

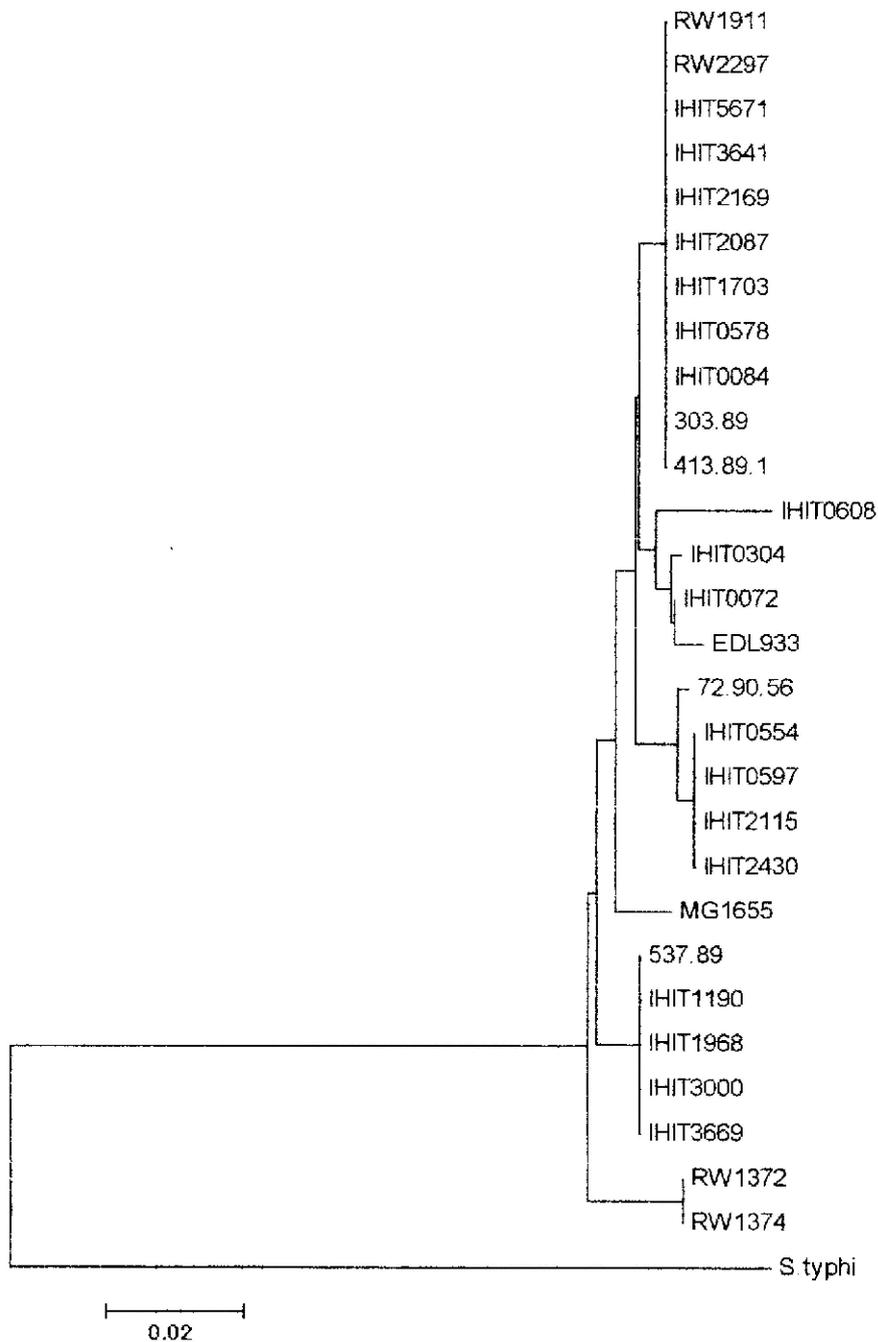
### ***Phylogenetische Analysen***

Die phylogenetische Analyse der DNA-Daten erfolgte mit Hilfe des Programmes MEGA Version 2.1 (Phylogenetic and molecular evolutionary analyses; (Kumar et al., 2001)). Das Multisequenzalignment mit Clustal (HUSAR DKFZ, Heidelberg) ergab eine erste orientierende Clusterbildung der Stämme. Mittels „Maximum Parsimony Tree“ (in MEGA Version 2.1) wurden die entsprechenden Kladogramme erstellt.

### **Housekeeping-Gene**

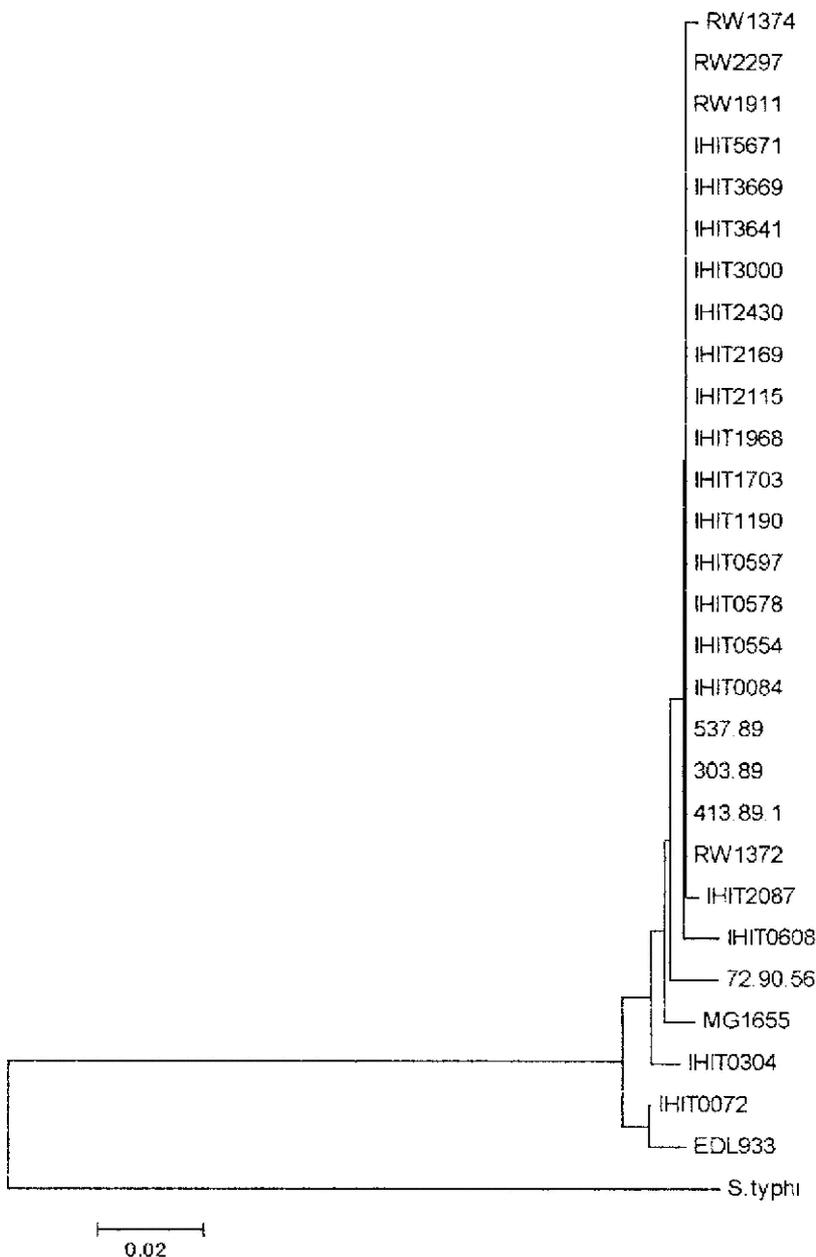
***putP-Locus.*** Mittels Multisequenzalignment konnten fünf verschiedene Cluster unterschieden werden. Die Stämme verteilten sich ungleichmäßig auf die einzelnen Cluster (Abb. 6). So bildeten die Stämme IHIT0084, IHIT0578, IHIT1703, IHIT1911, IHIT2087, IHIT2169, RW2297, 303/89, IHIT3641, 413/89-1 sowie IHIT5671 ein deutliches Cluster. Hiernach folgten zwei weitere Äste, wobei der eine lediglich drei Stämme einschloß (IHIT0072, IHIT0304 und IHIT0608) und der andere sich in weitere Äste aufteilte. Auch bei den drei Stämmen lagen signifikante Unterschiede vor. Die Verzweigungen des anderen Astes zeigten nochmals jeweils zwei Aufsplittungen, so dass vier weitere Äste mit unterschiedlicher Homologie und Verteilung auftraten. So wurde der erste lediglich durch Stamm 72/90-56 gebildet, der gegenüberliegende aus einem Cluster der Stämme IHIT0554, IHIT0597, IHIT2115 und IHIT2430. Der zweite große Ast dieser Ebene schloss ebenfalls mehrere Stämme ein: 537/89-1, IHIT1190, IHIT1968, IHIT3000 sowie IHIT3669 und einen kleineren Ast mit nur den beiden Stämmen RW1372 und RW1374, die derselben Serovar angehören und nach den bisherigen Analysen einem Klon angehören zu scheinen.

**Abb. 6** - Dendrogramm (neighbour joining tree (Felsenstein, 1985; Saitou and Nei, 1987; Penny et al., 1992; Steel et al., 1993; Zharkikh and Li, 1995; Efron et al., 1996; Pearson et al., 1999), erstellt anhand der *putP*-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)



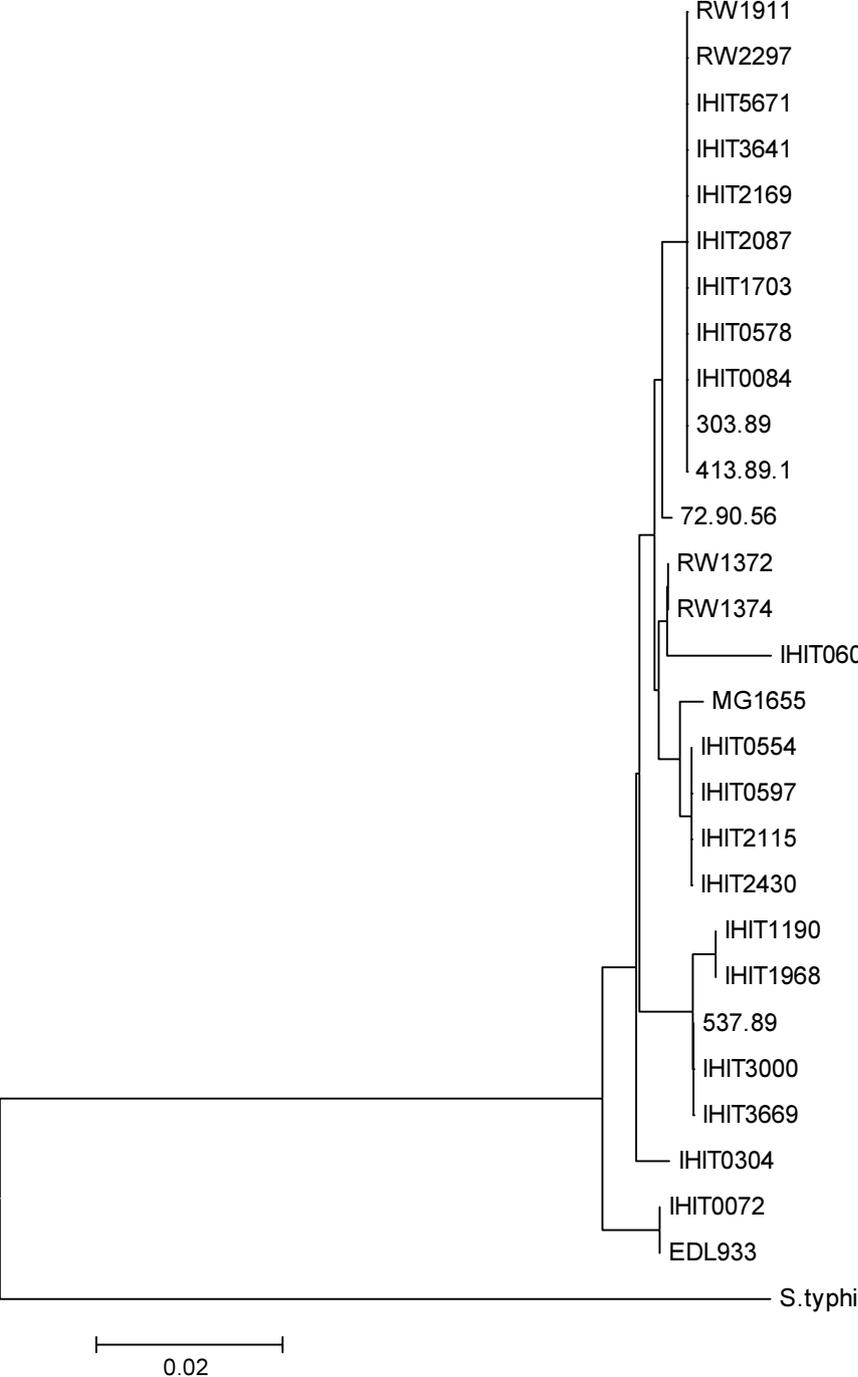
***trpC*-Locus.** Auch hier liegen die Stämme IHIT0072, IHIT0304 sowie 72/90-56 an einem Seitenast (Abb. 7), wobei die beiden erst genannten nochmals näher zusammenlagen. IHIT0608 bildet wieder einen eigenen Zweig. Auch die beiden O103:H2-Stämme RW1372 und RW1374 bilden einen eigenen Ast, so dass alle restlichen Stämme auf einer Ebene liegen, also innerhalb dieses Gens nahezu identisch sind. Das einzige deutliche Cluster wird in der Diskussion weiter kommentiert.

**Abb. 7** - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand der *trpC*-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)



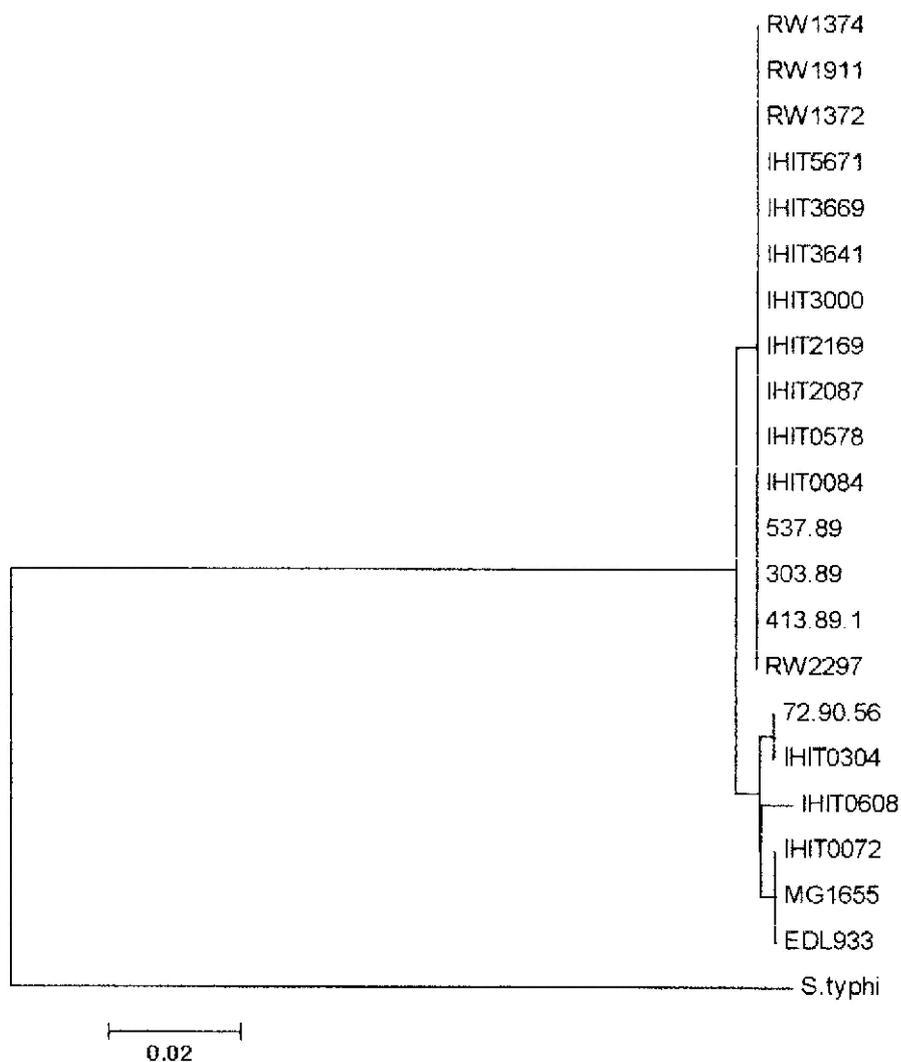
***mdh*-Locus.** Das Dendrogramm (Abb. 8) weist eine deutlichere Clusterbildung auf. Eine 100 %ige Übereinstimmung findet sich bei dem Zweig, der die Stämme IHIT0084, IHIT0578, IHIT1703, IHIT1911, IHIT2087, IHIT2169, RW2297, 303/89, IHIT3641, 413/89-1 und IHIT5671 enthält. Es liegt eine signifikante Übereinstimmung der Stämme jeweils zu dem Cluster der virulenzassoziierten Gene vor, also eine Übereinstimmung mit dem Baum, der anhand der *eae* und *espB* Gensequenzen erstellt wurde (beta Intimintyp, STEC2). Die Abweichungen nehmen dann aber beim Cluster der  $\epsilon$ -Intiminstämme RW1372 und RW1374 zu. Es wird deutlich, dass die Stämme, die ein  $\epsilon$ -Intimin resp.  $\epsilon_2$ -Intimin (Stämme IHIT0554, IHIT0597, IHIT2115 und IHIT2430) besitzen, identisch sind. Hier besteht eine gleiche Aufzweigung wie bei der *putP*-Analyse. Auf der anderen Seite dieser Ebene befindet sich das andere große Cluster mit den Stämmen IHIT1190, IHIT1968, 537/89-1, IHIT3000 sowie IHIT3669, wobei nur die beiden ersten aufgezählten Stämme einen eigenen Zweig zeichnen, durch zwei Mutationen mehr bei IHIT1190 und IHIT1968 als bei den anderen aus dem  $\zeta$ -Intimincluster.

**Abb. 8** - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand der *mdh*-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)

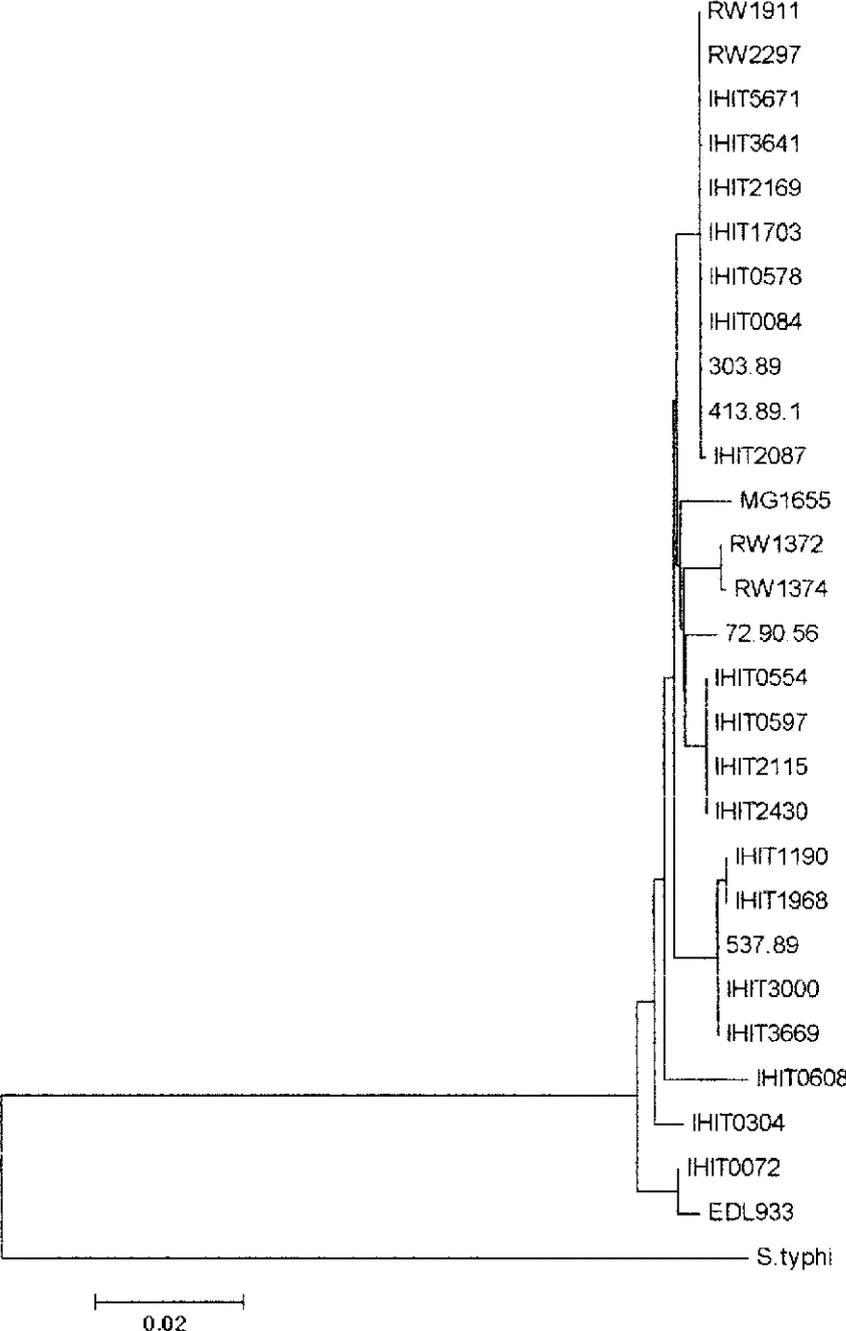


***cadB*-Locus.** Wie bereits erwähnt, besaßen sieben Stämme unerwarteter Weise kein *cadB*, denn sowohl die PCR als auch die sensitivere DNA-DNA-Hybridisierung wie auch eine long-term PCR mit Hilfe von Primern aus den beiden angrenzenden Loci *cadA* und *cadC* ergaben negative Ergebnisse. Es handelte sich um alle vier Stämme des als  $\epsilon_2$ -Intimintyp bezeichneten Clusters (IHIT0597, IHIT0554, IHIT2115, IHIT2430) wie auch zwei Stämmen des  $\zeta$ -Intimintyps (IHIT1190, IHIT1968) und des untypischen  $\gamma$ -Stammes IHIT1703. Die Sequenzen der übrigen Stämme zeigen eine deutliche Gruppenbildung mit einer Korrelation der Stämme 72/90-56 und IHIT0608 zu den beiden  $\gamma$ -Intimintyp-Stämmen und dem Referenzstamm MG1655, so dass alle fünf Stämme ein eigenes Cluster bilden.

**Abb. 9** - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand der *cadB*-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)

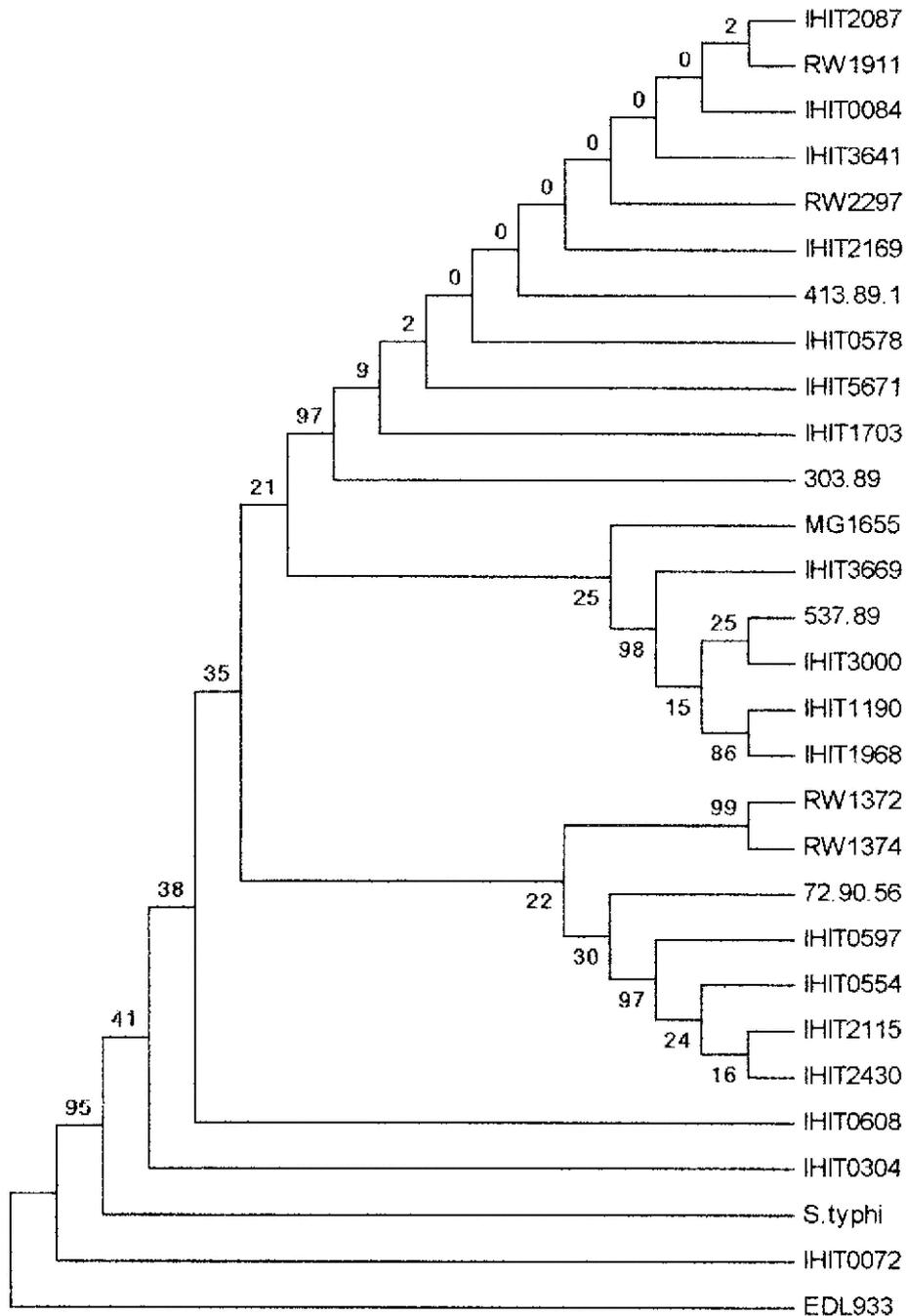


**Abb. 10** - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand aller analysierten Housekeeping-Gensequenzen (MEGA Version 2.1. )



Durch eine gemeinsame Analyse der vier Phylogramme ließ sich ein Maximum-Parsimonie-Baum (MPT) (Swofford, 1996) erstellen, der der Überprüfung der Ergebnisse über eine Kombination aller Datensätze dient.

**Abb. 11** – Phylogramm erstellt anhand der DNA-Sequenzen aller Housekeeping-Gensequenzen (MEGA Version 2.1.)



**Tabelle 8** - Polymorphe Nukleotidstellen inklusive Parsimonie-informative Stellen (PiS, kursiv) im *trpC* Locus

Nr. des Stammes	Nukleotide an den polymorphen Stellen (PiS kursiv dargestellt)																		
	41	48	63	138	150	159	177	223	234	268	282	309	315	345	348	369	381	412	420
303.89	T	T	G	G	G	G	C	A	G	C	C	A	C	T	T	T	T	C	G
413/89-1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
537/89-1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
72/90-56	.	C	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	G	.	C
IHIT0072	.	C	.	.	.	.	A	G	A	.	T	.	.	G	C	.	.	.	.
IHIT0084	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0304	.	C	.	.	.	.	A	.	.	.	T	G	.	.	.	.	G	.	.
IHIT0554	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0578	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0597	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0608	.	.	.	A	.	.	.	.	.	A	.	G	.	.	.	.	.	.	.
IHIT1190	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT1703	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT1968	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT2087	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.
IHIT2115	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT2169	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT2430	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT3000	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT3641	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT3669	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT5671	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
MG1655	A	C	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.
RW1372	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW1374	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW1911	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW2297	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

Nukleotide in der ersten Linie zeigen das am verbreitetsten Nukleotid. Ein Punkt bedeutet, dass diese Stelle das gleiche Nukleotid besitzt wie die erste Linie (hellgrau Transversionen, ohne Transitionen)

**Tabelle 9** - Polymorphe Nukleotidstellen inklusive Parsimonie-informative Stellen (PiS, kursiv) im *putP* Locus

Nr. des Stammes	Nukleotide an den polymorphen Stellen (PiS kursiv dargestellt)																										
	15	30	31	54	90	99	180	204	264	279	306	309	357	375	384	399	400	405	411	423	336	432	453	459	462	465	
303/89	<i>C</i>	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>G</i>	<i>C</i>	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>G</i>	<i>G</i>	<i>G</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>G</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>G</i>	<i>G</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	
413/89-1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
537/89-1	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	
72/90-56	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	
IHIT0072	.	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	.	<i>G</i>	.	<i>G</i>	.	.	.	.	
IHIT0084	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT0304	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	.	<i>G</i>	.	<i>G</i>	.	.	.	.	
IHIT0554	<i>T</i>	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	
IHIT0578	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT0597	<i>T</i>	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	
IHIT0608	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>G</i>	.	<i>T</i>	.	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>G</i>	.	<i>T</i>	<i>T</i>	.	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	
IHIT1190	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	
IHIT1703	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT1968	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	
IHIT2087	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT2115	<i>T</i>	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	
IHIT2169	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT2430	<i>T</i>	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	
IHIT3000	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	
IHIT3641	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT3669	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	
IHIT5671	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
MG1655	.	.	<i>C</i>	.	<i>T</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	
RW1372	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	<i>A</i>	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	
RW1374	.	<i>C</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	.	<i>A</i>	.	.	.	<i>G</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	
RW1911	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
RW2297	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	

Nukleotide in der ersten Linie zeigen das am verbreitetsten Nukleotid. Ein Punkt bedeutet, dass diese Stelle das gleiche Nukleotid besitzt wie die erste Linie (hellgrau Transversionen, ohne Transitionen)

**Tabelle 10** - Polymorphe Nukleotidstellen inklusive Parsimonie-informative Stellen (PiS, kursiv) im *mdh* Locus

Nr. des Stammes	Nukleotide an den polymorphen Stellen (PiS kursiv dargestellt)																													
	78	112	126	156	183	225	231	318	321	327	417	474	505	558	564	576	585	600	609	615	639	654	666	669	708	732	747	753	798	
303/89	<i>T</i>	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>A</i>	<i>G</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>C</i>	<i>A</i>	<i>G</i>	<i>C</i>	
413/89-1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
537/89-1	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	
72/90-56	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>G</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0072	<i>C</i>	.	.	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	<i>C</i>	.	<i>T</i>	.	<i>G</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	<i>G</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	.	<i>C</i>	.	.	<i>G</i>	<i>T</i>	.		
IHIT0084	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0304	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>A</i>	<i>C</i>	.	<i>T</i>	.	<i>G</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
IHIT0554	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>C</i>	<i>G</i>	.	<i>G</i>	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0578	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0597	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>C</i>	<i>G</i>	.	<i>G</i>	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT0608	.	<i>G</i>	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	.	.	<i>T</i>	.	.	<i>C</i>	<i>T</i>	.	.	<i>G</i>	<i>G</i>	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>	
IHIT1190	<i>C</i>	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	
IHIT1703	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT1968	<i>C</i>	.	.	.	.	.	<i>T</i>	.	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	<i>T</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	
IHIT2087	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT2115	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>C</i>	<i>G</i>	.	<i>G</i>	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT2169	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT2430	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>C</i>	<i>G</i>	.	<i>G</i>	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT3000	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	
IHIT3641	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
IHIT3669	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	<i>A</i>	.	.	.	
IHIT5671	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
MG1655	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	.	<i>A</i>	<i>C</i>	.	.	<i>C</i>	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW1372	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW1374	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	<i>C</i>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW1911	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
RW2297	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

Nukleotide in der ersten Linie zeigen das am verbreitetsten Nukleotid. Ein Punkt bedeutet, dass diese Stelle das gleiche Nukleotid besitzt wie die erste Linie (hellgrau Transversionen, ohne Transitionen)

**Tabelle 11** - Polymorphe Nukleotidstellen (variable sites) im *espB* Locus

Nr. des Stammes	Nukleotide an den polymorphen Stellen (PiS kursiv dargestellt)				
	<i>81</i>	<i>165</i>	<i>201</i>	<i>216</i>	<i>252</i>
303/89	<i>A</i>	<i>C</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>C</i>
413/89-1	.	.	.	.	.
537/89-1	.	.	.	.	.
72/90-56	.	<i>T</i>	.	.	<i>T</i>
IHIT0072	<i>T</i>	.	<i>G</i>	<i>G</i>	<i>T</i>
IHIT0084	.	.	.	.	.
IHIT0304	.	<i>T</i>	<i>G</i>	<i>G</i>	<i>T</i>
IHIT0554	.	.	.	.	.
IHIT0578	.	.	.	.	.
IHIT0597	.	.	.	.	.
IHIT0608	.	.	.	.	.
IHIT1190	.	.	.	.	.
IHIT1703	.	.	.	.	.
IHIT1968	.	.	.	.	.
IHIT2087	.	.	.	.	.
IHIT2115	.	.	.	.	.
IHIT2169	.	.	.	.	.
IHIT2430	.	.	.	.	.
IHIT3000	.	.	.	.	.
IHIT3641	.	.	.	.	.
IHIT3669	.	.	.	.	.
IHIT5671	.	.	.	.	.
MG1655	<i>T</i>	.	<i>G</i>	<i>G</i>	<i>T</i>
RW1372	.	.	.	.	.
RW1374	.	.	.	.	.
RW1911	.	.	.	.	.
RW2297	.	.	.	.	.

Nukleotide in der ersten Linie zeigen das am verbreitetsten Nukleotid. Ein Punkt bedeutet, dass diese Stelle das gleiche Nukleotid besitzt wie die erste Linie (hellgrau Transversionen, ohne Transitionen)