

Austrian Center of Water Analysis

Mikrobiologische Forschung im Austrian Center for
Water Analysis (COMET Projekt ACWA)

BOKU University

Patrick Arthofer, Zwirzitz Benjamin, Fürnwein Lukas, Ertl Thomas, Konrad Domig



Klimakrise: Zu wenig Wasser



Quelle: <https://www.dvgw.de/blog/wasser/was-bedeutet-die-zunehmende-trockenheit-fuer-unser-trinkwasser>

Klimakrise: Zu viel Wasser

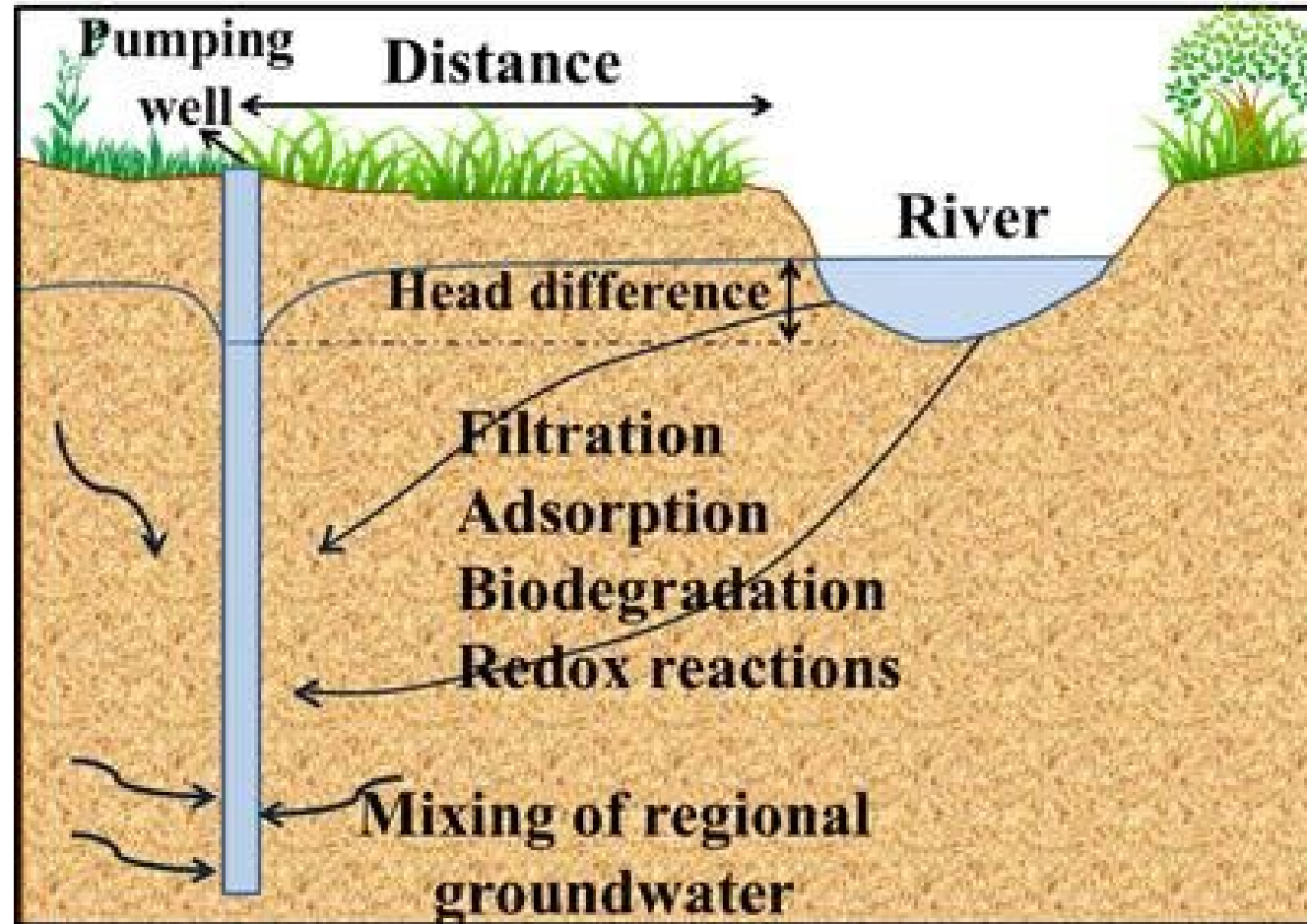


Quelle: <https://www.eskp.de/naturgefahren/hochwasser-ist-klimawandel-schuld-935303/>

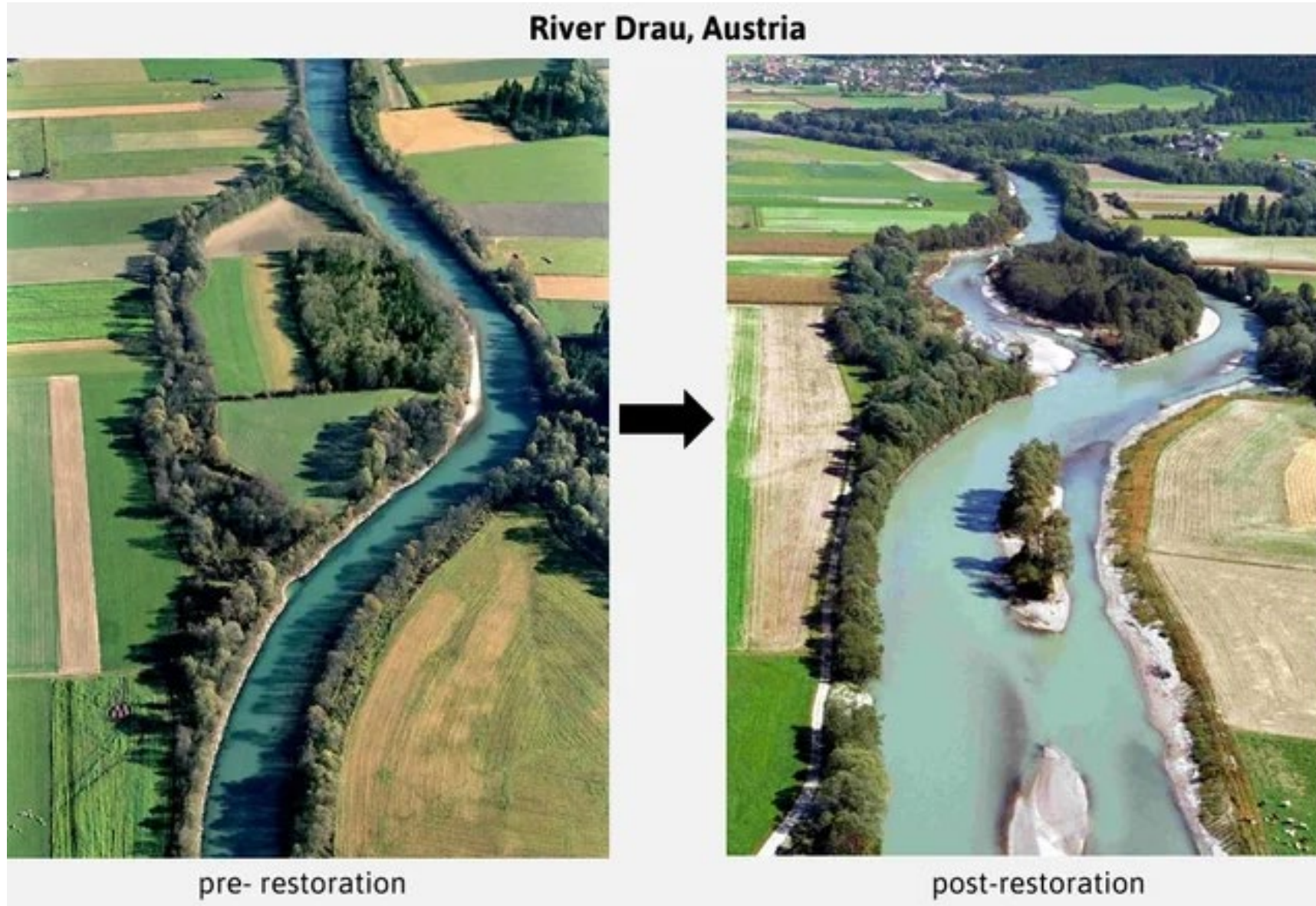
COMET Projekt ACWA

- Untersuchung der Effekte von **Uferfiltration** und **Flussrenaturierung** auf die Wasserqualität
- Monitoring von Schadstoffen, Mikro- und Nanoplastik, Mikroorganismen und ökologischen Indikatoren
- Entwicklung einer **Toolbox für Wasserversorger (Labor 4.0)** Beitrag zur sicheren Trinkwasserversorgung und nachhaltigen Wasserwirtschaft

Uferfiltration um Trinkwasser aus Flüssen zu generieren

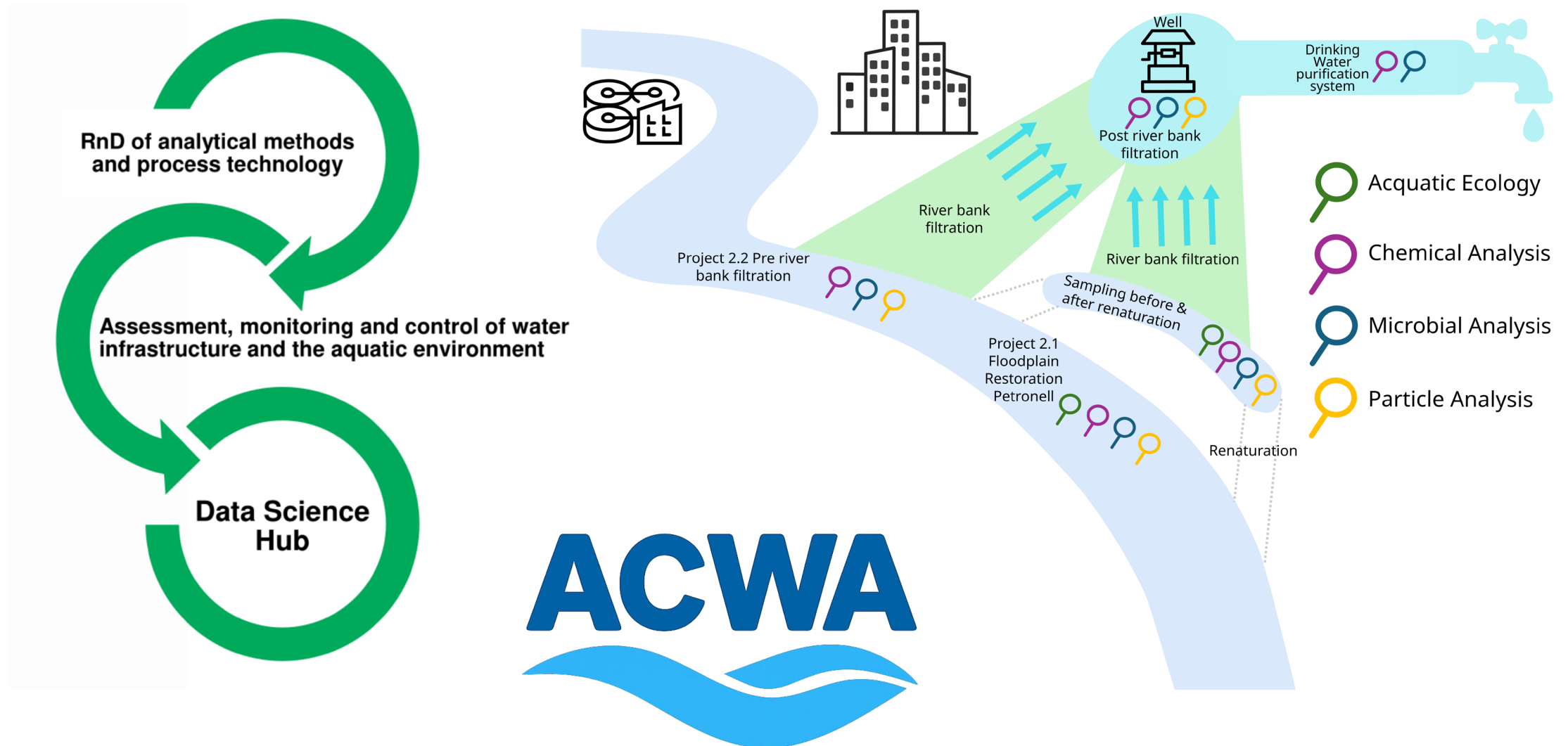


Renaturierung, gibt einen Schutz bei Starkregenereignissen



https://www.reddit.com/r/megafaunarewilding/comments/mebljl/a_partial_river_restoration_in_austria_according/

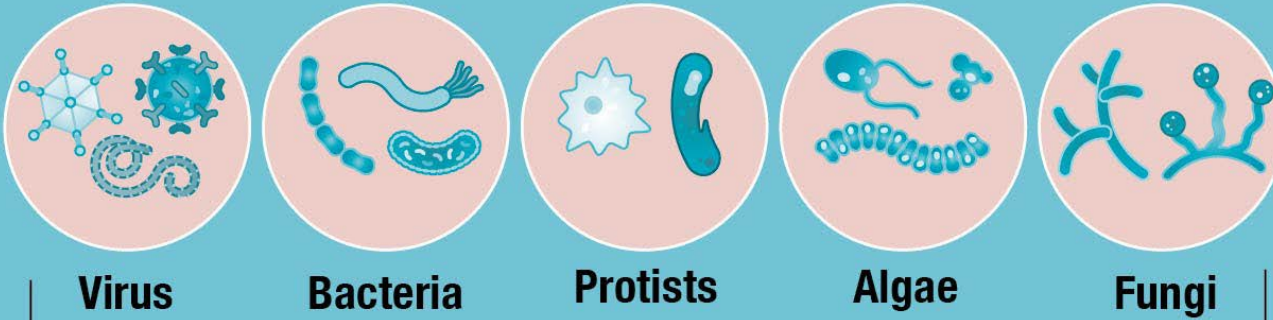
ACWA: Uferfiltrations- und Renaturierungsmonitoring



Das Mikrobiom prägt die menschliche Gesundheit...

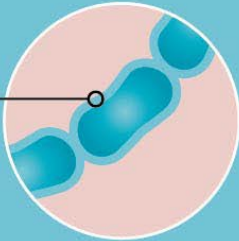
Microbes, microbiota, microbiomes?

MICROBES



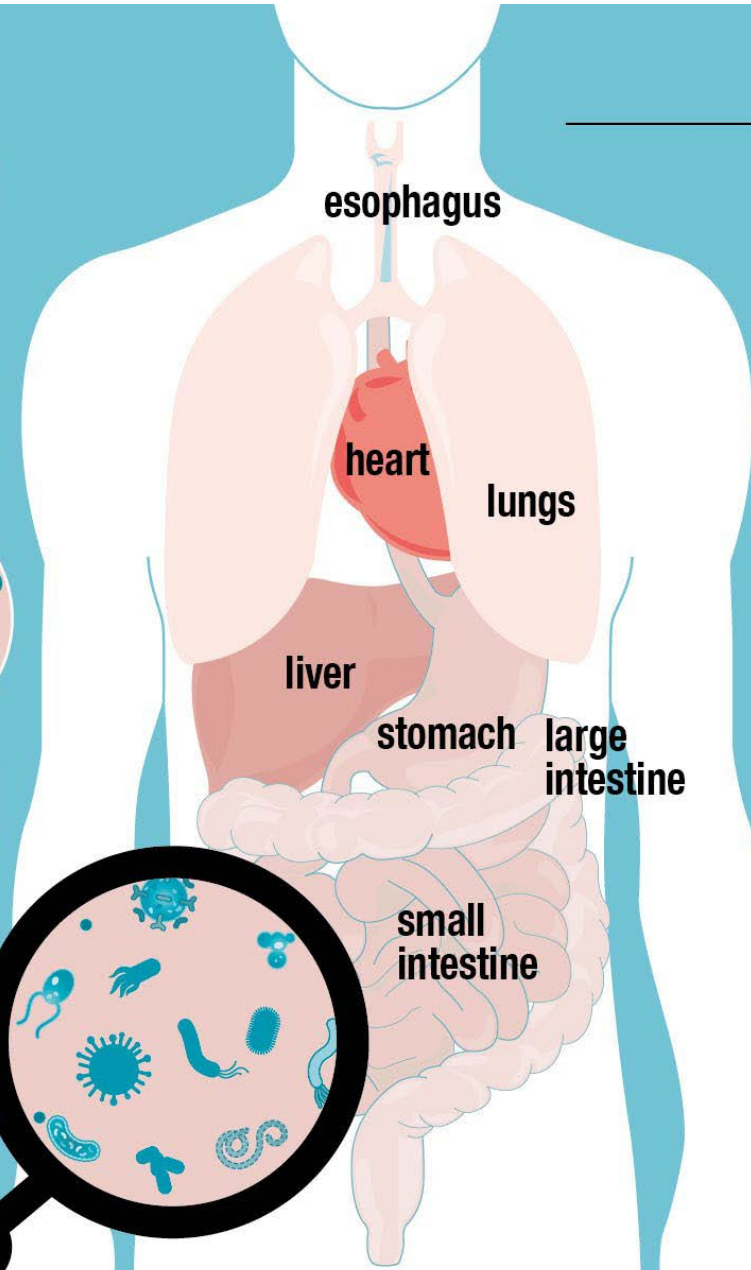
MICROBIOMES

The genetic material present in all these micro-organisms forms the microbiome

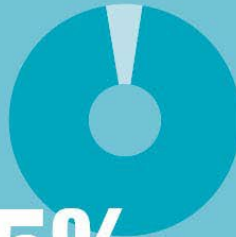


MICROBIOTA

= microbes living in and around the intestines



Gastro-intestinal tract

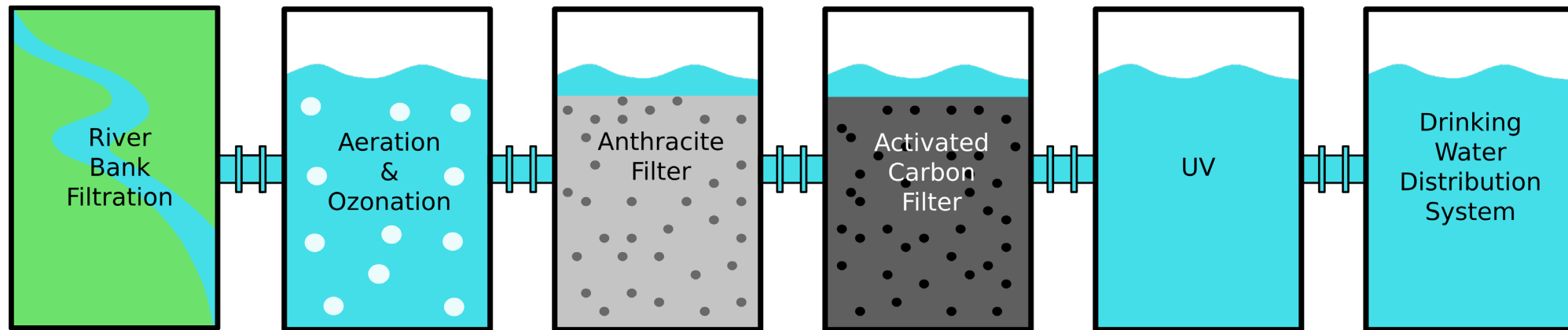


95%

of our bacteria are located in the **Gastro-intestinal tract**

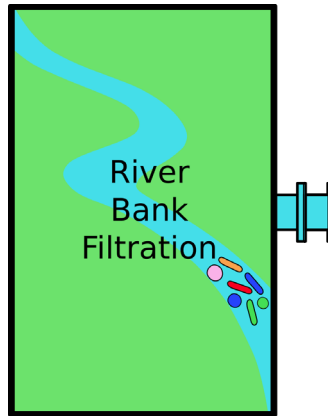
...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

Trinkwasseraufbereitungsanlage



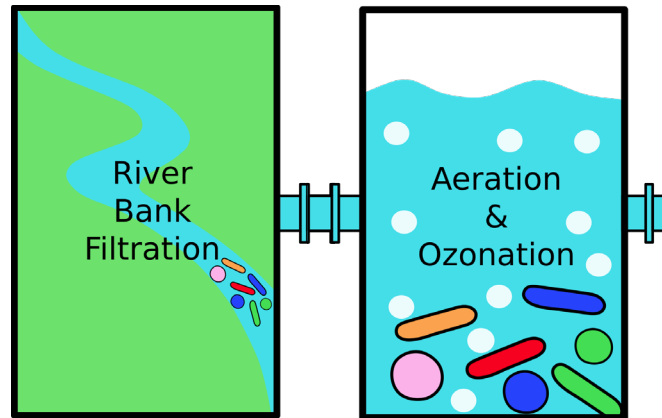
...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

Trinkwasseraufbereitungsanlage



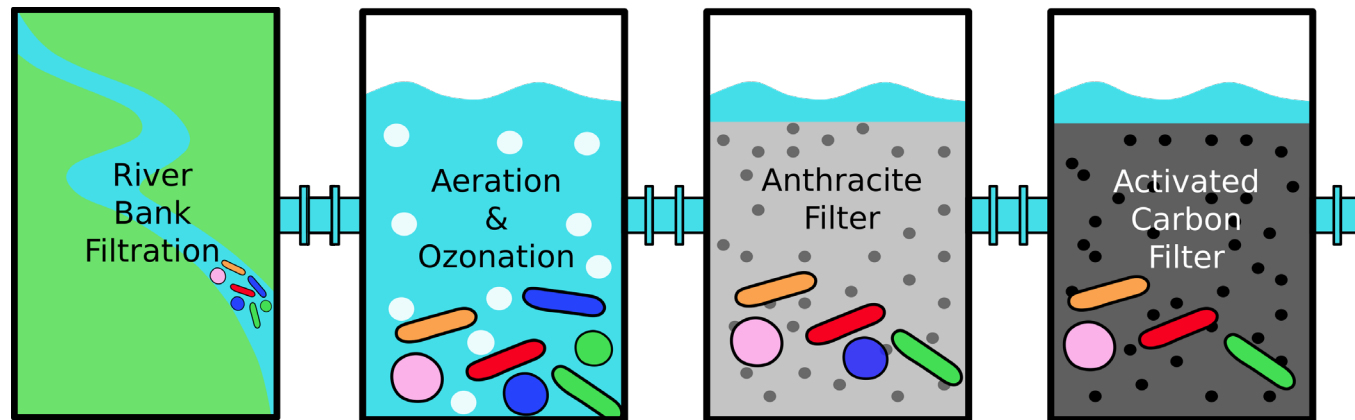
...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

Trinkwasseraufbereitungsanlage



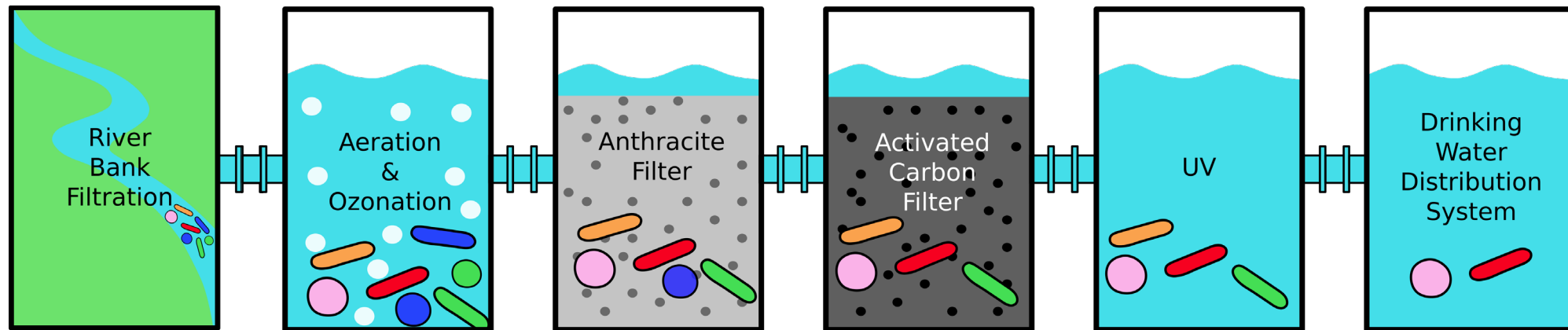
...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

Trinkwasseraufbereitungsanlage



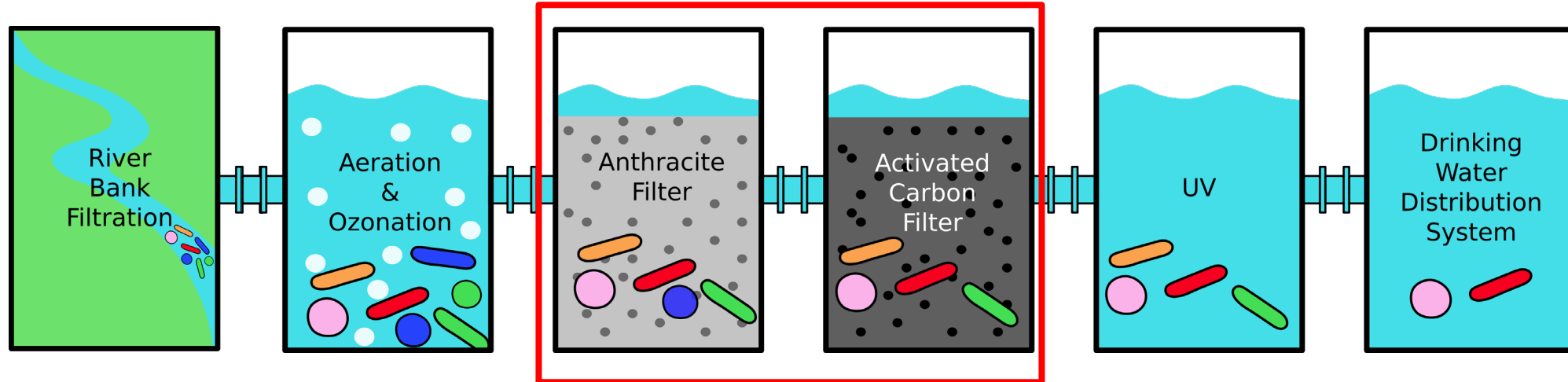
...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

Trinkwasseraufbereitungsanlage



...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

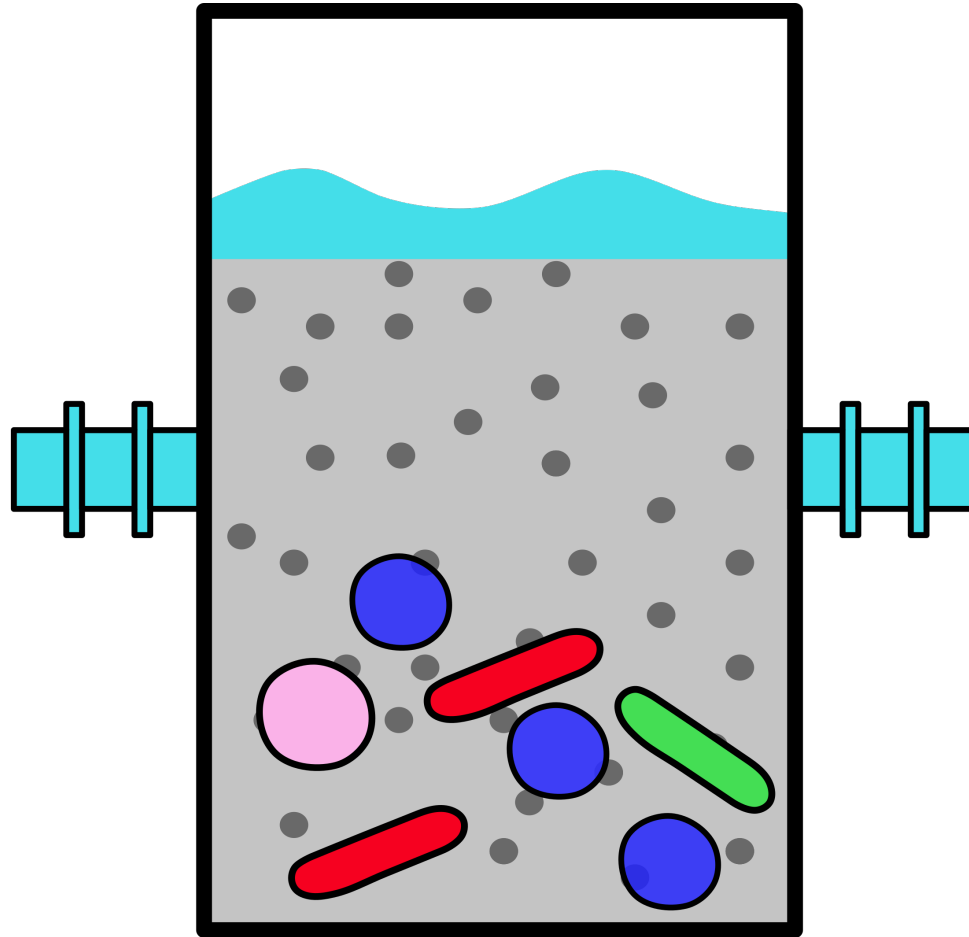
Trinkwasseraufbereitungsanlage



...und die Funktionalität & Stabilität technischer Systeme

Mikroben im Filter:

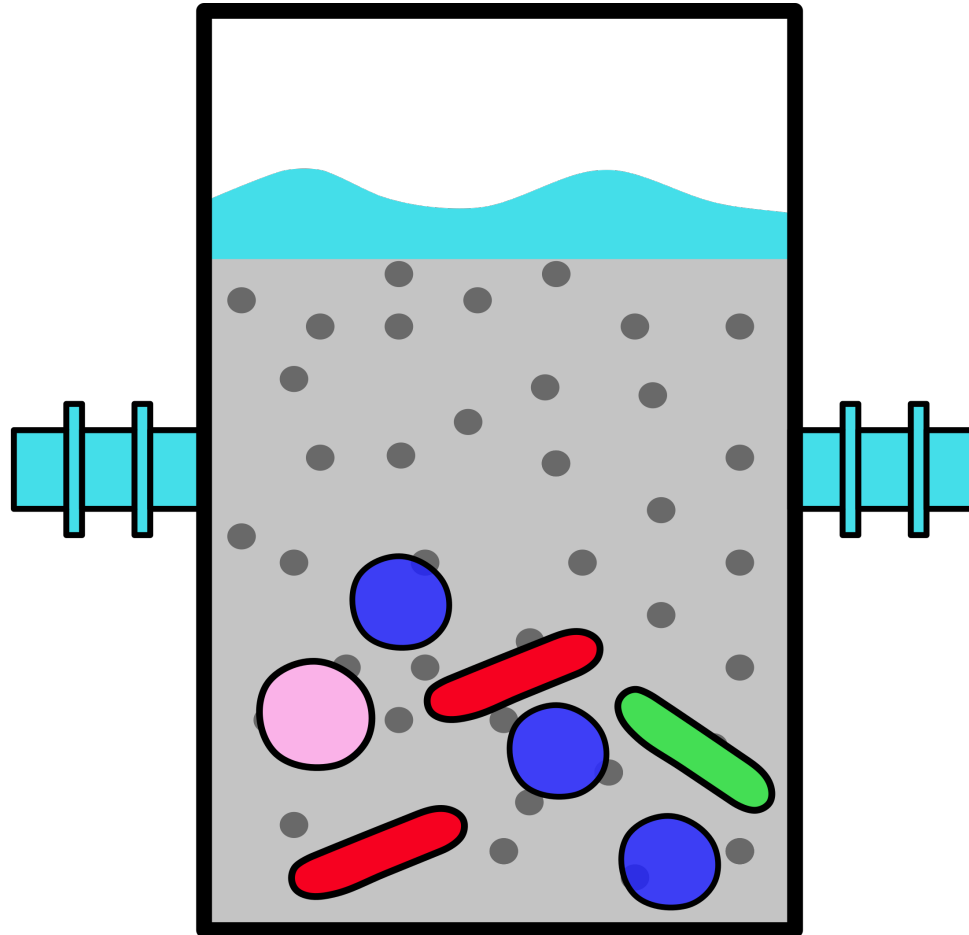
- Entfernung von Kohlenstoff
- Entfernung von Geschmacks- & Geruchsstoffen
- Entfernung von Verunreinigungen
- Wenn harmlose Kommensalen den Filter besiedeln
→ keine Krankheitserreger



Um einen stabilen Prozess zu ermöglichen, Kann das Mikrobiom überwacht werden

Mikroben im Filter:

- Entfernung von Kohlenstoff
- Entfernung von Geschmacks- & Geruchsstoffen
- Entfernung von Verunreinigungen
- Wenn harmlose Kommensalen den Filter besiedeln
→ keine Krankheitserreger



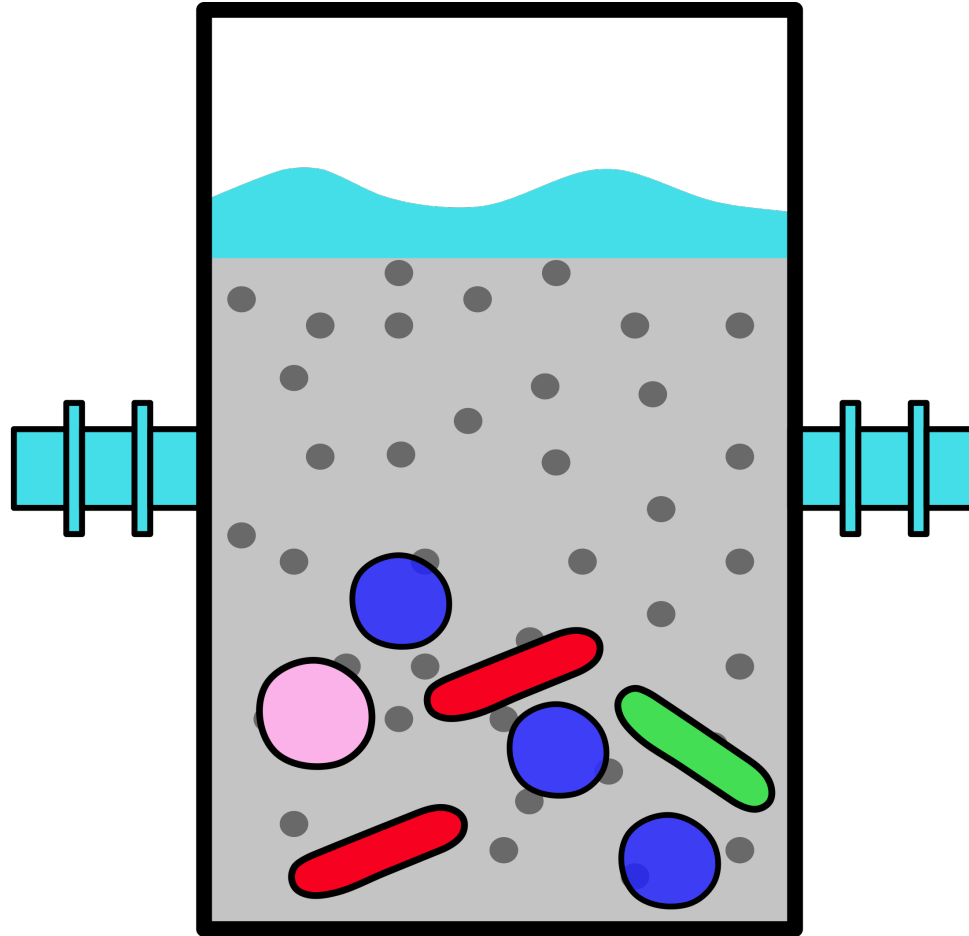
Ziel ist es, einen Prozessüberwachungs-

parameter zu etablieren, um die Stabilität des Mikrobioms zu verfolgen

Um einen stabilen Prozess zu ermöglichen, kann das Mikrobiom überwacht werden

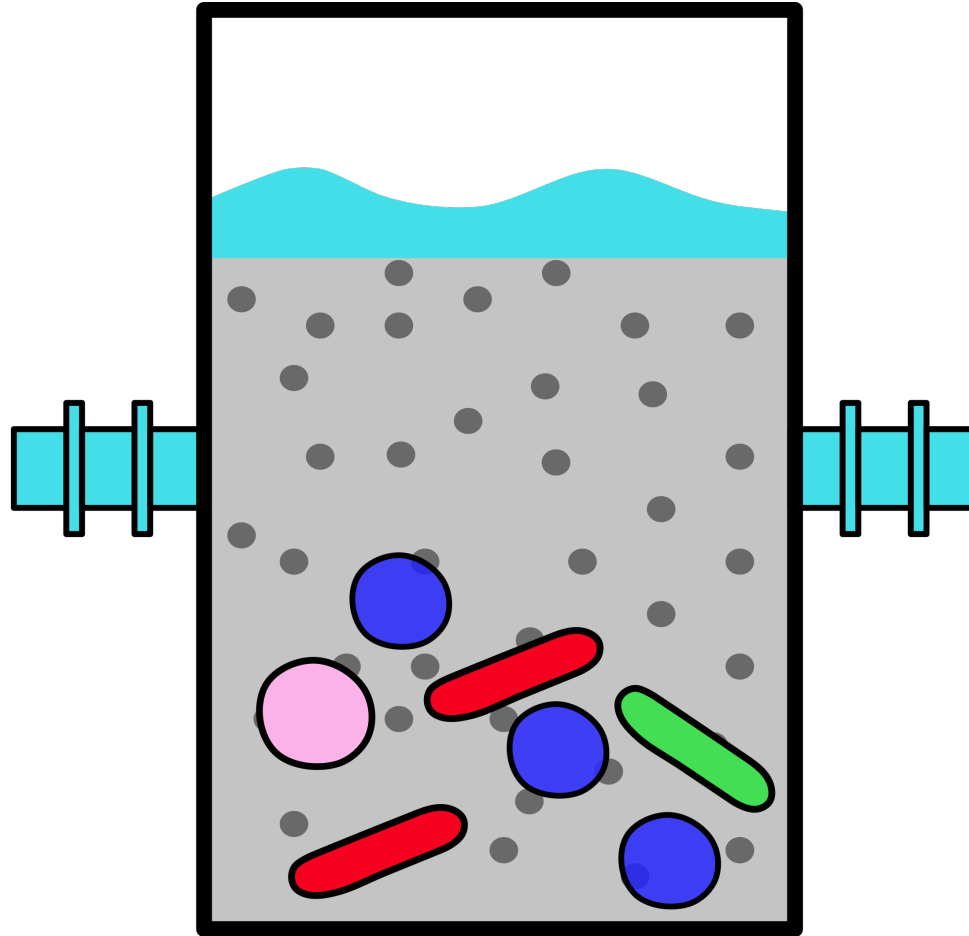
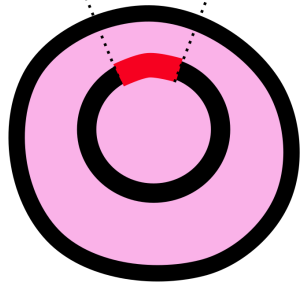
Mikroben im Filter:

- Entfernung von Kohlenstoff
- Entfernung von Geschmacks- & Geruchsstoffen
- Entfernung von Verunreinigungen
- Wenn harmlose Kommensalen den Filter besiedeln
→ keine Krankheitserreger



Das Kernmikrobiom des Filters mit 16S rRNA-Amplikonsequenzierung bestimmen

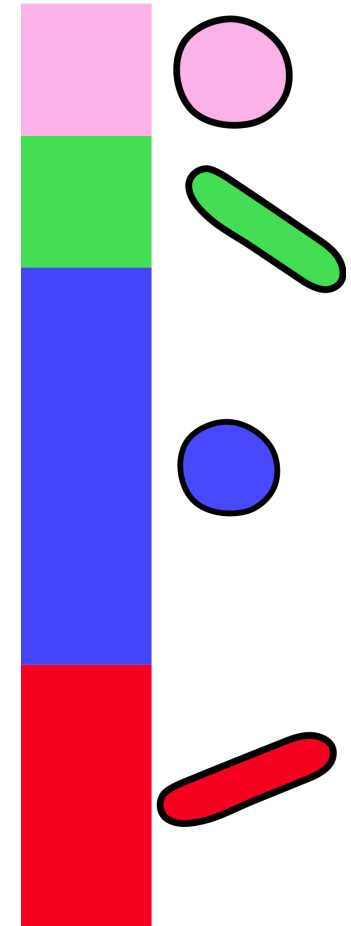
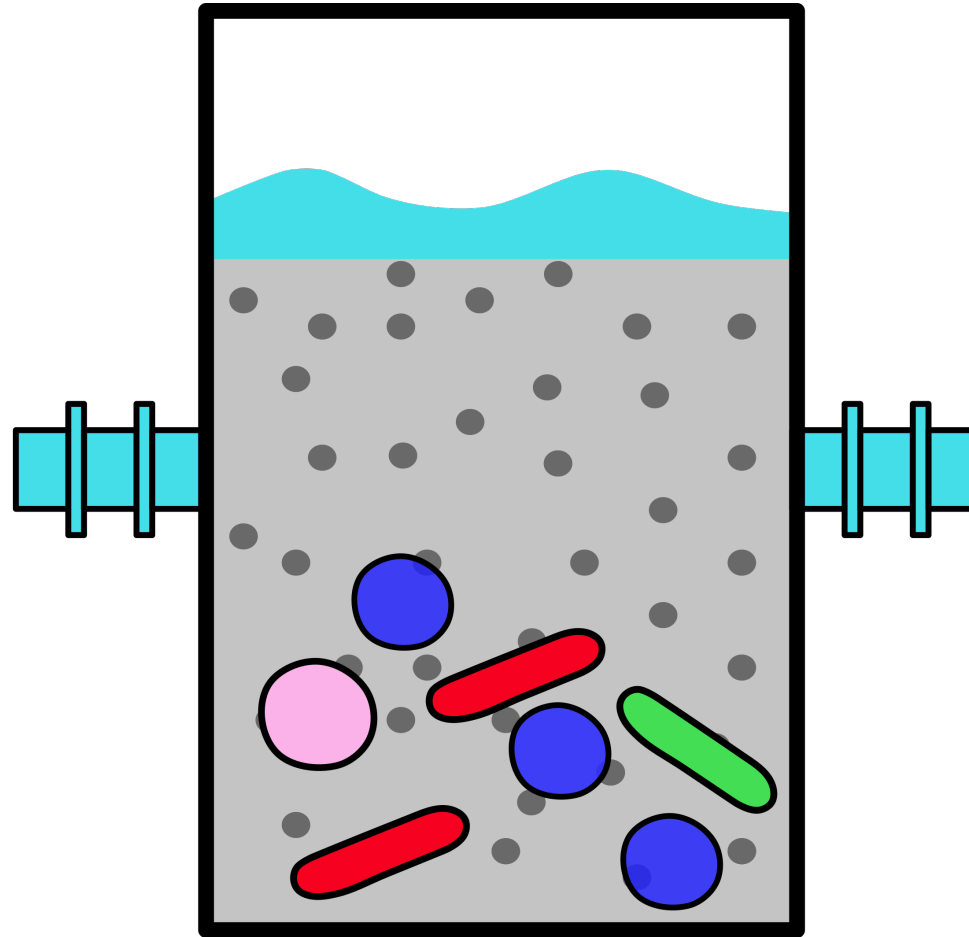
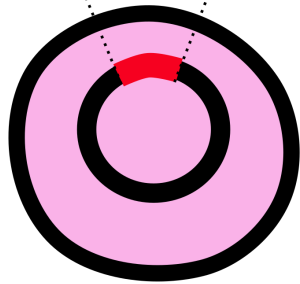
16S rRNA Gen



Barcoding enthüllt das Mikrobiom!

Das Kernmikrobiom des Filters mit 16S rRNA-Amplikonsequenzierung bestimmen

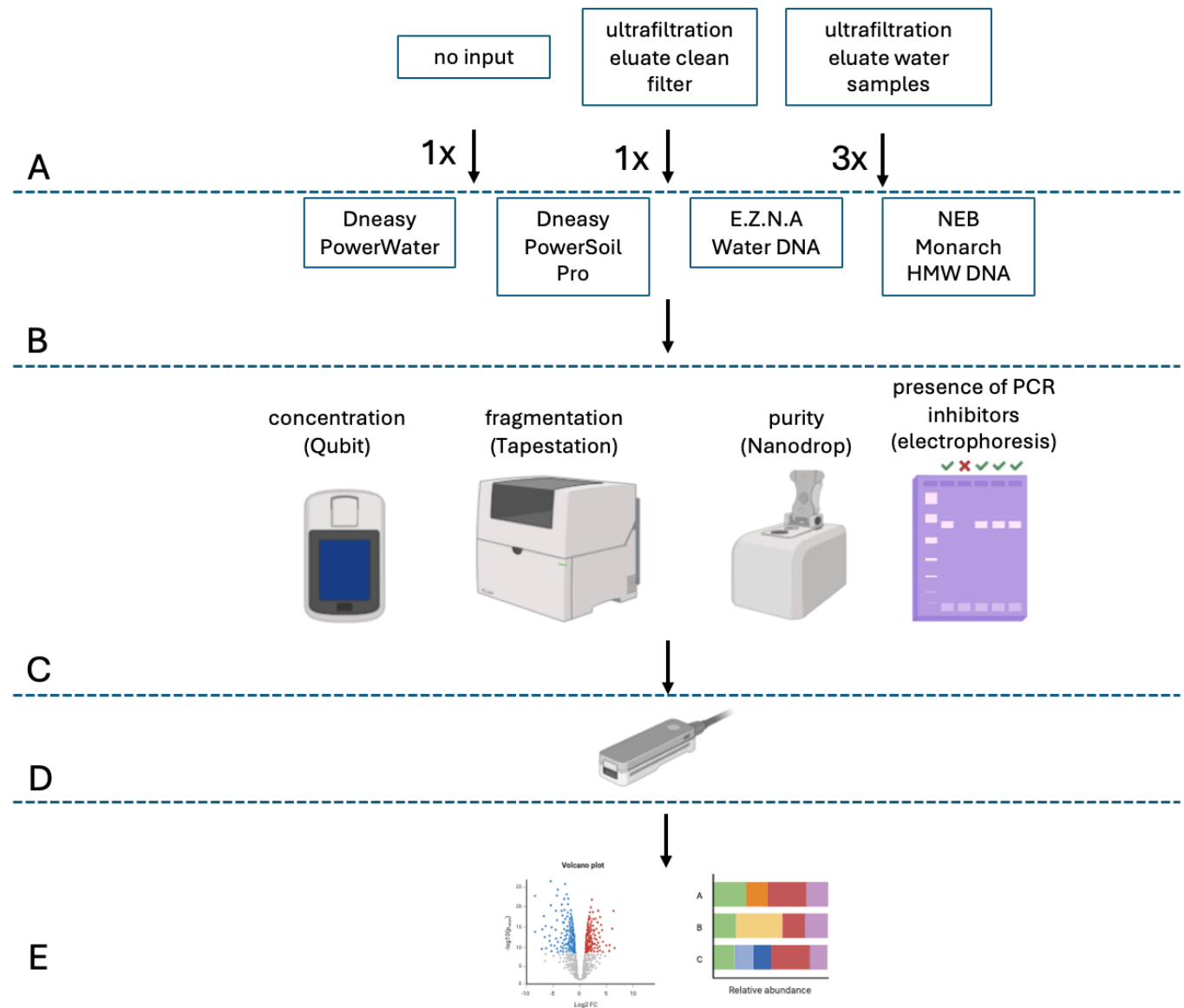
16S rRNA Gen



Arbeitsablauf um zur DNA zu kommen



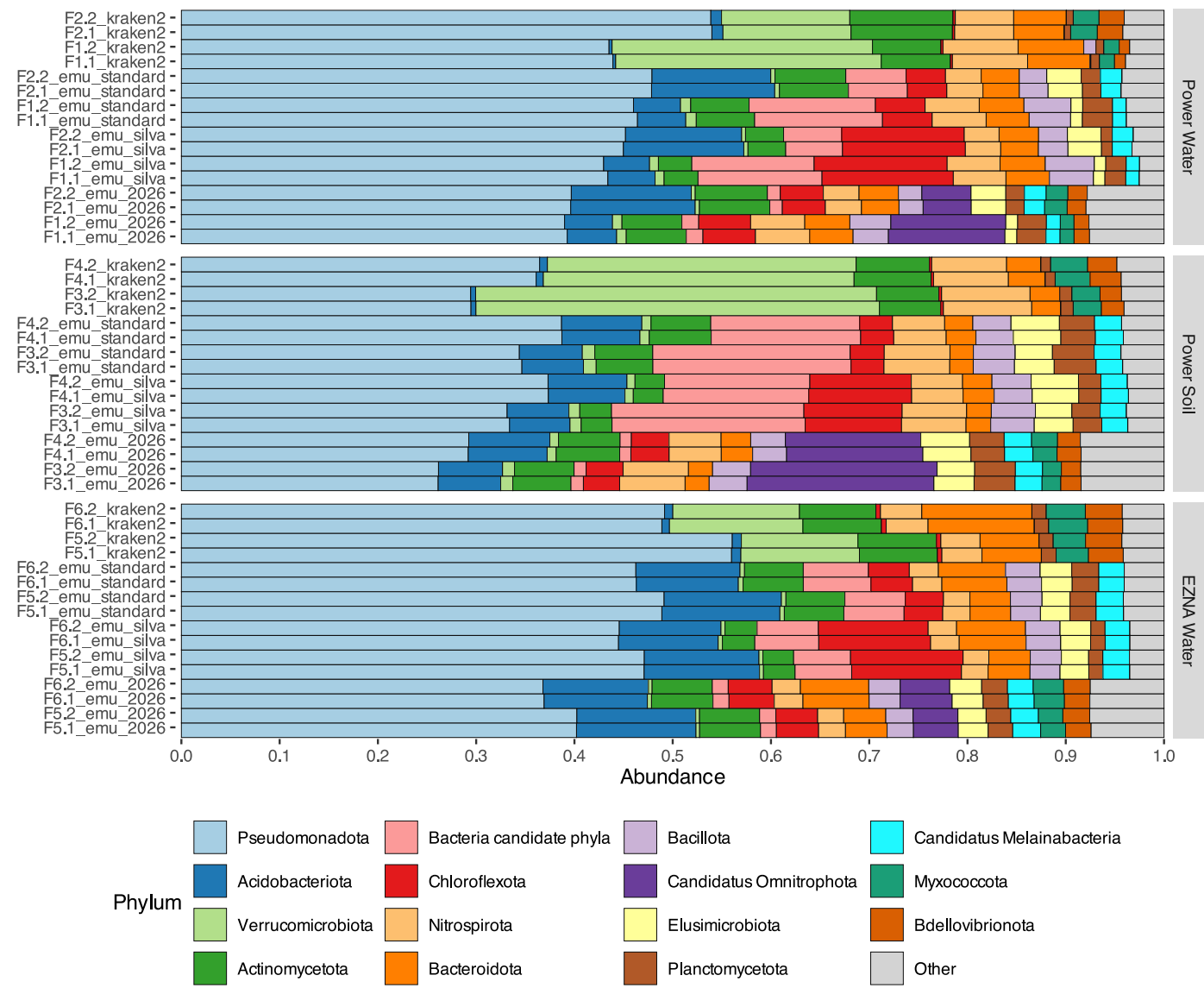
Lukas Fürnwein



Verschiedene DNA-Extraktionsmethoden liefern leicht unterschiedliche Ergebnisse, aber der Arbeitsablauf ist zuverlässig



Lukas Fürnwein

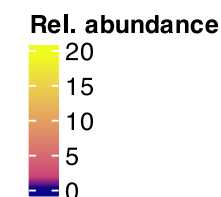


Die häufigsten Mikroorganismen:

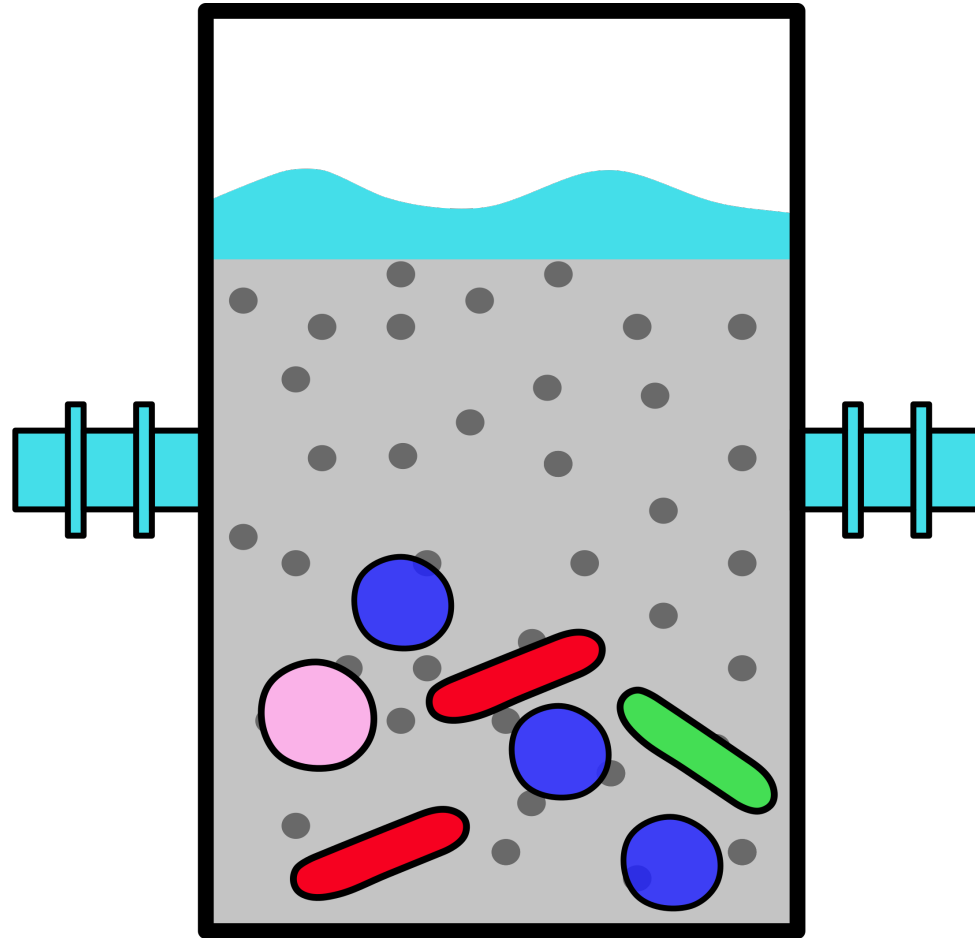


Lukas Fürnwein

1.44	1.47	0.65	0.65	1.91	1.87	1.40	1.45	0.61	0.60	0.60	0.62	<i>Candidatus Kuenenia</i>
3.73	3.76	4.81	4.98	3.82	3.85	4.70	4.43	4.15	4.15	4.18	4.06	<i>Candidatus Planktophila</i>
11.86	11.70	4.89	5.00	19.01	18.97	13.87	13.78	4.56	4.56	5.30	5.04	<i>Candidatus Velamenicoccus</i>
0.22	0.22	1.15	1.16	1.18	1.09	1.61	1.58	0.93	0.86	1.04	1.07	<i>Elusimicrobium</i>
0.87	0.87	2.12	2.10	2.57	2.42	2.89	3.02	1.85	1.76	1.86	1.91	<i>Endomicrobium</i>
0.97	0.95	1.29	1.35	0.91	0.92	1.15	1.16	1.66	1.74	1.67	1.71	<i>Ferrigenium</i>
1.43	1.51	0.90	0.88	0.53	0.56	0.55	0.49	1.18	1.17	3.09	3.21	<i>Flavobacterium</i>
2.31	2.39	1.70	1.74	1.30	1.26	1.13	1.14	1.32	1.32	1.34	1.18	<i>Georgfuchsia</i>
5.59	5.51	6.48	6.52	3.05	2.97	4.38	4.32	5.47	5.30	5.03	4.88	<i>Limnohabitans</i>
0.47	0.47	1.18	1.10	0.89	0.91	0.96	1.03	1.65	1.69	1.33	1.41	<i>Luteitalea</i>
3.91	3.76	2.15	2.21	0.74	0.72	0.57	0.58	0.77	0.75	1.29	1.27	<i>Methyлотenera</i>
1.27	1.24	1.68	1.70	1.42	1.45	1.68	1.70	1.59	1.60	1.59	1.66	<i>Nitrosospira</i>
4.25	4.22	2.51	2.55	4.97	4.96	3.69	3.79	1.79	1.72	1.91	1.89	<i>Nitrospira</i>
0.39	0.39	0.99	0.96	0.91	0.86	1.27	1.17	1.42	1.46	1.45	1.52	<i>Oligoflexus</i>
1.62	1.54	1.98	1.93	1.17	1.16	1.57	1.54	2.10	2.08	2.17	2.20	<i>Polaromonas</i>
5.17	5.18	4.75	4.90	1.76	1.79	1.85	1.88	2.15	2.20	2.04	1.99	<i>Polynucleobacter</i>
3.26	3.31	2.04	2.11	1.73	1.79	2.65	2.63	4.53	4.67	1.98	1.92	<i>Pseudomonas</i>
2.22	2.17	3.20	3.17	1.32	1.32	2.21	2.24	3.50	3.36	3.86	3.81	<i>Rhodoferrax</i>
1.87	1.85	1.39	1.32	1.27	1.29	1.05	1.04	1.66	1.63	1.78	1.78	<i>Tepidiforma</i>
1.43	1.42	2.09	2.22	2.75	2.76	2.88	2.79	2.84	2.81	2.63	2.62	<i>Vampirovibrio</i>
3.83	3.65	8.95	8.54	4.32	4.43	5.45	5.65	8.57	8.53	7.39	7.52	<i>Vicinamibacter</i>
41.89	42.43	43.10	42.89	42.47	42.65	42.49	42.60	45.71	46.06	46.48	46.72	<i>Other</i>
F1.1_PW	F1.2_PW	F2.1_PW	F2.2_PW	F3.1_PS	F3.2_PS	F4.1_PS	F4.2_PS	F5.1_EZNA	F5.2_EZNA	F6.1_EZNA	F6.2_EZNA	

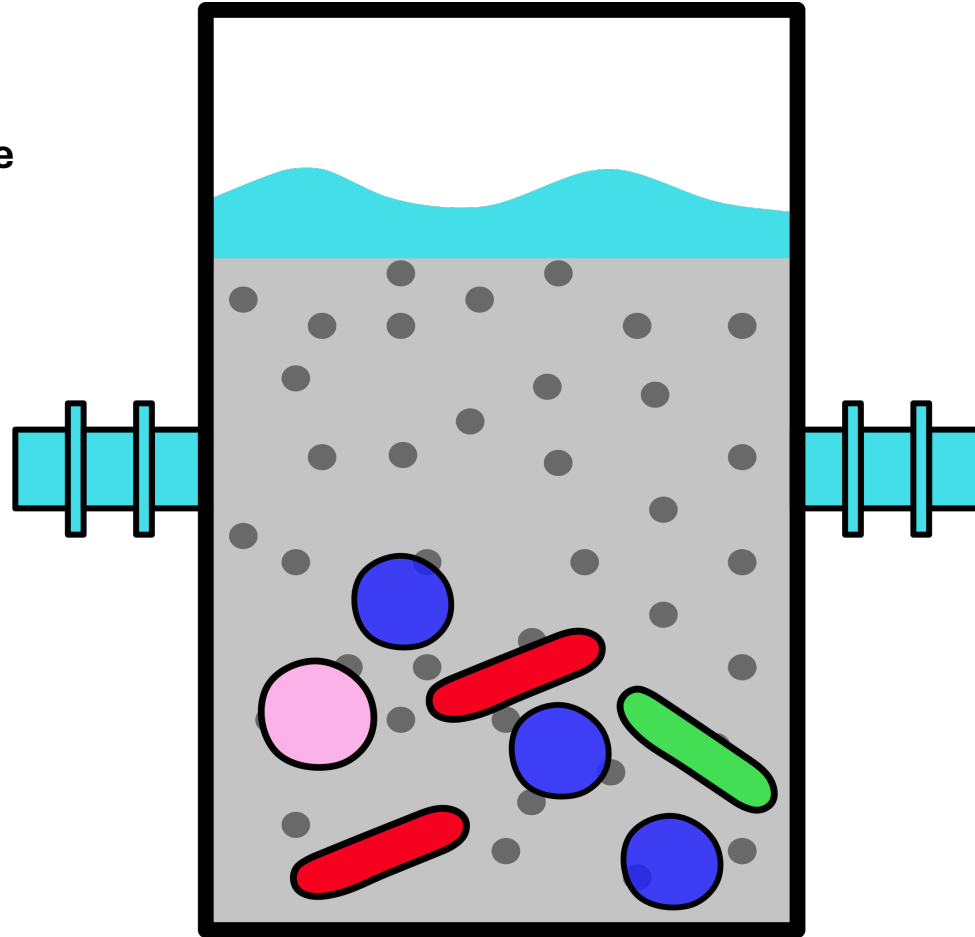
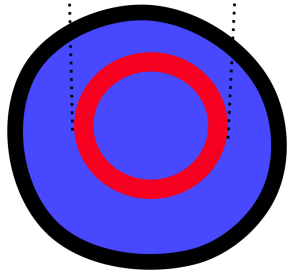


Metagenomik enthüllt das metabolische Potenzial



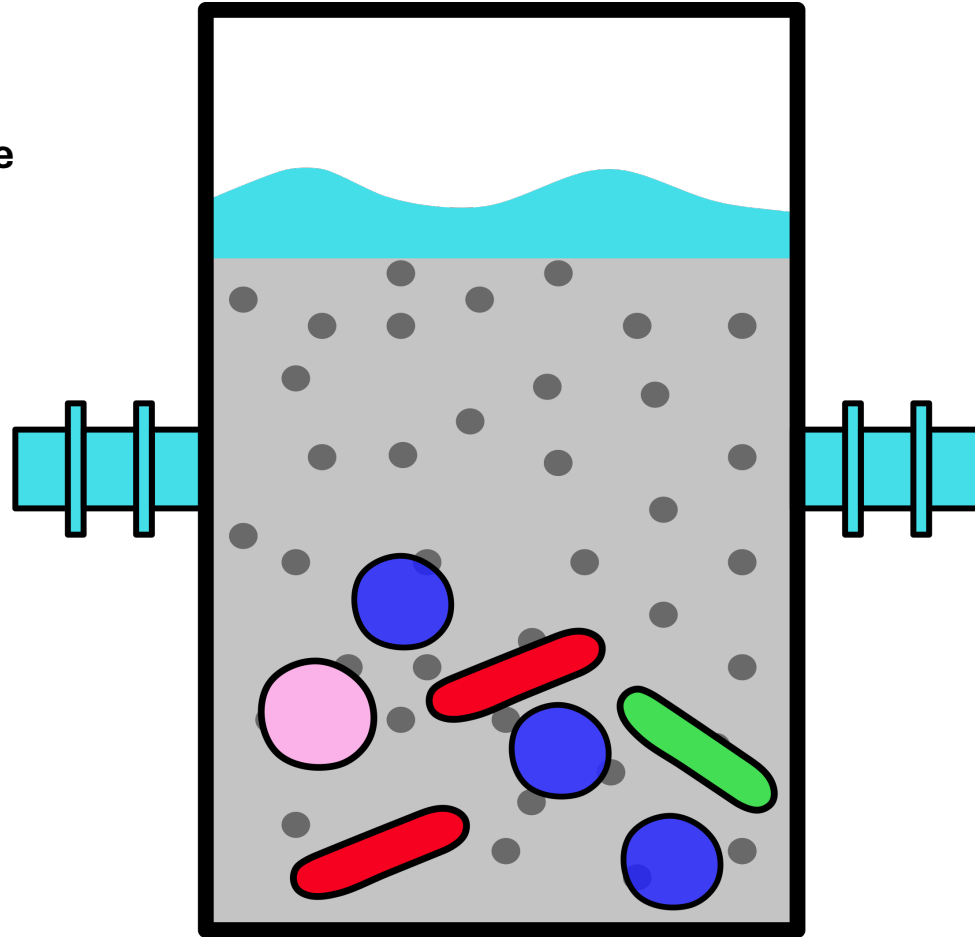
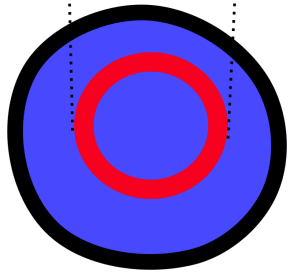
Metagenomik enthüllt das metabolische Potenzial

Vollständige Bakteriengenome

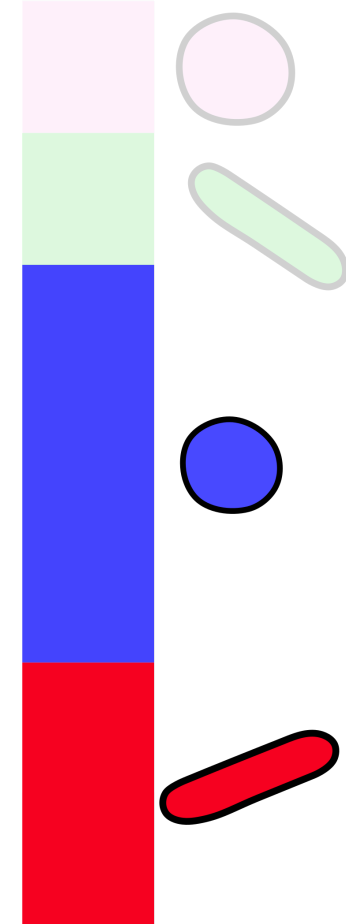


Metagenomik enthüllt das metabolische Potenzial

Vollständige Bakteriengenome

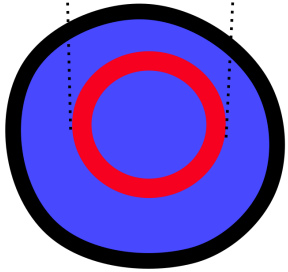


Häufigste Bakterien

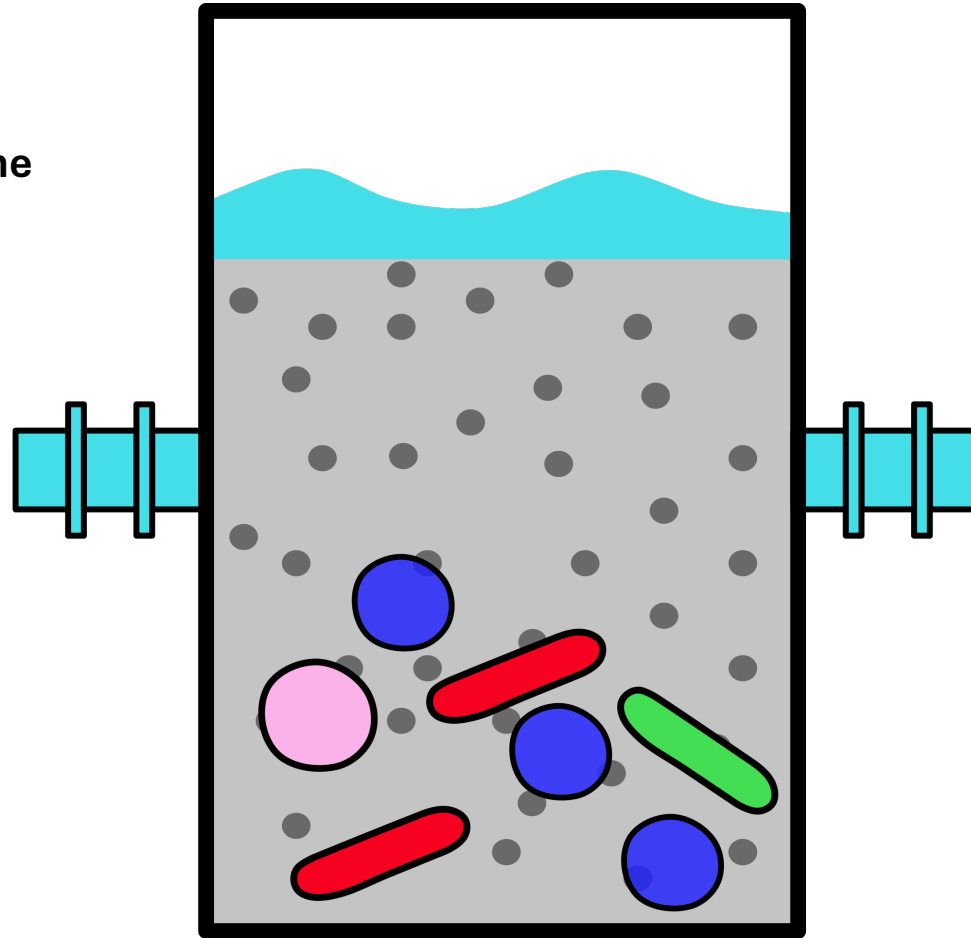


Metagenomik enthüllt das metabolische Potenzial

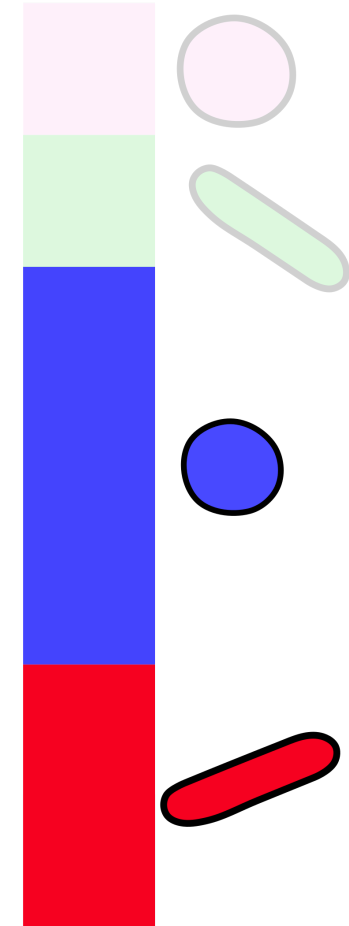
Vollständige Bakteriengenome



- Stoffwechselwege
- Mikrobielle Gilden
- Funktionelle Gene

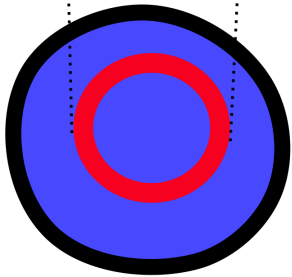


Häufigste Bakterien

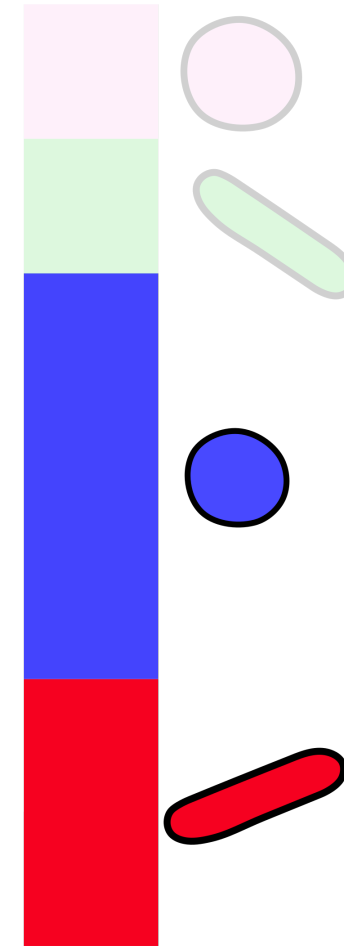
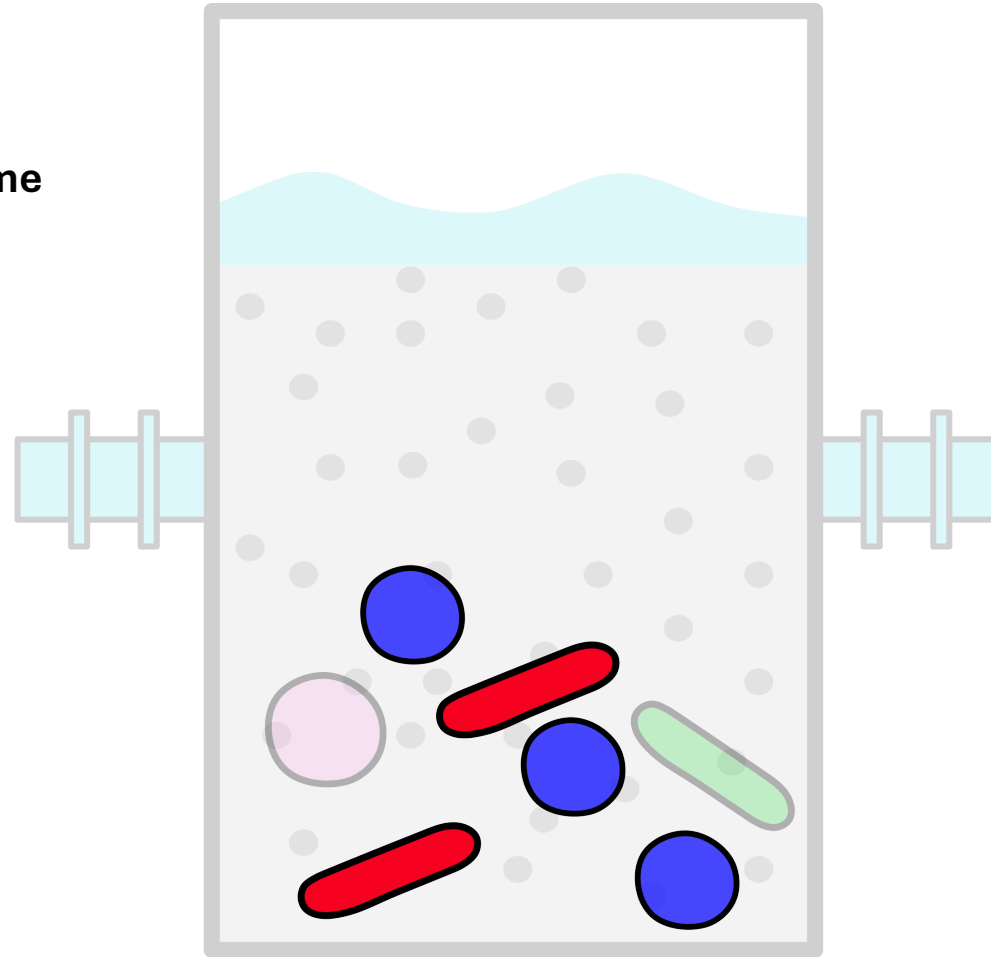


Die Kombination aus Amplikonsequenzierung & Metagenomik definiert das funktionelle Kernmikrobiom

Vollständige Bakteriengenome



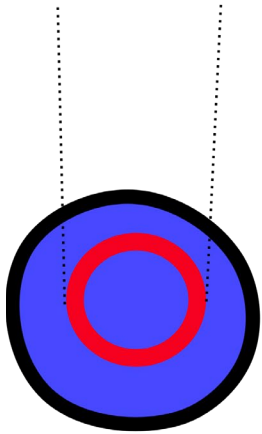
- Stoffwechselwege
- Mikrobielle Gilden
- Funktionelle Gene



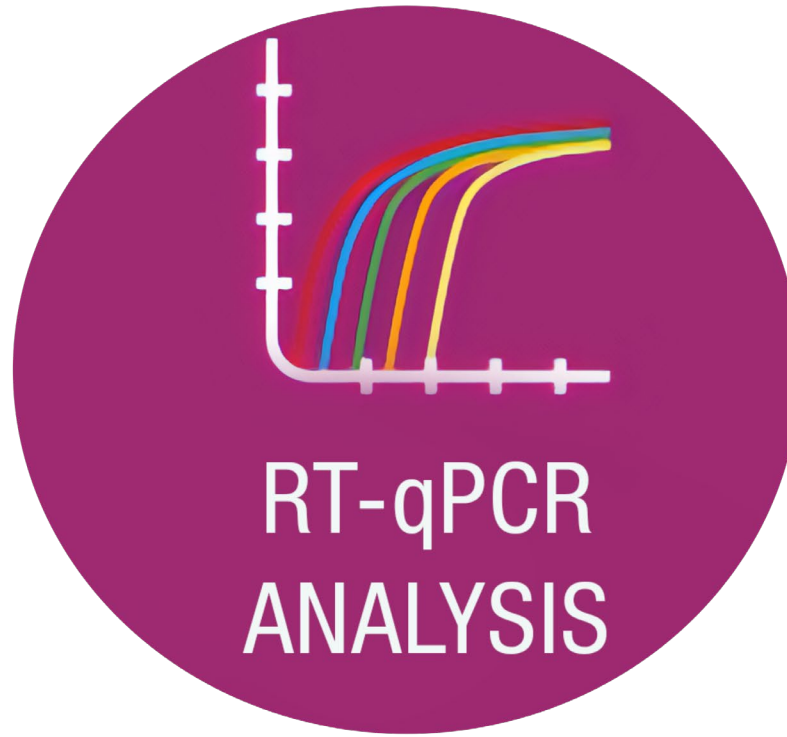
Zu allen beprobten Zeitpunkten vorhanden

Entwicklung eines qPCR-basierten Betriebs- und Prozessüberwachungsparameters für das Kernmikrobiom (Risikoprojektanteil)

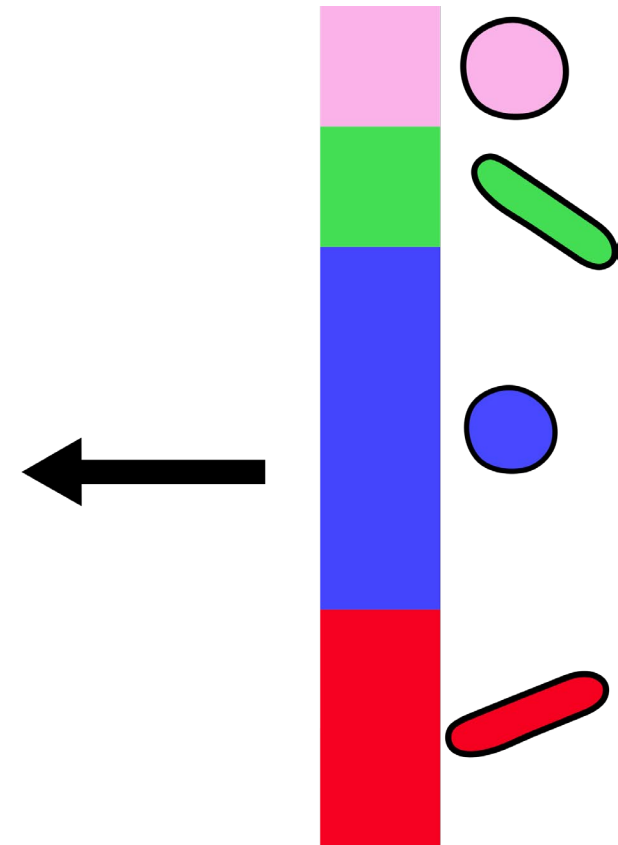
Vollständige Bakteriengenome



- Stoffwechselwege
- Mikrobielle Gilden
- Funktionelle Gene

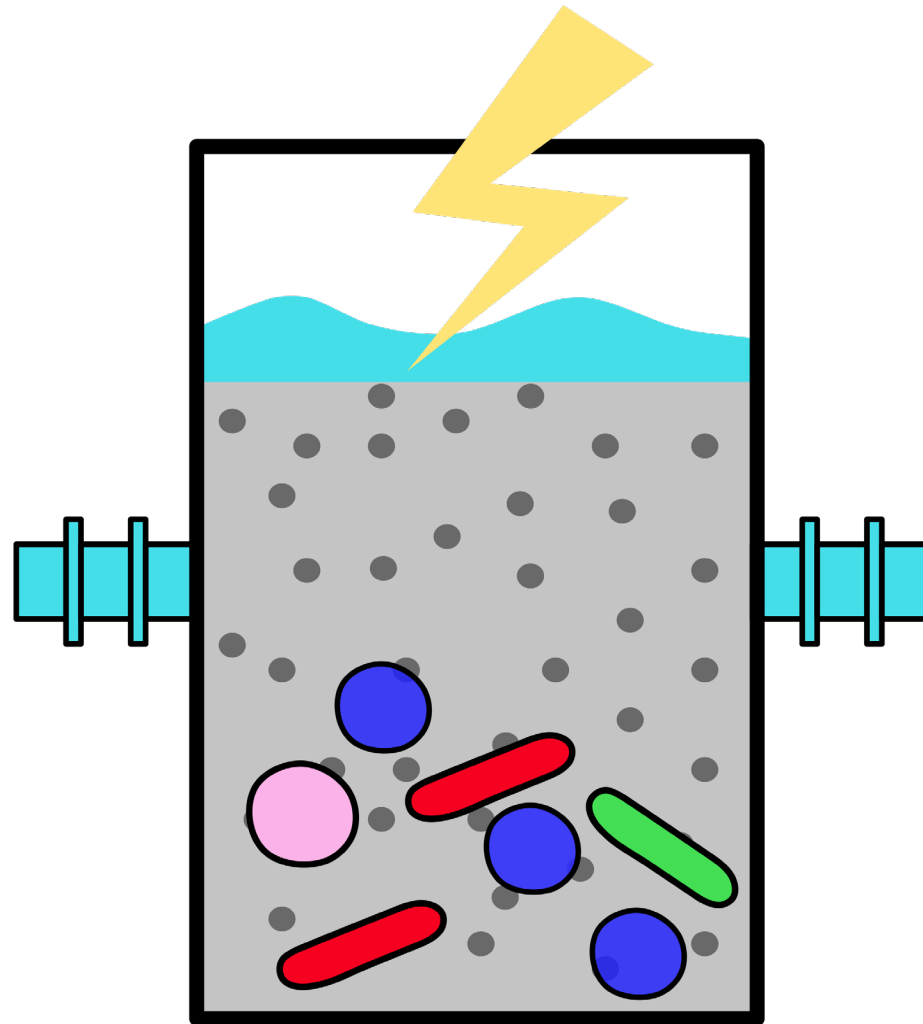


16S rRNA-Amplikonssequenzierung

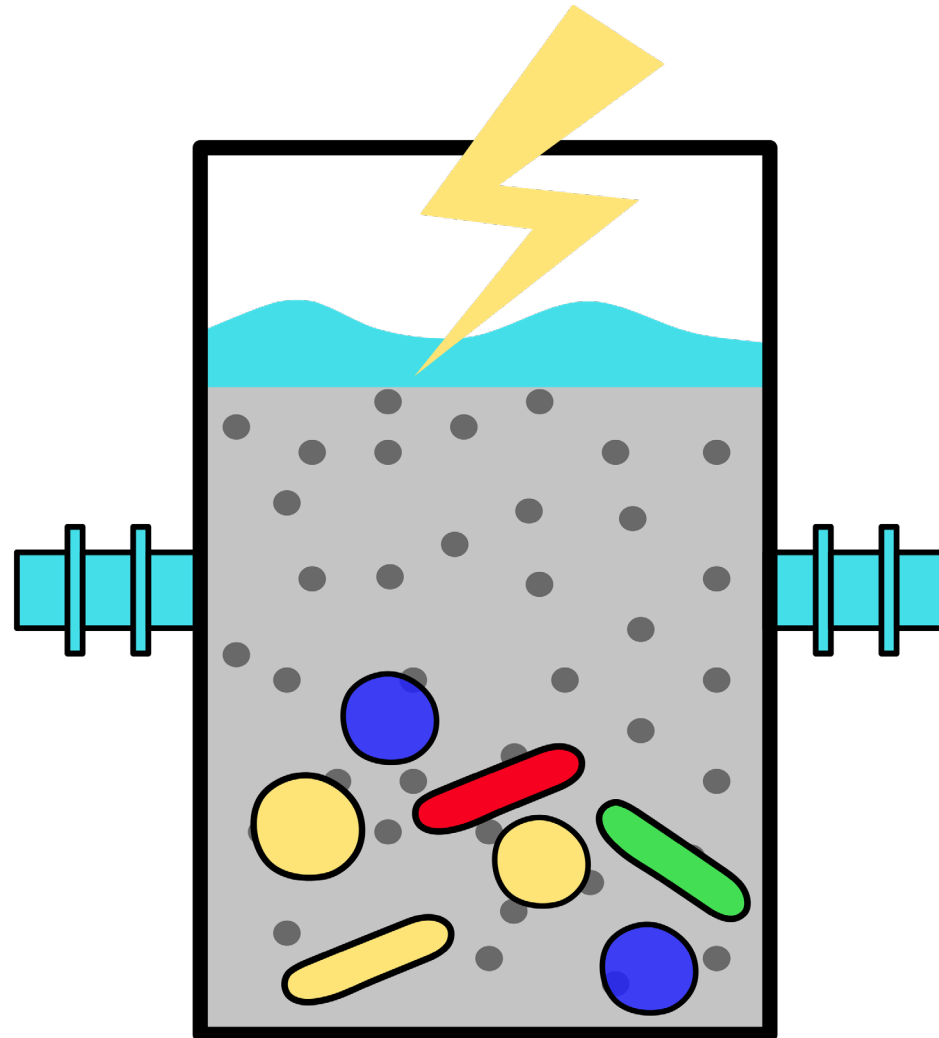


Diversität und Häufigkeiten

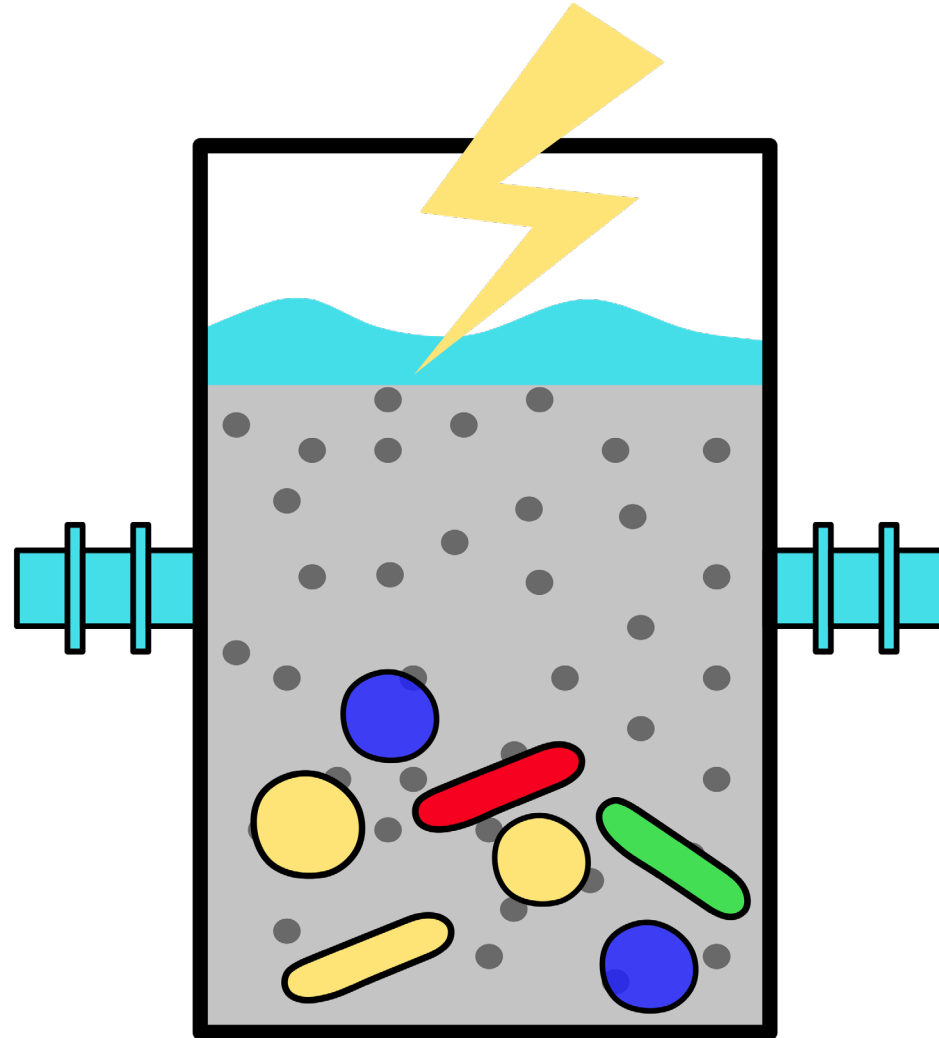
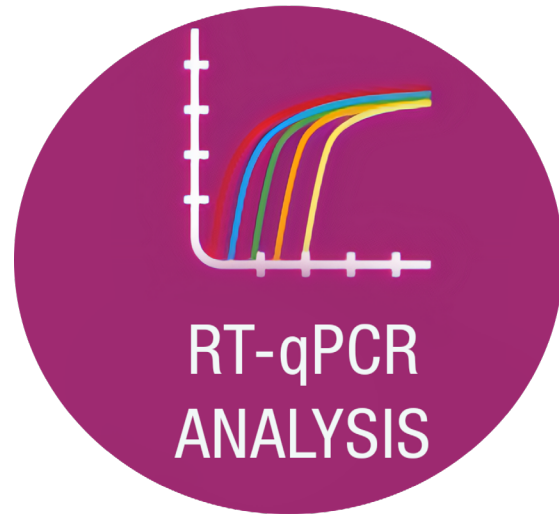
Normale Betriebsmaßnahmen in Wasseraufbereitungsanlagen können eine Störung für das Mikrobiom sein



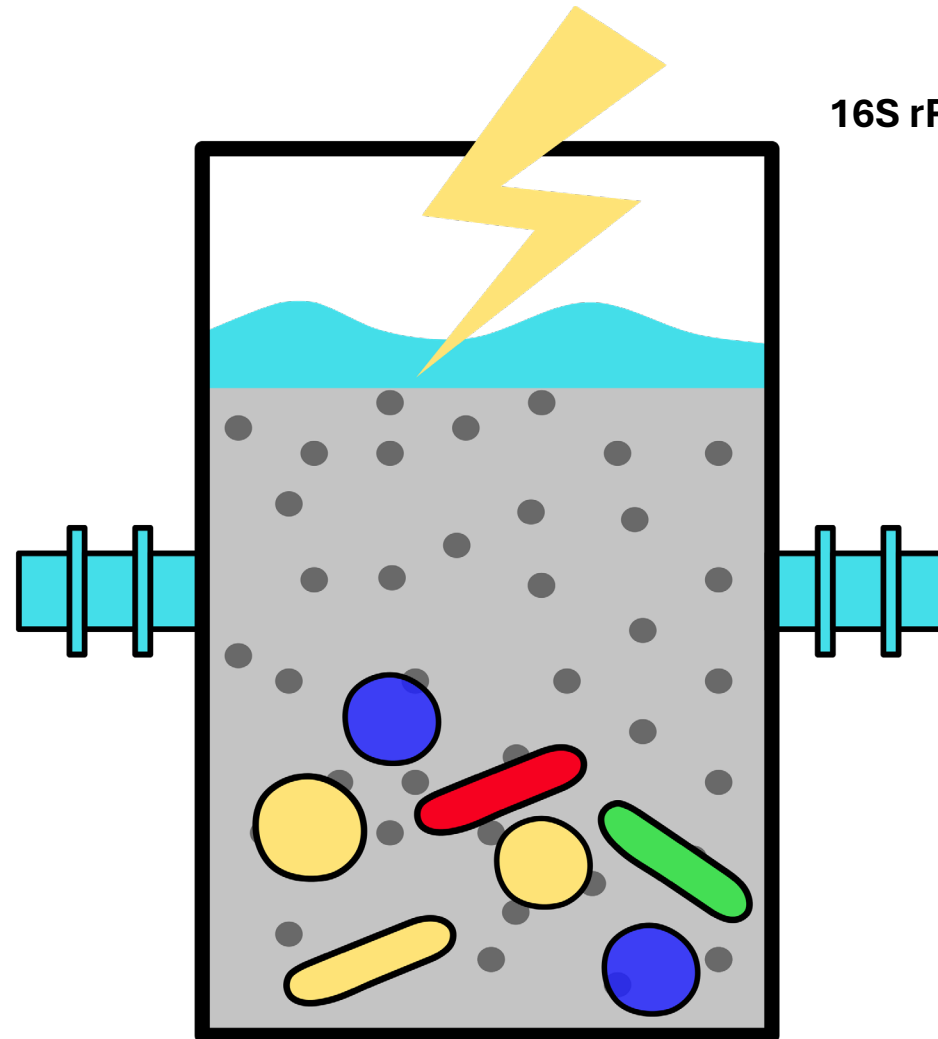
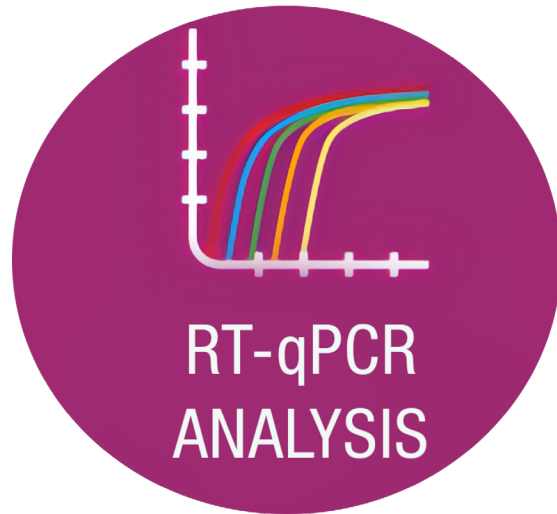
Störungen können die Zusammensetzung des Mikrobioms verändern



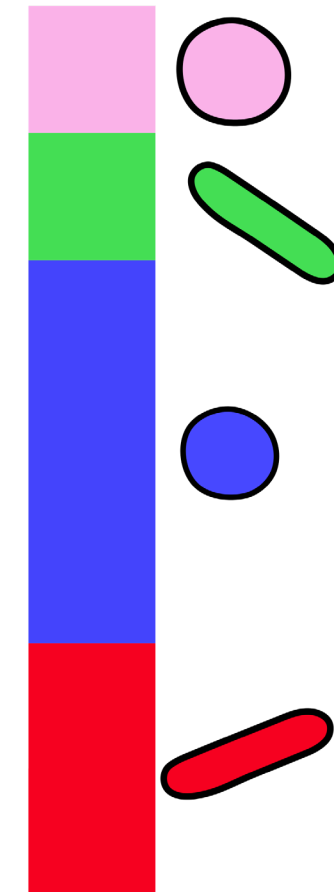
Test der qPCR-basierten Betriebs- und Prozessüberwachungsparameter in der Wasseraufbereitungsanlage



Test der qPCR-basierten Betriebs- und Prozessüberwachungsparameter in der Wasseraufbereitungsanlage



16S rRNA-Amplikonsequenzierung



Zusammenfassung: Trinkwassermikrobiologie

- **Das Mikrobiom ist ein wichtiger Parameter für Trinkwasseraufbereitungsanlagen**
- **Das Kernmikrobiom mittels Barcoding (16S rRNA-Sequenzierung) für spezifische Systeme definieren und Momentaufnahmen erstellen, um die chemischen Analysen zu ergänzen**
- **Das genomische Potenzial mit Metagenomik für spezifische Proben untersuchen**
- **qPCR Primer als Betriebs- und Prozessüberwachungsparameter**