

## 生命体吸收的红外光的非热生物效应的研究\*

庞 小 峰

(电子科技大学高能电子学研究所 生物物理/生物电子学重点实验室 成都 610054;中国科学院国际材料物理中心 沈阳 110015)

**摘 要** 文章描述了由 ATP 分子水解释放的生物能量传递的新理论的物理和生物学基础.它的载流子是酰胺键振动量子在与氨基酸残基振动相互作用时,在非线性的作用下自陷而成的孤子.与 Davydov 孤子相反,这个在生理温度下热稳定的孤子在生物过程中扮演重要角色.利用模型哈密顿量、二次量子化法和蛋白质的参数值求出了它的振动能谱,它与红外吸收谱、手指的红外发射谱和激光拉曼谱吻合.从这能谱可知蛋白质分子能吸收波长为  $1-3\mu\text{m}$  和  $5-7\mu\text{m}$  的红外光.后者能导致蛋白质分子中的酰胺键的振动,从而促使生物能量沿蛋白质分子传递,使生物组织健康生长,由此也可以说明红外线的医疗功能.这是红外线的非热生物效应.

**关键词** 红外光,非热生物效应和医疗功能,能谱,蛋白质,孤立子,生物能量传递

### NON THERMAL BIOLOGICAL EFFECT OF INFRARED LIGHT ABSORBED BY LIVING SYSTEMS

PANG Xiao Feng

(Institute of High-Energy Electronics, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 610054;  
China and International Centre for Materials Physics, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110015, China)

**Abstract** We present the biological and physical foundations of the new theory of transport of bio-energy released by hydrolysis of ATP molecules. The carrier of the energy is a soliton formed by self-trapping of an amide-I vibrational quantum interacting with the vibration of an amino acid residue (phonon). Compared with Davydov solitons the new soliton is thermally stable and useful in biological processes. Utilizing the model Hamiltonian, second quantization and the parameter values of the protein, we have calculated the vibrational energy spectra of the system which are consistent with the experimental results from infrared absorption and radiation and Raman scattering. From these energy spectra we see clearly that infrared light of  $1-3\mu\text{m}$  and  $5-7\mu\text{m}$  wavelength can be absorbed by the proteins. The infrared light absorbed can result in normal vibrations of amide-I's in the amino acids which facilitates normal transport of bio-energy and growth of bioorganization (cells) in living systems. This is a non-thermal effect of infrared light. Thus we can explain the medical functions of infrared light on the basis of this biological effect.

**Key words** infrared light, non-thermally biological effect and medical functions, energy spectra, protein, soliton, bio-energy transport

所有生命体包括人和动、植物都生活在客观环境中,常受外场如光、红外光和电磁场等的作用.研究表明,它们对生物组织的形成和发育与生物信息的调制等有着重要作用,即它们对生命体的结构和功能与健康有极大影响.现在人们已知道,包括人在内的一切生命体不但能吸收而且能热辐射一定波长和强度的红外光.自古以来,医生常采用火罐等技术来治疗一些疾病,到现在包括红外灯、红外衣、红外裤、红外带和各种热辐射器在内的红外仪和红外器

件作为医疗和保健仪器在商店里大量出售,在医院和家庭中大量使用.临床实验证明,有些仪器确有一定的医疗效果,但有些仪器却没有作用.这是为什么呢?人们至今不能正确回答.要清楚回答这个问题,必须解决以下一些问题:

(1) 红外线的生物效应是什么?

\* 国家自然科学基金(批准号:19974034)资助项目  
2000-07-06 收到初稿,2000-09-27 修回

(2) 能起生物效应的红外线的波长、强度和频带是多大？

(3) 在生命系统中，什么生物组织中的什么成分吸收了这些红外线？

(4) 这种效应是一种热效应还是非热效应？

(5) 这个生物学过程和红外线的医疗功能有何关系？

.....

显然，这些问题不但非常有趣，而且很重要，同时也是难以解决的。但是，由于最近十多年以来生命科学的迅速发展和许多新的科学概念引入到生命系统中，这些问题可能得到解决。在这篇文章里，我们将简单地描述用已提出的生物能量传递的新理论和非线性物理理论对这些问题进行研究。

## 1 蛋白质的分子结构及生物能量传递的机理及理论

要解决这个重要问题得首先认真研究蛋白质的分子结构和生物功能，这是由于所有生命体包括细胞，从分子水平上讲都是由蛋白质和 DNA 组成的，DNA 是遗传物质，主管生命的遗传特性，而蛋白质分子的一个生物功能就是输送生物能量，使肌肉发生收缩，并使 DNA 的复制变成可能。显然，上述问题与蛋白质分子的状态和结构变化相关。所以我们应当对蛋白质分子的结构、特性和功能作深入研究。现代科学研究表明，蛋白质是一个固有的非线性系统，要说明生命体的生物能量传递的机制和特征以及吸收红外光所产生的生物效应等问题，必须使用非线性理论，并从蛋白质的分子结构出发来计算蛋白质分子的能谱分布。下面首先来研究蛋白质分子传递生物能量的机制和特征。

众所周知，各种蛋白质分子都是由 20 多种不同氨基酸组成的，而后者又是由氨基  $\text{NH}_2$  和羧基  $\text{COOH}$  及粘附于  $\alpha$  碳原子上的侧基 (R) 组成的。侧基对于不同的氨基酸是不同的。两个氨基酸分子结合在一起释放出一个水分子，靠肽键连结成一个长链，组成了蛋白质的一维结构。由于能量极小化的要求，长链分子折叠而成具有  $\alpha$  螺旋结构、 $\beta$  片和球形等三种不同的三维空间组态或构象，如图 1 所示。在  $\alpha$  螺旋结构中，三条多肽长链沿纵轴方向缠绕，靠其中的氢键支撑而成为三维的螺旋形构型，如图 2 所示：在  $\beta$  片中，长链“编织”成长带；在球形组态中，长链不规则地折叠而成为近球状。在一般情况下，蛋白质

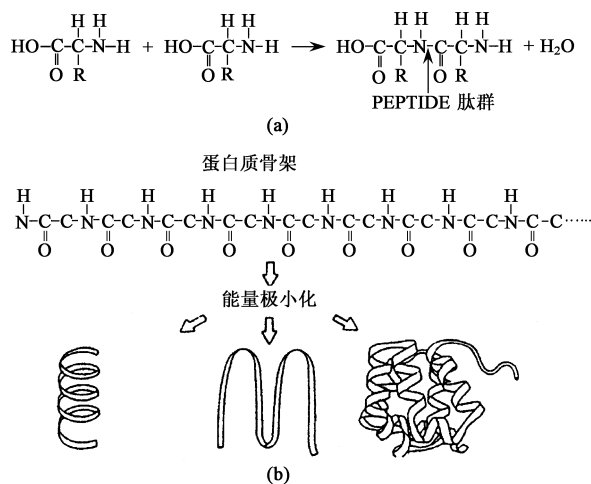


图 1 蛋白质分子的形成和空间构象组态

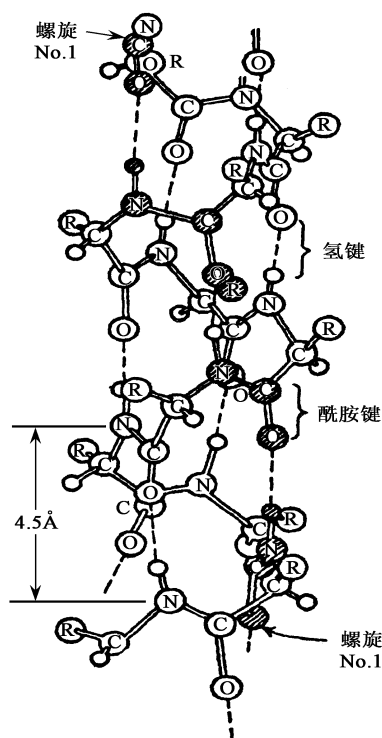
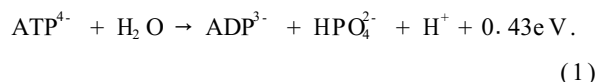


图 2  $\alpha$ -螺旋蛋白质分子的结构特性

分子的空间组态是  $\alpha$  螺旋形和  $\beta$  片，但其结构常以随机组态为标志。对于蛋白质来讲，其活性和功能的能量供给主要由附着在蛋白质分子上的三磷酸腺苷 (ATP) 分子所发生的如下的水解反应时所释放的  $0.43\text{eV}$  能量：



能产生生物能量的生化反应还有糖酵解、葡萄糖的有氧和无氧化等。研究表明，这个能量主要用于肌肉收缩和 DNA 复制等生物学过程，以促进生物的生长和发育。但 ATP 水解作用释放的生物能量是

物理

如何传递到生物组织和细胞核内的 DNA,引起肌肉的收缩和 DNA 的复制的呢?这是生命科学一个极其重要并且长期未解决的大问题.与此相关的问题还有,这个能量是通过一个非平衡态过程而被使用呢?还是平衡和转化为满足经典热力学关系呢?研究表明,一种可能的能量传递机制是,这个能量可以转变为蛋白质分子内的振动激发.而一个像样的共振交换的吸收者仅能是在其中与特殊结构氢键相关的酰胺键(amide-I)的振动.这种振动的实质上是肽群的C—O键的伸缩运动.但酰胺键的振动是非常复杂的,存在各种振动模式.于是非常有必要去计算酰胺键或蛋白质分子的量子振动能谱的分布.红外吸收的实验表明,酰胺键振动的一个基频的波强度是  $0.205\text{eV}$ ,这个能量近于 ATP 水解放出的能量的一半,刚好等于H—O—H的弯曲模能,这就暗示了上述激发可能是通过水的中间激发来进行的.对于不同类型的蛋白质分子,酰胺键振动是它们的拉曼散射谱和红外吸收谱的一个基本特性,几乎是不变的.这表明它与其他自由度的耦合是相当弱的.以上所有事实导致了这样一个设想:由 ATP 水解所释放的能量可以局域地存储在酰胺键的振动状态之中.

1973年,纽约科学院举行的生命科学问题的讨论会上对此问题作了广泛讨论.有人提出了异议,认为在蛋白质上出现的这个典型振动的寿命太短(大约为  $10^{-12}\text{s}$ ),以致对生物学过程无多大意义.具体来讲,每一个肽群(氨基酸残基)大约有  $3.5\text{--}4\text{Debye}$ (德拜)的大的电偶极矩.于是相邻氨基酸残基之间的偶极-偶极相互作用可以将这个能量从一个氨基酸残基传递到另一个而不能局域地停留下来,并会在生物学过程中以热形式损失掉.但是这里没有考虑这种分子内部激发会引起所在的氨基酸残基的构像畸变,从而引起后者的低频声学振动与分子内部激发的耦合作用.这种作用所导致的非线性相互作用会使酰胺键的振动能量局域化.

这个问题在1973年由前苏联科学家 A. S. Davydov 首先注意到<sup>[1]</sup>.他暗示这个振动能量传递可以通过这个振动激发和氨基酸残基的结构畸变(振动的非线性相互作用而局域化.这种激发和畸变的相互平衡,形成了孤立子.由于孤立子的特性,它可以携带此生物能量从一个地方沿蛋白质分子,保持形状、能量、动量和其他准粒子特征不变地传到另一个地方. Davydov 在  $\alpha$ -螺旋蛋白质分子上给出了这个思想,他提出的理论揭示了生物能量以孤立子形式沿  $\alpha$ 螺旋蛋白质分子传递的特点.对于这种生物

能量传递的机制现在可以概括叙述如下:ATP 水解作用释放的生物能量引起了C—O键(酰胺键)的伸缩振动,由于酰胺键振动量子(激子)与晶格声子的相互作用,会引起了氨基酸残基的位移和螺旋结构的畸变,再通过与低频声子的相互作用,畸变的螺旋形晶格作为一个“势阱”去自陷酰胺键振动量子或激子的能量,以防止它的色散,再经相邻氨基酸残基间的偶极-偶极相互作用,使局域的生物能量以孤立子形式从一处传递到另一处.这称为生物能量的自局域或自陷机制.

在蛋白质的螺旋结构中,纵向的氢键肽群链的序列是: ... H—N—C—O ... H—N—C—O ... H—N—C—O... 其中的点线是氢键.在这个分子链中,描写它们之间的相互作用的著名的 Davydov 哈密顿量是激子的能量、氨基酸残基的低频振动能量和它们之间的线性耦合能量之和,即

$$\begin{aligned}
 H = H_i + H_p + H_{lm} = & \sum_i \epsilon_0 \hat{B}_i^+ \hat{B}_i \\
 & - J(\hat{B}_{i+1}^+ \hat{B}_i + \hat{B}_i^+ \hat{B}_{i+1}) \\
 & + \sum_i \left[ \frac{P_i^2}{2M} + \frac{1}{2} \beta (u_{i+1} - u_i)^2 \right] \\
 & + \chi \sum_i (u_{i+1} - u_i) \hat{B}_i^+ \hat{B}_i, \quad (2)
 \end{aligned}$$

他用包含有一个激子的单粒子激发态和声子的相干态的乘积的简单线性组合来表示由这些相互作用所形成的状态.由这种哈密顿量和波函数所决定的激子动力学方程是非线性薛定谔方程<sup>[1-12]</sup>.这表明由于同低频氨基酸残基振动的相互作用,这个激子通过自陷机制形成了孤立子.由于这个理论涉及到生命科学的一个重要问题,至此对于这个理论的正确性和自洽性,孤立子的特性和热稳定性和检测方式等方面的问题,国际上众多物理学家、生物物理学家、分子生物学家和计算机专家进行了长达20多年的研究,发表了数百篇论文和几本专著.但 Cottingham 等人<sup>[2-5]</sup>的研究表明,该理论太简单,孤立子在生理温度  $300\text{K}$  下的寿命太短(大约为  $10^{-12} - 10^{-13}\text{s}$ ,即大约  $1\text{ps}$ ),是热不稳定的,在这个寿命期间,孤立子只能传递过几个氨基酸残基,从而在生物学上没有多大实用价值<sup>[2,5-7,9-12]</sup>.

到目前为止,已有一些新的模型被提出.其中本文作者在 Davydov 理论基础上,经过10多年的深入研究,提出了一个引人注目的小极化子-振子孤立子新模型.在这个模型中,系统的哈密顿量用了一个非线性的小极化子模型来表示,不但全面考虑了 Davydov 模型的相互作用能,而且考虑了相邻酰胺键

之间的相互作用导致的氨基酸残基位置的相对改变<sup>[9-12]</sup>.对于这个模型哈密顿量,我们将它表示成:

$$H = H_i + H_p + H_m = \sum_i \left[ \frac{p_i^2}{2m} + \frac{1}{2} \alpha_0^2 m r_i^2 - \frac{1}{2} \alpha_1^2 m r_{i+1} r_i \right] + \sum_i \left[ \frac{P_i^2}{2M} + \frac{1}{2} \alpha (u_{i+1} - u_i)^2 \right] + \sum_i m_{\chi} (u_{i+1} - u_{i-1})^2 + m_{\chi_2} (u_{i+1} - u_i) r_i r_{i+1} ] \quad (3)$$

这个系统的波函数用包含有一个振动量子的准相干态矢波和声子相干态的乘积的线性组合来描述,其结果是较成功的,孤立子寿命在 300K 时较长,可达  $10^{-10}$ s 左右,也是热稳定的.

最近一段时间,围绕 Davydov 理论本身,许多人作了一些重要改进,方向都集中于 Davydov 波函数上.理论上预示了包含有多于一个量子或激子的状态波函数的自陷理论,可使孤立子在 300K 有高的热稳定性.这当中有 Brown 等人的激子相干态、Schweitzer 等人的 N- 激子波矢、Förner 等人的 2- 激子单粒子激发态波矢、Cruzeiro - Hansson 的新的 2- 激子(本文作者证明了实际上它是 4 激子)单粒子激发态等.本文作者严格证明这些波函数对蛋白质分子都不适合,其相干态违背了系统的激子数守恒的原理,多激子和 2 激子的单粒子激发态不能表示有序蛋白质分子的集体激发态所具有的相干态特性,

并与声子的相干态不协调,因为由同一非线性相互作用导致的集体激发应具有相同的特性.同时相干态和多激子态与 ATP 水解作用释放的能量仅能激发两个激子的生物学事实相抵触.对此,最近本文作者提出了包含有 2 个激子的准相干态和声子相干态的乘积的线性组合的新的状态波函数,并把(2)式改写为

$$H_p = \sum_i \left[ \epsilon_0 \hat{B}_i^+ B_i - J(\hat{B}_{i+1}^+ \hat{B}_i + \hat{B}_i^+ \hat{B}_{i+1}) \right] + \sum_i \left[ \frac{P_i^2}{2M} + \frac{1}{2} \alpha (u_{i+1} - u_i)^2 \right] + \sum_i \left[ \alpha (u_{i+1} - u_{i-1}) \hat{B}_i^+ \hat{B}_i + \alpha' (u_{i+1} - u_i) \cdot (\hat{B}_i^+ \hat{B}_{i+1} + \hat{B}_i \hat{B}_{i+1}^+) \right] \quad (4)$$

在 2000 年的 Phys. Rev. E62 和 2001 年的 European Physical Journal B19 上,用了相当于中文 10 万字的两篇长文章对这个理论作了详细和全面地阐述,并对孤立子的热稳定性和在 300K 时的寿命作了详细计算.研究表明,在生理温度时是热稳定的,其寿命约为 100 多 ps(即  $10^{-10}$ s 左右),在此时间内,孤立子可传递过大约 500 多个氨基酸残基,从而使这一系统的孤立子能够在生物学过程中扮演一个重要角色.我们的结果和 Davydov 理论的结果示于表 1 中.可见两者有明显差别.因此,这个新理论引起了人们的广泛注意<sup>[9-12]</sup>.

表 1 Davydov 孤立子与我们的模型孤立子的特性比较

模型 \ 孤立子特性	非线性作用力 ( $\times 10^{-21}$ J)	孤立子的振幅数值	孤立子的宽度 ( $\times 10^{-10}$ m)	孤立子束缚能 ( $\times 10^{-21}$ J)	在 300K 时孤立子寿命 (s)	在寿命期间孤立子运动过的氨基酸数	在 300K 时孤立子的热稳定性	孤立子的临界温度
我们的模型	3.8	1.72	4.95	- 7.8	$10^{-10}$ - $10^{-9}$	几百至 1 千	稳定	320K 左右
Davydov 模型	1.18	0.974	14.88	- 0.188	$10^{-13}$ - $10^{-12}$	几个	不稳定	< 220K

## 2 蛋白质分子的量子振动能级分布计算及特点

为什么我们在前节要花很多精力去介绍生物能量在蛋白质分子中传递的孤立子理论呢?它与我们这里研究的主题有何关系呢?简单说,上述研究使我们找到蛋白质分子的红外吸收的生物学效应的机理.从上面的介绍我们知道,酰胺键基频或 C—O 键的基础振动的能量 0.205eV 所对应的波长刚好是处在红外谱段之内.实际上,在该类蛋白质分子中,有孤立子存在的一个重要证据就是从 G. Careri 等人<sup>[13-17]</sup>近十多年对类蛋白质分子(如乙酰苯胺等)所作的红外吸收的实验结果.这样一个事实启发我们,蛋白质分子

吸收的红外线可引起 C—O 键或酰胺键的振动.于是,我们只要计算出酰胺键的振动能谱,便可研究生物体的红外吸收特点.显然,这种计算必须从上述 Davydov 的模型和我们的模型的哈密顿量出发,建立起计算能级所需要的量子哈密顿量,再用非线性量子理论求出其非线性量子哈密顿量对应的本征能谱来.

从以上哈密顿量(2)式和(4)式出发,运用半径经典半量子的索末菲方法,引入运动模型的复数振幅 A 和使用变分法可求出此系统的动力方程,它是分立的非线性薛定谔方程:

$$j \frac{\partial A}{\partial t} + MA + \nu D(|A|^2)A = 0 \quad (\text{这里 } j = \sqrt{-1}), \quad (5)$$

$A = \{ A_m \}$  就是所研究的酰胺键振动  $m$  个振动模相应

的复态矢、 $D(|A|^2)$  表示非线性的对角矩阵  $\text{Diag}(|A_1|^2, |A_2|^2, \dots, |A_m|^2)$ ,  $M$  是  $m \times m$  阶实对称矩阵. 再用二次量子化方法, 将  $A_m$  用相应的产生算符和消灭算符  $\hat{B}_m^+$  和  $\hat{B}_m$  表示出来, 则其蛋白质分子链所对应的量子哈密顿量算符为

$$\hat{H} = (\omega_0 - \frac{1}{2} \nu) \sum_{m=1}^3 (\hat{B}_m^+ \hat{B}_m + \frac{1}{2}) - J \sum_{m \neq a}^3 (\hat{B}_m^+ \hat{B}_a) - \frac{1}{2} \nu \sum_{m=1}^3 (\hat{B}_m^+ \hat{B}_m \hat{B}_m^+ \hat{B}_m), \quad (6)$$

这里取  $\hbar=1$ , 其能量和频率的单位都为  $\text{cm}^{-1}$ ,  $\nu$  是非线性相互作用常数. 利用本征方程  $\hat{H}_n C_n = E_n C_n$  [ $C_n = \text{Col.}(C_1, C_2, \dots, C_{d(n)})$ ] 和  $\alpha$  螺旋蛋白质分子的物理参数公认的实验值  $\beta = (13-19.5) \text{ N m}$ ,  $M = (1.17-1.91) \times 10^{-25} \text{ kg}$ ,  $x = (56-62) \text{ PN}$ ,  $J = 7.8 \text{ cm}^{-1}$ ,  $x' = (10-15) \text{ PN}$ ,  $r_0 = 4.5 \text{ \AA}$ ,  $\epsilon_0 = (2.05 \text{ eV})$ , 可求出计算所需要的参数值, 从而可求出蛋白质分子振动的量子能级<sup>[18-20]</sup>. 在一定近似下, 从(2)式和(4)式的哈密顿量都可得到如(5)式和(6)式的结果, 仅是其中的各参数的具体表示式不一样.

由 Davydov 模型和我们的模型所求出的能级值及相应的实验数据列于表 2<sup>[13-17]</sup>. 应当说明, 在上述计算中, 对蛋白质分子我们仅使用了一个简单的模型, 即只考虑了同一分子链中的 3 个不同振动模. 实际上蛋白质分子有多个振动模. 同时  $\alpha$  螺旋蛋白质分子是由 3 条链组成的. 若考虑它们之间的相互作用和相应振动模, 会使求解蛋白质分子的振动能谱变得十分复杂, 但会使得到的能谱更加精确些. 它可能使带状能谱中的能级变密, 简并增多, 甚至可能使带状能谱变得近似连续. 但因这些要增加的振动模较弱, 链间相互作用也小, 它们对蛋白质的能谱影响较小, 所以我们在这里未作繁杂计算. 为使其物理意义简单明显, 上述能谱也是可用的. 从表 2 可知, 理论值与由红外吸收和拉曼散射实验得到的值基本是一致的.  $n=1$  的激发态的红外吸收谱的实验结果示于图 3(a) 中, 它的强度随温度的变化规律示于图 3(b). 这些实验结果是由 G. Careri 等人在有机晶体——乙酰苯胺 (ACN) 中得到的<sup>[13-17]</sup>, 这是一种类蛋白质分子的有机分子晶体, 两者的基本单元的比较示于图 4 中. 由于这两种物质的纵向氢键链结构和基本单元的几何结构的一致性, 由这种红外吸收机制决定的红外吸收谱对蛋白质来讲是可信任的. 表 2 的理论与实验值的一致性表明, 以上所使用的计算模型是正确的. 同时, 从表 2 也可以看出我们的模型比 Davydov 模型得出的理论结果与实验值更相近.

表 2 蛋白质分子的振动量子能谱(单位  $\text{cm}^{-1}$ )

序号	类型	实验值* <sup>1</sup>	计算值* <sup>2</sup>	计算值* <sup>3</sup>
1	A <sub>1</sub>	1666.0	1666.1	1666.2
	E	1650.0	1627.1	1628.1
2	A <sub>1</sub>	3150.3	3228.85	3170.48
	E	3216.1	3250.956	3197.12
	E	3250.0	3303.46	3254.75
	A <sub>1</sub>	3280.0	3319.56	3288.14
3	E		4795.08	4675.05
	E		4804.68	4677.93
	A <sub>1</sub>	4752	4865.536	4775.67
	A <sub>1</sub>	4803.0	4890.0	4802.03
	A <sub>2</sub>		4933.10	4845.39
	E	4864.0	4972.72	4858.25
	A <sub>1</sub>	—	4972.51	4904.31
4	E	6173	6316.43	6104.43
	E	6225	6317.32	6273.40
	A <sub>1</sub>	6304	6417.05	6290.77
	A <sub>1</sub>		6438.46	6314.44
	A <sub>2</sub>	6354	6464.93	6326.84
	E		6478.18	6338.44
	E	6408	6517.78	6404.01
	A <sub>1</sub>		6539.50	6427.31
	E		6547.45	6482.55
	A <sub>1</sub>		6592.68	6489.57
	5	E		7784.11
E <sub>1</sub>			7784.62	7463.43
A <sub>1</sub>			7941.89	7463.43
E			7951.74	7713.48
E			7951.74	7717.28
A <sub>2</sub>			7973.12	7718.28
E			8793.12	7741.28
A <sub>1</sub>			8980.83	7745.45
A <sub>2</sub>			8030.55	7834.16
E			8045.86	7844.67
E			8083.31	7910.96
A <sub>1</sub>			8105.40	7913.57
E			8118.44	7921.43
A <sub>1</sub>			8130.21	7956.91
E			8179.85	8017.11
E <sub>2</sub>		8204.47	8049.87	
E		8204.47	8049.87	

\* 1 实验值来源于参考文献[1],[10],[13-17];

\* 2 是 Davydov 模型的计算结果;

\* 3 我们的模型的计算结果.

另外, 从表 2 的能级分布可以很方便地看出蛋白质分子能级分布的特点:

(1) 对于同一个主量子数  $n$ , 对应着多个不同能级, 随着  $n$  的增加, 能级之间的间距越来越小.

(2) 蛋白质振动呈现出强烈局域模图像, 能级的局域模简并在  $n \geq 4$  的高激发态时出现.

利用表 2 的数值可以给出蛋白质分子由能级跃迁所产生的辐射谱线.  $n=3$  的 9 条辐射谱线示于图 5 中. 非常奇怪的是, 这些谱线与 Webb 等人<sup>[21]</sup> 从大肠

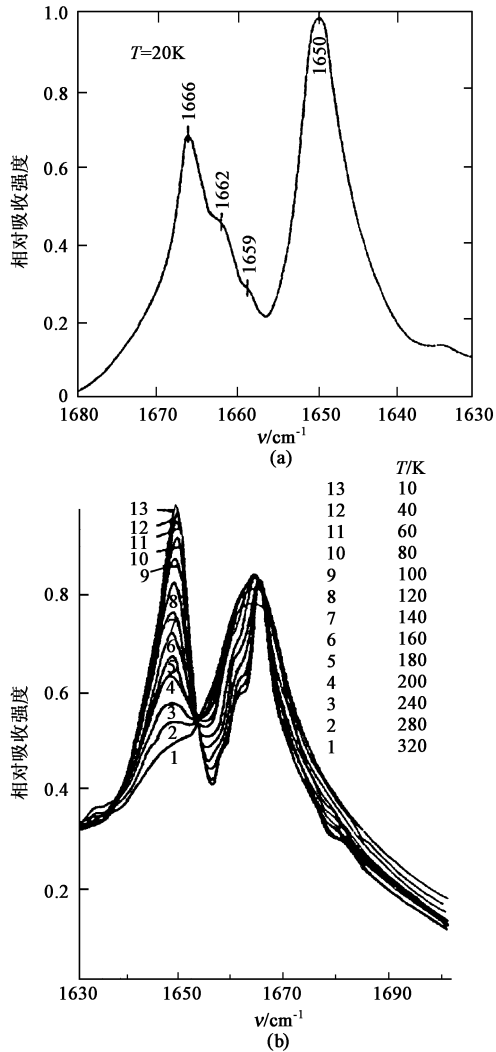


图3 在类蛋白质分子的乙酰苯胺的第一激发态的红外吸收特性

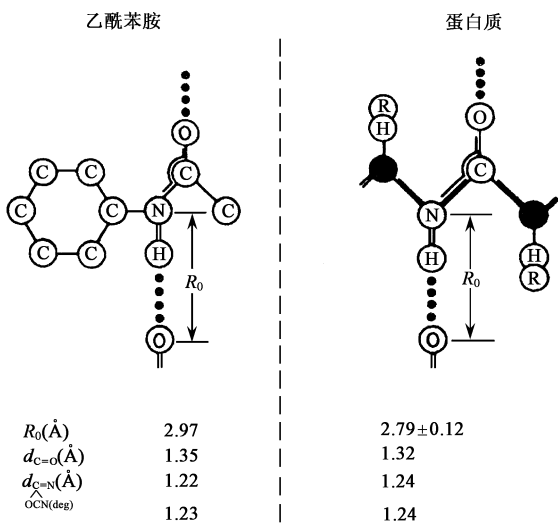


图4 蛋白质分子和乙酰苯胺的基本单元——肽群的几何结构的比较

杆菌所得到的激光拉曼谱的9条线十分接近,后者示于图6中.这是一个十分令人感兴趣和有意义的结果,因为迄今为止,还没有人从理论上完整地解释过Webb等人的这个实验结果.它表明图6中的拉曼谱是由大肠杆菌的染色体中的蛋白质分子产生的,同时,也表明表2列出的蛋白质能谱是可信的和可利用的.

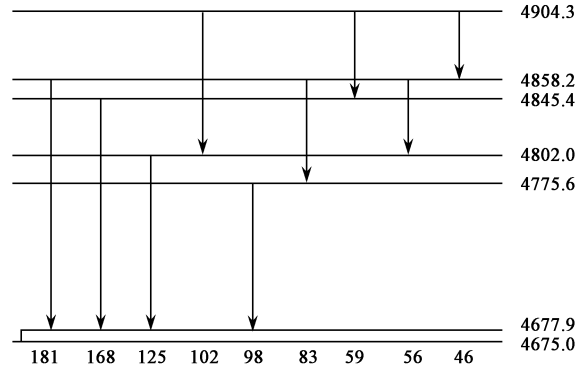


图5 蛋白质分子链在  $n=3$  时的能级分布和相应的辐射谱线

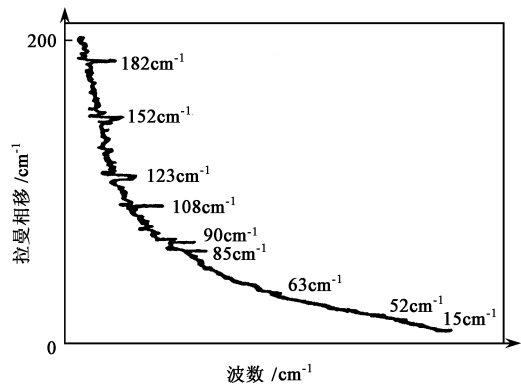


图6 由Webb得到的激活的大肠杆菌的激光拉曼谱

### 3 红外线的生物效应和医学功能

表2的结果告诉我们,即通过酰胺键的振动蛋白质分子,能够而且也只能吸收或发射出  $1-3.5\mu\text{m}$  和  $5-7\mu\text{m}$  波长和强度为  $0.2\text{eV}$ ,  $0.4\text{eV}$  和  $0.8\text{eV}$  的红外线,这是值得认真注意的新结果.

这些结果是可信的,因为这个结果正和作者与王永国用红外光探测系统和多通道OMA仪器实际测量的人的手发射的红外光谱基本相吻合,我们测出的结果示于图7中.从图7可知,人和其他动物确实可发射这一波段的红外线.

在生命体的红外吸收的问题中,现在要知道的是蛋白质分子吸收了这样的红外线后会引起一些什么

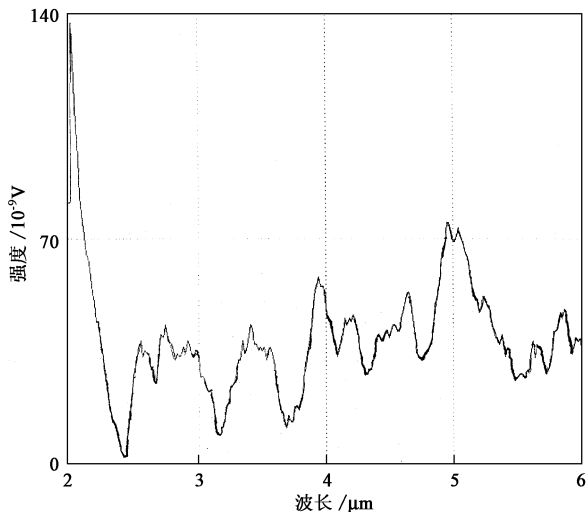


图7 实验测得的人的手指辐射的红外谱

生物现象呢?从以上的生物能量传递机制和特点及一系列的研究结果看出,吸收的红外线可以引起蛋白质分子中的酰胺键键的量子振动<sup>[7-12]</sup>,从而可使生物能量顺利地从一个地方传递到另一个地方,使生命体处于正常状态,保持生命体的生长、发育及健康<sup>[22]</sup>。显然,这种生物效应是红外的非热效应。通常,维持生命系统正常运行的生物能量是由 ATP 的水解提供的,但是,一旦 ATP 分子或 ATP 酶(ATP 的水解需要酶的参与)或水不足,或者蛋白质的结构和构象改变或畸变等等原因,便可使提供的生物能量不足以引起酰胺键的正常振动或生物能量不能正常传递。生物组织在得不到足够能量时,便不能正常生长,会诱发出各种疾病。在这种情况下,若能用具有上述波长的红外线照射,并能被蛋白质吸收,就可以使蛋白质分子恢复正常和正常传递生物能量,从而可能使生物组织从病态恢复到正常状态,使疾病得到治疗。因此红外线对生物(包括人)有重要的生物效应和医学功能<sup>[22]</sup>。在红外线医疗仪的临床试验中也证明,对生物体或人有一定医疗效果的红外线也正好是在此波长范围内,即 0.8—1.6 $\mu\text{m}$  和 4.8—7 $\mu\text{m}$ 。这就是红外线的非热生物效应和医学功能的机理的简单描述。

当然,红外线的非热效应还应包括它引起的一些生化反应,同时它对人和生物体也有热效应,这种热效应可以促进血液的循环和新陈代谢,从而使人的疾病得到医治,或促进人的健康。

最后一个关键问题是红外线是否能贯穿皮肤,进入到细胞膜和细胞内的细胞质中,因为所有蛋白质分子都存在于细胞膜上和细胞质中。我们的实验证明,上述红外线波是可以透射过皮肤到细胞上,被蛋白质

分子吸收。皮肤对红外线的贯穿特性示于图 8 中。从图 8 可见,1—7 $\mu\text{m}$  的红外线是可穿过皮肤的,特别是 4—5 $\mu\text{m}$  的红外线的贯穿系数很大。

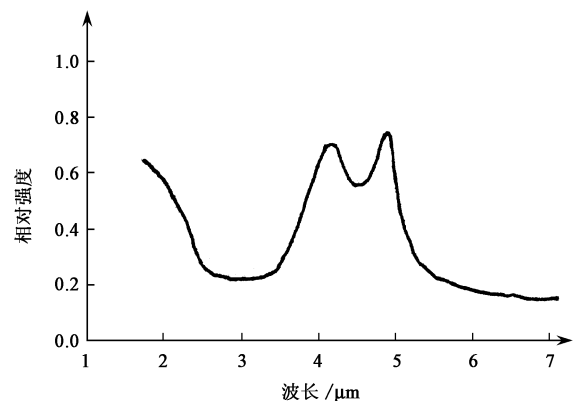


图8 相对于入射强度的穿透皮肤的红外线强度与波长的关系

### 参 考 文 献

- [ 1 ] Davydov A S J. *Theor. Biol.*, 1973, 38 :559; *Phys. Scr.*, 1979, 20 : 387; Davydov A S. *Solitons in Molecular Systems*. 1 ed. Dordrecht. Reidel Publishing Comp., 1985. 1—321
- [ 2 ] Christiansen P L, Scott A C. *Davydov's soliton revisited*. New York: Plenum Press, 1990. 1—286
- [ 3 ] Scott A C. *Phys. Rev. A*, 1982, 26 :578; *Phys. Rev. A*, 1983, 27 : 2767; *Phys. Scr.*, 1985, 25 :651; *Phys. Rep.*, 1992, 217 :1; *Physica D*, 1990, 51 :33
- [ 4 ] Brown D W. *Phys. Rev. A*, 1988, 37 :5010; *Phys. Rev. Lett.*, 1989, 63 :426; Brown D W, West B J, Lindenberg K. *Phys. Rev. A*, 1986, 33 :4104, 4110
- [ 5 ] Contingham J P, Schweitzer J W. *Phys. Rev. Lett.*, 1989, 62 :1792; Schweitzer J W. *Phys. Rev. A*, 1992 :8914
- [ 6 ] Wang X, Brown D W, Lindenberg K. *Phys. Rev. A*, 1988, 37 :3357; *Phys. Rev. Lett.*, 1989, 62 :1796
- [ 7 ] Cruzeiro Hansson L. *Phys. Rev. A*, 1992, 45 :4111; *Phys. Rev. Lett.*, 1994, 73 :2929; *Physica D*, 1993, 68 :65
- [ 8 ] Forner W. *Phys. Rev. A*, 1991, 44 :2694; *J. Phys. Condensed Matter*, 1991, 3 :95; *Physica D*, 1993, 68 :68
- [ 9 ] Pang X F. *J. Phys. Condensed Matter*, 1990, 2 :9541; *Chinese Phys. Lett.*, 1993, 10 :381, 437, 573; *Phys. Rev. E*, 2000, 62 :6989
- [ 10 ] 庞小峰. *非线性量子力学理论*. 重庆:重庆出版社, 1994. 243—462 [ Pang X F. *The Theory of Nonlinear Quantum Mechanics*. Chongqing: Chongqing Press, 1994. 243—462 (in Chinese) ]; Pang X F. *Chinese Science Bulletin*, 1993, 38 :1572, 1665; *Chinese Physics*, 2000, 9 :86; *Physica D*, 2001, 154 :138
- [ 11 ] Pang X F. *Phys. Rev. E*, 1994, 9 :4747; *Acta Phys. Slovaca*, 1998, 48 :99; *European Phys. Journal B*, 2001, 19 :297; Pang X F, Miller-Kersten J W H. *J. Phys. Condensed Matter*, 2000, 12 :885
- [ 12 ] Pang X F. *European Phys. Journal B*, 1999, 10 :415; 庞小峰. *物理学报*, 1993, 42 :1841 [ Pang X F. *Acta. Phys. Sinica*, 1993, 42 : 1841 (in Chinese) ]

- [13] Eilbeck J C, Lomdahl P S, Scott A C. *Physica, D*, 1985, 16:318; *Phys. Rev. B*, 1984, 20:4073
- [14] Scott A C. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. A*, 1985, 315:423; *Phys. Rep.*, 1982, 217:1
- [15] Scott A C, Eilbeck J C. *Phys. Lett. A*, 1986, 119:60; *Chem. Phys. Lett.*, 1986, 132:23
- [16] Scott A C, Lomdahl D S, Eilbeck J C. *Chem. Phys. Lett.*, 185, 113:29
- [17] Careri G, Buontempo U, Galluzzi F *et al.* *Phys. Rev. B*, 1984, 30:4689
- [18] 庞小峰. *物理学报*, 1994, 43:1987 [ Pang X F. *Acta. Phys. Sinica*, 1994, 43:1987 (in Chinese) ]; *化学物理学报*, 1995, 12:1062 [ *Chinese J. Phys. Chem.*, 1995, 12:1062 (in Chinese) ]
- [19] Chen X R, Gou Q Q, Pang X F. *Chin. Phys. Lett.*, 1996, 13:660; *物理学报*, 1998, 47:329; 1999, 8:131 [ *Acta. Phys. Sinica*, 1998, 47:329; 1999, 8:131 (in Chinese) ]; *Commun. Theor. Phys.*, 1999, 31:169; *Chinese J. Computation Phys.*, 1999, 16:346; *原子分子物理学报*, 1997, 14:393 [ *Chinese J. Atomic and Mol. Phys.*, 1997, 14:393 (in Chinese) ]; *化学物理学报*, 1997, 10:145; 1999, 11:240 [ *Chin. J. Chem Phys.*, 1997, 10:145; 1999, 11:240 (in Chinese) ]; *四川大学学报(自然科学版)*, 1998, 35:362 [ *J. Sichuan University(Natural Science)*, 1998, 35:362 (in Chinese) ]
- [20] Pang X F, Chen X R. *Chinese Physics*, 2000, 9:108; *Commun. Theor. Phys.*, 2001, 35:323; *J. Phys. Chem. Solids*, 2001, 62:793
- [21] Wabb S J. *Phys. Rep.*, 1980, 60:201; *The crystal properties of living cells as seen by millimeter microwaves and Raman spectroscopy, in the living state- II*. In: Mishra R K eds. Singapore: World Scientific Co., 1985. 367-403
- [22] Pang X F. *Chinese J. BioMed. Engineering*, 1999, 8:39; *Vibrational energy spectra and infrared absorption of the protein molecules*. In: *Proc. NCCBME 1999*. Nanjing, 1999. 144; *The vibrational energy spectra of the protein molecules and nonthermally biological effect of*

infrared light. In: *Proc. 25th ICLR/ MMW2000*. Beijing, 2000. 166; *Biological effect and medical functions of infrared rays*. In: *Proc. IEEE-EMBS APCBME-2000*. Hangzhou Sin., 2000. 178; *Proc. 2th IEMFS:EMFBE, Xi'an*, 2000. 87; *山东师范大学学报(自然科学版)*, 2000, 15:160 [ *J. Shandong Normal University(Natural Science)*, 2000, 15:160 (in Chinese) ]



### 作者简介

庞小峰,男,1945年12月出生,四川省西充人.1981年毕业于中国科学院研究生院,获数理部理学硕士.现任电子科技大学高能电子学研究所教授、生物物理/生物电子学部级重点实验室负责人、研究生导师,兼任湘潭大学教授、四川大学教授、华东师范大学教授、纽约科学院成员、美国科学促进联合会国际成员、中国高等科学技术中心成员和中国科学院国际材料物理中心的成员、*Physical Review* 和 *Physical Review Letters* 评审人员等.1987年和郭柏灵合作在科学出版社出版了国内第一本非线性科学专著:《孤立子》.1994年由重庆出版社基金资助出版了123.5万字的学术专著:《非线性量子力学理论》.2001年四川科技出版社出版专著:《孤子物理学》.在国内外刊物上发表近200篇论文.1996年与1993年关于“非线性量子力学理论”和“生命系统中的孤立子运动理论”与“生物能量传递新理论及应用”获国家部委和省科技进步一、二、三等奖.

## • 物理新闻 •

### 为什么生理节奏不是 24 小时 ?

#### ( Why Don't Circadian Rhythms Coincide with the 24-Hour Day ? )

人们发现大多数生物的生物钟周期约为 22—28 小时,很少有生物钟正好是 24 小时的种族.这一点让人不可思议,因为从光线的强弱和温度的变化来说,种族的生物钟应该与地球自转的周期同步才便于与环境的协调并组织自身的日常活动.为了研究这个论点,日本大阪大学的物理学家 H. Diado 设计了一个数学模型来研究具有不同生物周期的种族间的竞争.在他的模型中有两点重要的假定:首先他假定种族的繁殖率依赖于它的生物钟的时间与 24 小时之间的差,如正好是 24 小时的话,其繁殖率为最大,因为这类种族在白天要受到紫外线的伤害.其次他假定若一对生物钟周期比较接近的种族,它们之间的竞争要比生物钟相差比较大的一对种族要利害得多,这是因为这两个种族会在相同时间内进行觅食.研究表明,生物钟周期是 24 小时的种族在竞争中处于最不利的情况,其他时间周期的种族的竞争力要比它强.这个模型还能显示出其他生命节奏,如动物的冬眠期等.同时 Diado 教授也指出,自然灾害也会影响生物的生理节奏.他希望能有生物的观测与实验来验证他的模型.

(云中客摘自 *Phys. Rev. Lett.*, 23 July 2001)