

蛋白质折迭的不可逆热力学理论及蛋白质动态热力学结构(英)

Irreversible Thermodynamic Theory for Protein Folding and Protein Thermodynamic Structures

投稿时间: 2000-4-11 最后修改时间: 2000-10-28

稿件编号: 20010336

中文关键词: [蛋白质动态热力学结构](#) [折迭](#) [蛋白质理论](#)

英文关键词: [protein folding order](#) [protein thermodynamic structure \(potherse\)](#) [protein thermodynamic conformation \(pother\)](#) [Weiss equation](#) [chaperone](#)

基金项目:

作者	单位
赵钦一	中国康复研究中心医学研究所, 北京 100077

摘要点击次数: 95

全文下载次数: 9

中文摘要:

在机械力学及热力学基础上阐述蛋白质的各种物理性质是从物理学角度理解生物学的基础性工作. 详细讨论了蛋白质折迭的不可逆热力学理论, 蛋白质动态热力学结构理论. 理论推断蛋白质动态热力学变化是一切生物学状态变化的基本热力学状态单位并作为分子生物学变化的分子开关. 利用此理论解释了蛋白质的物理性质及麻醉药的生物物理学机制.

英文摘要:

The interpretation of protein physical properties at the most fundamental mechanistic and thermodynamic level plays a key role in physical and molecular understanding of biology. The protein thermodynamic structure (potherse) is generated through irreversible thermodynamic processes. Protein folding is a specific physical mechanism for the origin of natural order. It was shown that potherse change is the basic (molecular) thermodynamic unit of any physiological reaction which acts as a molecular switch. The Weiss equation is re-derived using protein mechanics theory. Some protein physical properties are also discussed.

[查看全文](#)

[关闭](#)

[下载PDF阅读器](#)

您是第432101位访问者.

主办单位: 中国科学院生物物理研究所和中国生物物理学会 单位地址: 北京市朝阳区大屯路15号
服务热线: 010-64888459 传真: 010-64889892 邮编: 100101 Email: prog@sun5.ibp.ac.cn
本系统由勤云公司设计, 联系电话: 010-62862645, 网址: <http://www.e-tiller.com>
京ICP备05002794号