9. Anhang

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: universeller phylogenetischer Stammbaum, basierend auf vergleichender 16S4
Abbildung 2: Darstellung der phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse ausgewählter
Spirochätenspezies, basierend auf 16S rRNA-Sequenzanalyse9
Abbildung 3: Schematische Darstellung der Ultrastruktur von Spirochäten.
PF=periplasmatische Flagellen, PZ=Protoplasmazylinder, ÄM=äußere Membran,
IP=Insertionsstelle der periplasmatischen Flagellen10
Abbildung 4: Nachweis von Anaerobiern in DD-Bioptaten (Probenumfang $n = 50$)51
Abbildung 5: Dendrogramm zur Darstellung der phylogenetischen Verwandtschaft. Der
phylogenetische Baum
Abbildung 6: SDS-Page nach Lämmli
Abbildung 7: Dot-blot-Hybridisierung definierter DNA-Mengen von T. lecithhinolyticum mit
TRE IV
Abbildung 8: Dot blot-Ergebnisse der 16S rDNA-PCR-Produkte
Abbildung 9: Dot blot-Ergebnisse in Abhängigkeit vom verwendeten
Oligonukleotidprimerpaar59
Abbildung 10: Häufigkeit positiver Hybridisierungsergebnisse pro Bioptat60
Abbildung 11: Fluoreszenz in situ-Hybridisierung mit TRE I und EUB 338, DD 14, 40-
facheVergrößerung61
Abbildung 12: Fluoreszenz in situ-Hybridisierung mit TRE II und EUB 338, DD14, 40-fache
Vergrößerung
Abbildung 13: Fluoreszenz in situ-Hybridisierung mit TRE IV und EUB 338, DD14, 20-fache
Vergrößerung
Abbildung 14: Fluoreszenz in situ-Hybridisierung mit DDK 4 und EUB 338, DD31, 40-fache
Vergrößerung61
Abbildung 15: prozentuale Verteilung vorkommender Anaerobier-Isolate
Abbildung 16: Abgleich ribosomaler Sequenzen verschiedener Treponema-Spezies, Position
von RTU8