# بخشی از ترجمه مقاله

## عنوان فارسی مقاله :

تنظیم $H^+ - ATPase$ غشای پلاسمای گیاهی با محدوده $C$- انتهایی آن : ما چه چیزی را با اطمینان می دانیم؟

## عنوان انگلیسی مقاله :

Regulation of the plant plasma membrane H+-ATPase by its C-terminal domain: what do we know for sure?

## 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.

ایران عرضه
فروشگاه کالاهای دانلودی

# بخشی از ترجمه مقاله

**خلاصه و نتایج**

داده های ما نشان می دهد که نواحی *I* و *II* بازدارنده مستقیم *PMA2* نمی باشد. بلکه بر ساختار کلی دامه انتهی *C* تأثیرگذار می باشد. در عوض سه ناحیه شناسایی کردیم که ظاهراً خودبازدارنده های مستقیمی می باشند و اینکه با افزایش توالی وضعیت آنزیمی غیرفعال می شود. عملکرد بازدارندگی این نواحی با فسفریلاسیون سه باقی مانده خاص ترونین برعکس می شود که شامل ناحیه *T869* و *T889* : *B* و ناحیه *C* می باشد. تحلیل جهش یافته های مطابق آن در *PMA2* طول کامل نشان می دهد که فسفریلاسیون اکثر باقی مانده ها در دامنه *C* انتهایی در نهایت بر اتصال 14-3-3 تأثیرگذار می باشد. اگرچه تنظیم آنزیمی می توان در مراحل پیشرونده ای صورت گیرد که با تمایز کیناز پروتئین و فسفریلاز همراه است پس افزایش و کاهش تدریجی فعالیت آن ایجاد می شود. شناسایی و تشخیص کینازها فسفریلازهای مربوط به آن در آینده یک چالش اصلی خواهد بود.

**Summary and conclusions**

Our data suggest that regions I and II do not inhibit PMA2 in a direct manner but rather impact on the overall conformation of the C-terminal domain. In contrast, we identified three regions that seem to function directly as autoinhibitors (referred to as inhibitory regions A, B and C; the latter being part of the 14-3-3 binding site; see Fig. 7) and that, upon sequential addition, efficiently lock the enzyme in an inactive state. The inhibitory function of these regions can (partly) be reversed by (mimicking) phosphorylation of three specific threonine residues (region A: T869, region B: T889, region C: T955, already well known to mediate 14-3-3 binding). The analysis of the corresponding mutants in full-length PMA2 indicates that phosphorylation of most if not all residues within the C-terminal domain finally impacts on 14-3-3 binding, which is required to constitutively activate the $H^+$-ATPase. Altogether, enzyme regulation might occur in progressive steps, mediated by distinct protein kinases and phosphatases, thus allowing a gradual increase or decrease of activity. The identification of the respective kinases and phosphatases will be a major challenge in the future.

ایران عرضه
مرجع مقالات
ترجمه شده

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.