

#### 4 Klonierung und Charakterisierung der Ht31/Rt31-cDNA

Neben Klon 9.1 wurde eine weitere für ein AKAP kodierende cDNA, Klon 2.1 isoliert und charakterisiert (Edemir, 1999). Der Klon 2.1 hatte einen offenen Leserahmen mit einer Länge von 582 Aminosäuren und eine sehr hohe Aminosäuresequenzidentität zu Ht31 (Carr et al., 1992a) und zu dem *breast cancer nuclear receptor-binding auxiliary protein* (Brx; Rubino et al., 1998). Dies legte die Vermutung nahe, dass es ein Protein gibt welches die Aminosäuresequenzen von Ht31 und Brx integriert. Klon 2.1 hatte, ebenso wie Ht31, weder am 5'- noch am 3'-Ende einen Stopkodon. Mittels RACE-PCR und Datenbankrecherchen, die in Zusammenarbeit mit Barbara Pepperle durchgeführt wurden, konnten die fehlenden 5'-cDNA- und 3'-cDNA-Fragmente von Ht31 kloniert werden. Die Ergebnisse zeigten, dass Ht31/Rt31 die Aminosäuresequenz von Brx integriert und neben einer AKAP-Funktion auch eine enzymatische Funktion besitzt. Diese Ergebnisse sind in die Arbeit von Klusmann et al. (2001a) eingeflossen. Diese Arbeit ist der Dissertation als Anlage beigelegt.