

Mikroorganismen im Haushalt

Helfen Bodenbakterien in der Waschmaschine gegen schlechte Gerüche?

MARC-KEVIN ZINN^{1,2}, HANS-CURT FLEMMING², DIRK P. BOCKMÜHL¹

¹HOCHSCHULE RHEIN-WAAL, KLEVE

²UNIVERSITÄT DUISBURG-ESSEN

Domestic appliances such as washing machines have been shown to harbour numerous microbial species that may be a source for unpleasant odours. Interestingly, not all households suffer from textile-associated malodours, suggesting a differentiated role of microbial colonizers in the formation of malodorous substances. By comparing the microbiota in washing machine biofilms and on textiles of households with or without odour problems we could identify soil bacteria as a group of bacteria that may potentially prevent the formation of common textile-associated malodours.

DOI: 10.1007/s12268-023-1990-z

© Die Autoren 2023

■ Waschmaschinen oder Geschirrspüler sind im Haushalt zu unentbehrlichen Hilfsmitteln bei der Reinigung geworden, die in ihrem alltäglichen Einsatz nicht nur sichtbare Verschmutzungen entfernen, sondern auch als eine Möglichkeit der sicheren hygienischen Aufbereitung von Textilien und Geschirr angesehen werden können [1]. Allerdings bieten diese Geräte als wasserführende Systeme auch selbst einen Lebensraum für zahlreiche Arten von Mikroorganismen, die sich vor allem in Form von Biofilmen auf Oberflächen ansiedeln [2, 3]. Die dort vorkommenden mikrobiellen Gemeinschaften sind sehr komplex und beinhalten neben bakteriellen Vertretern, z. B. der Ordnungen *Pseudomonadales* und *Enterobacterales*, auch Hefen und Schimmelpilze. Interes-

santerweise wurden in verschiedenen Studien aber auch immer wieder Bodenbakterien, etwa der Gattung *Rhizobium*, als Teil der biofilmassoziierten Mikrobiota identifiziert, ohne dass deren Auftreten ökologisch nahe liegend wäre.

In Haushaltswaschmaschinen findet während des Waschprozesses regelmäßig eine Rekontamination der zuvor gereinigten Textilien mit mikrobiellen Zellen statt, die sich durch Scherkräfte beim Einspülen des Waschwassers aus den Biofilmen lösen. Höhere Waschttemperaturen und antimikrobiell wirkende Waschmittelinhaltsstoffe wie Sauerstoffbleiche wirken diesem Effekt nur im Hauptwaschgang teilweise entgegen, weil abschließend immer mit klarem, kaltem Wasser gespült wird. Auf diese Weise kommt es zu einem gewissen Austausch der auf dem Textil befindlichen Mikroorganismen: Befinden sich nach der Nutzungsphase eines Handtuchs etwa vor allem Vertreter der Hautmikrobiota auf der Textiloberfläche, werden diese im Waschprozess zumindest partiell durch Maschinenbesiedler ersetzt [4]. Insbesondere bei niedrigen Waschttemperaturen und bei Verwendung von Waschmitteln ohne Sauerstoffbleiche findet sich demnach nach der gewaschenen Wäsche auf dem Textil eine Mischung von

mikrobiellen Zellen aus verschiedenen Quellen.

Oftmals wird das Infektionsrisiko von derart kontaminierter Wäsche überschätzt, was wir in einer Studie an 48 Haushalten zeigen konnten [5]. Auf zuvor steril ausgegebenen Hand- und Duschtüchern war nach einer Woche normaler Nutzung eine durchschnittliche aerobe, mesophile Gesamtkeimzahl von lediglich etwa 10^2 KBE/cm² nachweisbar, während in der Einspülkammer oder der Gummidichtung der im Rahmen der Studie genutzten Waschmaschinen im Mittel ca. 10^5 KBE/cm² zu finden waren. Meist sind diese mikrobiellen Kontaminationen der Waschmaschine schon mit bloßem Auge gut sichtbar (**Abb. 1**).

Unter den Mikroorganismen auf den benutzten Textilien befanden sich zwar auch Pathogene, aber in so kleiner Zahl, dass in aller Regel nicht die bei Gesunden notwendige infektiöse Dosis erreicht werden dürfte, zumal die Zahl der auf dem Textil befindlichen Mikroorganismen im späteren Waschprozess wieder reduziert wird. Nicht zu vernachlässigen ist dabei jedoch der bereits oben erwähnte Eintrag mikrobieller Zellen aus Biofilmen der Waschmaschine, der durchaus dazu führen kann, dass die Gesamtkeimzahl auf dem Textil, insbesondere bei Verwendung von niedrigen Temperaturen und bleichfreien Waschmitteln, während der Wäsche noch ansteigt [6].

Abgesehen von einem möglichen Infektionsrisiko ist die Geruchsbildung eine der meistbeachteten Problematiken im Zusammenhang mit mikrobiellen Gemeinschaften in der Waschmaschine und auf dem Textil. Neben übelriechenden Substanzen, die im Zusammenhang mit Schweißresten auf dem Textil stehen, ist vor allem ein stechender Geruch im Fokus, der oftmals mit einem „alten feuchten Lappen“ verglichen wird. Hauptsächlich scheinen neben verschiedenen Ketonen vor allem Schwefelverbindungen wie Dimethyldisulfid und -trisulfid die Ursache für schlechte Gerüche auf Textilien zu sein [7], andere Untersuchungen machen kurzkettige, verzweigte Fettsäuren wie die



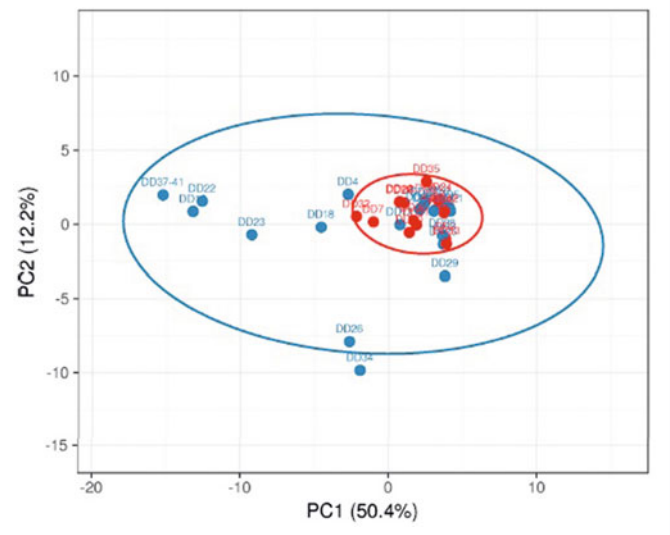
▲ **Abb. 1:** Mikrobieller Biofilm in der Einspülkammer einer Haushaltswaschmaschine.

4-Methyl-3-Hexensäure für den Geruch, insbesondere feuchter, gewaschener Wäsche verantwortlich [8]. Warum genau Schlechtergeruch entsteht, ist nicht ganz klar; es ist aber zu vermuten, dass sich Waschmittelreste in anaeroben Bereichen halten und deren fermentativen Abbauprodukte für die Gerüche verantwortlich sind.

Wir haben vor einiger Zeit auf Basis dieser Untersuchungen ein Modell entwickelt, bei dem Mischungen aus verschiedenen Bakterien, die regelmäßig in der Waschmaschine oder auf dem Textil zu finden sind, einen typischen Wäsche geruch *in vitro* produzieren [9], der mit seinen chemischen Hauptkomponenten den zuvor *in situ* gefundenen Qualitäten sehr nahekommt. Besonders Kombinationen von Hautbakterien wie *Corynebacterium jeikeium* oder *Staphylococcus hominis* mit Umweltbakterien der Gattungen *Micrococcus* und *Pseudomonas* oder *Moraxella* erwiesen sich als geruchsintensiv.

Wie zu erwarten, haben wir all diese Bakterien (neben zahlreichen anderen) auch auf vielen Handtüchern oder in Waschmaschinen

► **Abb. 2:** Hauptkomponentenanalyse der Metagenomdaten aus den Einspülkammern (Detergent Drawer, DD) von Waschmaschinen ohne (blau) und mit Geruchsproblemen (rot). Verändert aus [5].

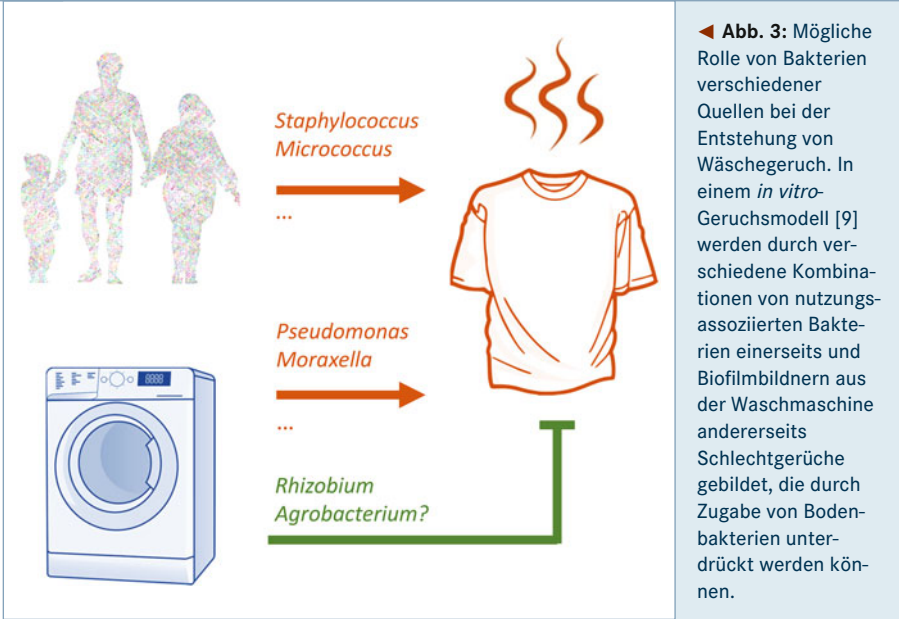


der 48 Haushalte gefunden, bei denen wir im Rahmen der bereits oben erwähnten Studie Proben genommen hatten [5]. Erstaunlich war hingegen, dass bei den Haushalten, die im Rahmen der Studie angaben, Erfahrungen mit üblem Wäsche geruch zu haben, nicht zahlenmäßig mehr Bakterien auf dem Textil oder in der Waschmaschine zu finden waren als bei den Familien, die keine Probleme mit schlecht riechenden Textilien hatten. Die

Geruchsbildung auf dem Textil schien also im wesentlichen keine Frage der mikrobiellen Quantität zu sein. Ein genauerer Blick auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaften von Haushalten mit und ohne Geruchsprobleme erwies sich hingegen als vielversprechend. Mithilfe von Metagenomanalysen basierend auf NGS (*next generation sequencing*) versuchten wir, typische Bakterien gattungen in den Waschmaschinen-

Hier steht eine Anzeige.

 Springer



Einspülkammern, auf den Gummidichtungen und auf den benutzten Handtüchern zu identifizieren, und zwar jeweils vergleichend in den Haushalten mit und ohne Wäschegeruchsproblemen. Hierfür wurde eine Shotgun-Metagenom-Sequenzierung mithilfe des NovaSeq 600 Systems durchgeführt, um alle DNA-Fragmente zu analysieren, einschließlich derjenigen, die für bestimmte Stoffwechselprozesse wichtig sind. Zur Analyse wurden zehn Millionen der Rohdaten an die gefilterte RedSeq-Protein-Datenbank angepasst und mit dem *lowest common ancestor* (LCA)-Algorithmus klassifiziert. Nur Taxa mit einer Häufigkeit von über 0,01 Prozent wurden berücksichtigt. Mithilfe einer Hauptkomponentenanalyse ließ sich dabei schon ein distinktes Besiedlungsmuster nachweisen (Abb. 2), das für die Waschmaschinen mit Geruchsproblematik zwar klar abgegrenzt, aber nicht komplett verschieden von den nicht riechenden Geräten war.

Tabelle 1 listet eine Auswahl häufig nachgewiesener Gattungen aller Probenahmestellen

auf, ohne dass alle identifizierten Mikroorganismen hier aufgeführt sind. In den Proben waren einige Gattungen, vor allem typische Wasserkeime wie *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Brevundimonas* oder *Pseudoxanthomonas*, fast immer nachweisbar, also an beiden Probenahmestellen in der Waschmaschine und auf dem Textil. Gattungen wie *Bosea* und *Sphingomonas* hingegen waren vornehmlich in der Einspülkammer zu finden, während *Stenotrophomonas* vor allem die Gummidichtungen zu besiedeln scheint. Bei all diesen Gattungen gab es allerdings keine Korrelation mit einer Geruchsproblematik. Anders sah es mit *Moraxella*, *Staphylococcus* oder *Micrococcus* aus, deren Vorkommen im Wesentlichen positiv mit dem Auftreten schlechter Gerüche korrelierte. Immerhin waren unsere Befunde wie erwähnt weitgehend konsistent mit früheren Studien hinsichtlich des generellen Auftretens verschiedener Waschmaschinenbesiedler oder auch typischer Geruchsbildner. Die eigentliche Überraschung bestand aber

darin, dass wir einige der Bakteriengruppen fast ausschließlich in Waschmaschinen von Haushalten ohne Geruchsproblem fanden. Vor allem waren das die schon früher häufig in Waschmaschinen gefundenen Bodenbakterien, etwa der Gattungen *Agrobacterium* oder *Rhizobium*.

Da aufgrund des bloßen Auftretens dieser Bakteriengattungen noch nicht der Schluss gezogen werden kann, dass sie auch aktiv die Bildung textilasoziierten Gerüche unterbinden, nutzten wir unser Geruchsmodell, um diese Annahme zu überprüfen und inkubierten die geruchsbildenden Stämme des Modells gleichzeitig mit verschiedenen Arten von *Rhizobium*. Das Ergebnis war überzeugend: Bei Anwesenheit von *R. pisi* oder *R. leguminosarum* war die generelle Geruchsbildung um mindestens 50 Prozent reduziert, der typische, stechende Wäschegeruch sogar nahezu vollständig. Andere Rhizobien-Arten, wie *R. flavum*, waren nicht ganz so effektiv, und der Effekt des als Kontrolle mitgeführten *Bradyrhizobium japonicum* auf die Geruchsbildung im Labormodell war vernachlässigbar [5].

Trotz der guten Hinweise auf eine protektive Wirkung von Bodenbakterien wie Rhizobien auf die Bildung von Wäschegeruch, vermag unsere Studie nur einen ersten Hinweis auf die möglichen Zusammenhänge zu geben. So war es uns etwa nicht möglich, die befragten Haushalte hinsichtlich des Vorkommens eines bestimmten Geruchstyps zu charakterisieren. Vielmehr mussten wir uns bei der weiteren Analyse der betroffenen Maschinen und Textilien auf eine eher generelle Erfahrung mit Wäschegeruch im allgemeinen stützen, was eine gewisse Fehleranfälligkeit mit sich bringt. Zudem ist der Probenumfang sicher noch nicht ausreichend, um eine statistisch einwandfreie Aussage zu protektiven Besiedler in Waschmaschinen treffen zu können. Schließlich stellt sich auch die Frage, wie eine Interaktion zwischen geruchsbildenden und protektiven Gattungen mechanistisch zu erklären ist. Zur Beantwortung und Sicherung dieser offenen Punkte werden weitere Studien durchgeführt werden müssen. Allerdings legen die bisherigen Ergebnisse nahe, dass erstens eine ganze Reihe von bakteriellen Gattungen in der Lage ist, einen stechenden Geruch auf Textilien zu verursachen, und diese zweitens wahrscheinlich aus einer Mischung von biofilmbildenden, vorwiegend Gram-negativen Besiedlern der Waschmaschine und hauptsächlich Gram-positiven, Vertretern der

Tab. 1: Auswahl typischer, identifizierter Bakteriengattungen aus Haushalten mit oder ohne Geruchsproblemen im Zusammenhang mit Wäsche.

	Einspülkammer		Gummidichtung		Handtuch	
	Geruch	kein Geruch	Geruch	kein Geruch	Geruch	kein Geruch
<i>Pseudomonas</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Acinetobacter</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Pseudoxanthomonas</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Brevundimonas</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Bosea</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Sphingomonas</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Stenotrophomonas</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Microbacterium</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Staphylococcus</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Micrococcus</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Moraxella</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Agrobacterium</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün
<i>Rhizobium</i>	rot	grün	rot	grün	rot	grün

humanen Mikrobiota bestehen könnten, die über die Nutzung des Textils eingebracht werden. Drittens scheint es eine Reihe von Bodenbakterien zu geben, die häufig in Waschmaschinenbiofilmen zu finden sind, und die offenbar vor Geruchsbildung schützen können (**Abb. 3**). Ob dieser Effekt einer konkurrenz-basierten Verdrängung geruchsbildender Arten oder einem veränderten Metabolismus bei der Bildung schlechtriachender Substanzen zuzuschreiben ist, bleibt aufzuklären. In jedem Fall stellt das Phänomen einen vielversprechenden möglichen Ansatz zur Bekämpfung von Wäsche-geruch abseits etablierter Wege über den Einsatz von Bioziden dar, der es wert ist, weiter verfolgt zu werden. ■

Literatur

- [1] Bockmühl DP (2017) Laundry hygiene – how to get more than clean. *J Appl Microbiol* 122: 1124–1133
- [2] Brands B, Honisch M, Merettig N et al. (2016) Qualitative and quantitative analysis of microbial communities in household dishwashers in Germany. *Tenside, Surfactants, Detergents* 53, DOI: 10.3139/113.110415
- [3] Nix ID, Frontzek A, Bockmühl DP (2015) Characterization of Microbial Communities in Household Washing Machines. *Tenside, Surfactants, Detergents* 52: 432–440
- [4] Callewaert C, Van Nevel S, Kerckhof FM et al. (2015) Bacterial Exchange in Household Washing Machines. *Front Microbiol* 6: 1–11
- [5] Zinn MK, Flemming HC, Bockmühl D (2022) A Comprehensive View of Microbial Communities in the Laundering Cycle Suggests a Preventive Effect of Soil

- Bacteria on Malodour Formation. *Microorganisms* 10, DOI: 10.3390/microorganisms10071465
- [6] Lucassen R, Blümke H, Born L et al. (2014) The washing machine as a source of microbial contamination of domestic laundry – a case study. *Household and Personal Care Today* 9: 54–57
- [7] Denawaka CJ, Fowles IA, Dean JR (2016) Source, impact and removal of malodour from soiled clothing. *J Chromatogr A* 1438: 216–225
- [8] Kubota H, Mitani A, Niwano Y et al. (2012) *Moraxella* Species Are Primarily Responsible for Generating Malodor. *Appl Environ Microbiol* 78: 3317–3324
- [9] Zinn MK, Singer M, Bockmühl D (2021) Smells like teen spirit – a model to generate laundry-associated malodour in vitro. *Microorganisms* 9: 1–16

Funding note: Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.

Open Access: Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>.

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. Dirk Bockmühl
Hochschule Rhein-Waal
Fakultät Life Sciences
Marie-Curie-Straße 1
D-47533 Kleve
dirk.bockmuehl@hochschule-rhein-waal.de
www.hochschule-rhein-waal.de/de/fakultaeten/life-sciences/organisation/professorinnen/prof-dr-dirk-bockmuehl

Hier steht eine Anzeige.

 Springer

AUTOREN



Marc-Kevin Zinn

Jahrgang 1993. Bachelorstudium BioScience and Health und Masterstudium Lebensmittelwissenschaften an der Hochschule Rhein-Waal in Kleve. 2023 Promotion. Seit 2023 wissenschaftlicher Mitarbeiter an der Hochschule Rhein-Waal.



Hans-Curt Flemming

Jahrgang 1947. Chemiestudium an den Universitäten Stuttgart und Freiburg. 1977 Promotion. 1977–1978 Postdoc am Max-Planck-Institut für Immunobiologie in Freiburg. 1978–1994 Arbeitsgruppenleiter am Institut für Bauingenieurwesen der Universität Stuttgart. 1994–1996 Einrichtung der Abteilung „Biofouling“ am Institut für Bauingenieurwesen der TU München. 1996–2014 Lehrstuhl für Aquatische Mikrobiologie an der Universität Duisburg-Essen. Seit 2014 Emeritus.



Dirk Bockmühl

Jahrgang 1972. Studium der Biologie an der Universität Düsseldorf. 2001 Promotion. 2001–2010 in verschiedenen Positionen bei der Henkel AG & Co. KGaA. Seit 2010 Professor für Hygiene und Mikrobiologie an der Hochschule Rhein-Waal in Kleve.