

9 ANHANG

Anhangsabbildungen 1 bis 3

Anhangstabellen 1 bis 6

NCBI Sequence Viewer - Netscape

Adresse: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/80/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=Nucleotide&list_uids=175004&dopt=GenBank

NCBI

PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PopSet Taxonomy OMIM

Search Nucleotide for [] Go Clear

Limits Index History Clipboard

Display Default View as HTML Save Add to Clipboard

1: [M58802](#) Lactobacillus acidophilus 16S ribosomal RNA [Related Sequences, Taxonomy](#)

LOCUS LBARR16SA 1569 bp rRNA BCT 27-APR-1993

DEFINITION Lactobacillus acidophilus 16S ribosomal RNA.

ACCESSION M58802

VERSION M58802.1 GI:175004

KEYWORDS 16S ribosomal RNA.

SOURCE Lactobacillus acidophilus (library: ATCC 4356; DSM 20079) rRNA.

ORGANISM [Lactobacillus acidophilus](#)
Bacteria; Firmicutes; Bacillus/Clostridium group; Lactobacillaceae;
Lactobacillus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 1569)
AUTHORS Woese, C.R., Yang, D. and Kandler, O.
TITLE Phylogenetic analysis of the lactobacilli based upon 16S rRNA
JOURNAL Unpublished

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..1569
/organism="Lactobacillus acidophilus"
/db_xref="taxon:1579"
/tissue_lib="ATCC 4356; DSM 20079"
rRNA 1..1569
/gene="16S rRNA"
/product="16S ribosomal RNA"
gene 1..1569
/gene="16S rRNA"

BASE COUNT 397 a 353 c 462 g 316 t 41 others

ORIGIN
1 mnaaacacgag agtttgatcc tggctcagga cgaacgctgg cggcgtgctt aatacatgca
61 agtcgagcga gctgaaccaa cagattcaact tcggtgatga cgttggmaa cgtagcggc
121 ggatgggtga gtaaacacgtg ggaacctgc cccatagtct gggataccac ttgaaacag
181 gtgctaatac cggataagaa agcagatcgc atgatcagct tataaaaggc ggcgtaagct
241 gtcgctatgg nmtggccccc cgggtcatta gctagtgtgt agggtaacgg cctaccaagg
301 caatgatgca tagccgagt gagagactga tcggccacat tgggactgag acacggccca
361 aactcctacg ggaggcagcn gtagggaatc ttccacaaty gacgaaagtc tgatggagca
421 acgccccgtg agtgaagaag gttttcggat cgtaaagctc tgttgtgtgt gaagaaggat
481 agaggtagta actggccttt atttgacggt aatcaaccag aaagtcacgy ctaactacgt
541 gccagcagcc gcggttaatac gtaggtggcn agcgtgtgccc gattattatg ggcgtaaaagc
601 gagcgcagcc ggaagaataa gtctgatgtg aaagccctcy gcttaaccga ggaactgat
661 cggaaactyt ttttcttgag tgcagaagag gagagtggaa ctccatgtyt agcggtagaa
721 tgcgtagata tatggaagaa caccagtggc gaagcggctc ctctggtctg caactgagc
781 tgaagctcnn aagcatgggt agcgaacagg attagatacc ctggtagtcc atccgtaaa
841 cgatgagtgc taagtgttgg gaggtttccc cctctcagtg ctgagctaa cgcattaagc
901 actccgcty gggagtacga ccgcaagttt gaaactaaa ggaattgacy gggcccgcga
961 caagcgttgg agcatgtgtt ttaattcga gcaacgcgaa gaacctacc aggtcttgac
1021 atctadtgca atccgtagag atacgggtt cccttcgggy acactaagac aggtggtgca
1081 tggctgtctg cagctcgtgt cgtgagatgt tgggttaagt ccgcaacga gtgcaacct
1141 tgtcattagt tgcagcatt aagttgggca ctctaatgag actgccggtg acaaacgga

Der markierte Sequenzbereich stellt die Zielsequenz (Komplementärsequenz) der *L. acidophilus*-Sonde dar.
„tgca atccgtagag atacgg“

Dokument: Übermittelt

Anhangsabb. 1: Darstellung der partiellen 16S rRNA-Sequenz des *L. acidophilus*-Typstammes (ATCC 4356^T) über die Datenbank des NCBI/GenBank

Probe Match against Small Subunit rRNAs with Prokaryotic tree - Netscape

Datei Bearbeiten Ansicht Gehe Communicator Hilfe

Lesezeichen Adresse: http://www.cme.msu.edu/RDP/cgis/probe_match.cgi

Probe seq: 5' **ccguaucucuaacggauugca** 3'
Its target : 5' **ugcaauccguagagauacgg** 3'

In the search for targets, the maximum number of misfits were:
ugcaauccguagagauacgg: 0 Mismatches, 0 Insertions, 0 Deletions.

The angle brackets below mark up the potential Watson-Crick pairings within your probe (self complementarities). The pairings are sorted so the longest pairing(s) are given immediately below the probe sequence.

Probe sequence : 5' **ugcaauccguagagauacgg** 3'
----->>>>-----<<<<<<
----->>>>-----<<<<--

During the search for pairings, only pairings of 3 or more consecutive Watson-Crick pairs were accepted. The allowed size of the loop (of the potential hairpin) was between 2 and 4.

The following lists the matches, with the optimal target given in the top line. A dot at a given position indicates that there is a base equivalent to that of the optimal target at that position. Entries that were posted as unaligned by RDP (if any) are marked by "x".

[Note] Sequence positions are numbered from the 5' end of each sequence. Hence, a partial sequence that starts near the end of the alignment will have lower numbers than a full length sequence.

There were 2 sequences that matched your probe.

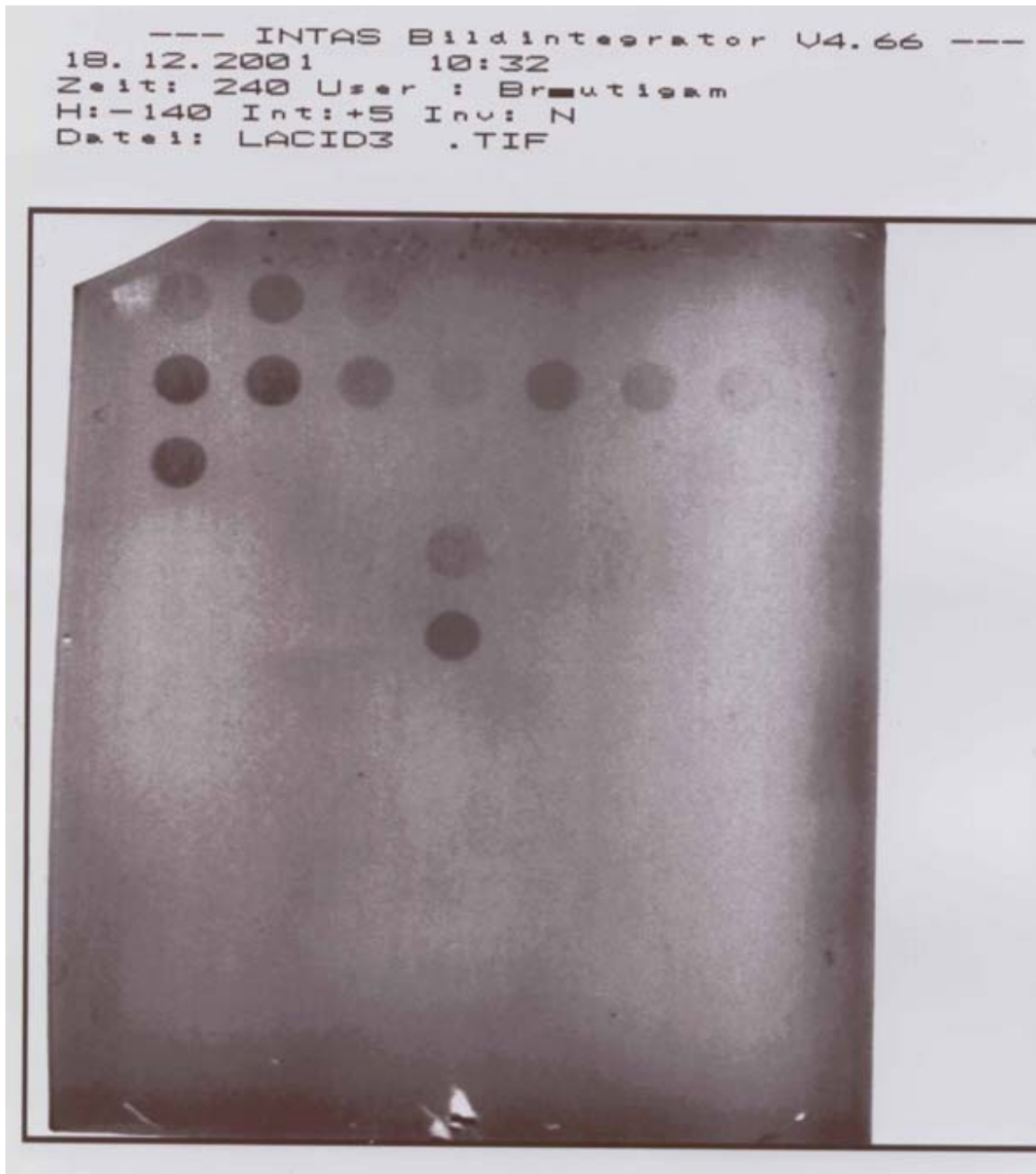
	ugcaauccguagagauacgg	a) b) c)
L.acidophi 1027	1046 57 63 42
L.acidophi 907	926 57 63 42

a) $T_m(C) = 4 \times (G+C) + 2 \times (A+T) - 3$
b) $T_m(C) = 81.5 + 16.6 \times \log[Na+] + 0.41 \times (G+C) - 600 / N$
c) $T_m(C) = 81.5 + 16.6 \times \log[Na+] + 0.41 \times (G+C) - 600 / N - 0.7 \times \%formamide$

The following is the taxonomic hierarchy from RDP, indented to better show the taxonomic levels. Groups that do not contain sequences matching the probe have been removed.

- BACTERIA
 - GRAM_POSITIVE_BACTERIA
 - BACILLUS-LACTOBACILLUS-STREPTOCOCCUS_SUBDIVISION
 - LACTOBACILLI
 - L.DELBRUECKII_SUBGROUP
 - [L.acidophi](#) Lactobacillus acidophilus NCDO 1748 (T)
 - [L.acidophi](#) Lactobacillus acidophilus ATCC 4356 (T)

Anhangsabb. 2: Darstellung des CheckProbe-Ergebnisses (MAIDAK et al., 1997) für die *L. acidophilus*-Sonde



Anhangsabb. 3: Darstellung des Dot Blot-Hybridisierungsergebnisses von Bakterienstämmen, die mit der *L. acidophilus*-spezifischen Sonde geprüft wurden. Positive Hybridisierungsreaktionen sind aufgrund der schwarzen bzw. schwachgräulichen Färbung (im Original blau-violett) zu erkennen.

Reihe 1: ATCC 4356^T, ATCC 314, ATCC 4796

Reihe 2: P 6, Wiesby, P 10, P 7, P 9, 978/1, BA nature Sanofi

Reihe 3: F 294

Reihe 4: M 1

Reihe 5: Acid 74

Anhangstabelle 1: Biochemische und physiologische Reaktionen untersuchter Typ-, Kontroll- und Prüfstämme der *L. acidophilus*-Gruppe

Deklarierte Spezies ^a / Stamm	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	Biotyp ₁
<i>L. acidophilus</i>																			
ATCC 4356 ^T	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	(+)	-	++	-	nd	-	+	II
ATCC 314	SKR	K	-	-	++	+	+	+	-	-	+	+	-	++	-	-	-	+	IV
ATCC 332	S	K	-	-	++	++	++	+	+	-	++	-	-	-	-	-	-	+	I
ATCC 4796	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	++	-	+	-	nd	+	+	II
F 224	SKR _t	K	-	-	++	++	++	+	++	-	++	-	-	-	-	-	-	+	I
F 294	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	++	-	+	-	nd	+	+	II
P 6 Asche	SKR _t	K	-	-	++	+	++	+	+	-	++	-	-	++	-	nd	-	+	III
Wiesby	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	++	-	++	-	nd	+	+	II
F 268 b	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	+	-	++	-	++	++	-	nd	+	+	I
H 28 c	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
P 10	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	+	-	++	-	-	++	-	nd	-	+	III
P 7	SKR _t	K	-	-	++	++	++	+	+	-	++	-	-	++	-	nd	-	+	III
P 9	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	+	-	++	-	-	++	-	nd	-	+	III
SA	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	++	-	++	+	nd	+	+	II
978/1	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	+	++	++	-	++	-	-	-	+	III
Zott 992/e	SKR _t	KP	-	-	++	(+)	++	(+)	++	-	-	-	-	-	-	nd	-	+	I
BA nature SANOFI	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	++	-	++	-	-	-	++	II
XXIX J	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	+	+	++	++	-	+	-	-	+	-	III
CCUG 30451	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	++	++	++	-	++	-	nd	-	+	III
CCUG 29549 B	SKR _t	K	-	-	++	-	++	++	-	-	(+)	+	-	++	-	nd	-	+	IV
He	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	+	-	++	-	++	++	-	nd	+	+	I
F 169 a	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
M (1)	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I

Fortsetzung Anhangstab. 1:

F 177 a I	SKR _t	K	-	-	++	++	++	+	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
F 177 a	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
N	SKR _t	K	-	-	++	++	++	+	+	+	++	-	++	-	-	-	+	II	
B 39/4 d	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	+	++	-	-	++	-	-	-	+	III
Acid 74	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	++	++	++	-	++	-	-	-	+	III
F 164/DSM 20077	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
H 18 b	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	++	++	++	-	++	-	-	-	++	III
Omniflora	SKR _t	K	-	-	++	++	++	+	+	+	++	-	++	-	-	-	+	II	
<i>L. crispatus</i>																			
DSM 20584 ^T	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	(+)	++	-	-	++	-	-	-	+	I
<i>L. amylovorus</i>																			
DSM 20531 ^T	SKR _t	K	-	-	+	++	++	+	+	+	++	-	-	++	-	-	-	+	I
<i>L. gallinarum</i>																			
LMG 9435 ^T	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	-	++	++	++	-	++	-	-	-	+	IVa ²
<i>L. gasseri</i>																			
DSM 20243 ^T	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
P 914	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	++	I
P 140	S	K	-	-	-	+	++	++	++	-	++	-	-	++	-	+	+	++	I
Lactinex	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
Ard 1084	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
Ard 1101	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
Ard 1136	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
CCUG 24836	S	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	+	-	-	-	+	I
CCUG 27600	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
CCUG 27603	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	+	++	+	-	-	+	V ²

Fortsetzung Anhangstab. 1:

CCUG 27604	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
CCUG 29126 A	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	+	++	+	-	-	++	I
CCUG 29473	SKR	K	-	-	++	++	++	++	+	(+)	++	-	-	++	-	-	-	+	I
CCUG 29549 A	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	-	++	-	-	-	+	I
<i>L. johnsonii</i>																			
LMG 9436 ^T	SKR _t	K	-	-	+	++	++	++	(+)	++	++	++	-	++	-	-	-	+	III
DSM 20553	SKR _t	K	-	-	++	++	+	++	+	++	++	++	-	++	-	-	-	+	III
CNCM I-1225/LC1	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	++	++	++	-	++	-	-	-	+	III
Ard 1139	SKR _t	K	-	-	++	++	+	++	+	++	++	++	-	++	-	-	-	+	III
Ard 1169	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	++	++	++	-	++	-	-	-	+	III

^a: zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Institutes

1 Lackmusmilch	5 Glukose	9 Trehalose	13 Mannit	16 Wachstum bei 15±0,5°C (3 Tage)
2 "Briggs"-Milch	6 Laktose	10 Melibiose	14 Salicin	17 Wachstum bei 20±0,5°C (2 Tage)
3 Gas aus Glukose	7 Saccharose	11 Cellobiose	15 Rhamnose	18 Wachstum bei 45±0,5°C (1 Tag)
4 Arabinose	8 Maltose	12 Raffinose		
Zeichnerklärung:	S = Säuerung	K = Koagulation	P = Peptonisierung)	R _t = partielle Reduktion (2d)

pH-Werte (Ablesung nach 6d): ++ : stark positiv = pH ≤ 4,2 (+) : schwach positiv = pH 5,0 bis 4,6
 + : positiv = pH 4,5 bis 4,3 - : negativ = pH > 5,5

^d: verzögerte Reaktion; nd: nicht durchgeführt; grau hinterlegt: Schlüsselreaktionen; ^T: Typstamm

Anfangs-pH der Medien = 6,5 - 6,8; sämtliche Nährmedien nach LERCHE und REUTER (1960, 1962);

¹: Biotyp nach REUTER (1964); ²: Biotyp nach MITSUOKA (1969)

Anhangstabelle 2: Biochemische und physiologische Eigenschaften der untersuchten Typ-, Referenz- sowie Prüfstämme der *L. casei*-Gruppe

Deklarierte Spezies ^a /Stamm	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	
<i>L. zeae</i>																												
DSM 20178 ^T	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	+	++	-	++	++	++	-	++	++	++	-	-	-	+	+	+	+	+	+
<i>L. casei</i>																												
ATCC 393 ^T	SKR	K	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	++	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
Shirota	SKR	K	-	-	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	-	-	++	+	+	++	-	+	++	++	+	+	+	+
Yakult	SKR	K	-	-	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	-	-	++	+	+	++	-	+	++	++	+	+	+	+
Actimel	SKR	K	-	-	++	++	+	++	+	-	+	-	++	++	-	-	++	+	+	+	+	-	+	++	+	+	+	+
<i>L. paracasei ssp. paracasei</i>																												
DSM 5622 ^T	SKR _t	K	-	-	++	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
DSM 20020	SKR _t	K	-	-	++	-	++	+	++	-	++	-	++	+	-	-	++	++	+	++	++	+	++	++	+	+	+	+
LMG 12586	SKR _t	K	-	-	++	+	+	+	++	-	+	-	++	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
F 10 a (R 27)*	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	-	-	++	++	-	-	-	++	-	++	+	+	+	+
<i>L. rhamnosus</i>																												
DSM 20021 ^T	SKR	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	-	++	++	+	++	-	-	++	++	+	+	+	+
DSM 7133	SKR _t	K	-	+	++	++	++	++	+	-	++	-	++	++	++	-	++	++	+	++	-	-	++	++	+	+	+	+
GG	SKR _t	K	-	-	+	-	+	-	++	-	++	-	++	++	+	-	++	++	+	++	-	-	++	++	+	+	+	+
P 210 (R 21)*	SKR _t	K	-	+	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	-	++	++	+	++	-	-	++	++	+	+	+	+
P 211 (R 22)*	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	-	++	++	+	++	-	-	++	++	+	+	+	+
P 216 (R 23)*	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	-	++	++	(+)	++	-	-	++	++	+	+	+	+

Fortsetzung Anhangstab. 2:

P 237 (R 24)*	SKR _t	K	-	-	+	-	+	-	++	-	++	-	++	++	+	-	++	++	+	++	-	-	++	++	+	+	+
P 972 (R 26)*	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	-	++	++	(+)	++	-	-	++	++	+	+	+
CCUG 18011	SKR	K	-	-	++	++	+	+	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	+
CCUG 22413	SKR _t	K	-	-	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 27333	SKR _t	K	-	-	++	++	+	+	++	-	++	-	++	+	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 27405	SKR _t	K	-	-	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	+
CCUG 27772	SKR _t	K	-	-	++	++	(+)	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	+
CCUG 28228	SKR _t	K	-	-	++	++	+	(+)	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	+
CCUG 28262	SKR _t	K	-	-	++	++	-	-	++	-	+	-	++	+	+	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 28641	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 29185	SKR _t	K	-	-	++	++	-	-	++	-	(+)	-	++	++	++	nd	nd	nd	+	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 29281	SKR _t	K	-	-	++	++	-	-	++	-	(+)	-	++	++	(+)	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 29713	SKR _t	K	-	-	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 30069	SKR _t	K	-	-	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
CCUG 30616	SKR _t	K	-	-	++	++	++	++	++	-	++	-	++	++	++	nd	nd	nd	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	++
H 213 (R 2)**	SKR _t	K	-	+	++	++	+	++	++	-	++	-	++	++	+	-	++	++	-	++	-	+	++	++	+	+	+
P 898	SKR _t	K	-	-	+	++	+	++	++	-	++	-	++	++	+	-	++	++	-	-	-	++	++	++	++	+	+

a: zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Institutes, *: Stammbezeichnung nach KLEIN et al. (1994b); **: Stammbezeichnung nach KLEIN et al. (1995a)

1 Lackmusmilch	4 Arabinose	8 Maltose	12 Raffinose	16 Xylose	20 Sorbitol	24 Fruktose
2 "Briggs"-Milch	5 Glukose	9 Trehalose	13 Mannit	17 Mannose	21 Inulin	25 Wachstum bei 15±0,5°C (3d)
3 Gas aus Glukose	6 Laktose	10 Melibiose	14 Salicin	18 Melezitose	22 Dextrin	26 Wachstum bei 20±0,5°C (2d)
	7 Saccharose	11 Cellobiose	15 Rhamnose	19 Inosit	23 Galaktose	27 Wachstum bei 45±0,5°C (1d)

S = Säuerung K = Koagulation R = Reduktion (2d) nd = nicht durchgeführt; alle Medien nach LERCHE und REUTER (1960, 1962)

Anhangstabelle 3: Biochemische und physiologische Eigenschaften anderer zur Validierung der Gensonden eingesetzter Laktobazillen

Deklarierte Spezies / Stamm	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	
<i>L. brevis</i> DSM 20054 ^T	-	-	++	++	++	-	-	++	-	+	-	-	-	-	-	++	-	-	-	-	-	-	++	-	+	nd	-	
<i>L. delbrueckii</i> <i>ssp. bulgaricus</i> DSM 20081 ^T	SK	K	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	nd	nd	-	+	-	-	+	
<i>L. leichmannii</i> ATCC 4797	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	
<i>L. plantarum</i> DSM 20174 ^T	SKR _t	K	-	++	++	++	++	++	++	++	++	++	++	++	++	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	+	-
<i>L. fermentum</i> IIb F 275 <i>L. reuteri</i> * (DSM 20016 ^T)	SKR _t	KP	+	++	++	++	++	++	-	++	-	++	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	++	+	-	-	+
<i>L. oris</i> DSM 4864 ^T	S	K	++	++	++	++	++	++	-	++	-	++	-	-	-	++	-	-	-	-	-	-	-	++	-	-	nd	+
<i>L. vaginalis</i> DSM 5837 ^T	SKR _t	K	++	+	+	+	++	++	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+
<i>W. confusa</i> DSM 20196 ^T	-	K	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+
<i>W. hellenica</i> DSM 7378 ^T	-	K	-	+	++	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	+	+	-

*: Speziesbezeichnung nach neuerer Taxonomie

1 Lackmusmilch	4 Arabinose	8 Maltose	12 Raffinose	16 Xylose	20 Sorbitol	24 Fruktose
2 "Briggs"-Milch	5 Glukose	9 Trehalose	13 Mannit	17 Mannose	21 Inulin	25 Wachstum bei 15±0,5°C (3d)
3 Gas aus Glukose	6 Laktose	10 Melibiose	14 Salicin	18 Melezitose	22 Dextrin	26 Wachstum bei 20±0,5°C (2d)
	7 Saccharose	11 Cellobiose	15 Rhamnose	19 Inosit	23 Galaktose	27 Wachstum bei 45±0,5°C (1d)

S = Säuerung K = Koagulation R = Reduktion (2d) nd = nicht durchgeführt; alle Medien nach LERCHE und REUTER (1960, 1962)
P = Peptonisierung

Anhangstab. 4: Weiterführende Angaben zu den eingesetzten Gensonden und Hybridisierungsbedingungen

S-S-Lacid-2519-a-A-20* 5'- CCG TAT CTC TAC GGA TTG CA -3'
16S rRNA-Zielsequenz 3'- GGC AUA GAG AUG CCU AAC GU -5'
 $T_m = 48^\circ\text{C}$

[Sonde] = 400ng/10ml Hybridisierungslösung

Färbungsdauer: 4 h

S-S-Lgass-2592-a-A-108 5'- TCG.....—**.....GGT -3'
16S rRNA-Zielsequenz 3'- AGC.....CCA -5'
 $T_m = 72^\circ\text{C}$

[Sonde] = 5 µl PCR-Template = ca. 2000ng/10ml Hybridisierungslösung

Färbungsdauer: 5 h

S-S-Ljohn-1580-a-A-27 5'- TAGTTT CATTTA GTGCAA GCACTA AAAGGT -3'
16S rRNA-Zielsequenz 3'- AUCAAA GUAAAU CACGUU CGUGAU UUUCCA -5'
 $T_m = 48^\circ\text{C}$

[Sonde] = 400ng/10ml Hybridisierungslösung

Färbungsdauer: 4,5 h

S-S-Lzeae-1587-a-A-18 5'- CCG TTC ATC GAC CAA AAC -3'
16S rRNA-Zielsequenz 3'- GGC AAG UAG CUG GUU UUG -5'
 $T_m = 55^\circ\text{C}$

[Sonde] = 400ng/10ml Hybridisierungslösung

Färbungsdauer: 5 h

S-S-Lpara-1597-a-A-19 5'- TTC CAT GGT GAA TCT CGG T -3'
16S rRNA-Zielsequenz 3'- AAG GUA CCA CUU AGA GCC A -5'
 $T_m = 55^\circ\text{C}$

[Sonde] = 2000ng/10ml Hybridisierungslösung

Färbungsdauer: 5 h

S-S-Lrham-1586-a-A-23 5'- AGC ACC TTT CAA TAA TCA GAA CT -3'
16S rRNA-Zielsequenz 3'- UCG UGG AAA GUU AUU AGU CUU GA -5'
 $T_m = 48^\circ\text{C}$

[Sonde] = 2000ng/10ml Hybridisierungslösung

Färbungsdauer: 6 h

*: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); T_m : Dissoziationstemperatur der Sonde; [Sonde]: verwendete Gensondenkonzentration; —**: die Gesamtsequenz ist in Anhangstab. 5 dargestellt

Anhangstab. 5: Nukleotidsequenz der mittels PCR-Technik hergestellten *L. gasseri*-Sonde

Gensonde ^a	Sondensequenz (5' → 3')	Zielregion ^b
S-S-Lgass-2592-a-A-108	TCG TGA GAT GTT GGG TTA AGT CCC GCA ACG AGC GCA ACC CTT GTC ATT AGT TGC CAT CAT TAA GTT GGG CAC TCT AAT GAG ACT GCC GGT GAC AAA CCG GAG GAA GGT	2592-2699

^a: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); ^b: entsprechende 16S rRNA-Position des *E. coli* -numbering Systems (BROSIUS et al., 1981)

Anhangstab. 6: Charakterisierung der Methoden für die Identifizierung probiotischer Laktobazillen nach REUTER et al. (2000a)

Methode	Aufwand			Aussagekraft		
	investiv	Material	Zeit	Genus	Spezies	Stamm
Phänotypie						
Morphologie						
Physiologie	±	±	±	++	+	±
Biochemie						
SDS-PAGE	+	+	+	++	++	+
lösl. Zellproteine						
Genotypie						
RAPD-PCR	+	+	++	*	+	++
Plasmiddarstellung	*	*	*	*	±	+
REA	±	±	±	+	+	+
PFGE	++	++	++	+	+	++
Hybridisierungstechnik	+	+	± / +	++	++	*

sehr hoch: ++ mäßig: ±
hoch: + gering/keine: *