



Bei überlasteter Kanalisation gelangen antibiotikaresistente Bakterien in Flüsse

9. Februar 2022 | Jangwoo Lee, Karin Beck, Helmut Bürgmann

Themen: Abwasser | Schadstoffe

Kläranlagen sind «Hotspots» für Antibiotikaresistenzgene und -bakterien. Überlaufende Abwasserkanäle verschärfen das Problem, indem sie diese in die Flüsse verbreiten. Forscher der Eawag schlagen Möglichkeiten vor, die Auswirkungen zu minimieren.

Antibiotikaresistenz ist eine wachsende Bedrohung für die öffentliche Gesundheit und inzwischen [eine der häufigsten Todesursachen weltweit](#), an der 2019 fast fünf Millionen Menschen starben. Das liegt unter anderem am übermässigen Einsatz und Missbrauch von Antibiotika seit ihrer Kommerzialisierung Anfang des 20. Jahrhunderts. Durch Abwasser können antibiotikaresistente Bakterien und Gene in die Umwelt gelangen.

Denn selbst nach der Aufbereitung in einer Kläranlage enthalten nicht entsprechend desinfizierte Abwässer um Grössenordnungen mehr antibiotikaresistente Bakterien und Antibiotikaresistenzgene als in Flüssen und Seen natürlich vorkommen. Unbehandeltes Abwasser enthält noch weitaus höhere Werte, sodass davon auszugehen ist, dass die Einleitung von unbehandeltem Abwasser die Umwelt noch stärker belastet. Dies kann selbst in Ländern mit ansonsten ausgezeichneter sanitärer Infrastruktur passieren, wenn starke Regenfälle zu Abwassermengen führen, die die Kapazitäten der Kanalisation oder der Kläranlagen übersteigen. Ein Gemisch aus überschüssigem Regenwasser und Abwasser wird dann unter Umgehung herkömmlicher Klärverfahren in die aufnehmenden Gewässer eingeleitet.

Unsere Forschungsgruppe Mikrobielle Ökologie an der Eawag untersucht mikrobielle Prozesse auf Gemeinschaftsebene in natürlichen und künstlichen Systemen, darunter auch [Antibiotikaresistenzen in der Umwelt](#). Kürzlich haben wir einen Artikel in der Fachzeitschrift [Water Research](#) veröffentlicht, in

dem wir die Kontamination mit Antibiotikaresistenzen bei Unwettern im Fluss Murg bei Münchwilen in der Schweiz untersuchen.



Beprobung des Abwasserüberlaufs bei Niederschlag in einer Kläranlage in Münchwilen, Thurgau, Schweiz. (Quelle: Eawag)

Wir wollten das Ausmass solcher Verunreinigungen bei starken Regenfällen dokumentieren und quantifizieren. Das ist eine Herausforderung, denn solche Ereignisse sind relativ selten, und man muss vor Ort sein, wenn sie stattfinden. Obwohl diese Ereignisse in Münchwilen im Jahr 2019 an 118 Kalendertagen auftraten, dauerten sie meist nicht lange an. Bei starken Regenfällen gibt es viele andere potenzielle Quellen für die Kontamination eines Flusses mit Antibiotikaresistenzen, was unsere Forschung weiter erschwert. Dazu gehört der Oberflächenabfluss, der Erde in den Fluss transportiert, etwa von Feldern und Wiesen, die möglicherweise gedüngt wurden. Auch die Sedimente im Fluss werden durch die schnellere Strömung aufgewirbelt.

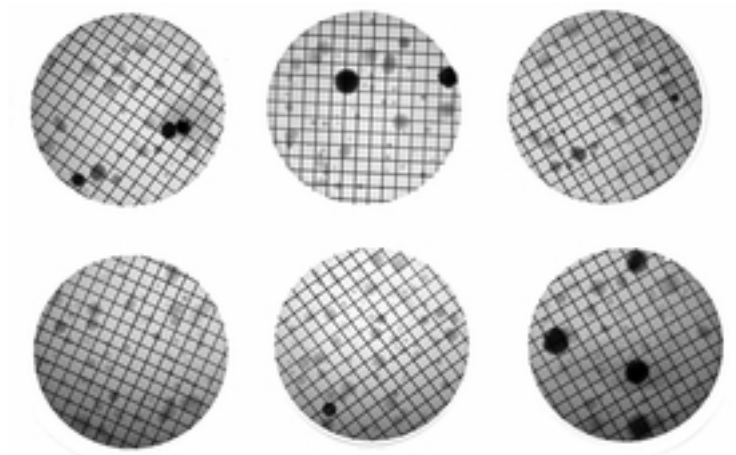
Durch den Einsatz moderner Sequenzierungstechniken zur Unterscheidung von Mikroben aus verschiedenen Quellen konnten wir diese Einträge voneinander unterscheiden. Unsere Ergebnisse zeigen, dass der Abwasserüberlauf eindeutig die Hauptquelle für Antibiotikaresistenzen im Fluss ist. In vielen Kläranlagen, so auch in Münchwilen, durchläuft der Überlauf zumindest einen Sedimentationsprozess, bevor er in den Fluss eingeleitet wird. Dennoch waren die Antibiotikaresistenzen nach der Sedimentation immer noch sehr hoch.



**Einsatz eines automatischen Probenehmers im Abwassereinzugsgebiet bei Regenwasserereignissen.
(Quelle: Eawag)**

Wir waren überrascht, dass der erhöhte Gehalt an Antibiotikaresistenzgenen im Fluss noch eine ganze Weile (22 Stunden) anhielt, selbst nachdem der Sturm abgezogen war. Zwar gibt es entlang des Flusses keine weiteren Kläranlagen, doch flussaufwärts gibt es viele Einleitungsstellen, an denen Mischwasserüberläufe den Fluss verunreinigen können. Dies bedeutet, dass mit Antibiotikaresistenzen kontaminiertes Abwasser an verschiedenen Stellen in den Fluss gelangt ist und die Einträge flussabwärts zu unseren Probenahmestellen transportiert wurden.

Wir wiesen auch multiresistente Bakterien nach, d. h. Bakterien, die gegen mehrere Arten von Antibiotika resistent sind. Viele der in unseren Proben gefundenen genetischen Fragmente enthielten mehrere Antibiotikaresistenzgene. Diese Fragmente waren in Überlauf- und damit verunreinigtem Flusswasser besonders reichlich vorhanden. Daher steigt das Risiko einer Exposition der Bevölkerung gegenüber antibiotikaresistenten und sogar multiresistenten Bakterien während und nach starkem Niederschlag. Wir fanden auch heraus, dass ein grosser Teil der multiresistenten genetischen Fragmente mit Plasmiden verbunden war - kleinen DNA-Molekülen, die zwischen Bakterien übertragen werden können. Diese multiresistenten Plasmide könnten in der Umwelt verbleiben.



Bildlegende: Ein Beispiel für gezüchtete multiresistente Bakterien aus einem Abwasser-Bypass.

nt plants to receiving rivers during stormwater events, where it may contribute to increased levels of antibiotic resistance genes (ARGs) and multi-resistance risk factors (multi-resistant bacteria and multi-resistance genomic determinants (MGDs)) in the receiving water. Other contamination sources, such as soil runoff and resuspended river sediment could also play a role during stormwater events. Here we report on stormwater event-based sampling campaigns to determine temporal dynamics of ARGs and multi-resistance risk factors in bypass, treated effluent, and the receiving river, as well as complementary data on catchment soils and surface sediments. Both indicator ARGs (qPCR) and resistome (ARG profiles revealed by metagenomics) indicated bypass as the main contributor to the increased levels of ARGs in the river during stormwater events. Furthermore, we showed for the first time that the risk of exposure to bypass-borne multi-resistance risk factors increase under stormwater events and that many of these MGDs were plasmid associated and thus potentially mobile. In addition, elevated resistance risk factors persisted for some time (up to 22 h) in the receiving water after stormwater events, likely due to inputs from distributed overflows in the catchment. This indicates temporal dynamics should be considered when interpreting the risks of exposure to resistance from event-based contamination. We propose that reducing bypass from wastewater treatment plants may be an important intervention option for reducing dissemination of antibiotic resistance.' (1652 chars) serialnumber => protected'0043-1354' (9 chars) doi => protected'10.1016/j.watres.2021.117827' (28 chars) uid => protected23890 (integer) _localizedUid => protected23890 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected23890 (integer)modified pid => protected124 (integer) Lee, J.; Beck, K.; Bürgmann, H. (2022) Wastewater bypass is a major temporary point-source of antibiotic resistance genes and multi-resistance risk factors in a Swiss river, *Water Research*, 208, 117827 (12 pp.), doi:10.1016/j.watres.2021.117827, [Institutional Repository](#)

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0043135421010216?via%3Dihub>

Finanzierung

Die Studie wurde vom Schweizerischen Nationalfonds im Rahmen des Nationalen Forschungsprogramms NFP72 «Antimikrobielle Resistenz» mit der Förderungsnummer 407240_167116 finanziell unterstützt.

Links

Eawag-Faktenblatt zur Verbreitung von Antibiotikaresistenzen im Wasser

Eawag-Projekt: Antibiotikaresistenzen als Umweltkontamination

Nationales Forschungsprogramm NFP72 – Antimikrobielle Resistenz



Der Artikel wurde ursprünglich von [Water Science Policy](#) veröffentlicht.

Kontakt



Helmut Buergmann

Gruppenleiter Mikrobielle Ökologie

Tel. +41 58 765 2165

helmut.buergmann@eawag.ch



Karin Beck

Tel. +41 58 765 2150

karin.beck@eawag.ch



Bärbel Zierl

Wissenschaftsredaktorin

Tel. +41 58 765 6840

baerbel.zierl@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/bei-ueberlasteter-kanalisation-gelangen-antibiotikaresistente-bakterien-in-fluesse>