

Oligonukleotide**Tabelle 2** – verwendete Primerpaare

Name	Nukleotid- sequenz der Primer (5'-3')	Position des Primers im Gen (bp)	Länge des Primers (bp)	Länge des Amplifika- tes (bp)	Schmelz- punkt (°C)	Referenz für diese PCR
	House- keepinggen- Primer (Blattner et al., 1997)					
<i>cadB1</i> sense Lysin-decarb- oxylase Operon	CCG GCA GAG TTC ATC AGA G	540 bis 558	19-mer	442	58,8	diese Arbeit
<i>cadB1</i> antisense	GGA ATA CTG CGG ATA CCA CTG	540 bis 561	21-mer	442	59,8	diese Arbeit
<i>mdh1</i> sense Malatde- hydrogenase	AGG GCG ATA TCT TTC TTC AGC	52 bis 73	21-mer	810	57,9	(Perna et al., 1998) (Pupo et al., 1997)
<i>mdh1</i> antisense ² als sense	ATG AAA GTC GCA GTC CTC GG	52 bis 72	20-mer	810	59,4	(Perna et al., 1998) (Pupo et al., 1997)

Fortsetzung

² revers-komplementär wegen der verdrehten Orientierung bei der Sequenz, d.h., *mdh-c* antisense entspricht *mdh p1* bei Whittam

Tabelle 2 Fortsetzung – verwendete Primerpaare

Name	Nukleotidsequenz der Primer (5'-3')	Position des Primers (bp)	Länge des Primers (bp)	Länge des Amplifikates (bp)	Schmelzpunkt (°C)	Referenz für diese PCR
	House-keepinggen-Primer					
<i>putP2</i> sense Proinutilisation	GCG TGT GCA TAC CGA ATA CAA	299 bis 320	21-mer	483	57,9	diese Arbeit
<i>putP2</i> anti-sense	GAG AAT CTG CCG CCA TAA AAC	299 bis 320	21-mer	483	57,9	diese Arbeit
<i>trpC1</i> sense Tryptophan Operon	CAC TTC CTG CGC CTG TTG AAC	471 bis 492	21-mer	420	61,8	diese Arbeit
<i>trpC1</i> anti-sense	GTC TGG AGA TGG GGG TGC TG	471 bis 490	19-mer	420	63,1	diese Arbeit
<i>F-FLIC1</i> sense	ATGGCAC AAGTCAT TAATACC CAAC		20-mer	1300 und 2600	59,7	(Fields et al., 1997)
<i>R-FLIC2</i> antisense	TGTCTCT GCTGCAG GGTTAG		20-mer	1300 und 2600	59,4	(Fields et al., 1997)

Fortsetzung

Tabelle 2 Fortsetzung – verwendete Primerpaare

Name	Nukleotidsequenz der Primer (5'-3')	Position des Primers (bp)	Länge des Primers (bp)	Länge des Amplifikates (bp)	Schmelzpunkt (°C)	Referenz für diese PCR
Virulenzgen primer						
AE19 (sense) <i>eae</i> Gen	CAG GTC GTC GTG TCT GCT AAA	1891 bis 1912	21-mer	ca. 1200 (895)	59,8	diese Arbeit (Gannon et al., 1993)
ESCD1 (antisense) Liegt im PAS Gen, downstream <i>eae</i>	TAT CAA CAT CTC CCG CCC AG	1212 bis 1231	20-mer	ca. 1200 (895)	59,4	(Kresse et al., 1998), diese Arbeit
<i>espB1</i> sense <i>espB</i> Gen	GAG AGC CAG AAT AAA GCT ATT GAT		24-mer	ca. 500 (374)	57,6	diese Arbeit, (Wieler et al., 1996)
<i>espB2</i> antisense	GAT ATC ATC CTG CGC TCT GCG A		22-mer	ca. 500 (374)	62,1	diese Arbeit, (Wieler et al., 1996)
<i>espB3</i> sense	GCA ACA GCA ATG GCA CTG	<i>espD</i> downstream	18-mer	ca. 1700	56,0	diese Arbeit
<i>espB4</i> antisense	GAT ATC ATC CTG CGC TCT GCG A	<i>escF</i> upstream	20-mer	ca. 1700	60,3	diese Arbeit
SK1 Shigatoxin-1	GAC TAC TTC TTA TCT GA TTT	<i>stx1</i>	21-mer	754		(Franke et al., 1995)
SK2	AAC GAA AAA TAA CTT CGC TG	<i>stx1</i>	20-mer	754		(Franke et al., 1995)

Fortsetzung

Tabelle 2 Fortsetzung – verwendete Primerpaare

Name	Nukleotid- sequenz der Primer (5'-3')	Position des Primers (bp)	Länge des Primers (bp)	Länge des Amplifi- kates (bp)	Schmelz- punkt (°C)	Referenz für diese PCR
Virulenz- gen-Primer						
SK3 Shigatoxin- 2	CCG GGC GTT TAC GAT AGA CTT	<i>stx2</i>	21-mer	843		(Franke et al., 1995)
SK4	TGC AGC TGT ATT ACT TTC CC	<i>stx2</i>	20-mer	843		(Franke et al., 1995)
Ehly1 EHEC- Hämolysin	GAG CGA GCT AAG CAG CTT G	<i>hly</i>	19-mer			(Wieler et al., 1996)
Ehly5	CCT GCT CCA GAA TAA ACC ACA	<i>hly</i>	21-mer			(Wieler et al., 1996)

 Ende