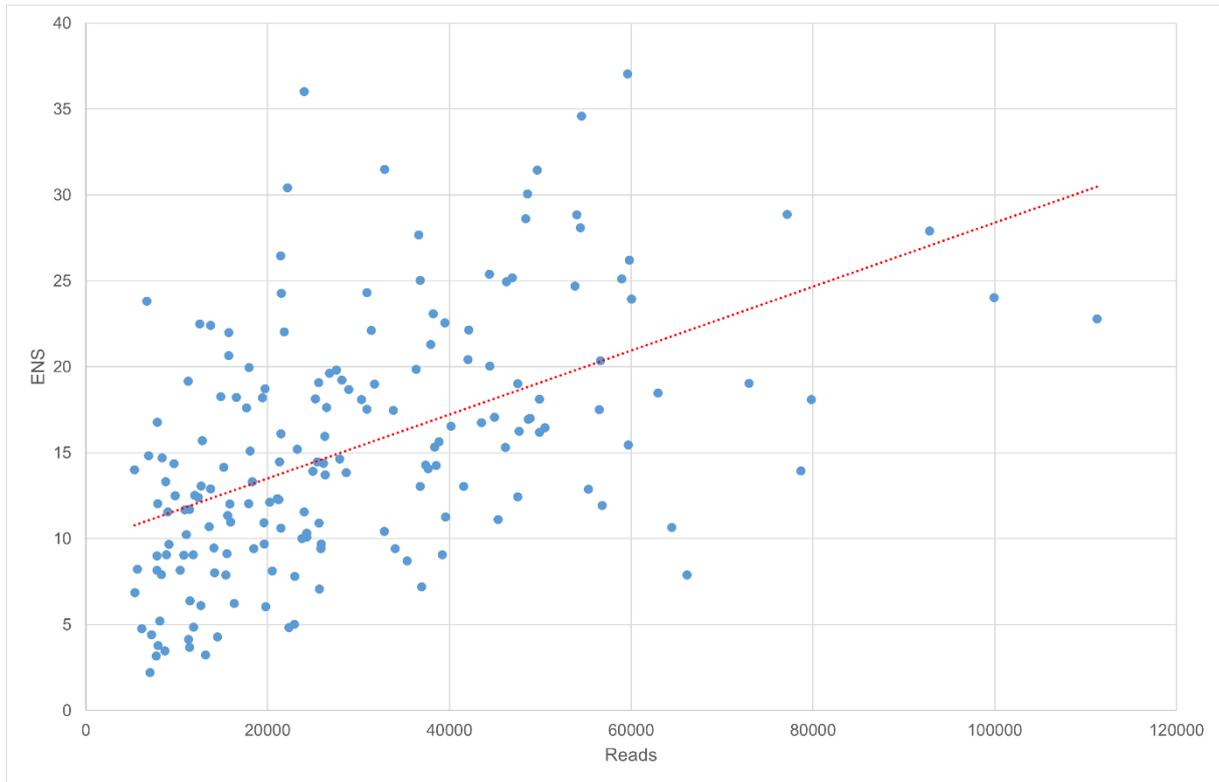
**Anhang 182| Zusammenhang von Reads und ENS aller Kamelarten der Pilzfamilien.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der einflussnehmenden Familien.



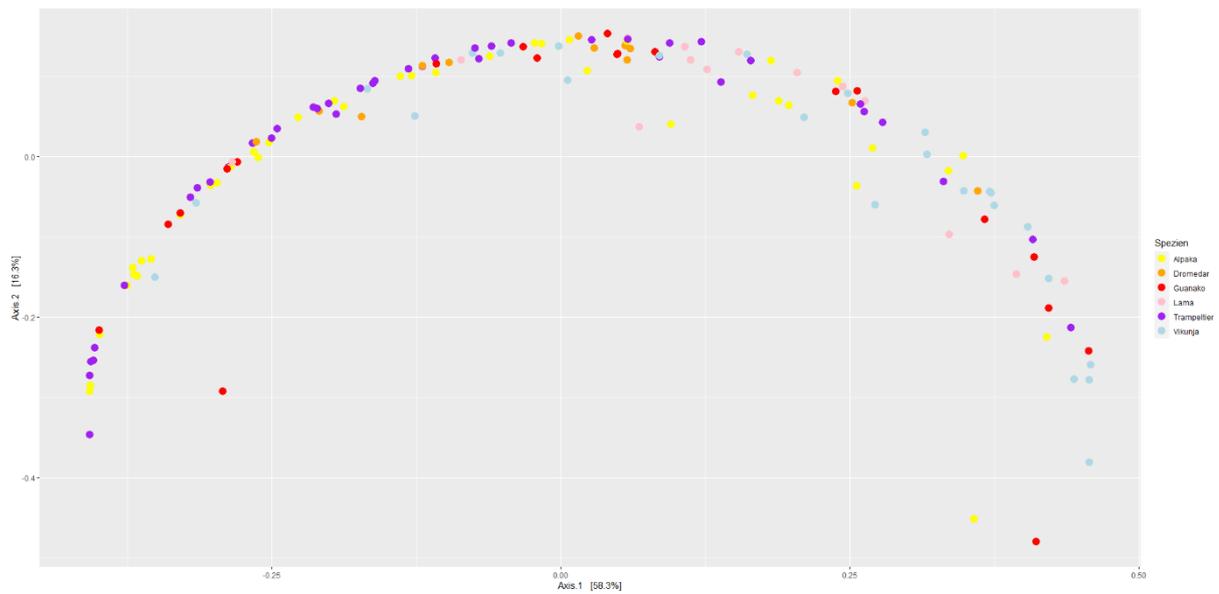
**Anhang 183| Zusammenhang von Reads und Richness aller Kamelarten der Virenspezies.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der gefundenen Spezies.



**Anhang 184| Zusammenhang der Reads und des Shannon-Index aller Kamelarten der Virenspezies.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der einflussnehmenden Spezies.



**Anhang 185| Zusammenhang von Reads und ENS aller Kamelarten der Virenspezies.** Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelprobe der sechs Arten Alpaka, Dromedar, Guanako, Lama, Trampeltier oder Vikunja dar. Je mehr Reads einer Probe zugeordnet werden können, desto größer wird die Anzahl der einflussnehmenden Spezies.



**Anhang 186| PCoA-Plot des bakteriellen Mikrobioms.**

Ich versichere hiermit an Eides statt, dass ich die vorliegende Masterarbeit mit dem Titel

„Charakterisierung des Mikrobioms und des Viroms unterschiedlicher *Camelidae*-Arten mit Next Generation Sequencing-Methoden unter Berücksichtigung verschiedener Umweltfaktoren“

selbstständig und ohne unzulässige fremde Hilfe erbracht habe. Alle beschriebenen Daten und Ergebnisse wurden von mir in dem für die Arbeit offiziell zur Verfügung stehenden Zeitraum erhalten und sind in Laborjournalen dokumentiert. Ich habe keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt sowie wörtliche und sinngemäße Zitate kenntlich gemacht. Die Arbeit hat in gleicher oder ähnlicher Form noch keiner Prüfungsbehörde vorgelegen.

Eschau, 11.12.2023

---