Forschung an Fachhochschulen – BMBF-Projekt des Monats

Das Waschmaschinen-Mikrobiom-Projekt

SUSANNE JACKSCH^{1,3}, MIRKO WEIDE², SYLVIA SCHNELL³, MARKUS EGERT¹¹ INSTITUT FÜR PRECISION MEDICINE, HOCHSCHULE FURTWANGEN, VILLINGEN-SCHWENNINGEN² INTERNATIONAL RESEARCH & DEVELOPMENT-LAUNDRY & HOME CARE, HENKEL AG & CO. KGAA, DÜSSELDORF³ INSTITUT FÜR ANGEWANDTE MIKROBIOLOGIE, UNIVERSITÄT GIESSENDOI: 10.1007/s12268-021-1663-8
© Springer-Verlag GmbH 2021

■ Wäschewaschen ist eine Alltags-tätigkeit. Was die meisten dabei nicht wissen: Waschmaschinen sind nicht nur Orte der Reinheit, sondern oft mit Mikroorganismen besiedelt. Je nach Waschbedingungen kann das auch für die gewaschene Wäsche gelten. Aktuelle Waschtrends fördern die Verkeimung zusätzlich: kurze und wassersparende Programme, niedrige Waschttemperaturen, die Verwendung bleichfreier Flüssigwaschmittel. Selbst wenn diese Keimbesiedlung für gesunde Menschen vermutlich kein besonderes Gesundheitsrisiko darstellt, kann sie doch unangenehme Folgen haben, etwa die Bildung hässlicher Beläge oder schlechter Gerüche.

Artenvielfalt und Stoffwechsel der mikrobiellen Gemeinschaften in Haushaltswaschmaschinen besser zu verstehen und eine wissenschaftliche Grundlage für die Entwicklung nachhaltiger Strategien für die Wäschehygiene zu entwickeln, sind Ziele des Waschmaschinen-Mikrobiom-Projekts (WMP). Das BMBF wählte dieses Gemeinschaftsprojekt der Hochschule Furtwangen mit den Universitäten Gießen und Wageningen (NL), der Firma Henkel und den Laborärzten Singen im September 2021 als Projekt des Monats für die Forschung an Fachhochschulen aus.

Unsere bisherigen Arbeiten [1–3] identifizierten mehr als 200 Bakterienarten an drei Stellen typischer Haushaltswaschmaschinen: Pumpensumpf, Bullaugendichtung und Einspülkammer. Die Einspülkammer zeigte die höchste Artenvielfalt [1]. Häufig identifizierte Arten eignen sich z. B. als neue Testbakterien für antimikrobielle Wirksamkeits-

► Susanne Jacksch fand heraus, dass sich die Genexpression von Bakterien auf Baumwoll- und Polyestergerewe nach einer Wäsche signifikant unterscheidet. Ihre Untersuchungen können neue Strategien zur Vermeidung von unangenehmem Wäschege-
ruch aufzeigen. Die Mikrobiologin promoviert zu diesem Thema kooperativ an der Universität Gießen unter Betreuung von Markus Egert (rechts) und Sylvia Schnell.

tests mit hoher Praxisrelevanz. Weiterhin erhoben wir Gesamtkeimzahlen an verschiedenen Stellen [2]: an der Einspülkammer und ihrer Schublade sowie dem oberen und unteren Teil der Bullaugendichtung. Gemittelt über alle Stellen wurden 21.000 koloniebildende Einheiten (KBE) pro cm² gemessen. Spitzenwert waren 337.000 KBE pro cm². Die geringste Keimzahl zeigte die obere Bullaugendichtung – vermutlich, weil sie schnell trocknet. Rund die Hälfte der häufigsten Bakterienarten ist als potenziell pathogen klassifiziert [2].

Um mehr über den Stoffwechsel von Mikroorganismen auf gewaschener Wäsche zu erfahren, etablierten wir Metatranskriptomanalysen und wendeten sie auf einen Vergleich von Baumwolle- und Polyestergerewe an [3]. 17 Gene unterschieden sich signifikant in ihrer Expression zwischen beiden Gewebearten, darunter solche, die in Zusammenhang mit dem bakteriellen Kohlenhydratstoffwechsel stehen. Eventuell dienen die feuchten Textilien selbst den Bakterien als Nahrung, denn Baumwolle besteht aus Cellulose [3]. Methoden wie die Metatranskriptomik können wichtige Informationen über

das Verhalten von Mikroorganismen auf Wäsche und in der Waschmaschine liefern. Diese können dazu beitragen, Wirksamkeit und Nachhaltigkeit moderner Waschmittel kontinuierlich zu verbessern.

Danksagung

Das WMP wird vom BMBF im Rahmen der Förderlinie FHproUnt 2018–2021 gefördert (FKZ 13FH197PX6).

Literatur

- [1] Jacksch S, Kaiser D, Weis S et al. (2020) Influence of sampling site and other environmental factors on the bacterial community composition of domestic washing machines. *Microorganisms* 8: 30.
- [2] Jacksch S, Zohra H, Weide M et al. (2021) Cultivation-based quantification and identification of bacteria at two hygienic key sides of domestic washing machines. *Microorganisms* 9: 905
- [3] Jacksch S, König C, Kaiser D et al. (2021) Metatranscriptomic analysis of bacterial communities on laundered textiles: a pilot case study. *Microorganisms* 9: 1591

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. Markus Egert
Institut für Precision Medicine
Hochschule Furtwangen
Jakob-Kienzle-Straße 17
D-78054 Villingen-Schwenningen
Markus.Egert@hs-furtwangen.de