

## Überblick Molekularbiologische Analysen

Viele Umweltschadstoffe können unter bestimmten Bedingungen von Mikroorganismen abgebaut werden. Die Stimulation dieser Prozesse ist Kernelement verschiedener Ansätze für die In-situ-Sanierung von kontaminierten Standorten. Dies erfordert eine fundierte Kenntnis der mikrobiellen Abbaumechanismen, der biogeochemischen Sekundärprozesse und der beteiligten Mikroorganismen und deren Enzymsysteme.

Mit Hilfe molekularbiologischer Tools (MBT), wie der quantitativen real-time-PCR (qPCR) und dem Next Generation Sequencing (NGS) ist es uns möglich, das natürliche Abbaupotenzial mikrobieller Gemeinschaften zu charakterisieren und biogeochemische Prozesse sowie Abbauspezialisten (wie bspw. Dehalococcoides, Tensidbildner u.a.) und deren funktionale Gene zu quantifizieren. Im Ergebnis können Aussagen über das natürliche Selbstreinigungspotential (Natural Attenuation, NA) getroffen und Empfehlungen für geeignete Maßnahmen zur Stimulierung des Selbstreinigungspotentials (Enhanced Natural Attenuation, ENA) gegeben werden.



## Einsatzmöglichkeiten MBT

- Quantifizierung von zum Abbau von Schadstoffen befähigten Mikroorganismen aus Grundwasser und Bodenproben zur Standortcharakterisierung (Quantifizierung taxonomischer Gene)
- Quantifizierung von funktionalen Genen für den Schadstoffabbau und biogeochemische Sekundärprozesse aus Grundwasser und Bodenproben zur Standortcharakterisierung (Quantifizierung taxonomischer Gene)
- Analyse von mikrobiellen Gemeinschaften zur Ermittlung von Natural Attenuation Potentialen
- Vorhersagen zu möglichen Akkumulationen von Metaboliten des mikrobiellen Schadstoffabbaus (bspw. cis-DCE oder VC beim Abbau von LCKW)
- Bestimmung der Notwendigkeit einer Biostimulation / Bioaugmentation
- Qualitätskontrolle von Augmentationskulturen
- Verlaufskontrolle bei erfolgter Biostimulation / Bioaugmentation



## Methoden

Gemeinsam mit unserem Partner Microbial Insights bieten wir ein umfassendes Spektrum von molekulargenetischen Analysen zur Ermittlung von mikrobiellen Schadstoffabbaupotenzialen.

Im molekulargenetischen Labor der Sensatec GmbH, NL Berlin werden verschiedene Targets untersucht:

- **CENSUS<sup>®</sup>** – Quantifizierung einzelner Spezies oder funktionaler Gene insbesondere für den anaeroben Abbau von LCKW.
- **QuantArrayChlor<sup>®</sup>** – simultane Quantifizierung sowohl einzelner Mikroorganismenspecies als auch funktionaler Gene für den aeroben, den cometabolischen und für den anaeroben mikrobiellen Abbau von chlorierten Kohlenwasserstoffen.
- **QuantArrayBGC<sup>®</sup>** – simultane Quantifizierung sowohl einzelner Mikroorganismenspecies als auch funktionaler Gene, die an biogeochemischen Prozessen beteiligt sind.
- **QuantArrayNSZD<sup>®</sup>** – simultane Quantifizierung sowohl einzelner Mikroorganismenspecies als auch funktionaler Gene beteiligt an der Auflösung, Verflüchtigung und des biologischen Abbaus von Schadstoffphasen
- **QuantArrayPetro<sup>®</sup>** – simultane Quantifizierung sowohl einzelner Mikroorganismenspecies als auch funktionaler Gene für den aeroben, den cometabolischen und für den anaeroben mikrobiellen Abbau von mineralölbürtigen Kohlenwasserstoffen wie z.B. BTEX, MTBE, Toluol, Ethylbenzol, Benzol, Xylol oder Naphtalin.
- **NextGeneration Sequencing (NGS)** – es werden DNA-Sequenzen von Mikroorganismen detektiert, aufgrund derer man diese Ihren Stämmen und Familien mit ihren entsprechenden Merkmalen (Enzymspektrum, Abbauwegen, etc.) zuordnen kann. NGS ist geeignet, die vollständige mikrobielle Gemeinschaft zu beschreiben und die vorherrschenden biogeochemischen Prozesse zu charakterisieren.