



Resistenzen schmuggeln sich durch Kläranlagen

12. Dezember 2018 | Irene Bättig
Themen: Schadstoffe

Bakterien, die gegen Antibiotikaresistent sind, werden in der Abwasserreinigung nicht vollständig eliminiert. Nur ein Teil der Resistenzen stammt aus dem Zulauf, viele andere finden sich in Belebtschlamm Bakterien. Wie eine neue Studie der Eawag zeigt, sind Abwasserreinigungsanlagen mehr als nur eine Durchlaufstation – die Resistenzen sind dort aktiv und verändern sich.

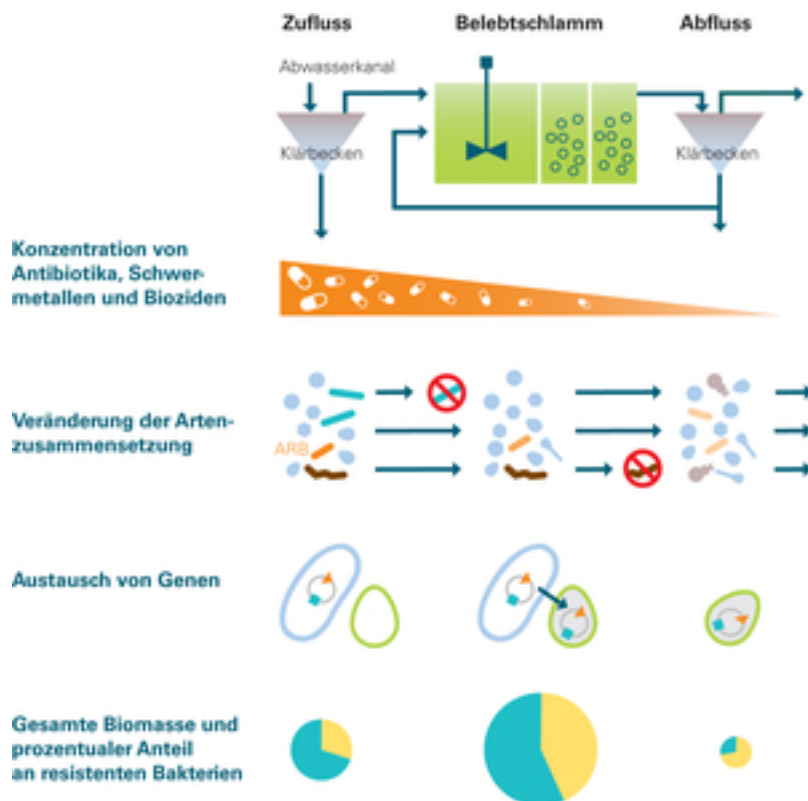
Mehr als 95 Prozent aller Bakterien, die aus menschlichen Fäkalien ins Abwasser gelangen, werden in Abwasserreinigungsanlagen entfernt. Trotzdem sind im Auslauf noch viele antibiotikaresistente Bakterien anzutreffen. Wie lässt sich das erklären? Der Mikrobiologe Helmut Bürgmann und seine Gruppe wollten es wissen und untersuchten in zwölf Abwasserreinigungsanlagen (ARA), was mit resistenten Bakterien im Verlauf des Reinigungsprozesses geschieht. Zudem interessierte es die Forschenden, ob Stressoren im Abwasser – zum Beispiel Antibiotika, Biozide oder Schwermetalle – das Auftreten von Resistenzgenen beeinflussen.

Ein «harter Kern» von hartnäckigen Resistenzen

In den zwölf ARAs haben die Forschenden Biomasseproben aus dem Zufluss, den biologischen Reinigungsstufen sowie dem Ablauf entnommen. Daraus extrahierten sie DNA, sequenzierten diese und identifizierten diejenigen Genabschnitte, die für Resistenzen gegen Antibiotika codieren. Zwar haben die Forschenden generell deutlich weniger resistente Bakterien im gereinigten Abwasser nachgewiesen als im Zulauf. Aber: «Der relative Anteil der resistenten Mikroorganismen nimmt in der ARA zu», sagt Bürgmann.

Die Forschenden fanden viele unterschiedliche Resistenzgene, deren Zusammensetzung innerhalb der ARA stark variierte. Eine kleine Gruppe von Resistenzgenen kam auf allen Stufen der Reinigung vor.

Dieser «harte Kern» schmuggelt sich durch die ARA und ist vergleichsweise häufig anzutreffen. Aber rund 70 Prozent der verschiedenen Resistenzgene, die mit dem Abwasser in die ARA gelangen, werden im Verlauf des Reinigungsprozesses eliminiert. Dafür kommen aber auch neue hinzu: «Rund 40 Prozent der Resistenzen im Auslauf der ARA haben ihren Ursprung vermutlich im Belebtschlamm», sagt Bürgmann.



Die Grafik zeigt mögliche Prozesse, welche die Zusammensetzung und Häufigkeit von Antibiotikaresistenzgenen auf dem Weg durch eine ARA beeinflussen. Die Gesamtmenge an Bakterien ist in der biologischen Reinigungsstufe am höchsten und ist im Ausfluss deutlich geringer als im Zufluss. Aber: Der Anteil an resistenten Bakterien nimmt zu (gelbe Fläche im Kuchendiagramm), Resistenzen werden also angereichert. (Grafik: Liz Amman, Quelle: Bürgmann et al., 2018)

Überleben dank Resistenz

Die Forschenden vermuten, dass die Bedingungen in der ARA einen Überlebensvorteil für resistente Mikroorganismen bieten. Ein Hinweis dafür sei, dass sich zwischen der Häufigkeit von Resistenzen und dem Vorkommen von manchen Antibiotika ein Zusammenhang zeigte – obwohl diese in der ARA nur in sehr tiefen Konzentrationen vorhanden sind. Zudem waren die Resistenzgene in der ganzen ARA bis zum Ablauf tatsächlich aktiv. Dass Belebtschlamm Bakterien häufig Resistenzen tragen, führt Bürgmann auch auf das enge Beieinander der Mikroorganismen in der ARA zurück: «Die Bakterien in den biologischen Reinigungsstufen enthalten zum Teil Resistenzgene, die zu 100 Prozent identisch sind mit denen von Krankheitserregern. Diese haben sie vermutlich durch Genaustausch erworben.»


```

debugger-center a,.extbase-debugger-center p,.extbase-debugger-center pre,.extbase-
debugger-center strong{font-size:12px;font-weight:400;font-family:monospace;line-
height:20px;color:#f1f1f1}.extbase-debugger-center pre{background-color:transparent;margin:
0;padding:0;border:0;word-wrap:break-word;color:#999}.extbase-debugger-center .extbase-
debug-string{color:#ce9178;white-space:normal}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
type{color:#569CD6;padding-right:4px}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
unregistered{background-color:#dce1e8}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
filtered,.extbase-debugger-center .extbase-debug-proxy,.extbase-debugger-center .extbase-
debug-ptype,.extbase-debugger-center .extbase-debug-visibility,.extbase-debugger-center
.extbase-debug-scope{color:#fff;font-size:10px;line-height:12px;padding:2px 4px;margin-
right:2px;position:relative;top:-1px}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
scope{background-color:#497AA2}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
ptype{background-color:#698747}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
visibility{background-color:#698747}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
dirty{background-color:#FFFFFFB6}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
filtered{background-color:#4F4F4F}.extbase-debugger-center .extbase-debug-seeabove{text-
decoration:none;font-style:italic}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
property{color:#f1f1f1}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
closure{color:#9BA223;}Extbase Variable Dumparray(2 items) publications => '17645' (5
chars) libraryUrl => " (0 chars) Extbase Variable Dumparray(1 item) 0 =>
Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=17645,
pid=124) originalId => protected17645 (integer) authors => protected'Ju,&nbsp;F.;
Beck,&nbsp;K.; Yin,&nbsp;X.; Maccagnan,&nbsp;A.; McArdell,&nbsp;
;C.&nbsp;S.; Singer,&nbsp;H.&nbsp;P.; Johnson,&nbsp;D.&nbsp;R.; Zhang,&nbsp;
T.; Bürgmann,&nbsp;H.' (174 chars) title => protected'Wastewater treatment plant
resistomes are shaped by bacterial composition, g
enet ic exchange, and upregulated expression in the effluent microbiomes' (147 chars)
journal => protected'ISME Journal' (12 chars) year => protected2019 (integer) volume =>
protected13 (integer) issue => protected'2' (1 chars) startpage => protected'346' (3 chars)
otherpage => protected'360' (3 chars) categories => protected" (0 chars) description =>
protected'Wastewater treatment plants (WWTPs) are implicated as hotspots for the disse-
mination of antibacterial resistance into the environment. However, the in s
itu processes governing removal, persistence, and evolution of resistance ge-
nes during wastewater treatment remain poorly understood. Here, we used quan-
titative metagenomic and metatranscriptomic approaches to achieve a broad-sp-
ectrum view of the flow and expression of genes related to antibacterial res-
istance to over 20 classes of antibiotics, 65 biocides, and 22 metals. All c-
ompartments of 12 WWTPs share persistent resistance genes with detectable tr-
anscriptional activities that were comparatively higher in the secondary eff-
luent, where mobility genes also show higher relative abundance and expressi-
on ratios. The richness and abundance of resistance genes vary greatly across
metagenomes from different treatment compartments, and their relative and
absolute abundances correlate with bacterial community composition and bioma-
ss concentration. No strong drivers of resistome composition could be identi-
fied among the chemical stressors analyzed, although the sub-inhibitory conc-
entration (hundreds of ng/L) of macrolide antibiotics in wastewater correlat-
es with macrolide and vancomycin resistance genes. Contig-based analysis sho-
ws considerable co-localization between resistance and mobility genes and im

```

plies a history of substantial horizontal resistance transfer involving human bacterial pathogens. Based on these findings, we propose future inclusion of mobility incidence (M%) and host pathogenicity of antibiotic resistance genes in their quantitative health risk ranking models with an ultimate goal to assess the biological significance of wastewater resistomes with regard to disease control in humans or domestic livestock.' (1798 chars) serialnumber => protected'1751-7362' (9 chars) doi => protected'10.1038/s41396-018-0277-8' (25 chars) uid => protected17645 (integer) _localizedUid => protected17645 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected17645 (integer)modified pid => protected124 (integer) Ju, F.; Beck, K.; Yin, X.; Maccagnan, A.; McArdell, C. S.; Singer, H. P.; Johnson, D. R.; Zhang, T.; Bürgmann, H. (2019) Wastewater treatment plant resistomes are shaped by bacterial composition, genetic exchange, and upregulated expression in the effluent microbiomes, *ISME Journal*, 13(2), 346-360, doi:10.1038/s41396-018-0277-8, [Institutional Repository](#)

Kontakt



Helmut Bürgmann

Gruppenleiter Mikrobielle Ökologie

Tel. +41 58 765 2165

helmut.buergmann@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/resistenzen-schmuggeln-sich-durch-klaeranlagen>