

# 脱酰胺作用对降解小麦面筋蛋白特性的研究

廖兰<sup>1</sup>, 韩雪跃<sup>1</sup>, 李章发<sup>1</sup>, 赵谋明<sup>2</sup>

(1. 福州大学生物科学与工程学院, 福建福州 350108) (2. 华南理工大学轻工与食品学院, 广东广州 510640)

**摘要:** 研究了在湿热条件下可食性有机酸(琥珀酸)对降解小麦面筋蛋白脱酰胺作用的特征。通过对改性小麦面筋蛋白(SDWG)的脱酰胺作用程度、氮溶指数、水解度等理化指标, 以及热特性、分子量分布、蛋白质的二级结构表征湿热处理过程中 SDWG 分子聚集态变化特征。结果显示改性过程中小麦面筋蛋白分子的降解反应呈明显阶段性, 在前 10 min, 当脱酰胺程度(从 24.65% 到 64.79%), 氮溶指数(从 11.55% 到 91.31%), 玻璃态转变温度(从 50.70 °C 到 61.80 °C) 和反应热焓[从 1.73 J/(g K) 到 2.35 J/(g K)] 均明显增加, 但是小麦面筋蛋白水解度增加幅度仅小于 1%, 且 SDS-PAGE 和 SE-HPLC 检测到 SDWG 总体呈降解的反应趋势, 然而红外光谱表示 SDWG 的分子柔性总体下降, 特别反应第 6 min, 分子质量分布以及二级结构特征均呈现明显的改变。该数据表明在湿热条件下琥珀酸对小麦面筋蛋白的脱酰胺作用具有较高特异性, 而小麦面筋蛋白解离特征呈现逐步降解和分阶段性。

**关键词:** 小麦面筋蛋白; 脱酰胺作用; 蛋白质降解; 构象改变; 可食性有机酸

文章编号: 1673-9078(2015)1-21-25

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2015.1.005

## Study of the Effect of Deamidation on the Properties of Degraded Wheat

### Gluten

LIAO Lan<sup>1</sup>, HAN Xue-yue<sup>1</sup>, LI Zhang-fa<sup>1</sup>, ZHAO Mou-ming<sup>2</sup>

(1. College of Bioscience and Biotechnology, Fuzhou University, Fuzhou 350108, China)

(2. College of Light Industry and Food Sciences, South China University of Technology, Guangzhou 510640, China)

**Abstract:** The aim of this study was to investigate the characteristics of the degradation of wheat gluten by deamidation using carboxylic acids (succinic acid). The changes in succinic acid deamidated wheat gluten (SDWG), during hydrothermal treatment, were characterized using physicochemical indexes such as the deamidation degree (DD), nitrogen soluble index (NSI), degree of hydrolysis (DH), thermal characteristics, molecular weight distribution (MWD), and secondary conformation of proteins. The results indicated that, during modification, the degradation of wheat gluten molecules occurred in a stepwise manner. During the first 10 mins, the DD (from 24.65% to 64.79%), NSI (from 11.55% to 91.31%), glass transition temperature (from 50.70 to 61.80 °C), and enthalpy [from 1.73 to 2.35 J/(g K)] all significantly increased, while the increase of DH was less than 1%. Additionally, sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) and size exclusion-high-performance liquid chromatography (SE-HPLC) showed that SDWG had a tendency to degrade; infrared spectra indicated that the flexibility of SDWG generally decreased. In particular, significant changes in MWD and secondary conformation were observed at 6 min after the reaction started. These results indicate that succinic acid has a high specificity for the deamidation of wheat gluten upon hydrothermal treatment and that the degradation of wheat gluten is a stepwise process with different stages.

**Key words:** wheat gluten; deamidation; protein degradation; edible carboxylic acids; conformational changes

脱酰胺作用是分散或降解蛋白质最常用的方法之一<sup>[1]</sup>。当蛋白质在水中展开, 除发生脱酰胺反应, 还包括大量蛋白质分子肽键水解和二硫键、氢键以及疏水键断裂。因此, 通过酸脱酰胺作用制备的改性蛋白或肽, 实际上是得到脱去酰胺基团的蛋白质水解产物<sup>[2-3]</sup>。距今为止, 对酸脱酰胺分散蛋白质作用机制的研

收稿日期: 2014-03-27

基金项目: 国家自然科学基金青年基金项目资助(31201287)

作者简介: 廖兰(1982-), 女, 博士, 硕士生导师; 研究方向: 食品生物技术

究主要集中于其作用条件如 pH、温度、催化剂对改性蛋白质结构和功能的影响<sup>[1]</sup>。该类改性效果往往是蛋白质肽键大量水解和少量酰胺基团脱去酰胺基团综合作用的结果, 而对酸脱酰胺改性蛋白质特性和专一性方面的相关研究还非常有限。肽键水解具有两面性的, 一方面使谷氨酰胺和天冬氨酸残基暴露促进脱酰胺作用, 然而也会导致蛋白质的结构发生不如人意的改变, 进而导致蛋白质的某些功能特性发生不利的变化, 如乳化性和起泡性<sup>[4-5]</sup>。小麦面筋蛋白是生产小麦淀粉的副产物, 是人类可食用的最丰富植物蛋白质来源之一,

但是其分子结构特性以及分子量与其他植物蛋白有明显的特异性<sup>[6-7]</sup>。首先,小麦面筋蛋白分子质量巨大,总体以三维网络形式存在,导致了其在水中的溶解能力非常有限,但也因此是形成面团的最重要功效成分。其次,小麦面筋蛋白中醇溶蛋白所含的酰胺基团是其导致部分人群致敏主要的致敏源。因此,寻找专一脱改性小麦面筋蛋白并且能较好保持小麦面筋蛋白原有构象特征的方法,十分重要,也十分紧迫。

本文旨在探索出一条专一脱酰胺改性小麦面筋蛋白并且能较好保持小麦面筋蛋白构象特征的途径,通过湿热条件下琥珀酸脱酰胺改性小麦面筋蛋白,研究改性小麦面筋蛋白的理化指标以及分子聚集态变化特征,解析脱酰胺对降解小麦面筋蛋白的改性机制,同时可为脱酰胺技术改性其他致敏谷物蛋白提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

高筋小麦(品种:济南17号)机械磨制成粉,后制作面团,用蒸馏水洗涤面团除去淀粉得到小麦面筋蛋白,随后即刻冻干磨成粉过筛,并经氯仿萃取提脂备用。所得样品蛋白质、灰分和水分含量分别为 $84.54\pm 0.73\%$ 、 $6.88\pm 0.10\%$ 、 $8.58\pm 0.13\%$ <sup>[8]</sup>。

### 1.2 主要仪器设备及试剂

设备:高速分散均质机,T25,IKA,德国;精密pH计,pHS-3E,北京雷磁仪器公司,中国;高速冷冻离心机,GL-21M,长沙湘仪离心仪器有效公司,中国;冷冻干燥机,ALPHA1-4/2-4,Christ Co. Ltd.,德国;傅里叶变换红外谱仪,Vector 33,Nicolet,美国;电泳仪、电泳槽,DYCZ-30,北京六一电泳仪器公司,中国;高效液相色谱,Waters 600,美国;DSC50热分析仪,TA50 SI,岛津,日本。

试验中所采用其他试剂均为国产分析纯。

### 1.3 方法

#### 1.3.1 琥珀酸脱酰胺小麦面筋蛋白的制备

在湿热条件下,琥珀酸脱酰胺改性小麦面筋蛋白的方法参考本课题组已有方法:准确称取琥珀酸(0.042 mol/L)溶于质量分数10%的小麦面筋蛋白悬浮液,32℃水化4 h,得到的样品悬浮液于121℃杀菌锅中分别湿热处理0、2、6、10、14和18 min,后立刻冰水浴中冷却后离心得到上清液(离心条件为4℃,9500 r/min,10 min)。将上述上清液装入透析袋,以100 g样品/1 L去离子水的比例置于塑料桶,于4℃环

境透析24~48 h去其中的铵盐离子(每8 h换去离子水),冻干透析液保存于干燥器中备用。将在相同湿热处理条件下,未添加琥珀酸的小麦面筋蛋白混合水溶液得到的改性蛋白作为对照组<sup>[9]</sup>。

#### 1.3.2 脱酰胺程度、氮溶指数、水解度的测定

##### 1.3.2.1 脱酰胺程度的测定:微量弥散皿法<sup>[10]</sup>

测定样品完全脱酰胺产生的氨:准确称取0.5 g样品,加5 mL 2 mol/L盐酸,抽真空封于硬质玻璃管中115~125℃水解3 h,水解完毕取出,待冷后打开玻璃管,用20 g/L的硼酸吸收氨并测定酰胺氮含量。测定样品脱酰胺过程中产生的氨:将3 mL硼酸加入微量弥散皿中央,1 mL样品加入皿外围。再将水溶性阿拉伯胶均匀涂抹于皿边缘,盖上玻璃盖(留一定空隙),通过留出的空隙向已加入了样品的皿外围中加入饱和NaOH溶液3 mL后立即封上玻盖避免漏气;在室温下平放于桌面12 h后,用0.02 mol/L的标准盐酸溶液滴定至混合指示剂终点。脱酰胺程度表示为样品脱酰胺产生的氨与样品完全脱酰胺产生的氨的百分比。

##### 1.3.2.2 氮溶指数的测定<sup>[10]</sup>

得到的脱酰胺小麦面筋蛋白悬浮液,用双缩脲法测定上清液中可溶蛋白含量,凯氏定氮法测定悬浮液中总氮含量。氮溶指数表示为上清液改性小麦面筋蛋白与样品中总蛋白含量的百分比。

##### 1.3.2.3 水解度的测定<sup>[10]</sup>

改性小麦面筋蛋白氨基酸态氮使用甲醛滴定法测定,蛋白质换算系数为5.7。改性面筋蛋白水解度为其氨基酸态氮含量占上清液中总蛋白含量的百分比。

#### 1.3.3 凝胶电泳分析(SDS-PAGE)和高效液相色谱分析(HPLC)

冻干后的改性小麦面筋蛋白分别用蒸馏水溶解成2 mg/mL溶液。根据Laemmli方法<sup>[11]</sup>。电泳前将已和样品缓冲液混合的样品煮沸离心,取10 μL上清液进样,使用12%的丙烯酰胺制备分离胶,用5%丙烯酰胺制备浓缩胶,以未经改性的原始小麦面筋蛋白作为对照样。高效液相色谱分析用pH 7.4的0.01 M的磷酸盐缓冲液配制2 mg/mL的蛋白样品,蛋白通过TSK G4000SW分子排阻色谱柱(7.5×300 mm, Tosoh Biosep, 美国)分离,柱连接到Waters 600 HPLC泵以及2487紫外可见光检测器,经波长214 nm紫外光检测。流动相是乙腈:水(含0.05% (V/V) TFA(三氟乙酸))=1:1。稳定后流速是0.8 mL/min,保持室温25.0℃。进10 μL样进柱。以两峰之间最低吸光度作为分界点将曲线分成两部分。第一个峰(分子质量>100 kDa;保留时间<21.2 min)对应于聚合部分(即麦谷蛋白),第二个峰表征(分子质量>100 kDa;保留时间>21.2

min) 麦醇溶蛋白。

### 1.3.4 傅立叶红外光谱分析<sup>[10]</sup>

准确称量 2 mg 的样品, 加入溴化钾至 200 mg, 用研钵研磨成均匀粉末, 压制成薄片, 经傅立叶红外光谱仪全波段扫描( $400^{-1}$ ), 扫描次数 128 次。选择图谱中酰胺 I 带区域即  $1600\sim 1700\text{ cm}^{-1}$  区间段的图谱, 利用 PeakFit v4.12 软件进行分析, 首先进行基线校正, 然后用 Gaussian 去卷积, 再由二阶倒数拟合, 同时根据各子峰面积计算各部分二级结构的比值。

### 1.3.5 差示扫描量热法分析<sup>[12]</sup>

称取 2 mg 样品放入铝盘中, 加入  $10\text{ }\mu\text{m/L}$  磷酸盐缓冲液 (pH 7.0) 使样品混和均匀, 参考盘为空铝盘, 扫描温度范围为  $20\sim 120\text{ }^{\circ}\text{C}$ , 升温速率为  $10\text{ }^{\circ}\text{C/min}$ 。

## 1.4 数据分析和统计分析

数据用 ( $\bar{x}\pm s$ ) 表示, 用 SPSS 13 的方差分析 (One-way ANOVA) 作总体差异显著性检验, 组间比较采用 LSD 法。显著性水平 (P) 设定为 0.05。

## 2 结果与讨论

### 2.1 脱酰胺程度、氮溶指数、水解度的变化

如图 1 所示, 未加琥珀酸的对照组样品, 湿热处理 18 min 后, 脱酰胺程度缓慢地从 0% 增加至 8.39%, 氮溶指数缓慢地仅从 2.13% (0 min) 上升到 4.25% (18 min), 但产生了 3%~8% 的游离氨基酸 (图 1)。添加琥珀酸进行脱酰胺处理的样品, 脱酰胺程度随着湿热处理的延长快速增大, 14 min 后增加到最大值 64.79%, 后随着反应地进行趋于平缓。氮溶指数在前 10 min 从 11.55% 显著增加到 91.31%, 然后随着反应进行降至 77.05% (14 min) 最后达到 59.88% (18 min)。同时, 实验发现在湿热处理前 10 分钟内, 脱酰胺程度较大幅度增加 (<20%) 导致了显著提高了改性蛋白氮溶指数, 例如, 当脱酰胺程度从 24.65% (0 min) 增加到 43.17% (6 min) 时, 氮溶指数由 11.55% 上升至 89.74%。值得注意的是, 在整个琥珀酸脱酰胺改性的过程中, 可溶性小麦面筋蛋白的水解度始终低于 1%, 该结果表明湿热条件下, 琥珀酸对催化小麦面筋蛋白的酰胺基团的脱除酰胺基团具有较高特异性和较好的专一性。

### 2.2 改性小麦面筋蛋白热特性的变化

图 2 表示有无添加琥珀酸对改性小麦面筋蛋白热特性影响的分析曲线。

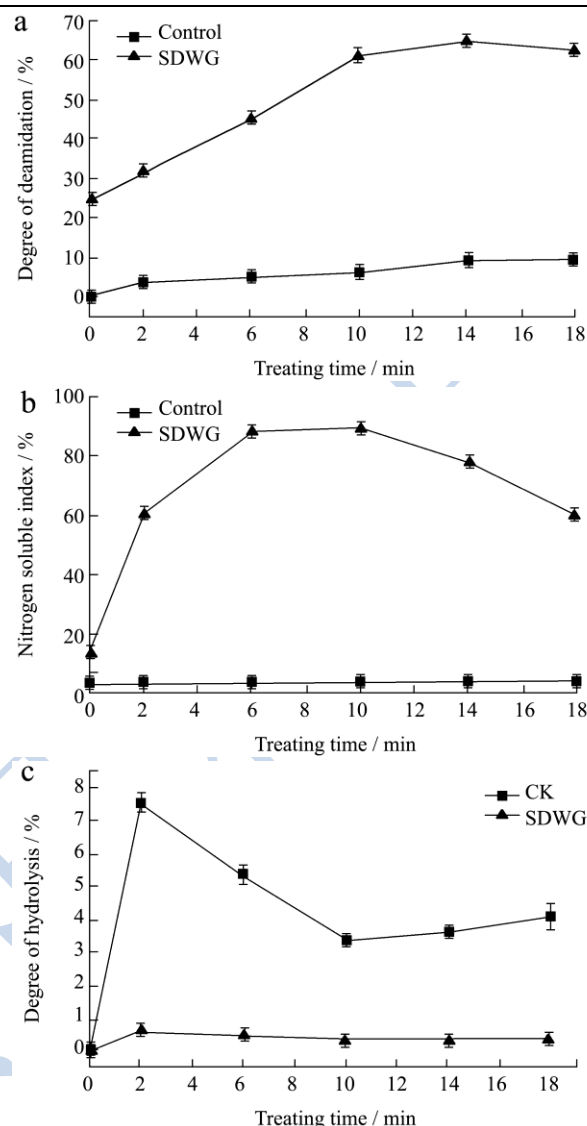


图1. 湿热琥珀酸脱酰胺改性时间对小麦面筋蛋白脱酰胺程度 (A)、氮溶指数 (B)、水解度 (C) 的影响 (添加琥珀酸 (●) 和未添加琥珀酸 (■))

Fig.1 Effects of modification time in the deamidation of wheat gluten using succinic acid, with hydrothermal treatment, on the deamidation degree (A), nitrogen soluble index (B), and degree of hydrolysis (C) of wheat gluten (with addition of succinic acid (●) or without addition of succinic acid (■))

表1显示, 经过脱酰胺处理后的小麦面筋蛋白的玻璃态转变温度显著低于原始小麦面筋蛋白 ( $81.2\text{ }^{\circ}\text{C}$ ), 说明琥珀酸脱酰胺改性后小麦面筋蛋白构象逐渐展开。但是值得注意的是, 在最初改性的 10 min 内, 随着加热地进行, 玻璃态转变温度由  $50.70\text{ }^{\circ}\text{C}$  逐渐升高到  $61.80\text{ }^{\circ}\text{C}$ , 说明脱酰胺作用后小麦面筋蛋白仍然出现了聚集。随着处理时间的不断延长, 玻璃态转变温度出现明显地降低, 表明其蛋白构象从聚集态在开始逐步展开伸展是在该湿热处理的最后阶段发生。根据 Micard 等研究<sup>[13]</sup>, 变性热焓值是蛋白结构展开伸展程度的重

要反应值,表1显示在改性最初10分钟内,逐渐的由1.73上升至2.35 J/(g K),但是随着处理时间的继续,14 min后出现了明显的下降,变性热焓值降到1.82 J/(g K)。因此,通过玻璃态转变温度和变性热焓值的变化趋势可知湿热处理对于维持小麦面筋蛋白分子的聚集结构至关重要,且改性过程中小麦面筋蛋白构象并不随脱酰胺程度的增大而伸展。

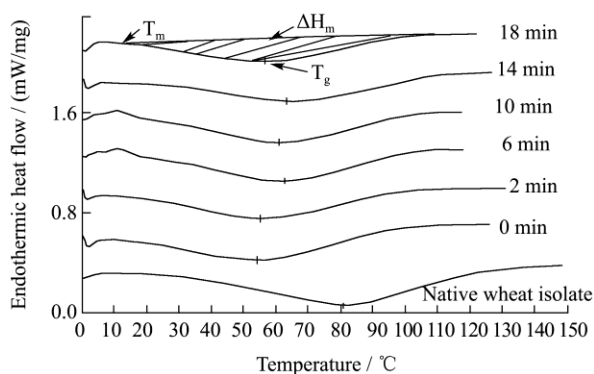


图2 改性时间对小麦面筋蛋白热特性的影响

Fig.2 DSC thermograms of SDWG as a function of heating time

表 1 湿热琥珀酸脱酰胺改性时间对小麦面筋蛋白变性温度、变性焓值及玻璃态温度的变化

Table 1 On-set temperature of denaturation ( $T_m$ ), enthalpy changes ( $\Delta H_m$ ), and glass transition temperature ( $T_g$ ) of SDWG as a function of modification time in the deamidation of wheat gluten using succinic acid, with hydrothermal treatment

湿热处理时间/min	起始变性温度/°C	变性热焓值/[J/(g K)]	玻璃态转变温度/°C
0	22.60±1.09 <sup>b</sup>	1.73±0.09 <sup>a</sup>	50.70±3.20 <sup>a</sup>
2	21.90±1.14 <sup>a</sup>	1.98±0.10 <sup>ab</sup>	53.90±2.90 <sup>b</sup>
6	24.40±1.28 <sup>c</sup>	2.22±0.20 <sup>d</sup>	56.10±2.78 <sup>b</sup>
10	24.80±1.25 <sup>cd</sup>	2.35±0.15 <sup>d</sup>	61.80±2.90 <sup>c</sup>
14	25.50±1.24 <sup>d</sup>	1.82±0.10 <sup>b</sup>	64.90±3.15 <sup>c</sup>
18	21.00±0.98 <sup>a</sup>	1.83±0.14 <sup>b</sup>	56.60±2.60 <sup>b</sup>
对照组	35.10±1.73 <sup>e</sup>	3.06±2.13 <sup>e</sup>	81.20±4.00 <sup>d</sup>

注:在一排不同上标小写字母的数据有显著差异(p<0.05)。

### 2.3 改性小麦面筋蛋白二级结构的变化

从表 2 可知,经过脱酰胺处理后的小麦面筋蛋白的二级结构主要以  $\beta$ -折叠为主(高达 50%),接着是  $\alpha$ -螺旋(31~33%)和  $\beta$ -转角(17~19%)。在  $\beta$ -折叠中,分子内  $\beta$ -折叠含量达到了 80%(31~33%),与  $\alpha$ -螺旋(31~33%)相近。加热 2 分钟后,蛋白质聚集分子间的  $\beta$ -折叠和反平行  $\beta$ -折叠分别从 0 分钟时的 1608.50  $\text{cm}^{-1}$  和 1695.30  $\text{cm}^{-1}$  变为 1606.60  $\text{cm}^{-1}$  和 1697.22  $\text{cm}^{-1}$ ,其他二级结构均没有改变。 $\beta$ -转角含量随湿热处理时

间的增加而增大,表明当小麦面筋蛋白被琥珀酸催化发生脱酰胺反应时,谷氨酰胺和天冬酰胺逐渐转变为谷氨酸和天冬氨酸并暴露于蛋白质表面,这是由于谷氨酸和天冬氨酸是  $\beta$ -转角的主要成分,其位于蛋白质的表面<sup>[14]</sup>。另外,湿热处理也导致了  $\beta$ -折叠含量逐渐减少,特别是在加热第 6 min 时出现了明显的减少。因此,脱酰胺作用后蛋白质分子柔性, ( $\alpha$ -螺旋与  $\beta$ -折叠的比)逐渐从 0.625 (0 min) 上升至 6 min 最大再逐渐减小 0.654 (18 min)。可见,脱酰胺改性过程中蛋白质分子柔性在改性至第 6 min 时最低。

### 2.4 改性小麦面筋蛋白亚基条带的变化

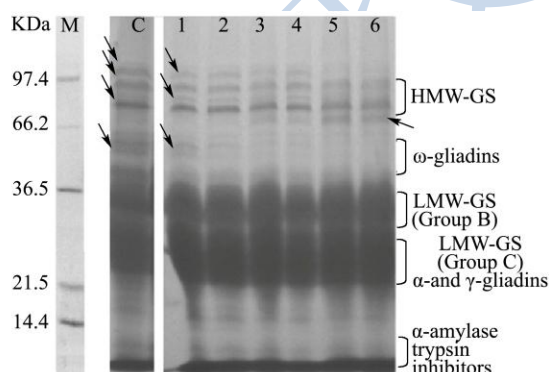


图3 改性时间对小麦面筋蛋白亚基条带的影响

Fig.3 SDS-PAGE of SDWG as a function of heating time

注:泳道M和C分别表示标准分子蛋白和未经过脱酰胺处理的蛋白;泳道1-6分别表示经过0,2,6,10,14和18分钟加热处理后得到的改性蛋白。

图 3 表示改性小麦面筋蛋白的亚基谱带分布随改性时间变化的改变图。与对照组亚基条幅带(泳道 C)相比, HMW-GS 中两个亚基条带的(超过 97.4 kDa, 泳道 C)随着处理时间的推移而逐渐减弱,同时, HMW-GS 的另一稍低分子质量条带(泳道 1, 第二箭头所示; 泳道 C, 第三箭头所指位置)明显加强,该结果表明在加入琥珀酸在常温下水化 8 h 之后小麦面筋蛋白结构已经开始解离伸展(此时, SDWG 的脱酰胺程度为 24.65%, 图 1)。在湿热处理下(泳道 2~6; 2~18 min 加热), 泳道 1 旁箭头所指的 3 条亚基带对湿热脱酰胺处理反应敏感。同时, 随着时间的延长, 一个新的形成带(泳道 6 旁边箭头所示), 明显的出现在 HMW-GS 和  $\omega$ -醇溶蛋白之间, 并随加热时间的延长颜色逐渐增加。该结果与表 1 玻璃态温度基本一致, 说明湿热脱酰胺处理, 使改性小麦面筋蛋白分子发生了明显地降解, 特别是 6 min 该裂解具有积极地影响。

### 2.5 改性小麦面筋蛋白分子质量分布的变化

表 2 二级结构含量随着加热时间的变化

Table 2 Secondary structure distribution of SDWG as a function of heating time

加热时间/min	分子间 $\beta$ -折叠 蛋白聚集		分子内 $\beta$ -折叠 蛋白(水合)		$\alpha$ -螺旋		$\beta$ -转角		反平行 $\beta$ 平折叠		$\beta$ -折叠 总量/%	$\alpha/\beta$ -折 叠
	%*	峰值位置 /cm <sup>-1</sup>	%*	峰值位置 /cm <sup>-1</sup>	%*	峰值位置 /cm <sup>-1</sup>	%*	峰值位置 /cm <sup>-1</sup>	%*	峰值位置 /cm <sup>-1</sup>		
0	18.02 <sup>c</sup>	1608.50	31.54 <sup>b</sup>	1635.51	31.68 <sup>a</sup>	1652.90	17.66 <sup>a</sup>	1679.87	1.10 <sup>a</sup>	1695.30	50.66 <sup>b</sup>	0.625 <sup>a</sup>
2	19.87 <sup>d</sup>	1606.60	31.87 <sup>c</sup>	1635.51	32.90 <sup>c</sup>	1652.90	17.95 <sup>b</sup>	1679.87	1.05 <sup>a</sup>	1697.22	52.79 <sup>c</sup>	0.623 <sup>a</sup>
6	15.93 <sup>a</sup>	1606.60	31.19 <sup>a</sup>	1635.51	32.25 <sup>b</sup>	1652.90	18.38 <sup>c</sup>	1679.87	1.38 <sup>b</sup>	1697.22	48.50 <sup>a</sup>	0.665 <sup>c</sup>
10	17.32 <sup>c</sup>	1606.60	31.29 <sup>a</sup>	1635.51	31.48 <sup>a</sup>	1652.90	18.55 <sup>c</sup>	1679.87	1.36 <sup>b</sup>	1697.22	49.97 <sup>b</sup>	0.630 <sup>a</sup>
14	16.50 <sup>b</sup>	1606.60	31.43 <sup>b</sup>	1635.51	31.93 <sup>b</sup>	1652.90	18.78 <sup>c</sup>	1679.87	1.35 <sup>b</sup>	1697.22	49.29 <sup>a</sup>	0.648 <sup>b</sup>
18	16.18 <sup>b</sup>	1606.60	31.36 <sup>b</sup>	1635.51	32.00 <sup>b</sup>	1652.90	19.08 <sup>c</sup>	1679.87	1.38 <sup>b</sup>	1697.22	48.91 <sup>b</sup>	0.654 <sup>b</sup>

注: 在同一列不同上标小写字母的数据有显著差异 (p<0.05)。

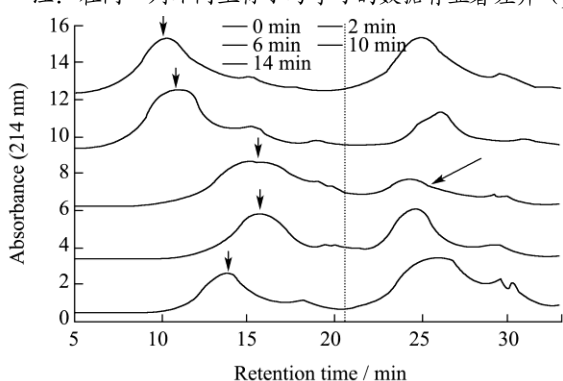


图4 改性时间对小麦面筋蛋白分子质量分布的影响

Fig4 Effect of modification time on the MWD of SDWG

### 3 结论

湿热琥珀酸脱酰胺作用使小麦面筋蛋白聚集态发生显著的改变, 形成了较松散的的结构增加了酰胺基团与氢离子接触程度。研究表明在湿热条件下琥珀酸对小麦面筋蛋白的脱酰胺作用具有较高特异性, 且改性过程中, 小麦面筋蛋白的构像并不如之前假设的那样随着脱酰胺程度的增加而持续伸展, 因为更多的酰胺基团转变成羧基基团将增加蛋白的静电斥力, 而其构象解离特征呈现逐步降解和分阶段性。改性6~10 min 是小麦面筋蛋白三维网络结构发生显著变化的重要阶段。在前6 min, 湿热处理导致蛋白质聚集, 延展性和分子柔性降低, 玻璃态转变温度和变性热函数增加。6~10 min 后, 随着分子内部静电斥力地累积增大, 并高于湿热对小麦面筋蛋白聚集交联作用, 分子三维结构才较低裂解而快速伸展, 玻璃态转变温度和变性热函数显著降低。可见湿热琥珀酸脱酰胺是一种专一脱酰胺改性小麦面筋蛋白并且能较好保持小麦面筋蛋白构象特征的途径, 该研究可为脱酰胺技术改性其他致敏谷物蛋白提供参考。

### 参考文献

- [1] Shih F F. Deamidation studies on selected food proteins [J]. Journal of the American Oil Chemists Society, 1990, 67(10): 675-677
- [2] Foegeding E A, Davis J P. Food protein functionality: A comprehensive approach [J]. Food Hydrocolloids, 2011, 25(8): 1853-1864
- [3] Riha W E, Izzo H V, Zhang J, et al. Nonenzymatic deamidation of food proteins [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 1996, 36(3): 225-255
- [4] Chan W M, Ma C Y. Acid modification of proteins from soy milk residue (okara) [J]. Food Research International, 1999, 32(2): 119-127
- [5] Schlichtherle-Cerny H, Amadò R. Analysis of taste-Active compounds in an enzymatic hydrolysate of deamidated wheat gluten [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2002, 50(6): 1515-1522
- [6] Day L, Augustin M A, Batey I L, et al. Wheat-gluten uses and industry needs [J]. Trends in Food Science and Technology, 2006, 17(2): 82-90
- [7] Shewry P R, Tatham A S, Halford NG, et al. Nutritional control of storage protein synthesis in developing grain of wheat and barley [J]. Plant Growth Regulation, 2001, 34(1): 105-111
- [8] GB 8607-88, 高筋小麦粉[S]. 中华人民共和国国家标准, 国家标准出版社, 2013  
GB 8607-88, High gluten wheat flour testing standards [S]. National standards of the People's Republic of China, China national standards press, 2013
- [9] Liao L, Liu T X, Zhao M M, et al. Functional, nutritional and conformational changes from deamidation of wheat gluten with succinic acid and citric acid [J]. Food Chemistry, 2010, 123(1): 123-130

- [10] Liao L, Zhao M M, Ren J, et al. Effect of acetic acid deamidation-induced modification on functional and nutritional properties and conformation of wheat gluten [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2010, 90(3): 409-417
- [11] Liao L, Luo Y, Zhao M M, et al. Preparation and characterization of succinic acid deamidated wheat gluten microspheres for encapsulation of fish oil [J]. Colloids and Surfaces B: Biointerfaces, 2012, 92(0): 305-314
- [12] Tang C H, Chen Z, Li L, et al. Effects of transglutaminase treatment on the thermal properties of soy protein isolates [J]. Food Research International, 2006, 39: 704-711
- [13] Micard V, Morel M H, Bonicel J, et al. Thermal properties of raw and processed wheat gluten in relation with protein aggregation [J]. Polymer, 2001, 42(2): 477-485
- [14] Shepherd A J, Gorse D, Thornton J M, et al. Prediction of the location and type of  $\beta$ -turns in proteins using neural networks [J]. Protein Science, 1999, 8(5): 1045-1055