

Anhang 6.2.3: Stammspezifisch regulierte Gene *fliA*

Experimente mit n Wiederholungen und Standardabweichung (\pm) sind oberhalb der Tabelle angegeben. Die Bezeichnung für die Lokalisation der einzelnen Gene in *H. pylori* 26695 (TIGR Nr.) und die englische Genbeschreibung (Gene Description) sind für die einzelnen Quotienten der Signalintensitäten des *H. pylori* Wildtyps (wt) zur entsprechenden Mutante angegeben. Die Hoch- oder Herunterregulation von einzelnen Genen in der Mutante im Vergleich zum Wildtyp ist durch rote bzw. grüne Unterlegung der Felder hervorgenoben. N.D. - kein Wert bestimmt; HpN6 - *H. pylori* N6; Hp88 - *H. pylori* 88-3887

TIGR Nr.	GeneDescription	HpN6 wt / <i>fliA</i> (n=5)		Hp88 wt / <i>fliA</i> (n=3)	
		[PCR-Array]	\pm	[PCR-Array]	\pm
HP0166	Response regulator	2,9	0,3	1,5	0,2
HP0243	neutrophil activating protein (napA)	2,1	0,8	1,6	0,5
HP0294	aliphatic amidase	11,0	3,3	0,8	0,4
HP0296	ribosomal protein L21	2,2	0,6	1,0	0,2
HP0390	adhesin-thiol peroxidase	2,0	0,5	1,5	1,0
HP0410	Flagellar sheath associated protein (<i>hpa2</i>)	2,1	0,9	1,0	0,0
HP0493	phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase	2,3	2,1	1,2	0,1
HP0504	hypothetical protein	4,0	1,2	1,4	0,1
HP0594	hypothetical protein	2,0	0,3	1,3	0,2
HP0614	hypothetical protein	2,7	0,8	0,5	0,0
HP0686	iron(III) dicarboxylate transport protein	4,2	0,8	0,8	0,1
HP0804	GTP cyclohydrolase II/3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	2,3	0,8	1,0	0,0
HP0876	iron-regulated outer membrane protein	2,0	1,3	1,2	0,2
HP0877	Holliday junction endodeoxyribonuclease	2,7	0,1	0,9	0,0
HP0954	oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase	2,1	0,2	0,9	0,0
HP1042	hypothetical protein	4,0	0,7	1,7	0,1
HP1125	peptidoglycan associated lipoprotein precursor	2,0	0,5	1,3	0,1
HP1172	glutamine ABC transporter, periplasmic glutamine-binding protein	2,4	0,8	1,1	0,1
HP1339	biopolymer transport protein	2,3	0,4	1,3	0,3
HP1340	biopolymer transport protein	2,1	0,2	1,0	0,2
HP1432	histidine and glutamine-rich protein	4,1	0,9	0,9	0,1
HP1039	no description available	1,1	0,1	2,0	0,1
HP1029	Hypothetical protein	1,4	0,3	2,2	0,1
HP0990	hypothetical protein	0,9	0,1	2,4	0,1
HP0939	amino acid ABC transporter, permease protein	1,0	0,1	3,2	0,8
HP0879	hypothetical protein	1,4	0,4	2,0	0,2
HP0697	hypothetical protein	0,9	0,2	2,3	0,1
HP0632	quinone-reactive Ni/Fe hydrogenase, large subunit	0,4	0,1	2,9	0,3
HP0629	hypothetical protein	1,0	0,1	2,0	0,2
HP0492	Putative flagellar sheath associated protein (<i>hpaA3</i>)	1,4	0,4	3,2	0,3
HP0471	glutathione-regulated potassium-efflux system protein	1,0	0,1	2,6	1,0
HP0412	hypothetical protein	0,8	0,3	2,4	0,6
HP0378	cytochrome c biogenesis protein	0,9	0,1	2,1	0,6
HP0348	single-stranded-DNA-specific exonuclease	0,9	0,0	4,8	0,3
HP0100	conserved hypothetical protein	1,1	0,1	2,1	1,5
HP0111	hypothetical protein	0,5	0,1	1,1	0,1
HP0633	quinone-reactive Ni/Fe hydrogenase, cytochrome b subunit	0,4	0,1	1,2	0,1
HP0634	quinone-reactive Ni/Fe hydrogenase	0,5	0,1	1,1	0,1
HP0653	nonheme iron-containing ferritin	0,2	0,1	1,3	0,3
HP0663	chorismate synthase	0,5	0,2	1,5	0,1
HP1024	co-chaperone-curved DNA binding protein A	0,4	0,1	1,6	1,0
HP1108	pyruvate ferredoxin oxidoreductase, gamma subunit	0,5	0,1	1,0	0,3
HP1109	pyruvate ferredoxin oxidoreductase, delta subunit	0,5	0,2	1,1	0,2
HP1111	pyruvate ferredoxin oxidoreductase, beta subunit	0,5	0,1	1,2	0,2
HP1179	phosphopentomutase	0,5	0,1	0,9	0,2
HP1181	multidrug-efflux transporter	0,5	0,1	1,1	0,1
HP1326	hypothetical protein	0,5	0,1	0,8	0,2
HP1461	cytochrome c551 peroxidase	0,5	0,1	1,1	0,1
tnpA	no description available	0,5	0,4	0,9	0,3
HP0012	DNA primase	1,5	1,2	0,3	0,1
HP0315	virulence associated protein D	1,2	0,2	0,5	0,0
HP0502	hypothetical protein	1,0	0,0	0,4	0,0
HP0534	cag pathogenicity island protein	0,9	0,3	0,5	0,0
HP0779	aconitase B	0,7	0,0	0,5	0,0
HP0810	conserved hypothetical protein	1,2	0,1	0,5	0,1
HP0851	conserved hypothetical integral membrane protein	1,3	0,2	0,5	0,0
HP0941	no description available	1,0	0,4	0,5	0,1
HP1406	biotin synthetase	1,1	0,1	0,4	0,4
mod1	no description available	1,0	0,0	0,5	0,0

