

4 ERGEBNISSE

4.1 Physiologische und biochemische Überprüfung der *Lactobacillus*-Stämme

Zur Überprüfung der in den Hybridisierungsversuchen mitgeführten Bakterienstämme wurde vorab eine Charakterisierung anhand phänotypischer Untersuchungsparameter durchgeführt. Geprüft wurden die Verwertung von Kohlenhydraten sowie das Wachstum bei definierten Temperaturen. Für Stämme aus der *L. acidophilus*-Gruppe konnte eine Einteilung in vier Biotypen nach REUTER (1964) vorgenommen werden, wobei die Zuordnung einer bestimmten *Lactobacillus*-Spezies zu einem bestimmten Biotyp oder vice versa nicht immer möglich war (siehe auch Abschnitt 2.2.1, Tab. 5). So entsprachen die mitgeführten Vertreter der Spezies *L. acidophilus* sensu stricto größtenteils dem Biotyp II und III, wobei aber auch der Biotyp IV bei zwei Isolaten auftrat (ATCC 314 und CCUG 29549 B). Auch zwei mitgeführte *L. crispatus*-Stämme ließen sich unterschiedlichen Biotypen zuordnen (Biotyp I resp. III). Die biochemischen und physiologischen Untersuchungsergebnisse der für die Gensondenprüfung verwendeten und größtenteils aus Lyophilisaten entnommenen Laktobazillen-Stämme sind in den Anhangstab. 1 bis 3 dargestellt, wobei die Spezies-Zuordnung der untersuchten Bakterienstämme aus der *L. acidophilus*- und der *L. casei*-Gruppe schließlich auf Grund der Hybridisierungsergebnisse vorgenommen wurde.

4.1.1 Stämme der *L. acidophilus*-Gruppe

Sämtliche mitgeführte *L. acidophilus*-Stämme konnten den Biotypen I bis IV nach REUTER (1964) zugeordnet werden. Keiner der Stämme konnte L(+)-Arabinose oder (L+)-Rhamnose verwerten, wohingegen D(+)-Glukose, Laktose, Saccharose, Maltose, Cellobiose und meist Trehalose vergoren werden konnten.

Von den geprüften Stämmen waren mit Ausnahme des Stamms ATCC 332 sämtliche zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Institutes als *L. acidophilus* deklarierte Isolate in der Lage, Lackmusmilch zu säuern, zu koagulieren und teilweise zu reduzieren. Auch wuchsen bis auf ein Isolat (Stamm XXIX J) alle mitgeführten *L. acidophilus*-Stämme bei 45°C. Keiner der geprüften Stämme bildete

Gas aus Glukose, und nur zwei der als *L. acidophilus* deklarierten Stämme waren in der Lage, Mannit zu vergären (Stamm F 268 b und Stamm He).

Als einziger zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Instituts-Stammsammlung als *L. crispatus* deklarierter Vertreter wurde in den Hybridisierungsversuchen der Typstamm (DSM 20584^T) mitgeführt. Dieser zeichnete sich durch die Verwertung von Trehalose und Melibiose aus. Die Tatsache, daß dieser Stamm Raffinose nicht vergären konnte, stellte eine Besonderheit dar und führte zur Einstufung als Biotyp I nach REUTER (1964).

Die Spezies *L. amylovorus* wurde ebenfalls von dem Typstamm vertreten (DSM 20531^T) und wurde seines biochemischen Reaktionsmusters entsprechend Biotyp I zugeordnet. Der mitgeführte *L. gallinarum*-Typstamm LMG 9435^T entsprach auf Grund der fehlenden Trehalose-Vergärung dem Biotyp IVa nach MITSUOKA (1969).

Sämtliche untersuchten *L. gasseri*-Isolate, mit Ausnahme der Stämme P 140 und CCUG 24836, konnten Lackmusmilch säuern, koagulieren und teilweise reduzieren. Der Reaktionskörper Melibiose wurde, abgesehen von zwei Ausnahmen (Stamm P 914 und CCUG 29473) nicht verwertet. Von den als *L. gasseri* deklarierten Isolaten reagierte lediglich der Stamm P 914 Raffinose-positiv. Trehalose konnte hingegen von allen geprüften Stämmen dieser Spezies verwertet werden.

Alle mitgeführten, zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Instituts-Stammsammlung als *L. johnsonii* deklarierten Stämme, konnten die Reaktionskörper Melibiose und Raffinose verwerten. Aufgrund der fehlenden Trehalose-Verwertung lag beim *L. johnsonii*-Typstamm (LMG 9436^T) ein von den übrigen Vertretern seiner Spezies abweichendes Reaktionsmuster vor und führte daher zur Einstufung als Biotyp IVa nach MITSUOKA (1969).

Hinsichtlich des physiologischen Untersuchungskriteriums der Wachstumsgrenztemperaturen, die zur Abgrenzung von anderen taxonomischen Gruppen herangezogen werden können, ergab sich ein für alle Stämme aus der *L. acidophilus*-Gruppe einheitliches Bild, da sämtliche Stämme in der Lage waren, bei $45\pm 0,5^{\circ}\text{C}$ zu wachsen, nicht aber bei $20\pm 0,5^{\circ}\text{C}$.

4.1.2 Stämme der *L. casei*-Gruppe

Sämtliche Stämme der *L. casei*-Gruppe waren in der Lage, Lackmusmilch zu säuern, zu koagulieren und zu reduzieren. Ferner vermochten sie „Briggs“-Milch zu koagulieren und bildeten kein Gas aus Glukose. Nur zwei als *L. rhamnosus* deklarierte Isolate (P 210 und H 213) konnten Arabinose verwerten. Sämtliche Stämme konnten hingegen die Reaktionskörper Glukose, Trehalose, Cellobiose sowie Mannit und Salicin verwerten. Maltose wurde zum überwiegenden Teil vergoren, während alle geprüften Stämme Raffinose-negativ reagierten. Mit Ausnahme des *L. zeae*-Typstammes konnte keiner der geprüften Stämme aus der *L. casei*-Gruppe Melibiose verwerten. Laktose wurde von den meisten geprüften Stämmen der *L. casei*-Gruppe verwertet. Lediglich ein *L. paracasei*-Referenzstamm (DSM 20020) sowie vier Vertreter von *L. rhamnosus* waren nicht in der Lage, Laktose zu vergären. Ein ähnliches Bild zeigte sich bei der Verwertung von Inosit, das lediglich von einem *L. paracasei*-Prüfstamm (F 10 a) sowie zwei *L. rhamnosus*-Isolaten klinischen Ursprunges nicht verwertet werden konnte. Sämtliche als *L. rhamnosus* deklarierten Stämme konnten, der Spezies-Benennung entsprechend, Rhamnose verwerten. Mit der Ausnahme des *L. zeae*-Typstammes ermöglichte dieses phänotypische Unterscheidungskriterium die Abgrenzung von den übrigen Spezies der *L. casei*-Gruppe. Alle übrigen Reaktionen waren nicht einheitlich, so daß eine Abgrenzung der Spezies dieser Gruppe auf Grund biochemischer und physiologischer Eigenschaften nicht möglich war. Hinsichtlich der Wachstumsgrenztemperaturen zeigte sich, daß sämtliche Stämme in der Lage waren, bei 20°C, 45°C und, soweit geprüft, auch bei 15°C zu wachsen.

4.1.3 Andere *Lactobacillus*- und *Weissella*-Stämme

Zur Überprüfung der Spezies-Spezifität der Gensonden, wurden die Typstämme einiger anderer Laktobazillen in die Untersuchungen einbezogen. Hinsichtlich ihrer biochemischen und physiologischen Reaktionsmuster zeigten diese als Kontrollstämme mitgeführten Laktobazillen ein erwartungsgemäß heterogenes Bild, da es sich um eigenständige Spezies handelt. Aus diesem Grunde wird auf die weitere Beschreibung der phänotypischen Untersuchungsergebnisse nicht näher eingegangen.

4.2 Reaktionen der geprüften *Lactobacillus*-Stämme mit den Gensonden

Die Entwicklung und der Einsatz von Gensonden für die Spezies *L. acidophilus* sensu stricto, *L. gasseri* und *L. johnsonii* (*L. acidophilus*-Gruppe) sowie für *L. zeae*, *L. paracasei*, *L. rhamnosus* (*L. casei*-Gruppe) gelang. Die Hybridisierung der untersuchten Laktobazillen-Stämme mit den Gensonden ermöglichte bei den meisten Isolaten eine eindeutige Spezies-Zuordnung. Diese war bis auf wenige Ausnahmen im Einklang mit den durch molekularbiologische Methoden vorgenommenen Identifizierungen anderer Autoren (s.u.). Abweichungen hinsichtlich der Identifizierungen mittels früher phänotypischer Untersuchungen resultierten meist aus der Tatsache, dass einige Spezies aus der *L. acidophilus*-Gruppe erst zu einem späteren Zeitpunkt beschrieben worden sind.

Nachfolgend werden die im Dot Blot-Verfahren erzielten Hybridisierungsergebnisse mit sämtlichen zur Validierung der entwickelten Gensonden mitgeführten Bakterienstämmen dargestellt (Tab. 24 bis 31), wobei die Einteilung in die jeweilige Spezies wiederum zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Kultursammlung des Instituts zugrundegelegt wurde (s. Tab 11-16) und die Typstämme der jeweiligen Spezies durch Fettschrift hervorgehoben worden sind.

4.2.1 Reaktionen von Typstämmen aus der *L. acidophilus*-Gruppe

Die Typstämme der Spezies *L. acidophilus* (ATCC 4356^T) und *L. johnsonii* (LMG 9435^T) reagierten mit der jeweiligen Gensonde. Sie waren ursprünglich aus dem menschlichen Pharynx bzw. Blut isoliert worden. Zusätzlich zu dem aus der menschlichen Vagina isolierten *L. gasseri*-Typstamm (DSM 20243^T), erfaßte die *L. gasseri*-Sonde sämtliche, zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Kultursammlung des Institutes noch als *L. acidophilus* bezeichnete, *L. johnsonii*-Stämme. Diese konnten jedoch durch die Hybridisierung mit der *L. johnsonii*-spezifischen Sonde von den *L. gasseri*-Stämmen abgegrenzt werden. Die Typstämme der ebenfalls zur *L. acidophilus*-Gruppe gehörenden Spezies *L. crispatus*, *L. amylovorus* sowie *L. gallinarum* wurden als (Negativ-) Kontrollstämme mitgeführt und reagierten mit keiner der geprüften Gensonden (s. Tab. 27).

4.2.2 Reaktionen der Feld- und Sammlungsstämme aus der *L. acidophilus*-Gruppe sowie anderer Kontrollstämme mit der *L. acidophilus*-, *L. gasseri*- und *L. johnsonii*-Sonde

Die als *L. acidophilus* deklarierten Stämme umfaßten sechs Isolate aus Milchprodukten, fünf aus pharmazeutischen Präparaten, acht aus Faeces, fünf aus klinischem Material sowie fünf Isolate aus verschiedenen Produktmustern (z.B. Vaginalzäpfchen). Der Ursprung zweier alter Isolate ist unbekannt (ATCC 332 und ATCC 4796). Insgesamt zwölf dieser Stämme reagierten ausschließlich mit der *L. acidophilus*-spezifischen Sonde. Sieben aus Faeces isolierte und als *L. acidophilus* deklarierte Stämme hybridisierten ausschließlich mit der *L. gasseri*-Sonde. Auf Grund ihrer biochemischen Eigenschaften waren diese Isolate alle dem Biotyp I zuzuordnen. Dieser entspricht der Spezies *L. gasseri*. Ein positives Hybridisierungsergebnis sowohl mit der *L. gasseri*- als auch mit der *L. johnsonii*-Sonde ergab sich für vier ebenfalls als *L. acidophilus* deklarierte Isolate aus einem pharmazeutischen Produkt (Omniflora), Milchprodukten (CNCM I-1225 und N) und dem Referenzstamm ATCC 332, der zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Kultursammlung des Institutes auch als „*L. acidophilus*“ geführt wurde. Ausschließlich mit der *L. johnsonii*-spezifischen Sonde reagierte hingegen der aus einem Produktmuster isolierte Stamm SA, der bislang ebenfalls als *L. acidophilus* bezeichnet worden war. Sieben weitere, auch als *L. acidophilus* deklarierte Stämme, hybridisierten mit keiner der für die *L. acidophilus*-Gruppe eingesetzten Gensonden. Sie gehörten offensichtlich zu anderen Spezies.

Tab. 24: Ergebnisse der Dot Blot-Hybridisierungen mit Stämmen der Spezies *Lactobacillus acidophilus*

Deklarierte Spezies	Biotyp ^a	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^b		
			Lacid	Lgass	Ljohn
<i>L. acidophilus</i>	II	ATCC 4356 ^T	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	IV	ATCC 314	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	I	ATCC 4796	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	P 6	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	II	Wiesby	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	P 10 Vagiflor	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	P 7 Vitacidophilus	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	P 9 Paidoflor	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	978/1	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	BA nature Sanofi	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	II	F 294	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	M 1	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	III	Acid 74	+	-	-
<i>L. acidophilus</i>	I	F 164	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	III	H 18 b	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	I	F 224	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	I	H 28 c	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	I	F 169 a	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	I	F 177 a I	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	II	F 177 a	-	+	-
<i>L. acidophilus</i>	II	ATCC 332	-	+	+
<i>L. acidophilus</i>	II/III	Omniflora / A 2 ^d	-	+	+
<i>L. acidophilus</i>	III	CNCM I-1225 (LC 1)	-	+	+
<i>L. acidophilus</i>	I	N	-	+	+
<i>L. acidophilus</i>	II	SA	-	-	+

Legende: s. Tab. 26

Insgesamt 14 der in den Untersuchungen mitgeführten Stämme waren als *L. gasseri* deklariert und entsprachen überwiegend Biotyp I nach REUTER (1964). Ein Großteil dieser Isolate stammte aus klinischem Material. Die Stämme P 914 und Lactinex waren aus pharmazeutischen Zubereitungen isoliert worden, während drei weitere Stämme (Ard 1084, Ard 1101 und Ard 1136) Laborkulturen darstellten. Elf dieser Feld- bzw. Prüfstämme hybridisierten mit der *L. gasseri*-Sonde, während zwei als *L. gasseri* deklarierte Isolate (CCUG 24836 und CCUG 29549 A), die beide klinischen Ursprungs waren, keine Reaktionen mit den drei Sonden der *L. acidophilus*-Gruppe zeigten. Auch hier handelt es sich scheinbar um Vertreter einer anderen Spezies.

Tab. 25: Ergebnisse der Dot Blot-Hybridisierungen mit *L. gasseri*-Stämmen

Deklarierte Spezies	Biotyp ^a	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^b		
			Lacid	Lgass	Ljohn
			<i>L. acidophilus</i> -Sonde: S-S-Lacid-2519-a-A-20 ^c <i>L. gasseri</i> -Sonde: S-S-Lgass-2592-a-A-108 <i>L. johnsonii</i> -Sonde : S-S-Ljohn-1580-a-A-27		
<i>L. gasseri</i>	I	DSM 20243^T	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	III	P 914	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	P 140	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	Lactinex	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	Ard 1084	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	Ard 1101	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	Ard 1136	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	CCUG 27600	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	V ¹	CCUG 27603	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	CCUG 27604	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	CCUG 29126 A	–	+	–
<i>L. gasseri</i>	I	CCUG 29473	–	+	–

^a: *L. acidophilus*-Biotyp nach REUTER (1964); ^b: Reaktion mit jeweiliger Sonde: + (positiv), – (negativ); ^c: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); CCUG: Culture Collection of the Department of Clinical Bacteriology, University of Göteborg, Schweden; DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland; *L.*: *Lactobacillus*; ¹: Biotyp nach MITSUOKA (1969)

Die als *L. johnsonii* mitgeführten Stämme waren ursprünglich aus Humanblut (LMG 9436^T), Milchprodukten (DSM 20553, Ard 1139) sowie Faeces (Ard 1169)

isoliert worden und ergaben ein positives Hybridisierungssignal mit der *L. johnsonii*-Sonde. Wie bereits weiter oben erwähnt, hybridisierten auch 4 ursprünglich als *L. acidophilus* deklarierte Stämme (Omniflora, N, CNCM I-1225, ATCC 332) sowohl mit der *L. gasseri*- als auch mit der *L. johnsonii*-Sonde.

Tab. 26: Ergebnisse der Dot Blot-Hybridisierungen mit *L. johnsonii*-Stämmen

Deklarierte Spezies	Biotyp ^a	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^b		
			Lacid	Lgass	Ljohn
			<i>L. acidophilus</i> -Sonde: S-S-Lacid-2519-a-A-20 ^c <i>L. gasseri</i> -Sonde: S-S-Lgass-2592-a-A-108 <i>L. johnsonii</i> -Sonde: S-S-Ljohn-1580-a-A-27		
<i>L. johnsonii</i>	IVa ¹	LMG 9436^T	–	+	+
<i>L. johnsonii</i>	III	DSM 20553	–	+	+
<i>L. johnsonii</i>	III	Ard 1139	–	+	+
<i>L. johnsonii</i>	III	Ard 1169	–	+	+

^a: *L. acidophilus*-Biotyp nach REUTER (1964); ^b: Reaktion mit jeweiliger Sonde: + (positiv), – (negativ); ^c: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); ^d: Stammbezeichnung nach KLEIN et al. (1998a); ATCC: American Type Strain Culture Collection, Rockville, MD, USA; CCUG: Culture Collection of the Department of Clinical Bacteriology, University of Göteborg, Schweden; DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland, LMG: Laboratorium voor Mikrobiologie, Gent, Belgien; *L.*: *Lactobacillus*, ¹: Biotyp nach MITSUOKA (1969)

Kein Hybridisierungssignal ergab die Untersuchung von sieben als *L. acidophilus* deklarierten Stämmen, die aus Faeces (F 268 b), Milchprodukten (Zott 992/e, B 39/4 d), Dünndarminhalt (XXIX J), einem Produktmuster (He) bzw. Humanblut (CCUG 29549 B, CCUG 30451) isoliert worden waren. Wie bereits weiter oben erwähnt, reagierten auch zwei als *L. gasseri* deklarierte klinische Isolate (CCUG 24836, CCUG 29549 A) mit keiner der eingesetzten Gensonden. Ebenfalls negativ reagierten der *L. crispatus*-Typstamm (DSM 20584^T) sowie die Typstämme der Spezies *L. amylovorus* (DSM 20531^T) und *L. gallinarum* (LMG 9435^T). Die Einzelheiten der Reaktionen sind aus Tab. 27 zu entnehmen.

Tab. 27: Ergebnisse der Dot Blot-Hybridisierungen mit anderen Stämmen aus der *L. acidophilus*-Gruppe

Deklarierte Spezies	Biotyp ^a	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^b		
			Lacid	Lgass	Ljohn
<i>L. crispatus</i>	I	DSM 20584 ^T	–	–	–
<i>L. amylovorus</i>	I	DSM 20531 ^T	–	–	–
<i>L. gallinarum</i>	IV/V*	LMG 9435 ^T	–	–	–
<i>L. gasseri</i>	I	CCUG 24836	–	–	–
<i>L. gasseri</i>	I	CCUG 29549 A	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	I	F 268 b	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	I	Zott 992/e	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	III	XXIX J	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	III	B 39/4 d	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	I	He	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	IV	CCUG 29549 B	–	–	–
<i>L. acidophilus</i>	III	CCUG 30451	–	–	–

^a: Biotyp nach REUTER (1964); ^b: Reaktion mit jeweiliger Sonde / – (negativ); ^c: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland, LMG: Laboratorium voor Microbiologie, Gent, Belgien; *L.*: *Lactobacillus*; *: Biotyp nach MITSUOKA (1969)

Zur Überprüfung der Spezifität wurden die in der nachfolgenden Tabelle aufgeführten (Typ-) Stämme anderer *Lactobacillus*-Spezies im Rahmen der Hybridisierungen mit den Sonden der *L. acidophilus*-Gruppe mitgeführt. Dabei kam es bei keiner der geprüften Gensonden zu positiven Hybridisierungssignalen mit diesen (Negativ-) Kontrollstämmen.

Tab. 28: Reaktionen der *L. acidophilus*-, *L. gasseri*- sowie der *L. johnsonii*-Sonde mit Kontrollstämmen der Genera ***Lactobacillus*** und ***Weissella***

Deklarierte Spezies	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^b		
		Lacid	Lgass	Ljohn
<i>L. casei</i>	ATCC 393 ^T	–	–	–
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	DSM 5622 ^T	–	–	–
<i>L. rhamnosus</i>	ATCC 7469 ^T	–	–	–
<i>L. zeae</i>	DSM 20178 ^T	–	–	–
<i>L. delbrueckii</i> ssp. <i>bulgaricus</i>	DSM 20081 ^T	–	–	–
<i>L. leichmannii</i>	ATCC 4797	–	–	–
<i>L. plantarum</i>	DSM 20174 ^T	–	–	–
<i>L. brevis</i>	DSM 20054 ^T	–	–	–
<i>L. reuteri</i>	DSM 20016 ^T	–	–	–
<i>L. oris</i>	DSM 4864 ^T	–	–	–
<i>L. vaginalis</i>	DSM 5837 ^T	–	–	–
<i>W. confusa</i>	DSM 20196 ^T	–	–	–
<i>W. hellenica</i>	DSM 7378 ^T	–	–	–

^a: Reaktion mit jeweiliger Sonde / – (negativ); ^b: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); ATCC: **American Type Strain Culture Collection**, Rockville, MD, USA; CCUG: **Culture Collection of the Department of Clinical Bacteriology, University of Göteborg**, Schweden; DSM: **Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen**, Braunschweig, Deutschland, *L.*: *Lactobacillus*; *W.*: *Weissella*; ^T: Typstamm

4.2.3 Reaktionen von Typstämmen aus der *L. casei*-Gruppe

Die *L. zeae*-Sonde erfaßte von allen in der *L. casei*-Gruppe mitgeführten Stämmen lediglich die Typstämme der Spezies *L. zeae* (DSM 20178^T) und *L. casei*. (ATCC 393^T). Neben dem *L. paracasei*-Typstamm (DSM 5622^T) wurden diese beiden Stämme auch von der *L. paracasei*-Sonde erfaßt. Die Abgrenzung der Spezies

L. paracasei von *L. zeae* und dem *L. casei*-Typstamm gelang mit der *L. zeae*-spezifischen Sonde, da diese nicht mit den *L. paracasei*-Stämmen hybridisierte. Der Typstamm von *L. rhamnosus* (ATCC 7469^T) wurde ausschließlich von der *L. rhamnosus*-spezifischen Sonde erfaßt.

4.2.4 Reaktionen der Feld- und Sammlungsstämmen aus der *L. casei*-Gruppe sowie anderer Kontrollstämmen mit der *L. zeae*-, *L. paracasei*- und *L. rhamnosus*-Sonde

Die beiden aus probiotischen Joghurts isolierten Stämme Yakult und Actimel sowie der ebenfalls kommerziell eingesetzte Produktionsstamm Shirota hybridisierten ausschließlich mit der *L. paracasei*-Sonde. Diese drei Stämme waren aufgrund phänotypischer Untersuchungsergebnisse zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Institutes als *L. casei* deklariert worden. Neben dem *L. paracasei*-Typstamm (DSM 5622^T) ließen sich auch zwei weitere *L. paracasei*-Stämme Referenzstämmen (DSM 20020 und LMG 12586) mit der *L. paracasei*-Sonde nachweisen. Wie aus der nachfolgenden Tabelle zu entnehmen ist, ergab sich für den aus Faeces isolierten Stamm F 10 a ebenfalls ein positives Hybridisierungssignal mit dieser Sonde. Des Weiteren reagierte ein aus klinischem Material isolierter Stamm (P 898), der als *L. rhamnosus* deklariert war, mit der *L. paracasei*-Sonde.

Tab. 29: Ergebnisse der Dot Blot-Hybridisierungen mit Stämmen der Spezies *L. zeae*, *L. casei* und *L. paracasei*

Deklarierte Spezies	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^a		
		Lzeae	Lpara	Lrham
<i>L. zeae</i>	DSM 20178 ^T	+	+	-
<i>L. casei</i> (I)**	ATCC 393 ^T	+	+	-
<i>L. casei</i> (II)**	Shirota	-	+	-
<i>L. casei</i> (II)	Yakult	-	+	-
<i>L. casei</i> (II)	Actimel	-	+	-
<i>L. paracasei</i> <i>ssp. paracasei</i>	DSM 5622 ^T	-	+	-
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	DSM 20020	-	+	-
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	LMG 12586	-	+	-
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	F 10 a	-	+	-

^a: Reaktion mit jeweiliger Sonde / + (positiv), - (negativ); ^b: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); ATCC: American Type Strain Culture Collection, Rockville, MD, USA; DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland, LMG: Laboratorium voor Microbiologie, Gent, Belgien; ^T: Typstamm; **: die Unterteilung der Spezies erfolgte anhand der Hybridisierungsergebnisse

Neben dem *L. rhamnosus*-Typstamm reagierten insgesamt 11 der 22 als *L. rhamnosus* geführten Feld- und Sammlungsstämme ausschließlich mit der *L. rhamnosus*-spezifischen Gensonde. Zwei dieser Stämme waren aus klinischem Material isoliert worden und erbrachten eine schwächere, aber dennoch deutlich sichtbare Farbreaktion. Die anderen 11 Stämme, die bis auf ein Isolat aus einem probiotischen Joghurt (P 237), alle klinischen Ursprungs waren, reagierten sowohl mit der *L. rhamnosus*-spezifischen Sonde als auch mit der *L. paracasei*-Sonde. Von diesen 10 klinischen Isolaten aus der Kultursammlung der Universität Göteborg zeigten 5 eine lediglich schwach-positive Reaktion bei der Hybridisierung mit der *L. paracasei*-Sonde. Der ebenfalls als *L. rhamnosus* deklarierte und bereits erwähnte Stamm P 898 hybridisierte hingegen ausschließlich mit der *L. paracasei*-Sonde.

Tab. 30: Ergebnisse der Dot Blot-Hybridisierungen mit *L. rhamnosus*-Stämmen

Deklarierte Spezies	Stamm	Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^a		
		Lzeae	Lpara	Lrham
		<i>L. zeae</i> -Sonde: S-S-Lzeae-1587-a-A-18 ^b <i>L. paracasei</i> -Sonde: S-S-Lpara-1597-a-A-19 <i>L. rhamnosus</i> -Sonde: S-S-Lrham-1586-a-A-23		
<i>L. rhamnosus</i> (I)*	DSM 20021 ^T	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	DSM 7133	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)**	GG, Valio	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	P 210	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	P 211	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	P 216	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	P 972	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	CCUG 22413	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	CCUG 29713	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	H 213	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> (I)	CCUG 29281	-	-	(+)
<i>L. rhamnosus</i> (I)	CCUG 30616	-	-	(+)
<i>L. rhamnosus</i> (II)*	P 237	-	+	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 27333	-	+	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 27405	-	+	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 27772	-	+	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 30069	-	+	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 18011	-	(+)	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 28228	-	(+)	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 28262	-	(+)	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 28641	-	(+)	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	CCUG 29185	-	(+)	+
<i>L. rhamnosus</i> (II)	P 898	-	(+)	-

Legende: s. nächste Seite

*: die Unterteilung der Spezies erfolgte anhand der Hybridisierungsergebnisse; **: Laktose negativ; ^a: Reaktion mit jeweiliger Sonde / + (positiv), (+) (schwach positiv), – (negativ); ^b: Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland, CCUG: Culture Collection of the Department of Clinical Bacteriology, University of Göteborg, Schweden; L.: *Lactobacillus*

4.2.5 Verhalten anderer Laktobazillen sowie Stämmen des Genus *Weissella* gegenüber den eingesetzten Gensonden

Bei den Kontrollstämmen, die sich aus von anderen *Lactobacillus*-Spezies mit ähnlichem Habitat zusammensetzten, trat lediglich in einem Fall eine Kreuzreaktion auf. Während es bei den für die *L. acidophilus*-Gruppe entwickelten Gensonden zu keinen unerwünschten Hybridisierungssignalen kam, erbrachte der als *L. leichmannii* deklarierte Sammlungsstamm ATCC 4797 in allen Versuchsansätzen ein schwach positives Hybridisierungssignal mit der *L. paracasei*-Sonde.

Tab. 31: Reaktionen der *L. zeae*-, *L. paracasei*- sowie der *L. rhamnosus*-Sonde mit anderen *Lactobacillus*- und *Weissella*-Spezies (Kontrollstämme)

Deklarierte Spezies	Stamm	Dot Blot-Ergebnis mit der jeweils angegebenen Sonde ^a		
		Lzeae	Lpara	Lrham
<i>L. acidophilus</i>	ATCC 4356 ^T	–	–	–
<i>L. crispatus</i>	DSM 20584 ^T	–	–	–
<i>L. amylovorus</i>	DSM 20531 ^T	–	–	–
<i>L. gallinarum</i>	LMG 9435 ^T	–	–	–
<i>L. gasseri</i>	DSM 20243 ^T	–	–	–
<i>L. johnsonii</i>	LMG 9436 ^T	–	–	–
<i>L. brevis</i>	DSM 20054 ^T	–	–	–
<i>L. delbrueckii</i> ssp. <i>bulgaricus</i>	DSM 20081 ^T	–	–	–
<i>L. leichmannii</i>	ATCC 4797	–	(+)	–
<i>L. plantarum</i>	DSM 20174 ^T	–	–	–
<i>L. reuteri</i>	DSM 20016 ^T	–	–	–
<i>L. oris</i>	DSM 4864 ^T	–	–	–
<i>L. vaginalis</i>	DSM 5837 ^T	–	–	–
<i>W. confusa</i>	DSM 20196 ^T	–	–	–
<i>W. hellenica</i>	DSM 7378 ^T	–	–	–

^a: Reaktion mit jeweiliger Sonde / + (positiv), (+) (schwach positiv), – (negativ);

^b:

Gensondenbenennung nach WHEELER ALM et al. (1996); ATCC: American Type Strain Culture Collection; DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Deutschland, CCUG: Culture Collection of the Department of Clinical Bacteriology, University of Göteborg, Schweden; LMG: Laboratorium voor Microbiologie, Gent, Belgien; *L.*: *Lactobacillus*; *W.*: *Weissella*

Eine zusammenfassende Übersicht der Hybridisierungsergebnisse sowie einen Vergleich mit Identifizierungen von Stämmen aus der *L. acidophilus*- und der *L. casei*-Gruppe, die in früheren Untersuchungen mit klassischen mikrobiologischen Methoden (REUTER, 1964), der RAPD-PCR (PIEHL, 1995) bzw. mittels Protein-fingerprinting (PACK, 1997; KLEIN, 1998) vorgenommen wurden, geben die Tabellen 32 bis 35.

Tab. 32: Zusammenfassende Darstellung der Hybridisierungsergebnisse mit Stämmen aus der *L. acidophilus*- und *L. casei*-Gruppe

Spezies	Geprüfter Typstamm / Anzahl weiterer Prüfstämme (Sammlungs- u. Feldstämme)	Dot Blot-Ergebnis mit jeweiliger Gensonde*					
		Lacid	Lgass	Ljohn	Lzeae	Lpara	Lrham
<i>L. acidophilus</i>	ATCC 4356 ^T / 12**	+	-	-	-	-	-
<i>L. crispatus</i>	DSM 20584 ^T / 1	-	-	-	-	-	-
<i>L. amylovorus</i>	DSM 20531 ^T / -	-	-	-	-	-	-
<i>L. gallinarum</i>	LMG 9435 ^T / -	-	-	-	-	-	-
<i>L. gasseri</i>	DSM 20243 ^T / 18	-	+	-	-	-	-
<i>L. johnsonii</i>	LMG 9436 ^T / 7	-	+	+	-	-	-
<i>L. zeae</i>	DSM 20178 ^T / -	-	-	-	+	+	-
<i>L. casei</i> I***	ATCC 393 ^T / -	-	-	-	+	+	-
<i>L. casei</i> II***	/ 2	-	-	-	-	+	-
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	DSM 5622 ^T / 3	-	-	-	-	+	-
<i>L. rhamnosus</i> I***	ATCC 7469 ^T / 9	-	-	-	-	-	+
<i>L. rhamnosus</i> II***	/ 10****	-	-	-	-	(+) ^b / +	+

^a: Reaktion mit jeweiliger Sonde: + positiv, (+) schwach positiv, - (negativ); ^b: Reaktionen klinischer Isolate z.T. schwach positiv; *: Lacid: *Lactobacillus acidophilus*, Lgass: *Lactobacillus gasseri*, Ljohn: *Lactobacillus johnsonii*, Lzeae: *Lactobacillus zeae*, Lpara: *actobacillus paracasei*, Lrham: *Lactobacillus rhamnosus*; ** 10 zusätzliche, phänotypisch als *L. acidophilus* charakterisierte Stämme hybridisierten nicht mit der Lacid-Sonde; ***: die Unterteilung der Spezies erfolgte anhand der Hybridisierungsergebnisse; ****: überwiegend klinische Isolate; grau hinterlegt: Hybridisierungsergebnisse beziehen sich lediglich auf die jeweiligen Typstämme

Tab 33: Vergleich der in dieser Arbeit erzielten Hybridisierungsergebnisse mit den Ergebnissen anderer Identifizierungen (REUTER, 1964; PIEHL, 1995; PACK, 1997; KLEIN, 1998)

Deklarierte Spezies ^a	Stamm	Spezies-Zuordnung mit jeweiliger Untersuchungsmethode			
		Phänotypie (Biotyp nach REUTER, 1964)	Proteinfingerprinting (PACK, 1997; KLEIN, 1998)	RAPD-PCR (PIEHL, 1995)	Gensonden
<i>L. acidophilus</i>	ATCC 4356 ^T	<i>L. acidophilus</i> (II)	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>
<i>L. acidophilus</i>	ATCC 314	<i>L. acidophilus</i> (IV)	-	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>
<i>L. acidophilus</i>	ATCC 332	<i>L. acidophilus</i> (II)	<i>L. johnsonii</i>	<i>L. johnsonii</i>	<i>L. johnsonii</i>
<i>L. acidophilus</i>	P 9 (G 3 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (III)	-	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>
<i>L. acidophilus</i>	978/1 (A 4 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (III)	-	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>
<i>L. acidophilus</i>	F 294 (A 7 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (II)	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>	<i>L. acidophilus</i>
<i>L. acidophilus</i>	Acid 74	<i>L. acidophilus</i> (III)	<i>L. crispatus</i>	-	<i>L. acidophilus</i>
<i>L. acidophilus</i>	F 164 (G 1 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (I)	<i>L. gasseri</i>	n.i.	<i>L. gasseri</i>
<i>L. acidophilus</i>	H 18 b	<i>L. acidophilus</i> (III)	<i>L. gasseri</i>	-	<i>L. gasseri</i>
<i>L. acidophilus</i>	F 224 (G 6 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (I)	- n.i.		<i>L. gasseri</i>
<i>L. acidophilus</i>	Omniflora (A 2 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (II/III)	<i>L. johnsonii</i>	<i>L. johnsonii</i>	<i>L. johnsonii</i>
<i>L. acidophilus</i>	CNCM 1-1225	<i>L. acidophilus</i> (III)	<i>L. johnsonii</i>	-	<i>L. johnsonii</i>
<i>L. acidophilus</i>	B 39/4 d (A 5 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (III)	<i>L. crispatus</i>	<i>L. crispatus</i>	n.i.
<i>L. acidophilus</i>	XXIX J (A 9 ^b)	<i>L. acidophilus</i> (I)	<i>L. crispatus</i>	<i>L. crispatus</i>	n.i.

Fortsetzung Tab. 33:

<i>L. gasseri</i>	DSM 20243 ^T	<i>L. gasseri</i> (I)		<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	P 914	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	-	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	P 140 (G 5 ^b)	<i>L. gasseri</i> (I)		<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	Lactinex	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	-	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	Ard 1084 (B 203 ^c)	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	-	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	Ard 1101 (B 201 ^c)	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	-	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	Ard 1136 (B 202 ^c)	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	-	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	CCUG 27600	<i>L. gasseri</i> (I)	-		<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	CCUG 27603	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	CCUG 27604	<i>L. gasseri</i> (I)	L	<i>gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	CCUG 29126 A	<i>L. gasseri</i> (I)		-	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. gasseri</i>	CCUG 29473	<i>L. gasseri</i> (I)		-	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>
<i>L. johnsonii</i>	LMG 9436 ^T	<i>L. johnsonii</i> (III)		<i>L. johnsonii</i>	-	<i>L. johnsonii</i>
<i>L. johnsonii</i>	Ard 1139 (B 301 ^c)	<i>L. johnsonii</i> (III)		<i>L. johnsonii</i>	-	<i>L. johnsonii</i>
<i>L. johnsonii</i>	Ard 1169 (B 302 ^c)	<i>L. johnsonii</i> (III)		<i>L. johnsonii</i>	-	<i>L. johnsonii</i>

^a: zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Instituts; ^b: Stammbezeichnung nach KLEIN et al. (1994a); ^c: Stammbezeichnung nach PACK (1997); - : nicht mitgeführt; n.i.: nicht identifiziert; Fettdruck: Abweichungen vorausgegangener Identifizierungen

Tab. 34: Stämme die mit keiner der eingesetzten Gensonden hybridisierten, jedoch zum Teil in vorausgegangenen Untersuchungen (REUTER, 1964; PIEHL, 1995; PACK, 1997; KLEIN, 1998) mit anderen Methoden identifiziert werden konnten

Deklarierte Spezies ^a	Stamm	Spezies-Zuordnung mit jeweiliger Untersuchungsmethode			Gensonden
		Phänotypie (Biotyp nach REUTER, 1964)	Proteinfingerprinting (PACK, 1997, KLEIN, 1998)	RAPD-PCR (PIEHL, 1995)	
<i>L. crispatus</i>	DSM 20584 ^T	<i>L. crispatus</i> (I)	<i>L. crispatus</i>	<i>L. crispatus</i>	n.i.
<i>L. amylovorus</i>	DSM 20531 ^T	<i>L. amylovorus</i> (I)	<i>L. amylovorus</i>	-	n.i.
<i>L. gallinarum</i>	DSM 9435 ^T	<i>L. gallinarum</i> (IVa ¹)	<i>L. gallinarum</i>	-	n.i.
<i>L. gasseri</i>	CCUG 24836	<i>L. gasseri</i> (I)	<i>L. gasseri</i>	<i>L. gasseri</i>	n.i.
<i>L. gasseri</i>	CCUG 29549 A	<i>L. gasseri</i> (I)	n.i.	<i>L. gasseri</i>	n.i.

^a: zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Instituts; ¹: Biotyp nach MITSUOKA (1969); n.i.: nicht identifiziert; - : nicht mitgeführt

Tab 35: Vergleich der mit unterschiedlichen Methoden ermittelten Spezies-Zugehörigkeit von Stämmen aus der *L. casei*-Gruppe, die bereits in Untersuchungen von PIEHL (1995), KLEIN (1998) und KLEIN et al. (1998) mitgeführt wurden

Deklarierte Spezies ^a	Stamm	Spezies-Zuordnung mit jeweiliger Untersuchungsmethode		
		Phänotypie bzw. Proteinfingerprinting (KLEIN, 1998; KLEIN et al., 1998)	RAPD-PCR (PIEHL, 1995)	Gensonden
<i>L. zeae</i>	DSM 20178 ^T	-	-	<i>L. zeae</i>
<i>L. casei</i>	ATCC 393 ^T	<i>L. casei</i>	-	<i>L. zeae</i>
<i>L. casei</i>	Shirota	<i>L. casei / paracasei</i> *	-	<i>L. paracasei</i>
<i>L. casei</i>	Yakult	<i>L. casei / paracasei</i> *	-	<i>L. paracasei</i>
<i>L. casei</i>	Actimel	<i>L. casei / paracasei</i> *	-	<i>L. paracasei</i>
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	DSM 5622 ^T	<i>L. paracasei</i>	-	<i>L. paracasei</i>
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	DSM 20020	<i>L. paracasei</i>	<i>L. paracasei</i>	<i>L. paracasei</i>
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	LMG 12586	<i>L. paracasei</i>	-	<i>L. paracasei</i>
<i>L. paracasei</i> ssp. <i>paracasei</i>	F 10 a (R 27 ^b)	<i>L. paracasei</i>	<i>L. paracasei</i>	<i>L. paracasei</i>

* : Proteinfingerprinting ergab eine Gruppierung dieser Stämme im gleichen Protein-Cluster (*L. casei/paracasei*-Cluster)

Fortsetzung Tab. 35:

<i>L. rhamnosus</i>	DSM 20021 ^T	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)*
<i>L. rhamnosus</i>	DSM 7133	<i>L. rhamnosus</i>	-	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	GG, Valio	<i>L. rhamnosus</i>	-	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	P 210 (R 21 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	P 211 (R 22 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	P 216 (R 23 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	P 972 (R 26 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 22413	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 29713	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	H 213 (R 2 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 29281	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 30616	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (I)
<i>L. rhamnosus</i>	P 237 (R 24 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)*
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 27333	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 27405	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 27772	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)

Fortsetzung Tab. 35:

<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 30069	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 18011	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 28228	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 28262	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 28641	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	CCUG 29185	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i> (II)
<i>L. rhamnosus</i>	P 898 (R 3 ^b)	<i>L. rhamnosus</i>	<i>L. casei / paracasei</i>	<i>L. paracasei</i>

^a: zum Zeitpunkt der Aufnahme in die Stammsammlung des Instituts; ^b: Stammbezeichnung nach KLEIN et al. (1994a, 1995a); *: die Unterteilung der Spezies erfolgte aufgrund der Hybridisierungsergebnisse; - : nicht mitgeführt; Fettdruck: Abweichungen vorausgegangener Identifizierungen

