

## Mikrobiologisches Monitoring in zwei geothermisch genutzten Aquiferen des Norddeutschen Beckens

Microbiological monitoring of two geothermally used aquifers in the North German Basin

STEPHANIE LERM (Potsdam), MASHAL ALAWI (Potsdam), RONA MIETHLING-GRAFF (Potsdam), ANDREA SEIBT (Neubrandenburg), MARKUS WOLFGRAMM (Neubrandenburg), KERSTIN RAUPPACH (Neubrandenburg), HILKE WÜRDEMANN (Potsdam)

**Key words:** Aquifer, Geothermie, Mikroorganismen, Diversität, PCR-SSCP

### Zusammenfassung

Ziel der durchgeföhrten Untersuchungen ist die Charakterisierung mikrobieller Prozesse in geothermischen Anlagen. Die mikrobielle Diversität in zwei geothermisch genutzten Aquiferen des Norddeutschen Beckens (oberflächennaher Wärmespeicher und saliner geothermischer Aquifer) wurde mit der molekularbiologischen PCR-SSCP (polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism) -Analyse bakterieller 16S rRNA Gene untersucht. Die vergleichende Analyse der genetischen Fingerprint-Profile der 15–25 m und 1.700 m tief gelegenen Aquifere zeigte, dass trotz teils extremer Standortbedingungen, wie hoher Temperatur (63 °C), hoher Salinität (200 mg l<sup>-1</sup>) und geringen DOC (dissolved organic carbon) -Gehalten von bis zu 0,2 mg Cl<sup>-1</sup> Mikroorganismen unterschiedlicher phylogenetischer Klassen in den Fluiden nachweisbar waren. Bakterien der Beta-, Delta-, Epsilon- und Gamma-Proteobacteria, *Verrucomicrobia* und *Clostridia*, die durch einen chemolithoautotrophen oder chemoorganotrophen Stoffwechsel charakterisiert sind, klassifizierten den Wärmespeicher als typisch oberflächennahes Grundwasser. Dabei spielten Bakterien mit der Fähigkeit zur oxidativen und reduktiven Umsetzung von Eisen- und Schwefelverbindungen eine zentrale Rolle im Habitat. Der Nachweis von *Chloroflexi* und *Chlorobi* Vertretern in den Filtern deutete darüber hinaus eine Beeinflussung des oberflächennah gelegenen Wärmespeichers durch versickerndes Oberflächenwasser an. Im tiefer gelegenen salinen Aquifer war die Biozönose aus Bakterien der Alpha-, Beta-, Gamma-Proteobacteria, *Clostridia* und *Bacteroidetes* zusammengesetzt, die überwiegend durch einen chemoorganotrophen, häufig fermentativen Stoffwechsel charakterisiert sind. Die nachgewiesene mikrobielle Biozönose war dabei möglicherweise durch den Eintrag von Organik beeinflusst, auf den der, innerhalb von 19 Monaten nach Inbetriebnahme der Anlage stark gesunkene DOC-Gehalt im Fluid und ein TOC (total organic carbon) -Gehalt von 15 % im Bohrsumpf der Injektionsbohrung hinweist.

Diese Studie zeigt, dass eine diverse mikrobielle Biozönose in geothermischen Anlagen unter teils extremen Bedingungen existieren kann und entsprechende Forschungsansätze dazu beitragen die biologischen und chemischen Prozesse in technisch genutzten geothermischen Aquiferen zu charakterisieren.

### Summary

Within the context of assessing the potential of microorganisms to affect the operational reliability of geothermal plants the microbial diversity in two geothermal aquifers of the North German Basin (shallow heat-store and deep geothermal aquifer) was investigated by molecular PCR-SSCP (polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism) analysis of bacterial

partial 16S rRNA genes. Comparative genetic profiling of fluids, deriving from aquifers located in 15–25 m and 1.700 m depth, revealed different microbial phylogenetic lineages, despite of partly high temperature (63 °C), high salinity (200 mg l<sup>-1</sup>) and low DOC (dissolved organic carbon) -content down to 0.2 mg C l<sup>-1</sup>. Fluids of the heat-store aquifer were characterized by Beta-, Delta-, Epsilon-, Gamma-Proteobacteria, *Verrucomicrobia* and *Clostridia*, covering the range of chemolithotrophic to chemoorganotrophic metabolism. Cycling of nutrients, like iron and sulphur compounds, played an essential role in the habitat. The detection of phototrophic *Chloroflexi* and *Chlorobi* in filters indicated seeping surface water, interacting with the aquifer. The biogenesis of the saline geothermal aquifer was characterized by organic matter degrading Alpha-, Beta-, Gamma-Proteobacteria, *Clostridia* and *Bacteroidetes*. The detected microbial community was probably influenced by organic substances, introduced by drilling and well completion procedures during plant installation or workover procedures to the surrounding of the well. The decrease in the DOC (dissolved organic carbon) -content in fluid within 19 months in the course of plant operation and a TOC (total organic carbon) -content of 15 % in the sediment of the production well indicate organic residuals of drilling fluids in the well. This study demonstrates that a diverse microbial community in geothermal plants may exist even under extreme conditions and such surveys can contribute to characterize the biological and chemical processes in engineered geothermal aquifers.