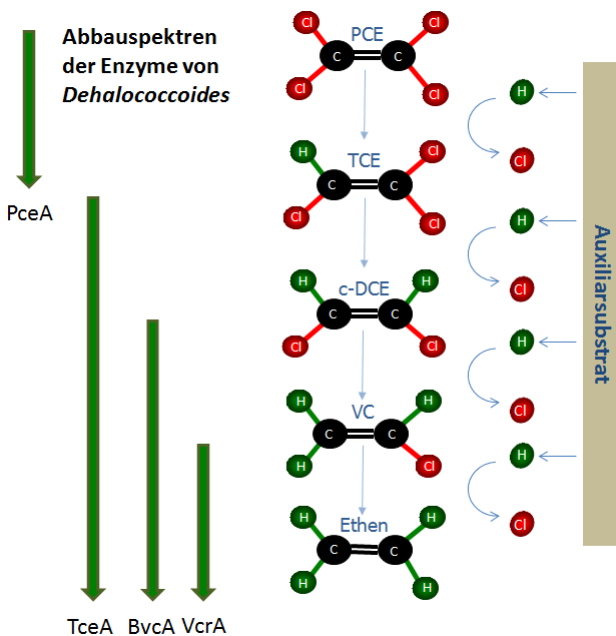
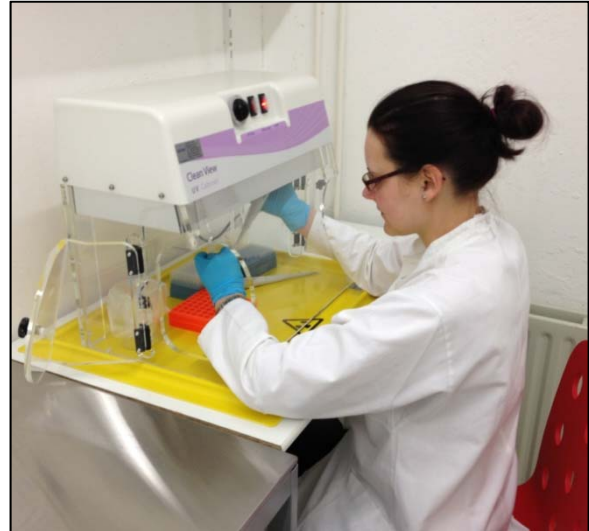


Molekularbiologische Umwelt-Analysen

Durch molekularbiologische Untersuchungen sind wir heute in der Lage, wiederkehrende Fragen bei der Behandlung von Kontaminationen mit chlorierten Kohlenwasserstoffen zuverlässig zu beantworten. Dadurch ist es möglich, mit den relativ geringen Aufwendungen für eine molekularbiologische Analyse ein Vielfaches an Kosten von fehlgeplanten in-situ-Sanierungen einzusparen. Mittels qPCR werden die für die vollständige mikrobielle Dechlorierung von chlorierten Kohlenwasserstoffen (LCKW) erforderlichen Schlüsselgene *vcrA* und *bvcA* aus Umweltproben (Boden und Grundwasser) quantifiziert.

Folgende Fragestellungen werden beantwortet:

- Sind Mikroorganismen, die zum *vollständigen Abbau chlorierter Kohlenwasserstoffe* befähigt sind (in ausreichender Zahl) am Standort vorhanden?
- Ist am Standort ein hinreichendes *Potential für eine natürliche Selbstreinigung* (MNA) gegeben?
- Gibt es Hinweise auf eine Gefahr der *Akkumulation von Metaboliten* wie c-DCE und VC?
- Ist die Zugabe mikrobieller Spezialkulturen (Bioaugmentation) sinnvoll oder gar notwendig, um die *Sanierungsziele zu erreichen*?



Wissenschaftlicher Hintergrund

Chlorierte Ethene können unter anaeroben Bedingungen mikrobiell dechloriert werden. Die Stimulation dieses Prozesses ist Kernelement verschiedener Ansätze für die in-situ-Sanierung von LCKW-kontaminierten Standorten. In der Praxis kann es dabei trotz einer qualifizierten Umsetzung der Sanierungsmaßnahmen zur Akkumulation von Metaboliten (c-DCE und VC) kommen.

Mehrere Studien belegen eine direkte Korrelation der vollständigen Dechlorierung von LCKW mit der Anwesenheit der Enzyme *VcrA* und *BvcA*. Diese Enzyme kommen in Bakterien der Gruppe *Dehalococcoides* vor und katalysieren die Dechlorierung von VC bzw. c-DCE über VC bis zum Ethen.

Die Fähigkeit zur Bildung dieser Enzyme ist in der DNA der Mikroorganismen hinterlegt. Somit liegt es auf der Hand, die Bestimmung des Potentials für eine vollständige mikrobielle Dechlorierung über eine Quantifizierung der in einer Umweltprobe vorhandenen Genkopien für die Synthese dieser Enzyme zu führen.

Literatur:

VAN DER ZAAN, B., HANNES, F., HOEKSTRA, N., RIJNAARTS, H., DE VOS, W., SMIDT, H., GERRITSE, J. (2012) Correlation of *Dehalococcoides* 16S rRNA and Chloroethene-Reductive Dehalogenase Genes with Geochemical Conditions in Chloroethene-Contaminated Groundwater, *APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY*, Feb. 2010, p. 843–850

