

清华大学学术专著

蛋白质分子结构

阎隆飞 孙之荣 主编

清华大学出版社

<http://www.tup.tsinghua.edu.cn>

(京)新登字 158 号

内 容 提 要

进入 90 年代以来,结构生物学迅速发展,蛋白质结构的数据快速增长,蛋白质结构的研究成果以及新的研究方法不断涌现,本书力求帮助读者了解这一发展的新形势。

全书共 20 章,可以划分为 4 个部分:第一部分包括第 1 章到第 7 章的内容,主要介绍蛋白质的结构层次及结构原理;第二部分从第 8 章到第 11 章,介绍蛋白质结构的实验研究方法;第三部分从第 12 章到第 17 章,讲述蛋白质结构的理论研究;第四部分从第 18 章到第 20 章,讲述蛋白质结构和功能的关系。

本书可作为综合性大学以及农、林、医学院校生物系的教师及本科生、研究生学习结构生物学、生物大分子结构和功能关系知识的参考,也可供科研院所的科研人员参考。

图书在版编目(CIP)数据

蛋白质分子结构/阎隆飞,孙之荣主编. —北京: 清华大学出版社, 1999

ISBN 7-302-03329-3

I . 蛋… II . ①阎… ②孙… III . 蛋白质-分子结构 N . Q51

中国版本图书馆 CIP 数据核字(1999)第 03094 号

出版者: 清华大学出版社(北京清华大学校内, 邮编 100084)

<http://www.tup.tsinghua.edu.cn>

印刷者: 人民文学印刷厂

发行者: 新华书店总店北京发行所

开 本: 787×1092 1/16 印张: 22.5 字数: 531 千字

版 次: 1999 年 5 月第 1 版 1999 年 5 月第 1 次印刷

书 号: ISBN 7-302-03329-3/Q · 6

印 数: 0001~3000

定 价: 42.00 元

Abstract

During last few years, data on protein sequence and structure have been significantly expanded, new experimental methods developed, and understanding of the principles of protein structure deepened.

This book was written to present these development in the fields. The first section of this book, consisting of first seven chapters, introduces the principles of protein structure. The second section, from chapter 8 through chapter 11, focuses on methods of protein structural analysis. The third section (chapter 12—17) describe theoretical research of protein structure. The final section (chapter 18—20) discusses relationship between structure and function of proteins.

This book is suitable for teachers and students in departments of biology, agricultural and medical universities. It can also be referred by researchers in research institutions.

前　　言

蛋白质是生命科学的重要研究对象。基因是生物细胞中的遗传物质，基因必须以蛋白质形式表达出来，才能显示出生物的各种遗传性状。因此，蛋白质的研究在生命科学中是至关重要的。

从细胞分裂到细胞运动，从代谢到免疫，已知的生物功能没有一个是离开蛋白质能实现的。一个典型的细胞可能含有 10 万种左右不同的蛋白质，在细胞的生命中每一种蛋白质都有其自己的使命。

自从 20 世纪 50 年代以来，关于蛋白质结构的研究受到物理学家、化学家、生物化学家和分子生物学家的高度重视，取得了丰硕的收获。现在已有十万种蛋白质的一级结构（氨基酸序列）被测定出来。各种生物学的研究（包括人类基因组的研究）将会大大丰富蛋白质一级结构的数据库。由于 X 射线晶体学及核磁共振等技术的进展，蛋白质三维结构解析的数量呈指数增长，目前已有 9 000 余种蛋白质的测定达到了高分辨率，其中包括许多重要的蛋白质或蛋白质复合物，如核小体、光合细菌反应中心、线粒体 ATP 酶、细菌视紫红蛋白等。这些蛋白质三维结构的解析对阐明许多蛋白质的功能以致一些生物学的重要问题的分子机制发挥了重要的作用，例如很多酶反应的分子机制由于酶分子三维结构的解析而得到彻底的阐明。

现已证明，蛋白质不仅是基因的表达产物。近年发现一种称为侵染性蛋白（prion）的蛋白质，它不含核酸，但是它能像病毒分子一样传播疾病。它是一种蛋白质性的感染源，能感染人和动物，并能进行传染。它的发现者 S. B. Prusiner 于 1997 年被授予诺贝尔奖。

本书以蛋白质结构为主，介绍了近年来有关蛋白质结构与功能的研究进展，主要包括下列 3 方面的内容：

（1）蛋白质的结构

从蛋白质的一级结构、二级结构、超二级结构、结构域到蛋白质的三级结构和四级结构，系统地介绍了蛋白质结构不同层次的细节，使读者对蛋白质的结构有一个全面的了解。

（2）研究蛋白质的方法

本书系统介绍研究蛋白质结构的各种实验方法，包括 X 射线晶体学、核磁共振技术、电子晶体学（二维电镜技术）、波谱技术以及各种模型模拟方法的理论分析方法，包括计算机图象分析、计算机模拟技术、蛋白质结构的数理分析方法、蛋白质结构预测和分子动力学、蛋白质工程与药物分子设计等，使读者对蛋白质结构的研究方法有一个较全面的了解。

（3）蛋白质的功能

本书介绍了蛋白质功能的某些方面，如酶及其作用原理、蛋白质分子运动、电子传递蛋白以及分子进化等问题。根据蛋白质结构进行药物的合理设计是蛋白质研究中的一项

重要应用。

目前蛋白质结构与功能的研究正在飞速发展,最初,每年只能解析出一二种蛋白质的三维结构,而今,平均每天就有二三种以上蛋白质的三维结构被解析出来。现在世界各国还在投资兴建更强大的研究蛋白质结构的同步辐射装置。我们相信,今后研究蛋白质结构的速度还会不断加速,因此本书所涉及的内容将会不断更新。随着时间的推移,书中内容落后于研究进展之处,在所难免,尚希读者予以谅解。

本书共 20 章,约请了国内相关学科的专家撰写。由阎隆飞、孙之荣总编,最后由孙之荣完成整理工作。本书作者及其分工如下:

第 1,19,20 章: 阎隆飞(中国农业大学生物学院)

第 1,4,5,12,13,14 章: 孙之荣(清华大学生物科学与技术系)

第 2,3,6,7 章: 王克夷(中国科学院上海生物化学研究所)

第 8 章: 董贻诚(中国科学院生物物理研究所)

第 9 章: 王金凤(中国科学院生物物理研究所)

第 10 章(10.1~10.3): 郭尧君(中国科学院生物物理研究所)

(10.4): 许以明(中国科学院生物物理研究所)

(10.5): 周海梦(清华大学生物科学与技术系)

第 11 章: 隋森芳(清华大学生物科学与技术系)

第 15,16 章: 陈润生(中国科学院生物物理研究所)

第 17 章: 贺福初(军事医学科学院放射医学研究所)

第 18 章: 周海梦(清华大学生物科学与技术系)

由于作者的知识面和水平的原因,以及时间的限制(这本书的编写全部是在业余时间进行的),使本书存在不少缺陷,敬请读者批评指正。

阎隆飞 孙之荣

1998 年 3 月

目 录

第 1 章 绪论	1
1. 1 引言	1
1. 2 蛋白质在生命过程中的作用	2
1. 3 蛋白质结构的一般概念	3
1. 4 蛋白质的基本组成单位	5
1. 5 多肽链	7
1. 6 多肽链的构象	7
1. 7 蛋白质的结构生物学	8
第 2 章 蛋白质的结构层次	11
2. 1 蛋白质的基本结构单位	11
2. 1. 1 蛋白质的最基本组成	11
2. 1. 2 蛋白质肽链的特征	13
2. 1. 3 蛋白质肽链立体结构的最基本的结构特征	15
2. 2 维持和稳定蛋白质高级结构的因素	16
2. 2. 1 静电作用	16
2. 2. 2 氢键	16
2. 2. 3 范德华力	17
2. 2. 4 残基的亲水性和疏水性	17
2. 2. 5 配位键	19
2. 2. 6 二硫键	19
2. 2. 7 其他因素	20
2. 3 蛋白质的结构层次	20
2. 3. 1 蛋白质的一级结构	20
2. 3. 2 蛋白质的立体结构	20
2. 3. 3 蛋白质体系	21
2. 3. 4 蛋白质结构层次的形成和肽链的折叠	22
2. 3. 5 蛋白质四级结构的形成和体系的装配	24
2. 4 小结	24
参考文献	26
第 3 章 蛋白质的一级结构和二级结构	27
3. 1 蛋白质的一级结构	27

3.1.1	蛋白质肽链一级结构的形成	27
3.1.2	肽链一级结构的测定	28
3.1.3	复合蛋白中非肽链的其他组分的检测和定位	29
3.1.4	从蛋白质的一级结构能得到的信息	29
3.1.5	蛋白质一级结构同源性比较	30
3.2	蛋白质的二级结构	32
3.2.1	蛋白质二级结构的定义和形成	32
3.2.2	各种类型的蛋白质二级结构	32
3.2.3	二级结构的可变性	39
	参考文献	41

第4章 蛋白质的超二级结构 Motif 43

4.1	连接多肽	43
4.2	蛋白质中的超二级结构	43
4.3	频繁发生的蛋白质超二级结构 Motif 类型	44
4.4	超二级结构的结构特征描述	47
4.4.1	序列模式	47
4.4.2	疏水性分析	48
4.4.3	超二级结构氢键模式分析	51
4.5	简单的超二级结构 Motif 折叠组合成复杂超二级结构 Motif	56
	参考文献	59

第5章 复杂超二级结构 Motif 与折叠子类(Folds) 61

5.1	复杂超二级结构 Motif 折叠组合高级结构	61
5.2	折叠子类	65
5.2.1	折叠子与蛋白质结构层次	65
5.2.2	折叠子结构特征	67
5.3	折叠子与结构类型	69
5.3.1	全 α 蛋白质结构类型与折叠子类	69
5.3.2	全 β 结构类型与折叠子类	70
5.3.3	α/β 结构类型与折叠子类	71
5.3.4	$\alpha+\beta$ 结构类型与折叠子类	72
5.3.5	其他结构类型与折叠子类	73
	参考文献	75

第6章 蛋白质的三级结构与结构域 76

6.1	蛋白质的三级结构	76
6.1.1	三级结构的形成	76

6.1.2 球状蛋白三级结构的主要特征	77
6.1.3 纤维状蛋白的三级结构	79
6.1.4 膜蛋白的三级结构	80
6.2 结构域	80
6.2.1 结构域的由来和定义	80
6.2.2 结构域的划分和制备	83
6.2.3 结构域的生物学意义	83
6.3 球状蛋白质和结构域的解剖学	84
6.3.1 全 α 型蛋白	84
6.3.2 全 β 型蛋白质	85
6.3.3 α,β 分离型(简称 $\alpha+\beta$)蛋白质	86
6.3.4 α,β 相间型(简称 α/β)蛋白质	86
6.3.5 “无规”卷曲型蛋白质	88
6.3.6 其他类型蛋白质	89
6.3.7 结构域的组合	91
6.4 蛋白质(结构域)立体结构的比较	93
参考文献	93
 第7章 蛋白质的四级结构和蛋白质体系	95
7.1 蛋白质的四级结构	95
7.1.1 蛋白质四级结构的基本概念	95
7.1.2 研究四级结构的方法	96
7.1.3 蛋白质四级结构的分类和类型	96
7.1.4 蛋白质四级结构的拓扑	99
7.1.5 四级结构的形成——亚基的装配	100
7.1.6 蛋白质四级结构和三级结构的比较	103
7.2 蛋白质体系	105
7.2.1 “联合”式的蛋白质体系	105
7.2.2 串联式的蛋白质体系	106
7.2.3 级联式的蛋白质体系	107
参考文献	109
 第8章 蛋白质晶体结构分析	111
8.1 晶体结构分析简介	111
8.1.1 晶体的对称性和空间群	111
8.1.2 劳埃方程和布拉格方程	112
8.1.3 位相问题	113
8.1.4 Patterson 法	114

8.2	蛋白质晶体学简介	114
8.3	蛋白质晶体生长	115
8.3.1	影响蛋白质晶体生长的因素	116
8.3.2	晶体生长方法	117
8.4	数据收集和处理	117
8.5	同晶置换法	119
8.5.1	重原子衍生物的制备	119
8.5.2	重原子位置的测定	120
8.5.3	同晶置换法的基本原理	122
8.6	分子置换法	125
8.6.1	旋转函数	125
8.6.2	平移函数	126
8.7	同晶差值傅里叶法	127
8.8	电子密度图的计算和解释	127
8.8.1	分子的绝对构型	128
8.8.2	电子密度图的解释	128
8.9	结构精修	129
	参考文献	130

第 9 章	多维核磁共振技术	131
9.1	多维核磁共振方法确定蛋白质溶液三维结构的基本原理	131
9.1.1	蛋白质的结构信息	131
9.1.2	核磁共振的波谱信息	133
9.1.3	波谱信息与结构信息之间的对应	135
9.2	提取蛋白质结构信息的多维核磁共振方法	135
9.2.1	多维核磁共振方法的基本原理	135
9.2.2	几种重要的多维核磁共振脉冲序列	141
9.2.3	多维核磁共振波谱解析要点	147
9.3	蛋白质溶液三维结构的计算	152
9.3.1	建立核磁共振波谱数据的约束文件	153
9.3.2	获得蛋白质三维结构的不同构象集合	153
9.3.3	蛋白质三维结构的精确性和正确性	154
	参考文献	154

第 10 章	蛋白质溶液构象的光谱技术	155
10.1	紫外-可见差光谱	155
10.1.1	溶剂微扰差光谱	156
10.1.2	pH 差光谱及滴定	157

10.1.3	温度微扰差光谱.....	158
10.1.4	浓度微扰差光谱.....	159
10.1.5	其他差光谱.....	159
10.1.6	对仪器和样品的要求.....	160
10.2	荧光探针法.....	160
10.2.1	蛋白质的内源荧光.....	162
10.2.2	蛋白质的外源荧光.....	162
10.3	圆二色谱.....	168
10.3.1	平面偏振光、圆偏振光和椭圆偏振光	168
10.3.2	圆二色性及其定量关系.....	169
10.3.3	圆二色谱.....	169
10.3.4	圆二色仪.....	169
10.3.5	应用.....	170
10.4	激光拉曼光谱.....	171
10.4.1	基本原理和基础理论.....	172
10.4.2	应用.....	174
10.5	红外光谱在研究蛋白质二级结构中的应用.....	177
	参考文献.....	181

	第 11 章 蛋白质的二维结晶及结构重建	184
11.1	蛋白质晶体的类型.....	184
11.1.1	二维晶体.....	185
11.1.2	二维晶块.....	186
11.1.3	三维晶体.....	186
11.2	蛋白质的二维结晶化.....	187
11.2.1	天然膜中蛋白的二维结晶化.....	187
11.2.2	去污剂-蛋白微团的二维结晶化	188
11.2.3	脂单层表面的二维结晶化.....	188
11.3	膜蛋白二维晶体形成的机制与条件.....	190
11.3.1	二维晶体形成的机制.....	190
11.3.2	蛋白质的性质.....	190
11.3.3	脂与蛋白的比例.....	191
11.3.4	去污剂.....	191
11.3.5	温度.....	191
11.3.6	影响二维晶体形成的因素之五：离子强度和 pH	192
11.4	电镜观察与三维结构重建.....	192
11.4.1	电镜载网.....	192
11.4.2	负染.....	193

11.4.3 葡萄糖包埋.....	194
11.4.4 单宁酸包埋.....	194
11.4.5 冰冻含水方法.....	185
11.4.6 低剂量电镜术.....	195
11.4.7 三维结构重建的梗概.....	196
参考文献.....	198
第 12 章 蛋白质结构的计算机图象分析与分子模拟技术	200
12.1 计算机图形学.....	200
12.2 图形显示设备.....	201
12.2.1 阴极射线管.....	201
12.2.2 彩色阴极射线管.....	201
12.2.3 随机扫描的图形显示器.....	202
12.2.4 存储器式的图形显示器.....	202
12.3 图形系统和工作站.....	202
12.3.1 计算机图形系统的功能.....	202
12.3.2 计算机工作站图形系统.....	203
12.3.3 图形处理器.....	204
12.3.4 几种精简指令集工作站.....	205
12.3.5 如何选择工作站.....	206
12.3.6 窗口系统.....	206
12.4 生物大分子的分子模拟与计算机图形技术.....	208
12.4.1 借助计算机图形技术的分子模拟的内容.....	208
12.4.2 商品化分子模拟软件介绍.....	209
参考文献.....	210

第 13 章 蛋白质结构预测	211
13.1 蛋白质结构预测概述.....	211
13.1.1 比较建模法.....	212
13.1.2 反向折叠法.....	212
13.1.3 从头预测法.....	212
13.2 正误构象的判断.....	214
13.2.1 分子力场.....	214
13.2.2 平均势函数.....	214
13.2.3 评估函数.....	214
13.3 现阶段几种主要的简单评估函数方法.....	214
13.3.1 K. A. Dill 方法	215
13.3.2 Sorin Isreal 方法	215

13.3.3 George Rose 方法	215
13.4 基于知识的蛋白质结构预测	215
13.4.1 蛋白质的同源模型构建	216
13.4.2 蛋白质的逆折叠模建	218
13.5 蛋白质的二级结构预测	220
13.5.1 蛋白质的二级结构的判定	220
13.5.2 Chou-Fasman 方法	221
13.5.3 GOR(Garnier-Osguthorpe-Robson)二级结构预测方法	229
13.5.4 Lim 方法	230
13.5.5 其他二级结构预测方法	230
13.6 利用计算机互联网进行蛋白质结构预测	230
13.6.1 欧洲分子生物学实验室蛋白质结构预测服务器	231
参考文献	233

第 14 章 蛋白质结构研究中的几种数理方法	236
14.1 遗传算法	236
14.1.1 遗传算法的起源与发展	236
14.1.2 遗传算法的基本原理	237
14.1.3 遗传算法在蛋白质结构研究中的应用	239
14.2 人工神经网络方法	240
14.2.1 神经元	240
14.2.2 神经网络模型	241
14.3 统计物理学方法	243
14.4 一些数理方法算法的进一步讨论	244
14.4.1 确定型算法：局部搜索	244
14.4.2 统计抽样方法：蒙特卡洛方法	245
14.4.3 模拟退火算法	246
参考文献	248

第 15 章 蛋白质分子动力学	250
15.1 分子动力学模拟方法	250
15.2 经验力场和位能函数	253
15.3 能量优化	254
15.4 自由能计算	256
15.5 模拟退火技术	258
15.6 环境效应	258
15.7 简振模分析	259
参考文献	261

第 16 章 蛋白质工程与药物分子设计	263
16.1 什么是蛋白质工程	263
16.2 蛋白质工程领域的开创性工作	265
16.3 蛋白质的改性及分子设计——当前蛋白质工程研究的热点之一	266
16.4 基于生物大分子结构的药物设计——当前蛋白质工程 研究的热点之二	268
16.5 蛋白质结构预测与药物分子设计	270
16.6 尚待解决的问题和充满希望的前景	271
参考文献	272
第 17 章 蛋白质的分子进化	274
17.1 分子进化钟与中性理论	276
17.1.1 分子进化钟	276
17.1.2 中性理论	279
17.2 功能相关的分子进化与非中性分子进化	282
17.2.1 分子进化规律的理论综合	282
17.2.2 分子进化规律的验证	285
17.2.3 一种新的分子进化学说	286
17.2.4 发育相关进化规律与基因起源学说	287
参考文献	288
第 18 章 酶分子的结构与功能	290
18.1 酶分子的结构特点	290
18.1.1 酶的一级结构和三维结构	290
18.1.2 酶分子的活性部位	291
18.2 酶催化作用特点	294
18.2.1 与非生物催化剂相比具有更高的效率	295
18.2.2 高度的专一性	295
18.2.3 酶的活性是受调节控制的	296
18.2.4 酶的辅助因子	296
18.2.5 酶和底物作用生成酶-底物复合物	297
18.3 酶的分类和命名法	297
18.4 酶的抑制作用	298
18.5 调节酶	301
18.5.1 别构调节酶	301
18.5.2 共价调节酶	301
18.6 羧肽酶 A 的催化功能和分子结构	303

18.7 多酶复合物	304
18.7.1 多酶复合物的生理特性	305
18.7.2 多酶复合物传递中间产物的机制	305
18.7.3 多酶复合物的典型例子——脂肪酸合成酶	305
参考文献	309
第 19 章 蛋白质的分子运动	311
19.1 蛋白质的结构生物学	311
19.2 蛋白质分子的运动	312
19.3 展望	319
参考文献	320
第 20 章 电子传递蛋白的结构与功能	321
20.1 细胞色素 c	321
20.1.1 c 型细胞色素	322
20.1.2 植物细胞色素 c	323
20.1.3 细菌细胞色素 c	323
20.1.4 b 型细胞色素	323
20.1.5 4- α 螺旋细胞色素	324
20.1.6 多血红素细胞色素	325
20.1.7 细胞色素电子传递的模型	326
20.2 铁硫蛋白	326
20.2.1 红氧还蛋白	326
20.2.2 二铁的铁氧还蛋白	327
20.2.3 高电位铁蛋白	327
20.2.4 铁氧还蛋白	328
20.3 蓝色铜蛋白	329
20.3.1 蓝蛋白	330
20.3.2 质体蓝素	330
20.4 黄素氧还蛋白	332
参考文献	333
附录 用傅里叶变换方法进行三维重构的一般原理	334

Molecular Structure of Protein

Content

Chapter1	Introduction	1
1. 1	Overview	1
1. 2	Protein Function	2
1. 3	General Concept of Protein Structure	3
1. 4	Elementary Unit of Protein	5
1. 5	Polypeptide Chain	7
1. 6	Conformation of Polypeptide Chain	7
1. 7	Protein Structure Biology	8
Chapter2	Levels of Protein Structure	11
2. 1	Elementary Unit of Protein Structure	11
2. 1. 1	Elementary Composition of Protein	11
2. 1. 2	Essential Characteristics of Peptide Chain	13
2. 1. 3	Stereo-Structural Features of Peptide Chain	15
2. 2	Forces for Maintaining and Stabilizing the Stereo-Structure of Protein	16
2. 2. 1	Electrostatic Interaction	16
2. 2. 2	Hydrogen Bond	16
2. 2. 3	Van Der Waals Interactions	17
2. 2. 4	Hydrophobic Interaction	17
2. 2. 5	Coordinate Bond	19
2. 2. 6	Disulfide Bond	19
2. 2. 7	Miscellaneous Factors	20
2. 3	Structural Levels of Protein Strueture	20
2. 3. 1	Primary Structure of Protein	20
2. 3. 2	The Stereo Structure of Protein	20
2. 3. 3	The Protein System	21
2. 3. 4	Formation of Structural Levels for Protein and Folding of Peptide Chain	22
2. 3. 5	Formation of Quaternary Structure for Protein and Assembling of Protein System	24
2. 4	Conclusion	24

References	26
Chapter3 Primary Structure and Secondary Structure of Protein	27
3. 1 Primary Structure of Protein	27
3. 1. 1 Formation of Primary Structure of Peptide	27
3. 1. 2 Determination of Peptide Sequence	28
3. 1. 3 Assay and Localization of Non-peptide Component in Protein Conjugates	29
3. 1. 4 Informations Obtained from Primary Structure of Protein	29
3. 1. 5 Alignment of Primary Structure of Protein	30
3. 2 Secondary Structure of Protein	32
3. 2. 1 Definition and Formation of Secondary Structure of Protein	32
3. 2. 2 Classification of Secondary Structure of Protein	32
3. 2. 3 Flexibility of Secondary Structure	39
References	41
Chapter4 Super-secondary Structure Motif of Protein	43
4. 1 Connecting Peptide	43
4. 2 Super-Secondary Structure Motifs of Protein	43
4. 3 Common Occurring type of Super-Secondary Motif of protein	44
4. 4 Structure Characteristic of Protein Super-Secondary Motif	47
4. 4. 1 Sequences Pattern	47
4. 4. 2 Hydrophobic Analysis	48
4. 4. 3 Hydrogen Bond	51
4. 5 Basic Motif Combined into Complex Motif	56
References	59
Chapter5 Complex Motif and Folds	61
5. 1 Complex Motif Combined into High-Level Structure	61
5. 2 Folds	65
5. 2. 1 Folds and Architecture of Protein Molecule Structure	65
5. 2. 2 Structural Feature of Folds	67
5. 3 Folds and Structural Classes	69
5. 3. 1 All α -type Proteins and Folds	69
5. 3. 2 All β -type Proteins and Folds	70
5. 3. 3 (α/β)-type Proteins and Folds	71
5. 3. 4 ($\alpha+\beta$)-type Proteins and Folds	72
5. 3. 5 Other Type Proteins and Folds	73

References	75
------------------	----

Chapter6 Tertiary Structure and Domain of Protein	76
6.1 Tertiary Structure of Protein	76
6.1.1 Formation of Tertiary Structure	76
6.1.2 The Characteristic of Tertiary Structure of Globular Protein	77
6.1.3 Tertiary Structure of Fibrous Protein	79
6.1.4 Tertiary Structure of Membrane Protein	80
6.2 Domain	80
6.2.1 Origin and Definition of Domain	80
6.2.2 Delimit and Preparation of Domain	83
6.2.3 Biological Signification of Domain	83
6.3 Anatomy of Globular Protein and Domain of Protein	84
6.3.1 All α -Type Protein	84
6.3.2 All β -Type Protein	85
6.3.3 α, β Separated Type ($\alpha+\beta$) Protein	86
6.3.4 α, β Alternative Type (α/β) Protein	86
6.3.5 Only Random Coil-Protein	88
6.3.6 Miscellaneous Type Protein	89
6.3.7 Combination of Domain	91
6.4 Comparison of Stereo-Structure of Proteins and Their Domain	93
References	93

Chapter7 Quaternary Structure of Protein and Protein System	95
7.1 Quaternary Structure of Protein	95
7.1.1 Basic Concept of Quaternary Structure of Protein	95
7.1.2 Methods of Investigation of Quaternary Structure of Protein	96
7.1.3 The Classification and Type for Quaternary Structure of Protein	96
7.1.4 Topology of Quaternary Structure of Protein	99
7.1.5 Subunit Assembling-Formation of Quaternary Structure of Protein	100
7.1.6 Comparison between Quaternary Structure and Tertiary Structure of Protein	103
7.2 Protein System	105
7.2.1 Combinatory System for Protein	105
7.2.2 Series Connecting for Protein	106