

## SEQÜENCIACIÓ DE LA PROTAMINA P2 DE *Monodonta turbinata*: ESTRATÈGIA I RESULTATS

Montserrat Daban<sup>1</sup>, Manel Chiva<sup>2</sup> i Pierre Sautière<sup>3</sup>

1. Departament de Biologia Molecular i Cel·lular, CID, CSIC, Jordi Girona 18-26, 08028, Barcelona; 2. Departament d'Enginyeria Química, ETSEIB, UPC, Diagonal 647, 08028 Barcelona; 3. Institut de Recherches sur le Cancer, Université de Lille II, URA 409 CNRS, Place de Verdun, Lille, France.

En el present treball mostrem el procés de seqüenciació de la protamina P2 de *Monodonta turbinata* (F. Mol·luscs, Cl. Gastròpodes, SCl. Vetigatròpodes). La determinació de la seqüència completa ha comprés les següents etapes:

1. Anàlisi de la composició en aminoàcids
2. Identificació dels extrems amino i carboxil
3. Degradació recurrent d'Edman
4. Fragmentació enzimàtica de la proteïna
5. Separació i anàlisi dels fragments peptídics
6. Alineament dels fragments i deducció de la seqüència completa
7. Confirmació dels resultats per tècniques d'espectrometria de masses

La seqüència obtinguda ha estat la següent:

1 30  
ARAVRRRRARSRSRSRKSRRSRSASAKRSAS  
RRRSRSAGRRRRRTASRRRRRSASRRRSV  
SRRRRRSRKSRGRRRRGRKVRRRRVKRAG  
RKGRRRTRRRRRRARR(OH)

Els resultats mostren que és una molècula de 106 residus aminoacídics, 61 dels quals són arginines. La massa de la proteïna és de  $13\,475 \pm 1.9$  Da, segons dades obtingudes per espectrometria de masses en electroesprai. Composicionalment es pot considerar una protamina típica.