

تأثیر دمای ناشی از تابش نور لیزر بر شار انرژی عبوری از یک زنجیره پروتئینی

چکیده

مقدمه: پروتئین به عنوان بزرگترین درشت مولکول موجود در بدن از جمله مهم ترین اجزای ارگانسیم های زنده است که نقش بسیار اساسی و مهمی را در این سیستم ها دارد. این مواد از توالی زنجیره های آمینواسیدی تشکیل شده اند که براساس نوع پروتئین، تعداد این آمینواسیدها می تواند تا چند هزار نیز برسد. انتقال انرژی زیستی در مولکول های پروتئین یکی از مباحث مهم در بیولوژی می باشد که در فرایندهای بسیاری همچون انقباض عضلات، تکثیر DNA، انتقال پالس نوروالکتریک بر روی نورولما، کار با پمپ کلسیم و سدیم و غیره حیاتی است.

روش بررسی: در این کار، انتقال انرژی زیستی در مولکول های پروتئین مورد بررسی قرار گرفته است. در این راستا با در نظر گرفتن تابش لیزر، تاثیر دمای اعمال شده روی سیستم مورد بررسی قرار گرفته است. با بکارگیری نظریه سیستم های غیرخطی، معادلات تحول سیستم و شار انرژی به دست آمده و اثر دمای اعمال شده و نیز اختلاف دمای بین دو انتهای سیستم مورد مطالعه قرار گرفته است.

یافته ها: شار انرژی در بازه های زمانی مختلف شامل پیک هایی می باشد. به طوری که توالی با طول ۲۰ سایت، پیک های بالاتری را نسبت به دو توالی دیگر با طول های ۱۵۰ و ۳۰۰ نشان می دهد. شار انرژی نسبت به دما نیز یک سری نوسانات از خود نشان می دهد. با ثابت نگه داشتن دمای منبع سرد و تغییر دادن دمای منبع گرم، شاهد تغییرات شار انرژی نسبت به اختلاف دمای منبع گرم و سرد بودیم. از طرفی با تغییر همزمان و هم اندازه دمای منبع سرد و گرم، تغییرات شار انرژی نسبت به دمای منبع گرم را بررسی کردیم.

نتیجه گیری: تغییرات شار انرژی نسبت به زمان رفتار کاملاً آشوبناک از خود نشان می دهد و با کاهش طول توالی مقدار شار انرژی افزایش می یابد. همچنین در این مطالعه، شاهد تاثیرات دما ناشی از تابش نور لیزر بر روی شار انرژی بودیم به طوری که مشاهده کردیم شار انرژی عبوری از سیستم در دمای ۳۴۵ کلوین به ماکزیمم مقدار خود می رسد. با اعمال گرادیان دمای متغیر، نتیجه گرفتیم که از اختلاف دمای ۱۰ درجه کلوین به بالا با کاهش طول توالی، مقدار شار انرژی افزایش می یابد. با اعمال گرادیان ثابت دما مشاهده کردیم که وقتی دمای منبع گرم به ۳۴۵ کلوین می رسد، مقدار شار انرژی به بیشترین مقدار خود می رسد.

واژه های کلیدی: انتقال انرژی زیستی، تابش لیزر، مدل اصلاح شده دیویدوف، مولکول های پروتئین، حمام حرارتی

نرمین سفیدکار عبدالعلی زاده^۱
سمیرا فتحی زاده^{۲*}
فاطمه نعمتی^۳

۱- کارشناسی ارشد، گروه فیزیک، دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران
۲- استادیار، گروه فیزیک، دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران
۳- دانشجوی دکتری، گروه فیزیک، دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران

نویسنده مسئول: سمیرا فتحی زاده

پست الکترونیک:

s.fathizadeh@sci.uut.ac.ir

۰۹۱۴۳۹۱۳۴۹۳

شماره تماس:

مقدمه

از نظر بیولوژیکی فعالیت زندگی صرفاً فرایندهای تغییر، هماهنگی و ترکیب مواد بیولوژیکی، بیوانرژی یا انرژی زیستی و اطلاعات زیستی است [۱]. اطلاعات زیستی مهم ترین فعالیت زندگی است که تغییرات و انتقال اطلاعات زیستی همیشه همراه با انتقال انرژی زیستی در سیستم های زنده است. در نتیجه انتقال انرژی زیستی، یک مکانیسم اساسی برای فعالیت زندگی به حساب می آید [۲]. در این کار سعی می شود که تاثیر پارامترهای مختلف روی انتقال انرژی زیستی در زنجیره پروتئین مورد بررسی قرار گیرد. هدف از این کار، استفاده از پروتئین ها به عنوان یک زنجیره خودانرژی در طراحی نانوموتورهای زیستی می باشد. در حقیقت از دیدگاه مهندسی، پروتئین ها در فناوری نانو بسیار مناسب، ایده آل و پرکاربرد خواهند بود. نانو ابزارها می توانند از موتورهای پروتئینی برای حرکت های خطی، دورانی و حتی حرکت های پیچیده تر سه بعدی استفاده کنند. بیشتر موتورهای پروتئینی ملکولی کارهای مکانیکی واقعی را با انتقال فعال و یا با حرکت ملکول ها در سیستم سلولی انجام می دهند. مثالی از این پروتئین، پروتئین کینزین است که با راه رفتن در ریل های توپولین اندامک هایی را در مسیر سلولی انتقال می دهد، یا به طور مشابه، اعضای ویژه های از خانواده میوزین محموله هایی را با استفاده فیلامنت های اکتین به عنوان نشانه منتقل می کنند.

انرژی های زیستی عمدتاً از طریق انرژی آزاد شده در هیدرولیز آدونوزین تری فسفات (ATP) در سیستم های زنده تامین می شوند [۳]. مکانیسم اساسی این انرژی آزاد شده بر مبنای مولکولی قابل درک نیست. با این حال به خوبی قابل درک است که این انرژی زیستی باید از جایی به جای دیگر یا از یک مکان به مکان دیگر در مولکول های پروتئین برای انجام فرایندهای بیولوژیکی منتقل شود [۴-۵]. بسیاری از فرایندهای بیولوژیکی سیستم های زنده مانند انقباض عضله، تکثیر DNA، انتقال پالس نوروالکتریک بر روی نورولما، کار با پمپ های کلسیم و پمپ های سدیم و... با انتقال انرژی زیستی از طریق مولکول های پروتئین در ارتباط هستند [۶]. با اینکه ماهیت پروتئین ها توسط رومی ها از اسم آلومین به علت پروتئین یافت شده در سفیده تخم مرغ گرفته شده است، اما تنها در اواخر قرن هجدهم بود که اولین درک از معنای واقعی آنها قابل تشخیص شد [۷]. پروتئین اولین

بار توسط شیمیدان هلندی جراردوس جوهانز مولدر توصیف و توسط شیمیدان سوئدی جونز جاکوب برزلیوس در سال ۱۸۳۸ نامگذاری شد [۸]. مولکول پروتئین یک سیستم پیچیده است که توسط یک سطح انرژی بالقوه ناهموار و پویایی بسیار ناهماهنگ توصیف می شود [۹]. ساختار آنها به گونه ای است که از بیش از ۲۰ نوع بلوک ساختمانی جداگانه به نام اسید آمینه ها ساخته شده اند [۱۰]. هر اسید آمینه دوباره توسط یک گروه آمینو (NH_2)، یک گروه کربوکسیل ($COOH$) و یک گروه جانبی ساخته می شود. اسید آمینه ها برای شکل گرفتن در طول زنجیره های باقی مانده که یک مولکول پروتئین را تشکیل می دهند، پلیمری می شوند. وقتی دو آمینواسید به هم متصل می شوند یک مولکول آب و یک پیوند پپتیدی را آزاد می کنند. وقتی که زنجیره پلی پپتیدی شکل می گیرد می تواند با ترکیبات سه بعدی پیچیده مختلف ادغام شود. پروتئین ها را می توان به طور کلی در چهار سطح ساختاری زیر تعریف کرد:

- ۱) ساختار اولیه، توالی پروتئین را که به صورت رشته ای از اسید آمینه ها می باشد، توصیف می کند. این پروتئین ها پلیمرهایی خطی از اسید آمینه ها هستند که با پیوند پپتیدی به هم متصل شده اند.
- ۲) ساختار ثانویه، به نظم های موضعی گفته می شود که پروتئین در حین تاشدگی به خود می گیرد و به دو دسته ورقه های مارپیچ آلفا و صفحات چین دار بتا تقسیم می شود.
- ۳) ساختار سوم، به حالت سه بعدی که پروتئین بعد از پیچش به خود می گیرد، گفته می شود که در آن با تاخوردگی بیشتر، صفحات و مارپیچ های ساختار دوم به صورت کروی در می آیند.
- ۴) ساختار چهارم، فقط برای برخی پروتئین ها قابل استفاده است، هم چنین برهم کنش زیر واحدهای پروتئینی جداگانه برای تشکیل یک واحد عملکردی است [۱۱].

روش بررسی

تحریک ارتعاشی و تغییر شکل شبکه اسید آمینه یک سالیتون را تشکیل می دهد که یک شبه ذره است که می تواند در طول مسافت های ماکروسکوپی در امتداد زنجیره های مولکولی با حفظ شکل، انرژی، حرکت و سایر خصوصیات شبه ذره اش حرکت کند. این نظریه دیودوف از انتقال انرژی زیستی در مولکول های پروتئین می باشد که

جدول ۱: پارامترهای مورد استفاده [۸۵]

پارامتر	واحد	مقدار
ϵ_0	eV	0.2035
χ_1	N	6.2×10^{-11}
χ_2	N	$(10-18) \times 10^{-12}$
M	Amu	115
W	$\frac{N}{m}$	13
J	eV	9.68×10^{-4}

در روابط بالا B_n و B_n^\dagger عملگرهای خلق و نابودی برای اکسایتون هستند. u_n و p_n به ترتیب عملگرهای جابه‌جایی و حرکت آمینواسیدهای باقی‌مانده در سایت n هستند. ϵ_0 انرژی اکسایتون است. χ_1 و χ_2 ثابت‌های غیرخطی جفت‌شدگی هستند. M جرم اسیدآمین و W ثابت الاستیک، J انرژی برهم‌کنش دوقطبی دوقطبی مابین اسیدآمین‌های همسایه است [۱۵].

رهیافت مورد استفاده در این مقاله به منظور مطالعه تئوری سیستم آشوب می‌باشد. در این صورت معادلات تحول سیستم به فرم زیر استخراج می‌شود و به معادلات دیفرانسیل مرتبه اول تقلیل داده می‌شود تا معادلات ode داشته باشیم.

$$\ddot{u}_n = \sum_n \left[\frac{W}{M} (u_{n+1} - 2u_n + u_{n-1}) + \frac{\chi_1}{M} (B_{n+1}^\dagger B_{n+1} - B_{n-1}^\dagger B_{n-1}) + \frac{\chi_2}{M} (B_{n+1}^\dagger B_n + B_n^\dagger B_{n+1} - B_n^\dagger B_{n-1} - B_{n-1}^\dagger B_n) \right] \quad (5)$$

$$\dot{B}_n = -\frac{i}{\hbar} \sum_n \{ -J(B_{n-1} + B_{n+1}) + \epsilon_0 B_n + \chi_1(u_{n+1} - u_{n-1})B_n + \chi_2[(u_n - u_{n-1})B_{n-1} + (u_{n+1} - u_n)B_{n+1}] \} \quad (6)$$

در واقع ممکن است با استفاده از یک هامیلتونی پیشرفته‌تر بتوانیم یک سالیتون با پایداری مناسب و طول عمر مناسب به دست آوریم [۱۶]. بنابراین این سالیتون یک حامل احتمالی برای انتقال انرژی زیستی در مولکولهای پروتئین است [۱۷]. دمای یکی از فاکتورهای مهم در فعالیت‌های بیولوژیکی سیستم‌های زنده است. در

اولین بار توسط دیویدوف در سال ۱۹۷۰ پیشنهاد شد [۱۲]. مدل دیویدوف با مشکلاتی نیز همراه بود. مشکلات مربوط به مدل دیویدوف از جمله پایه و صحت نظریه، خصوصیات کلاسیکی و کوانتومی، ثبات حرارتی و طول عمر سالیتون دیویدوف، توسط دانشمندان زیادی مورد مطالعه قرار گرفته است [۱۳]. این بدان معناست که باید یک عبارت برهم‌کنش جدید به هامیلتونی دیویدوف اضافه شود. هامیلتونی مولکول‌های پروتئین در مدل اصلاح‌شده که به مدل پنگ معروف است، به صورت زیر نشان داده می‌شود [۱۴]:

$$H = H_{ex} + H_{ph} + H_I \quad (1)$$

که در آن H_{ex} نشانگر این است که یک اکسایتون فرانکل از نوع بوزون با استفاده از انرژی آزادشده در هیدرولیز ATP در مولکول‌های پروتئین برانگیخته می‌شوند [۱۴ و ۱۵]:

$$H_{ex} = \sum_n [\epsilon_0 B_n^\dagger B_n - J(B_n^\dagger B_{n+1} + B_n B_{n+1}^\dagger)] \quad (2)$$

H_{ph} نشانگر ویژگی‌های هارمونیک اسیدآمین‌های باقی‌مانده است [۱۴].

$$H_{ph} = \sum_n \left[\frac{p_n^2}{2M} + \frac{1}{2} W (u_n - u_{n-1})^2 \right] \quad (3)$$

H_I نشانگر تعامل بین دو حالت حرکت است [۱۴].

$$H_I = \sum_n [\chi_1 (u_{n+1} - u_{n-1}) B_n^\dagger B_n + \chi_2 (u_{n+1} - u_n) (B_{n+1}^\dagger B_n + B_n^\dagger B_{n+1})] \quad (4)$$

که پارامترهای مورد استفاده در این روابط در جدول (۱) نشان داده شده است.

$$I = -\frac{i}{\hbar} \sum_n [-J(B_n^\dagger B_{n-1} - B_{n-1}^\dagger B_n + B_n^\dagger B_{n+1} - B_{n+1}^\dagger B_n) - \chi_2(u_n - u_{n-1})B_{n-1}^\dagger B_n + \chi_2(u_{n+1} - u_n)(B_n^\dagger B_{n+1} - B_{n+1}^\dagger B_n)] \quad (7)$$

در این کار، طول توالی زنجیره پروتئینی $N=150$ [۱۸] در نظر گرفته شده است و تاثیر پارامترهای مختلف از جمله دما و گرادیان دما بر روی سیستم بررسی می شود. همچنین از ترموستات نوزهور برای شبیه سازی اعمال دما بر روی سیستم استفاده می شود که معادله حاکم بر آن به صورت زیر است:

$$\dot{\xi} = \frac{1}{M} (\sum_n m \dot{y}^2 - N K_B T_0) \quad (8)$$

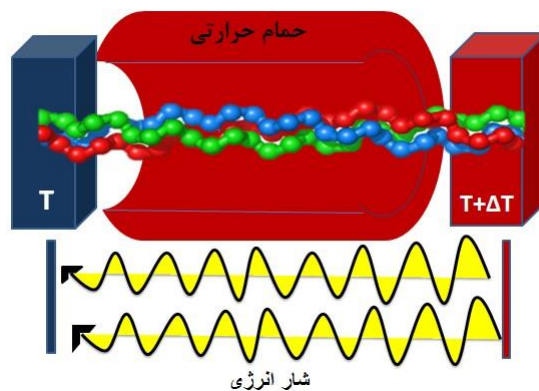
که در آن ξ یک ضریب اصطکاک ترمودینامیکی را توصیف می کند، T_0 دمای سیستم و K_B ثابت بولتزمن و M برابر ۱۰۰۰، ثابت ترموستات است [۱۹].

سری زمانی

در شکل ۲، سری زمانی شار انرژی برای سه توالی با طول های $N_1=20$ و $N_2=150$ و $N_3=300$ رسم شده است. تغییرات شار انرژی نسبت به زمان رفتار کاملاً آشوبناک از خود نشان می دهد. این نمودار شامل پیک هایی است که ماکزیمم شار عبوری در زمان های مختلف را مشخص می کند. این پیک ها کاملاً به صورت غیرمتناوب و نامنظم نسبت به زمان ظاهر می شوند. در این نمودار مشاهده می شود که در توالی با طول کوچکتر یعنی $N_1=20$ مقدار شار انرژی بیشتر است. به عنوان مثال شار انرژی در زمان ۹۰۰ پیکو ثانیه، برای $N_1=20$ ، ۱۰۰ میکرو الکترون ولت، برای $N_2=150$ ، ۲۰ میکرو الکترون ولت و برای $N_3=300$ ، حدوداً ۵ میکرو الکترون ولت است. این نشان دهنده این است که در بازه های زمانی مختلف مقدار شار انرژی با افزایش طول توالی، کاهش می یابد.

این کار سعی شده است که با تابش نور لیزر بر سیستم پروتئینی، تاثیر دما روی سیستم بررسی شود. لیزرهای مورد استفاده در پدیده های فوتوبیولوژیک، اغلب لیزرهای کم توان با طول موج های در محدوده نور مرئی هستند. عامل کلیدی در اثر فوتوبیولوژیک لیزرهای کم توان، فعال شدن آنزیم ها است که منجر به قویتر شدن فرایندهای بیوسنتتیک و بیوانرژتیک در سلول می گردد.

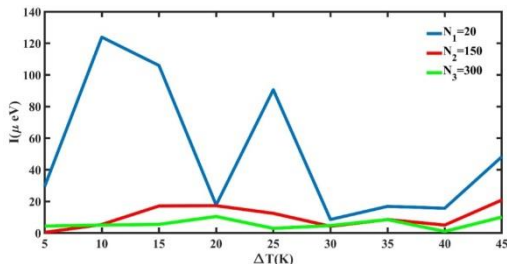
اثر اعمال دمای ناشی از تابش لیزر در قالب یک حمام گرمایی به سیستم مشخص می شود. همان طور که در شکل (۱) قابل مشاهده است، دو انتهای پروتئین در اتصال با حمام گرمایی قرار گرفته است. حمام گرمایی اختلاف دما بین دو انتها ایجاد کرده است. یک طرف با منبع سرد و یک طرف با منبع گرم در تماس است لذا شار انرژی از ناحیه ای با دمای بیولوژیکی بالا به ناحیه ای با دمای بیولوژیکی پایین انتقال یافته است، تا هر دو ناحیه هم دما شود و سالیتون برانگیخته شده در امتداد زنجیره پروتئینی به حالت پایدار رسیده است.



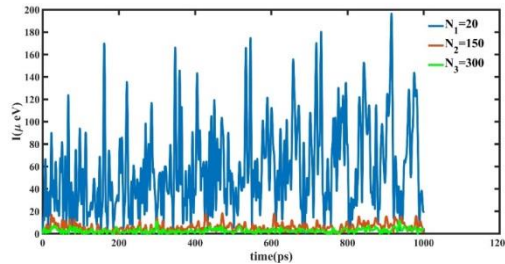
شکل ۲: رفتار سالیتون های برانگیخته شده در امتداد زنجیره پروتئینی در داخل حمام گرمایی

یافته ها

برای مطالعه انتقال انرژی در مولکول های زیستی باید شار انرژی را محاسبه کنیم. شار انرژی با استفاده از معادله پیوستگی به صورت زیر به دست می آید:



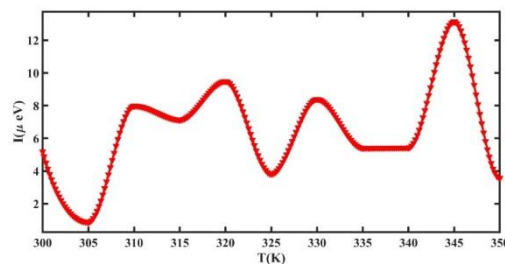
شکل ۴: تغییرات شار انرژی نسبت به اختلاف دمای دو منبع برای سه توالی مختلف



شکل ۳: سری زمانی شار انرژی برای سه توالی مختلف

اثر دما

یکی از پارامترهای موثر روی تریبرد انرژی در سیستم پروتئینی، اثر دما است. شکل ۳، تغییرات شار انرژی عبوری از سیستم پروتئینی را نسبت به دمای منبع نشان می‌دهد. همان‌طور که در شکل مشخص است شار انرژی نسبت به دمای یک سری نوسانات از خود نشان می‌دهد، به طوری که بیشترین شار عبوری در دمای حدود 345 کلوین و کمترین شار عبوری در دمای حدود 305 کلوین است و در بازه دمایی بین (340-335) کلوین، مقدار شار انرژی ثابت و برابر 6 میکروالکترون ولت است.



شکل ۳: تغییرات شار انرژی نسبت به دما برای توالی با طول ۱۵۰

اثر گرادیان متغیر دما

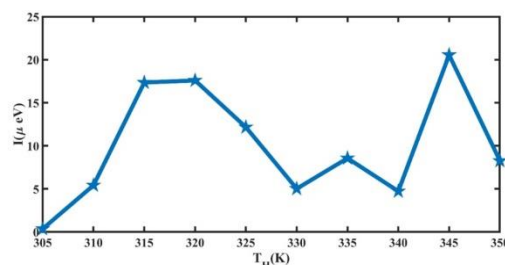
چون ممکن است بین دو انتهای سیستم زیستی یک اختلاف دمایی برقرار شود، پس اثر اختلاف دما بین دو نقطه را در نظر می‌گیریم. این کار را از طریق اعمال گرادیان دما روی سیستم مشخص می‌کنیم. جهت اعمال گرادیان دما روی سیستم، ۵ سایت اول سیستم را به یک منبع سرد و ۵ سایت آخر به یک منبع گرم متصل شده است. دمای منبع سرد را در مقدار ۳۰۵ درجه کلوین ثابت نگه می‌داریم و دمای منبع گرم را از ۳۱۰ درجه کلوین تا ۳۵۰ درجه کلوین تغییر می‌دهیم.

در شکل ۴، تغییرات شار انرژی نسبت به اختلاف دمای منبع گرم و سرد، را برای سه توالی با طول‌های $N_1=20$ و $N_2=150$ و $N_3=300$ رسم کردیم. مشاهده شد که برای توالی با طول $N_1=20$ ، به‌ازای اختلاف دمای ۱۰ درجه کلوین بیشترین مقدار شار انرژی وجود دارد. برای توالی با طول $N_2=150$ ، به‌ازای اختلاف دمای ۴۵ درجه کلوین، بیشترین شار انرژی که مقدار آن برابر ۲ میکرو الکترون ولت است، مشاهده شد و به‌ازای اختلاف دمای ۵ درجه کلوین کمترین شار انرژی که مقدار آن برابر صفر است، مشاهده شد. برای توالی با طول $N_3=300$ ، بیشترین مقدار شار انرژی به‌ازای اختلاف دماهای ۲۰ و ۳۵ و ۴۵ درجه کلوین و کمترین مقدار شار انرژی به‌ازای اختلاف دماهای ۴۰ و ۲۵ درجه کلوین وجود دارد. هم‌چنین مشاهده شد که به‌ازای اختلاف دماهای ۳۰ تا ۳۵ درجه کلوین مقدار شار انرژی برای دو توالی با طول $N_2=150$ و $N_3=300$ به‌طور یکسان تغییر می‌کند. به‌طور کلی بیشترین مقدار شار انرژی مربوط به توالی با طول $N_1=20$ و کمترین مقدار شار انرژی مربوط به توالی با طول $N_3=300$ است. بنابراین به این نتیجه می‌رسیم که از اختلاف دمای ۱۰ درجه کلوین به بالا، با افزایش طول توالی مقدار شار انرژی کاهش می‌یابد. مثلاً به‌ازای اختلاف دمای ۱۵ درجه کلوین، برای توالی با طول $N_1=20$ مقدار شار انرژی برابر ۱۱۰، برای توالی با طول $N_2=150$ مقدار شار انرژی نزدیک به ۲۰ و برای توالی با طول $N_3=300$ مقدار شار انرژی ۵ میکروالکترون ولت است.

عملکرد سیستم‌های زیستی داشته باشد. در این کار با تابش نور لیزر به سیستم، می‌توان دمای سیستم را تغییر داد و یا حتی در دو انتهای سیستم گرادیان دما ایجاد کرد. تاثیر دمای ناشی از تابش نور لیزر را می‌توان با اعمال یک ترموستات شبیه‌سازی کرد. تغییرات شار انرژی نسبت به دما می‌تواند تاثیر پارامتر دما بر روی شار انرژی عبوری از سیستم را نشان دهد. در دمای ۳۴۵ درجه کلوین مقدار شار انرژی بیشینه و در دمای ۳۰۵ درجه کلوین مقدار شار انرژی کمینه است. با بررسی تغییرات شار انرژی برحسب گرادیان دما و با فرض اینکه دمای منبع سرد $T_C = 305(K)$ و دمای منبع گرم $T_H = 310(K)$ است، مشاهده کردیم که در دمای ۳۳۵ درجه کلوین کمترین شار عبوری و در دماهای ۳۲۰ تا ۳۲۵ درجه کلوین بیشترین شار عبوری وجود دارد. بنابراین می‌توان محدوده ای از دماها که در آن بیشترین و کمترین شار انرژی از سیستم پروتئینی عبور می‌کند را به دست آورد که در فرایندهای بیولوژیکی و یا حتی بیومکانیکی کاربرد زیادی دارد. یکبار دیگر دمای منبع گرم و سرد را همزمان با هم تغییر دادیم و تغییرات شار انرژی نسبت به دمای منبع گرم را بررسی کردیم. مشاهده کردیم که در دمای ۳۴۵ درجه کلوین مقدار شار انرژی بیشینه است. در حالت کلی از تغییر دمای سیستم پروتئینی به واسطه تابش نور لیزر می‌توان در فرایندهای بیولوژیکی بسیاری از جمله انقباض عضلات، تکثیر DNA، کار با پمپ‌های کلسیم و سدیم، انتقال پالس نوروالکتریک بر روی نورولما... استفاده کرد.

اثر گرادیان ثابت دما

در ادامه نتایج با ثابت نگه داشتن گرادیان دما یعنی افزایش هم‌زمان و هم‌اندازه دمای منبع گرم و سرد شاهد تغییرات شار انرژی عبوری از سیستم هستیم. همان‌طور که در شکل (۵) قابل مشاهده است، در بازه دمایی ۳۱۵ تا ۳۲۰ درجه کلوین مقدار شار انرژی یکسان و تقریباً برابر با ۱۷ میکروالکترون ولت است. در ۳۴۵ درجه کلوین بیشترین مقدار شار انرژی و در ۳۱۰ و ۳۳۰ و ۳۴۰ درجه کلوین کمترین مقدار شار انرژی وجود دارد.



شکل ۵: تغییرات شار انرژی نسبت به دمای منبع گرم (N=150)

بحث و نتیجه گیری

در این مقاله به بررسی تغییرات شار انرژی در یک سیستم پروتئینی پرداختیم. قبلاً، تاثیر تابش نور لیزرهای کم‌توان روی سیستم‌های زیستی مورد بررسی قرار گرفته است [20-21]. در این کار، اثر تابش نور لیزر در غالب تغییر دما روی سیستم پروتئینی بررسی می‌شود. دما یکی از فاکتورهای کلیدی است که روی عملکرد پروتئین تاثیر بسزایی دارد [22]. وابستگی دمایی آمینواسیدها مستقیماً از ساختار پروتئین قابل درک بوده است [23]. شار انرژی عبوری از یک سیستم پروتئینی نسبت به زمان شامل پیک‌هایی است به طوری که توالی با طول کوچکتر پیک‌های بالاتری نسبت به توالی‌های بزرگتر نشان می‌دهد. دما بعنوان یک فاکتور کلیدی می‌تواند تاثیر به‌سزایی روی

References:

1. Pang XF. The theory of bio-energy transport in the protein molecules and its properties. *Physics of Life Reviews*, 2011; 8(3):264-86.
2. Xiao-Feng P. The bio-energy transport in the protein molecules and its experimental validations of correctness. 2018.
3. Pang XF, Yu JF, Liu MJ. Changes of properties of the soliton with temperature under influences of structure disorder in the α -helix protein molecules with three channels. *Molecular Physics*, 2010; 108(10):1297-315.
4. Daniel M, Deepamala K. Davydov soliton in alpha helical proteins: higher order and discreteness effects. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 1995; 221(1-3):241-55.
5. Čevizović D, Galović S, Ivić Z. Nature of the vibron self-trapped states in hydrogen-bonded macromolecular chains. *Physical Review E*, 2011; 84(1):011920.
6. Pang XF. Theory of bio-energy transport in protein molecules and its experimental evidences as well as applications (I). *Frontiers of Physics in China*, 2007; 2(4):469-93
7. Behnia S, Fathizadeh S, Akhshani A. DNA Spintronics: Charge and Spin Dynamics in DNA Wires. *The Journal of Physical Chemistry C*, 2016; 120 (5): 2973-2983.
8. Hartley H. Origin of the word 'protein'. *Nature*, 1951; 168(4267):244-.
9. Moritsugu K, Miyashita O, Kidera A. Vibrational energy transfer in a protein molecule. *Physical Review Letters*, 2000; 85(18):3970.
10. Pang XF. The mechanism and properties of bio-photon emission and absorption in protein molecules in living systems. *Journal of Applied Physics*, 2012; 111(9):093519.
11. Xiao-Feng P, Xiang-Rong C. Distribution of vibrational energy levels of protein molecular chains. *Communications in Theoretical Physics*, 2001; 35(3):323.
12. Xiao-Feng P, Yu-Hui L. Stabilization of the soliton transported bio-energy in protein molecules in the improved model. *Communications in Theoretical Physics*, 2004; 41(3):470.
13. Xiao-Feng P, Mei-Jie L. Features of Motion of Soliton Transported Bio-energy in Aperiodic α -Helix Protein Molecules with Three Channels. *Communications in Theoretical Physics*, 2009; 51(1):170.
14. Pang XF, Liu MJ. The Influences of Temperature and Chain-Chain Interaction on Features of Solitons Excited in A-Helix Protein Molecules with Three Channels. *International Journal of Modern Physics B*, 2009; 23(10):2303-22.
15. Pang XF, Liu MJ. The effects of damping and temperature of medium on the soliton excited in α -helix protein molecules with three channels. *Modern Physics Letters B*, 2009; 23(01):71-88.
16. Xiao-Feng P, Mei-Jie L. Properties of soliton-transported bio-energy in α -helix protein molecules with three channels. *Communications in Theoretical Physics*, 2007; 48(2):369.
17. Pang XF, Zhang HW, Luo YH. The influence of the heat bath and structural disorder in protein molecules on soliton transported bio-energy in an improved model. *Journal of Physics: Condensed Matter*, 2005; 18(2):613.
18. Warner JR, Knopf PM, Rich A. A multiple ribosomal structure in protein synthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1963; 49(1):122.

19. Peyrard M, Bishop AR. Statistical mechanics of a nonlinear model for DNA denaturation. *Physical Review Letters*, 1989; 62(23):2755.

20. Marques MM, Pereira AN, Fujihara NA, Nogueira FN, Eduardo CP. Effect of low-power laser irradiation on protein synthesis and ultrastructure of human gingival fibroblasts. *Lasers in Surgery and Medicine*, 2004; 34(3):260-265.

21. Lou Z, Zhang C, Gong T, Xue C, Scholp A, Jiang JJ. Wound-healing effects of 635-nm low-level laser therapy on primary human vocal fold epithelial cells: an in vitro study. *Lasers in Surgery and Medicine*, 2019; 34(3):547-554.

22. Vanga SK, Singh A, Raghavan V. Effect of thermal and electric field treatment on the conformation of Ara h 6 peanut protein allergen. *Innovative Food Science & Emerging Technologies*. 2015; 30:79-88.

23. VanDijk E, Hoogeveen A, Abeln S. The hydrophobic temperature dependence of amino acids directly calculated from protein structures. *PLoS Computational Biology*. 2015; 11(5):e1004277.