

BMBF-Projekt

**„MOlecular MONitoring of bacterial BIOdiversity in the water cycle”
(MOMOBIO)**

Förderkennzeichen: 16LW0383

Zuwendungsempfangende Stelle:

Universität Hamburg / Prof. Dr. Wolfgang Streit
MIN Fakultät, Fachbereich Biologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und
Mikrobiologie, Abt. Mikrobiologie und Biotechnologie
Ohnhorststraße 18, 22609 Hamburg, Deutschland

Laufzeit des Vorhabens: 12 Monate

Berichtszeitraum: 01.06.2023 – 30.05.2024

Kurzbericht:

1. Aufgabenstellung / Stand von Wissenschaft und Technik

Die Vereinten Nationen heben mit der Biodiversitätskonvention von 1992 die essenzielle Bedeutung der Artenvielfalt auch für die menschliche Gesundheit hervor. Maßnahmen zum Erhalt der Biodiversität stärken gleichzeitig die Ziele der Vereinten Nationen für eine nachhaltige Entwicklung (Sustainable Developmental Goals, SDGs; hier vor allem Goal 3 (Good Health), Goal 6 (Clean Water), Goal 14 (Life Below Water)), erfordern aber ein besseres Verständnis für Treiber von Biodiversitätsveränderungen und deren Folgen. Die zunehmende Ausbreitung von bakteriellen Resistenzmechanismen (d. h. das Resistom), aber auch die Antibiotika selbst, Biozide, Toxine, Weichmacher und Mikroplastik nehmen direkt und indirekt Einfluss auf die biologische Diversität und sie nehmen Einfluss auf die Gesundheit von Tieren und Menschen auf globaler Ebene. Darüber hinaus verstärken und beschleunigen der Klimawandel und andere anthropogen verursachte Faktoren diese Auswirkungen. Leider gibt es bisher keine Methoden und Modelle, die die Auswirkungen der meisten dieser Faktoren auf die biologische Vielfalt und die menschliche Gesundheit urbanen in Regionen bewerten oder modellieren können.

Vor diesem Hintergrund wird das MOMOBIO-Projekt detaillierte, OMICs-basierte Datensätze erarbeiten und so ökologische Modelle entwickeln, um die städtische Mikrobiota und Veränderungen in ihrer Biodiversität entlang der Abwasserströme der Freien und Hansestadt Hamburg kontinuierlich zu beobachten. Unser Hauptziel ist es, Veränderungen in der mikrobiellen Biodiversität als indirektes Maß für die Gesundheit von Mensch und Tier zu nutzen. Auf der Grundlage tiefen Mikrobiota Analysen werden wir ökologische Modelle erstellen, die eine Vorhersage der Ausbreitung pathogener Mikroorganismen und ihres genetischen Potenzials für Antibiotikaresistenzen ermöglichen. Ebenso werden wir genetische Marker erstellen und monitoren, um Veränderungen der biologischen Vielfalt zu verfolgen, die durch eine größere Anzahl unerwünschter und zum Teil toxischer Verbindungen (z. B. Biozide, Mikroplastik,

Weichmacher usw.) in den Abwasserströmen und deren Einleitungsstellen in die Elbe und stromabwärts in die Ästuarare verursacht werden.

2. Ablauf des Vorhabens

Das Projekt MOMOBIO-1 war als Pilotprojekt für Phase 1 der Förderlinie „Biodiversität und menschliche Gesundheit“ (BiodivGesundheit) mit einer Laufzeit von 12 Monaten ausgerichtet. Hauptziel war die Vorbereitung eines Verbundantrages, der nach den ersten sechs Monaten einzureichen war und im Erfolgsfall die Förderung eines BMBF-Verbundprojektes für weitere 36 Monate ermöglichen würde. Entsprechend der Förderbedingungen wurden die ersten sechs Monate in MOMOBIO-1 für die Etablierung eines Konsortiums und die Generierung von Vorarbeiten genutzt sowie der umfangreiche Verbundantrag für Phase 2 erstellt. Dem Projekt standen hierfür Bundesmittel in der Höhe von 118.912,56 EUR inkl. Projektpauschale zur Verfügung.

3. Wesentliche Ergebnisse und Zusammenarbeit mit Dritten

In MOMOBIO-1 wurden die geplanten Ziele erreicht, in dem ein hochkarätiges Konsortium mit interdisziplinärer Expertise in Metagenomanalysen, Krankenhaushygiene und Abwassermonitoring zusammengestellt und erste Projektergebnisse erzielt hat. Vorläufige Metagenomanalysen belegen die Biodiversität mikrobiologischer Gemeinschaften in aquatischen Habitaten und das Vorhandensein natürlicherweise zu erwartender Resistenzmechanismen. In Phase 2 wird der anthropogene Einfluss auf die Diversität dieser Gemeinschaften und das Auftreten von Antibiotikaresistenzgenen sowie für den Mikroplastikabbau entscheidender Stoffwechselwege aufbauend auf den Daten aus MOMOBIO weitergehend charakterisiert. Insbesondere das Zusammenziehen relevanter Akteure mit ausgewiesener Expertise in Mikrobiologie, Metagenomics und Modellierung (Universität Hamburg) Krankenhaushygiene und med. Bioinformatik (UKE), Abwasserbehandlung (HAMBURG WASSER) sowie Wissenschaftskommunikation (Life Science Nord) und behördliche Hygieneüberwachung (Institut für Hygiene und Umwelt der Freien und Hansestadt Hamburg) war entscheidend für die erfolgreiche Antragstellung in Phase 1.

BMBF-Projekt

**„MOlecular MONitoring of bacterial BIOdiversity in the water cycle”
(MOMOBIO)**

Förderkennzeichen: 16LW0383

Zuwendungsempfangende Stelle:

Universität Hamburg / Prof. Dr. Wolfgang Streit
MIN-Fakultät, Fachbereich Biologie, Institut für Pflanzenwissenschaften und
Mikrobiologie, Abt. Mikrobiologie und Biotechnologie
Ohnhorststraße 18, 22609 Hamburg, Deutschland

Laufzeit des Vorhabens: 12 Monate

Berichtszeitraum: 01.06.2023 – 31.05.2024

Schlussbericht:

**1. Erzielte Ergebnisse und gesammelte wesentliche Erfahrungen im Vorhaben
in Gegenüberstellung der geplanten Projektziele**

**1.1 Zielstellung und Aufbau des Vorhabens in Gegenüberstellung der
Ergebnisse**

Klinische Abwässer enthalten eine große Zahl pathogener Bakterien. Sie beherbergen in ihren Genomen eine Fülle mobiler genetischer Elemente, die für ein breites Spektrum an Antibiotikaresistenzgenen und Operons kodieren. In das Abwasser einer Großstadt werden durch andere spezielle Abwassereinleiter (z. B. die Industrie) zusätzliche Bakterienpopulationen eingebracht, die mobile genetische Elemente mit kodierten Mechanismen tragen, die Resistenzen gegen andere Umwelteinflüsse (Biozide, Mikroplastik, Schwermetalle usw.) verleihen. Ihre Ausbreitung ist ein großes Problem für die globale Gesundheit, und es ist nicht viel über ihre Verbreitung in der Umwelt und ihre direkte Auswirkung auf die Wasserbiota, Fische und die Mikrobiota von Tieren bekannt.

In MOMOBIO (Phase 1) wurden zur Erreichung der oben genannten Ziele wichtige Grundlagen gelegt. Insbesondere das Zusammenziehen relevanter Akteure mit ausgewiesener Expertise in Mikrobiologie, Metagenomics und Modellierung (Universität Hamburg) Krankenhaushygiene und med. Bioinformatik (UKE), Abwasserbehandlung (HAMBURG WASSER) sowie Wissenschaftskommunikation (Life Science Nord) und behördliche Hygieneüberwachung (Institut für Hygiene und Umwelt der Freien und Hansestadt Hamburg) war entscheidend für die erfolgreiche Antragstellung in Phase 1.

Das avisierte BMBF-Verbundprojekt MOMOBIO-2 (Phase 2) zielt vor allem auf ein besseres Verständnis der Ursachen für Veränderungen der mikrobiellen Biodiversität in aquatischen Lebensräumen ab, die gravierende Auswirkungen auf die menschliche

Gesundheit haben. Darüber hinaus bieten die erwarteten wissenschaftlichen Ergebnisse ein Potenzial für Anwendungen wie die kontinuierliche Überwachung von Veränderungen der mikrobiellen Biodiversität durch fortschrittliche Softwarewerkzeuge, die Entwicklung besserer Hygiene- und Wasseraufbereitungstechnologien und die Verringerung der Kosten für die Abschwächung der Folgen bisher unbemerkter Veränderungen der Biodiversität an für die menschliche Gesundheit kritischen Standorten (Lebensräumen).

Die Forschungsergebnisse werden es ermöglichen, die Maßnahmen zum Schutz der biologischen Vielfalt zu verbessern und die politischen Entscheidungsträger dabei unterstützen, die richtigen Schritte zum Schutz der biologischen Vielfalt trotz der Herausforderungen des globalen Klimawandels und der wirtschaftlichen Belastungen zu unternehmen.

1.2 Primäre Ergebnisse und Erfahrungen

In Phase 1 der BMBF-Förderlinie „BioDivGesundheit“ haben die avisierten Kooperationspartner für das geplante BMBF-Verbundprojekt MOMOBIO-2 im Rahmen des Pilotprojekts MOMOBIO innerhalb von sechs Monaten bis zur vorgeschriebenen Einreichung des Verbundantrages Ende November 2023 in mehreren virtuellen und persönlichen Treffen die methodische Strategie für das molekulare Monitoring der mikrobiellen Biodiversität in aquatischen Habitaten entlang des Hamburger Wasserzyklus festgelegt und erste Metagenomanalysen durchgeführt.

Das MOMOBIO Kick-Off-Meeting fand am 14.06.2023 in den Räumen des Zuwendungsempfängers Universität Hamburg, Abt. Mikrobiologie und Biotechnologie, als Hybridveranstaltung statt. Die überwiegende Anzahl der Teilnehmenden war vor Ort anwesend und hat an einer sich dem Treffen anschließenden Laborführung teilgenommen. In mehreren Vorträgen wurden u. a. Hinweise für die administrative Projektbearbeitung seitens des Projektträgers VDI-IT gegen und durch den Verbundkoordinator die Projektplanung für MOMOBIO vorgestellt. Die experimentellen und analytischen Herausforderungen wurden diskutiert und die Erstellung des Verbundantrages abgestimmt. Zudem wurde eine erste Beprobungskampagne geplant, um erste Ergebnisse für den geplanten Förderantrag zu erhalten.

Die Metagenomsequenzierungen und erste bioinformatische Analyse wurden durch das Institut für Hygiene und Umwelt der Freien und Hansestadt Hamburg durchgeführt. Parallel erfolgte eine Kontrolle der Proben auf die Kultivierbarkeit antibiotikaresistenter Bakterien auf speziellen Selektionsplatten bei dem Projektpartner aus der Krankenhaushygiene. Aus dem Genom der selektionierten Bakterien wurden durch PCR und DNA-Sequenzierung Antibiotikaresistenzgene erfolgreich analysiert, so dass die Umsetzbarkeit der Methodenkombination gezeigt werden konnte.

In einer ersten praktischen Phase wurden erfolgreich Metagenomanalysen von Proben aus sieben verschiedenen Standorten entlang des Wasserkreislaufs der Stadt Hamburg durchgeführt (Abb. 1).

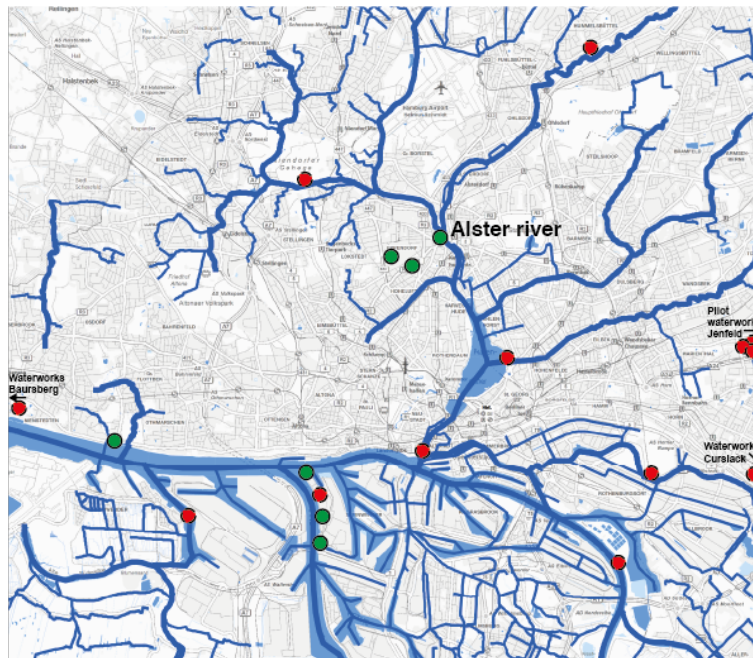


Abb. 1: Probenahmestellen entlang des Hamburger Wasserkreislaufs. In Grün markiert sind sieben ausgewählte Standorte, an denen in Phase 1 für das Projekt MOMOBIO Wasser- und ggf. Sedimentproben genommen wurden. Die rot markierten Standorte sollen in Phase 2 vorbehaltlich der Förderung von MOMOBIO-2 ebenfalls beprobt werden.

Für den in der Karte in Abbildung 1 gezeigten Standort an der Alster („Alster river“) werden im Folgenden beispielhaft erste Ergebnisse der Metagenomanalysen wiedergegeben. Im Fokus war hierbei die Testung des methodischen Ablaufs von der Probenahme bis zur bioinformatischen Auswertung.

Die in MOMOBIO gewonnenen ersten Daten belegen eine unterschiedliche Speziesverteilung bakterieller Mikroorganismen in den unterschiedlichen Habitaten (Abb. 2).

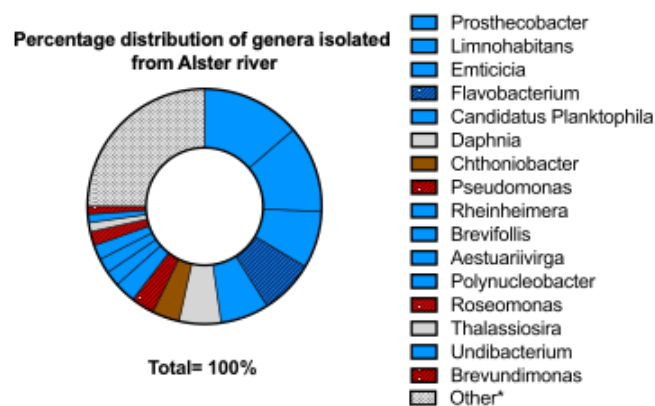


Abb. 2: Relative Speziesverteilung der Mikroorganismen in einer Wasserprobe aus der Alster. In Ufernähe der Alster im Bereich einer Liegewiese und des Aufenthaltsortes von Wasservögeln wurde eine Wasserprobe gewonnen und durch Metagenomanalyse die relative Speziesverteilung ermittelt. In Blau markiert sind üblicherweise in aquatischen Habitaten anzutreffende Bakterienspezies, in Rot markiert sind potenziell humanpathogene Mikroorganismen, deren Auftreten in Umweltproben erwartbar ist.

In Abbildung 3 ist im Vergleich die deutlich höhere Abundanz von Mikroorganismen im Sediment von Oberflächenwässern zu sehen. Diese Daten werden in Phase 2 mit den

Metagenomen aus sedimentierten Abwasserflocken und ggf. Biofilmen aus Abwasserbehandlungsanlagen verglichen.

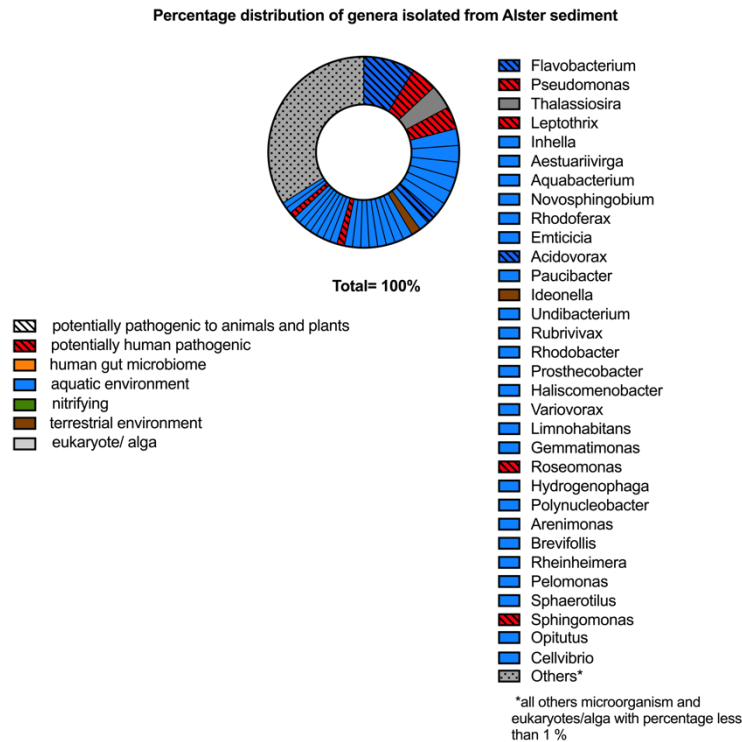


Abb. 3: Relative Speziesverteilung der Mikroorganismen in einer Sedimentprobe aus der Alster. In Ufernähe der Alster im Bereich einer Liegewiese und des Aufenthaltsortes von Wasservögeln wurde eine Sedimentprobe gewonnen und durch Metagenomanalyse die relative Speziesverteilung ermittelt. In Blau markiert sind üblicherweise in aquatischen Habitaten anzutreffende Bakterienspezies, in Rot markiert sind potenziell humanpathogene Mikroorganismen, deren Auftreten in Umweltproben erwartbar ist.

Die Detektion und Identifikation potenziell pathogener Mikroorganismen ist möglich, die bioinformatische Analyse der Metagenomsequenzen für diese Zwecke wird in der Phase 2 in MOMOBIO-2 im Detail durchgeführt werden. Die Metagenomdaten weisen zudem eine unterschiedlich hohe Anzahl bekannter Resistenzgene auf, die auf einen Selektionsdruck durch antibiotisch wirkende Substanzen aus der Umwelt (natürliche Konkurrenz) oder durch anthropogene Einflüsse hindeuten. Auch hier erfolgt eine detaillierte Analyse im avisierten Verbundprojekt MOMOBIO-2.

Für den Nachweis multiresistenter Bakterien wurden zusätzlich Proben aus allen Wasserproben durch direkte Ausplattierung oder Anreicherung mittels Membranfiltration auf chromogenen Selektivmedien analysiert („Culturomics“). Ziel war die Kultivierung klinisch relevanter, antibiotikaresistenter Bakterienstämme aus den in MOMOBIO gewonnenen Proben. Nach einer DNA-Extraktion aus Bakterienzellpellets wurde eine digitale PCR für relevante Resistenzgene durchgeführt, womit zudem eine Quantifizierung über einen sehr breiten Konzentrationsbereich möglich wurde. Der gezielte Nachweis ausgewählter Resistenzgene erwies sich im Vergleich zur Analyse von Metagenomen für die einzelnen Gene als wesentlich sensitiver.

Die erste Beprobungskampagne zeigte als ein wesentliches Erfordernis eine hohe Sequenzierentiefe, um die Metagenomdaten möglichst umfassend auswerten zu können. Zur Erzielung der erforderlichen Menge und Reinheit isolierter DNA werden daher die

entsprechenden Protokolle optimiert. Für die geplante Modellierung der Biodiversitätsveränderungen mikrobieller Gemeinschaften entlang des Hamburger Wasserkreislaufs wurden biotische und vor allem abiotischer Parameter bestimmt (z. B. pH-Wert, Sauerstoffgehalt, Ammonium-, Nitrat- und Phosphatkonzentrationen), die bei der Beprobung miterfasst werden sollen. Hinzu kommen exakte Georeferenz- und Wetterdaten.

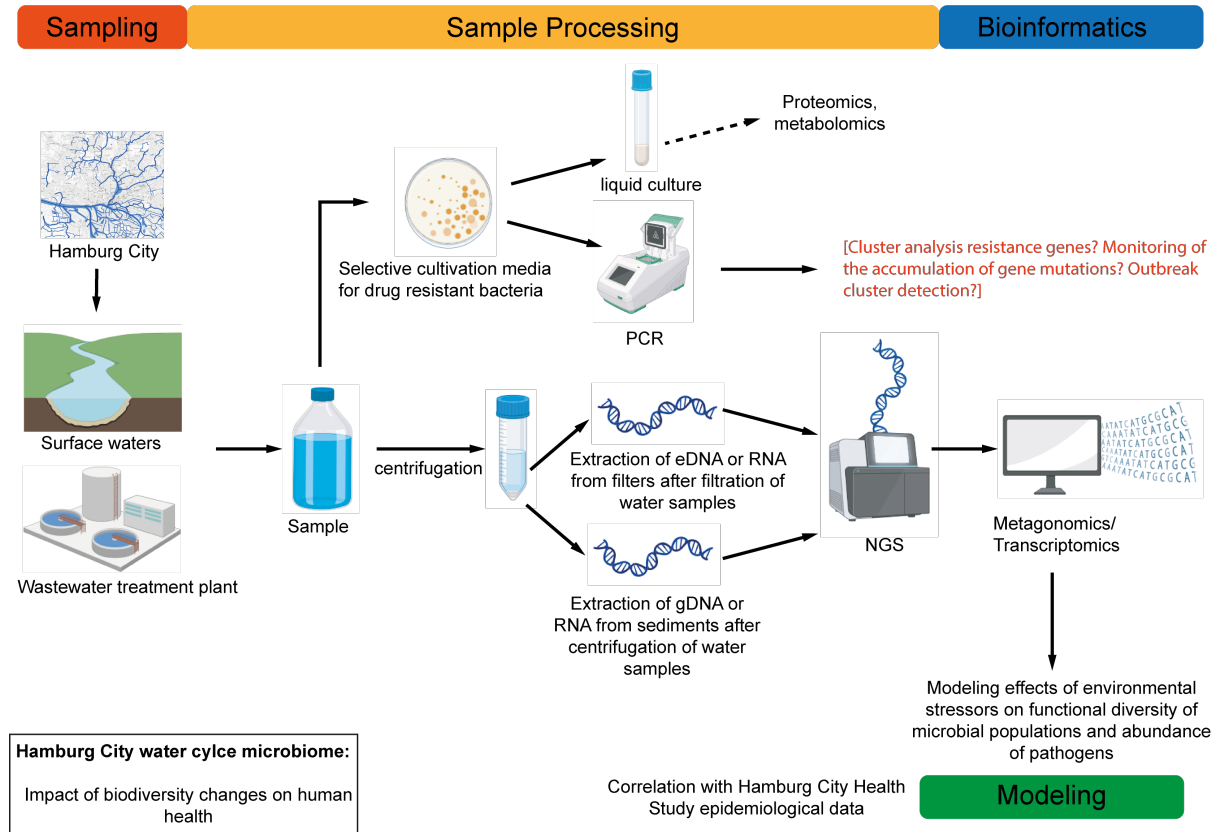


Abb. 4: Optimierter Ablauf molekulares Monitoring von Biodiversitätsveränderungen aquatischer mikrobieller Gemeinschaften. Der in MOMOBIO etablierte Arbeitsablauf weist die Schritte (1) Probenahme („Sampling“), (2) multiple Probenprozessierung („Sample Processing“), (3) bioinformatische Analyse („Bioinformatics“) und (4) ökologische Modellierung („Modeling“). Ziel ist die Analyse des Einflusses von Biodiversitätsveränderungen mikrobieller Gemeinschaften entlang des Hamburger Wasserkreislaufs auf die menschliche Gesundheit.

Das Mikrobiom der Freien und Hansestadt Hamburg, welches mit dem städtischen Wasserkreislauf assoziiert ist, wird in Bezug auf die funktionelle Diversität mikrobieller Gemeinschaften in einem prozessbasierten ökologischen Modellierungsansatz abgebildet werden. Die Einflüsse verschiedener Umweltfaktoren, insbesondere Stressoren, auf Veränderungen in der Zusammensetzung der Gemeinschaften wird simuliert werden, wobei der Fokus auf die Vorhersage der Häufigkeit potenzieller Krankheitserreger liegen wird, die für die menschliche Gesundheit relevant sind. Es werden Merkmale berücksichtigt werden, die mit der Qualität und Menge des verfügbaren Substrats zusammenhängen, wie z. B. die Stickstoffkonzentration, aber auch Merkmale, die die Abwehr von Stressoren beschreiben, einschließlich Antibiotika und Mikroplastik, und ihre Auswirkungen auf die Fitness der verschiedenen funktionellen Typen im Modell auf der Grundlage ihrer Kohlenstoffkosten simulieren.

Zur besseren Verknüpfung des geplanten Verbundprojektes MOMOBIO-2 mit der Hamburg City Health Study (HCHS) wurden Fachgespräche mit den Verantwortlichen durchgeführt. Die HCHS wird seit 2016 am Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf durchgeführt und ist die weltweit größte lokale, prospektive Kohortenstudie zur Gewinnung von Erkenntnissen v. a. über die Entstehung chronischer Krankheiten. Durch die Analyse biomedizinischer Proben von Studienteilnehmern soll der relative Anteil antibiotikaresistenter Bakterien auf der Haut bestimmt werden. Auch die Analyse von Stuhlproben kann hier flankierend zum Einsatz kommen.

Die Einschlusskriterien und die Freiwilligkeit der Teilnahme an der Studie führen dazu, dass die Studienpopulation nicht unbedingt aussagekräftig für die Gesamtbevölkerung ist. Insbesondere kann davon ausgegangen werden, dass vor allem Personen teilnehmen, die ein hohes Interesse an ihrer eigenen Gesundheit haben. Um diese Verzerrung zu kompensieren, werden in der zweiten Projekthälfte zusätzliche Probenahmestellen im Hamburger Abwassersystem definiert, die in Stadtteilen liegen, deren Postleitzahlen in der HCHS-Studie unterrepräsentiert sind und die nicht durch Krankenhausabwasser oder andere Sondereinleiter (z.B. Industrie) beeinflusst werden. Durch den Vergleich dieser Abwasserproben, die in erster Linie die Darmflora der dort lebenden Bevölkerung repräsentieren, kann für die Modellierung abgeschätzt werden, ob für bestimmte Wohngebiete eine Korrektur z. B. im Modellierungsansatz vorgenommen werden muss. In MOMOBIO wurden also wichtige Grundlagen gelegt für eine erfolgreiche Bearbeitung des geplanten Verbundprojektes MOMOBIO-2.

Der avisierte Unterauftragnehmer Life Science Nord wurde von Beginn an in die Phase 1/das Projekt MOMOBIO eingebunden und unterstützt den Verbund kontinuierlich für eine weitere Vernetzung mit Akteuren aus Wissenschaft, Medizin und Industrie.

2. Nutzung der Zuwendung im Vorhaben MOMOBIO (wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises)

Die Gesamtzuwendung im Vorhaben betrug 118.912,56 EUR inkl. Projektpauschale, welche sich auf die im folgenden wiedergegebenen Kostenkategorien verteilte. Durch nicht vorhersehbare Minderausgaben bei den Personalkosten wurden schlussendlich Bundesmittel in der Höhe von 99.734,49 EUR abgerufen.

2.1 Personalkosten (Position 0812)

Die beantragten Personalmittel für wissenschaftliches Personal ermöglichten die Durchführung der geplanten Forschungsaktivitäten sowie die administrative Koordination des Projektes MOMOBIO. Die Personaleinstellung verzögerte sich aus administrativen Gründen, so dass die erforderlichen Zuarbeiten für die Vorbereitung des Verbundantrages durch Mitarbeiter:innen der Abteilung in Teilen übernommen wurden. Der Personalansatz war ursprünglich eine Postdoc-Stelle, die den Projektleiter bei der fachlichen und administrativen Projektdurchführung unterstützen sollte. Eine kurzzeitig über die Projektmittel beschäftigte Wissenschaftliche Mitarbeiterin, die bei der Probenahme, DNA-Extraktion und Aufarbeitung der DNA-Sequenzanalysedaten sehr unterstützend mitwirkte. Das Projektpersonal wirkte bei der Probenahme, DNA-Extraktion und Datenauswertung mit. Von den beantragten Personalmitteln in der Höhe

von 61.093,80 EUR wurden bedingt durch die verzögerte Personaleinstellung schlussendlich nur 41.478,21 EUR abgerufen.

2.2 Vergabe von Aufträgen (Position 0835)

Für DNA-Sequenzierungen wurden 28.000,00 EUR an Fördermitteln eingeworben. Zur Deckung des moderat höheren Finanzbedarfs für die Auftragssequenzierung wurden nicht benötigte Personal- und Reisemittel (Position 0812, 0846) verwendet, so dass an Position 0835 Fördermittel der Höhe von 32.298,14 EUR eingesetzt wurden.

2.3 Sonstige Verwaltungsausgaben (Position 0843)

Benötigte Sach- und Verbrauchsmittel umfassten spezialisierte Kits für die DNA-Isolierung aus Wasserproben mittels Sterilfilter oder aus Sedimenten (Präzipitate im Abwasser, Schlick, Schlamm), Glas- und Plastikwaren. Der hier etwas höhere Finanzbedarf wurde durch Verwendung von Mittel aus den Positionen 0812 und 0846 gedeckt.

2.4 Reisekosten (Position 0846)

Die ursprünglich geplanten Dienstreisen konnten aufgrund der verzögerten Personaleinstellung nicht wie geplant realisiert werden. Zudem waren durch neue Arbeitskontakte die avisierte Reise nach Prag nicht mehr erforderlich. Treffen der Projektpartner in Hamburg erfolgten ohne Abrechnung von Reisekosten.

Insgesamt waren die Finanzmittel ausreichend, um in Phase 1 Vernetzungsaktivitäten durchzuführen und Vorarbeiten für den Vollantrag für Phase 2 zu erzielen. Die Erstellung des Verbundantrages war arbeitsintensiv, wurde aber fristgerecht abgeschlossen. In der zweiten Hälfte der Laufzeit von MOMOBIO fielen dann weitestgehende bioinformatische Auswertung der Ergebnisse der DNA-Sequenzanalysen und die Erstellung von Abbildungen für Publikationen.

3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeiten

Insgesamt waren die Finanzmittel ausreichend, um in Phase 1 Vernetzungsaktivitäten durchzuführen und Vorarbeiten für den Vollantrag für Phase 2 zu erzielen. Hervorzuheben ist die hervorragende interdisziplinäre Zusammenarbeit mit den Arbeitsgruppen aus der Mikrobiologie, Systemmodellierung, Krankenhaushygiene und dem Praxispartner HAMBURG WASSER. Die Erstellung des Verbundantrages war arbeitsintensiv, wurde aber fristgerecht abgeschlossen. In der zweiten Hälfte der Laufzeit von MOMOBIO fielen dann die bioinformatische Auswertung der Ergebnisse der DNA-Sequenzanalysen und die Erstellung von Abbildungen für die geplanten Publikationen. Die geleisteten Projektarbeiten waren daher notwendig und angemessen, um das Ziel der Erstellung eines BMBF-Verbundantrages unter Einbeziehung neu gewonnener, experimenteller Daten zu erreichen.

4. Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans

Das primäre Ziel in Phase 1 war die Erstellung des Verbundantrages auf Basis vorhandener Vorarbeiten und neu erzielter Ergebnisse (hier: Metagenomanalysen

mikrobieller Gemeinschaften in aquatischen Habitaten), welches erreicht wurde. Die Daten aus der ersten Probenahmekampagne können darüber hinaus für weitere Forschungsarbeiten verwendet und publikatorisch aufgearbeitet werden. Inzwischen liegt der positive Förderbescheid für das sich anschließende BMBF-Verbundprojekt MOMOBIO-2 (Laufzeit: 36 Monate) vor, so dass der Mitteleinsatz für MOMOBIO erfreulicherweise sehr ergebnisreich ist.

5. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde, sowie während der Durchführung bekannt gewordene Fortschritte bei anderen Stellen

Nur wenige Studien haben die Auswirkungen von Abwasser auf die bakterielle Zusammensetzung in der Umwelt untersucht. In einer vor einigen Jahren in den Niederlanden durchgeführten Studie (Verburg, van Veelen et al. 2021) wurde das Vorhandensein bestimmter Bakterientaxa in klinischen und nicht-klinischen Abwässern entlang des Abwasserpfades überwacht. Eine intensive Literaturrecherche (Hocquet, Muller et al. 2016), die sich auf das Vorhandensein von resistenten *E. coli* und *P. aeruginosa* Stämmen in klinischem Abwasser konzentrierte, zeigte, dass diese Stämme auch nach der Einleitung aus Kläranlagen noch im Abwasser nachgewiesen werden können, was in mehreren Ländern der Fall war. Über die Verbreitung von Mikroplastik in den Gewässern von Großstädten ist fast nichts bekannt, gegenwärtig laufen bei den Projektpartnern Pilotversuche zur Erfassung der Belastung von Oberflächenwasser und Abwasser durch Mikroplastik.

Referenzen

Verburg, I., van Veelen, H. P. J., Waar, K., Rossen, J. W. A., Friedrich, A. W., Hernández Leal, L., García-Cobos, S., & Schmitt, H. (2021). Effects of Clinical Wastewater on the Bacterial Community Structure from Sewage to the Environment. *Microorganisms*, 9(4), Article 718. doi: 10.3390/microorganisms9040718

Hocquet D, Muller A, Bertrand X. What happens in hospitals does not stay in hospitals: antibiotic-resistant bacteria in hospital wastewater systems. *J Hosp Infect.* 2016 Aug;93(4):395-402. doi: 10.1016/j.jhin.2016.01.010

6. Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen der Ergebnisse im Vorhaben

Gegenwärtig wird durch das MOMOBIO-Konsortium zwei Publikationen der in MOMOBIO erzielten Ergebnisse sowie neuer Daten aus einer weiteren Probenahmeserie vorbereitet.