



بخشی از ترجمه مقاله

عنوان فارسی مقاله :

اساس ساختاری ویژگی دارویی آلبومین سرم انسانی

عنوان انگلیسی مقاله :

Structural Basis of the Drug-binding Specificity of
Human Serum Albumin



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

Data collection and structure determination

X-ray diffraction data were collected at room temperature using synchrotron radiation on station 9.6 at Daresbury SRS (UK) and stations BW7A, X11 and X13 at EMBL/DESY Hamburg (Germany) (Table 1). The data were indexed and measured with MOSFLM.⁴⁹ In all cases the HSA–drug complexes crystallised isomorphously with the P1 crystals of defatted HSA obtained previously in this laboratory.¹⁶ The protein model for this structure (PDB ID, 1e78) was used as a starting model for phasing of the X-ray data. The model, split into its six subdomains, was first refined as a rigid body using CNS (version 1.1)⁵⁰ and then subjected to cycles of positional and *B*-factor refinement interleaved with manual model corrections in O.⁵¹ Datasets for HSA-myristate–drug complexes were phased and refined in the same way using the original HSA-myristate structure (PDB ID 1e7g),^{3,4} stripped of all its ligands, as the starting model.

جمع آوری داده ها و تعیین ساختار

داده های پراش اشعه X در دمای اتاق با استفاده از تابش سینکروترون در ایستگاه 9.6 در Daresbury SRS (UK) و ایستگاه های BW7A ، X11 و X13 در EMBL/DESY هامبورگ (آلمان) جمع آوری شدند (جدول 1). داده ها با MOSFLM شاخص گذاری و اندازه گیری شدند. در همه موارد کمپلکس های دارو-HSA به صورت هم شکل با بلورهای P1 از HSA بدون چربی که پیش از این در این آزمایشگاه بدست آمد متبلور شدند. مدل پروتئین برای این ساختار (PDB ID, 1e78) به عنوان یک مدل آغازین برای فازبندی داده های اشعه X مورد استفاده قرار گرفت. این مدل به شش زیر حوزه خود تقسیم شده ، ابتدا به عنوان یک بدنه صلب با استفاده از CNS (ورژن 1.1) اصلاح شده و سپس در معرض چرخه های موضعی قرار گرفته و اصلاح فاکتور B در کنار تصحیحات مدل دستی در O قرار گرفت. پایگاه داده ها برای کمپلکس های دارو-میریتیت-HSA فازبندی شده و به همان روش با استفاده از ساختار میریتیت-HSA اصلی (PDB ID 1e7g) ، محروم از همه لیگاندهای آن به عنوان مدل شروع اصلاح شدند.



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.