

Supplementary figure 1

```

HpDnaB -----MDHLKHLQQLQNIERIVLSGIVLANHKIEEVHVSVLEPSDF 40
CjDnaB -----MQQEYYDLDLERAILSSCIMSEEAYASIAGDISPKDF 37
EcDnaB  MAGNKPFNKQQAEPREPRDPQVAGLKVPPHSIEAEQSVLGGLMLDNERWDDVAERVVADDF 60
          : : * : * . : : . : : * *
          HpDelN1
          Ñ
HpDnaB  YPPNGLFFFEIALKLHEEDCPIDENFIRQKMPKDKQIKEE----DLVAIFAASPIDNIE 95
CjDnaB  SLKAHQDIFKAVIACSNKPEISVSFLR---KHKKIDEQ----ILAEILATPSMIDL 88
EcDnaB  YTRPHRHIFTEMARLQESGSPIDLITLAESLERQGLDSVGGFAYLAELSKNTPSAANIS 120
          : : * : . * . : : : : . . . .
          HpDelN2
          Ñ
HpDnaB  AYVEEIKNASIKRKLFLGANTIREQALES-AQKSSDILGAVEREVYALLNG--STIEGFR 152
CjDnaB  AYVVELHEKSVKRQLLSFAHLLPTRINE--DRAVSEIADEIGKEIF SITNR--VNSRDIK 144
EcDnaB  SYADIVRERAVVREMI SVANEIAEAGFDPQGR TSEDL LLDLAESRVFKIAESRANKDEGPK 180
          : * . : : : : * : : : : : : : : : : : : : : : : . . . :
          -
          EcDelN156
          HpDelN3 HpDelN4
          Ñ Ñ
HpDnaB  NIKEVLESAMDLITENQRKGSLEVTGIPTGFVQLDNYTSGFNKGSLSVIIGARPSMGKTSL 212
CjDnaB  DVDMVISELFEFFKQKTLENKGIIGLDTGFEGLNKMTKGFKGELIIIAARPGMGKTTL 204
EcDnaB  NIADVLDATVARIEQLFQQPHDGVTVNTGYDDLKKTAGLQPSDLIIVAARPSMGKTTF 240
          : : * . . : : : : * : * : * : * * : : . * : * : * * * * * : :
          HpDnaB  MMNMVL-SALNDDRGVAVFSLEMSAEQLALRALSDLT SINMHDLESGR LDDQWENLAKC 271
          CjDnaB  CLNFID-KVLRQKKGVALFSLEMPATQIMQRM LSSKTSIPLQKILTADLNDD EWERLGDA 263
          EcDnaB  AMNLVENAAMLQDKPVLIFSL EMPSEQIMMRSLASLSRV DQTKIRTQLDDE DWARISGT 300
          : * : : : : : : * : * * * : * : * : : : : : : : * : * : * : . .
          HpDnaB  FDHLSQKK-LFFYDKSYVRIEQIRLQLRKLKSKHKELGIAFIDYQLMSGSKATKERHEQ 330
          CjDnaB  CNDYSQKK-LYIYDSGYATIADVRAILRRLK SQDESIGLCVIDYIGL MMSNSNFNDRHLQ 322
          EcDnaB  MGILLEKRNIYIDSSGLTPTEVRSRARRIAREHGGIGLIMIDYQLMRVPALSDNR TLE 360
          . : * : : : * . : : * * : : . : * : . * * : * * . : * :
          HpDnaB  IAEISRELKTLARELEIPIIALVQLNRSLENRDDKRPILSDIKDSGGIEQDADIVLFLYR 390
          CjDnaB  VSEISRGLKLLARELDMPIIALSQ LNRGLEQRANKRPLMSDLRESGAIEQDADAILFVYR 382
          EcDnaB  IAEISRSLKALAKELNVPVVALSQLNRSLEQRADKRPVNSDLRESGSIEQDADLIMFIYR 420
          : : * * * * * * * * : : * : * * * * * * * * : * * : * * : * * * * * * : : * : * *
          HpDnaB  GYIYQMR AEDNKIDKLKKEGKIEEAQELYLVNEERRIHKQNGSIEEAEIIVAKNRRNGAT 450
          CjDnaB  DEVYREQE EKERENKAKAEG-----KAYQRLFIPNPMQENAEIIVGKNRNGPV 430
          EcDnaB  DEVYHENS D-----LKGIAEIIIGKQRNGPI 446
          . : * : . : : : * * * * : * * * *
          HpDelN1C1
          Ñ
HpDnaB  GTVYTRFNAPFTRYEDMPIDSHLEEGQETKVDYDIVTT 488
CjDnaB  GTIEVVF LKEKSCFVDKPIGYETTEFTG----- 458
EcDnaB  GTVRLTFNGQWSRFDNYAGPQYDDE----- 471
          ** : * : : : . *

```

*, identical; :, strongly similar; ., weakly similar

Amino acid sequence alignment of *H. pylori* DnaB (HpDnaB), related *Campylobacter jejuni* DnaB (CjDnaB) and *E. coli* DnaB (EcDnaB). The alignment was done using CLUSTALW multiple alignment software. The WALKER A nucleotide binding domain (ARPSMGKT) and 34 amino acid insertion region at the 'C' terminus of HpDnaB, not present in EcDnaB are marked in bold. The relative positions of different deletion mutants of HpDnaB are marked by 'Ñ'. The start point of *E. coli* deletion mutant (EcDelN156) that shows *in vitro* ATPase activity but no helicase activity (comparable to HpDelN2) is marked by arrowhead (-).