

5. Zusammenfassung

Es wurde der genomische Abschnitt *potF-opaA* aus dem *Neisseria meningitidis* Serogruppe A, Subgruppe IV-1 Stamm Z2491 sequenziert. Es konnten 18 ORFs und diverse repetitive Elemente in diesem ca. 25 kb langen Bereich identifiziert und analysiert werden. Bei einer vergleichenden Sequenzierung des *N. meningitidis* Serogruppe C, ET-37 Komplex Stammes Z4400 zeigte sich, daß die generelle Anordnung der ORFs sehr ähnlich war, jedoch überall Polymorphismen in den Sequenzen auftraten. Die höchste Heterogenität zeigten die repetitiven Elemente. Bei dieser Analyse wurde klar, daß das *tbpAB*-Operon aus den ET-37 Komplex Stämmen wahrscheinlich ein Import aus unverwandten Bakterien ist.

Um einen Überblick über die Art und Frequenz von Sequenzvariationen in dem untersuchten Bereich zu bekommen, wurden aus ihm vier Genfragmente für Vergleichsequenzierungen ausgewählt. Diese ca. 550 bp langen Fragmente aus *potF*, *tbpB*, *amiC* und *opaA* wurden in den ältesten vorhandenen Isolaten der Serogruppe A Subgruppe III, IV-1 und IV-2 und in Subgruppe IV-1 Isolaten aus zwei verschiedenen Ländern und verschiedenen Verbreitungen (Gambia, epidemisch und Mali, endemisch) analysiert. Zusätzlich wurden sie in 96 endemische Serogruppe C, ET-37 Komplex Stämme aus Mali und 98 Serogruppe A, Subgruppe IV-1 Stämme aus Gambia untersucht.

Die ältesten vorhandenen Isolate waren sich sehr ähnlich, wobei die Subgruppen III in zwei von vier Allelen abwich. Bei dem Vergleich der IV-1 Isolate aus Gambia und Mali wurde klar, daß kein genereller Unterschied in der Häufigkeit der Sequenzvariation in beiden Gruppen auftrat.

Erstaunlich war hingegen der Unterschied der Rekombinationsfrequenz bei dem Vergleich des ET-37 Komplex mit der Subgruppe IV-1. Es wurde nur eine Variante im ET-37 Komplex im Gegensatz zu fast 50% Varianten in den IV-1 Stämmen gefunden. Die meisten der IV-1-Rekombinationen fanden um *tbpB* herum statt, während nur *opaA* im ET-37 Komplex betroffen war. Dies spricht für einen weiteren grundsätzlichen Unterschied zwischen dem *tbpB*-Gen in den beiden Stämmen. Ebenso konnte eine Gruppe von Varianten in den IV-1 Stämmen identifiziert werden, deren *tbpB*-Allel ebenfalls mit hoher Wahrscheinlichkeit aus fremden Organismen stammt. Diese Daten unterstützen das Konzept des globalen Genpools der Neisserien und zeigen, daß über Rekombinationen auch genetisch sehr weit entfernte Gene einer Familie importiert werden können.