

Verzeichnis der erfolgten Publikationen:

- Thewes, S., Kretschmar, M., Park, H., Schaller, M., Filler, S. G., and Hube, B. (2007) *In vivo* and *ex vivo* comparative transcriptional profiling of invasive and non-invasive *Candida albicans* isolates identifies genes associated with tissue invasion. *Mol Microbiol* 63(6): 1606-1628
- Eckert, S. E., Heinz, W. J., Zakikhany, K., Thewes, S., Haynes, K., Hube, B., and Muhlschlegel, F. A. (2007) *PGA4*, a *GAS* homologue from *Candida albicans*, is up-regulated early in infection processes. *Fungal Genet Biol* [in press]
- Thewes, S., Reed, H.-K., Grosse-Siestrup, C., Groneberg, D. A., Meissler, M., Schaller, M., and Hube, B. (2007) Haemoperfused liver as an *ex vivo* model for organ invasion of *Candida albicans*. *J Med Microbiol* 56: 266-70.
- Mavor, A. L., Thewes, S., and Hube, B. (2005) Systemic fungal infections caused by *Candida* species: epidemiology, infection process and virulence attributes. *Curr Drug Targets* 6(8): 863-74. Review.
- Moran, G., Stokes, C., Thewes, S., Hube, B., Coleman, D. C., and Sullivan, D. (2004) Comparative genomics using *Candida albicans* DNA microarrays reveals absence and divergence of virulence-associated genes in *Candida dubliniensis*. *Microbiology*. 150(Pt 10):3363-82.

Anhang:

Tabelle A1: Transkriptionsprofil in SD-Medium. Signifikant stärker exprimierte Gene aus Stamm ATCC10231 im Vergleich zu Stamm SC5314.

Genname ^a	orf19-Nr.	Beschreibung	Normalisierte Ratio ^b	t-Test P-Wert ^c
<i>MEP2</i>	orf19.5672	Ammonium-Permease mit hoher Affinität und geringer Kapazität (aufgrund von Homologie)	20,4	0,032
<i>IFA19</i>	orf19.5141	unbekannte Funktion	13,9	0,030
<i>MLS1</i>	orf19.4833	Malat-Synthase	12,7	1,13E-07
<i>AMO1</i>	orf19.5784	Amin-Oxidase (aufgrund von Homologie)	11,6	0,044
<i>YHB1</i>	orf19.3707	Flavohämoglobin (aufgrund von Homologie)	10,9	0,002
<i>IPF13264</i>	orf19.2748	Zink-Finger Transkriptionsfaktor des Zn(2)-Cys(6)-Binukleären-Cluster-Domäne Typs (aufgrund von Homologie)	6,3	6,38E-04
<i>MNN22</i>	orf19.11284	Golgi α -1,2-Mannosyltransferase (aufgrund von Homologie)	5,6	4,23E-05
<i>IPF14871</i>	orf19.4132	unbekannte Funktion	5,3	0,013
<i>ACR1</i>	orf19.3931	Succinat-Fumarat Transporter (aufgrund von Homologie)	5,2	0,002
<i>ALS4.3F</i>	orf19.4556	Agglutinin-ähnliches Protein, 3'-Ende	5,1	0,001
<i>IPF19749</i>	orf19.94	unbekannte Funktion	5,1	0,002
<i>IPF19908</i>	orf19.1344	unbekannte Funktion	4,6	4,98E-04
<i>IPF15015</i>	orf19.13055	unbekannte Funktion	4,6	0,020
<i>IPF11428</i>	orf19.6470	unbekannte Funktion	4,4	0,003
<i>IPF6913</i>	orf19.11273	unbekannte Funktion	4,3	8,14E-04
<i>IPF16598</i>	orf19.7781	unbekannte Funktion	4,3	0,002
<i>ALS12.3F</i>	orf19.2122	Agglutinin-ähnliches Protein, 3'-Ende	4,2	3,04E-04
<i>GLK1</i>	orf19.1408	Aldohexose spezifische Glukokinase (aufgrund von Homologie)	4,1	8,37E-04
<i>GAT1</i>	orf19.1275	Stickstoff-Regulation (aufgrund von Homologie)	4,1	8,41E-04
<i>IPF7968</i>	orf19.2693	unbekannte Funktion	4,0	4,43E-04
<i>NEM1</i>	orf19.4657	Nötig für nucleäre Morphologie (aufgrund von Homologie)	4,0	0,001
<i>IPF4369</i>	orf19.5917	Ähnlich zu <i>S. cerevisiae</i> Stp2 (aufgrund von Homologie)	3,8	9,61E-04
<i>IPF20104</i>	orf19.5517	Alkohol-Dehydrogenase (aufgrund von Homologie)	3,5	3,40E-04
<i>IPF16194</i>	orf19.9501	unbekannte Funktion	3,5	0,004
<i>AMO2</i>	orf19.3152	Amin-Oxidase (aufgrund von Homologie)	3,5	0,011
<i>IPF3367</i>	orf19.4024	Riboflavin-Synthase (aufgrund von Homologie)	3,3	3,93E-04
<i>TFS1</i>	orf19.1974	Cdc25-abhängiger Zellzyklus Regulator der Nährstoff- und Ammonium-Antwort (aufgrund von Homologie)	3,3	0,008
<i>IPF6629</i>	orf19.2762	unbekannte Funktion	3,2	2,87E-04
<i>TTR1</i>	orf19.6059	Glutaredoxin (aufgrund von Homologie)	3,1	6,36E-04
<i>KRE1</i>	orf19.4377	Protein des sekretorischen Wegs	3,0	0,002
<i>IPF7778</i>	orf19.2966	putative Carboxymethylenbutenolidase (Dienlacton-Hydrolase, DLH) (aufgrund von Homologie)	3,0	0,003
<i>RIB3</i>	orf19.12693	3,4-Dihydroxy-2-butanon-4-phosphat-Synthase (aufgrund von Homologie)	3,0	0,003
<i>ADH1</i>	orf19.3997	Alkohol-Dehydrogenase (aufgrund von Homologie)	2,9	3,39E-04
<i>IPF3144</i>	orf19.4220	unbekannte Funktion	2,7	0,009
<i>IPF3937</i>	orf19.8487	Unbekannte Funktion	2,7	0,010
<i>IPF1580</i>	orf19.968	unbekannte Funktion	2,6	7,37E-04
<i>YKE2.3</i>		Gim-Komplex Komponente, 3'-Ende (aufgrund von Homologie)	2,6	0,002
<i>HSL1</i>	orf19.4308	Ser/Thr Proteinkinase (aufgrund von Homologie)	2,5	0,013

<i>IPF15297</i>	orf19.3053	unbekannte Funktion	2,4	0,004
<i>IPF19953</i>	orf19.5642	unbekannte Funktion	2,4	0,004
<i>GPH1</i>	orf19.7021	Glykogen-Phosphorylase (aufgrund von Homologie)	2,4	0,004
<i>IPF168</i>	orf19.3226	unbekannte Funktion	2,4	0,006
<i>IPF14203</i>	orf19.1078	Ähnlichkeit zu verschiedenen Transaminasen, 3'-Ende (aufgrund von Homologie)	2,4	0,011
<i>IPF14662</i>	orf19.4317	D-Xylose-Reduktase (aufgrund von Homologie)	2,4	0,015
<i>ZORRO1A</i>	orf19.559	Putative Reverse Transkriptase	2,4	0,017
<i>IPF6785</i>	orf19.997	unbekannte Funktion	2,3	0,012
<i>MIG1</i>	orf19.4318	transkriptioneller Regulator	2,3	0,013
<i>IPF5330</i>	orf19.10952	unbekannte Funktion	2,3	0,024
<i>COF1</i>		Cofilin (aufgrund von Homologie)	2,2	0,003
<i>IPF19968</i>	orf19.220	putatives Zellwandprotein der PIR Familie	2,2	0,009
<i>IPF8995</i>	orf19.4633	unbekannte Funktion	2,2	0,010
<i>SDH42</i>	orf19.4022	Succinat-Dehydrogenase Membrananker-UE für Sdh2 (aufgrund von Homologie)	2,2	0,010
<i>IPF3806</i>	orf19.285	unbekannte Funktion	2,2	0,015
<i>IPF1404</i>	orf19.6065	unbekannte Funktion	2,2	0,034
<i>MRPL38</i>	orf19.5684	ribosomales Protein der großen UE (L14), mitochondrial, aufgrund von Homologie	2,1	0,005
<i>STI1</i>	orf19.10702	stress-induziertes Protein (aufgrund von Homologie)	2,1	0,010
<i>CNB1</i>	orf19.4009	Protein-Phosphatase, Calcineurin B (aufgrund von Homologie)	2,1	0,013
<i>IPF1547</i>	orf19.949	unbekannte Funktion	2,1	0,022
<i>VMA5</i>	orf19.9712	H ⁺ -ATPase V1 Domäne; 42 kDa UE (aufgrund von Homologie)	2,0	0,025
<i>CAT1</i>	orf19.6229	Katalase A, peroxisomal (aufgrund von Homologie)	2,0	0,013
<i>IPF13316</i>	orf19.2269	unbekannte Funktion	2,0	0,017
<i>IPF1509</i>	orf19.346	putative Alanin-Transaminase (aufgrund von Homologie)	2,0	0,018
<i>POL30</i>	orf19.4616	Proliferierendes nukleäres Antigen (aufgrund von Homologie)	1,9	0,013
<i>HHT3</i>	orf19.6791	Histon H3	1,9	0,007
<i>HTA1</i>	orf19.6924	Histon H2A (aufgrund von Homologie)	1,9	0,033
<i>IPF7010.3</i>	orf19.4241	unbekannte Funktion, 3'-Ende	1,9	0,035
<i>HHF22</i>	orf19.1854	Histon H4 (aufgrund von Homologie)	1,8	0,008
<i>IPF15957</i>		unbekannte Funktion	1,8	0,009
<i>ECM33.3</i>		Zellwand Biogenese, 3'-Ende (aufgrund von Homologie)	1,8	0,013
<i>HHT21</i>	orf19.1061	Histon H3	1,8	0,032
<i>IPF8841</i>	orf19.6132	unbekannte Funktion	1,8	0,037
<i>PMM1</i>	orf19.2937	Phosphomannomutase	1,7	0,019
<i>CPY1.3F</i>	orf19.8919	Carboxypeptidase Y-Vorläufer, 3'-Ende	1,7	0,027
<i>GLR1</i>	orf19.11623	aufgrund von Ähnlichkeit zu <i>S. cerevisiae</i> and <i>C. albicans</i> : Glutathion-Reduktase	1,7	0,033
<i>SOD2</i>	orf19.3340	Mangan-Superoxid-Dismutase	1,7	0,034
<i>NHP6A</i>		chromosomales Protein	1,6	0,039
<i>IPF17237</i>	orf19.3335	unbekannte Funktion	1,6	0,038
<i>GPM1</i>	orf19.903	Phosphoglycerat-Mutase (aufgrund von Homologie)	1,6	0,033
<i>MCR1</i>	orf19.3507	NADH-Cytochrom-b5-Reduktase (aufgrund von Homologie)	1,6	0,036

^aGennamen nach CandidaDB; ^bATCC10231 im Vergleich zu SC5314; ^cStudent's *t*-Test

Tabelle A2: Liste der analysierten Gene nach CGH zwischen SC5314 und ATCC10231. Neben den 37 schwach hybridisierenden Genen aus ATCC10231 wurden auch 5 Gene analysiert, die ein stärkeres Signal mit DNA von ATCC10231 zeigten als mit DNA von SC5314. Die grau unterlegten Gene waren bereits in Stamm ATCC10231 bekannt und in GeneBank gespeichert. Neben der Anzahl der Basenunterschiede in den analysierten Genabschnitten ist auch die Homologie der Genabschnitte zwischen SC5314 und ATCC10231 angegeben.

CA-Nr. ¹	Genname ¹	Funktion	Basenaus-tausche	Homologie (%) ²	Array-Ratio
CA4390	<i>HOD1</i>	Regulator der G2/M Progression (aufgrund von Homologie)	3/341	98,3	6,325
CA5385	<i>Zorro2b</i>	putatives Gag Protein	7/347	97,7	3,944
CA0930	<i>Zorro1a</i>	putative reverse Transkriptase	5/376	98,5	2,698
CA0632	<i>RPS5</i>	ribosomales Protein S5.e (aufgrund von Homologie)	0/316	100	2,4
CA2546	<i>RPC31</i>	DNA-gerichtete RNA polymerase III (aufgrund von Homologie)	0/184	100	2,31
CA1387	<i>ERG11</i>	Cytochrom-P450-Lanosterol 14 α -Demethylase	2/302	99,2	1,434
CA1834	<i>PFK1</i>	6-Phosphofruktokinase, α -UE	4/383	99,0	1,227
CA3331	<i>POL21</i>	Pol-Teil des pCal Retrotransposons	0/313	100	1,15
CA2787	<i>EFG1</i>	<i>Enhanced filamentous growth factor</i> (Transkriptionsfaktor)	14/308	95,6	1,126
CA2660	<i>SAP1</i>	sekretorische Aspartyl Protease	0/286	100	1,104
CA5546	<i>TUB1</i>	α -1 Tubulin	0/383	100	1,099
CA2289	<i>RBF1.3</i>	RPG-Box-Bindefaktor	3/333	99,1	1,069
CA1034	<i>BET4</i>	α -UE der Geranylgeranyl Transferase Typ 2	0/310	100	1,068
CA3857	<i>CCT8</i>	Komponente des Chaperonin-enthaltenden T-Komplexes	5/356	98,6	1,021
CA2190	<i>AOX1</i>	alternative Oxidase (aufgrund von Homologie)	2/370	99,5	0,996
CA5986	<i>INO1</i>	<i>myo</i> -Inositol-1-phosphat Synthase	0/329	100	0,968
CA3112	<i>PFK2</i>	6-Phosphofruktokinase, β -UE	1/335	99,7	0,961
CA5962	<i>ALO1</i>	D-Arabinono-1,4-lactone Oxidase (aufgrund von Homologie)	1/305	99,7	0,938
CA2189	<i>AOX2</i>	alternative Oxidase (aufgrund von Homologie)	0/321	100	0,926
CA5907	<i>SSN6</i>	Transkriptionsrepressor (aufgrund von Homologie)	1/366	99,7	0,904
CA2801	<i>URA3</i>	Orotidin-5 -monophosphat Decarboxylase	2/388	99,5	0,768
CA3258	<i>IFC2</i>	unbekannte Funktion	1/289	99,6	0,466
CA5805	<i>IPF4153</i>	Ähnlich zum <i>S. cerevisiae</i> Sec6 Protein (aufgrund von Homologie)	4/304	98,5	0,432
CA5821	<i>PHO81</i>	Cyclin-abhängiger Kinase Inhibitor (aufgrund von Homologie)	27/304	89,7	0,428
CA0286	<i>IPF14618</i>	unbekannte Funktion	0/327	100	0,427
CA0405	<i>IPF19862</i>	unbekannte Funktion	0/115	100	0,418
CA5522	<i>IPF708</i>	unbekannte Funktion	0/328	100	0,385
CA5810	<i>IPF4137</i>	unbekannte Funktion	0/239	100	0,378
CA2329	<i>IPF4784</i>	unbekannte Funktion	2/307	99,3	0,363
CA0675	<i>IPF13098</i>	unbekannte Funktion	7/392	98,0	0,355
CA5743	<i>IPF2895</i>	unbekannte Funktion	8/327	97,2	0,34
CA0780	<i>Cirt1a</i>	Transposase	0/329	100	0,31
CA3267	<i>RPS620a</i>	unbekannte Funktion	1/278	99,6	0,305
CA0812	<i>IPF3348</i>	unbekannte Funktion	3/310	98,9	0,293
CA1149	<i>MET223</i>	Protein Ser/Thr Phosphatase (aufgrund von Homologie)	37/241	81,6	0,28
CA1154	<i>MET221</i>	Protein Ser/Thr Phosphatase	35/202	79,0	0,277

		(aufgrund von Homologie)			
CA1852	<i>IPF13885</i>	unbekannte Funktion	0/180	100	0,245
CA0679	<i>IPF13885</i>	unbekannte Funktion	0/180	100	0,243
CA0074	<i>IFD7</i>	putative Aryl-Alkohol Dehydrogenase (aufgrund von Homologie)	0/195	100	0,238
CA2445	<i>IPF13885</i>	unbekannte Funktion	4/280	98,5	0,23
CA1195	<i>KAR5</i>	nukleäres Fusionsprotein (aufgrund von Homologie)	4/335	98,6	0,211
CA3268	<i>RPS620b</i>	unbekannte Funktion	2/278	99,2	0,198
CA3330	<i>POL21</i>	Pol Polyprotein, reverse Transkriptase (aufgrund von Homologie)	0/303	100	0,19
CA5900	<i>IPF2379</i>	unbekannte Funktion	4/205	97,6	0,167
CA1141	<i>IPF17322</i>	unbekannte Funktion	0/341	100	0,118
CA4303	<i>IFB1</i>	unbekannte Funktion	0/164	100	0,104
CA1683	<i>Cirt</i>	putative Transposase	0/359	100	0,1
CA3661	<i>IPF17991</i>	unbekannte Funktion	0/323	100	0,077
CA4293	<i>IFA8</i>	unbekannte Funktion	0/327	100	0,056
CA0037	<i>IPF17652.3</i>	reverse Transkriptase (aufgrund von Homologie)	0/308	100	0,055
CA3984	<i>HOM2</i>	Aspartat-semialdehyd Dehydrogenase (aufgrund von Homologie)	0/366	100	0,043
CA0414	<i>IPF4068</i>	reverse Transkriptase	4/348	98,7	0,025
CA3332	<i>GAG</i>	Gag Protein des pCal Retrotransposons	0/327	100	0,01
CA1153	<i>IPF10455</i>	unbekannte Funktion	0/375	100	0,01
CA0069	<i>IPF19295</i>	unbekannte Funktion	0/363	100	0,01
CA2216	<i>IPF6235</i>	Tca2 Retrotransposon	0/315	100	0,01
CA1142	<i>IPF9459</i>	unbekannte Funktion	0/394	100	0,01
CA2217	<i>POL0</i>	Pol Polyprotein, reverse Transkriptase	0/367	100	0,01

¹CA-Nr. und Gennamen nach CandidaDB; ²Homologie der ATCC10231-Sequenz zur SC5314-Sequenz.

Tabelle A3: Nicht-hybridisierende Gene aus der CGH mit Patientenisolaten.

CA-Nr. ¹	Genname ¹	Funktion	Array-Ratio ²
Nicht-hybridisierend C73:			
CA1142	<i>IPF9459</i>	unbekannte Funktion	0,34
CA0355	<i>IPF2535</i>	unbekannte Funktion	0,79
CA2233	<i>IFJ3</i>	unbekannte Funktion	0,22
CA1683	<i>Cirt</i>	putative Transposase	0,78
CA0074	<i>IFD7</i>	putative Aryl-Alkohol Dehydrogenase (aufgrund von Homologie)	0,26
CA4462	<i>IPF17251</i>	unbekannte Funktion	0,52
CA5099	<i>PRP8</i>	U5 snRNP Protein, prä-mRNA Spleißfaktor (aufgrund von Homologie)	0,35
CA5113	<i>IPF20026</i>	unbekannte Funktion	0,23
CA1911	<i>SSE1</i>	Hitzeschock Protein der <i>HSP70</i> Familie (aufgrund von Homologie)	0,26
CA1163	<i>IPF15357</i>	unbekannte Funktion	0,41
CA3350	<i>RPL18A</i>	ribosomales Protein S18.e (aufgrund von Homologie)	0,07
CA1992	<i>IPF6617</i>	unbekannte Funktion	0,20
CA2004	<i>POL12</i>	DNA-gerichtete DNA-Polymerase Alpha (aufgrund von Homologie)	0,50
CA2528	<i>MOB1</i>	notwendig zur Vollendung der Mitose	0,24
CA3496	<i>IPF17064</i>	unbekannte Funktion	0,65
CA2152	<i>IPF7899</i>	unbekannte Funktion	0,72
CA5899	<i>IPF2382</i>	unbekannte Funktion	0,23
CA3748	<i>IPF7385</i>	unbekannte Funktion	0,34
CA1818	<i>IPF7023</i>	unbekannte Funktion	0,33
CA0202	<i>IPF19126</i>	putativer Aminosäure-Transporter (aufgrund von Homologie)	0,68
CA3148	<i>IPF9808</i>	ähnlich zu <i>S. cerevisiae</i> Cse4 mit starker Ähnlichkeit zu Histon H3 (aufgrund von Homologie)	0,27
CA4180	<i>EXG2</i>	Glukan-1,3-β-Glukosidase (aufgrund von Homologie)	0,23
CA3704	<i>IPF5671</i>	unbekannte Funktion	0,46
CA2692	<i>IPF9173</i>	ähnlich zu <i>S. cerevisiae</i> Vps30 involviert in vacuoläre Proteinsortierung und Autophagie (aufgrund von Homologie)	0,68
CA1905	<i>IPF7274</i>	unbekannte Funktion	0,31
CA3261	<i>TYS1</i>	Tyrosyl-tRNA Synthetase (aufgrund von Homologie)	0,58
Nicht-hybridisierend C76:			
CA5005	<i>CDC62</i>	Zellteilungskontrollprotein (aufgrund von Homologie)	0,93
CA1683	<i>Cirt</i>	putative Transposase	1,38
CA5560	<i>THI13</i>	Pyrimidin Vorstufen-Biosynthese Enzym (aufgrund von Homologie)	0,18
CA0845	<i>IPF16314</i>	unbekannte Funktion	0,16
CA2617	<i>IPF3539</i>	unbekannte Funktion	0,44
CA1818	<i>IPF7023</i>	unbekannte Funktion	0,96
CA3148	<i>IPF9808</i>	ähnlich zu <i>S. cerevisiae</i> Cse4 mit starker Ähnlichkeit zu Histon H3 (aufgrund von Homologie)	0,44
CA3261	<i>TYS1</i>	Tyrosyl-tRNA Synthetase (aufgrund von Homologie)	0,60
Nicht-hybridisierend C78:			
CA1683	<i>Cirt</i>	putative Transposase	0,35
CA1818	<i>IPF7023</i>	unbekannte Funktion	1,07
CA2692	<i>IPF9173</i>	ähnlich zu <i>S. cerevisiae</i> Vps30 involviert in vacuoläre Proteinsortierung und Autophagie (aufgrund von Homologie)	0,15
Nicht-hybridisierend C81:			
CA2617	<i>IPF3539</i>	unbekannte Funktion	0,09

¹CA-Nr. und Gennamen nach CandidaDB; ²Gene, deren log-Ratio >0,5 war, zeigten keine Hybridisierung im Duplikat.

Abkürzungsverzeichnis:

°C	Grad Celsius	v/v	Volumen vom Volumen
µg	Microgramm	v/w	Volumen vom Gewicht
µl	Microliter	vgl.	vergleiche
A	Adenin	z.B.	zum Beispiel
a	Adenin	z.T.	zum Teil
Abb.	Abbildung		
al.	alii		
amp	Ampicillin		
bp	Basenpaare		
BSA	Rinderserumalbumin		
bzw.	beziehungsweise		
c	Cytidin		
C	Cytidin, Kohlenstoff		
ca.	circa		
cDNA	komplementäre DNA		
CDP	Copalyldiphosphat		
d.h.	das heißt		
DEPC	Diethylpyrocarbonat		
DNA	Desoxyribonukleinsäure		
EDTA	Ethylendiamin-tetraacetat		
evtl.	eventuell		
g	Gramm, Guanin, Erdschwerebeschleunigung		
G	Guanin		
h	Stunde(n)		
IPTG	Isopropylthiogalaktosid		
kb	Kilobasen		
l	Liter		
M	Molar		
mg	Milligramm		
min	Minute(n)		
mind.	mindestens		
ml	Milliliter		
mm	Millimeter		
mM	Millimolar		
MOPS	3-(N-Morpholino)-propansulfonsäure		
mRNA	messenger-RNA		
ng	Nanogramm		
nm	Nanometer		
orf/ORF	offener Leserahmen		
PCR	Polymerasekettenreaktion		
PEG	Polyethylenglykol		
rDNA	ribosomale DNA		
RNA	Ribonukleinsäure		
s	Sekunde(n)		
SDS	Sodiumdodecylsulfat		
sp.	Species		
s. o.	siehe oben		
T	Thymin		
t	Thymin		
Tab.	Tabelle		
Tris	Tris-(hydroxymethyl)-aminoethan		
U	Unit(s), Uracil		
u.a.	unter anderem		
U/min	Umdrehungen pro Minute		
usw.	und so weiter		
UV	Ultraviolett		

Symbole für Aminosäuren:

A	Ala	Alanin
C	Cys	Cystein
D	Asp	Asparaginsäure
E	Glu	Glutaminsäure
F	Phe	Phenylalanin
G	Gly	Glycin
H	His	Histidin
I	Ile	Isoleucin
K	Lys	Lysin
L	Leu	Leucin
M	Met	Methionin
N	Asn	Asparagin
P	Pro	Prolin
Q	Gln	Glutamin
R	Arg	Arginin
S	Ser	Serin
T	Thr	Threonin
V	Val	Valin
W	Trp	Tryptophan
Y	Tyr	Tyrosin

Der genetische Code von *Candida albicans*:

UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys
UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys
UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop
UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp
CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg
CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg
CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg
CUG	Ser (Leu)	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg
AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser
AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser
AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg
AUG	Met	ACG	Lys	AAG	Lys	AGG	Arg
GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly
GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly
GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly
GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly

Nomenklatur:

Bezeichnung eines Gens: *DFG16*

Bezeichnung eines Proteins: Dfg16

Bezeichnung einer Mutante: $\Delta dfg16$