

出土灰化纺织品 保护研究

龚德才 魏彦飞 等 著

STUDY ON THE CONSERVATION
OF THE UNEARTHED CARBONIZED TEXTILES

中国科学技术大学出版社



国家科技支撑计划课题：出土灰化织物保护关键技术研究

出土灰化织物 保护研究

龚德才 魏彦飞 等著



中国科学技术大学出版社

内 容 简 介

本书在国家科技支撑计划课题“出土灰化纺织物保护关键技术研究”部分研究成果的基础上,结合丝绸文物保护的需求编写而成,系统介绍了以灰化丝绸为代表的纺织物在基础研究和保护技术方面的研究成果。全书共8章,内容涵盖了出土灰化纺织物灰化原因及过程的发生机理、灰化纺织物研究及灰化特征表征的技术体系、灰化纺织物保护技术中的重点问题。本书注重介绍灰化纺织物保护的相关基础研究,并将基础研究和保护技术研发紧密结合,形成了灰化纺织物判定、灰化原因分析、灰化程度量化、灰化反应的抑制和加固保护、出土灰化纺织物现场保护等从考古发掘现场到实验室保护的系列研究成果。

本书适合作为文物保护研究人员的参考用书。

图书在版编目(CIP)数据

出土灰化纺织物保护研究/龚德才,魏彦飞等著. —合肥:中国科学技术大学出版社,2016.3

ISBN 978-7-312-03931-7

I. 出… II. ①龚… ②魏… III. 古丝绸—文物保护—研究—中国 IV. K876.94

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2016)第 037777 号

出版 中国科学技术大学出版社
安徽省合肥市金寨路 96 号,230026
<http://press.ustc.edu.cn>
印刷 安徽联众印刷有限公司
发行 中国科学技术大学出版社
经销 全国新华书店
开本 710 mm×1000 mm 1/16
印张 16.25
插页 10
字数 280 千
版次 2016 年 3 月第 1 版
印次 2016 年 3 月第 1 次印刷
定价 50.00 元

前 言

文明的起源、形成和发展是人类历史研究最为重要的课题。中国是世界四大文明古国之一,中华文明是唯一未曾中断并延续至今的文明。这一延续至今的文明是如何起源、何时形成的?她经历了怎样的过程?有哪些特点?为何会经历这样的过程?为何会形成这些特点?中华文明在世界古代文明发展历史上的地位如何?这些问题不仅是中国古代历史研究的重大课题,也是世界人类文明历史研究的重要内容。因此,对中华文明早期历史的研究越来越受到国际学术界的关注。

丝绸是中国文明发展的见证,是中国文化艺术的瑰宝,在中华文明中有着举足轻重的地位,在世界文明史上具有重要意义。除了作为服饰,中国古代丝绸有着礼制、民俗、技术等深刻的文化内涵,形成了独特的丝绸文化。丝织技术较其他纺织技术更为高级,织造技术发展体系脉络清晰。蚕丝纤维耐久性较之于植物纤维如棉、麻、葛等相对较强,所以在考古发掘中常有发现,有大量古代丝绸需要保护,而植物纤维纺织物极为少见,样品十分难得,开展研究非常困难。总之,丝绸是反映农业发展和手工业进步、先进手工业专业化等众多文明特征的重要实物资料,保护和研究出土丝绸是探讨中华文明起源的必然要求。

我国考古发掘中通常会发现这样一类纺织物遗存:颜色呈深灰色至黑色不等,表面类似于高温灰化或不完全灰化后的形态,本体材料与纺织材料机械性能之间有较大差别,如本体材料韧性差、脆性大。仰韶文化竹园沟遗址、良渚文化钱山漾等遗址出土的早期丝绸遗存都呈现这种保存状态。王玕先生在《被焚烧过的古代纺织物保护》一文中对这一类纺织物遗存作了这

样的描述:现状大致相仿,或近于碳化,或燃烧成灰,但织物的形体、质感,甚至织物结构也还保存得相当好。

如何把这些“千载难逢”的珍贵遗存科学地保护下来,是亟须解决的关键问题。此类丝绸的保护,一般采用玻璃板夹封、树脂加固或丝网加固等方法,实践证明,上述方法均存在较大缺陷。由于缺乏相应的保护技术,许多珍贵历史文化信息无法充分提取,实物难以保存。因此,迫切需要开展这类丝绸遗存的保护研究,研发其相关保护关键技术。

本书的研究将这类遗存定义为“灰化丝绸”。现代科学对“灰化”的定义是“使固体废物燃烧而转变为二氧化碳、水和灰的过程”。遗址出土丝绸当然不会经过燃烧途径,但是老化过程确实伴随着二氧化碳、水等小分子脱离。因此,从这一角度来定义这类丝绸遗存是合理的。这一过程所发生的化学反应与现代科学的“碳化”有着异同点。后者是指“有机物在隔绝空气下热分解为碳和其他产物”。二者的共同点是在绝氧或贫氧环境下实现分解,不同点是遗址中的这类遗存并不具备“高温”保存条件。从热力学来说,热效应与时间效应是等同的,即虽然遗址中的丝绸老化反应速率慢,但随着时间的延长,其“反应时间”与“反应温度”在结果上是等效的。所以本书的“灰化”丝绸是指发生了碳化反应的丝绸,由于灰化程度不同,外观色泽出现由浅到深的变化,高度灰化的丝绸会出现表面发黑的现象,触之即粉。

灰化丝绸保护是文物保护研究领域的重大技术难题之一,有关古代丝绸灰化的原因基本无人提及。本书以古代丝绸为研究对象,采用了 EPR、XPS、FT-IR、Raman、SEM-EDS、16S rRNA 基因克隆文库和 HPLC-MS/MS 等多项分析技术,以及材料学、生物化学、环境微生物学等多学科方法,从灰化丝绸判定、灰化原因分析、灰化程度量化、灰化反应的抑制、出土灰化丝绸现场保护和相关的案例实施,初步形成古代灰化丝绸保护的系列成果,其中大部分为创新性研究。本书的成果,为古代灰化丝绸保护研究开辟了一个新的领域,为珍贵古代灰化丝绸的研究与保护提供了技术支撑。

作为“中华文明探源及其相关文物保护技术研究”项目的一部分,“出土灰化纺织物保护关键技术研究”(2010BAK67B13)针对支撑文明探源的重要实物资料——新石器时代以及夏、商、周三代等早期纺织物中普遍存在的诸多关键、共性问题,如质地异常脆弱、触之即粉、近似于成灰、文物信息采集困难、现场保护措施匮乏、分析检测手段欠缺、无法通过采取渗透溶胀方

法进行揭取和难以长久保存等,以在中华文明起源中占有重要地位的丝绸为主要研究对象,进行出土灰化纺织物考古发掘现场信息采集、现场保护、分析检测等技术方面的研发,分析灰化纺织物的灰化原因,研制防止灰化纺织物损毁的定型、加固保护材料和灰化反应抑制剂,制定相应的操作规范或技术标准。

根据考古发掘现场灰化纺织物提取技术的实际需要,作者筛选得到了现场疏水性临时加固材料——羧甲基纤维素、聚乙二醇 2000、表面活性剂三种材料复配、定型材料苯甲酸,对临时加固和定型材料的使用工艺进行了优化,形成了适用于潮湿环境和干燥环境的考古发掘现场出土灰化丝织品提取技术体系,制定了《考古发掘现场出土灰化纺织物提取和保护技术规范》,获得了相关专利一项,在山东定陶灵圣湖汉墓、西安凤栖原张安世家族墓地 M1、荆州八岭山采石场战国墓地 M4 等多处考古发掘现场进行了技术应用示范,成功提取了灰化丝绸文物五十余件。

通过对重要灰化丝绸出土地环境的调研和分析,以及对灰化丝绸样品的元素组成、纺织纤维高分子链变化情况等信息的重点分析,结合现代样品模拟灰化反应发生的情况,发现出土灰化丝绸均存在碳自由基含量异常的典型特征,结合模拟实验研究,得出结论:埋藏于环境中的热积累和缓慢氧化是灰化的主要原因,碳自由基含量与时间呈正相关。通过化学反应动力学得出了灰化反应动力学方程,发现微生物腐蚀等促进了灰化反应的发生,提高了自由基生成速度,进而揭示了灰化反应的发生过程和影响因素,初步研究制定了基于电子顺磁共振分析方法的灰化丝绸灰化度指标,并制定了灰化程度分级标准。在此基础上筛选了灰化反应的抑制剂,优化了抑制剂的使用工艺,通过在模拟样品上的应用,制定了抑制剂的产品标准,并将灰化反应抑制剂成功应用于扬州高邮天山一号汉墓、荆州八岭山采石场战国墓和六安开发区战国墓等地出土灰化丝绸的灰化反应抑制。

结合各种分析测试手段和对灰化反应原因、过程的分析,在对灰化丝绸有了较为清晰分子层面认知的基础上,通过文献调研和实验研究,筛选了适用于灰化丝绸的酶促聚合反应加固技术,利用谷氨酰胺转氨酶进行酶促聚合,对模拟实验结果进行分析,获得了酶促聚合的最佳反应条件和加固材料。通过人工模拟保管过程中的环境条件,进行了加固材料的耐老化实验,并对耐老化实验的结果进行了综合评估;筛选了适用于灰化丝绸的防霉材

料,进行了抗微生物腐蚀实验,并对抗微生物腐蚀实验的结果进行综合评估。在上述研究的基础上,将谷氨酰胺转氨酶酶促聚合加固材料和工艺应用于西安凤栖原张安世家族墓地 M1、安徽六安开发区战国墓等一批古代墓葬出土灰化丝绸中,对样品的各项指标进行分析检测,并对应用实验的结果进行综合评估,从而研究制定了相应的操作技术规范并申请了相关专利。

通过大量的文献调研,系统了解了国内外粘连灰化纺织物的揭取技术现状,在此基础上通过实验模拟和应用研究,集成研发了适用于粘连灰化纺织物揭取的纤维湿度调节技术,同时设计制作了专用湿度调节设备,并深入阐述了纤维湿度调节技术的作用机理、实施工艺和适用范围,对法门寺丝绸 T68 衣物包块等珍贵出土文物进行了应用示范,成功揭展了十余件粘连严重的灰化纺织物,获得了良好的效果。

本书针对出土灰化丝绸保护需求,研发了适用于出土灰化丝绸保护的定型、加固、灰化抑制等具有自主知识产权的相关科研产品,取得了考古现场出土灰化丝绸信息采集、提取、保护、定型和加固系列技术成果。本书成果在若干出土灰化丝绸上得到了成功应用,提升了对文物资源的科学认知和科学保护水平,为中华文明探源工程灰化丝绸保护提供了技术支撑。

龚德才

2015 年 7 月

目 录

前言	(i)
第 1 章 丝绸文物保护研究进展	(1)
1.1 蚕丝纤维的劣化原因研究	(1)
1.2 蚕丝纤维劣化的表征技术	(21)
1.3 古代丝绸保护研究	(23)
参考文献	(25)
第 2 章 灰化丝绸的灰化原因研究	(31)
2.1 灰化丝绸特征分析	(31)
2.2 古代丝绸灰化机理的研究	(43)
2.3 古代丝绸灰化度评估	(78)
2.4 本章小结	(98)
参考文献	(100)
第 3 章 灰化丝绸的微生物腐蚀研究	(104)
3.1 墓葬环境分析	(105)
3.2 土壤中丝绸腐蚀微生物的分析	(110)
3.3 丝绸微生物腐蚀机制的初步研究	(124)
3.4 本章小结	(139)
参考文献	(140)
第 4 章 丝绸灰化残留物的鉴定	(145)
4.1 生物质谱在残留物鉴定中的优势	(145)

4.2 生物质谱对丝绸腐蚀残留物的研究 (147)

4.3 本章小结 (158)

参考文献 (159)

第 5 章 灰化丝绸碳自由基的清除剂研究 (162)

5.1 灰化反应抑制剂研究 (163)

5.2 实验结果 (165)

5.3 本章小结 (169)

参考文献 (170)

第 6 章 出土灰化纺织物现场保护关键技术研究 (171)

6.1 临时性加固技术研究 (172)

6.2 实施工艺 (185)

6.3 案例分析 (191)

6.4 本章小结 (207)

参考文献 (208)

第 7 章 粘连灰化纺织物揭取技术研究 (209)

7.1 粘连丝绸揭取过程中的湿度调节技术 (209)

7.2 出土灰化丝绸粘连原因的分析 (215)

7.3 揭取技术的研究与案例分析 (216)

7.4 本章小结 (222)

参考文献 (222)

第 8 章 灰化丝绸加固技术研究 (224)

8.1 谷氨酰胺转氨酶概述 (224)

8.2 酶促聚合反应加固技术综合研究 (226)

8.3 本章小结 (244)

参考文献 (244)

后记 (247)

名词索引 (249)

彩图 (253)

第 1 章 丝绸文物保护研究进展

中国是丝绸的故乡,丝绸生产有着几千年的悠久历史,栽桑、养蚕、缫丝、织绸是中国古代人民的伟大发明,在世界文明史上写下了光辉的一页。丝绸是中国的“瑰宝”,曾以其多彩的图案、精湛的工艺和高雅的品位成为传播东方文明的使者。但是,由于丝绸的主要成分为天然高分子化合物,易受光、热、湿度和微生物等因素的影响,并且埋藏时间越长,其糟朽情况越严重。因此,早期出土的丝绸如仰韶文化竹园沟丝织品、良渚文化钱山漾遗址(距今约 4750 年)出土的一批丝线、丝带等文化遗存往往以灰化或印痕织物的形式存在,这些丝绸所含信息反映了古代丝织技术及社会文明发展的水平,它见证了中华文明的发展历程,是文明探源研究的重要实物史料,对文明探源的研究具有重大学术研究价值和意义。

1.1 蚕丝纤维的劣化原因研究

1.1.1 蚕丝的组成与结构

蚕丝的主要成分是丝素和丝胶,除此以外,还有其他一些物质,如脂肪、蜡、糖、色素和无机物等,其各组分的含量(表 1.1)会随蚕茧的品种和养蚕的饲料、

地域、季节等条件的不同在一定范围内变动。在同一个蚕茧中，蚕丝成分也会因茧层的层次不同而有差异，一般丝胶自外层向内层逐渐减少，丝素相应增多。桑蚕丝丝胶在热水中能够溶出的部分一般相当于蚕丝质量的 25%。在制丝过程中要脱去占蚕丝质量 3%~4% 的丝胶，在生丝上丝胶残留 20% 左右。

表 1.1 桑蚕丝的各组分含量

组分	含量/%
丝素	70~80
丝胶	20~30
脂蜡、色素	0.6~1.0
无机物(以灼烧残留灰分表示)	0.7~1.7

一个蚕茧的茧丝长度为 1300~1500 m，是由两根单丝平行黏合而成的，每根单丝的中心为丝素(fibroin)纤维，外围为丝胶(sericin)，丝素是蚕丝纤维的主体。一根丝素的截面积约为 $80\text{ }\mu\text{m}^2$ ，表面有一层连续的外表层，厚度一般为 150~250 nm，其内部包裹着 900~1400 根直径为 $0.2\sim0.4\text{ }\mu\text{m}$ 的原纤维(fibril)，原纤维又由 800~900 根直径约为 10 nm 的微原纤组成^[1]。微原纤和原纤外围均有一层无序层结构，微原纤和原纤以及无序层结构中间分布着一些微小的空隙，如图 1.1 所示^[2]。

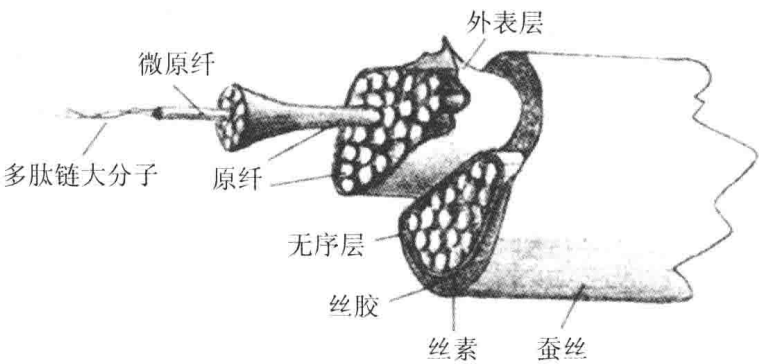


图 1.1 蚕丝的形态结构

蚕丝纤维拥有比较完善的原纤构造，使其天然纤维的优良品质得以充分表现。各种劣化因素的作用可使纤维的外表层破坏或损伤，从而影响蚕丝纤维的光泽、手感和机械强度等物理性能。

丝素纤维的基本结构单元是氨基酸，其中各种氨基酸的含量如表 1.2 所

示^[1](不同的取样和测试条件,所得的结果略有不同)。由表中可见,蚕丝纤维包含 18 种氨基酸,其中较为简单的甘氨酸(Gly)、丙氨酸(Ala)和丝氨酸(Ser)约占丝素蛋白总组分的 85%,三者物质的量比为 4 : 3 : 1。带亲水基团的丝氨酸、酪氨酸、谷氨酸、天冬氨酸、赖氨酸和精氨酸等约占氨基酸总量的 30%,酸性氨基酸多于碱性氨基酸。

表 1.2 桑蚕丝丝素和丝胶的氨基酸组成及含量(mol%)

氨基酸	丝素	丝胶
甘氨酸(Gly,G)	41.81	13.75
丙氨酸(Ala,A)	27.03	4.90
缬氨酸(Val,V)	3.04	2.02
亮氨酸(Leu,L)	0.32	0.80
异亮氨酸(Ile,I)	0.31	0.91
苯丙氨酸(Phe,F)	0.66	1.07
甲硫氨酸(Met,M)	0.70	0.87
色氨酸(Trp,W)	0.60	0.50
脯氨酸(Pro,P)	0.34	1.40
酪氨酸(Tyr,Y)	6.44	2.97
半胱氨酸(Cys,C)	0.30	0.20
丝氨酸(Ser,S)	12.45	33.31
苏氨酸(Thr,T)	0.58	8.07
天冬氨酸(Asp,D)	1.23	19.62
谷氨酸(Glu,E)	1.29	3.25
组氨酸(His,H)	0.36	1.91
赖氨酸(Lys,K)	0.71	0.87
精氨酸(Arg,R)	1.83	3.58

丝素蛋白是蚕丝纤维最主要的组成部分,是由蚕的后部丝腺合成、分泌的大分子量的复合蛋白质。不同的测定者和测定方法所得到的丝素分子量差异较大。蛋白质化学以及基因 DNA 序列分析大体明确了丝素蛋白的组成和结构。丝素中存在 3 种主要组分:H 链(重链)、L 链(轻链)和 P25 蛋白,它们同时存在于蚕后部丝腺组织蛋白质、腺腔的丝素蛋白以及茧丝之中。H 链和 L 链

以二硫键相互结合,形成 H 链 - L 链亚单位。H 链 - L 链亚单位和 P25 之间以非共价键结合的形式组成丝素蛋白复合体,如图 1.2 所示^[3]。

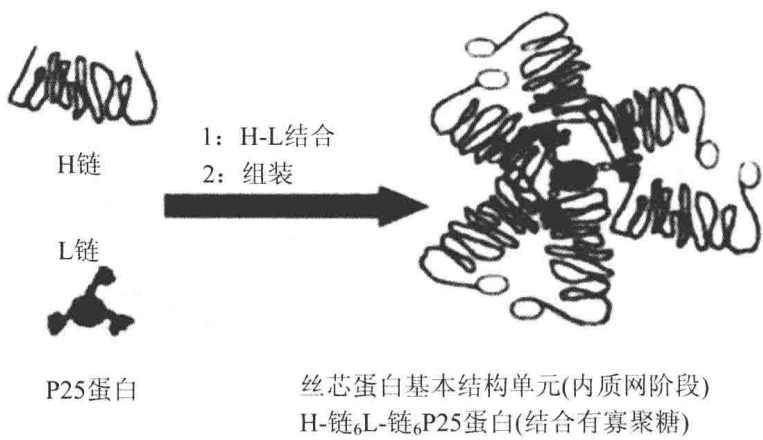


图 1.2 由 H 链、L 链和 P25 蛋白构成的丝素蛋白结构模型

丝素蛋白中,H 链是各组分中分子量最大的,约为 350 kDa,由 5263 个氨基酸残基组成,它的结构具有很强的特殊性与重复性。N 末端自 Met 起 151 个氨基酸残基为引导肽,富含疏水氨基酸;C 末端有 3 个 Cys 残基,倒 20 位的 Cys 残基与 L 链第 190 位的 Cys 残基形成分子间二硫键,倒 4 位的 Cys 残基与最末一位的 Cys 残基之间形成分子内二硫键。

丝素蛋白重链 N 末端区域的氨基酸序列为:

MRVKTFVILCCALQYVAYTNANINDFDEDFYFGSDVTVQSS
NTTDEIIRDASGAVIEEQITTKKMQRKNKNHGILGKNEKMI
KTFVITTDSDGNESIVEEDVLMKTLSDGTVAQSYVAADAG
AYSQSGPYVSNSGYSTHQGYTSDFSTSAAV

丝素蛋白重链 C 末端区域的氨基酸序列为:

VSYGAGRGYGQGAGSAASSVSSASSRSYD
YSRRNVRKNCGIPRRQLVVKFRALPCVNC

重链中包含结晶区和非结晶区(无定形区),结晶区的氨基酸组成和非结晶区的氨基酸组成有一定的差别,如表 1.3 所示。

表 1.3 丝素重链结晶区和非结晶区的氨基酸组成 (mol%)

氨基酸	结晶区	非结晶区
甘氨酸 (Gly, G)	46.80	46.70
丙氨酸 (Ala, A)	35.00	26.40
缬氨酸 (Val, V)	0.39	8.59
亮氨酸 (Leu, L)	0	0.29
异亮氨酸 (Ile, I)	0.06	0.52
苯丙氨酸 (Phe, F)	0.19	0.66
甲硫氨酸 (Met, M)	0	0.11
脯氨酸 (Pro, P)	0	0.49
酪氨酸 (Tyr, Y)	1.72	3.06
丝氨酸 (Ser, S)	15.30	7.11
苏氨酸 (Thr, T)	0.25	1.29
天冬氨酸 (Asp, D)	0.10	1.78
谷氨酸 (Glu, E)	0.12	1.72
组氨酸 (His, H)	0	0.15
赖氨酸 (Lys, K)	0	0.37
精氨酸 (Arg, R)	0	0.37

注: 本表摘自文献[2], 未作变动, 数据取 2 位有效值。

丝素蛋白的结晶度一般在 50%~60%, 可以用边缘(缨状)原纤结构模型表示, 由 18~22 个重复单元组成, 每一个重复单元包含结晶区和非结晶区, 其相对分子质量分别为 4100 和 3800。丝素分子链在纤维的结晶区呈反平行折叠 β -构象, 排列较为规整。丝素分子中氨基酸大分子伸展链的长度约为 150 nm, 晶胞属斜方晶系, 晶胞参数为: $a = 9.44$ (平面内分子间方向), $b = 6.97 \pm 0.03$ (纤维轴方向, 2 个氨基酸残基高度), $c = 9.20$ (平面间方向), $\beta = 90^\circ$ 。每个晶胞内都含有 α -氨基酸结构单元, 计算密度为 1.45 g/cm^3 [2]。

从侧链的疏水性来看, 丝素蛋白的重链和轻链的氨基酸疏水侧链和亲水侧链均非常规整地相间排列。疏水嵌段由 4~10 个丙氨酸残基通过单个丝氨酸残基连接构成, 疏水程度较小的嵌段含有高集中度的甘氨酸残基, 长度较疏水

重链中 94% 的序列为重复度较高的结晶区,而剩余的部分由总序列的头部 N 端肽段、11 个“结晶区”之间的连接链和尾部 C 端肽段组成。氨基酸序列中,有超过 90% 的序列是以—GX—(G 为甘氨酸,X 代表丙氨酸、丝氨酸和酪氨酸三种氨基酸的一种,极少数情况为其他氨基酸)重复的形式存在的,如表 1.4 所示。其中,GAGAGS(A 为丙氨酸,S 为丝氨酸)又是最为常见的重复单元。除了这些较小的重复单元外,在重链的结构中,还存在较大的重复单元,有些重复单元的组成甚至超过 100 个氨基酸^[4]。

表 1.4 重链蛋白高度重复序列

结构域	子结构域	氨基酸序列
—	1	GAGAGAGAAAGSGAGAGAGYGAAS
	2	GAGAGAGAGAGAGAGYGTGAGAGAGAGYGAGAGAGAGA GYGAGAGAGAGAGAGYGAGAGAGAGAGYGAGAGAGAGA GY GAG AGAGAGAGYGAAS
	3	GAGAGAGYGGQGVGSGAAS
	4	GAGAGAGAGSAAGSGAGAGAGTGAGAGYGAGAGAGAG AGYGAAS
	5	GTGAGYGAGAGAGYGGASGAGAGAGAGAGAGAGAGY GTGAGYGAGAGAGAGAGAGAGAGYGAGAGAGYGAGYGV GAGAGYGAGYGAGAGSGAAS
	6	GAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGA GSGAGAGSGAGAGSGTGAGSGAGAGYGAGAGAGYGAG AGSGAAS
	7	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGY GAGAGAGYGAGAGAGYGAGAGVGYGAGAGSGAAS
	8	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGA GAGSGAGAGSGAGAGSGAGVGYGAGVGAGYGAGYGAG AGAGYGAGAGSGAAS
连接序列一		GAGAGAGAGAGTGSSGFGPYVANGGYSRSDGYEYAWSS DFGTGS

续表

结构域	子结构域	氨基酸序列
二	1	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSYG AGVGVGYGAGYGAGAGAGYGAGAGSGAAS
	2	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGVGSAGAGSGA GAGVGYGAGAGVGYGAGAGSGAAS
	3	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGSGAGAGSGAGVGYGAGVAGAGYGAGYG AGAGAGYGAGAGSGAAS
	4	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGYGA GAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGAGSGAAS
	5	GAGSGAGAGSGAGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGSGAGAGYGAGVAGAGYGAGYGAGAGAG YGAGAGSGAAS
	6	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGVGYGAGYGAGAGAGYGAGAGSGAAS
连接序列二		GAGAGAGAGAGTGTSSGFGPYVAHGGYSGYEYAWSSSD FGTGS
三	1	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGYGAGVAGY GAGYGAGAGAGYGAGAGSGAGS
	2	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGSGAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGAGSG AGS
	3	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGYGAGVAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGA GSGAGS
	4	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGVGSAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGAGSGAGS
	5	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGVGYGAGVAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGA GSGAAS

续表

结构域	子结构域	氨基酸序列
连接序列三		GAGAGAGAGAGTGSSGFGPYVANGGYSGYEYAWSSSED FGTGS
四	1	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGYAGAGYGAG AGAGYGAGAGSGAGS
	2	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGYAGAGVGAG YGVGYGAGAGAGYGAGAGSGAAS
连接序列四		GAGAGAGAGAGTGSSGFGPYVAHGGYSGYEYAWSSSES DFGTGS
五	1	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGYGAGVGAGYGAAYGAGAGAGYGAGAGSGAAS
	2	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGYAGAGAGAG YGAGAGSGAGS
	3	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGSGSGA GAGSGAGAGSGAGAGYGAGVGAGYGAGYGAGAGAGY GAGAGSGAGS
	4	GAGAGSGAGAGYGAGAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGA GTGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSG AGAGSGAGS
	5	GSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAG YGAGAGAGYGAGYGAGAGAGYGAGAGSGAGS
	6	GAGAGSGAGAGSGAGAGSGAGAGYGAGYGAGAGSGA AS
连接序列五		GAGAGAGAGAGTGSSGFGPYVAHGGYSGYEYAWSSSES DFGTGS