

Analisi dei domini a sequenza semplice nelle proteine di Plasmodium falciparum

E.Pizzi

Istituto Superiore di Sanita' - Lab. Biologia Cellulare - Viale Regina Elena 299, 00161 Roma

Le proteine di *P. falciparum* mostrano una caratteristica decisamente peculiare: quando vengono confrontate con le proteine omologhe di altri organismi quasi sempre presentano lunghe porzioni di sequenza che separano domini ben conservati. E' stata effettuata una prima analisi sulla gamma-glutamyl-cisteina sintetasi di cui sono note le sequenze in due specie differenti di Plasmodio (*P. falciparum* e *P. berghei*) (ref.1). I risultati hanno permesso di stabilire che pur mantenendo un carattere essenzialmente idrofilico, le porzioni centrali di queste inserzioni sono caratterizzate da un uso ripetuto di alcuni amminoacidi (zone semplici) e tendono a mutare piu' rapidamente dei loro "bordi".

Allo scopo di effettuare una caratterizzazione di tali sequenze sono state prese in considerazione ed analizzate tutte le proteine presenti nel cromosoma 2. Circa l'88% delle proteine esaminate presenta domini a sequenza semplice che vengono comunemente considerati come domini non globulari estrusi dal "core" della struttura proteica senza alcuna funzione nota per la proteina.

Abbiamo effettuato una prima analisi statistica su tutte queste regioni considerando la loro distribuzione in lunghezza, la loro distribuzione lungo la sequenza proteica, il numero di inserzioni per proteina, la composizione amminoacidica, la presenza di "tandem repeats" e il carattere prevalentemente idrofilico o idrofobico.