



## بخشی از ترجمه مقاله

عنوان فارسی مقاله :

ابعاد فراکتال ستون اصلی و اوربیتال هیبریدی فراکتال ساختار پروتئین

عنوان انگلیسی مقاله :

Backbone fractal dimension and fractal hybrid orbital  
of protein structure



توجه !

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل با فرمت ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.



## بخشی از ترجمه مقاله

### 4. Conclusions

The local fractal dimensions ( $D_L$ ) and the backbone fractal dimensions ( $D_B$ ) of 750 proteins selected from four different structural classes were calculated by using computer simulations in this work. From the results we can conclude that: (1) the protein molecules exhibit a fractal behavior in the range of  $1 \leq N \leq 15$ ; (2) the value of  $D_B$  is distinctly greater than that of  $D_L$  for the same protein; (3) there is a good relationship between  $D_B$  and  $D_L$  ( $R = 0.95309$ ); (4) the order of mean values of  $D_B$  and  $D_L$  for four structural classes is:  $\alpha > \alpha/\beta > \alpha + \beta > \beta$ , which is in good agreement with other researches illustrated earlier.

According to the theory of backbone fractal dimension, the methodology and definition of fractal hybrid orbital were derived, the results are similar to the pioneering work reported by other researchers. Due to its simplicity and generality, the backbone fractal dimension is very suitable for the research of hybrid orbital model of protein. Meanwhile we also find that the differences of  $s$  ratios (or  $n$  indexes) among four structural classes of proteins are not quite obvious.

To sum up, the present results corroborate that a protein can be regarded as a fractal object with self-similarity and self-affinity, and the fractal analysis can be used to characterize some intrinsic properties of proteins.

### 4.نتایج

ابعاد فراکتال محلی ( $D_L$ ) و ابعاد فراکتال ستون اصلی ( $D_B$ ) 750 پروتئین که از چهار گروه ساختاری انتخاب شده بودند، با استفاده از شبیه سائز های کامپیوتری در این کار، محاسبه شدند. از نتایج، ما میتوانیم استنتاج کنیم که: (1) مولکول های پروتئینی در محدوده  $1 \leq N \leq 15$  یک رفتار فراکتال را از خود نشان میدهند؛ (2) مقادیر  $D_B$  به طور مشهودی از مقادیر ( $D_L$ ) برای پروتئین های مشابه، بزرگتر است؛ (3) یک رابطه خوب بین ( $D_L$ ) و  $D_B$  وجود دارد ( $R = 0.95309$ )؛ (4) ترتیب مقادیر میانگین ( $D_L$ ) و  $D_B$  برای چهار گروه ساختاری به صورت:  $\alpha > \alpha/\beta > \alpha + \beta > \beta$  است که دارای تطابق مناسب با دیگر تحقیقات قدیمی، میباشد.

بر اساس نظریه ابعاد فراکتال ستون اصلی، روش شناسی و تعریف اوربیتال های هیبریدی فراکتال مشتق شدند، و نتایج مشابه کار های پیشگام که توسط دیگران گزارش شده بود، بودند. به دلیل سهولت و عمومیت، ابعاد فراکتال ستون اصلی برای تحقیقات مدل های هیبریدی پروتئین ها، مناسب است. با این حال ما همچنین یافتیم که تفاوت های نسبت های  $s$  (یا شاخص  $n$ ) میان چهار گروه ساختاری، خیلی مشهود نیست.

### توجه!

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل با فرمت

ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.

برای جستجوی جدیدترین مقالات ترجمه شده، [اینجا](#) کلیک نمایید.

