مرکز خدمات ترجمه تخصصی ترجمه بازار

نام مشتری

نمونه ترجمه مقاله رشته ---

شماره پروژه ترجمه

نمونه ترجمه

ترجمه مقاله ☒

ترجمه کتاب ☐

بلورشناسی الکترونی برای مطالعات ساختاری و عملکردی پروتئین های غشایی

چکیده

پروتئین‌های غشایی اهداف تحقیقاتی مهمی برای علوم پایه زیست شناسی و تولید دارو هستند، اما انجام مطالعات در مورد ساختار و عملکرد آنها بسیار دشواراست. مطالعات مربوط به ساختارهای غشایی با پیشرفت‌های تکنولوژیکی و ابزاری در میکروسکوپ‌های الکترونی همراه با پیشرفتهای روش شناختی در زیست شناسی بسیار آسان شده است. کریستالوگرافی الکترونی (بلورشناسی) به ویژه در مطالعه ساختار و عملکرد پروتئین‌های غشایی بسیار مفید است. کریستالوگرافی الکترونی اکنون یک روش ثابت برای تجزیه و تحلیل ساختار پروتئین های غشایی در لایه های چربی است که شبیه محیط بیولوژیکی طبیعی آنها می‌باشد. برای درک بهتر عملکرد سیستم عصبی از نقطه نظر ساختاری، ما میکروسکوپ الکترونی برقی را با یک نمونه هلیوم مایع ترکیب کردیم، که امکان تجزیه و تحلیل ساختار پروتئین های غشایی را در وضوح بالاتر از A3 فراهم می کند. این بررسی به معرفی پیشرفت های ابزاری اخیر در میکروسکوپ الکترونی برقی می پردازد و چند نمونه از تجزیه و تحلیل ساختار پروتئین های غشایی، مانند باکتریوردوپسین، کانال های آب و کانال های اتصال شکاف را ارائه می دهد. این بررسی دارای دو هدف است: اول ، ارائه یک پیشینه تاریخی شخصی برای توصیف چگونگی توسعه میکروسکوپ الکترونی-برقی و دوم، بحث در مورد برخی از فناوری‌های مورد نیاز برای تجزیه و تحلیل ساختاری پروتئین‌های غشایی بر اساس میکروسکوپ الکترونی کرایو (کرایو میکروسکوپی الکترونی).

متن اصلی (انگلیسی) در صفحه بعدی آمده است ...

بهترین وب سایت جشنواره وب ایران به انتخاب مردم

مرکز خدمات ترجمه تخصصی ترجمه بازار

60th Anniversary Issue: Biological

Electron crystallography for structural and functional studies of membrane proteins

Yoshinori Fujiyoshi*

Structural Physiology, Department of Biophysics, Graduate School of Science, Kyoto University, Oiwake, Kitashirakawa, Sakyo-ku, Kyoto 606-8502, Japan
*To whom correspondence should be addressed. E-mail: yoshi@em.biophys.kyoto-u.ac.jp

Abstract Membrane proteins are important research targets for basic biological sciences and drug design, but studies of their structure and function are considered difficult to perform. Studies of membrane structures have been greatly facilitated by technological and instrumental advancements in electron microscopy together with methodological advancements in biology. Electron crystallography is especially useful in studying the structure and function of membrane proteins. Electron crystallography is now an established method of analyzing the structures of membrane proteins in lipid bilayers, which resembles their natural biological environment. To better understand the neural system function from a structural point of view, we developed the cryo-electron microscope with a helium-cooled specimen stage, which allows for analysis of the structures of membrane proteins at a resolution higher than 3 Å. This review introduces recent instrumental advances in cryo-electron microscopy and presents some examples of structure analyses of membrane proteins, such as bacteriorhodopsin, water channels and gap junction channels. This review has two objectives: first, to provide a personal historical background to describe how we came to develop the cryo-electron microscope and second, to discuss some of the technology required for the structural analysis of membrane proteins based on cryo-electron microscopy.

Keywords electron crystallography, high-resolution electron microscopy cryo-electron microscope, liquid helium-cooled specimen stage, channels, membrane proteins

much as 85%, and even when water molecules rapidly pass through the water channels, ion permeation must be blocked to ensure ion channel function.

Electron crystallography is a particularly useful method for structure analyses of membrane proteins such as ion channels and water channels, for the following reasons:

(1) Structures can be analyzed in membranes that provide an environment similar to the native conditions of the protein.
(2) Structures can be analyzed even when only poor-quality crystals are available, although resolution is strongly related to crystal quality.
(3) Both sides of the specimen are kept open and there is less influence from artificial crystal packing, as described later for the structure analysis of the gap junction channel. Furthermore, this feature enables researchers to use the freeze-trapping technique, which was developed and used to study the gating mechanism of a nicotinic acetylcholine receptor by Unwin [2].
(4) Phases for structure analysis are calculated directly from images and provide a better quality map than does X-ray crystallography at the same resolution.

Electron crystallography was the first method used to obtain a real image of the membrane protein bacteriorhodopsin, whose structure was analyzed by Henderson and Unwin in 1975 [3]. This method is extremely powerful, especially for structural studies of membrane proteins. Henderson *et al.* [4] were the first to use it to determine the atomic structure of bacteriorhodopsin based on electron crystallography. The adoption of this method in structural biology has been slow, presumably due to technological difficulties. Electron crystallography should be the core method for performing structural and functional studies of