



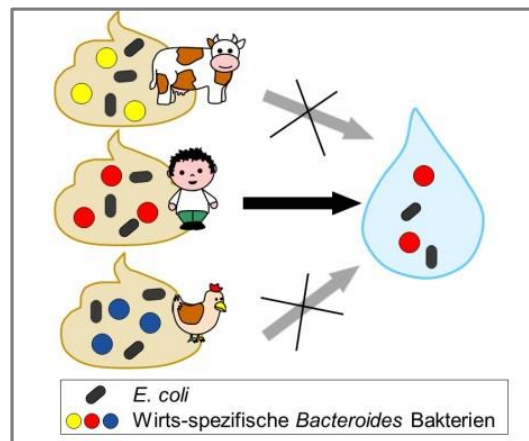
IDENTIFIZIERUNG DER HERKUNFT MIKROBIOLOGISCHER BELASTUNGEN IM EINZUGSGEBIET

Die Wasserqualität von Seen, Flüssen, Grundwässern und anderen Wasserkörpern kann durch fäkale Kontaminationen beeinträchtigt sein. Die derzeit zur Qualitätskontrolle angewendeten mikrobiologischen Methoden (Nachweis von Fäkalindikatoren wie *E. coli*) sind geeignet, eine Beeinträchtigung durch Fäkaleinträge nachzuweisen. Sie können jedoch keinen Aufschluß über die Herkunft der Kontamination geben. Die Implementierung von effizienten und kostengünstigen Maßnahmen zur Verbesserung der mikrobiologischen Wasserqualität und zur Reduzierung gesundheitlicher Risiken erfordert die möglichst exakte Bestimmung der Herkunft und des Ausmaßes fäkaler Verunreinigungen. Je mehr Informationen über das Einzugsgebiet sowie die fäkalen Verunreinigungen vorliegen, um so gezielter können administrative oder technische Maßnahmen ergriffen werden.

Das TZW: DVGW-Technologiezentrum Wasser hat neue molekularbiologische Methoden zum Nachweis und zur Identifizierung von fäkalen Eintragsquellen etabliert – man spricht von Microbial Source Tracking (MST).

PRINZIP DER MESSUNGEN

Zum Zwecke des Microbial Source Tracking werden molekularbiologische Untersuchungsmethoden angewendet, die auf dem Nachweis von wirtsspezifischen genetischen Markern beruhen. Dabei werden Umweltproben z.B. auf definierte bakterielle DNA-Abschnitte von Bakterien der Gattung *Bacteroides* untersucht, die speziell nur aus menschlichem oder tierischem Kot stammen. Bei Bakterien der Gattung *Bacteroides* handelt es sich um die dominierende Spezies in der Bakterienflora des Intestinaltraktes von Warmblütern.



Prinzip des Microbial Source Trackings

ERMITTLUNG DER EINTRAGSPFADE

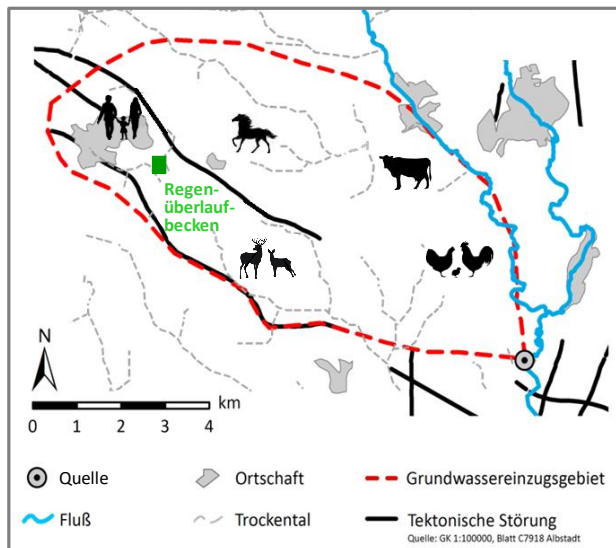
Nach Entnahme der Wasserproben werden diese innerhalb von 24 Stunden an das TZW übergeben. Dort werden die Proben angereichert und die Gesamt-DNA isoliert. Parallel erfolgt die Bestimmung von Fäkalindikatoren wie *Escherichia coli* und Enterokokken unter Verwendung von Kulturverfahren. Die gewonnenen DNA-Extrakte werden auf das Vorkommen von spezifischen *Bacteroides*- und mitochondriellen DNA (mtDNA)-Markern untersucht. Basierend auf den Ergebnissen der Untersuchungen und den weiteren verfügbaren Informationen zum Standort werden Empfehlungen für die Untersuchungsgebiete ausgearbeitet.

UNTERSUCHUNGSSPEKTRUM

Das Vorkommen folgender Parameter kann erfasst werden:

<i>Bacteroides</i>-Sequenzen spezifisch für	mtDNA-Sequenzen spezifisch für
<ul style="list-style-type: none"> ▪ Mensch ▪ Wiederkäuer ▪ Schwein ▪ Hund 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Mensch ▪ Rind ▪ Schwein ▪ Pferd ▪ Huhn ▪ Schaf ▪ Hund

Zusätzlich werden auch unspezifische *Bacteroides*- und mtDNA-Sequenzen nachgewiesen. Dies ermöglicht eine Erfassung der Gesamtkontamination.



Einzugsgebiet einer Karstquelle mit zeitweise hohen mikrobiologischen Befunden im Quellwasser. Die Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen belegten, dass ein Regenüberlaufbecken (RÜB) mit Anschluss an die Mischkanalisation der Haupteintragspfad für fäkale Kontaminationen ist. Ein Geflügelhof und Pferdehöfe waren von untergeordneter Bedeutung. Nach Erweiterung des RÜB gingen die mikrobiologischen Belastungen im Rohwasser zurück.

LEISTUNGEN DES TZW

Das TZW bietet seine Unterstützung bei der Erstellung und Umsetzung von Konzepten zur Identifizierung der Herkunft mikrobiologischer Belastungen an. Dies beinhaltet molekularbiologische Untersuchungen, Sichtung vorhandener Daten, Durchführung von Probenahmen sowie Ausarbeitung von individuellen Empfehlungen für die Untersuchungsgebiete.

KONTAKT

TZW: DVGW-Technologiezentrum Wasser
 Karlsruher Str. 84
 76139 Karlsruhe
 Prof. Dr. Andreas Tiehm
 Tel: +49 (0) 721 9678 – 137 / Fax: +49 (0) 721 9678 - 101
 E-Mail: andreas.tiehm@tzw.de / claudia.stange@tzw.de