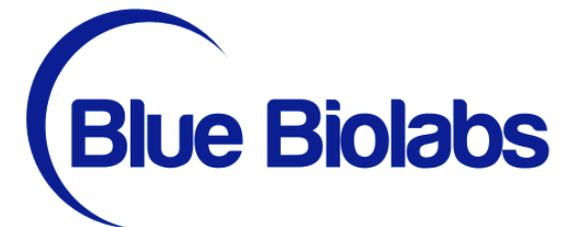




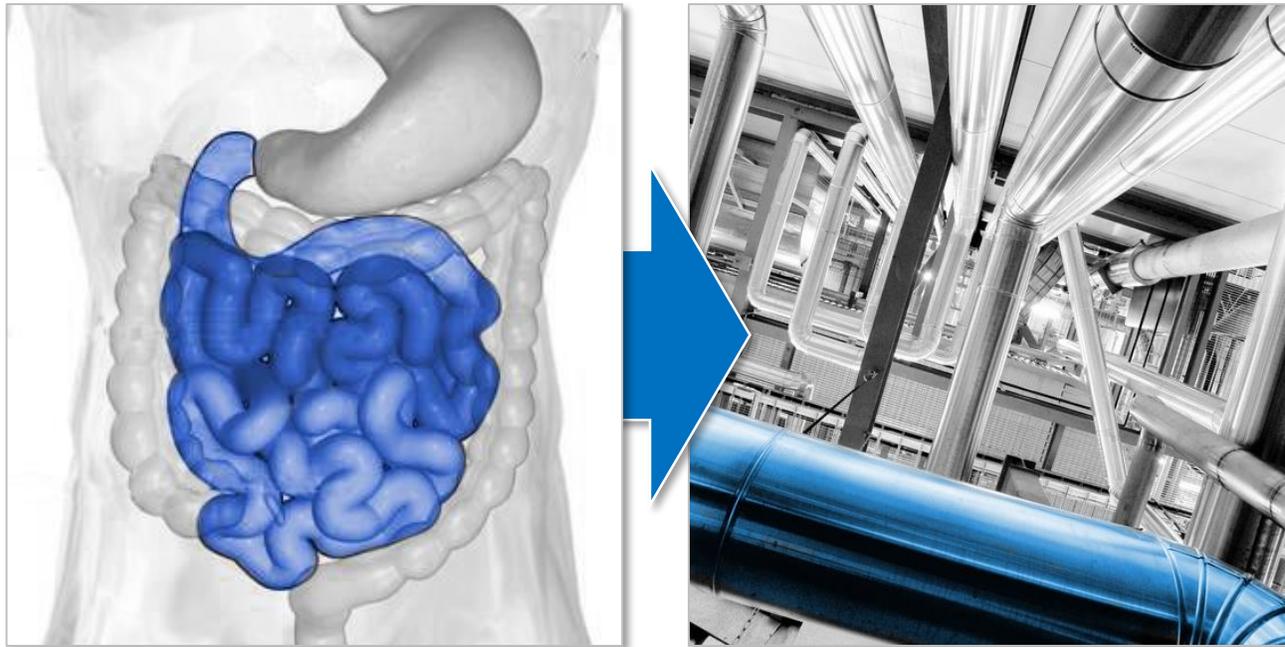
Blue Biome

Trinkwasser

Moderne Analytik für
komplexe Prozesse



Mikrobiologie in technischen Systemen



Molekularbiologische Methoden, die bereits in der medizinischen Diagnostik eingesetzt werden, können auch im Bereich der Prozessüberwachung eingesetzt werden.

Sie haben sich für die Analyse und Bewertung von Biofilmbildung, hygienischen Risiken, Verblockungen, Stoffumwandlungen und Korrosionsprozessen bewährt.

Methoden der Überwachung

Die klassische mikrobiologische Überwachung und Ursachenfindung stützt sich auf kultivierungsbasierte Ansätze.

Dabei werden lediglich Indikatororganismen nachgewiesen.

Nur im Fall einer bereits erfolgten Überschreitung wird eine tiefergehende Ursachenforschung angeschlossen.



Unser Konzept

Die Blue Biome Analyse basiert auf einer Identifikation sämtlicher, in der Probe vorkommender, Organismen.

Zudem wird die prozentuale Zusammensetzung der Population sichtbar, wodurch sich Veränderungen schnell feststellen lassen.

Die Organismen werden mittels einer Datenbank übersichtlich nach ihren Eigenschaften gruppiert (Verockerung, Krankheitserreger, Biofilme usw.)

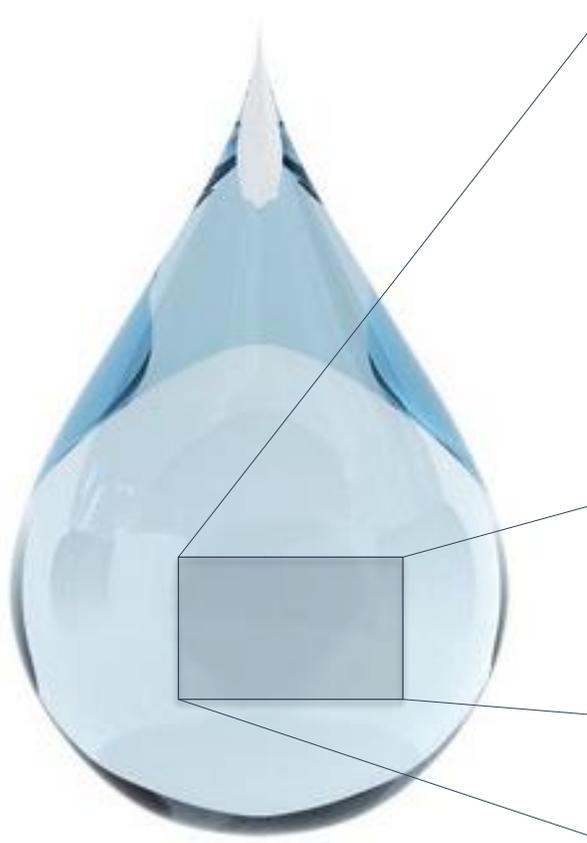
So können Veränderungen im Aufbereitungsprozess erkannt und geeignete spezifische Gegenmaßnahmen eingeleitet werden.



Einsatzgebiete

- Brunnenzustandsüberwachung (Verockerung)
- Prozessoptimierung (z.B. Filterspülungen)
- Behälterüberwachung (z.B. Eintragsquellen)
- Netzkontrolle (Biofilme und Kontamination)
- Ursachenanalyse (bei Überschreitungen)
- Ressourcenmonitoring (Oberflächen- und Grundwasser)

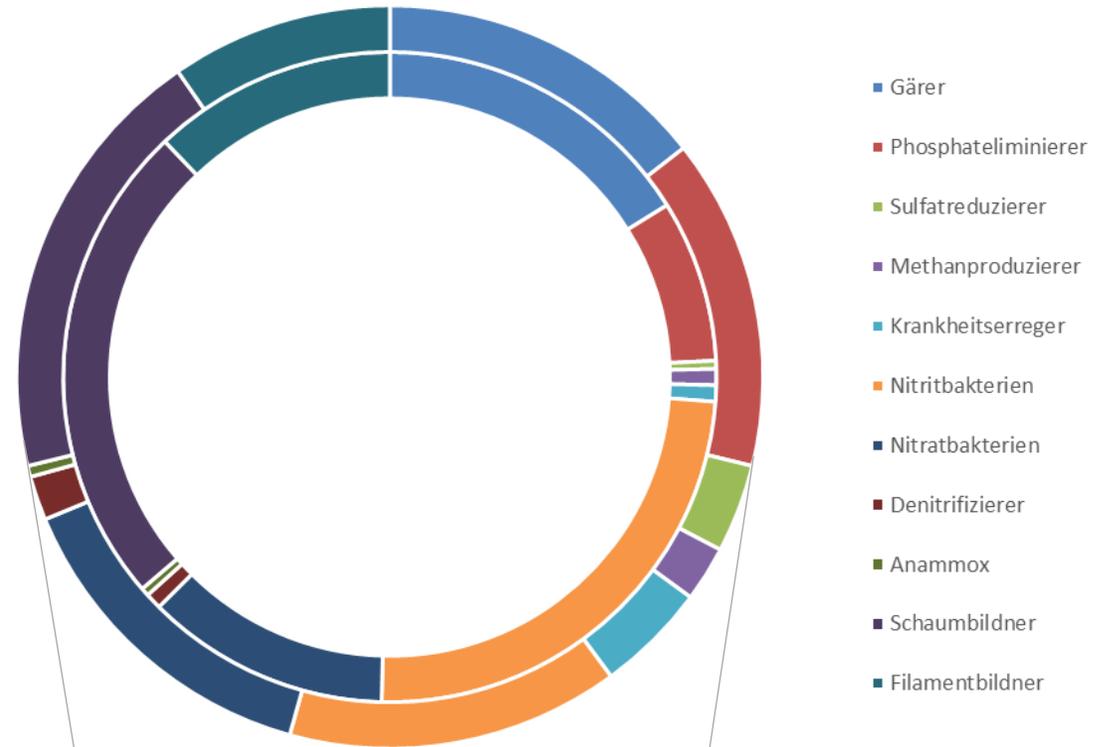
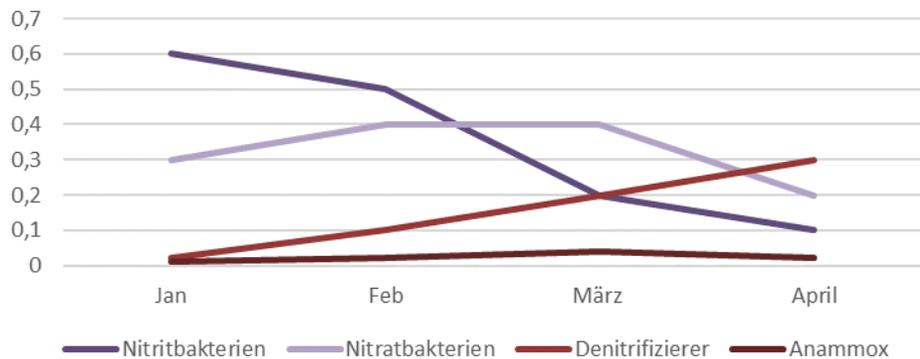
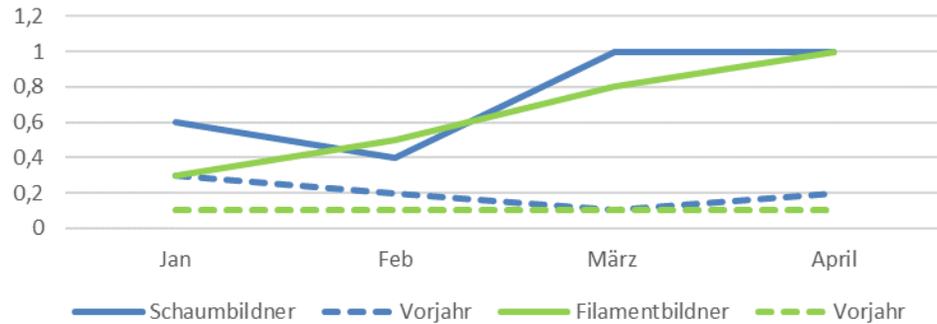




Gattung	Anteil in %	Gattung	Anteil in %	Gattung	Anteil in %	Gattung	Anteil in %	Gattung	Anteil in %
Denitratisoma	42,90	Parvibaculum	0,46	Thermus	0,09	Microbacterium	0,04	Marinobacter	0,01
Spirochaeta	18,35	Desulfotomaculum	0,42	Acinetobacter	0,09	Rhizobacter	0,04	Candidatus Captivus	0,01
Aquabacterium	5,23	Azoarcus	0,34	Staphylococcus	0,09	Geobacter	0,03	Albidiferax	0,01
Phenylobacterium	5,11	Thiobacillus	0,31	Variovorax	0,07	Candidatus Microthrix	0,03	Ralstonia	0,01
Nitrospira	2,82	Pseudorhodofera	0,30	Legionella	0,07	Novosphingobium	0,03	Helcococcus	0,01
Caedibacter	2,28	Methyloversatilis	0,25	Undibacterium	0,07	Pseudomonas	0,03	Symbiobacterium	0,01
Citrobacter	1,96	Dechloromonas	0,21	Methylomonas	0,07	Azospirillum	0,03	Bacteroides	0,01
Sediminibacterium	1,75	Afipia	0,19	Sphingomonas	0,07	Limnobacter	0,03	Mesorhizobium	0,01
Bellilinea	1,68	Acetobacterium	0,18	Lutispora	0,07	Chlorochromatium	0,03	Sphingopyxis	0,01
Thermincola	1,63	Kluyvera	0,18	Enterobacter	0,07	Syntrophorhabdus	0,03	Propionivibrio	0,01
Methyl cystis	1,54	Treponema	0,16	Pusillimonas	0,06	Achromobacter	0,03	Roseburia	0,01
Azospira	1,47	Desulfosporosinus	0,16	Levilinea	0,06	Rheinheimera	0,03	Tepidanaerobacter	0,01
Hydrogenophaga	1,41	Thauera	0,15	Dethiobacter	0,06	Defluviicoccus	0,03	Alicyclobacillus	0,01
Acidovorax	1,36	Propionicicella	0,15	Candidatus Desul	0,06	Methylosinus	0,01	Clostridium	0,01
Erysipelothrix	1,09	Brevundimonas	0,15	Erythrobacter	0,04	Lysinibacillus	0,01	Diaphorobacter	0,01
Anaerolinea	0,79	Janthinobacterium	0,15	Nitrosomonas	0,04	Candidatus Solibacter	0,01	Pelomonas	0,01
Magnetospirillum	0,60	Leptolinea	0,15	Silanimonas	0,04	Micrococcus	0,01	Sphingobium	0,01
Simplicispira	0,55	Hydrogenobacter	0,13	Elusimicrobium	0,04	Ferribacterium	0,01	Selenihalanaerobacter	0,01
Smithella	0,51	Gallionella	0,12	Bradyrhizobium	0,04	Comamonas	0,01	Desulfofustis	0,01
Desulfuromonas	0,51	Blastomonas	0,10	Cedecea	0,04	Porphyromonas	0,01	Moorella	0,01

Profilauswertung

Zeitliche Verläufe und Entwicklungen



Gärung	0,01
Phosphateliminiierer	0,1
Sulfatreduzierer	0,01
Methanproduzierer	0,02
Krankheitserreger	0,02
Nitritbakterien	0,1
Nitratbakterien	0,2
Denitrifizierer	0,02
Anammox	0,01
Schaumbildner	0,6
Filamentbildner	0,3

Antibiotikaresistenzen

Erstellung von Resistenzprofilen

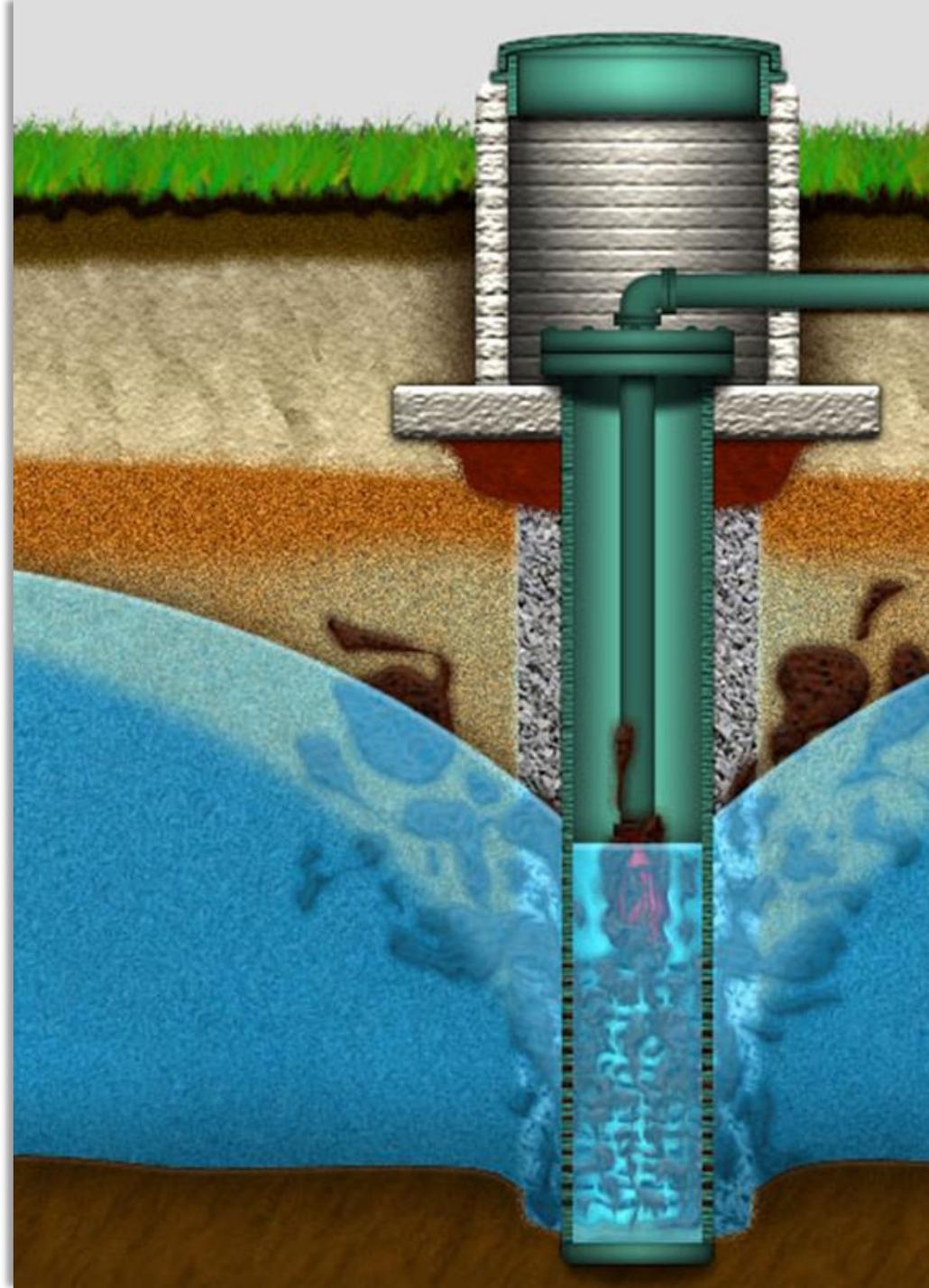


- *Pseudomonas aeruginosa* 2293E multiresistance β -lactamase transposon Tn1412
- putative transposase [*Shigella flexneri*]
- transposase [*Klebsiella aerogenes*]
- AER-1 precursor [*Aeromonas hydrophila*]
- transposase [*Bacteroides fragilis*]
- putative [*Bacteroides fragilis*]
- integrase INT11 [*Klebsiella pneumoniae*]
- TnpA [*Escherichia coli*]
- extended spectrum β -lactamase VEB-1a [*Pseudomonas aeruginosa*]
- erythromycin esterase [*Escherichia coli*]
- ribosomal RNA adenine N-6-methyltransferase [*Streptococcus thermophilus*]
- Mef protein [*Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis*]
- dihydropteroate synthetase type 1 [*Pseudomonas aeruginosa*]
- Sul1 dihydropteroate synthase [*Pseudomonas aeruginosa*]
- Sul1 [*Klebsiella pneumoniae*]
- dihydropteroate synthase [*Pasteurella multocida*]
- tetracycline resistance protein [*Bacteroides fragilis* YCH46]
- RecName: Full=Tetracycline resistance protein tetQ; Short=Tet(Q)
- aminoglycoside adenylase [*Klebsiella pneumoniae*]
- DNA integrase [*Pseudomonas aeruginosa*]
- TnpA [*Escherichia coli*]
- TnpA ISEcp1 [*Klebsiella pneumoniae*]
- transposase [*Klebsiella pneumoniae*]
- DNA integrase [*Pseudomonas aeruginosa*]

Die Vorteile

- Klares Prozessverständnis
- Einfach vergleichbare Ergebnisse
- Geringer Arbeitsaufwand
- Fortlaufender, leicht verständlicher Bericht
- Lösung von spezifischen Fragestellungen

...weniger Probleme und ein entspannteres Arbeiten.





ANSPRECHPARTNER

Manuel Popiol
Oliver Thronicker

POSTADRESSE

Magnusstraße 11
D-12489 Berlin

Tel.: 0049 (0)30-639 23 507
Fax: 0049 (0)30-639 23 509

www.bluebiolabs.de

