

Étude *in silico* sur la protéine ribosomale apicoplaste L4 et les trois domaines de l'ARNr 23S du *Plasmodium falciparum* et la comparaison avec les structures du co-cristal existant

Biljana Arsić^{1,2}, Jill Barber²

1 – Université de Niš, Faculté des sciences naturelles et des mathématiques, Département de mathématiques, Višegradska 33, 18000 Niš, République de Serbie

2 – Université de Manchester, École des sciences de la santé, Division de pharmacie et d'optométrie, Oxford Road, M13 9PT, Manchester, Royaume-Uni

Résumé

Nous avons effectué les études informatiques préliminaires concernant la construction d'un segment de la protéine ribosomique L4 à partir du ribosome apicoplaste de *Plasmodium falciparum*. Avec un score Z de -3,404, c'est sans doute le modèle le mieux construit de cette cible médicamenteuse jusqu'à présent. Les trois domaines de l'ARNr 23S ont été créés à partir de zéro en utilisant le logiciel RNA2D3D: les domaines II, IV et V. Ils n'ont pas été validés, mais ils présentent une similitude raisonnable avec l'ARNr 23S bactérien. Ce modèle a des limites techniques, mais il sert de point de départ pour les modèles raffinés qui, pour leur part, devraient trouver une utilisation dans la conception de médicaments antipaludiques.

Mots-clés: *in silico*, *Plasmodium falciparum*, ribosome