

عنوان مقاله:

محاسبه تغییرات مربع میانگین جابجائی مهارکننده های داکسی گوانوزین کیناز از طریق شبیه سازی دینامیک مولکولی

محل انتشار:

اولین همایش ملی علوم زیستی (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 7

نویسنده:

سهیلا غلامیان - دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات خوزستان

خلاصه مقاله:

در این تحقیق برهمکنش آنزیم داکسی گوانوزین کیناز dGK با مهارکننده های نوکلئوتیدی آن، dGTP, dGDPdGMP, dIMP, Ditp بوسیله شبیه سازی دینامیک مولکولی در طول مدت دوناوثانیه مطالعه گردید در این مطالعه نسخه 3.3.2 نرم افزار گرومکس قابل نصب در سیستم عامل لینوکس برای انجام محاسبات دینامیک مولکولی استفاده گردید هدف از این تحقیق مطالعه مکانیسم عمل مهارکننده های آنزیم داکسی گوانوزین کیناز و بررسی عوامل ساختمانی در این فرایند مهار می باشد از آنجایی که آنزیم داکسی گوانوزین کیناز اولین آنزیم موثر در مسیر بازیافتی تولید نوکلئوتیدهای پورینی در موجودات زنده است و مهار آن میتواند نتایج بیولوژیکی مهمی بدنبال داشته باشد نتایج بدست آمده از این تحقیق نشان میدهد که بیشترین برهمکنش با داکسی گوانوزین کیناز و قدرت مهارتی بیشتر متعلق به مهارکننده ای است که دارای بیشترین تغییرات مربع میانگین جابجایی مهارکننده یا msd در طول شبیه سازی می باشد و بیشترین تاثیر را بر ساختار آنزیم اعمال می کند.

کلمات کلیدی:

داکسیگوانوزین کیناز dGK دینامیک مولکولی، شبیه سازی، گرومکس، مهارکننده

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/183066>

