

## **In-Silico-Studie zum ribosomalen Apikoplast-L4-Protein und zu drei Domänen aus 23s rRNA aus *Plasmodium Falciparum* und Vergleich mit den vorhandenen Kokristallstrukturen**

**Biljana Arsic<sup>1,2</sup>, Jill Barber<sup>2</sup>**

*1- Universität Niš, Fakultät für Naturwissenschaften und Mathematik, Abteilung für Mathematik, Višegradska 33, 18000 Niš, Republik Serbien*

*2- Universität Manchester, Fakultät für Gesundheitswissenschaften, Abteilung für Pharmazie und Optometrie, Oxford Road, M13 9PT, Manchester, Vereinigtes Königreich*

### **ABSTRAKT**

Wir führten vorläufige Computerstudien zur Konstruktion eines Segmentes des ribosomalen Proteins L4 aus dem Ribosom des Apikoplasten aus *Plasmodium falciparum* durch. Mit einem Z-Score von -3,404 ist es wohl das am besten konstruierte Modell für dieses Medikamentenziel. Drei 23S-rRNA-Domänen, II, IV und V, wurden ohne Schema unter Verwendung von RNA2D3D-Software hergestellt. Sie wurden nicht validiert, weisen jedoch eine deutliche Ähnlichkeit mit der bakteriellen 23S-rRNA auf. Dieses Modell weist technische Einschränkungen auf, ist jedoch ein Ausgangspunkt für verfeinerte Modelle, von denen erwartet wird, dass sie beim Design von Antimalariamedikamenten Anwendung finden.

*Schlüsselwörter: in silico, Plasmodium falciparum, Ribosom*