

# 脱脂豆粕预处理对大豆 $\beta$ -伴球蛋白结构的影响

吴伟<sup>1</sup>, 蔡勇建<sup>1</sup>, 林亲录<sup>1</sup>, 邓克权<sup>2</sup>, 华欲飞<sup>3</sup>

(1. 中南林业科技大学食品科学与工程学院, 湖南长沙 410004) (2. 中粮东海粮油工业有限公司, 江苏张家港 215634) (3. 江南大学食品学院, 江苏无锡 214122)

**摘要:** 采用新鲜低温脱脂豆粕、干热处理脱脂豆粕和溶剂浸提脱脂豆粕为原料制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白, 研究低温脱脂豆粕预处理对制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白结构的影响。新鲜低温脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基、游离巯基和总巯基含量分别为 2.93 nmol/mg、1.39 nmol/mg 和 11.87 nmol/mg, 干热处理脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基、游离巯基和总巯基含量分别为 5.24 nmol/mg、0.41 nmol/mg 和 5.42 nmol/mg, 溶剂浸提脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基、游离巯基和总巯基含量分别为 1.85 nmol/mg、1.93 nmol/mg 和 15.64 nmol/mg, 表明干热处理脱脂豆粕增加制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白氧化程度, 溶剂浸提脱脂豆粕降低制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白氧化程度。随着蛋白质氧化程度的增加, 大豆  $\beta$ -伴球蛋白二级结构中  $\alpha$ -螺旋和  $\beta$ -折叠含量、表面疏水性和内源荧光强度下降, 内源荧光最大吸收峰发生蓝移, 并且伴随着蛋白质聚集体的出现, 表明蛋白质氧化使得大豆  $\beta$ -伴球蛋白聚集。

**关键词:** 低温脱脂豆粕; 大豆  $\beta$ -伴球蛋白; 干热; 溶剂浸提; 蛋白质氧化

文章编号: 1673-9078(2014)7-131-135

## Effect of Defatted Soybean Flour Pretreatment on Structure of Soybean $\beta$ -conglycinin

WU Wei<sup>1</sup>, CAI Yong-jian<sup>1</sup>, LIN Qin-lu<sup>1</sup>, DENG Ke-quan<sup>2</sup>, HUA Yu-fei<sup>3</sup>

(1.School of Food Science and Engineering, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China) (2.COFCO Eastocean Oils and Grains Industries Co. Ltd., Zhangjiagang 215634, China) (3.School of Food Science and Technology, Jiangnan University, Wuxi 214122, China)

**Abstract:** Fresh defatted soybean flour, dry heating of defatted soybean flour, and solvent extraction of defatted soybean flour were used as materials to prepare soybean  $\beta$ -conglycinin. Protein carbonyl, free sulphhydryl, and total disulphide/sulphhydryl content of  $\beta$ -conglycinin which prepared by fresh defatted soybean flour were 2.93 nmol/mg, 1.39 nmol/mg, and 11.87 nmol/mg, respectively; while those by dry heating of defatted soybean flour and solvent extraction of defatted soybean flour were separately 5.24 nmol/mg, 0.41 nmol/mg, 5.42 nmol/mg and 1.85 nmol/mg, 1.93 nmol/mg, 15.64 nmol/mg. The results indicated that dry heating of defatted soybean flour increased oxidation extent of soybean  $\beta$ -conglycinin, while solvent extraction of defatted soybean flour reduced oxidation extent of soybean  $\beta$ -conglycinin. As oxidation extent of soybean  $\beta$ -conglycinin prepared by three kinds of defatted soybean flour increased, the contents of  $\alpha$ -helix and  $\beta$ -sheet, surface hydrophobicity, and intrinsic fluorescence intensity of soybean  $\beta$ -conglycinin decreased, and blue shift of the maximum emission wavelength were increased, accompanied by formation of protein aggregates, which indicated that protein oxidation resulted in aggregation of soybean  $\beta$ -conglycinin.

**Key words:** defatted soybean flour; soybean  $\beta$ -conglycinin; dry heating; solvent extraction; protein oxidation

低温脱脂豆粕是大豆以浸出法提取油脂后采用低温脱溶得到的副产物, 由于粗蛋白含量高, 并且蛋白质变性程度低, 低温脱脂豆粕被广泛用于制备大豆

收稿日期: 2014-02-24

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201303071); 国家自然科学基金(13201319)

作者简介: 吴伟(1981-), 男, 博士, 副教授, 研究方向: 粮食、油脂与植物蛋白工程

通讯作者: 邓克权(1976-), 男, 博士, 工程师, 研究方向: 粮食、油脂与植物蛋白工程

蛋白产品。低温脱脂豆粕中含有1%左右的残余脂质和活力较高的脂肪氧合酶<sup>[1]</sup>, 在储藏以及制备大豆蛋白过程中, 低温脱脂豆粕中的脂肪氧合酶很容易催化残余脂质发生脂质过氧化反应, 产生的脂质过氧化产物可通过自由基转移和共价修饰两种方式使得大豆蛋白氧化, 影响大豆蛋白的功能性质和营养品质<sup>[2-3]</sup>。

针对低温脱脂豆粕中残余脂质和高活力脂肪氧合酶对制备大豆蛋白功能性质和营养品质的不良影响, 近年来有研究通过干热处理和溶剂浸提处理控制脱脂豆粕中残余脂质含量和脂肪氧合酶酶活, 发现干

热处理和溶剂浸提处理低温脱脂豆粕可改善制备大豆蛋白的功能性质<sup>[4-5]</sup>。大豆蛋白功能性质与其结构特征密切相关,目前仅有关于干热处理低温脱脂豆粕影响制备大豆蛋白结构的报道<sup>[6]</sup>,而鲜有研究对比干热处理和溶剂浸提预处理低温脱脂豆粕对制备大豆蛋白结构的影响。大豆 $\beta$ -伴球蛋白是大豆蛋白的重要组分,占大豆中蛋白质总量30%左右,大豆 $\beta$ -伴球蛋白是一种糖蛋白,相对分子量质量约为150~200 kDa,由3个亚基( $\alpha$ 、 $\alpha'$ 、 $\beta$ )通过疏水相互作用结合形成6种异构体,大豆蛋白多种功能性质的发挥是通过大豆 $\beta$ -伴球蛋白的结构特征和理化性质来实现的<sup>[7]</sup>。本文以新鲜低温脱脂豆粕为原料,对比干热处理和溶剂浸提预处理脱脂豆粕对制备大豆 $\beta$ -伴球蛋白结构的影响,为研究大豆蛋白构效关系提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 原料与试剂

新鲜低温脱脂豆粕(FDSF,真空包装,贮藏时间<7天),山东万德福实业集团;1-苯氨基萘-8-磺酸、5,5'-二硫代二硝基苯甲酸盐,购于美国Sigma公司;其他试剂均为分析纯,购于国药集团上海化学试剂公司。

### 1.2 仪器与设备

CR21G高速冷冻离心机,日本日立公司;LGJ-18型冷冻干燥机,北京四环科学有限公司;UV-2100紫外可见分光光度计,尤尼科上海有限公司;Water 2690高效液相色谱,美国Waters公司;Jasco J-715圆二色光谱仪,日本Jasco公司;F96荧光分光光度计,上海棱光技术有限公司;Nano ZS纳米粒度分析仪,英国马尔文公司。

### 1.3 试验方法

#### 1.3.1 干热处理低温脱脂豆粕

参考Kong等<sup>[4]</sup>方法制备干温处理脱脂豆粕(DHDSF)。新鲜低温脱脂豆粕粉碎过80目筛,随后置于60℃烘箱中处理24h(处理厚度为2mm),取出冷却后放入密封袋中4℃密封保存。

#### 1.3.2 溶剂浸提低温脱脂豆粕

参考Huang等<sup>[1]</sup>方法制备溶剂浸提低温脱脂豆粕(SEDSEF)。新鲜低温脱脂豆粕粉碎过80目筛后用乙醇和正己烷混合浸出,脱脂豆粕:95%乙醇:正己烷=1:4:2,浸提温度20℃,浸提2h后3000g离心30min,收集沉淀,采用95%乙醇二次浸出沉淀,料液比为1:5,

浸提温度20℃,浸提1h后3000g离心30min,收集沉淀并真空干燥,最后将豆粕置于80℃烘箱中处理30min(处理厚度为2mm),取出冷却后放入密封袋中4℃密封保存。

#### 1.3.3 大豆 $\beta$ -伴球蛋白的制备

参考邓克权等<sup>[8]</sup>优化的工艺条件以FDSF、DHDSF和SEDSEF为原料制备大豆 $\beta$ -伴球蛋白。将豆粕按1:15的料液比与水混合,用2mol/L NaOH溶液将其pH值调至8.5。搅拌1h后在15℃条件下14000g离心30min,收集上清液并加入 $\beta$ -巯基乙醇使之浓度达0.0095mol/L,用2mol/L HCl调pH至6.4,4℃条件下静置12h后离心7500g,20min,4℃,收集上清液并加入NaCl使之浓度达0.25mol/L,用2mol/L HCl调pH值至5.0,搅拌1h后离心(14000g,30min,4℃),收集上清液并加入2倍体积的去离子水,用2mol/L HCl调pH值至4.86,搅拌1h后离心(7500g,20min,4℃),得富含大豆 $\beta$ -伴球蛋白沉淀,将沉淀分散于去离子水中并用2mol/L NaOH溶液将其pH值调至7.0,透析去盐后冷冻干燥。

#### 1.3.4 羰基含量的测定

根据Huang等<sup>[1]</sup>方法采用2,4-二硝基苯肼比色法测定大豆 $\beta$ -伴球蛋白羰基含量,以22000mol/(L·cm)消光系数计算每mg蛋白质羰基衍生物的摩尔数。

#### 1.3.5 游离巯基与总巯基含量的测定

根据Huang等<sup>[1]</sup>方法采用5,5'-二硫代二硝基苯甲酸盐比色法测定大豆 $\beta$ -伴球蛋白巯基与总巯基含量,以13600mol/(L·cm)消光系数计算游离巯基和总巯基含量。

#### 1.3.6 远紫外圆二色图谱的测定

参考Wu等<sup>[9]</sup>方法。将蛋白样品溶解于去离子水中,调整蛋白浓度至50 $\mu$ g/mL。25℃条件下测定大豆 $\beta$ -伴球蛋白在190~250nm之间的远紫外圆二色图谱。以去离子水为空白,扫描速率、间隔时间、宽度以及最小间隔度分别为100nm/min,0.25s,1.0nm和0.2nm。扫描5次取平均值得到圆二色图谱,以平均摩尔椭圆率 $[\theta]$ (deg cm<sup>2</sup>/dmol)表示。

#### 1.3.7 表面疏水性的测定

采用1-苯氨基萘-8-磺酸作为荧光探针测定大豆 $\beta$ -伴球蛋白表面疏水性。将蛋白样品溶解于0.01mol/L pH7.0的磷酸盐缓冲液中,通过稀释得到蛋白浓度在0.005~0.50mg/mL之间6个不同蛋白浓度溶液。取不同浓度的蛋白液4mL,加入50 $\mu$ L的0.008mol/L 1-苯氨基萘-8-磺酸溶液。在365nm的激发波长和484nm的发射波长下测定荧光强度(灵敏度设定为2),以荧光强度对蛋白质浓度作图,外推至蛋白质浓度为

0, 曲线初始阶段的斜率即为蛋白质分子的表面疏水性指数。

### 1.3.8 内源荧光的测定

将蛋白样品溶解于 0.01 mol/L pH 7.0 的磷酸盐缓冲液中, 调整蛋白质浓度到 0.1 mg/mL。在激发波长 295 nm 条件下得到 300~400 nm 之间的发射光谱 (灵敏度为 2), 以 pH 7.0, 0.01 mol/L 的磷酸盐缓冲液为空白。

### 1.3.9 相对分子量的测定

将蛋白样品溶解于去离子水中配制 1 mg/mL 蛋白溶液, 蛋白液通过孔径 0.45  $\mu\text{m}$  的醋酸纤维素膜后进样分析。色谱柱: Shodex protein KW 804 型, 检测器: Waters 996 光电二极管阵列检测器, 流动相: 含 0.3 mol/L NaCl 的 0.05 mol/L pH 7.0 磷酸盐缓冲液, 紫外检测波长: 280 nm, 流速: 1 mL/min, 柱温: 25  $^{\circ}\text{C}$ , 进样量: 10  $\mu\text{L}$ 。用于校正标准曲线的十种化学物质及其相对分子质量分别是: 甲状腺球蛋白, 669 kDa; 醛缩酶, 158 kDa; 牛血清蛋白, 67 kDa; 卵清蛋白, 43 kDa; 过氧化物酶, 40.2 kDa; 腺苷酸激酶, 32 kDa; 肌红蛋白, 17 kDa; 核糖核酸酶, 13.7 kDa; 胰蛋白酶抑制剂, 6.5 kDa; 维生素 B12, 1350 Da。

### 1.3.10 粒径分布的测定

将蛋白样品溶解于去离子水中配制 1 mg/mL 蛋白溶液, 在 25  $^{\circ}\text{C}$  测定蛋白样品的粒径分布。

## 1.4 数据处理与统计分析

采用 Microsoft Excel 2003 和 Origin 7.5 进行数据分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 预处理对大豆 $\beta$ -伴球蛋白氧化程度的影响

响

表 1 三种脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基、游离巯基和总巯基含量

Table 1 Protein carbonyl, free sulphhydryl, and total disulphide/sulphhydryl content of  $\beta$ -conglycinin that prepared by three kinds of defatted soybean flour

低温脱脂豆粕	羰基/ (nmol/mg)	游离巯基/ (nmol/mg)	总巯基/ (nmol/mg)
FDSF	2.93 $\pm$ 0.10 <sup>b</sup>	1.39 $\pm$ 0.15 <sup>b</sup>	11.87 $\pm$ 1.09 <sup>b</sup>
DHDSF	5.24 $\pm$ 0.15 <sup>c</sup>	0.41 $\pm$ 0.11 <sup>a</sup>	5.42 $\pm$ 0.83 <sup>a</sup>
SEDSF	1.85 $\pm$ 0.12 <sup>a</sup>	1.93 $\pm$ 0.10 <sup>c</sup>	15.64 $\pm$ 0.87 <sup>c</sup>

注: 同一栏中的相同字母表示在  $P \geq 0.05$  水平上没有明显

差异, 下同。

三种脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基含量如表 1 所示, SEDSF 制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基含量最低, DHDSF 制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基含量最高, 三种豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白羰基含量彼此差异性显著 ( $P < 0.05$ ), 表明三种脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白氧化程度的排序为: SEDSF < FDSF < DHDSF。低温脱脂豆粕中脂肪氧合酶热稳定性较高, 干热处理不仅难以使其完全失活, 而且可加速脂质过氧化反应的发生<sup>[6]</sup>, 脂质过氧化产物可诱导大豆蛋白氧化, 因此 DHDSF 制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白氧化程度最高; 溶剂浸提既可降低脱脂豆粕中残余脂质含量, 也可抑制脂肪氧合酶酶活<sup>[1]</sup>, 因此溶剂浸提可有效抑制脂肪氧合酶诱导的脂质过氧化反应, 制备的大豆  $\beta$ -伴球蛋白氧化程度最低。

蛋白质巯基是对氧化最敏感的氨基酸侧链基团, 并且蛋白质羰基含量不能表征巯基的氧化程度, 因此本文还通过游离巯基和总巯基含量表征三种豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白的氧化程度, 结果见表 1, SEDSF 制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白游离巯基和总巯基含量最高, DHDSF 制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白游离巯基和总巯基含量最低, 三种豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白游离巯基和总巯基含量彼此差异性显著 ( $P < 0.05$ ), 表明大豆  $\beta$ -伴球蛋白游离巯基和总巯基含量随着蛋白质氧化程度的增加而下降。此外, 大豆  $\beta$ -伴球蛋白总巯基下降值大于游离巯基下降值, 表明蛋白质氧化使得大豆  $\beta$ -伴球蛋白二硫键含量下降, 说明大豆  $\beta$ -伴球蛋白巯基被氧化成为不可逆氧化状态, 形成了非二硫键的含硫化合物。

### 2.2 预处理对大豆 $\beta$ -伴球蛋白二级结构的影响

响

三种脱脂豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白远紫外圆二色图谱如图 1 所示, 大豆  $\beta$ -伴球蛋白远紫外圆二色图谱在 195 nm 处出现一个正峰, 218 nm 处显示一个负肩峰, 对应  $\beta$ -折叠结构; 208 nm 和 222 nm 处有两个负凹槽, 对应  $\alpha$ -螺旋结构; 220~230 nm 之间有一个很微弱的正峰, 对应无规卷曲结构, 表明三种豆粕制备大豆  $\beta$ -伴球蛋白中存在  $\beta$ -折叠、 $\alpha$ -螺旋和无规卷曲结构。随着蛋白质氧化程度的增加, 大豆  $\beta$ -伴球蛋白远紫外圆二色图谱中 208 nm 和 222 nm 两处负凹槽强度、195 nm 处正峰强度以及 218 nm 处负肩峰强度逐渐下降, 表明蛋白质氧化使得大豆  $\beta$ -伴球蛋白二级结构中  $\alpha$ -螺旋和  $\beta$ -折叠结构含量下降, 与 Wu 等<sup>[9]</sup>研究脂质氧化产物氧化对大豆蛋白二级结构影响一致。

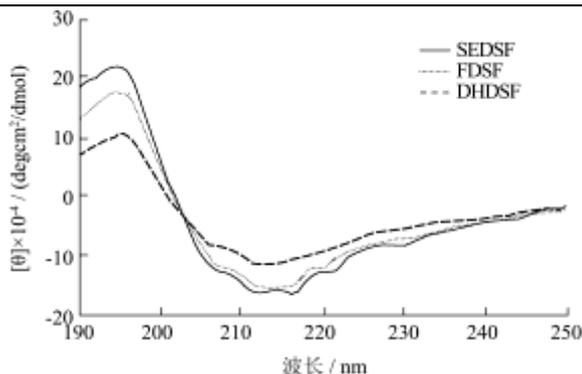


图1 三种脱脂豆粕制备大豆β-伴球蛋白远紫外圆二色图谱  
Fig.1 Far-UV circular dichroism spectra of β-conglycinin that prepared by three kinds of defatted soybean flour

### 2.3 预处理对大豆β-伴球蛋白表面疏水性的影响

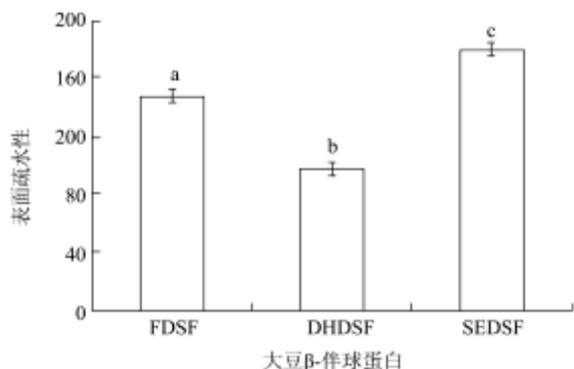


图2 脱脂豆粕预处理对制备大豆β-伴球蛋白表面疏水性的影响

Fig.2 Protein surface hydrophobicity of β-conglycinin that prepared by three kinds of defatted soybean flour

如图2所示,三种脱脂豆粕制备大豆β-伴球蛋白表面疏水性的排序为:DHDSF<FDSF<SEDSF,表明随着蛋白质氧化程度的增加,大豆β-伴球蛋白表面疏水性渐下降。Liang<sup>[10]</sup>等研究表明脂质过氧化产物与大豆蛋白之间的相互作用可使得大豆蛋白表面疏水性下降,并且认为脂质氧化产物与蛋白质疏水基团反应是造成大豆蛋白表面疏水性下降的原因。

### 2.4 预处理对大豆β-伴球蛋白内源荧光的影响

三种脱脂豆粕制备大豆β-伴球蛋白内源荧光图谱见图3所示,SEDSF、FDSF和DHDSF制备大豆β-伴球蛋白荧光峰位(λ<sub>max</sub>)分别在334 nm、328 nm和324 nm,荧光强度依次下降,说明随着蛋白质氧化程度的增加,λ<sub>max</sub>逐渐蓝移,表明位于蛋白质外部处于

极性环境中的色氨酸残基被转移到蛋白质内部非极性环境中,这可能是由于大豆β-伴球蛋白聚集造成的。Simat等<sup>[11]</sup>研究发现脂质自由基可通过夺氢反应将色氨酸残基转化为亚稳态的色氨酸自由基,随后与氧结合形成色氨酸过氧自由基,最终转化成为犬尿氨酸,使得蛋白质内源荧光强度下降。因此,大豆β-伴球蛋白内源荧光强度下降主要由于色氨酸残基被脂质氧化产物修饰引起的。

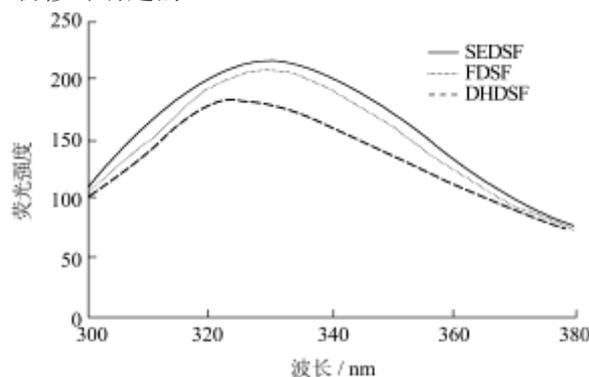


图3 三种脱脂豆粕制备大豆β-伴球蛋白内源荧光图谱  
Fig.3 Intrinsic fluorescence of β-conglycinin that prepared by three kinds of defatted soybean flour

### 2.5 预处理对大豆β-伴球蛋白聚集形态的影响

三种豆粕制备大豆β-伴球蛋白的分子量分布见图4,SEDSF制备大豆β-伴球蛋白分子量分布图中主要包含两个大峰:150 kDa峰(分子量分布范围80~630 kDa)和14.1 kDa峰(分子量分布范围2~80 kDa);此外,分子量分布图中还存在分子量小于2 kDa的小峰。150 kDa峰主要对应大豆β-伴球蛋白(分子量分布范围141~204 kDa),14.1 kDa峰对应α(67 kDa)、α'(71 kDa)和β(50 kDa)亚基,分子量小于2 kDa峰对应天然存在的短肽。SEDSF大豆β-伴球蛋白分子量分布图中保留时间6 min处没有峰,FDSF和DHDSF制备大豆β-伴球蛋白分子量分布图中保留时间6 min处出现峰,并且随着蛋白质氧化程度的增加,保留时间6 min处峰面积所占比例也逐渐增加。保留时间6 min峰对应的分子量在1000 kDa左右,为大豆β-伴球蛋白聚集体,表明蛋白质氧化导致大豆β-伴球蛋白聚集。此外,随着蛋白质氧化程度的增加,150 kDa峰面积所占比例逐渐下降,14.1 kDa峰面积所占比例逐渐增加,表明蛋白质氧化使得大豆β-伴球蛋白解离形成亚基。大豆β-伴球蛋白是由三个亚基α、α'和β通过疏水相互作用结合而成,疏水相互作用的破坏可导致大豆β-伴球蛋白解离成亚基。

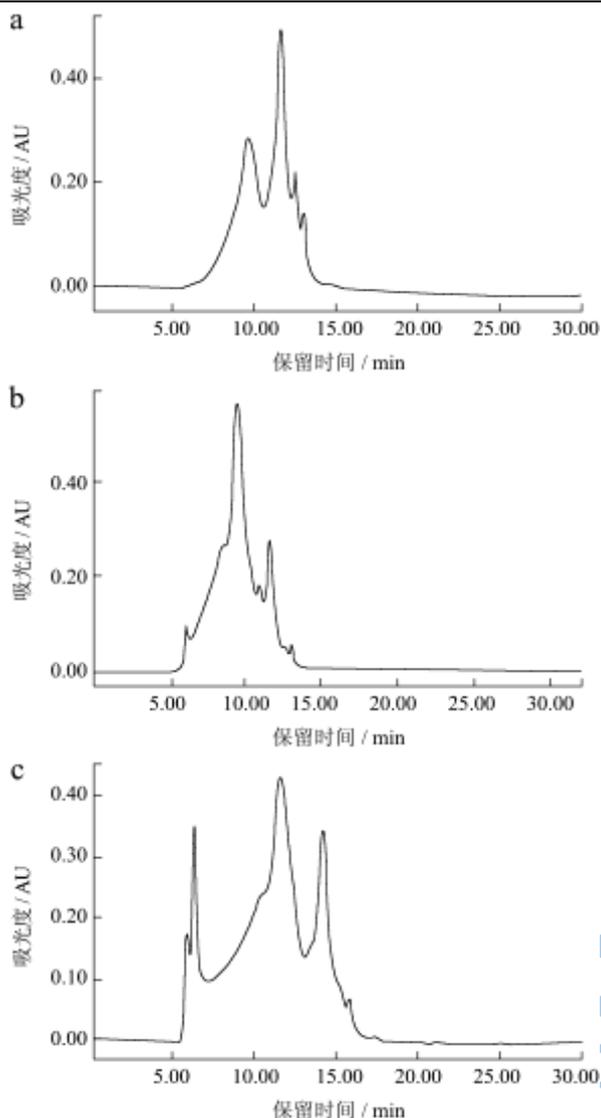


图4 三种豆粕制备大豆β-伴球蛋白分子量分布

Fig.4 Molecular weight distribution of β-conglycinin that prepared by three kinds of defatted soybean flour

注：a: SEDSF; b: FDSF; c: DHDSF。

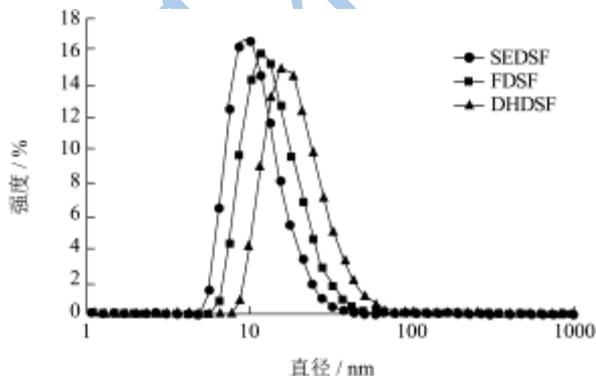


图5 三种豆粕制备大豆β-伴球蛋白的粒径分布

Fig.5 Particle size distribution of β-conglycinin that prepared by three kinds of defatted soybean flour

采用粒径分布可进一步研究三种豆粕制备大豆β-伴球蛋白的聚集性质，结果见图5。随着蛋白质氧化

程度的增大，大豆β-伴球蛋白的粒径分布图向高尺寸方向移动，进一步证实蛋白质氧化使得大豆β-伴球蛋白形成聚集体。

### 3 结论

低温脱脂豆粕中高活力且热稳定性强的脂肪氧合酶可催化残余脂质发生脂质过氧化反应，脂质过氧化产物可导致大豆蛋白氧化，影响大豆蛋白的结构。干热处理通过加速脂质过氧化使得制备大豆β-伴球蛋白氧化程度增加，溶剂浸提通过脱除残余脂质和抑制脂肪氧合酶活降低制备大豆β-伴球蛋白的氧化程度。蛋白质氧化使得大豆β-伴球蛋白游离巯基和总巯基含量、二级结构中α-螺旋和β-折叠含量、表面疏水性以及内源荧光强度下降，内源荧光最大吸收峰发生蓝移，并且逐渐形成氧化聚集体。干热处理和溶剂浸提脱脂豆粕影响大豆β-伴球蛋白结构机理有待进一步研究。

### 参考文献

- [1] Huang Y R, Hua Y F, Qiu A Y. Soybean protein aggregation induced by lipoxygenase catalyzed linoleic acid oxidation [J]. Food Research International, 2006, 39(2): 240-249
- [2] Wu W, Hua Y F, Lin Q L, et al. Effects of oxidative modification on thermal aggregation and gel properties of soy protein by peroxy radicals [J]. International Journal of Food Science and Technology, 2011, 46(9): 1891-1897
- [3] Chen N N, Zhao Q Z, Sun W Z, et al. Effects of malondialdehyde modification on the in vitro digestibility of soy protein isolate [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2013, 61(49): 12139-12145
- [4] Kong X Z, Li X H, Wang H J, et al. Effect of lipoxygenase activity on the gelling properties of in defatted soybean flour soybean protein isolate [J]. Food Chemistry, 2008, 106(3): 1093-1099
- [4] Wu N N, Wang L J, Yang X Q, et al. Comparison of flavor volatiles and some functional properties of different soy protein products [J]. Journal of the American Oil Chemist's Society, 2011, 88(10): 1621-1631
- [5] 黄友如,陈义勇,朱东兴,等.高温处理对脱脂豆粕中大豆分离蛋白结构的影响[J].中国粮油学报,2011,26(10):51-60  
HUANG You-ru, CHEN Yi-yong, ZHU Dong-xing, et al. Influence of high temperature on structure of soy protein isolates prepared with defatted soy flour [J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2011, 26(10): 51-60
- [6] 黄友如,裘爱泳,华欲飞.大豆蛋白结构与功能的关系[J].中国油脂,2004, 29(11):24-28

- HUANG You-ru, QIU Ai-yong, Hua Yu-fei. Structure function relationships of soybean protein [J]. China Oils and Fats, 2004, 29(11): 24-28
- [7] 邓克权,黄友如,华欲飞.提取条件对大豆 $\beta$ -伴球蛋白(7S)得率及纯度的影响[J].中国油脂,2012,37(12):26-30
- DENG Ke-quan, HUANG You-ru, HUA Yu-fei. Isolation of  $\beta$ -conglycinin (7S): effect of extraction conditions on its yield and purity [J]. China Oils and Fats, 2012, 37(12): 26-30
- [8] Wu W, Zhang CM, Kong X Z, et al. Oxidative modification of soy protein by peroxy radicals [J]. Food Chemistry, 2009, 116(1): 295-301
- [9] Liang J H. Fluorescence due to interactions of oxidizing soybean oil and soy proteins [J]. Food Chemistry, 1999, 66(1): 103-108
- [10] Simat T J, Steinhart H. Oxidation of free tryptophan and tryptophan residues in peptides and proteins [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 1998, 46(2): 490-498