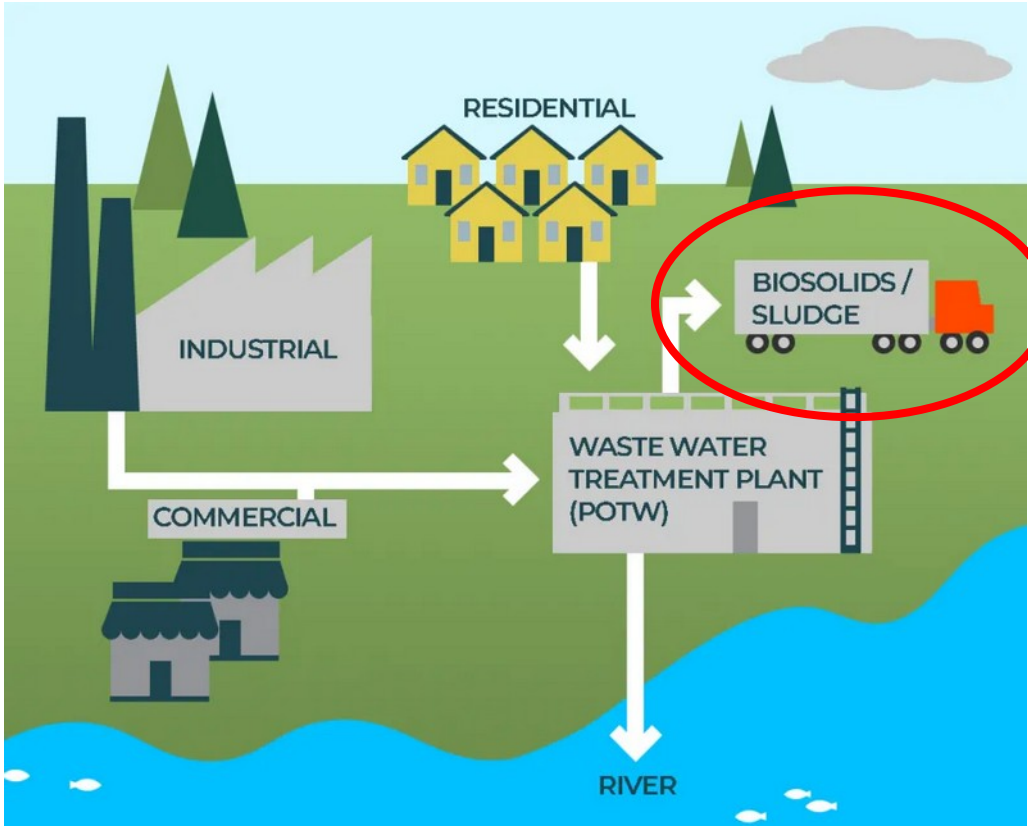




36. NORDDEUTSCHES KOLLOQUIUM ZUR ABWASSERWIRTSCHAFT

Persistenz und Diversität von multiresistenten *Enterobacterales* im Klärschlamm: eine *One Health* Untersuchung norddeutscher Kläranlagen

Laura Carlsen | 15.09.2026



Über 1,5 Mio. Tonnen Klärschlamm
werden in Deutschland jährlich
produziert

Was passiert
mit dem
Klärschlamm?



Grafik: Center for Sustainable Systems, University of Michigan. 2024. "U.S. Wastewater Treatment Factsheet."
Pub. No. CSS04-14.

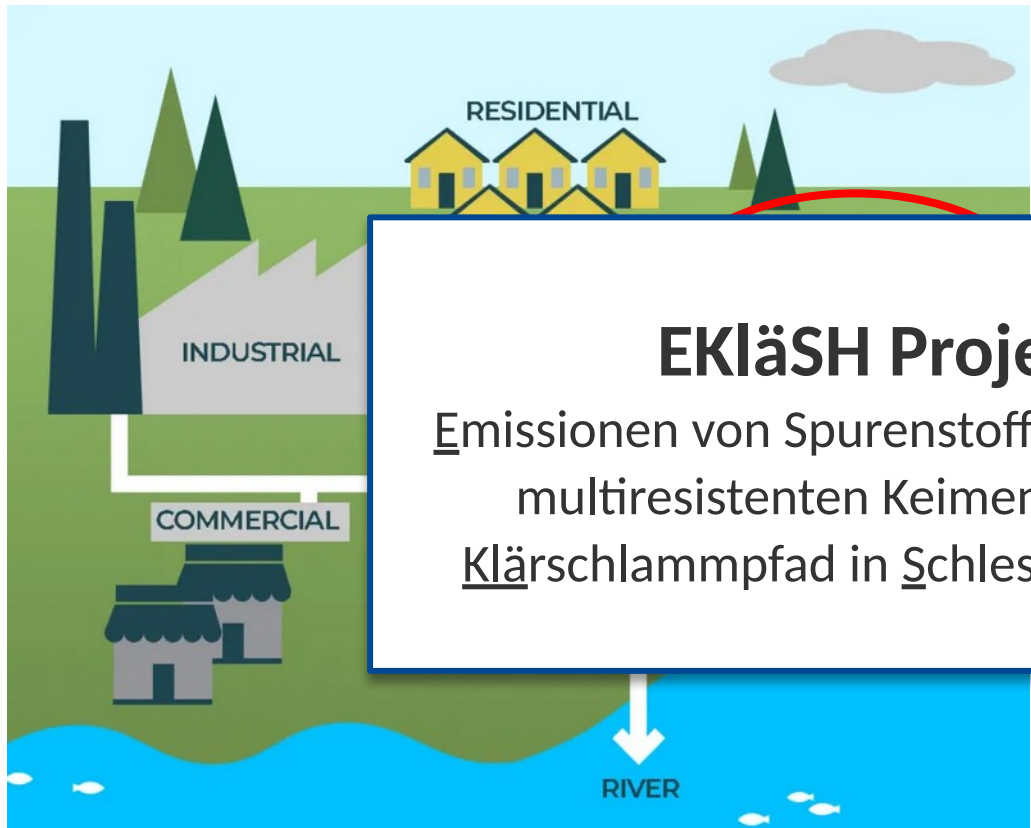
In Deutschland: AbfKlärV & DüMV:

Normalerweise verbrannt, kann in ländlichen Gegenden unter bestimmten Voraussetzungen aber auch zur Düngung verwendet werden:

Muss mit Branntkalk versetzt oder in einem Langzeitlager aufbewahrt werden (mit Ausnahmen)

Kaum mikrobielle Test-Parameter vorgegeben (nur *Salmonella*)

Nur wenig Daten zu Bakterien und antimikrobiellen Resistenzgenen in gekalktem/langzeitgelagertem Klärschlamm vorhanden



Grafik: Center for Sustainable Systems, University of Michigan. 2024. "U.S. Wastewater Treatment Factsheet."
Pub. No. CSS04-14.

EkläSH Projekt

Emissionen von Spurenstoff-Frachten und
multiresistenten Keimen über den
Klärschlamm-pfad in Schleswig-Holstein

In Deutschland: AbfKlärV & DüMV:

Normalerweise verbrannt, kann in ländlichen
Gegenden unter bestimmten Voraussetzungen
aber auch zur Düngung verwendet werden:

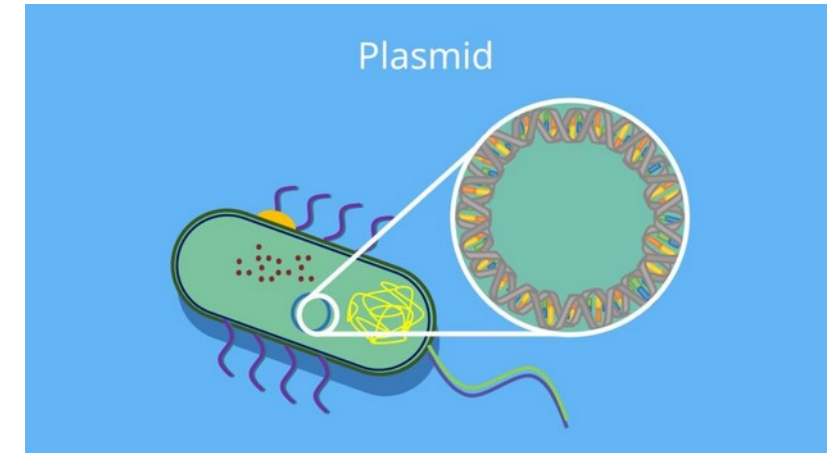
mus mit Branntkalk versetzt oder in einem
Langzeitlager aufbewahrt werden (mit
Ausnahmen)

kaum mikrobielle Test-Parameter vorgegeben
(nur *Salmonella*)

Nur wenig Daten zu Bakterien und antimikrobiellen
Resistenzgenen in gekalktem/langzeitgelagertem
Klärschlamm vorhanden

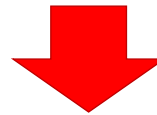
Multiresistente Erreger

Zu den häufigsten Erregern von Krankenhausinfektionen gehören *Escherichia coli*, *Enterococcus* sp., *Clostridioides difficile* und *Staphylococcus aureus* [1]



Grafik: studyflix.de/biologie/plasmid-2128

Resistenzen bei gramnegativen Bakterien sind oft erworben und können an andere Bakterien oder die Umwelt abgegeben werden



Besonders bei gramnegativen Bakterien (z.B. *Enterobacterales*) vermehrtes Auftreten von Resistenzen [2]

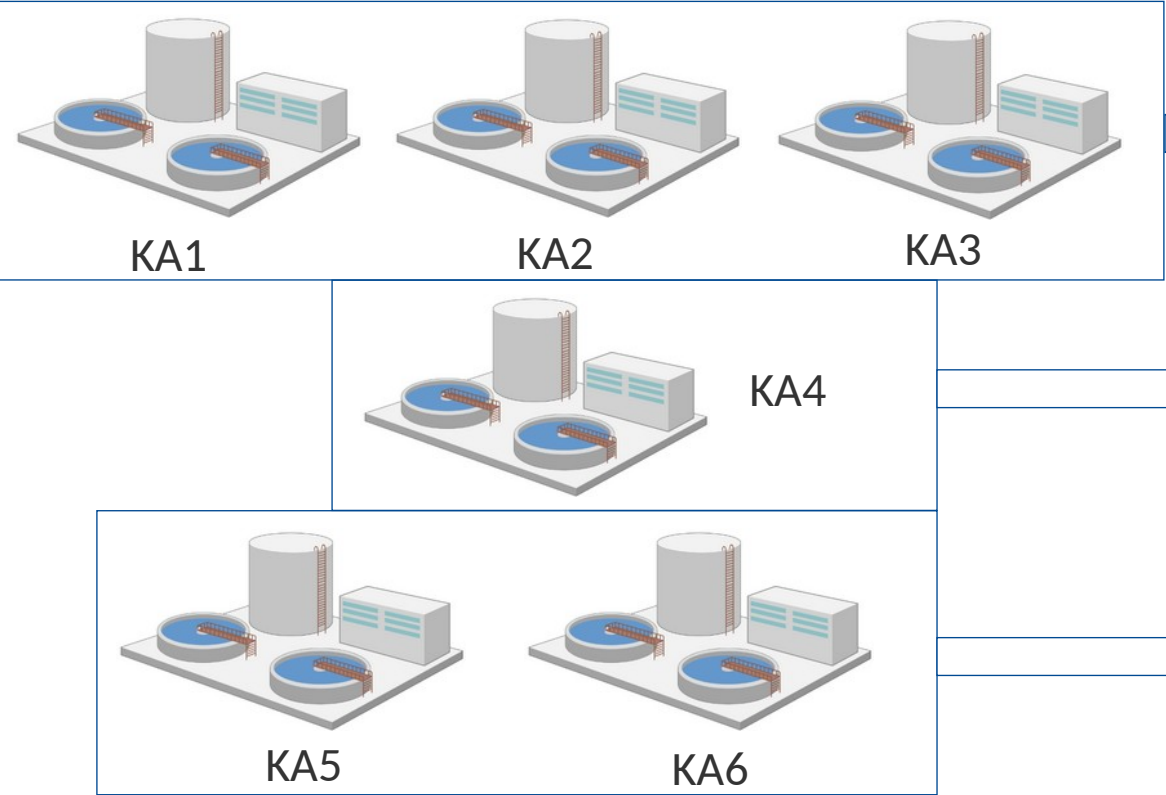
[1] RKI, 2017: Abschlussbericht der Punkt-Prävalenzerhebung 2016 zum Vorkommen von nosokomialen Infektionen und zur Anwendung von Antibiotika an Akutkrankenhäusern in Deutschland, Nationales Referenzzentrum für Surveillance von nosokomialen Infektionen

[2] RKI, 2024: www.rki.de/DE/Content/Infekt/Krankenhaushygiene/Netzwerke/Regionale_MRE-Netzwerke

Untersuchung verschiedener Klärschlämme auf Bakterien und Resistenzgene

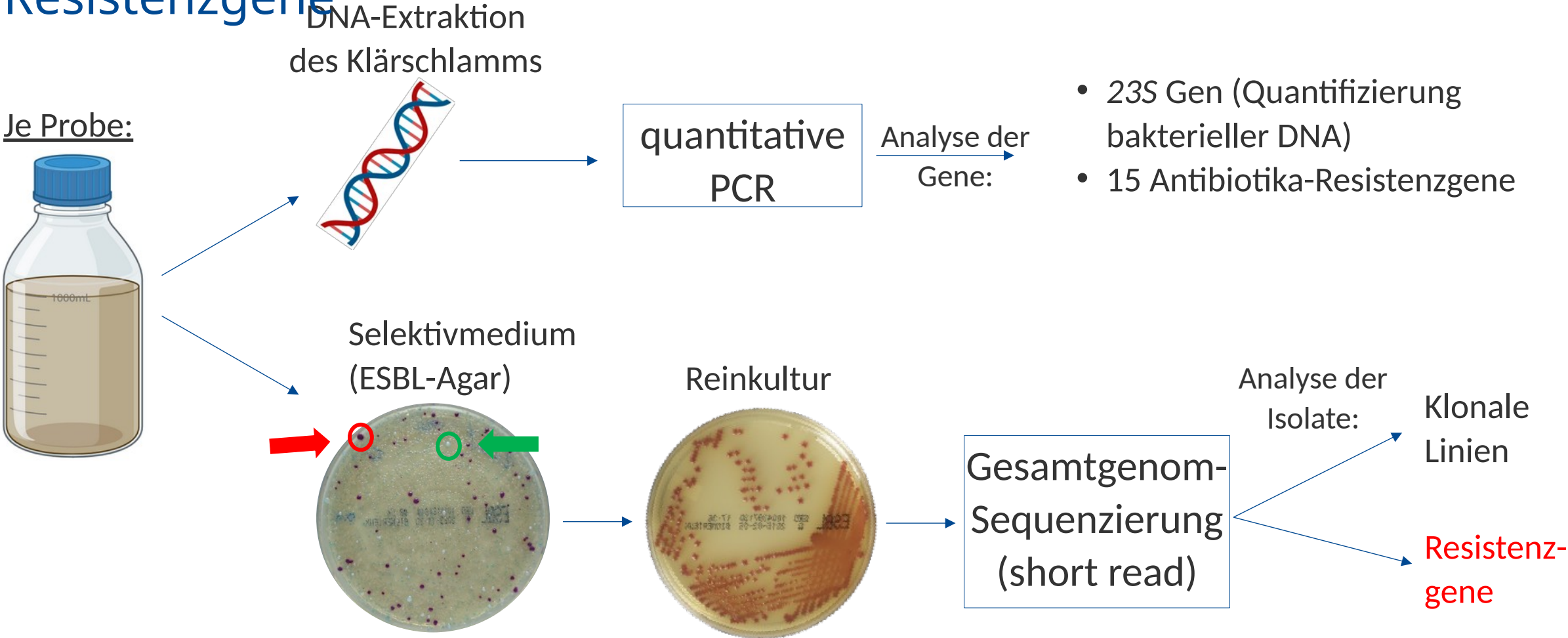
6 Kläranlagen für 1 Jahr beprobt
(72 Proben insgesamt):

Klärschlamm aller KA wird derzeit in der
Landwirtschaft verwendet



✗ Kalk	✗ Langzeitlager
✓ Kalk	✗ Langzeitlager
✓ Kalk	✓ Langzeitlager

Untersuchung verschiedener Klärschlämme auf Bakterien und Resistenzgene



qPCR - 23S Gen und Resistenzgene

PCR = *polymerase chain reaction* —————> Vervielfältigung und Detektion ausgewählter Markergene

- 23S Gen: Gen zur Quantifizierung von bakterieller DNA
- Sulfonamid Resistenzgene: *sul1*, *sul2*
- Tetracyclin Resistenzgen: *tet(A)*
- β -Laktam Resistenzgene: *bla*_{OXA-48}, *bla*_{VIM}, *bla*_{NDM}, *bla*_{KPC}, *bla*_{GES}, *bla*_{CTX-M}
- Aminoglykosid Resistenzgene: *aac6-Ib-cr*, *strA*
- Colistin Resistenzgen: *mcr-9*
- Fosfomycin Resistenzgen: *fosA*
- Trimethoprim Resistenzgen: *dfrA16*
- Azithromycin Resistenzgen: *mphA*
- Plasmid Replikons (erworbene DNA): *IncFII*, *IncFII(Yp)*, *IncFIB*, *IncFIB(K)*, *IncHI2A*

β -Laktam-Resistenzen: β -Laktamasen

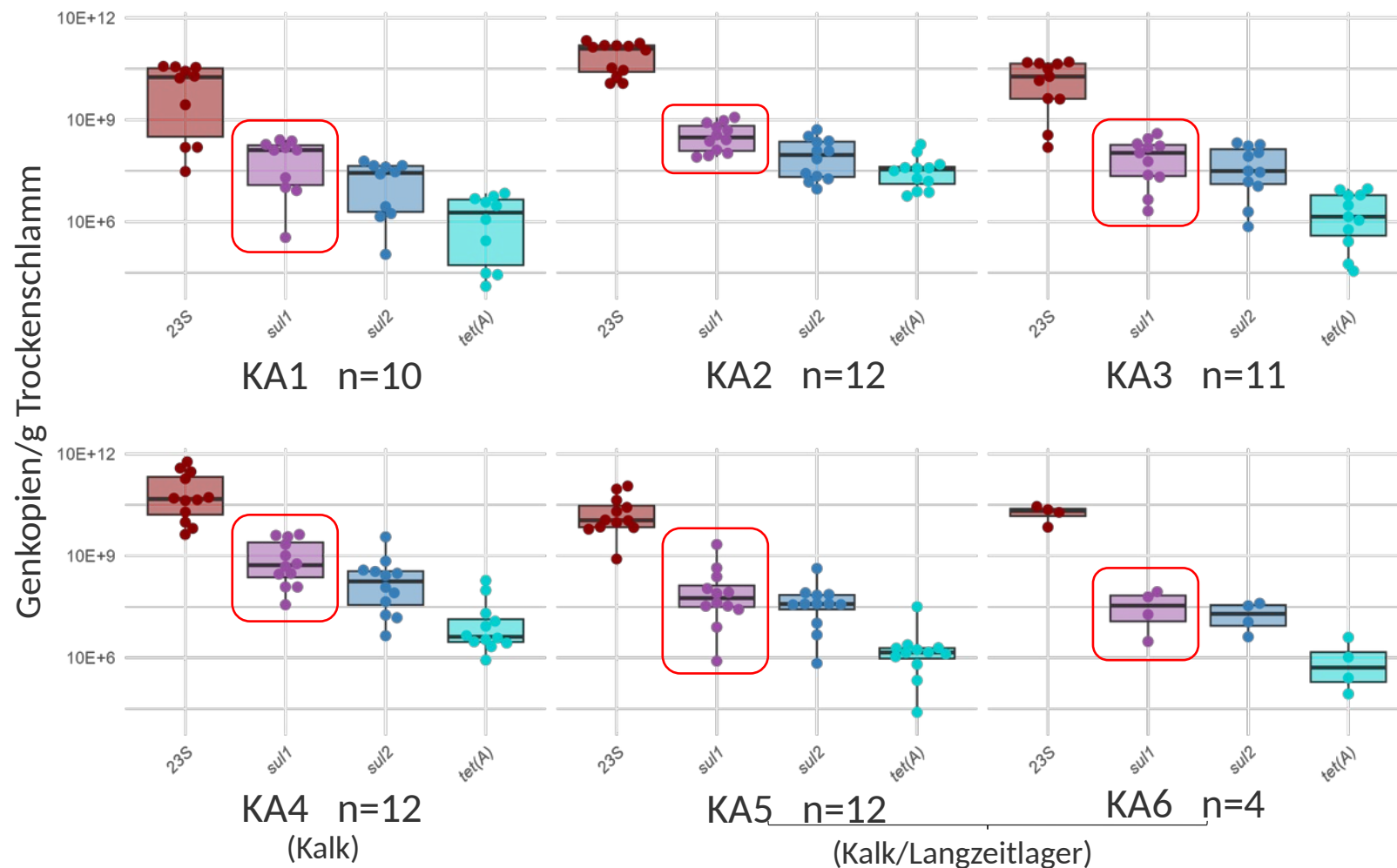
Extended Spectrum Beta-Lactamasen (ESBL)

- ➡ Resistenz gegenüber den meisten der am häufigsten verwendeten Beta-Lactam-Antibiotika (z.B. Penicillin)
- ➡ Aber: Carbapeneme wirken hier noch

Carbapenemasen

- ➡ Zusätzliche Resistenz gegenüber Carbapenemen
- ➡ **Es bleiben kaum bis keine Behandlungsoptionen mehr übrig!**

qPCR Ergebnisse: 23S Gen und Resistenzgene



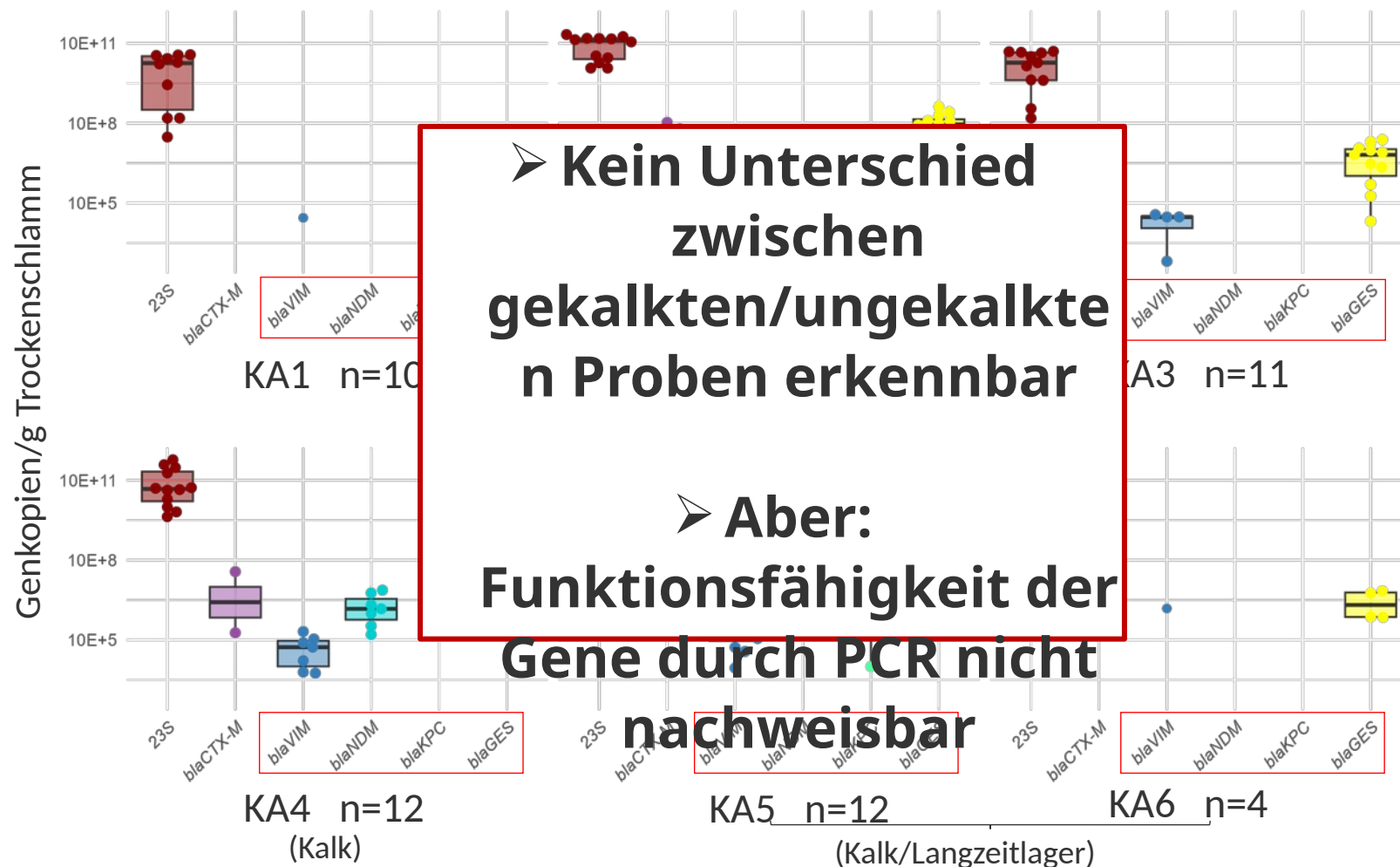
61 DNA-Proben
insgesamt

sul1, *sul2*: Sulfonamid Resistenz
tet(A): Tetracyclin Resistenz

Resistenzgene in
allen 61 DNA-
Proben bestätigt

Häufigstes
Vorkommen:
sul1

qPCR Ergebnisse: 23S Gen und Resistenzgene



61 DNA-Proben
insgesamt

bla...: β -Laktam Resistenz
 ➔ *bla*_{VIM}, *bla*_{NDM}, *bla*_{KPC} und *bla*_{GES}:
 erweiterte Resistenz gegen
 Carbapeneme

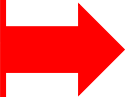
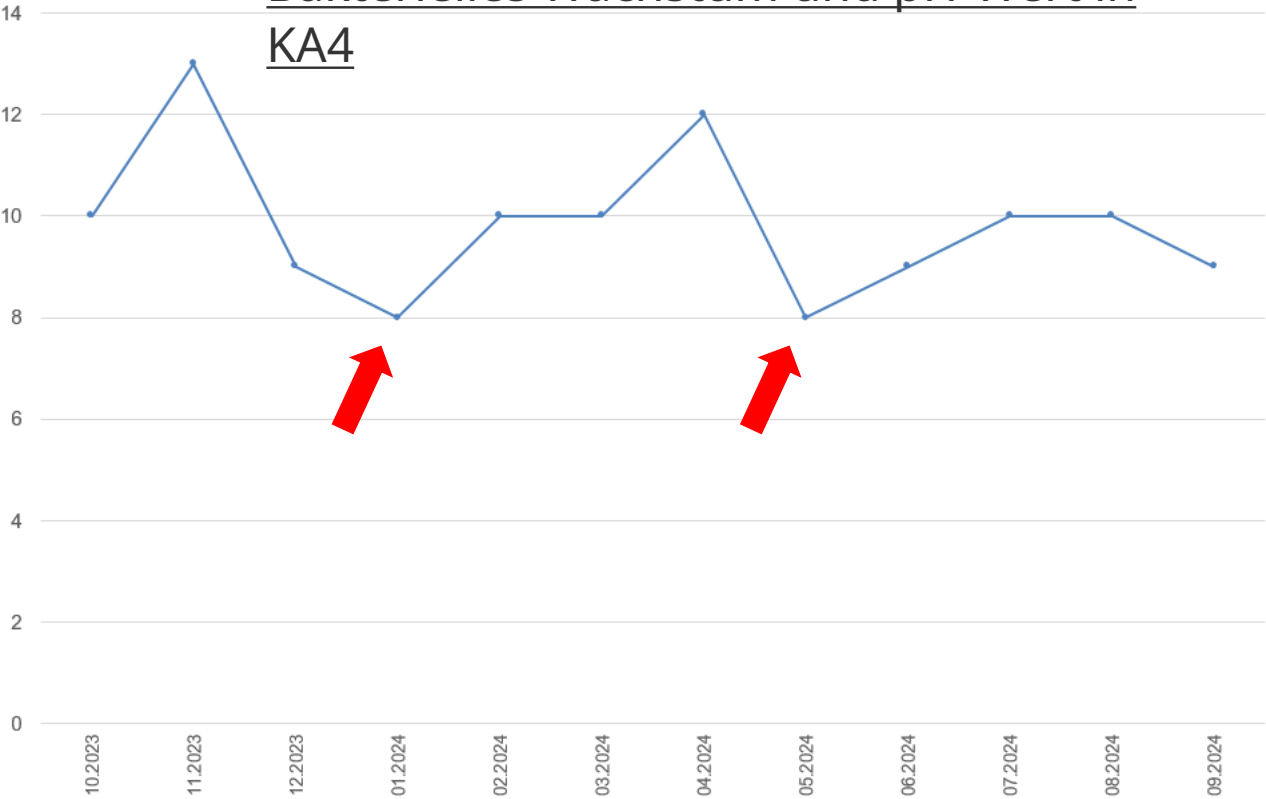
Mindestens 2
verschiedene
Carbapenemase Gene
pro Kläranlage
nachgewiesen

Kulturelle Analyse lebender Bakterien

	Proben mit rotem Wachstum auf ESBL-Agar* (~ <i>E. coli</i>)	Proben mit grauem Wachstum auf ESBL-Agar* (~ sonstige <i>Enterobacterales</i>)
KA1	8/12	11/12
KA2	12/12	12/12
KA3	7/12	11/12
KA4 (Kalk)	1/12	2/12
KA5 (Kalk/ Langzeitlager)	0/12	0/12
KA6 (Kalk/ Langzeitlager)	0/12	0/12

*ESBL-Agar: Wachstum sensibler *Enterobacterales* oder anderer Bakterien wird unterdrückt

Bakterielles Wachstum und pH-Wert in KA4



Kein bakterielles Wachstum in 34/36 gekalkten Proben

Kulturelle Analyse lebender Bakterien

	Proben mit rotem Wachstum auf ESBL-Agar* (~ <i>E. coli</i>)	Proben mit grünem Wachstum auf ESBL-Agar* (~ sonstige <i>Enterobacterales</i>)
KA1	8/12	11/12
KA2	12/12	12/12
KA3	7/12	11/12
KA4 (Kalk)	1/12	2/12
KA5 (Kalk/ Langzeitlager)	0/12	0/12
KA6 (Kalk/ Langzeitlager)	0/12	0/12

97 % der roten Kolonien konnten als *E. coli* identifiziert werden
19 % der grünen Kolonien konnten als *Enterobacterales* identifiziert werden

*ESBL-Agar: Wachstum sensibler *Enterobacterales* oder anderer Bakterien wird unterdrückt

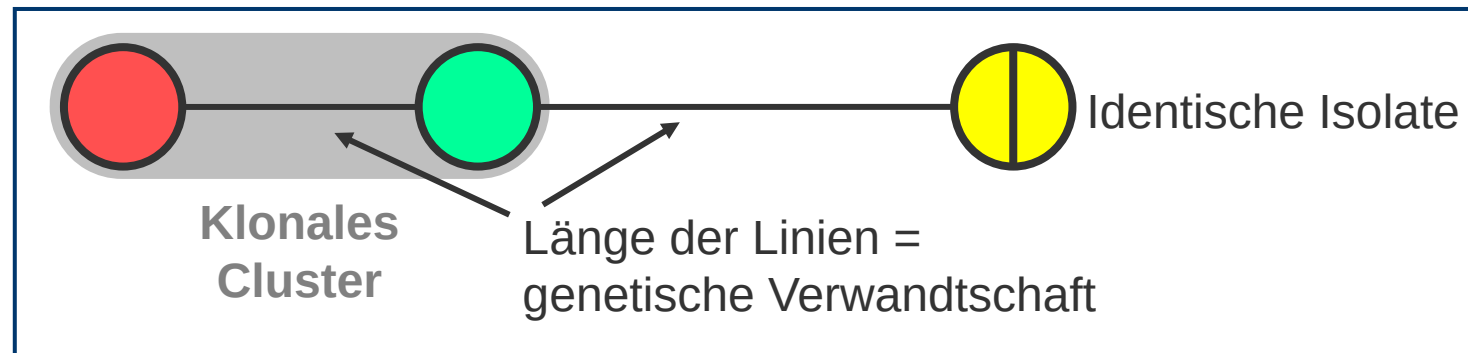
Kulturelle Analyse lebender Bakterien

Identifizierte Spezies	Anzahl Isolate
<i>Escherichia coli</i>	319
<i>Serratia fonticola</i>	134
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	39
<i>Klebsiella oxytoca</i>	16
<i>Citrobacter freundii/braakii</i>	8
<i>Raoultella</i> spp.	3
<i>Enterobacter</i> spp.	1
<i>Kluyvera cryocrescens</i>	1

97 % der roten Kolonien konnten als *E. coli* identifiziert werden
19 % der grünen Kolonien konnten als *Enterobacterales* identifiziert werden

Gesamtgenom-Sequenzierung

Gesamtgenomsequenzierung von *E. coli*

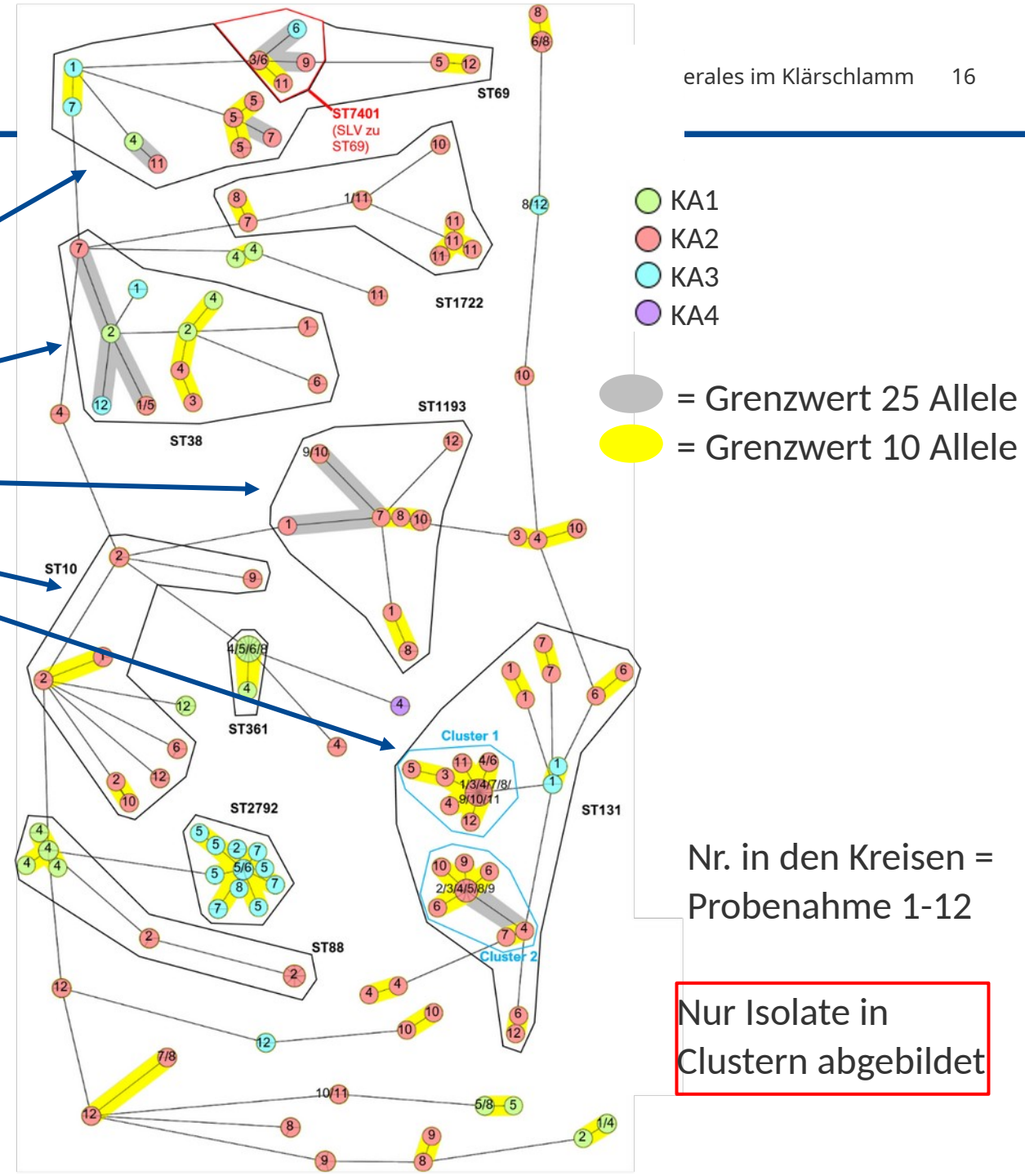
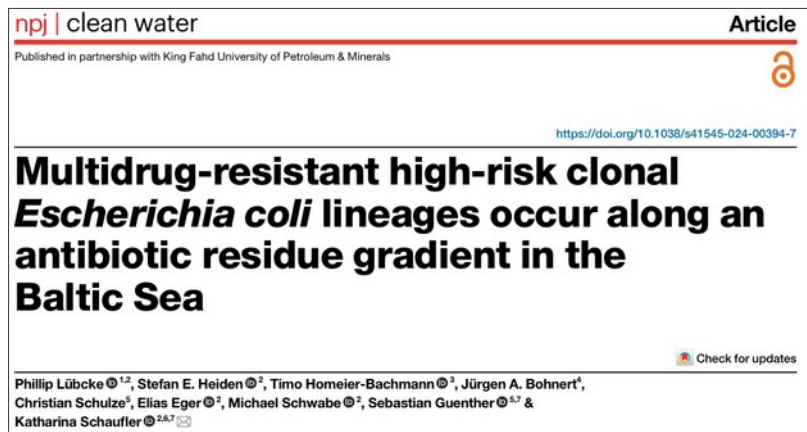


Gesamtgenomsequenzierung von *E. coli*

57 Sequenztypen (ST) insgesamt

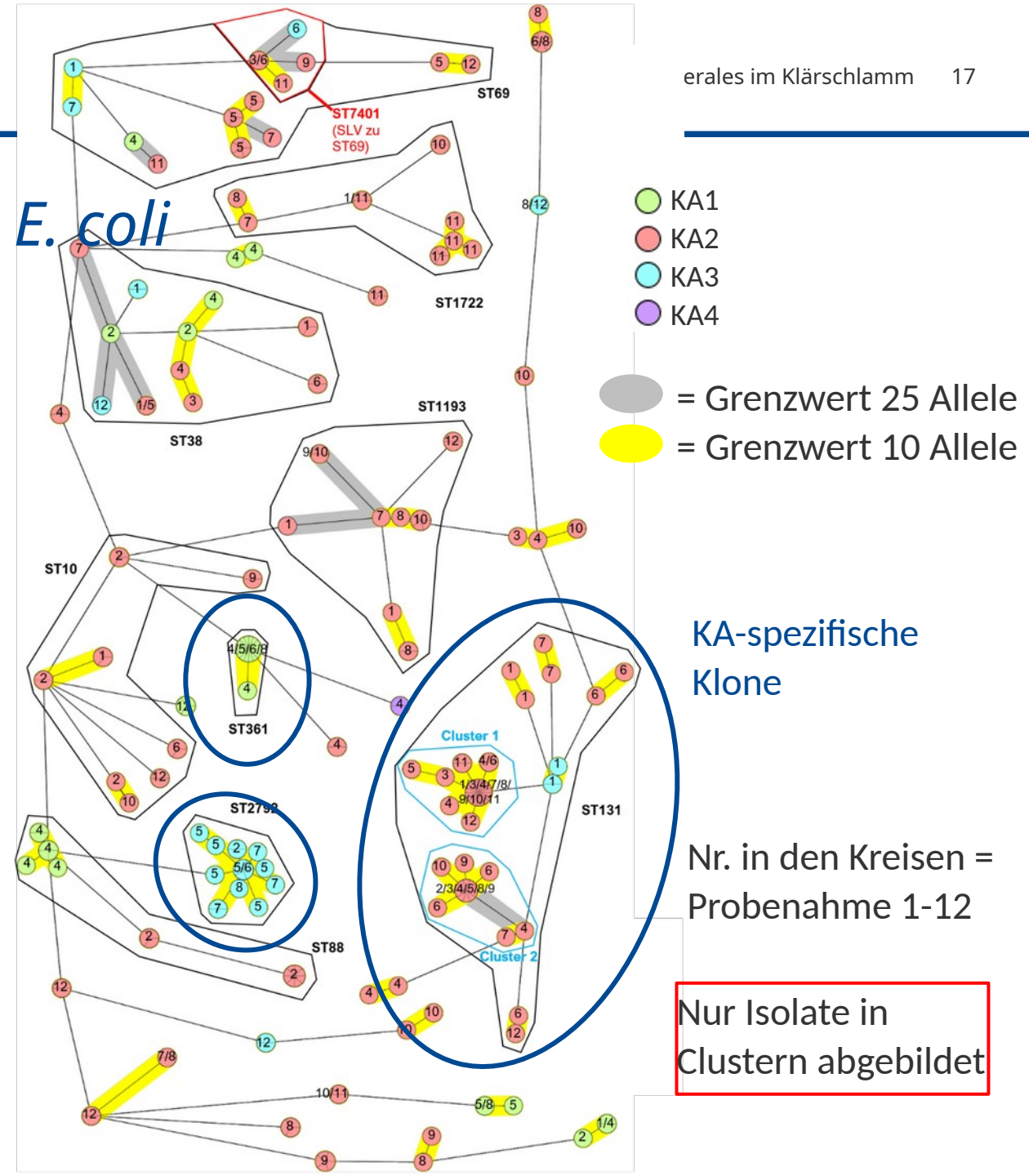
(aufkommende)

Hoch-Risiko-Klone



Gesamtgenomsequenzierung von *E. coli*

57 Sequenztypen (ST) insgesamt
(aufkommende)
Hoch-Risiko-Klone

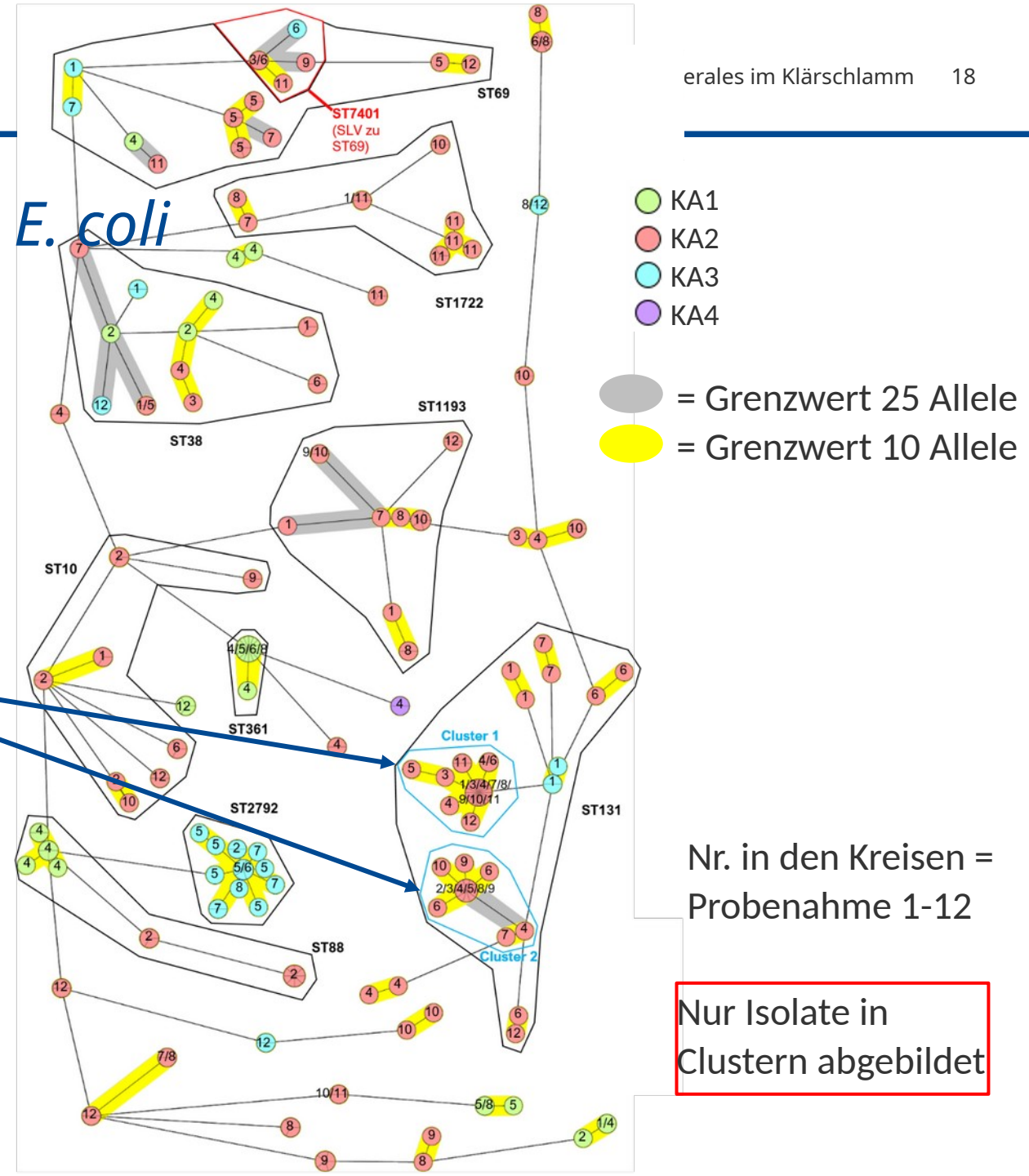


Gesamtgenomsequenzierung von *E. coli*

57 Sequenztypen (ST) insgesamt
(aufkommende)
Hoch-Risiko-Klone

2 Cluster aus ST131 Isolat von
mehreren Probenahmen

➡ Persistenz oder dauerhafter Eintrag



Gesamtgenomsequenzierung von *E. coli*

ST361 ist als Träger von Resistenzgenen bekannt und mit Schweinen assoziiert

Schweinemastbetrieb im Einzugsgebiet von KA1 vorhanden

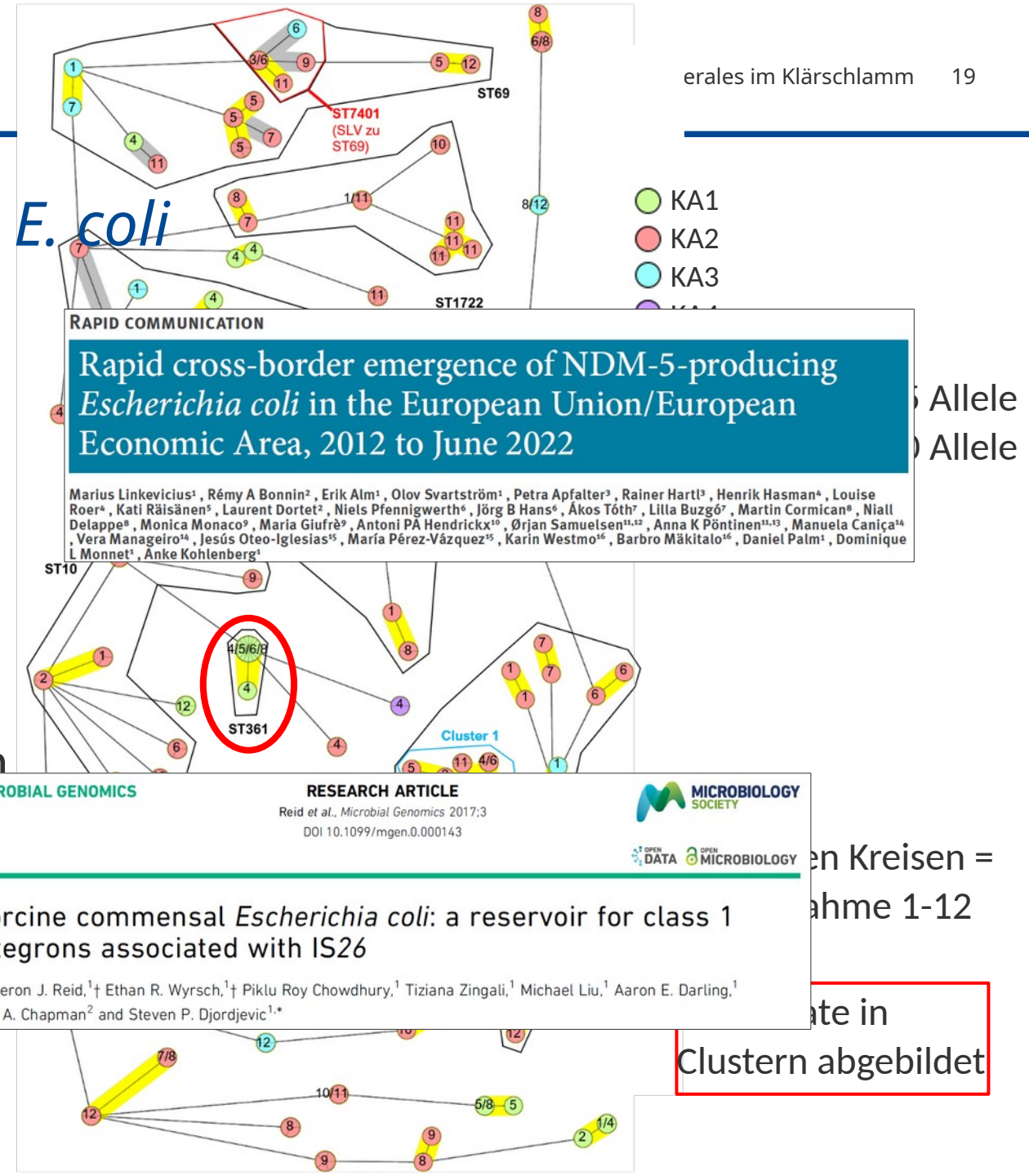
➔ Eintragung durch Betrieb kann nicht bestätigt werden; auch andere Quellen möglich

antibiotics **MDPI**

Article

Phylogenetic Analysis of *Escherichia coli* Isolated from Australian Feedlot Cattle in Comparison to Pig Faecal and Poultry/Human Extraintestinal Isolates

Yohannes E. Messele ^{1,2}, Darren J. Trott ², Mauida F. Hasoon ², Tania Veltman ², Joe P. McMeniman ³, Stephen P. Kidd ^{2,4}, Steven P. Djordjevic ⁵, Kiro R. Petrovski ^{1,2,*} and Wai Y. Low ^{1,*}



Diskussion

Kein Unterschied in der qPCR zwischen gekalkten und ungekalkten Klärschlamm-Proben

- Carbapenemase-Gene bla_{VIM} , bla_{KPC} , bla_{NDM} und bla_{GES} in jeweils mindestens einer Kläranlage gefunden
- Vollständigkeit/Funktionsfähigkeit der DNA nicht nachgewiesen

Kein rotes/grünes Wachstum auf ESBL Agar in korrekt gekalkten Proben (pH ≥ 8)

- In Proben mit unzureichender Kalkung (pH < 8) bakterielles Wachstum nachweisbar

Hohe Diversität der sequenzierten *E. coli* mit 57 klassischen ST, darunter bekannte Hoch-Risiko-Klone

- Mehrere klonale Linien zeigen Hinweise auf Persistenz oder dauerhaften Eintrag in die Kläranlagen
- Ein Klon mit Assoziation zur Schweinezucht wurde in einer Kläranlage gefunden, der genaue Eintragungsort kann jedoch nicht sicher bestimmt werden

Die existierenden Vorgaben können die Einbringung von multiresistenten Bakterien und Resistenzgenen aus Klärschlämmen auf landwirtschaftliche Nutzflächen nicht vollständig verhindern

Einen herzlichen Dank an...



Die Krankenhaushygiene/AG Knobloch:

Johannes Knobloch

Folake Aina
Birte Knobling
Cristina Belmar Campos
Eva-Maria Klupp
Gefion Franke
Henning Büttner
Maximilian Maurer
Judith Niesen

Tatjana Dill
Rieke Hinrichs
Mareike Vetter

Priscilla Owusua-Amanquah
Jana Engelhardt
Asena Tekin
Caroline Heitmann

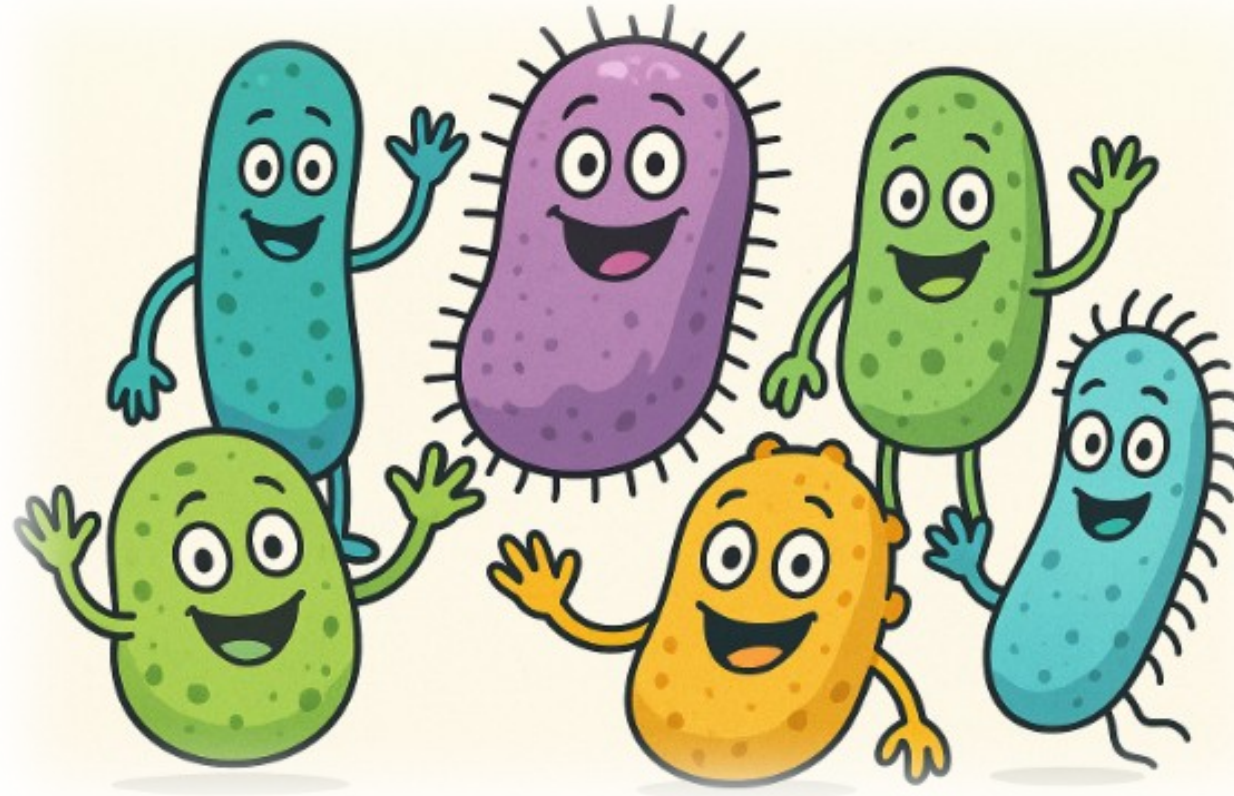


Labor für Siedlungswasserwirtschaft:

Kai Wellbrock
Anna-Kathrin Retschko

Benita Naumann
Erhan Erdal
Peer Nebendahl

Vielen Dank für Ihr Interesse!



Grafik generiert mit ChatGPT