

6 SCHLUSSFOLGERUNGEN

Kennzeichnende Fermentationsmuster von Laktobazillen aus der *L. acidophilus*- und der *L. casei*-Gruppe ermöglichen in vielen Fällen eine Zuordnung zu bestimmten Biotypen bzw. Spezies.

Schwierigkeiten bei der Anwendung klassischer phänotypischer Untersuchungsmethoden bereitet die Abgrenzung der Spezies *L. crispatus* von *L. gasseri* einerseits und *L. johnsonii* von *L. acidophilus* andererseits. Da Stämme dieser Spezies als Probiotika genutzt werden, sind weitere Prüfmethode heranzuziehen.

In der *L. casei*-Gruppe bereitet die Einstufung gebräuchlicher Probiotikastämme in das neue taxonomische System dieser Gruppe Schwierigkeiten. Deshalb ist auch hier die Anwendung von zusätzlichen Methoden angezeigt. Voraussetzung oder gar Bedingung für die Klärung der taxonomischen Zuordnung eingesetzter Mikroorganismen ist die Benennung eines Typstammes für die jeweilige Spezies, da die Eigenschaften eines Typstammes die Grundlage für jede anerkannte Spezies darstellen.

Gensonden auf der Basis differierender DNA-Sequenzen der jeweils in der Datenbank des *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) zugrundeliegenden Typ- oder Referenzstämme können zur Identifizierung biotechnologisch genutzter und z.T. phylogenetisch eng verwandter Laktobazillen-Stämme sowohl in der *L. acidophilus*- als auch in der *L. casei*-Gruppe mit Erfolg eingesetzt werden.

Die Kreuzreaktionen bei *L. gasseri*- und *L. johnsonii*-Isolaten deuten auf einen hohen Verwandtschaftsgrad dieser beiden Spezies hin. Gleiches gilt für den *L. zeae*-Typstamm und den bisherigen *L. casei*-Typstamm.

Die Hybridisierungsergebnisse mit der *L. zeae*- und der *L. paracasei*-Sonde bestätigen neue taxonomische Lösungsvorschläge in der *L. casei*-Gruppe, wonach bisherige *L. casei*-Stämme als *L. paracasei* eingeordnet werden können und *L. zeae* unter Einbeziehung des derzeitigen *L. casei*-Typstammes (ATCC 393^T) als eine eigene Spezies gelten kann.

L. rhamnosus läßt sich auch durch Gensonden als eigene Spezies darstellen. Auffallend ist dabei, daß eine Reihe von Stämmen klinischen Ursprunges auch mit der *L. paracasei*-Sonde reagiert und damit möglicherweise eine Sonderform darstellt.

Frühere Abgrenzungen von Spezies und Stämmen innerhalb der *L. acidophilus*- und der *L. casei*-Gruppe mittels RAPD-PCR bzw. Proteinfingerprinting der Zellwandbestandteile lassen sich mit der Gensondentechnik bestätigen.

Die Spezifität der Sonden erlaubt es, wichtige biotechnologisch eingesetzte Stämme zu identifizieren und von anderen verwandten Genera und Spezies abzugrenzen.

Die bisherigen Abgrenzungen mit Gensonden umfassen noch nicht alle Spezies der *L. acidophilus*-Gruppe gleichermaßen. *L. crispatus*, als autochthone Spezies des Menschen, muß unbedingt noch einbezogen werden. *L. gallinarum* und *L. amylovorus* wären der Vollständigkeit halber später auch noch zu bearbeiten.

Hinsichtlich eines routinemäßigen Einsatzes zur Überwachung von Produktionsabläufen (Qualitätssicherung) ist anstelle des direkten Dot Blot-Verfahrens an den Einsatz von Gensonden im Reverse Dot Blot-Verfahren zu denken. Dieser Nachweis ohne die Herstellung von Reinkulturen ist die wünschenswerte Lösung, die anzustreben ist und in Forschung und Routine noch geprüft werden muß. Die in dieser Arbeit angewandte Technik der Gensondenentwicklung bleibt davon unberührt.