



Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar  
Környezettudományi Doktori Iskola  
Környezetbiológia Doktori Program

## **Budapesti gyógyfürdők mikrobiológiai vizsgálata**

*- doktori értekezés tézisei -*

***LIPPAI ANETT***

*Témavezető*

***Dr. Tóth Erika***

Habilitált egyetemi docens

*A Környezettudományi Doktori Iskola vezetője*

***Prof. Dr. Turányi Tamás***

egyetemi tanár

*A Környezetbiológia Program vezetője*

***Dr. Tóth Erika***

Habilitált egyetemi docens

ELTE Mikrobiológiai Tanszék

Budapest 2021

## **Bevezetés**

Magyarország kiemelkedően gazdag termálvíz készlettel rendelkezik, az ország mintegy 70-80%-án találhatóak 30°C-nál magasabb hőmérsékletű hévizek. Az évszázadok során fokozatosan fejlődő fürdőkultúra és ennek hatására létesített népszerű fürdők miatt méltán nevezhetjük Magyarországot „fürdőnagyhatalomnak”. Annak ellenére, hogy ilyen gazdag termálvíz készlettel rendelkezünk, közfürdőink vizsgálata elsősorban a jogszabályokban rögzített higiénés vizsgálatokra terjed ki, amelyek során szabványos módszerek segítségével mutatják ki a mikroorganizmusokat.

A hazai szabályozás (37/1996 (X.18.) NM rendelet) szerint a közfürdők medencéinek üzemeltetése történhet vízforgatással (fertőtlenítőszer alkalmazásával) vagy töltő-ürítő rendszerrel. Azokat a medencéket, ahol a fertőtlenítés a gyógyvíz gyógyhatású összetevőit károsíthatja, töltő-ürítő rendszert alkalmaznak. A rendelet ezen pontját több üzemeltető használja ki, ezáltal Magyarországon a gyógymedencék túlnyomó többsége töltő-ürítő módon, fertőtlenítés nélkül üzemel. A közelmúltban nincs tudomásunk fürdővízzel kapcsolatos tömeges megbetegedésről, azonban a töltő-ürítő medencék fertőtlenítőszer nélküli üzemeltetése növeli a közegészségügyi kockázatot.

Jelenleg igen kevés információ áll rendelkezésünkre a termálforrások természetes mikrobaközösségeivel kapcsolatban, amelyek a vízi ökoszisztémákban nagyon fontos szerepet töltenek be pl. anyagcsere tulajdonságaik révén befolyásolják a vízminőséget, segíthetnek a kórokozó mikroorganizmusok visszaszorításában (Valeriani és mtsai, 2018). A természetes mikrobaközösségek vizsgálatához célszerű, a termálforrások kémiai tulajdonságait figyelembe véve, speciális tápközegeket, illetve tenyésztéstől független módszereket alkalmazni, hogy egy egységes képet kaphassunk a termálforrások baktérium közösségeiről, annak megértéséről, hogyan tudnak alkalmazkodni a baktériumok az extrém környezeti feltételekhez, milyen anyagcsere folyamat révén befolyásolják a vízminőséget.

A források természetes baktériumközösségei a medencékbe kerülve számos új tényezővel találkoznak: fizikai paraméterek megváltozásával, a környezetből (köztük az emberek közvetítésével) bekerülő mikrobákkal, amelyek gyors szaporodásukkal elnyomják a forrásokat benépesítő baktériumokat, nem utolsósorban a vízkezeléssel, amelyek szintén befolyásolják a természetes mikrobaközösségeket.

## **Célkitűzések**

Jelen tudomásunk szerint a múltban nem született olyan munka, amely a gyógyfürdők átfogó mikrobiológiai vizsgálatával foglalkozna, első sorban higiénés paraméterekre fókuszáló irodalom áll rendelkezésünkre.

Munkánk célja 3 budapesti gyógyfürdő mikrobiológiai vizsgálata volt a termelő kúttól a medencéig, higiénés és ökológiai vonatkozásban egyaránt, hogy átfogó képet kaphassunk a termálkútak természetes baktériumközösségeiről, az antropogén hatásokról, emellett össze tudjuk hasonlítani az egyes közfürdőkben alkalmazott vízkezelési technikák vízminőségre gyakorolt hatékonyságát. Ezek megvalósításához általános kémiai, szabványos (higiénés) mikrobiológiai, speciális tenyésztési és különböző molekuláris módszereket alkalmaztunk.

Kutatásunk során az alábbi célokat tűztük ki:

- I. a kútvizek kémiai összetételének megismerése
- II. kútvizek természetes mikrobaközösségének feltárása
- III. a medencevizekben érvényesülő antropogén hatás és a vízkezelés technikák mikrobaközösségekre gyakorolt hatásvizsgálata
- IV. a medencevizek higiénés vizsgálata, humán eredetű mikroorganizmusok azonosítása, potenciális kórokozó baktériumok jelenlétének megállapítása
- V. A különböző vízkezelési technikák hatásának elemzése az összesített eredmények függvényében

## **Anyag és módszer**

A doktori kutatás során 3 budapesti gyógyfürdő kútvizét és medence vizeit vizsgáltunk (GY1, GY2 és GY3). A GY1 fürdő esetében a kútvízből általános fizikai-kémiai, szabványos tenyésztési, speciális tenyésztési és NGS vizsgálatokat végeztünk el, a medencevíz esetében pedig szabványos tenyésztési és speciális tenyésztési vizsgálatok történtek, továbbá meghatároztuk a vízminták összes sejtszámát.

A GY2 és GY3 fürdők esetében a vizsgálatok körét bővítettük további molekuláris módszerekkel, a GY1 fürdő során alkalmazott technikák mellett a medencékből taxonspecifikus és multiplex PCR vizsgálatokat végeztünk. A medencékből továbbá egymást követő 4 hónapon keresztül mikroszkópos sejtszámok meghatározását is elvégeztük. A doktori munka során végzett vizsgálatokat az 1. ábra szemlélteti.

### **Szabványos módszerek**

A kútvizek kémiai paramétereinek vizsgálatához és a hazai szabályozásban megjelölt mikrobiológiai paraméterek meghatározásához szabványos módszereket alkalmaztunk.

### **Mikroszkópos sejtszám meghatározása**

A fürdővízben található baktériumok mikroszkópos sejtszámának meghatározását DAPI (4',6-diamidino-2-fenilindol) festést követően epifluoreszcens mikroszkóp (Nikon 80i) és Image ProPlus programcsomag segítségével végeztük el.

### **Speciális tenyésztési vizsgálatok**

A kútvizek és a medencék vizének speciális tenyésztési vizsgálata során 10%-os R2A táptalajt (Reasoner és Geldreich, 1985), valamint szerves anyagokat alacsony koncentrációban tartalmazó MM (minimál médium) táptalajt alkalmaztunk (Kéki és mtsai, 2013). A táptalajokat agar-agar és gelrite szilárdító ágensekkel készítettük el. A táptalajok elkészítéséhez az előírt desztillált víz helyett a fürdőkből származó kútvizet használtuk. A kútvíz minták tenyésztése során hagyományos és purhab tömbös dúsítást is végeztünk. A medencevizek esetében közvetlen szélesztési technikát alkalmaztunk. Az inkubációs időket követően minden táptalajon elvégeztük a minták heterotróf csíraszámbecslését, továbbá molekuláris módszerrel (PCR, ARDRA, 16S rRNS gén szekvencia analízise) azonosítottuk a táptalajokról izolált baktériumtörzseket.

### **Molekuláris vizsgálatok**

- újgenerációs szekvenálás

Munkánk során a kútvizekből, továbbá a GY2 és GY3 fürdő medence vizeiből újgenerációs szekvenálást végeztünk a rejtett diverzitás feltárása céljából. A vizsgálatokat a gyártó utasításainak megfelelően végeztük el (Roche, Branford, CT, USA). A statisztikai értékeléshez a mothur v1.35 szoftvert, SINAv1.2.11 szoftvert és az ARB-SILVA NR99 szoftvert alkalmaztuk.

- taxonspecifikus PCR

Taxon specifikus PCR segítségével egyrészt a hazai szabályozásban szereplő *E. coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Legionella pneumophila* és coliform baktériumok mellett az *Acinetobacter baumannii*, *Stenotrophomonas maltophilia* fajok, valamint a *Legionella* és a *Pseudomonas* nemzetség jelenlétének vizsgálatát végeztük el. Vizsgálatunk célja azoknak a baktérium fajoknak/nemzetségeknek a kimutatása volt, amelyek mesterséges fürdővizekben közegészségügyi jelentőséggel bírnak, lehetnek fekális indikátorok, utalhatnak technológiai problémákra és a fürdőzők által is bekerülhetnek a fürdővizekbe.

- multiplex PCR

A multiplex PCR vizsgálatok során vizsgált kiterjedt spektrumú  $\beta$ -laktamáz (ESBL) cél gének a SHV (739 bp), TEM (422 bp) és CTX-M (590 bp) gének voltak. A makrolid-rezisztencia gének esetében az ermA, ermB, ermC, msrA, és mef gének vizsgálatát végeztük el.

## Eredmények és értékelésük

1. A kútvizek fizikai-kémiai paramétereit között több átfedés figyelhető meg: mindhárom kútvízre jellemző (a hálózati vízhez képest) a jelentős nátrium ion, kalcium ion, magnézium ion, klorid ion és hidrogén-karbonát ion tartalom. A GY1 kútvíze az arzén, a GY2 kútvíze a vas és szulfát, a GY3 kútvíze a fluorid tartalomban mutat egyedi jellegzetességeket (2. táblázat). Az összes szerves széntartalom (TOC) és a KOIps alapján a kútvizek szerves anyagban szegény vizek.

2. Az általunk alkalmazott táptalajok segítségével a medencék becsült csíraszama legalább egy nagyságrenddel magasabb volt a kútvizekhez képest. Ez egyrészt a medencékben érvényesülő fürdőző hatásnak köszönhető, másrészt pedig a kútvízhez képest megváltozott környezeti tényezőknek, a külső környezetből bekerülő mikroorganizmusoknak, különösen a kültéri medencék esetében. A medencék csíraszámait igen változatosak (1. táblázat), alapvetően elmondható, hogy a töltő-ürítő rendszerű medencék minden fürdő esetében magasabb csíraszámokkal jellemezhetők, amely feltételezhetően az üzemeltetésnek (a fertőtlenítőszer hiányának) köszönhető.

Vízminták	Mikroszkópos sejtszám (sejt/ml)	Összcsíraszám speciális táptalajokon (TKE/ml)	Összcsíraszám húspepton agaron (TKE/ml)	10% R2A agar-agar (TKE/ml)	10% R2A gelrite (TKE/ml)	MM agar-agar (TKE/ml)	MM gelrite (TKE/ml)
GY1K	670000	340	0	12,5	630	108	608
GY1TÜ36	930000	8200	400	560	11000	10400	11000
GY2K	14000	170	20	110	120	210	240
GY2TÜ38	4900000	400000	20000	910000	250000	340000	102000
GY2TÜ20	2600000	170000	2300	9800	140000	6400	11000
GY2VF38	780000	130000	1600	490000	19000	17000	1100
GY3K	6100	120	0	10	12	200	270
GY3TÜ38	1400000	64000	1700	60000	61000	68000	69000
GY3TÜ20	370000	8200	6500	6500	9200	5800	11000
GY3VF38	900000	2200	150	2300	2200	2300	2200

**1. táblázat** A vízminták mikroszkópos sejtszám meghatározásának és heterotróf csíraszám becslésének eredményei hőterkép formájában ábrázolva. A táblázat tartalmazza a hagyományos húspepton táptalajjal és a speciális táptalajokon végzett összcsíraszám becslés eredményeit. Utóbbiakat a vizsgálatok során alkalmazott 4 féle táptalajra külön-külön is feltüntettük. GY1K, GY2K, GY3K: kútvizek; TÜ36: 36°C-os töltő-ürítő medence; TÜ38: 38°C-os töltő-ürítő medencék; TÜ20: 20°C-os töltő-ürítő medencék; VF38: 38°C-os visszaforgatásos medencék. MM: minimál-médiüm. A színskála az alacsonyabb értékektől (zöld) halad a legmagasabb értékig (piros).

3. A mikroszkópos sejtszámokat tekintve a kútvizek összes sejtszáma a tenyésztési eredményekhez képest legalább egy (a GY1 és GY2 fürdőben 2-3 nagyságrenddel) magasabb volt. A GY3 kútvíz esetében a tenyésztési és a mikroszkópos sejtszámok esetében is alacsonyabb értékeket kaptunk, mint a másik két gyógyfürdő kútvíze esetében. Ez feltételezhetően a kútvíz magas, 76°C-os hőmérsékletével magyarázható. A doktori kutatás során a GY2 és GY3 fürdő esetében az első mintavételezéseket követően egymást követő 4 hónapon át 4 alkalommal

mintavételeket végeztünk a kútvizekből és a medencékből egyaránt mikroszkópos sejtszám meghatározására (2. táblázat).

A kútvizek mikroszkópos sejtszáma nagyságrendileg azonos volt a mintavételi napokon, amely annak köszönhető, hogy a kútvizek nincsenek kitéve külső környezeti és a fürdőző hatásnak. A medencék tekintetében a nyitás előtti értékek a töltő-ürítő medencékben legalább egy nagyságrenddel magasabbak, mint a vízforgatásos medencéknél és ez a tendencia a nyitás után, fürdőző hatás mellett is megmarad. A medencék tekintetében, a tenyésztési vizsgálatokhoz hasonlóan, a mikroszkópos sejtszám értékek a töltő-ürítő medencéknél mindig magasabbak voltak, mint a vízforgatással üzemelő rendszerek. Természetesen a fürdőzők száma és a medencék mérete fontos tényező ebből a szempontból.

Vízminták	Mikroszkópos sejtszám nyitás előtt (sejt/ml)	Mikroszkópos sejtszám nyitás után 1. (sejt/ml)	Mikroszkópos sejtszám nyitás után 2. (sejt/ml)	Mikroszkópos sejtszám nyitás után 3. (sejt/ml)
GY2K	15000	11000	59000	27000
GY2TÜ38	590000	3900000	510000	2400000
GY2TÜ20	1600000	1700000	270000	210000
GY2VF38	200000	280000	86000	380000
GY3K	4800	55000	6200	3900
GY3TÜ38	1900000	2900000	980000	1900000
GY3TÜ20	320000	250000	1400000	240000
GY3VF38	27000	2000000	450000	750000

**2. táblázat.** Egymást követő 4 hónap mintavételezése során kapott mikroszkópos sejtszám meghatározásának eredményei hőtérkép formájában ábrázolva. GY2, GY3: kútvizek; TÜ38: 38°C-os töltő-ürítő medencék; TÜ20: 20°C-os töltő-ürítő medencék; VF38: 38°C-os visszaforgatásos medencék. A színskála az alacsonyabb értékektől (zöld) halad a legmagasabb értékig (piros).

**4.** A kútvizek és a medencék képe változatos, a sikeresen tenyésztésbe vont baktériumokat NGS segítségével is kimutattuk, molekuláris módszerrel megjelentek továbbá olyan taxonok is, amelyeket korábban szintén molekuláris vizsgálatokkal mutattak ki szerte a világon, különböző termálforrásokból. Munkánk során a kútvizekből és a medencékből számos, vizes környezetben megtalálható taxont sikerült kimutatni az alkalmazott vizsgálati módszerekkel. A kútvizekben a Proteobacteria phylum képviselői bizonyultak dominánsnak relatív abundanciájuk alapján, az osztályok és a nemzetségek tekintetében az egyes kútvizek között azonban kevés átfedés tapasztalható, ami feltételezhetően az eltérő fizikai-kémiai tényezőknek köszönhető. Vizsgálataink során számos olyan taxont mutattunk ki, amelyek az elemek körforgalmában fontos szerepet töltenek be, ezáltal hatással vannak az ökoszisztémákra és a víz kémiai tulajdonságaira.

5. A kútvizekben megtalálható taxonok (Aquificae, Proteobacteria, Firmicutes, Deinococcus-Thermus phylum tagjai) korábbi kutatások alapján termálforrásokban világszerte megtalálhatók. Jelenlétük feltételezhetően az extrém környezetnek köszönhető: a termálforrások magas hőmérséklete, kémhatása, kémiai tulajdonságai befolyásolják a termálforrásokban kialakuló természetes közösségeket.

6. Mivel a medencék vize a kútvízből származik, ezért várható volt, hogy sikerül olyan taxonokat kimutatni, melyeket mind a kútvízben, mind a medencékben jelen vannak. A kútvizekhez hasonlóan a tenyésztésbe vont nemzetségeket NGS segítségével is kimutattunk, relatív abundanciájuk azonban változó volt.

7. Tenyésztéses és molekuláris vizsgálatokkal is kimutattunk olyan taxonokat, amelyeket korábban vizes környezetekből izoláltak, ezek megoszlása a kútvizek és medencék között változó volt, mivel a kútvizekhez képest a medencékben több paraméter is megváltozik.

8. A medencékben található baktériumok többségét korábban úszómedencékből, rekreációs fürdőkből, egyéb fürdőhelyekről kimutatták, néhány közülük opportunistá patogén, amelyek különböző megbetegedésekkel hozhatók kapcsolatba. A medencék baktériumközösségeit tekintve azonban nem ezek a mikroorganizmusok bizonyultak dominánsnak, bár megjegyzendő, hogy a töltő-ürítő és a vízforgatásos medencék között a vízkezelésnek köszönhetően különbségek figyelhetők meg.

9. Fekális indikátor és *Legionella* szervezetek egyik fürdőből sem voltak kimutathatóak. A GY2 beltéri töltő-ürítő 38°C-os medencéje (GY2TÜ38) a *Micrococcus* (összes coccus) szám és a *Pseudomonas aeruginosa* tekintetében, továbbá mindkét fürdő kültéri vízforgatásos 38°C-os medencéje szintén a *P. aeruginosa* tekintetében meghaladta a határértéket

10. A tenyésztéses módszerekkel összehasonlítva a taxon specifikus PCR-ek eredményei alapján *Acinetobacter baumannii* és a *Legionella* nemzetség képviselői nem volt kimutathatók a mintákból. A *Pseudomonas aeruginosa* a GY2 beltéri töltő-ürítő medencéjében (GY2TÜ38) megjelent, ahogyan a coliform baktériumok szintén a 38°C-os töltő-ürítő medencékben voltak jellemzők (GY2TÜ38 és GY3TÜ38). A *Stenotrophomonas maltophilia* a GY3 fürdő minden mintájában és a GY2 beltéri töltő-ürítő 38°C-os medencéjéből volt kimutatható. Multiplex PCR vizsgálatokkal makrolid-rezisztencia géneket egy mintában sem mutattunk ki, míg az ESBL gének csak a GY2 beltéri töltő-ürítő 38°C-os medencéjében voltak jelen. Utóbbi szintén a kórokozó/fakultatív kórokozó baktériumok előfordulására utal a medencében.

11. Újgenerációs szekvenálással minimális relatív abundanciával (1% alatt) mutattunk ki még olyan nemzetségeket, amelyek emberi eredettel hozhatók összefüggésbe (pl. *Dermabacter*, *Dermacoccus*, *Kytococcus* stb.). A kimutatott nemzetségek többsége a normál humán bőr és bélmikrobióta tagjai, amelyek a fürdőzők által kerülhettek be a medencékbe (1. ábra).

**12.** Vizsgálataink során a mikroszkópos sejtszám, a heterotróf csíraszámbeclés és a szabványos tenyésztési eredmények is alátámasztják azt, hogy a vízforgatással üzemelő medencék biztonságosabb vízminőséget eredményeznek, mint a fertőtlenítés nélkül üzemelő töltő-ürítő rendszerek. Speciális tenyésztési módszerekkel és NGS-sel szintén ezen medencékből többféle baktérium nemzetséget mutattunk ki, megjegyzendő, hogy a taxonspecifikus PCR vizsgálatok fakultatív kórokozók jelenlétét többször igazolták a töltő-ürítő, mint a vízforgatásos medencékből.



**GYK1**  
36°C

**Phylumok:** Proeobacteria, Actinobacteria  
**Osztályok:** α-, β-, γ-proteobacteria, Bacilli  
**Nemzetségek:** *Chthonobacter*, *Micrococcus*, *Brevibacillus*

**GYK2**  
44°C

**Phylumok:** Proeobacteria, Chloroflexi, Actinobacteria, Firmicutes  
**Osztályok:** α-, β-, γ-, δ-, ε-proteobacteria, Anaerolineae, Actinobacteria, Bacilli  
**Nemzetségek:** *Sulfurovum*, *Thiofaba*, *Shewanella*, *Brevibacillus*, *Brevundimonas*, *Ferrovibrio*

**GYK3**  
76°C

**Phylumok:** Proteobacteria, Aquificae, Actinobacteria, Firmicutes, Deinococcus-Thermus  
**Osztályok:** α-, γ-proteobacteria, Aquificae, Actinobacteria, Bacilli, Deinococci  
**Nemzetségek:** *Methylobacterium*, *Sulfurihydrogenibium*, *Mycobacterium*, *Micrococcus*, *Meiothermus*

Medence vizek

**GY1TÜ38 (töltő-ürítő)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetség:**  
*Chelatococcus*

**GY2TÜ38 (töltő-ürítő)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetség:**  
*Hydrogenophaga*

**GY2TÜ20 (töltő-ürítő)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetségek:**  
*Hydrogenophaga*, *Rhizobium*, *Flavobacterium*, *Rheinheimera*

**GY2VF38 (vízforgatásos)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetségek:**  
*Hydrogenophaga*, *Rheinheimera*, *Acidovorax*, *Methyloversatilis*

**GY3TÜ38 (töltő-ürítő)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetségek:**  
*Ferrovibrio*, *Hydrogenophaga*

**GY3TÜ20 (töltő-ürítő)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetségek:**  
*Rheinheimera*, *Acinetobacter*, *Paracoccus*, *Albidiferax*, *Thiofaba*

**GY3VF38 (vízforgatásos)**

**Nem forrás eredetű domináns nemzetségek:**  
*Sphingopyxis*, *Porphyrobacterium*, *Hydrogenophaga*, *Shewanella*

**FÜRDŐZŐ  
HATÁS**



**Potenciálisan humán eredetű nemzetségek:**

*Acinetobacter*, *Moraxella*, *Cloacibacterium*, *Stenotrophomonas*, *Pseudomonas*, *Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Microbacterium*, *Brevundimonas*

**Potenciálisan humán eredetű fajok:**

*Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter baumanni*, *Moraxella osloensis*, *Stenotrophomonas maltophila*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas stutzeri*, *Staphylococcus aureus*, *Micrococcus luteus*, *Microbacterium paraoxydans*, *Brevundimonas nasdae*

**Potenciálisan humán eredetű nemzetségek 1 % relatív abundancia alatt:**

*Dermabacter*, *Dermacoccus*, *Kytococcus*, *Yimella*, *Mobilicoccus*, *Atopobium*, *Tannerella*, *Prevotella*, *Nosocomiicoccus*, *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Murdochiella*, *Anaerostipes*, *Blautia*, *Fusicatenibacter*, *Faecalibacterium*, *Intestinimonas*, *Oscillibacter*, *Subdoligranulum*, *Catenibacterium*, *Dialister*, *Fusobacterium*, *Leptotricha*, *Victivallis*, *Leptotrichia*, *Neisseria*, *Haemophilus*, *Treponema*

## **Publikációk**

### **A tézisek alapjául szolgáló közlemények**

**Szuróczki, S., Kéki, Zs., Káli, Sz., Lippai, A., Márialigeti, K., Tóth, E. (2016)** Microbiological investigations on the water of a thermal bath at Budapest. Acta Microbiol Immunol Hung 63(2):229-241.

**Lippai, A., Farkas, R., Szuróczki, S., Szabó, A., Felföldi, T., Toumi, M., Tóth, E. (2020)** Microbiological investigations of two thermal baths in Budapest, Hungary. Report: Effect of bathing and pool operation type on water quality. J Water Health 18(6):1020-1032.

**Lippai, A., Szabó, A., Felföldi, T., Tóth, E. (2018)** A Széchenyi fürdő mikrobiológiai vizsgálata. Hidrológiai közlöny 98:47-51.

**Lippai, A., Káli, Sz., Vajna, B., Szuróczki, S., Tóth, E. (2017)** A Dandár fürdő mikrobiológiai vizsgálata. Hidrológiai közlöny 97:9-14.