

Mikrobiologie im Grund- und Quellwasser der Baumberge (Kreis Coesfeld, Nordrhein-Westfalen) – Charakterisierung der Bakterienbesiedlung und der Grundwasserfauna

Gudrun Preuß, Schwerte, und Vincent Lugert, Münster

Zusammenfassung

Grundwasser und Quellen bilden Lebensräume mit einer diversen, stark an die nährstoffarmen Bedingungen angepassten mikrobiellen und faunistischen Besiedlung. Mikroorganismen stehen dabei am Anfang der Nahrungskette und bilden die Basis für höhere Organismen, den Grundwassertieren. Außerdem beeinflussen sie mit ihren Abbauaktivitäten erheblich die jeweilige chemische Wasserbeschaffenheit. Ob und in welchem Ausmaß die Quellen der Baumberge von Organismen aus dem Grundwasser besiedelt sind, wurde nun erstmals näher betrachtet. Für eine erste Bestandsaufnahme wurden vier Quellen im Gebiet der Baumberge untersucht.

Die mikrobiologischen und molekularbiologischen Ergebnisse zeigten in den untersuchten Quellen eine hohe mikrobielle Diversität, niedrige Bakterienzahlen sowie Hinweise auf eine aktive, grundwassertypische Bakterienbesiedlung. Die größten Ähnlichkeiten wurden zwischen den Quellen Stever rechts und Stever links sowie zwischen Stever rechts und der Arningquelle beobachtet. Mit Ausnahme der Quelle Lasbeck 1 lagen keine hygienischen Kontaminationen vor. Die Ergebnisse für die Quelle Lasbeck 1 wiesen mit erhöhten Trübungs- und Phosphatwerten, einer sehr hohen mikrobiellen Diversität und einer Belastung mit Fäkalbakterien (*E. coli*) auf eine anthropogene Beeinflussung hin.

Ergänzende Untersuchungen zur vorhandenen Grundwasserfauna in den Quellen sollten eine erste Klassifizierung der nachweisbaren Tiergruppen ermöglichen. Die Ergebnisse zeigten eine hohe Diversität an 3 Messstellen mit einem hohen Anteil echter (stygobionter) Grundwassertiere. Hinsichtlich der Anzahl und der Zusammensetzung der Besiedlungen traten deutliche Unterschiede zwischen den nordwestlich gelegenen Quellen (Arningquelle, Lasbeck 1) und den südöstlichen Quellen Stever rechts und Stever links auf. Auch bezüglich der Grundwasserfauna nahm die Quelle Lasbeck 1 mit einer hohen Artenvielfalt eine Sonderstellung ein.

1 Einleitung

Das Untersuchungsgebiet Baumberge mit seinen Quellen ist Gegenstand verschiedener interdisziplinärer Projekte, in denen Fragen zur Hydrogeologie, Hydrochemie, Ökologie sowie des Landschafts- und Naturschutzes bearbeitet werden. Mikrobiologische Untersuchungen zur Beschaffenheit der Bakterienbesiedlung in den Quellen sowie zur grundwassertypischen Fauna fehlten bisher. Für ausgewählte Quellen im Untersuchungsgebiet

wurde daher eine orientierende Voruntersuchung zur Beschaffenheit der mikrobiellen Besiedlung und zur Grundwasserfauna durchgeführt.

1.1 Grundwasser als Ökosystem

Das Grundwasser ist Lebensraum einer Vielzahl von speziell angepassten Organismen, deren Existenz viel über die Qualität und Struktur ihres Lebensraums aussagen kann. Das Ökosystem Grundwasser ist geprägt von zum Teil extremen Lebensbedingungen, z.B. Dunkelheit, räumlicher Enge, konstant niedrigen Temperaturen und Nährstoffknappheit (VDG, 2004). Die Mikroflora steht am Anfang der Nahrungskette und bildet die Basis für höhere Organismen. Die autochthonen (grundwassertypischen) Mikroorganismen spielen eine wesentliche Rolle beim Abbau organischer Verbindungen. Im Zuge ihrer Abbau- und Stoffwechselaktivitäten beeinflussen sie unter anderem die Redoxbedingungen, den pH-Wert und die chemische Beschaffenheit von oberflächennahem Grundwasser bezüglich Sauerstoff, Nitrat, Sulfat und anderen Elektronenakzeptoren. Hygienisch relevante Mikroorganismen und Krankheitserreger gehören nicht zur autochthonen Grundwasserbesiedlung (GRIEBLER & MÖSSLACHER 2003, PREUß & SCHMINKE 2004).

Das für diese Untersuchung gewählte mikrobiologische Untersuchungsprogramm sollte Aussagen zum ökologischen Zustand der jeweiligen Grundwassermikroflora, den Vergleich der Bakterienbesiedlungen und die Darstellung von Besiedlungsveränderungen während der Versickerung und Untergrundpassage des Wassers ermöglichen (PREUß 2008).

Die ergänzenden Untersuchungen zur vorhandenen Grundwasserfauna in den Quellen sollten eine erste Klassifizierung der nachweisbaren Tiergruppen ermöglichen. Diese Arbeiten basierten auf einen von der DWA herausgegebenen Bestimmungsschlüssel der deutschen Grundwasserfauna (DWA 2007). Allein für Deutschland sind über 500 Grundwasser bewohnende Tierarten beschrieben, die sich ursprünglich von Tiergruppen der Oberflächengewässer ableiten, jedoch eine eigene Weiterentwicklung und Anpassung vollzogen haben. Zu den wichtigsten zählen hierbei die Krebstiere (Crustacea) mit den Wasserflöhen (Cladocera), Ruderfusskrebse (Copepoda), Muschelkrebse (Ostracoda) und Brunnenkrebse (Bathynellacea) sowie Würmer. Aber auch Asseln (Isopoda), Schnecken (Gastropoda) und sogar Insektenlarven können ins Grundwasser einwandern. Daher gilt es, Grundwassertiere anhand ihrer Lebensraumpräferenz zu unterscheiden in stygoxene (Tiere, die zufällig in unterirdischen Gewässern angetroffen werden), stygophile (Tiere, die freiwillig und bevorzugt unterirdische Gewässer aufsuchen) und stygobionte Arten (echte Grundwassertiere) (VDG 2005, HAHN & MATZKE 2005). Echte Grundwassertiere haben ihre Existenz und ihre Morphologie perfekt an ihren Lebensraum angepasst. Sie sind bedeutend kleiner als ihre Verwandten der Oberflächengewässer, augen- und farblos und ihre Körper sind für das Leben im Interstitial (Lückensystem) abgeflacht. Außerdem weisen sie deutlich verlangsamte Stoffwechsel- und Reproduktionsraten auf.

Quellen stellen eine Übergangszone zwischen Grundwasser und Oberflächengewässer dar und sind somit Lebensraum für alle Arten von Grundwassertieren unabhängig ihrer Lebensraumpräferenz.

2 Untersuchte Quellen

Für die Untersuchungen wurden Quellen ausgewählt, die sich entlang der Nottuln-Havixbecker-Aufschichtung befinden (Tab. 1, Abb. 1). Sie sollten einen Vergleich nord-östlich gelegener und südwestlich gelegener Grundwasseraustritte an der Störung ermöglichen. Eine Beprobung des Grundwassers „on top of the Baumberge“ als zuströmendes Wasser war nicht möglich, da diese Messstelle zum Entnahmezeitpunkt kein Wasser führte.

Tab. 1: Probenbezeichnung und Charakterisierung der untersuchten Quellen.

Bezeichnung:	Steuer rechts	Steuer links	Arningquelle	Lasbeck 1
Quellname/Nr.	Steuer A XII_F	Steuer A XII_B	Arning F VII	Arning F VI
Koordinaten	2593924/5758293	2593924/5758294	2596267/5759993	2596033/5760065
Quellentyp	Sturzquelle	Sturzquelle	Sturzquelle	Sickerquelle
Tiefe	5 cm	11 cm	8 cm	18 cm
Durchmesser	40 cm	150 cm	35 cm	115 cm
Anzahl der Austritte	1	8	2	3



Abb. 1: Lage der Quellstandorte A XII, F VI und F VII (verändert nach DÖLLING 2006).

3 Methoden

3.1 Probenahme

Mikrobiologische Probenahme: Die kontaminationsfreie Entnahme erfolgte jeweils direkt über einem Quellaustritt mit einer sterilen 2-Liter-Saugflaschen und autoklavierten PVC- Gewebeschläuchen. Mit einer Handpumpe wurde ein Unterdruck erzeugt und das Wasser in die Flasche gesaugt. Danach wurde das Wasser kontaminationsfrei in sterile Flaschen überführt. Die Proben wurden gekühlt und dunkel transportiert und am nächsten Tag bearbeitet.

Bestimmung der Vor-Ort-Parameter: Für die Messungen der physikalisch-chemischen Vor-Ort-Parameter wurden ein WTW-Multimeter 197i und ein WTW-pH-Meter 196 benutzt. Alle verwendeten Elektroden wurden am Vortag kalibriert. Für die Messungen wurde eine Schöpfprobe in einem Becherglas direkt an dem Quellpunkt genommen und die Parameter mittels der eingehängten Elektroden gemessen. Die Laborwerte zur chemischen Wasserbeschaffenheit wurden nach aktuellen DIN-Verfahren ermittelt.

Entnahme der Grundwasserfauna: Die Probenahme orientierte sich an der in der Literatur teilweise beschriebenen Vorgehensweise (HAHN 2005, DWA 2007). Um grundwasserfremde Organismen weitestgehend aus den Proben heraus zu halten, wurden speziell angefertigte Quellglocken aus Kunststoff im Durchmesser von 8 / 15cm verwendet, welche über den Quellaustritt gestülpt und in das Sediment eingedrückt wurden. Die sich in den Quellglocken sammelnde Schüttung wurde mittels einer Unterdruckpumpe abgepumpt und in einem Gefäß gesammelt. Anschließend wurde das Probevolumen von 10 Liter durch ein Planktonnetz mit 50µm Maschenweite filtriert und das Probevolumen so auf 10 ml konzentriert. Die Tiere wurden in 70%igem Ethanol fixiert.

3.2 Untersuchungsmethoden

3.2.1 Bakterien und mikrobielle Aktivitäten

Um eine hygienische Bewertung des Quellwassers durchzuführen, wurden die Proben auf die trinkwasserrelevante Parameter Koloniezahlen bei 22°C und bei 36°C (TRINKWV 1990) untersucht. Als Indikatoren für fäkale Verunreinigungen wurden außerdem E. coli und coliforme Bakterien auf TTC-Agar nach DIN 9308-1 und mit dem Colilert® Quanty Tray quantifiziert. Für die Abschätzung der natürlichen mikrobiellen Besiedlung erfolgte die Untersuchung der Lebendbakterienzahlen auf R2A-Agar gemäß US-EPA (EATON 1995). Es werden hiermit in erster Linie aquatische Umweltbakterien erfasst, die an nährstoffärmere Bedingungen und geringere Temperaturen angepasst sind als die nach TrinkwV ermittelten Bakterien.

Für die Ermittlung mikrobieller Enzymaktivität wurde die Hydrolyse von FDA (Fluorescein-Diacetat) durch Esterasen nach OBST & HOLZAPFEL-PSCHORN (1988) untersucht. Da Esterasen in einer Vielzahl von Mikroorganismen vorkommen, eignet sich dieser Parameter als Summenparameter für mikrobielle Bioaktivitäten (SCHNÜRER & ROSSWALL 1982). Zu den Esterasen gehört eine breite Palette von Enzymen (Lipasen, Proteinasen u.a.), die in allen Mikroorganismen vorkommen und bei dem heterotrophen Abbau von organischen Nährstoffen eine Rolle spielen.

3.2.2 Molekularbiologische Besiedlungsanalysen

Nukleinsäuren (DNA und RNA) als Träger der genetischen Information können als Summenparameter für die Biomasse in Umweltproben analysiert werden. Die in der vorliegenden Untersuchung mittels PCR (Polymerase Chain Reaction) vervielfältigte DNA gibt Auskunft über die Zusammensetzung der eubakteriellen Besiedlung. Hierbei kann nicht zwischen aktiven und toten oder inaktiven Bakterien unterschieden werden, da DNA (Desoxyribonukleinsäure) in Umweltproben auch nach dem Absterben der Bakterien längere Zeit nachweisbar bleibt. Die Durchführung der PCR mit eubakteriellen Primern sowie die anschließende Erstellung von Besiedlungsmuster mittels DGGE (Denaturierende Gradienten-Gel-Elektrophorese) erfolgt wie bei MEYZER et al. (1993) sowie KILB et al. (1998) beschrieben. Als Resultat erhält man für jede Probe ein DGGE-Muster von unterschiedlicher „Banden“ (= Gensequenzen), das Auskunft über die genetische Diversität und Zusammensetzung der Bakterienbesiedlung gibt (KUHLMANN et al. 1998, DOMINIK & HÖFLE 2002, PREUB 2008). Die Berechnung des Diversitätsindex erfolgte nach der Formel:

$$H = -\sum[\pi_i \cdot \log_2(\pi_i)] \quad \text{mit:}$$

Hmax	=	$\log_2(ap)$
π_i	=	Bandenintensität
J	=	H / H_{\max}
ap	=	Anzahl der Banden

Die Ähnlichkeiten zwischen den Besiedlungsmustern wurden mit Hilfe des Sörenson-Index QS (%) berechnet, der auch als Dice-Index bezeichnet wird (FROMIN et al. 2002, LAPARA et al. 2002; EMITAZI et al. 2004; POZOS et al. 2004). Die Formel lautet:

$$QS = 2 \times SAB / (SA + SB) \times 100\% \quad \text{mit:}$$

mit: SAB = Zahl der in beiden Proben vorkommenden Banden
SA, SB = Zahl der Banden in Probe A bzw. B

3.2.3 Untersuchung der Grundwasserfauna

Die überwiegend auf der Ebene von Ordnungen klassifizierten Organismen wurden soweit möglich ihrem bevorzugten Lebensraum zugeordnet. Sie konnten entweder als echte Grundwassertiere definiert werden oder als andere, limnische Gruppen, die auch in Übergangsbereichen oder im Oberflächenwasser vorkommen. Als Grundlage für diese erste Klassifizierung sowie die weitere taxonomische Einordnung der Isolate diente ein vom DWA-Projektkreis Grundwasserbiologie erarbeiteter Bestimmungsschlüssel (DWA 2007).

Zur Sortierung wurden die einzelnen Proben auf eine gerasterte Mänderschale gegeben und unter der Stereolupe durchgesehen. Alle gefundenen Tiere wurden separiert, nummeriert, in einige Tropfen 70%igem Ethanol überführt und gelagert. Zur Bestimmung wurden die einzelnen Tiere in einen Tropfen Glycerin auf einen Objektträger überführt und mit einem Deckgläschen und Siegelack versiegelt.

4 Chemische und biologische Beschaffenheit der Quellen

4.1 Chemische Beschaffenheit

Die vor Ort gemessenen physikalisch-chemischen Parameter lagen für alle 4 Quellen in einer jeweils vergleichbaren Größenordnung (Tab. 2). Keine der Proben wies einen sensorisch nachweisbaren Geruch, eine Färbung oder Trübung auf. Auch die Konzentrationen für organische Kohlenstoffverbindungen (DOC und TOC) lagen in vergleichbarer Größenordnung und mit ca. 1 mg/ml in einem für Grundwasser typischen, niedrigen Bereich (Tab. 2).

Tab. 2: Chemische Charakterisierung der Quellwässer.

Parameter	Einheit	Steuer rechts	Steuer links	Arningquelle	Lasbeck 1
Temperatur	°C	10,1	9,9	10,0	10,1
Leitfähigkeit	µS/cm	730	723	731	709
Sauerstoff	mg/l	4,63	6,49	5,48	5,59
Sauerstoff	%	42,0	58,1	49,3	50,3
pH	l	6,62	6,74	6,52	6,88
Redoxpotential	mV	165	180	97	193
Trübung	FNU	0,12	0,09	0,05	0,21
DOC	mg/l	1,2	1,1	0,9	0,9
TOC	mg/l	1,2	1,1	0,9	1
HCO ₃ [*]	mg/l	351	339	362	347
F [*]	mg/l	0,1	0,09	0,05	0,09
Cl [*]	mg/l	19,4	20	13	15,8
NO ₃ [*]	mg/l	37,5	41,9	33,8	32,1
PO ₄ [*]	mg/l	0	0	0	0,384
SO ₄ [*]	mg/l	0	0	0	0

^{*} Laboranalysen der Universität Münster

Auffällig waren jedoch der hohe Phosphatgehalt (> 0,3 mg/l) sowie die hohe Trübung von 0,21 FNU in der Quelle Lasbeck 1. Die übrigen untersuchten Quellen wiesen unauffällige und vergleichbare Werte auf (Tab. 2).

4.2 Bakterielle Besiedlung

Die bakteriologischen Untersuchungen nach TrinkwV wiesen die Quellstandorte Steuer rechts, Steuer links und Arningquelle als hygienisch weitgehend unbelastet aus (Tab. 3). Die Koloniezahlen lagen in einem für Grundwasser üblichen niedrigen Bereich. Indikatoren für aktuelle fäkale Belastungen (E. coli und coliforme Bakterien) waren mit Ausnahme eines Einzelbefundes (Steuer links) nicht nachweisbar. Mit dem Colilert[®]-Verfahren wurden zwar in allen Quellen Umweltcoliforme beobachtet, diese sind jedoch nicht zwangsläufig fäkalen Ursprungs (Tab. 3).

Tab. 3: Ergebnisse der mikrobiologischen Untersuchungen.

Probe	Steuer rechts	Steuer links	Arningquelle	Lasbeck 1
Hygienische Situation				
KBE/ml TrinkwV, 22°C	58	15	5	35
KBE/ml TrinkwV, 36°C	22	0	0	23
Coliforme / 100 ml TTC	0	1	0	9
Coliforme / 100 ml Colilert	1	26,2	3,1	24,6
E.coli /100 ml TTC	0	0	0	9
E.coli /100 ml Colilert	0	0	0	6,3
Umweltbakterien				
KBE/ml R2A, 2 Tage	3	29	5	59
KBE/ml R2A, 5 Tage	7	91	15	98
FDA-Umsatz (ng/ml/h)	66,59	66,48	63,95	74,11
<i>Anmerkung: Mit dem Colilert – Verfahren werden im Gegensatz zu dem Verfahren auf TTC-Agar auch Umweltcoliforme erfasst, die nicht zwangsläufig fäkalen Ursprungs sein müssen. Daher werden in Grund- und Quellwasser mit dem Colilert-Verfahren sehr häufig höhere Befunde als mit dem TTC-Verfahren beobachtet.</i>				

Auffällig waren die Befunde zu den coliformen Bakterien und zu E.coli jedoch in der Quelle Lasbeck 1 mit 9 E. coli / 100 mL auf TTC-Agar. In unbeeinflussten Grundwässern werden diese Organismen normalerweise nicht beobachtet (PREUB & SCHMINKE 2004). Gründe für diesen Befund können ein möglicher Eintrag von oberflächennahem Sediment bei der Probenahme sein sowie ein oberhalb der Quelle liegender landwirtschaftlicher Betrieb.

Die höchsten Bakterienzahlen auf R2A-Agar für Umweltbakterien wurden für die Quellen Steuer links und Lasbeck 1 beobachtet (Tab. 3). Die Zahlen liegen in einem für unbelastete Grundwässer üblichen Bereich (GLIESCHE 1998, PREUB 2008).

Die mikrobielle Bioaktivität (FDA-Umsatz, Tab. 3) war an allen 4 Standorten vergleichbar. Sie liegt um eine Log-Stufe höher als in unbeeinflusstem Grundwasser, jedoch deutlich (ca. 2 Log-Stufen niedriger) als in Oberflächengewässer (PREUB 2008). Insgesamt wiesen diese Ergebnisse auf eine aktive und naturnahe mikrobielle Grundwasserbesiedlung hin.

4.3 Mikrobielle Diversität

Die Gesamtzahl der aufgetrennten Banden (Gensequenzen) sowie die errechneten Diversitätsindizes H zwischen 3 und 5 belegen eine hohe genetische Diversität der bakteriellen Besiedlung in allen untersuchten Quellen. Sehr hohe genetische Diversitäten wurden in Steuer rechts und der Arningquelle beobachtet (Tab. 4). Die etwas geringeren Werte für H für Steuer links und Lasbeck 1 liegen jedoch immer noch in einem für Grundwasser typischen Bereich.

Eine signifikante genetische Ähnlichkeit der mikrobiellen Besiedlungen zueinander zeigte sich mit 51% zwischen Steuer rechts und Arningquelle. Eine ebenfalls deutliche Ähnlichkeit wurde mit 42% für die Quellen Steuer rechts und Steuer links beobachtet (Tab. 4). Die jeweils geringe Ähnlichkeit mit Lasbeck 1 (19% und 29%) ist wahrscheinlich auf die besondere Beschaffenheit der Quellfassung an dieser Stelle und auf Einflüsse eines Bauernhofes mit Nährstoff- und Organismeneinträgen zurückzuführen.

Tab. 4: Ergebnisse der molekularbiologischen Besiedlungsanalyse (Diversität und Ähnlichkeit der mikrobiellen Besiedlungen).

Besiedlungsstruktur	Steuer rechts	Steuer links	Arningquelle	Lasbeck 1
Anzahl Banden	26	12	33	9
Diversitätsindex H	4,62	3,51	4,97	3,08
mikrobielle Ähnlichkeit (%) zu:				
Steuer rechts	100	42	51	29
Steuer links		100	22	29
Arningquelle			100	19
Lasbeck 1				100

4.4 Grundwasserfauna

Die Quellen nordwestlich der Baumberge (Arningquelle und Lasbeck 1) wiesen mit 71 Individuen eine deutlich höhere Besiedlungsdichte als die Quellen südöstlich der Baumberge auf (Tab. 5). Mit Ausnahme der Quelle Steuer rechts, aus der in dem untersuchten, relativ geringen Probenvolumen keine Tiere isoliert werden konnten, waren in allen Quellen auch ein hoher Anteil echter Grundwassertiere zu beobachten (Tab. 5).

Bei der Auswertung der gefundenen Tiere wurden Unterschiede in Verteilung und der Biodiversität der Quellen deutlich. Die Quellen nordwestlich der Baumberge (Arningquelle, Lasbeck 1) verfügten nicht nur über eine höhere Besiedlungsdichte sondern auch über eine höhere Artenvielfalt gegenüber den Quellen südöstlich der Baumberge (Steuer rechts und links). Die höchste Artenvielfalt wurde für Lasbeck 1 beobachtet (Abb. 2).

Tab. 5: Anzahl der Tiere und erste taxonomische Zuordnungen.

Ordnungen	Steuer rechts	Steuer links	Arningquelle	Lasbeck 1
Individuen / 10 L	0	7	34	37
Echte Grundwassertiere:				
<i>Cyclopoida</i>	0	2	0	3
<i>Hapacticoida</i>	0	0	2	13
<i>Nauplius-Larve</i>	0	0	0	2
Andere:				
<i>Onychura</i>	0	5	31	1
<i>Oligochaeta</i>	0	0	1	3
<i>Plecoptera</i>	0	0	0	1

Die Quelle Steuer links liegt zwar südöstlich der Baumberge und hat eine niedrige Besiedlungsdichte, gleich aber in ihrer Besiedlungsstruktur und Dominanzverteilung eher der Arningquelle (Tab. 5). Bezüglich der Besiedlungsdominanz fällt besonders der Unterschied in der Anzahl der Cladocera bei den nordwestlichen Quellen Arningquelle und Lasbeck 1 auf (Abb. 3).

Quelle Lasbeck 1

Verteilung der gefundenen Tiere nach Ordnungen / Unterordnungen (%)

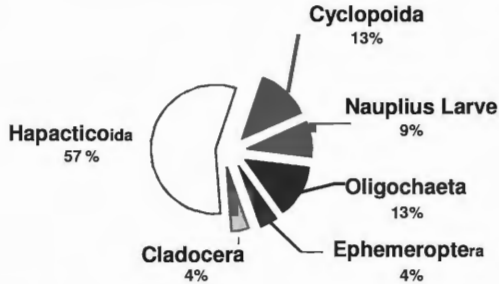


Abb. 2: Zusammensetzung der Grundwasserfauna, Beispiel Lasbeck 1.

Besiedelungsdominanz (nach Unterordnungen)

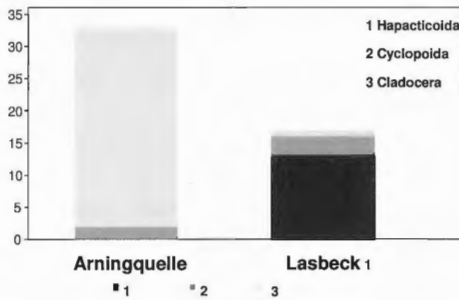


Abb. 3: Zusammensetzung der Grundwasserfauna an den Standorten Arningquelle und Lasbeck 1 (klassifiziert nach Unterordnungen).

Die Fotos in Anhang 6 (oben und unten) zeigen Beispiele für typische Grundwassertiere, die aus den untersuchten Quellen isoliert werden konnten.

5 Fazit und Ausblick

Die mikrobiologischen und molekularbiologischen Ergebnisse für die Quellen Stever rechts, Stever links und Arningquelle sind vergleichbar mit einem ökologisch guten Grundwasserzustand. Die mikrobiologische Situation ist als unauffällig zu bewerten. Mit Ausnahme der *E. coli*-Befunde in Lasbeck 1 handelt es sich jeweils um hygienisch weitgehend unbelastetes bzw. gering belastetes Quellwasser mit niedrigen Bakterienzahlen aber einer aktiven, diversen Bakterienbesiedlung.

Die hygienischen Auffälligkeiten in Lasbeck 1 lassen auf Einträge eines im Zustrom liegenden landwirtschaftlichen Betriebes schließen. Hier wurde eine vergleichsweise ge-

ringe mikrobiologische Diversität bei erhöhten Phosphatwerten, erhöhten Trübungswerte sowie eine erhöhte Anzahl des Fäkalindikators *E. coli* beobachtet.

Bezüglich der genetischen Besiedlungszusammensetzung ähneln sich mit am meisten die Bakteriengemeinschaften der Quelle Stever rechts und der Arningquelle. Die jeweils geringe Ähnlichkeit mit Lasbeck 1 ist wahrscheinlich wie die hygienische Belastung auf die genannten anthropogenen Einflüsse an dieser Quelle zurückzuführen.

Erste Unterschiede bezüglich der Grundwasserfauna waren bereits nach Auszählung der gefundenen Individuen deutlich. So wiesen die Quellen nordwestlich der Baumberge eine deutlich höhere Besiedlungsdichte als die Quellen südöstlich der Baumberge auf.

Die taxonomische Einordnung der Tiere zeigte, dass die Quellen nordwestlich der Baumberge nicht nur über eine höhere Besiedlungsdichte verfügen, sondern auch eine höhere Biodiversität gegenüber den Quellen südöstlich der Baumberge aufweisen, wobei sich die Besiedlungsstruktur von Arningquelle (nordwestlich) und Steverquelle links (südöstlich) ähnelt.

Die Ergebnisse zeigen insgesamt, dass die Quellen der Baumberge eine diverse und stygobionte Fauna aufweisen. In drei der vier untersuchten Quellen war auch ein hoher Anteil echter Grundwassertiere zu beobachten. Die höchste Artenvielfalt wurde dabei für Lasbeck 1 beobachtet. Das Fehlen von Tieren in der Quelle Stever rechts ist auf das für Grundwasseruntersuchungen geringe Probenvolumen zurückzuführen. Bei nachfolgenden Untersuchungen sollte daher auf jeden Fall ein höheres Probenvolumen bis 100 Liter untersucht werden.

Die vorliegenden Ergebnisse können nur einen ersten orientierenden Überblick geben. Sie müssen noch durch umfangreichere Untersuchungen verifiziert werden, um eine belastbare Datenbasis zur Mikrobiologie und zur Grundwasserfauna in den Quellen der Baumberge zu schaffen. Auch wäre ein Vergleich der biologischen Beschaffenheit des zulaufenden Grundwassers (Messstelle „on top“) erforderlich, um die biologischen Prozesse bei der Untergrundpassage des Wassers beurteilen zu können.

Danksagung

Wir danken der Naturförderstation Coesfeld, dem Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz, dem Westfälischen Landesmuseum für Naturkunde sowie dem Baumbergeverein für die auch finanzielle Unterstützung der Untersuchungen. Die Arbeitsgruppe von Frau PD Dr. P. Göbel (Abteilung Angewandte Geologie, Institut für Geologie und Paläontologie der Westfälische-Wilhelms-Universität Münster) stellte eine Reihe von Daten zur Verfügung und ermöglichte den Zugang zu den Quellen. Auch für die tatkräftige Unterstützung bei der Probenahme vielen Dank. Ein besonderer Dank gilt außerdem der Abteilung Limnologie und Herrn Dr. N. Kaschek für die Unterstützung bei der Untersuchung und Klassifizierung der Grundwassertiere.

Literatur:

- DOMINIK, K., HÖFLE, M.G. (2002): Changes in bakterioplankton community structure and activity with depth in a eutrophic lake as revealed by 5S rRNA analysis. - *Appl. Environ. Microbiol.* **68**, 3606-3616.
- DWA (DEUTSCHE VEREINIGUNG FÜR WASSERWIRTSCHAFT, ABWASSER UND ABFÄLLE E.V., HRSG) (2007): Grundwasserfauna Deutschlands – Ein Bestimmungswerk. Hennef, März 2007. ISBN-13: 978-3-939057-44-4, ISBN-10: 3-9399057-44-4.
- EATON, J., CLESCERI, L.S., GREENBERG, A.E. (EDS) (1995): Standard methods for the examination of water and wastewater. 19th. Ed. - APHA, Washington D.C.
- EMTIAZI, F., SCHWARTZ, T., MARTEN, S.M., KROLLA-SIDENSTEIN, P., OBST, U. (2004): Investigation of natural biofilms formed during the production of drinking water from surface water embankment filtration. - *Water Research* **38**, 1197-1206
- FROMIN, N., HAMELIN, J., TARNAWSKI, S., ROESTI, D., JOURDAIN-MISEREZ, K., FORESTIER, N., TEYSSIER-CUVELLE, S., GILLET, F., ARAGNO, M., ROSSI, P. (2002): Statistical analysis of denaturing gel electrophoresis (DGGE) fingerprinting patterns. - *Environmental Microbiology*, **4**, 634-643.
- GLIESCHE, CH.G. (1998): Die Mikrobiologie des Grundwasserraumes und der Einfluß anthropogener Veränderungen auf die mikrobiellen Lebensgemeinschaften. - UBA-Texte **15/99**, Forschungsbericht 108 02 898 UBA-FB 98-118, Umweltbundesamt Berlin.
- GRIEBLER, C.; MÖSSLACHER, F. (2003) Grundwasserökologie. UTB-Facultas Verlag, Wien
- HAHN, H.J. (2005): Unbaited traps – A new method for sampling stygofauna. - *Limnologia* **35**, 248-261.
- HAHN, H.J.; MATZKE, D. (2005): A comparison of stygofauna communities inside and outside groundwater bores. - *Limnologia* **35**, 31-44.
- KILB, B., KUHLMANN, B., ESCHWEILER, B., PREUB, G., ZIEMANN, E., SCHÖTTLER, U. (1998): Darstellung der mikrobiellen Besiedlungsstruktur verschiedener Grundwasserhabitate durch Anwendung molekularbiologischer Methoden. - *Acta Hydrochim. Hydrobiol.* **26**, 349 – 354.
- KUHLMANN, B., ESCHWEILER, B., KILB, B., PREUB, G., ZIEMANN, E., SCHÖTTLER, U. (1997): Bestimmung der mikrobiellen Diversität in Grundwässern mittels PCR. - *Vom Wasser* **89**, 205-214.
- LAPARA, T., NAKATSU, C., PANTEA, L., ALLEMANN, J. (2002): Stability of the bacterial communities supported by a seven-stage biological process treating pharmaceutical wastewater as revealed by PCR-DGGE. - *Water Research* **36**, 638-646.
- MUYZER, G., DE WAAL, E.C., AND UITTERLINDEN, A.G. (1993): Profiling of Complex Microbial Populations by Denaturing Gradient Gel Electrophoresis Analysis of Polymerase Chain Reaction-Amplified Genes Coding for 16S rRNA. - *Appl. Environ. Microbiol.* **59**, 695-700, 1993.
- OBST, U., HOLZAPFEL-PSCHORN A. (1988): Enzymatische Tests für die Wasseranalytik. Oldenbourg Verlag, München.
- POZOS, N., SCOW, K., WUERTZ, S., DARBY, J. (2004): UV disinfection in a model distribution system: Biofilm growth and microbial community. - *Water Research* **38**, 3083-3091.
- PREUB, G. (2008): Beeinflusst die künstliche Grundwasseranreicherung den mikrobiologisch-ökologischen Zustand des Grundwassers? In: Ruhrgütebericht 2007. Arbeitsgemeinschaft der Wasserwerke an der Ruhr (AWWR) und Ruhrverbände Essen (Hrsg.), S. 159-168, Essen 2008, ISSN 1613-4729.
- PREUB, G., H. K. SCHMINKE (2004): Grundwasser lebt! - *Chemie in unserer Zeit* **38**, 340-347.
- SCHNÜRER, J., ROSSWALL, T. (1982): Fluorescein diacetate hydrolysis as a measure of total microbial activity in soil and litter. - *Appl. Environ. Microbiol.* **43**, 1256-1261.
- TRINKWV: Verordnung über die Qualität von Wasser für den menschlichen Gebrauch. - Bundesgesundheitsblatt 2002, 12 Bundesgesetz FNA 2126-13-1.
- VDG (VEREINIGUNG DEUTSCHER GEWÄSSERSCHUTZ E.V., HRSG.) (2005): Lebensraum Grundwasser. Schriftenreihe der Vereinigung Deutscher Gewässerschutz Bd. 68, ISBN 3-937579-26-5

Anschriften der Verfasser:

Dr. Gudrun Preuß
Institut für Wasserforschung GmbH
Dortmund
Zum Kellerbach 46
58239 Schwerte
preuss@ifw-dortmund.de

Vincent Lugert
Mehringen 21
48351 Everswinkel

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Abhandlungen aus dem Westfälischen Provinzial-Museum für Naturkunde](#)

Jahr/Year: 2010

Band/Volume: [72_3-4_2010](#)

Autor(en)/Author(s): Preuß Gudrun, Lugert Vincent

Artikel/Article: [Mikrobiologie im Grund- und Quellwasser der Baumberge \(Kreis Coesfeld, Nordrhein-Westfalen\) - Charakterisierung der Bakterienbesiedlung und der Grundwasserfauna 75-86](#)