

Anhang 6.2.4: Stammspezifisch regulierte Gene *flhF*

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 hervorgehoben. N.D. - kein Wert bestimmt; HpN6 - *H. pylori* N6; Hp88 - *H. pylori* 88-3887

TIGR Nr.	GeneDescription	HpN6 wt / <i>flhF</i>		Hp88 <i>flhF</i> / <i>flhF</i>	
		(n=4)	#	(n=2)	#
HP0004	carbonic anhydrase	2,6	0,6	1,2	0,2
HP0078	hypothetical protein	8,3	9,8	0,9	0,0
HP0279	lipopolysaccharide heptosyltransferase-1	2,3	1,1	1,4	0,0
HP0294	aliphatic amidase	6,2	0,8	0,3	0,0
HP0650	hypothetical protein	2,3	1,7	0,9	0,0
HP0686	iron(III) dicitrate transport protein	7,6	4,5	0,4	0,0
HP0802	GTP cyclohydrolase II	2,8	1,3	0,8	0,2
HP0877	Holliday junction endodeoxyribonuclease	2,4	0,5	0,8	0,1
HP0940	amino acid ABC transporter, periplasmic binding protein	2,5	0,4	1,0	0,1
HP1282	anthranilate synthase component I	2,8	1,4	1,0	0,1
HP1339	biopolymer transport protein	2,0	0,3	1,1	0,1
HP1432	histidine and glutamine-rich protein	3,3	0,8	0,7	0,2
HP0243	neutrophil activating protein (napA)	0,7	0,4	2,4	0,3
HP0261	hypothetical protein	1,0	0,1	2,2	0,0
HP0262	hypothetical protein	1,6	0,2	2,3	0,0
HP0263	adenine specific DNA methyltransferase	1,3	0,1	3,9	0,0
HP0471	glutathione-regulated potassium-efflux system protein	0,8	0,1	2,2	0,6
HP0474	molybdenum ABC transporter, permease protein	1,5	0,0	8,9	0,0
HP0629	hypothetical protein	1,1	0,0	2,2	0,2
HP0640	poly(A) polymerase	0,9	0,0	3,9	0,0
HP0653	nonheme iron-containing ferritin	0,1	0,1	2,5	0,2
HP0669	hypothetical protein	0,2	0,1	2,2	0,2
HP1007	transposase-like protein, PS3IS, authentic frameshift	1,6	0,2	2,8	1,4
HP1027	ferric uptake regulation protein	0,9	0,3	2,3	0,5
HP1071	phosphatidylserine synthase	1,1	0,1	2,1	0,0
HP1087	riboflavin biosynthesis regulatory protein	N.D.		10,9	0,0
HP1170	glutamine ABC transporter, permease protein	N.D.		2,1	0,0
HP1425	hypothetical protein	1,4	0,4	2,0	0,0
HP1427	histidine-rich, metal binding polypeptide	0,7	0,1	2,5	0,5
HP1447	ribosomal protein L34	1,0	0,1	2,3	1,5
HP0011	co-chaperone	0,5	0,2	0,9	0,2
HP0031	hypothetical protein	0,5	0,1	1,2	0,3
HP0110	co-chaperone and heat shock protein	0,4	0,2	1,2	0,4
HP0111	hypothetical protein	0,3	0,1	1,6	0,3
HP0147	cytochrome c oxidase, diheme subunit, membrane-bound	0,5	0,1	1,5	0,3
HP0229	outer membrane protein	0,5	0,2	1,6	0,2
HP0318	conserved hypothetical protein	0,3	0,0	1,0	0,1
HP0334	conserved hypothetical protein	0,5	0,1	0,9	0,1
HP0388	conserved hypothetical protein	0,5	0,1	1,6	0,0
HP0389	superoxide dismutase	0,4	0,1	1,7	0,2
HP0470	oligoendopeptidase F	0,5	0,1	1,2	0,2
HP0520	cag pathogenicity island protein	0,5	0,2	1,2	0,1
HP0541	cag pathogenicity island protein	0,5	0,0	1,3	0,2
HP0632	quinone-reactive Ni/Fe hydrogenase, large subunit	0,3	0,0	1,1	0,1
HP0633	quinone-reactive Ni/Fe hydrogenase, cytochrome b subunit	0,3	0,1	1,3	0,1
HP0634	quinone-reactive Ni/Fe hydrogenase	0,5	0,1	1,1	0,1
HP0637	hypothetical protein	0,5	0,3	1,5	0,0
HP0689	hypothetical protein	0,3	0,0	1,6	0,3
HP0723	L-asparaginase II	0,3	0,1	1,2	0,1
HP0874	KapA protein	0,3	0,1	1,6	0,0
HP0875	catalase	0,5	0,1	1,5	0,2
HP0893	hypothetical protein	0,5	0,0	1,2	0,0
HP0912	outer membrane protein	0,5	0,0	1,2	0,0
HP1024	co-chaperone-curved DNA binding protein A	0,3	0,1	1,5	0,4
HP1109	pyruvate ferredoxin oxidoreductase, delta subunit	0,5	0,1	0,9	0,1
HP1227	cytochrome c553	0,5	0,1	1,4	0,3
HP1326	hypothetical protein	0,3	0,1	1,0	0,1
HP1461	cytochrome c551 peroxidase	0,5	0,0	1,7	0,1
HP1502	hypothetical protein	0,5	0,3	1,8	0,3
HPrrnA5S	no description available	0,5	0,2	1,1	0,1
HP0059	hypothetical protein	1,4	0,6	0,5	0,0
HP1238	aliphatic amidase	N.D.	1,4	0,5	0,0