

Anhang

1. Verwendete Abkürzungen

ACF	„accessory colonization factors“
AM	Außenmembran
Ap ^{r/s}	Ampicillin resistant/sensitiv
AS	Aminosäuren
ATR	„acid tolerance response“
β-Gal	β-Galaktosidase
BlaM	β-Lactamase
BSA	„bovine serum albumine“ (Rinderserumalbumin)
bp	Basenpaare
C-Quelle	Kohlenstoffquelle
CAT	Chloramphenicol-Acetyltransferase
CFTR	„cystic fibrosis transmembrane conductance regulator protein“
cfu	„colony forming units“
CI	„competitive index“
CT	Choleratoxin
dNTP	desoxy Nucleosid- (Adenosin-, Cytosin-, Thymidin-, Guanosin-) triphosphat
ECA	„enterobacterial common antigen“
EDTA	Ethyldiamin-Tetraessigsäure
ELISA	„enzyme-linked immunosorbent assay“
EPS	„extracellular protein secretion“ (Bezeichnung für das TypII-Sekretions-system von <i>V. cholerae</i>)
HAP	„hemagglutinin-protease“
IS	„insertion sequence“
Km ^{r/s}	Kanamycin resistant/sensitiv
LB	Luria-Bertani
LPS	„lipopolysaccharide“
Mbp	Mega Basenpaare
mcs	„multiple cloning site“
Min	Minuten
MBK	Minimale bakterizide Konzentration
MHK	Minimale Hemmkonzentration
MOI	„multiplicity of infection“
MOPS	3-(N-Morpholino)-propansulfonsäure
MSHA	„mannose sensitive hemagglutinin“, ein Typ IV Pilus
NAD	Nicotinamidadenindinucleotid
OD _x	Optische Dichte bei der Wellenlänge "x" (nm)
ORF	„open reading frame“ (Offenes Leseraster)

pfu	„plaque forming units“
PCR	„polymerase-chain-reaktion“
PAA	Polyacrylamid
PAGE	Polyacrylamid-Gelektrophorese
PBS	„phosphate buffered saline“
R-LPS	„rough“ LPS – dieser Begriff wurde in dieser Arbeit verwendet für Mutanten mit verändertem Kernoligosaccharid ohne O-Antigen. Zur besseren Abgrenzung wurden Mutanten mit intaktem Kernoligosaccharid ohne O-Antigen als O-Antigen negative Stämme bezeichnet.
RBS	Ribosomenbindestelle
RF	„replicative form“, Bezeichnung für die doppelsträngige Plasmid-Form des filamentösen Phagen CTXΦ
<i>rfb</i> -Gencluster	O-Antigen-Biosynthese-Gencluster
SDS	Sodiumdodecylphosphat
sec	Sekunde
Sm ^{r/s}	Streptomycin resistant/sensitiv
TB	Tryptone Broth
Tc ^{r/s}	Tetracyclin resistant/sensitiv
TCA	Trichloressigsäure
TCBS	„thiosulfate citrate bile sucrose“
TCP	„toxin coregulated pilus“
TRIS	Trishydroxymethylaminomethan
TnX	Transposon "X"
u.a.	unter anderem
UE	Untereinheit
ÜNK	Übernachtkultur
UZ	Ultrazentrifuge
VBNC	„viable but non culturable“
VPI	„ <i>V. cholerae</i> pathogenicity island“; Pathogenitätsinsel
VPS	„ <i>Vibrio</i> polysaccharide“ (Bezeichnung für das von <i>V. cholerae</i> O1 El Tor Stämmen synthetisierte Exopolysaccharid)
v/v	„volume per volume“
waa-Gencluster	Genregion, deren kodierte Produkte an der Biosynthese des Kernoligosaccharides beteiligt sind
w/v	„weight per volume“
Wt	Wildtyp
XG	5-Bromo-4-Chloro-3-Indolyl-β-D-Galaktopyranosid
z.B.	zum Beispiel

2. Sequenzauswertungen

2.1. Homologieanalysen

waa-Gen- produkt ¹⁾ <i>V.cholerae</i>	AS	Sequenzähnlichkeiten zu anderen Proteinen und mögliche Funktion in <i>V. cholerae</i>	Accession-Nr./ Referenz
GmnD (VC0240)	314	RfaD <i>Haemophilus influenzae</i> (73 % / 83 %) RfaD <i>E. coli</i> (74% / 84%) RfaD <i>Salmonella typhimurium</i> (73 % / 82 %) ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase	L76100 AE000440 U06472
ORF1 (VC0239)	590	Hypoth. Protein <i>Bacillus subtilis</i> (30 % / 55 %) Enthält konserviertes Motiv, das man bei Polysaccharid- Deacetylasen findet	EGAD 108618
ORF2 (VC0238)	186 (188)	LacA, Galactoside-Acetyltransferase <i>Methanococcus jannanschii</i> (33 % / 49 %) putative Acetyltransferase <i>Neisseria meningitis</i> (33 % / 49 %) Glucosyl-Acetyltransferase	U67549 AF112478
WaaL (VC0237)	399	Hypoth. Protein HI0874 <i>Haemophilus influenzae</i> (24 % / 44 %) WaaL <i>E. coli</i> (22 % / 42 % im Bereich der AS 77-334) Lipid A-core:surface-polymer-ligase (= O-Antigen Ligase)	U32769 AF019747
WaaF (VC0236)	345 (346)	RfaF <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (54 % / 70 %) WaaF <i>Salmonella typhimurium</i> (53 % / 67 %) RfaF <i>E. coli</i> (57 % / 72 %) Heptosyltransferase II	U73731 U06472 U00039
WaaC (VC0235)	349	putatives WaaC <i>Bordetella bronchiseptica</i> (21 % / 41 %) RfaC <i>Bordetella pertussis</i> (21% / 41%) OpsX <i>Haemophilus influenzae</i> (23 % / 39%) RfaC <i>Helicobacter pylori</i> (23 % / 40%) Heptosyltransferase I	AJ007747 X90711 U32712 AE000546
ORF3 (VC0234)	262	Hypothetisches Protein <i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> (52% / 73%)	L19895
WaaA (VC0233)	439	WaaA <i>S. typhimurium</i> (42% / 62%) WaaA <i>E. coli</i> (42% / 61%) Kdo-Transferase	AF026386 AF019746
ORF4 (VC0232)	126	BcbF <i>Pasteurella multocida</i> (64% / 80%) Hypoth. Protein, vermutlich an Kapselbiosynthese beteiligt	AF169324 (25)

<i>waa</i> -Genprodukt ¹⁾ <i>V.cholerae</i>	AS	Sequenzähnlichkeiten zu anderen Proteinen und mögliche Funktion in <i>V. cholerae</i>	Accession-Nr./Referenz
ORF5 (VC0231)	527	BcbG <i>Pasteurella multocida</i> (35% / 51%) Hypoth. Innenmembranprotein, vermutlich an Kapselbiosynthese beteiligt	AF169324 (25)
ORF6 (VC0230)	247	BcbE <i>Pasteurella multocida</i> (46% / 63%) Hypoth. Protein, vermutlich an Kapselbiosynthese beteiligt	AF169324 (25)
ORF7 (VC0229)	309	Keine signifikante Ähnlichkeit zu bekannten Proteinen	
ORF8 (VC0228)	319	Hypoth. Protein MJ1292 <i>Methanococcus jannaschii</i> (21% / 42% im Bereich der AS 117-240)	C64461
ORF9 (VC0227)	251	Hypoth. Protein HI0260.1 <i>Haemophilus influenzae</i> (47% / 64%)	AAC21931.1
WaaX (VC0225)	355 (357)	Hypoth. Protein OpsX <i>Haemophilus influenzae</i> (46% / 64%) OpsX <i>Xanthomonas campestris</i> (40% / 58%) WaaQ <i>Salmonella typhimurium</i> (22% / 49%)	AAC21926.1 L21026 AF026386
LgtF (VC0224)	250 (259)	Heptosyltransferase IV LgtF <i>Haemophilus ducreyi</i> (67% / 79%) β-1-4-Glucosyltransferase	AF215936
WaaQ (VC0223)	345	Hypoth. Protein <i>Haemophilus influenzae</i> (55% / 70%) WaaQ <i>Haemophilus ducreyi</i> (55% / 68%) Hypoth. Protein Jhp1204 <i>Helicobacter pylori</i> (34% / 51%)	U32734 AF215936 AE001546
		Heptosyltransferase III	

Tabelle 14: **Sequenzähnlichkeiten der Produkte des *waa*-Gencluster zu anderen Proteinen.** Die Proteinbezeichnung für *V. cholerae* erfolgte nach der neuen Nomenklatur für Polysaccharid-Biosynthese-Gene (172). In Klammern wurde die Identität/ Ähnlichkeit zu den genannten Proteinen in % angegeben. 1) In der Zwischenzeit wurde die *V. cholerae* Genomsequenz veröffentlicht (85) und es ist nun möglich „online“ auf die ausgewerteten Sequenzdaten zurückzugreifen (TIGR). Die ausgewerteten Daten aus der Tabelle wurden mit der Genomsequenz verglichen. Kleinere Abweichungen ergaben sich in der Anzahl der AS der einzelnen ORFs. Die offizielle ORF-Bezeichnung sowie die Anzahl der AS wurden in Klammern nachträglich eingefügt.

Anmerkung:

- Ein zusätzlicher ORF (VC0226) mit 31 AS wurde in der *V. cholerae* Genomdatenbank annotiert, der in der Tabelle nicht aufgeführt ist.
- ORF VC0222 wurde in der *V. cholerae* Genomdatenbank als LPS-Kernbiosynthese-Gen *kdtB* annotiert aufgrund hoher Homologien zu *kdtB* von *E. coli* (61%/74%, Accession-Nr. AE000441). Funktionelle Analysen in *E. coli* haben aber gezeigt, daß das Genprodukt KdtB an der Coenzym A-Biosynthese beteiligt ist und nichts mit der LPS Biosynthese zu tun hat. In *E. coli* wurde *kdtB* umbenannt in *coaD* (73). Dieser ORF wurde deshalb nicht in das *waa*-Gencluster einbezogen.

2.2. Deletion von 546 bp aus dem *waa*-Gencluster im Stamm P27459res118

waaL→

```

M N N K I T K T S I F L T I S L L L I T
ATG AAT AAT AAA ATA ACT AAA ACC TCA ATT TTC CTT ACT ATC TCA CTA CTT TTA ATT ACA
TAC TTA TTA TTT TAT TGA TTT TGG AGT TAA AAG GAA TGA TAG AGT GAT GAA AAT TAA TGT

P G F S V V A V G L L T L Y S S V K L I
CCG GGA TTT TCT GTT GTA GCG GTA GGA TTA CTG ACT CTC TAC TCT AGT GTT AAA TTA ATT
GGC CCT AAA AGA CAA CAT CGC CAT CCT AAT GAC TGA GAG ATG AGA TCA CAA TTT AAT TAA

K N G L N L N K F D I I P L I T L S A Y
AAA AAT GGC TTA AAC CTT AAT AAA TTC GAC ATT ATT CCT CTT ATA ACC CTG AGT GCG TAT
TTT TTA CCG AAT TTG GAA TTA TTT AAG CTG TAA TAA GGA GAA TAT TGG GAC TCA CGC ATA

F L S N L P I T I I D G D T L R Y L D A
TTT TTG TCA AAC TTA CCA ATT ACC ATT ATT GAT GGT GAT ACT TTA AGA TAT TTA GAT GCA
AAA AAC AGT TTG AAT GGT TAA TGG TAA CTA CCA CTA TGA AAT TCT ATA AAT CTA CGT

G I R A L L C I P M Y F F I K N E I S K
GGC ATT CGT GCT CTG TTA TGT ATA CCT ATG TAC TTT TTC ATT AAG AAT GAA ATT TCC AAA
CCG TAA GCA CGA GAC AAT ACA TAT GGA TAC ATG AAA AAG TAA TTC TTA CTT TAA AGG TTT

G A N L D N T L C T S T I L A S F G A L
GGC GCA AAT TTA GAT AAC ACA CTA TGC ACA TCA ACC ATA TTG GCT TCT TTT GGT GCT TTA
CCG CGT TTA AAT CTA TTG TGT GAT ACG TGT AGT TGG TAT AAC CGA AGA AAA CCA CGA AAT

A F A F Y Q F F I L N M P R V D G F L F
GCG TTT GCT TTT TAT CAA TTT TTC ATA TTA AAC ATG CCA CGC GTT GAT GGT TTT CTA TTT
CGC AAA CGA AAA ATA GTT AAA AAG TAT AAT TTG TAC GGT GCG CAA CTA CCA AAA GAT AAA

S I N F G Y L A A A L A I L S F G L S F
AGT ATC AAC TTC GGT TAT CTC GCA GCA GCT TTA GCT ATC TTA TCT TTT GGC TTG TCA TTT
TCA TAG TTG AAG CCA ATA GAG CGT CGA AAT CGA TAG AAT AGA AAA CCG AAC AGT AAA

Primer: waaLseq

T Q T R F K Y Y L Y L S V V A A T V A T
ACA CAA ACA AGA TTC AAA TAT TAT TTG TAT CTC TCA GTT GTA GCT GCA ACA GTG GCG ACA
TGT GTT TGT TCT AAG TTT ATA ATA AAC ATA GAG AGT CAA CAT CGA CGT TGT CAC CGC TGT

I L T L T R G A I L T L L F V F I L F F
ATC TTA ACC TTA ACA AGA GGA GCC ATT TTA ACG CTA CTC TTT GTT TTC ATC TTG TTC TTT
TAG AAT TGG AAT TGT TCT CCT CGG TAA AAT TGC GAT GAG AAA CAA AAG TAG AAC AAG AAA

I V N V R K I K F K Q T L V F T L I S F
ATC GTC AAT GTA AGA AAA ATA AAA TTT AAG CAA ACC CTT GTT TTT ACT CTA ATC AGT TTT
TAG CAG TTA CAT TCT TTT TAT TTT AAA TTC GTT TGG GAA CAA AAA TGA GAT TAG TCA AAA

L L V S V S Y Q F S P R I Q E R V D F T
TTA TTA GTC TCA GTC AGT TAT CAA TTT TCA CCG CGT ATA CAA GAA CGG GTT GAT TTT ACA
AAC AAT CAG AGT CAG TCA ATA GTT AAA AGT GGC GCA TAT GTT CTT GCC CAA CTA AAA TGT

I F E I S S I A S N N I H A A A S S G G
ATT TTT GAA ATA TCC AGC ATT GCC AGT AAC AAT ATT CAC GCT GCA GCT TCA TCA GGG GGG
TAA AAA CTT TAT AGG TCG TAA CGG TCA TTG TTA TAA GTG CGA CGT CGA AGT AGT CCC CCC

R L Q L W Y A A V E A F K H N P I W G T
CGA CTT CAA CTC TGG TAT GCC GCT GTT GAA GCA TTT AAA CAC AAT CCA ATT TGG GGT ACT
GCT GAA GTT GAG ACC ATA CGG CGA CAA CTT CGT AAA TTT GTG TTA GGT TAA ACC CCA TGA

T Y S E R E S L N I E L F K E G K V D E
ACG TAT TCG GAA AGA GAA AGC TTA AAT ATT GAA CTT TTT AAA GAA GGA AAA GTG GAT GAA
TGC ATA AGC CTT TCT CTT TCG AAT TTA TAA CTT GAA AAA TTT CTT CCT TTT CAC CTA CTT

W T S T V P R G H A H S Q Y F E A I A S
TGG ACG AGC ACG GTG CCC AGA GGT CAT GCA CAT AGC CAG TAT TTT GAA GCT ATA GCT AGT
ACC TGC TCG TGC CAC GGG TCT CCA GTA CGT GTA TCG GTC ATA AAA CTT CGA TAT CGA TCA

```

Deletion in P27459res118

N G T L G I L A I F A M L I L P F G V F
 AAT GGA ACA TTG GGA ATT CTG GCG ATT TTC GCG ATG CTT ATC TTA CCA TTT GGG GTA TTT
 TTA CCT TGT AAC CCT TAA GAC CGC TAA AAG CGC TAC GAA TAG AAT GGT AAA CCC CAT AAA

L N D Y R K T G S P I S Q T G Y L F A F
 TTA AAC GAC TAT CGA AAA ACA GGC TCT CCA ATC AGC CAA ACT GGA TAC CTT TTT GCC TTT
 AAT TTG CTG ATA GCT TTT TGT CCG AGA GGT TAG TCG GTT TGA CCT ATG GAA AAA CGG AAA

G F I I F C L T E A P L Q A N L I G T F
 GGG TTT ATC ATT TTC TGT TTA ACT GAA GCA CCA CTA CAA GCC AAC CTT ATT GGA ACT TTT
 CCC AAA TAG TAA AAG ACA AAT TGA CTT CGT GGT GAT GTT CGG TTG GAA TAA CCT TGA AAA

Y G F M V A I F Y A Y I A A K R A K N
 TAT GGC TTT ATG GTG GCA ATT TTT TAT GCT TAC ATC GCA GCC AAA AGA GCA AAA AAT TG
 ATA CCG AAA TAC CAC CGT TAA AAA ATA CGA ATG TAG CGT CGG TTT TCT CGT TTT TTA AC

waaF→

M K I L V I G P S W V G D M V M S Q S L
 ATG AAA ATT CTT GTT ATT GGC CCT TCT TGG GTT GGC GAT ATG GTC ATG TCA CAA AGC TTG
 TAC TTT TAA GAA CAA TAA CCG GGA AGA ACC CAA CCG CTA TAC CAG TAC AGT GTT TCG AAC

Y Q R L K Q Q H P D A Q I D V L A P A W
 TAC CAG CGC CTA AAA CAA CAG CAT CCT GAT GCA CAA ATT GAC GTT TTA GCT CCT GCT TGG
 ATG GTC GCG GAT TTT GTT GTC GTA GGA CTA CGT GTT TAA CTG CAA AAT CGA GGA CGA ACC

C K P I L E R M P E V N Q A I E M T I G
 TGT AAG CCC ATT TTG GAA CGC ATG CCT GAG GTC AAT CAA GCG ATT GAA ATG ACC ATA GGT
 ACA TTC GGG TAA AAC CTT GCG TAC GGA CTC CAG TTA GTT CGC TAA CTT TAC TGG TAT CCA

H G A F N L L G R R A I G C E L R D N R
 CAC GGT GCT TTC AAT CTG CTT GGG CGA CGT GCG ATT GGG TGT GAG CTG CGC GAT AAT CGG
 GTG CCA CGA AAG TTA GAC GAA CCC GCT GCA CGC TAA CCC ACA CTC GAC GCG CTA TTA GCC

Y T H A I V L P N S A K S A L I P W F A
 TAT ACC CAT GCC ATT GTG CTG CCT AAT TCA GCT AAA TCA GCC TTG ATC CCT TGG TTT GCT
 ATA TGG GTA CGG TAA CAC GAC GGA TTA AGT CGA TTT AGT CGG AAC TAG GGA ACC AAA CGA

Deletion in P27459res118

N I P K R T G W K G E F R Y G L L N D L
 AAC ATT CCA AAA CGT ACC GGC TGG AAA GGG GAA TTT CGC TAC GGC TTA CTC AAT GAT TTG
 TTG TAA GGT TTT GCA TGG CCG ACC TTT CCC CTT AAA GCG ATG CCG AAT GAG TTA CTA AAC

R P D K R V F Q Y M V E R Y V A L A H P
 CGC CCA GAT AAG CGT GTT TTC CAA TAT ATG GTG GAA AGG TAT GTT GCT TTG GCT CAC CCA
 GCG GGT CTA TTC GCA CAA AAG GTT ATA TAC CAC CTT TCC ATA CAA CGA AAC CGA GTG GGT

K A T M L A D V S L E H C P R P K L V I
 AAA GCC ACA ATG CTT GCC GAT GTT TCG TTA GAA CAT TGC CCA AGA CCT AAA CTC GTC ATC
 TTT CGG TGT TAC GAA CGG CTA CAA AGC AAT CTT GTA ACC GGT TCT GGA TTT GAG CAG TAG

Primer: waaFseq

D A I V Q Q A A R Q R L S L V S S R P V
 GAC GCC ATC GTG CAG CAA GCC GCT CGA CAG CGA CTC AGC TTA GTC TCA TCA CGT CCC GTC
 CTG CGG TAG CAC GTC GTT CGG CGA GCT GTC GCT GAG TCG AAT CAG AGT AGT GCA GGG CAG

I G L C P G A E F G P A K R W P D H Y Y
 ATT GGA CTC TGT CCT GGT GCA GAA TTT GGC CCC GCG AAA CGC TGG CCT GAT CAT TAC TAC
 TAA CCT GAG ACA GGA CCA CGT CTT AAA CCG GGG CGC TTT GCG ACC GGA CTA GTA ATG ATG

A E V A R Y A I E Q G F Q V W L F G S A
 GCT GAA GTC GCT CGT TAT GCT ATT GAG CAA GGT TTT CAA GTA TGG CTT TTT GGC TCA GCA
 CGA CTT CAG CGA GCA ATA CGA TAA CTC GTT CCA AAA GTT CAT ACC GAA AAA CCG AGT CGT

K D H S V T T Q I Q Q A L S E E Q R E Y
 AAA GAT CAC TCC GTC ACC ACC CAA ATT CAA CAG GCT TTA AGT GAA GAA CAG CGG GAA TAC
 TTT CTA GTG AGG CAG TGG TGG GTT TAA GTT GTC CGA AAT TCA CTT CTT GTC GCC CTT ATG

```

C   A   N   L   A   G   E   T   S   L   I   E   A   V   D   L   L   A   A   C
TGC  GCC  AAT  CTC  GCC  GGA  GAA  ACC  TCC  CTC  ATC  GAA  GCC  GTT  GAT  CTT  CTT  GCA  GCT  TGC
ACG  CGG  TTA  GAG  CGG  CCT  CTT  TGG  AGG  GAG  TAG  CTT  CGG  CAA  CTA  GAA  GAA  CGT  CGA  ACG

H   T   V   V   S   N   D   S   G   L   M   H   V   S   A   A   V   G   C   N
CAT  ACT  GTG  GTC  AGT  AAC  GAT  TCT  GGT  TTA  ATG  CAC  GTT  TCA  GCC  GCT  GTT  GGT  TGT  AAC
GTA  TGA  CAC  CAG  TCA  TTG  CTA  AGA  CCA  AAT  TAC  GTG  CAA  AGT  CGG  CGA  CAA  CCA  ACA  TTG

I   V   A   I   Y   G   S   S   P   K   Y   T   P   P   L   T   D   K   L
ATT  GTG  GCA  ATT  TAT  GGT  TCA  AGC  TCT  CCC  AAA  TAT  ACA  CCA  CCA  CTG  ACG  GAT  AAA  CTG
TAA  CAC  CGT  TAA  ATA  CCA  AGT  TCG  AGA  GGG  TTT  ATA  TGT  GGT  GAC  TGC  CTA  TTT  GAC

A   V   V   H   T   E   I   E   C   R   P   C   F   K   R   V   C   P   L   E
GCA  GTC  GTA  CAT  ACA  GAG  ATC  GAA  TGT  CGT  CCG  TGC  TTT  AAG  CGA  GTA  TGT  CCG  TTA  GAA
CGT  CAG  CAT  GTA  TGT  CTC  TAG  CTT  ACA  GCA  GGC  ACG  AAA  TTC  GCT  CAT  ACA  GGC  AAT  CTT

H   L   N   C   L   N   Q   L   K   P   A   Q   V   I   K   A   L   D   K   F
CAT  TTA  AAT  TGC  TTA  AAT  CAA  CTA  AAA  CCT  GCA  CAA  GTC  ATT  AAA  GCT  TTA  GAT  AAA  TTT
GTA  AAT  TTA  ACG  AAT  TTA  GTT  GAT  TTT  GGA  CGT  GTT  CAG  TAA  TTT  CGA  AAT  CTA  TTT  AAA

I   G   K   D   S
ATT  GGA  AAA  GAT  TCA
TAA  CCT  TTT  CTA  AGT

```

Abb. 31: DNA- und Proteinsequenz der putativen O-Antigen-Ligase (*waaL*) und HeptosyltransferaseI (*waaF*).
Eingezeichnet sind weiterhin die Deletion im Stamm P27459res118 sowie die verwendeten Sequenzierprimer.

3. Erklärungen

Ich versichere, daß ich diese Arbeit selbstständig und nur unter Verwendung der angegebenen Quellen und Hilfsmittel angefertigt habe.

Weiterhin versichere ich, daß die Dissertation bisher nicht in gleicher oder ähnlicher Form in einem anderen Prüfungsverfahren vorgelegen hat und ich bisher keine akademischen Grade erworben oder zu erwerben versucht habe.

Würzburg im Oktober 2000

Jutta Nesper

4. Publikationen

1. Nesper, J., Smith, R.W.P., Kautz, A.R., Sock, E., Wegner, M., Grummt, F. and Nasheuer, H-P. (1997) A cell-free replication system for human polyomavirus JC DNA. *J. Virol.* **71**:7421-7428
2. Nesper, J., Blaß, J., Fountoulakis, M. and Reidl, J. (1999). Characterization of the major control region of *Vibrio cholerae* bacteriophage K139: immunity, exclusion, and integration. *J. Bacteriol.* **181**:2902-2913
3. Nesper, J., Kapfhammer, D., Klose, K. E., Merkert, H. and Reidl, J. (2000). Characterization of *Vibrio cholerae* O1 antigen as bacteriophage K139 receptor, and identification of IS1004 insertions aborting O1 antigen biosynthesis. *J. Bacteriol.* **182**:5097-5104.
4. Nesper, J., Lauriano, C., Klose, K.E., Kapfhammer, D., Kraiß, A. and Reidl, J. (2000). Characterization of *Vibrio cholerae* O1 El Tor *galU* and *gale* mutants: influence on lipopolysaccharide structure, colonization, and biofilm formation. *Infect. Immun.* Im Druck.

5. Lebenslauf

Name:	Jutta Nesper
Geburtsdatum:	13.10.1962
Geburtsort:	Pliezhausen, Kreis Tübingen
Wissen-schaftliche Anstellungen:	seit Jan. 1997 Universität Würzburg; Experimentelle Arbeiten zur Biologie des <i>Vibrio cholerae</i> Phagen K139 und zur vorliegenden Dissertation am Zentrum für Infektionsforschung in der Gruppe von Dr. Joachim Reidl
	Mai 1996 - Dez. 1996 Ludwig-Maximilians-Universität München; Experimentelle Arbeiten zur Replikation in eukaryotischen Zellen am Institut für Molekulare Biotechnologie in Jena in der Gruppe von Dr. Heinz-Peter Nasheuer
Studium:	WS 90/91 - März 96 Studium der Biologie an der Universität Konstanz; Diplomprüfung in den Fächern Mikrobiologie und Biochemie; Experimentelle Diplomarbeit am Lehrstuhl für Mikrobiologie bei Prof. Boos in der Gruppe von Dr. Verena Weiß; Thema: „Untersuchungen zur Regulation der <i>glnA</i> -Expression in <i>Escherichia coli</i> “
Abitur:	1990 Allg. Hochschulreife am Abendgymnasium in Reutlingen (Besuch des Abendgymnasiums von 1985-1990)
Berufs-tätigkeit:	April 1987 - Sept. 1990 Schreibwarengeschäft Ernst Nesper in Reutlingen (Der Wechsel in das elterliche Geschäft war notwendig, aufgrund eines Unfalls meines Vaters)
	Jan. 1983 - März 1987 Reutlinger General-Anzeiger, Abteilungen Anzeigenbuchhaltung und Bildschirmtext
Berufsausbildung:	Sept. 1980 - Jan. 1983 Zweieinhalbjährige Ausbildung als Kaufmann im Zeitungs- und Zeitschriftenverlag bei der Firma Oertel & Spörer in Reutlingen Abschluß: Kaufmannsgehilfenbrief
Schulbildung:	1978-1980 Wirtschaftsschule in Reutlingen, Abschluß: Fachschulreife 1973-1978 Hauptschule in Reutlingen 1969-1973 Grundschule in Reutlingen