

Abbildungsverzeichnis

<i>Abb. 1 - Gelektrophorese putP PCR zur Templategewinnung für die Sequenzierungsreaktionen</i>	35
<i>Abb. 2 - cadB – Elektropherogramm und Luminogramm zur Darstellung von cadB-DNA</i>	36
<i>Abb. 3 - Elektropherogramm zur Darstellung der Amplifikate der eae PCR</i>	37
<i>Abb. 4 - Elektropherogramm zur Darstellung der Amplifikate der espB PCR</i>	41
<i>Abb. 5 - Elektropherogramm zur Darstellung der Amplifikate der espB PCR</i>	42
<i>Abb. 6 - Dendrogramm (neighbour joining tree (22, 96-101), erstellt anhand der putP-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)</i>	45
<i>Abb. 7 - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand der trpC-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)</i>	46
<i>Abb. 8 - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand der mdh-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)</i>	48
<i>Abb. 9 - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand der cadB-Sequenzen (MEGA Version 2.1.)</i>	49
<i>Abb. 10 - Dendrogramm (neighbour joining tree), erstellt anhand aller analysierten Housekeeping-Gensequenzen (MEGA Version 2.1.)</i>	50
<i>Abb. 11 – Phylogramm erstellt anhand der DNA-Sequenzen aller Housekeeping-Gensequenzen (MEGA Version 2.1.)</i>	51
<i>Abb. 12 - Dendrogramm erstellt anhand der eae Sequenzen des 3'-Bereiches des eae (MEGA Version 2.1.)</i>	57
<i>Abb. 13 - Kladogramm erstellt anhand der espB- Sequenzen vom 3'- terminalen Drittel des espB (mit MEGA Version 2.1.)</i>	59
<i>Abb. 14 - Kladogramm erstellt anhand der eae- und espB- Sequenzen des 3'-terminalen Drittel der jeweiligen Loci (MEGA Version 2.1.)</i>	60

Tabellenverzeichnis

<i>Tabelle 1 – verwendete Stämme</i>	17
<i>Tabelle 2 – verwendete Primerpaare</i>	20
<i>Tabelle 3 – Cycloerbedingungen</i>	30
<i>Tabelle 4 - Variationen in vier Housekeeping-Genen und zwei Virulenzgenen aus EHEC-Isolaten und einem E.coli-Referenzstamm (ohne Virulenzgene)</i>	33
<i>Tabelle 5 - Einordnung der analysierten Stämme anhand des Intimin-Typs unter Berücksichtigung der Sequenz des espB</i>	39
<i>Tabelle 6 – Zusammenfassende Ergebnisse der Analyse der 3'- eae-Genabschnitte</i>	40
<i>Tabelle 7 - zusammenfassende Ergebnisse der Analyse der mittleren espB-Genabschnitte</i>	43
<i>Tabelle 8 - Polymorphe Nukleotidstellen inklusive Parsimonie-informative Stellen (PiS, kursiv) im trpC Locus</i>	52
<i>Tabelle 9 - Polymorphe Nukleotidstellen inklusive Parsimonie-informative Stellen (PiS, kursiv) im putP Locus</i>	53
<i>Tabelle 10 - Polymorphe Nukleotidstellen inklusive Parsimonie-informative Stellen (PiS, kursiv) im mdh Locus</i>	54
<i>Tabelle 11 - Polymorphe Nukleotidstellen (variable sites) im espB Locus</i>	55
<i>Tabelle 12 - Polymorphe Nukleotidstellen (variable sites) im eae Locus</i>	62
<i>Tabelle 13 - Polymorphe Nukleotidstellen (variable sites) im espB Locus</i>	91
<i>Tabelle 14 - zusammenfassende Analyse der G+C-Gehalte aller untersuchten Gene</i>	99