

4 Ergebnisse

4.1 Nachweis von Shigatoxin-Genen (stx)

Alle Proben wurden zunächst mittels Screening auf das Vorhandensein von *stx1*, *stx2* und *stx2e* untersucht. Dazu wurde jede Voranreicherung mit je einer Polymerase-Kettenreaktion zur Detektion der oben genannten Shigatoxine mit den Primer-Paaren MD1/MD2 für *stx1*, *stx2for/stx2rev* für *stx2* und *116for/116rev* für *stx2e* untersucht. Danach erfolgte pro Shigatoxin-Variante und Sammelkotprobe je ein Southernblot mit anschließender DNA-DNA-Hybridisierung. Die Ergebnisse werden getrennt dargestellt, da das Untersuchungsgut sich in seinen Umweltbedingungen unterscheidet.

4.1.1 Ergebnisse der DNA-Sequenzanalyse der PCR-Produkte

Die Amplifikate aller eingesetzten Oligonukleotidpaare wurden durch eine DNA-Sequenzanalyse auf ihre Spezifität überprüft. Die DNA-Sequenzen der PCR-Produkte wurden gegen die EMBL-Datenbank kontrolliert und erwiesen sich als dem entsprechenden Gen zugehörig.

4.1.2 Nachweis in Kotproben von Brieftauben (n = 250)

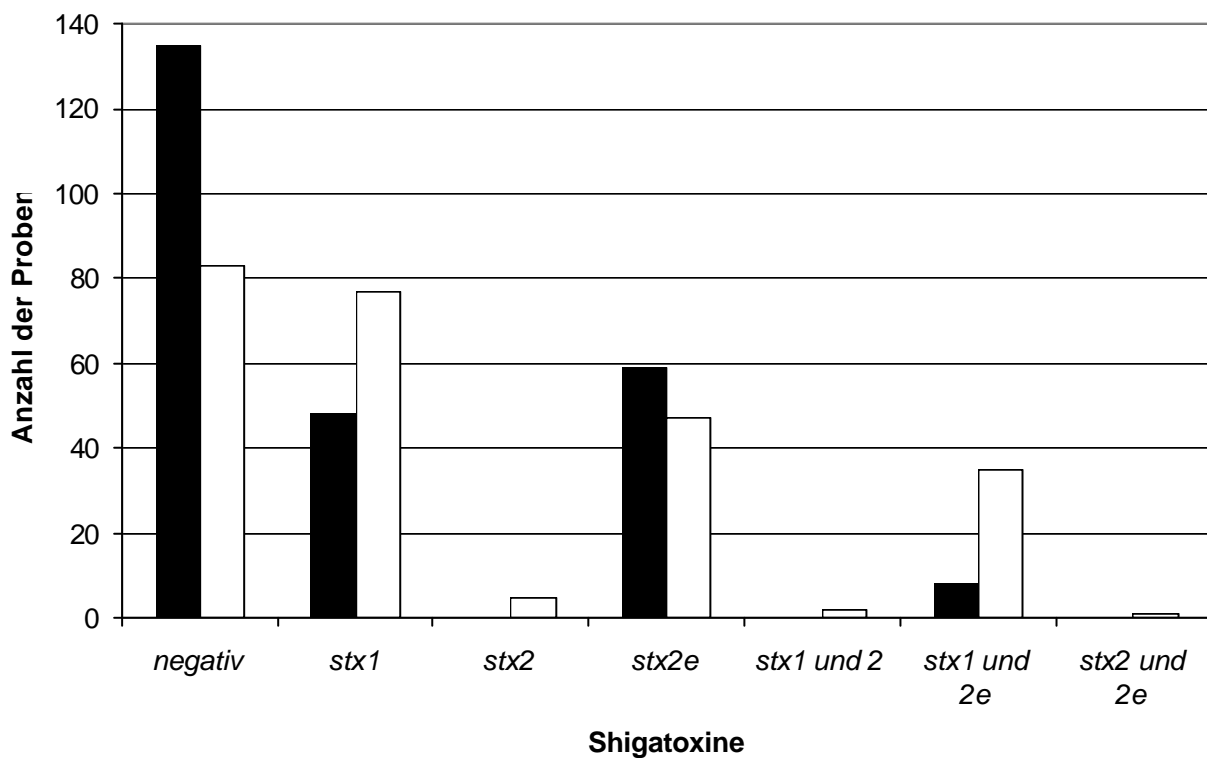
Nachweis mittels Polymerase-Kettenreaktion

In 48 der 250 Sammelkotproben wurde *stx1* nachgewiesen. Das entspricht 19,20%. Weiterhin wurden 59 Proben (23,60%) identifiziert, die das *stx2e* Gen enthielten. In weniger Proben (8 bzw. 3,20%) konnten sowohl *stx1* als auch *stx2e* identifiziert werden. *Stx2* war in keiner Probe nachweisbar. 135 oder 54,00% der Sammelkotproben waren Shigatoxin negativ. (Abb.1)

Nachweis mittels DNA-DNA-Hybridisierung

Stx1 wurde in 77 von 250 untersuchten Sammelkotproben gefunden. In Prozent ausgedrückt entspricht das einem Wert von 30,8. Fünf der Proben (2%) waren positiv für *stx2*. *Stx2e* konnte in 47 Fällen (18,80%) nachgewiesen werden. *Stx1* und *stx2* konnten gemeinsam in zwei Proben (0,8%) aufgezeigt werden. In 35 Kotproben (14%) waren *stx1* und *stx2e* vorhanden. *stx2* und *stx2e* konnten zusammen nur in einer einzigen Kotprobe (0,4%) nachgewiesen werden. In 83 Kotproben (33,2%) konnte keines der Shigatoxin-Gene identifiziert werden. (Abb.1)

Abb.1 Nachweis von *stx*-Genen im Sammelkotproben von Brieftauben (n = 250)
(schwarz: PCR-Ergebnis; weiß: DNA-DNA-Hybridisierungs-Ergebnis)



4.1.3 Nachweis in Kotproben von Rasse- und Ausstellungstauben (n = 66)

Die Gruppen Rassetauben und Ausstellungstauben wurden aufgrund der gleichen Haltungsförm in der Ergebnisbetrachtung zusammengefasst. Die in Dortmund beprobten Tiere stammten aus Rassetaubenschlägen und hatten somit dieselben Umweltbedingungen wie die zur Routineuntersuchung eingeschickten Sammelkotproben von Rassetauben.

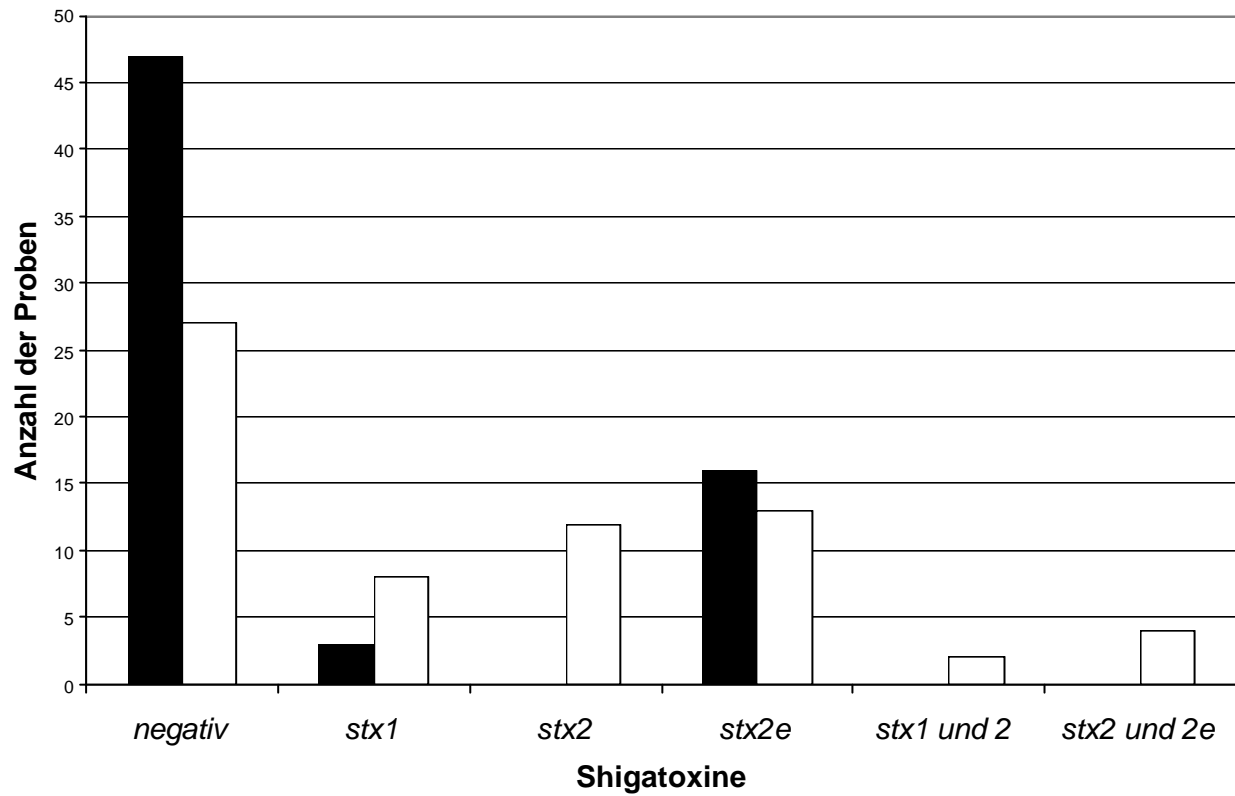
Nachweis mittels Polymerase-Kettenreaktion

47 der 66 (72,21 %) untersuchten Proben waren negativ für Shigatoxin-Gene. In drei Fällen (4,54%) konnte *stx1* nachgewiesen werden. In 16 Kotproben (24,24%) waren positive Signale für *stx2e* zu identifizieren. *Stx2* konnte in keinem Fall gefunden werden. (Abb.2)

Nachweis mittels DNA-DNA-Hybridisierung

Acht Proben (12,1%) waren positiv für *stx1*. In zwölf Fällen (18,1%) konnte *stx2* nachgewiesen werden. *Stx2e* wurde in 13 der untersuchten Kotproben (19,69%) gefunden. In zwei Proben (3,03%) konnten sowohl *stx1* als auch *stx2* nachgewiesen werden. Zusammen in einer Probe wurden *stx2* und *stx2e* viermal (6,06%) identifiziert. 27 Kotproben (40,09%) waren negativ für Shigatoxin-Gene. (Abb.2)

Abb.2: Nachweis von *stx*-Genen im Sammelkotproben von Rasse- und Ausstellungstauben
(n = 66)
(schwarz: PCR-Ergebnis; weiß: DNA-DNA-Hybridisierungs-Ergebnis)



4.1.4 Nachweis in Kotproben von verwilderten Haustauben (n = 50)

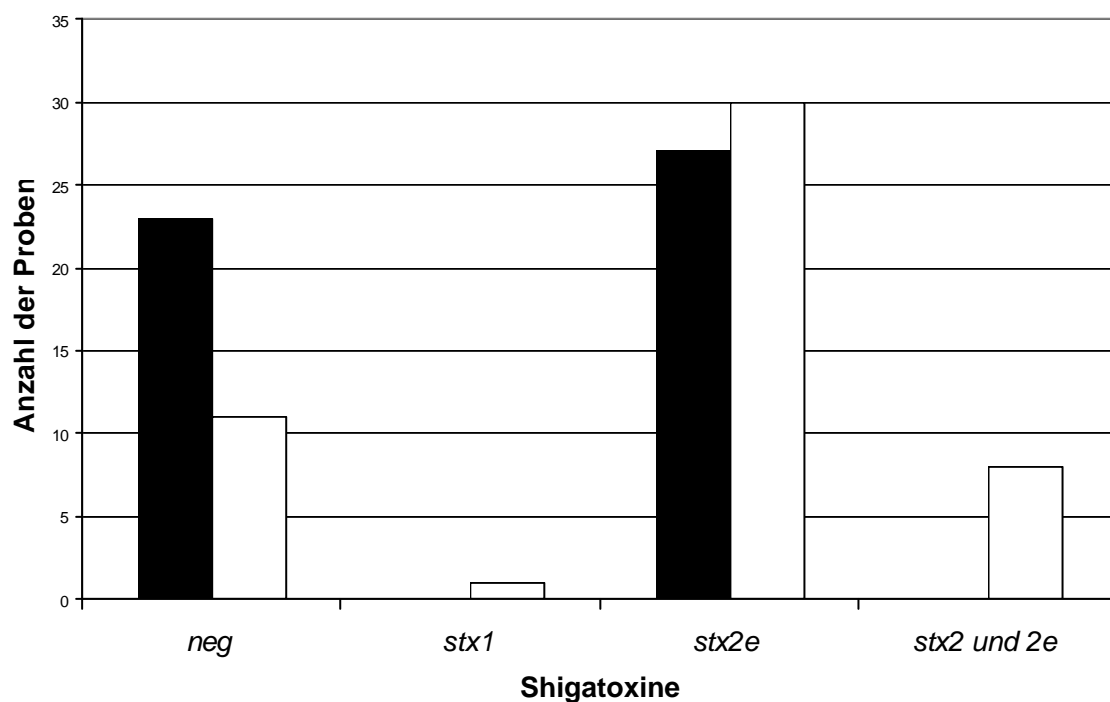
Nachweis mittels Polymerase-Kettenreaktion

In 27 von 50 (54%) der untersuchten Sammelkotproben konnte *stx2e* nachgewiesen werden. In den restlichen 23 Proben (46%) war keines der Shigatoxin-Gene zu finden. (Abb.3)

Nachweis mittels DNA-DNA-Hybridisierung

In einem Fall (2%) wurde *stx1* gefunden. 30 (60%) Sammelkotproben waren positiv für *stx2e*. Acht Proben (16%), die sowohl *stx2* als auch *stx2e* enthielten, konnten identifiziert werden. Die Kombinationen aus *stx1* und *stx2*, *stx2* und *stx2e* beziehungsweise alle drei Gene zusammen in einer untersuchten Probe wurden nicht gefunden. 11 von 50 Proben (22%) waren negativ für Shigatoxin-Gene. (Abb.3)

Abb.3: Nachweis von *stx* aus Sammelkotproben von verwilderten Haustauben (n = 50)
(schwarz: PCR-Ergebnis; weiß: DNA-DNA-Hybridisierungs-Ergebnis)



4.1.5 Zusammenfassung der Untersuchung auf Shigatoxin-Gene

Nachweis mittels Polymerase-Kettenreaktion

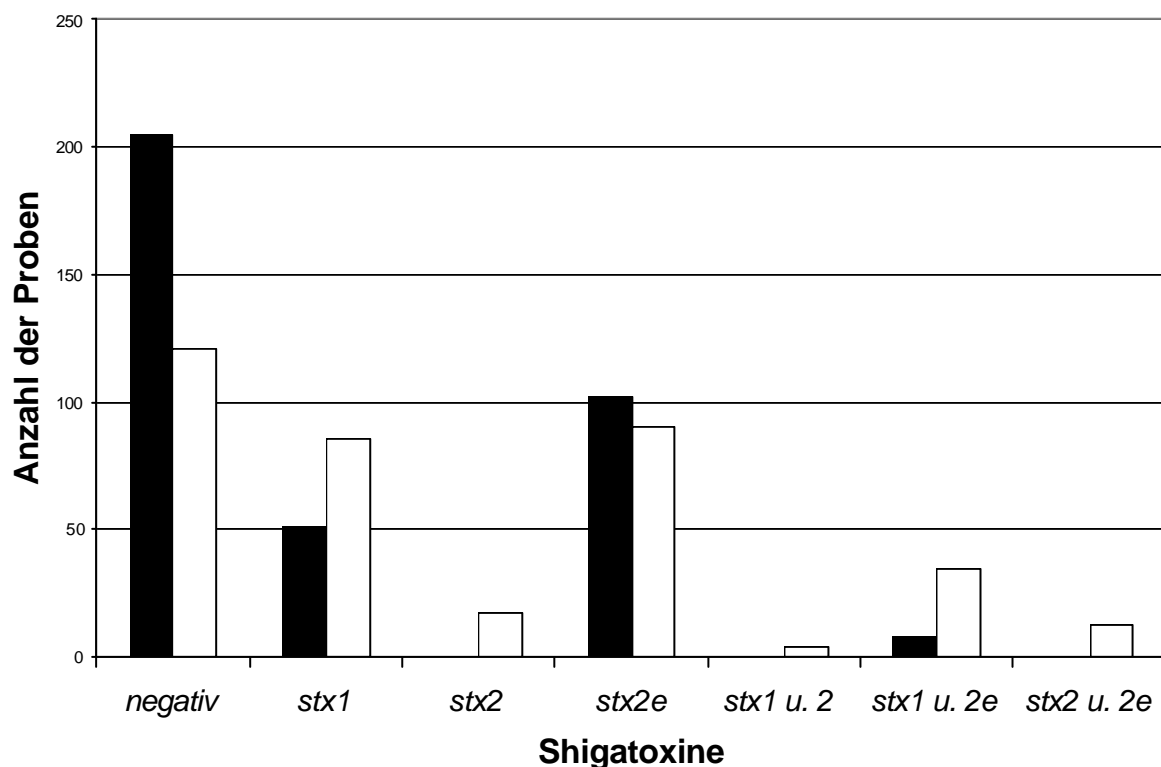
In 51 Proben (13,93%) konnte *stx1* gefunden werden. *Stx2e* war in 102 (27,86%) von 366 Kotproben vorhanden. Gemeinsam in einer Probe wurden *stx1* und *stx2e* achtmal (2,19%) entdeckt. *Stx2* konnte weder alleine noch in Kombination mit einem anderen Shigatoxin Gen nachgewiesen werden. 205 Proben (53,01%) waren negativ für Shigatoxin-Gene.

Nachweis mittels DNA-DNA-Hybridisierung

Die Untersuchung auf *stx1* war in 86 Fällen (23,24%) erfolgreich. *Stx2* konnte siebzehnmal (4,64%) nachgewiesen werden. 90 Proben (24,5%) waren positiv für *stx2e*. In vier Kotproben (1,09%) waren *stx1* und *stx2* zugleich vorhanden. *Stx1* und *stx2e* konnten in 35 Fällen (9,56%) gefunden werden. 13 Proben (3,55%) enthielten *stx2* und *stx2e* gleichzeitig. In 121 Proben (33,06%) war keines der drei Shigatoxin-Gene nachweisbar.

Abb.4: Nachweis von *stx* im Sammelkot von Tauben (n = 366)

(schwarz: PCR Ergebnis; weiß: DNA-DNA-Hybridisierungs-Ergebnis)



4.2 Nachweis und Isolierung der Shigatoxin-bildenden *Escherichia coli* (STEC)

Zunächst wurde von jeder Probe, die im Screeningverfahren positiv für ein oder mehrere Shigatoxin-Gene war, willkürlich 20 CFU gewonnen. War eine Probe für mehr als ein Shigatoxin positiv, wurden je Shigatoxin 20 koloniebildende Einheiten ausgesucht. Diese wurden über einen Verdünnungsausstrich auf zwei MacConkey-Agarplatten als coliforme Keime angesprochen und ausgewählt. Dieses Verfahren wurde sowohl als Voraussetzung für den Kolonie- als auch für den Dot-Blot gewählt.

4.2.1 Dot-Blot und DIG-Hybridisierung

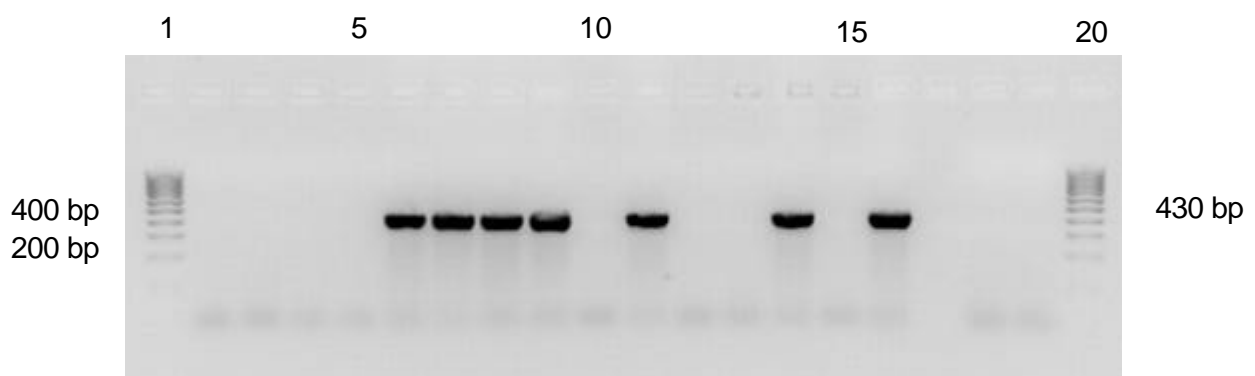
Hier wurde eine DNA-Sonde eingesetzt, die mit der B-Untereinheit des Shigatoxin reagiert, so dass zunächst keine Unterscheidung der isolierten STEC hinsichtlich ihrer Shigatoxin-Subtypen möglich war. Zum Einsatz kam das DIG-markierte PCR-Amplifikat der Oligonukleotide GK3 und GK4. Die weitere Spezifizierung des Shigatoxin-Gens fand anschließend mittels Polymerase-Kettenreaktionen statt, deren Primer spezifisch für *stx1* bzw. *stx2e* waren. Mit dieser Methode konnten fünf STEC die *stx1*- und ein STEC, der *stx2e* - positiv ist, isoliert werden.

4.2.2 Radioaktive DNA-DNA-Hybridisierung der Kolonie-Blots

Um die drei zu detektierenden Shigatoxine voneinander unterscheiden zu können, wurde für jede der drei Shigatoxin-Gene eine spezifische DNA-Sonde eingesetzt. *Stx1* wurde mit der 348 bp langen DNA-Sonde detektiert, die dem PCR-Amplifikat der Oligonukleotide LP30 und LP31 entspricht. Das Amplifikat der Polymerase-Kettenreaktion aus der Primerpaarung *stx2for* und *stx2rev* wurde als DNA-Sonde zum Nachweis von STEC ausgewählt, die *stx2* positiv sind. Diese DNA-Sonde hat eine Länge von 342 bp. Zur Auffindung der STEC, welche das *stx2e* Gen tragen, wurde eine 386bp große DNA-Sonde eingesetzt. Sie entspricht dem PCR-Produkt mit dem Primern *stx2efor* und *stx2erev*. Mit diesem Verfahren konnten sechzehn verdächtige koloniebildende Einheiten gefunden werden. Als verdächtig wurde ein Signal bezeichnet, welches ein optisch nicht so starkes Signal ergab wie die vergleichbare Positivkontrolle. Bei der Überprüfung mit der PCR konnten sechs STEC bestätigt werden. Alle sechs Keime gehören der *stx2e* positiven Gruppe an.

Zur Klärung der schwachen Signale, die in der radioaktiven DNA-DNA-Hybridisierung entstanden, wurde die DNA dieser und der bereits isolierten STEC in einer Polymerase-Kettenreaktion auf das Vorhandensein von *stx2f* untersucht. *Stx2f* ist eine Variante der Gruppe 2 der Shigatoxine, die bis jetzt nur bei aus Tauben isolierten STEC gefunden wurde. Da diese Forschungsdaten zum damaligen Zeitpunkt noch nicht veröffentlicht waren, wurden die Oligonukleotidsequenzen freundlicherweise von Herrn Prof. H. Karch aus dem Institut für Hygiene und Mikrobiologie der Justus-Maximilians-Universität Würzburg zur Verfügung gestellt. Die gute Zusammenarbeit des Betreuers dieser Arbeit Prof. L. H. Wieler, geschäftsführender Direktor des Instituts für Mikrobiologie und Tierseuchen am Fachbereich Veterinärmedizin der FU Berlin, mit Herrn Prof. H. Karch machte es mir möglich, vorzeitig die Oligonukleotidsequenzen für meine Arbeit zu erhalten. Alle als *stx2e* positiven bezeichneten STEC erwiesen sich in der PCR zum Nachweis von *stx2f* als positiv. Die STEC, die das Gen für Stx1 enthielten, ergaben mit diesen Oligonukleotiden kein positives PCR-Ergebnis. Daraufhin wurde mit den bereits vorhandenen Kolonie-Blots und der DNA-Sonde aus dem PCR-Amplifikat der Oligonukleotide *stx2f*-1 und *stx2f*-2 eine radioaktive DNA-DNA-Hybridisierung durchgeführt. Zu den sechs bereits bestätigten „Tauben“-STEC konnten drei weitere STEC mit dieser DNA-Sonde isoliert werden.

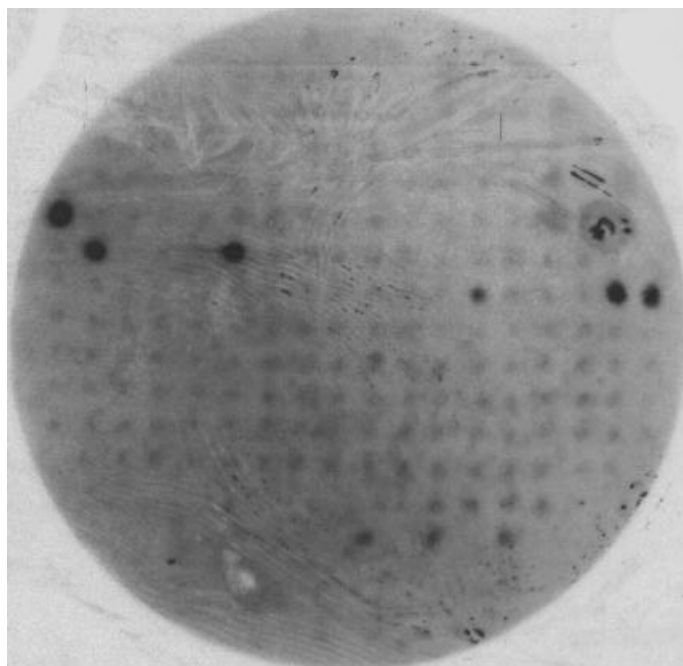
Abb.5: Elektrophoresogramm mit den Primern *stx2f*-1 und -2 zur Klärung der verdächtigen CFU



Spur 1 und Spur 20: 100 bp-Leiter, Spur 2: H₂O, Spur 3: *E.coli* K12, **Spur 6:**
B94/1, Spur 7: B 94/4 Spur 8: B 147/2, Spur 9: B 94/3, Spur 11: B 94/2, Spur 14: B
94/8, Spur16: B 93/1, Spur 18: EDL/933, Spur 19: F107

Abb.6: Kolonie-Blot-Hybridisierung mit der radioaktiv-markierten DNA-Sonde *stx2f* (B 94/1) zur Klärung der schwachen *stx2e*-Signale von Blot Nr. 8, der zuvor mit der radioaktiv markierten *stx2e*-Sonde hybridisiert wurde. Positive Signale für *stx2f* in den Feldern 78, 91, 95, 97, 98 und 102. Kontrollstämme für *stx2f* standen zu diesem Zeitpunkt nicht zur Verfügung.

Positive
Signale
(schwarz)



4.2.3 Replikatechnik

Um mit den bis zu 200 CFU pro Kotprobe, die im Übersichtsverfahren ein positives Ergebnis aufwies, eine radioaktive DNA-DNA-Hybridisierung durchführen zu können, wurden das Replikaverfahren angewendet. Aus neun *stx1*-positiven mTBS-Originalbouillons und aus 11 mTSB-Originalbouillons, die im PCR-Screening für *stx2e* positiv waren, wurden mittels Replikatechnik Blots hergestellt. Um die *stx1*-positiven STEC zu detektieren, wurde die Sonde aus dem PCR-Amplifikat mit den Primern LP30 und LP31 eingesetzt. Die Blots aus den Kotproben, die in der Übersichts-PCR *stx2e* positiv waren, wurde mit einer Sonde für *stx2f* hybridisiert, die mit den Oligonukleotiden *stx2f-1* und *stx2f-2* hergestellt wurde. Als positiv wurden Signale bewertet, die sich in der gleichen Intensität darstellten wie die auf jedem Blot mitgeführten Kontrollstämme. Als Kontrollstamm für die *stx2f*-tragenden STEC fungierte ein zuvor im Kolonie-Blot isolierter STEC, der mit den *stx2f-1* und *stx2f-2* Oligonukleotiden reagierte (s. Tab. 3). Mit diesem Verfahren konnten 48 Signale auf den Röntgenfilmen als *stx2f* positiv angesprochen werden. Aufgrund der noch zu verbessernden Technik konnten auf den entsprechenden Replikaplatten nur zwei *stx1* positive STEC sowie elf STEC reisoliert werden, die das *stx2f*-Gen tragen.

Abb. 7: Mit Replikatechnik hergestellter Blot zum Nachweis von *stx1*-positiven STEC Isolaten aus der Probe A5. Die *stx1*-Sonde wurde radioaktiv markiert. Als Kontrollstämme wurden in den oberen Bereich der Stamm 570/89 für *stx1* als Positivkontrolle und der Laborstamm C600 als Negativkontrolle aufgetragen.

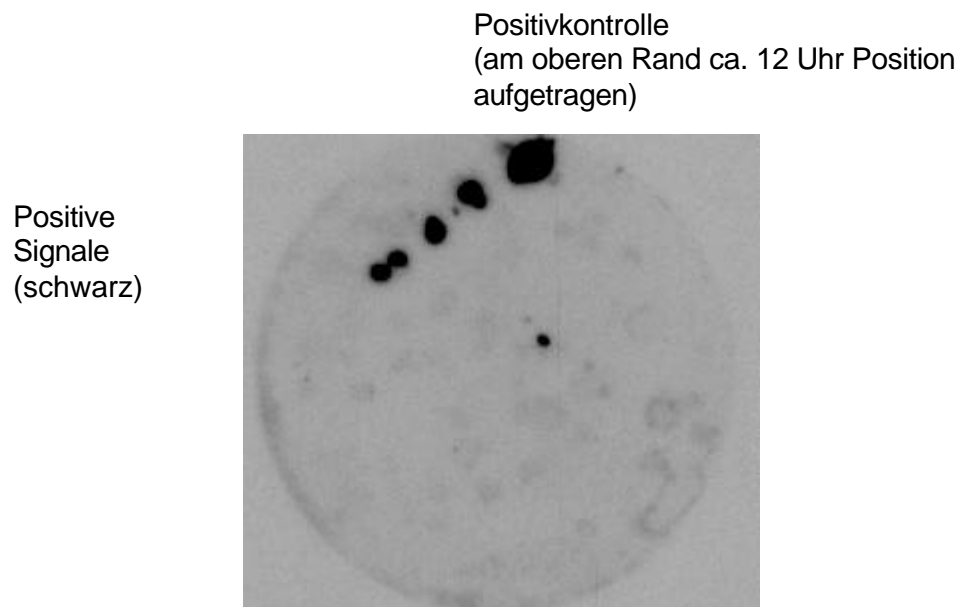
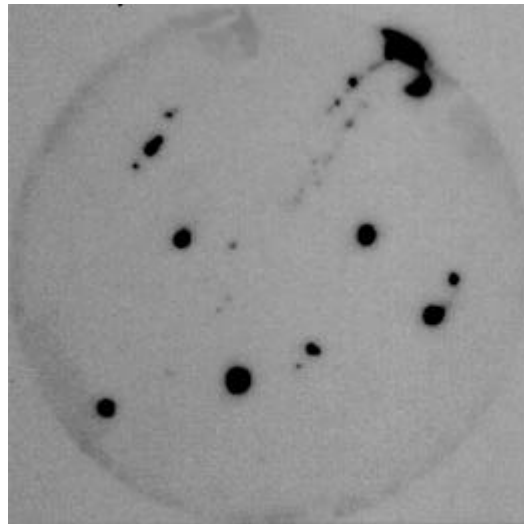


Abb.8: Replika-Blot zum Nachweis der *stx2f*-positiven STEC-Isolate aus der Probe B94 mit einer radioaktiv markierten DNA-Sonde für *stx2f*. Als Kontrollstämme wurden das Isolat B94/1 für die *stx2f* positiven STEC und der Laborstamm C600 als Negativkontrolle am oberen Rand aufgetragen.

Positivkontrolle
(am oberen Rand auf 1 Uhr Position
aufgetragen)

Positive
Signale
(schwarz)



4.2.4 Zusammenfassung

Insgesamt wurden 27 STEC aus 13 Sammelkotproben isoliert, wobei aus jeder Probe ein oder mehr STEC nachgewiesen werden konnte. Aus der Brieftaubenkotprobe mit der Bezeichnung B94 wurden 10 STEC isoliert. Von den 27 STEC gehörten sechs Keime in die Gruppe der Shigatoxin 1-Bildner. 21 STEC besaßen die *stx2f*-Variante des Shigatoxin 2. Isolate mit anderen *stx2*-Varianten konnten nicht gefunden werden. Tabelle 6 gibt eine Übersicht über die in dieser Arbeit untersuchten STEC. Dabei werden auch Herkunft und Nachweisverfahren berücksichtigt.

Tab. 6: Übersicht über die isolierten STEC (A–Rassetaube; B–Brieftaube, D- an Diarrhoe erkrankte Brieftaube; KS–Stadttaube)

Bezeichnung	Shigatoxin	Herkunft	Isolierungsverfahren
A 5/10	<i>stx1</i>	Austellungstaube	Radioaktiv-Hybrid.
A 5/12	<i>stx1</i>	Austellungstaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 9/2	<i>stx1</i>	Brieftaube	DIG-Hybridisierung
D 1/5	<i>stx1</i>	Brieftaube	DIG-Hybridisierung
D 1/7	<i>stx1</i>	Brieftaube	DIG-Hybridisierung
D 1/14	<i>stx1</i>	Brieftaube	DIG-Hybridisierung
A 23/3	<i>stx2f</i>	Austellungstaube	Radioaktiv-Hybrid.
A 23/4	<i>stx2f</i>	Austellungstaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 56/1	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 56/2	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 72/1	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 79/1	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 93/1	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/1	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/2	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/3	<i>stx2f</i>	Brieftaueb	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/4	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/5	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/6	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/7	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/8	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 94/10	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 124/4	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 147/2	<i>stx2f</i>	Brieftaube	DIG-Hybridisierung
B 152/3	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
B 152/4	<i>stx2f</i>	Brieftaube	Radioaktiv-Hybrid.
KS 10/1	<i>stx2f</i>	Stadttaube	Radioaktiv-Hybrid.

4.4 Untersuchung der STEC auf weitere Virulenzfaktoren

4.4.1 Nachweis des *eae*-Gens

Alle 27 isolierten STEC wurden mit der Polymerase-Kettenreaktion auf das Vorhandensein des *eae*-Gens untersucht. Dazu wurde die Oligonukleotide ECW 1 und ECW 2 verwendet, deren Bedingungen in den Tabellen 4 und 5 beschrieben sind. Vier der sechs *stx1* positiven *E. coli* besaßen das *eae*. 19 STEC, die das *stx2f*-Gen tragen, waren ebenfalls Träger des *eae*-Gen (s. Tabelle 8).

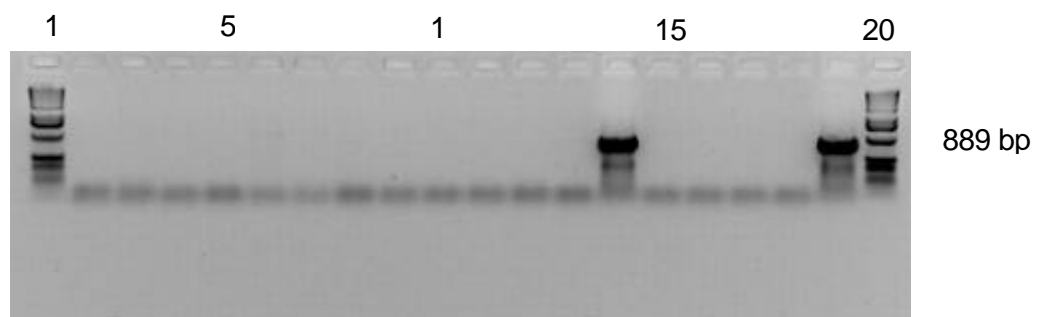
Tab.8: Mittels Polymerase-Kettenreaktion mit den Oligonukleotiden ECW1 und ECW2 wurde das *eae*-Gen bei Shigatoxin-bildenden *E. coli*-Stämmen von Tauben nachgewiesen.

<i>eae</i>	Anzahl (%) der Stämme mit dem Genotyp			
	<i>stx1</i> (n = 6)		<i>stx2f</i> (n = 21)	
	n	(%)	n	(%)
positiv	4	(66,6)	19	(90,48)
negativ	2	(33,3)	2	(9,52)

4.4.2 Nachweis des *hly*_{EHEC}-Gen

Die Untersuchung der Shigatoxin-bildenden *E. coli* auf das *hly*_{EHEC}-Gen wurde mittels PCR-Technik durchgeführt. Die eingesetzten Oligonukleotide waren EHLY1 und EHLY2. Die Primer sind in Tabelle 4 aufgeführt. Die Bedingungen der Polymerase-Kettenreaktion sind in Tabelle 5 beschrieben. Es konnte ein STEC-Stamm gefunden werden, der das *hly*_{EHEC}-Gen besaß (Abb. und Tab. 9)

Abb.9 Elektrophoresogramm mit Primern EHLY1 und EHLY2 zum Nachweis von *hly*_{EHEC} der isolierten STEC-Stämme



Spur 1 und Spur 20: 1kb-Leiter, Spur 2: H₂O, Spur 3: E.coli K12,
Spur 4: B 56/1, Spur 5: B 56/2, Spur 6: B 79/1, Spur 7: B 93/1,
Spur 8: B 94/1, Spur 9: B 94/8, Spur 10: B 94/2, Spur 11: B 94/4,
Spur 12: B 94/3, Spur 13: B 94/8, **Spur 14: A 5/10**, Spur 15: A 5/12,
Spur 16: A 23/3, Spur 17: A23/4, Spur 18: B 9/2, Spur 19: pos. Kontrolle

Tab.9: Nachweis des *hly*_{EHEC}- Gens bei Shigatoxin-bildenden *E. coli* –Stämmen von Tauben mittels Polymerase-Kettenreaktion

<i>hly</i> _{EHEC}	Anzahl (%) der Stämme mit dem Genotyp			
	<i>stx1</i> (n = 6)		<i>stx2f</i> (n = 21)	
	n	(%)	n	(%)
positiv	1	(16,6)	0	(0)
negativ	5	(83,3)	21	(100)

4.4.3 Nachweis des *fedA*-Gen

Diejenigen *E. coli*, die *stx2f* besaßen, wurden in der Polymerase-Kettenreaktion auf das Vorhandensein von *fedA* überprüft. Die verwendeten Oligonukleotide waren FEDA1 und FEAD2. Keiner der untersuchten 21 STEC war positiv für das *fedA* Gen. (Tab.10)

Tab.10: Nachweis des *fedA* Gens bei Shigatoxin-bildenden *E. coli* –Stämmen von Tauben

<i>fedA</i>	Anzahl (%) der Stämme mit dem Genotyp	
	n	(%)
positiv	0	(0)
negativ	21	(100)

4.5 Zusammenfassung der Eigenschaften der aus Tauben isolierten STEC

Anhand einer Tabelle (Tab.11) sind alle in dieser Arbeit untersuchten Parameter unter Berücksichtigung der Herkunft der STEC-Stämme aufgelistet.

Tab.11: Zusammenfassung der in dieser Arbeit nachgewiesenen STEC und ihrer Virulenzfaktoren, bzw. biochemischer api 20E-Code unter Berücksichtigung ihrer Herkunft.

Name	Virulenzfaktoren				Biochemischer api-Code	Herkunft
	stx	eae	hly _{EHEC}	fedA		
A 5/10	stx1	neg	pos	Nicht getestet	5144542	Ausstellungstaube
A 5/12	stx1	pos	neg		5144562	Ausstellungstaube
B 9/2	stx1	pos	neg		5144572	Brieftaube
D 1/5	stx1	pos	neg		5144572	Erkr. Brieftaube
D 1/7	stx1	pos	neg		5144162	Erkr. Brieftaube
D 1/14	stx1	neg	neg		5144552	Erkr. Brieftaube
A 23/3	stx2f	pos	neg		neg	5144572
A 23/4	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Ausstellungstaube
B 56/1	stx2f	neg	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 56/2	stx2f	neg	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 72/1	stx2f	pos	neg	neg	5144172	Brieftaube
B 93/1	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 94/1	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 94/2	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 94/3	stx2f	pos	neg	neg	5144172	Brieftaube
B 94/4	stx2f	pos	neg	neg	5144552	Brieftaube
B 94/5	stx2f	pos	neg	neg	5144172	Brieftaube
B 94/6	stx2f	pos	neg	neg	5144162	Brieftaube
B 94/7	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 94/8	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 94/10	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Brieftaube
B 124/4	stx2f	pos	neg	neg	5144172	Brieftaube
B 147/2	stx2f	pos	neg	neg	5144552	Brieftaube
B 152/3	stx2f	pos	neg	neg	5044132	Brieftaube
B 152/4	stx2f	pos	neg	neg	5044132	Brieftaube
KS 10/1	stx2f	pos	neg	neg	5144572	Stadttaube