

Definiert durch das Vorhandensein von ein oder mehreren Repeats, die aus ungefähr 40 oder mehr konservierten Aminosäuren bestehen und mit einem Tryptophan (W)-, Aspartat (D) Rest enden, gehören WD-Repeat Proteine zu einer großen konservierten Proteinfamilie.

Strukturell ist die β -Untereinheit des G-Proteins der Prototyp des WD-Repeats. Aus dessen Kristallstruktur lassen sich Schlüsse auf die mögliche Struktur aller WD-Repeat Proteine ziehen. WD-Repeat Domänen sollen einen zirkulären β Propeller formen. Im Falle der β -Untereinheit des G-Proteins besteht dieser aus sieben in einem Kreis angeordneten Flügeln, wobei jeder Flügel aus vier antiparallelen β -Faltblättern besteht. Es konnte gezeigt werden, dass β -Propeller als Interaktionsplattformen für Wechselwirkungen zwischen Proteinen dienen. WD-Repeats finden sich in einer Vielzahl von eukaryotischen Proteinen, die in Verbindung mit unterschiedlichsten Funktionen gebracht werden können. Die Bedeutung von WD-Repeat haltigen Proteinen liegt nicht nur in der Regulation von Transkriptionsvorgängen, Apoptose, Modellierung des Zytoskeletts oder ihrer Funktion bei der Signaltransduktion, sondern sie spielen auch durch diese Funktionen eine große Rolle bei von ihnen verursachten menschlichen Krankheiten.

Coronine gehören zu einer Proteinfamilie, deren Hauptmerkmale ein variabler N-Terminus und ein teilweise konservierter C-Terminus sind, die einen Bereich mit WD-Repeats umschließen. Hierbei unterteilt man die Familie der Coronine in kurze und lange Coronine. Lange Coronine enthalten einen Tandem WD-Repeat. Da diese Proteine schon eine Verdopplung der WD Domäne haben, scheint keine weitere Oligomerisation wie sie bei den kurzen Coroninen beobachtet wird erforderlich zu sein. Im Genom von *D. discoideum* konnten zwei Coronin Proteine identifiziert werden, wobei jedes eine der beiden Unterfamilien repräsentiert. Das kleine Coronin war das erste bekannte Coronin Protein und der Namensgeber für diese Klasse. Wir haben begonnen die strukturellen und biochemischen Eigenschaften des großen Coronins (Crn7) zu studieren. Dieses 105 kDa große Protein stellt ein Tandem-Propeller Protein dar. Hierbei besteht jeder Propeller aus 7 Flügeln. Des Weiteren konnten wir in dieser Arbeit die Aktinbindestelle auf den N-terminalen Bereich eingrenzen und die Abhängigkeit der Lokalisation des Proteins vom Cytoskelett abhängig machen. Sequenzanalysen weisen auf eine Bindungsstelle im ersten Repeat des N-terminalen β -Propellers hin, wobei Aminosäurereste auf der Oberfläche des Propellers mit Aktin in Interaktion treten können.

Mit einer stabilen *corB* Knock Out Zelllinie konnte durch anschließende Analyse angenommen werden, dass Crn7 an einer Rezeptor vermittelten Erhaltung der Zelladhäsion und Phagozytose von großen Partikeln sowie Aufnahme von Pathogenen wie *Legionella*

beteiligt ist und eine wichtige Funktion bei der Aufrechterhaltung der angeborenen Immunität gegen invasive Bakterien besitzt. Generierung eines Doppel Knock Outs zeigte, dass beide Coronine ähnliche Funktionen besitzen und in gleichen Prozessen agieren. Crn7 könnte hierbei eine regulatorische und kompensatorische Aufgabe besitzen.