

## Eigene Ergebnisse

### DNA-Sequenzanalyse

Als Grundlage der DNA-Sequenzanalyse diente DNA, die mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert wurde. Wie in Material und Methoden beschrieben (Tabelle 2 und 3), wurden auf diese Weise insgesamt vier Housekeeping-Gene (*putP* (483bp) (Nelson and Selander, 1992), *trpC* (420 bp), *mdh* (810 bp) (Pupo et al., 1997) und *cadB* (442 bp)) sowie zwei virulenzassoziierte Gene (*eae* und *espB*) partiell amplifiziert. Die Größe der Amplifikate lag hierbei zwischen 500 bp und 1700 bp beim *espB* (*espB* - 374bp analysiert) und 1200 bp beim *eae* (*eae* – 895 bp untersucht). Die jeweiligen Gesamtlängen sind in Tabelle 2 aufgeführt. Die tatsächlich untersuchten Sequenzlängen stehen in Tabelle 4. Bezüglich der Housekeeping-Gene, die hochkonserviert sind, wurde die Lokalisation der Oligonukleotidprimer zufällig bzw. nach Literaturangaben getroffen. Beim *eae*-Gen konzentrierten wir uns auf das 5'-Drittel, da bekanntermaßen dort die größte Heterogenität liegt und dieser Genabschnitt den Intimintyp definiert (Frankel et al., 1994; Adu-Bobie et al., 1998a; Adu-Bobie et al., 1998b). Bezüglich des *espB* wählten wir das mittlere Drittel, so dass sowohl ein Teil der hochkonservierten C'-terminalen Region wie auch der bereits heterogenen 5'-Region in die Analysen mit einfließen.

**Tabelle 4** - Variationen in vier Housekeeping-Genen und zwei Virulenzgenen aus EHEC-Isolaten und einem *E.coli*-Referenzstamm (ohne Virulenzgene)

Gen	Sequenzlänge (bp)	Anzahl der Variationen bei den folgenden Stämmen		
		alle (n=27)	EHEC Wild-Typ-Stämme (n=26)	Referenzstamm (n=1)
<i>trpC</i>	420	siehe Tabelle 7		
<i>putP</i>	483	siehe Tabelle 8		
<i>mdh</i>	810	siehe Tabelle 9		
<i>cadB</i>	442	siehe Tabelle 10		
<i>eae</i>	895	siehe Tabelle 11		
<i>espB</i>	374	siehe Tabelle 12		