

# 基于 LF-NMR 方法分析电子束辐照技术影响大豆浓缩蛋白粉水分的变化

林松毅, 李幸芳, 邢杰, 梁荣, 张鸣镝

(吉林大学食品科学与工程学院, 吉林长春 130062)

**摘要:** 本研究借助低场核磁共振技术 (low field nuclear magnetic resonance, LF-NMR) 测定经不同电子束辐照 (electron beam irradiation, EBI) 剂量处理后的大豆浓缩蛋白粉的水分分布信息, 并通过热变性实验和傅里叶变换红外光谱 (Fourier transform infrared, FTIR) 初步探究了 EBI 对大豆浓缩蛋白粉水分变化的影响及其变化机制。结果表明, 大豆浓缩蛋白粉中的主要水组分为与大豆蛋白分子紧密结合的结合水 ( $T_{21}$ , 占 97.0%±0.7%)。随着 EBI 剂量的增加, 结合水和总水分含量均先增大后减小, 在 5.40 kGy 时达到最大值。经热变性实验和 FTIR 光谱图分析得知 EBI 处理不会改变大豆浓缩蛋白粉的变性温度, 但是能引起结合水中的 O-H 基团与氨基酸中的 C=O 所形成的分子内 H 键以及分子间 H 键振动增强。这些结果不仅表明 EBI 可通过改变大豆蛋白分子内和分子间的 H 键作用来影响其水分分布及含量, 还为进一步探究经 EBI 处理的蛋白类食品中的水分迁移机制奠定了基础。

**关键词:** 电子束辐照 (EBI); 低场核磁共振技术 (LF-NMR); 大豆浓缩蛋白粉; 水分变化

文章编号: 1673-9078(2017)2-148-152

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2017.2.023

## Effect of Electron Beam Irradiation on Water in Soybean Protein Concentrate Powder as Evaluated by LF-NMR

LIN Song-yi, LI Xing-fang, XING Jie, LIANG Rong, ZHANG Ming-di

(College of Food Science and Engineering, Jilin University, Changchun 130062, China)

**Abstract:** Low-field nuclear magnetic resonance (LF-NMR) was used to determine water distribution in soybean protein concentrate powder treated by different doses of electron beam irradiation (EBI). Additionally, a thermal denaturation experiment and Fourier transform infrared (FT-IR) spectroscopy were used to explore the effect of EBI on changes in water components of soybean protein concentrate powder and to determine its mechanism. The results showed that bound water ( $T_{21}$ , 97.0%±0.7%) was the main water component of soybean protein concentrate powder. Both bound and total water contents initially increased and then decreased with increasing dose of EBI, with the maximum content reached at 5.40 kGy. The thermal denaturation experiment and FTIR spectra showed that the EBI treatment did not alter the denaturation temperature of soybean protein concentrate powder; however, it enhanced the vibration of intramolecular and intermolecular hydrogen bonds, which were formed by O-H and C=O groups in bound water and amino acids, respectively. These results suggested that the EBI treatment affected the water distribution and content of soy protein by altering the intramolecular and intermolecular hydrogen bond interactions in soybean protein molecules. The study provides a theoretical basis for further studies on the mechanism of moisture transfer in protein foods treated by EBI.

**Key words:** low field nuclear magnetic resonance; electron beam irradiation; soybean protein concentrate powder; changes in water

大豆蛋白作为我国分布最广、利用程度也最高的优质植物蛋白资源, 其具有良好的功能特性, 可改善食品的风味口感、营养品质, 被广泛应用于肉制品、

收稿日期: 2016-01-24

基金项目: “十二五” 国家科技支撑计划项目 (2012BAD33B03)

作者简介: 林松毅 (1970-), 女, 博士, 教授, 博士生导师, 研究方向: 食品加工质量控制技术与原理

通讯作者: 张鸣镝 (1971-), 男, 博士, 副教授, 硕士生导师, 研究方向: 营养与功能食品

面制品、乳制品和动物饲料的生产加工中<sup>[1]</sup>。然而, 在大豆蛋白的加工过程中, 微生物的污染问题很难控制, 因此杀菌方式的选择对其优良品质特性的保持有着重要的影响。电子束辐照技术 (electron beam irradiation, EBI) 是一种冷杀菌处理技术, 在彻底杀灭微生物的同时, 还能最大程度的保持食品的品质特性, 安全无危害<sup>[2]</sup>, 这些技术优势引起了国内外学者的广泛关注。目前, EBI 加工技术对各种蛋白质品质影响的相关研究也逐渐增多。朱军等<sup>[3]</sup>采用堆码方式

和双源位辐射对大豆蛋白进行处理,发现经辐照处理后的大豆蛋白的持水性相比于未经辐照的样品略有增大,在辐照剂量为 3 kGy 时持水性最强。莫耿等<sup>[4]</sup>的研究也表明辐照处理可能使蛋白质变为不规则的松散排列方式,提高与水分子结合的机率,从而增大了大豆分离蛋白的吸水性。然而,这些研究仅初步揭示了 EBI 处理前后大豆蛋白与水分的结合规律,并未对其所含的各组分的分布情况及含量变化做进一步探究。因此,本研究借助一种新型的检测技术-低场核磁共振技术(low field nuclear magnetic resonance, LF-NMR),通过检测经 EBI 处理后的大豆浓缩蛋白粉的内部氢质子在磁场中的弛豫特性,从而判别其水分分布的信息,以此来探究不同 EBI 剂量处理下的大豆浓缩蛋白粉的水分分布情况及其变化规律,并通过热变性实验和傅里叶变换红外光谱技术(Fourier transform infrared, FTIR)对其水分变化的机制做了初步的探究。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材料与试剂

大豆浓缩蛋白粉:购于郑州同创益生食品有限公司;乙醇(分析纯)、溴化钾(potassium bromide, KBr)(光谱纯):购于北京化工厂。

### 1.2 主要仪器设备

10 MeV/15 kW 辐照电子直线加速器:长春易孚辐照加速器有限公司;AG204 电子分析天平:瑞士 METTLER TOLEDO 国际贸易有限公司;CS-501 超级恒温水浴:上海博迅实业有限公司;PH-070A 干燥箱:上海一恒科学仪器有限公司;IR Prestige-21 傅里叶变换红外光谱仪:日本岛津公司;NMR20 低场核磁共振仪:上海纽迈电子科技有限公司。

### 1.3 实验方法

#### 1.3.1 不同 EBI 剂量样品的制备

将过筛后的大豆浓缩蛋白粉分装于每袋 200 g,放在传送带上输送到电子束辐照室,将 EBI 剂量分别设置为 0 kGy、1.08 kGy、2.16 kGy、3.24 kGy、4.32 kGy、5.40 kGy 和 6.48 kGy,传送带速度设定为 10 m/h,制得大豆浓缩蛋白辐照干粉。

#### 1.3.2 LF-NMR 横向弛豫时间( $T_2$ )的测定及弛豫数据反演

参照 Shao<sup>[5]</sup>等人的描述的实验方法,稍加改进:分别称取 2 g 样品置于直径为 15 mm 的核磁管中,放入探头线圈内进行检测。弛豫时间  $T_2$  用 CPMG 序列

(Carr-Purcell-Meiboom-Gill sequence) 测量,测定条件为:质子共振频率 23.2 Hz,半回波时间  $\tau$ -值( $90^\circ$  脉冲和  $180^\circ$  脉冲之间的时间)为 200  $\mu$ s,采样点数(TD)为 60298,谱宽(SW)为 100 kHz,重复采样等待时间(TR)为 2000 ms,重复扫描次数(NS)16 次,回波个数(Echo Count)3000 个。每个样品均进行 3 次重复试验,定量计算时取平均值。

利用 MultiExp Inv Analysis 软件对弛豫数据进行处理,使用迭代寻优的方法将采集到的  $T_2$  衰减曲线代入弛豫模型中(式 1)拟合并反演,可得到样品的  $T_2$  多组分弛豫时间图谱。

$$M(t) = \sum_{i=1}^n A_i e^{-t/T_{2i}} \quad (1)$$

其中, $M(t)$ 为横向磁化矢量衰减到  $t$  时间后的信号量; $A_i$ 为第  $i$  种成分的信号强度; $T_{2i}$ 为第  $i$  种成分的横向弛豫时间。

### 1.3.3 热变性分析

#### 1.3.3.1 重水实验

重水实验主要用于区分  $T_2$  弛豫时间图谱中各个峰的归属。依据 Teng<sup>[6]</sup>等人的方案设计如下:称取两份 0.9 g 未经 EBI 处理的大豆浓缩蛋白粉(0 kGy),一份加入 10 mL 蒸馏水,一份加入 10 mL 重水,充分混匀,配成 0.9 mg/mL 的溶液,均放入 25  $^\circ$ C 水浴 10 min。分别量取 2.5 mL 至于核磁试管中,用 CPMG 序列进行  $T_2$  值的测定。设定参数为:半回波时间  $\tau$ -值( $90^\circ$  脉冲和  $180^\circ$  脉冲之间的时间)为 200  $\mu$ s,采样点数(TD)为 1201234,谱宽(SW)为 100 kHz,重复采样等待时间(TR)为 8000 ms,重复扫描次数(NS)4 次,回波个数(Echo Count)15000 个。每个样品均进行 3 次重复试验,定量计算时取平均值,对所得弛豫数据进行反演拟合。

#### 1.3.3.2 热变性实验

各称取 5 份 0.9 g EBI 剂量 0 kGy 和 5.40 kGy 的大豆浓缩蛋白辐照干粉,分别加入 10 mL 蒸馏水,充分振荡混匀,配制溶液浓度为 0.09 g/mL 的样品溶液,分别水浴至温度为 0  $^\circ$ C、25  $^\circ$ C、50  $^\circ$ C、75  $^\circ$ C 和 90  $^\circ$ C 保持 10 min。量取 2.5 mL 样品溶液置于核磁试管中,对  $T_2$  值进行测定。

#### 1.3.4 FT-IR 的测定

傅里叶变换红外光谱仪主要用于测定蛋白质的化学基团。按照 Jia 等<sup>[7]</sup>描述的方案进行 FTIR 的测定:将光谱纯 KBr 放在干燥箱中于 130  $^\circ$ C 下干燥 5~8 h,冷却后,称取 200 mg KBr 与 1 mg 样品置于玛瑙研钵中混合研磨后压片。设定分辨率为 4  $\text{cm}^{-1}$ ,扫描速度为 2.8 mm/s,测试范围为 400~4000  $\text{cm}^{-1}$ ,利用 IR Prestige-21 傅里叶变换红外光谱仪进行测定,得到各个样品的 FT-IR 光谱图。

### 1.3.5 数据分析

为减小实验误差, 每组均进行 3 次重复实验, 采用 SPSS 13.0 软件对所得的实验数据进行 ANOVA 单因素方差分析和 Duncan 检验, 以  $p < 0.05$  (差异显著) 作为差异显著性判断标准, 最终的实验结果以平均值  $\pm$  标准差的形式表示。

## 2 结果与讨论

### 2.1 $T_2$ 弛豫时间图谱分析

#### 2.1.1 EBI 处理对大豆浓缩蛋白粉各组分水的

表 1 不同 EBI 剂量处理后的大豆浓缩蛋白粉的 3 种水组分的峰顶点时间及峰面积

Table 1 Peak time and area of three water component types in soybean protein concentrate powder treated by different doses of EBI

	$T_{21}/ms$	$A_{21}$	$T_{22}/ms$	$A_{22}$	$T_{23}/ms$	$A_{23}$
0 kGy	0.22 $\pm$ 0.00	4504.7 $\pm$ 145.96	8.72 $\pm$ 0.61	30.67 $\pm$ 0.22	25.01 $\pm$ 3.47	66.89 $\pm$ 10.29
1.08 kGy	0.21 $\pm$ 0.02	4984.64 $\pm$ 106.71	8.19 $\pm$ 1.14	80.32 $\pm$ 4.25	57.22 $\pm$ 0.00	52.59 $\pm$ 4.63
2.16 kGy	0.19 $\pm$ 0.00	5349.90 $\pm$ 187.87	9.42 $\pm$ 1.31	42.22 $\pm$ 4.34	32.75 $\pm$ 0.00	66.43 $\pm$ 11.09
3.24 kGy	0.22 $\pm$ 0.00	5598.92 $\pm$ 191.41	4.69 $\pm$ 0.65	74.90 $\pm$ 1.38	34.38 $\pm$ 2.83	72.32 $\pm$ 4.59
4.32 kGy	0.20 $\pm$ 0.02	5425.10 $\pm$ 230.51	4.08 $\pm$ 0.57	76.15 $\pm$ 3.14	16.46 $\pm$ 2.29	48.03 $\pm$ 10.48
5.40 kGy	0.22 $\pm$ 0.00	6297.63 $\pm$ 185.54	2.85 $\pm$ 0.20	32.19 $\pm$ 0.41	28.76 $\pm$ 3.99	106.74 $\pm$ 5.97
6.48 kGy	0.22 $\pm$ 0.00	5780.43 $\pm$ 113.66	9.46 $\pm$ 0.72	78.69 $\pm$ 0.36	61.51 $\pm$ 4.29	31.69 $\pm$ 1.15

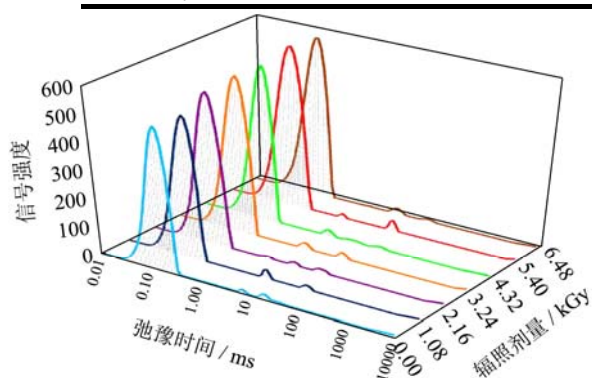


图 1 不同 EBI 剂量处理的大豆浓缩蛋白粉的  $T_2$  弛豫时间图

Fig.1  $T_2$  relaxation curves of soybean protein concentrate powder treated by different doses of EBI

由表 1 和图 1 分析可知, 随着 EBI 剂量的增大, 峰  $T_{21}$  的位置基本不变,  $T_{21}$  代表与大豆蛋白分子紧密结合的结合水层<sup>[10]</sup>, 由于结合水已经很紧密, 所以出峰位置基本无变化。峰面积  $A_{21}$  随着 EBI 剂量的增大而增大, 即结合水的含量随着 EBI 剂量的增大而增大。当 EBI 剂量由 0 kGy 增大到 5.40 kGy 时,  $A_{21}$  由 4504.77 $\pm$ 145.96 显著增加到 6297.63 $\pm$ 185.54 ( $p < 0.05$ ), 并在 5.40 kGy 时取得最大值。当 EBI 剂量继续增大到 6.48 kGy 时,  $A_{21}$  小幅下降。这可能是由于 EBI 破坏了大豆蛋白分子内部的 H 键等次级键<sup>[11]</sup>, 与水分子的结合位点增多, 增强了大豆蛋白分子内极性基团与水分子的结合<sup>[12]</sup>, 从而使得结合水含量增加, 在 5.40 kGy

#### 弛豫时间及其含量的影响

$T_2$  弛豫时间主要反映了样品内部氢质子所处的化学环境, 与氢质子所受的束缚力及其自由度有关<sup>[8]</sup>。不同的样品, 其  $T_2$  弛豫时间的分布图也不相同<sup>[8,9]</sup>。经 EBI 处理的大豆浓缩蛋白粉的  $T_2$  弛豫图谱如图 1 所示, 按照出峰的顺序, 将三个峰分别命名为  $T_{21}$ 、 $T_{22}$  和  $T_{23}$ , 对应的峰面积分别命名为  $A_{21}$ 、 $A_{22}$  和  $A_{23}$ 。各组分的弛豫时间不同, 可反映大豆浓缩蛋白粉中不同存在形态的水, 峰面积可反映水组分的含量<sup>[9]</sup>。经不同剂量的 EBI 处理后的样品的 3 种水组分的峰顶点时间和峰面积如表 1 所示。

的 EBI 剂量下, H 键的破坏程度达到最大, 结合水的能力最强, 结合程度基本达到饱和, 超过该 EBI 剂量后, 与水分子的结合效果下降, 结合水含量降低。

由图 1 可以看到, 随着 EBI 剂量的增大, 峰  $T_{22}$  在  $T_2$  弛豫时间图谱上的峰位置明显前移, 说明未经 EBI 处理时, 此部分水自由度较大, 结合不紧密, 可能为大豆蛋白分子之间的弱结合水<sup>[10]</sup>。经过 EBI 处理后的蛋白质, 其微观表面结构可能会发生变化<sup>[13]</sup>, 大豆蛋白分子间的 H 键作用增强, 水分子受到的束缚力增大, 水分自由度降低, 从而导致弛豫时间变短, 使结合较弱的水有向自由度更低的结合水组分迁移的趋势。 $T_{23}$  峰顶点时间出现在 10~100 ms 范围内(见表 1), 其弛豫时间最长, 代表存在于大豆浓缩蛋白粉中相对自由度较大的自由水。由于这部分水分状态不稳定, 容易受到外界条件变化、粉体结构变化、水含量变化等不定因素的影响, 导致  $T_{23}$  和  $A_{23}$  无规律变化。

#### 2.1.2 EBI 对大豆浓缩蛋白粉的总水分含量的影响

经 EBI 处理后的大豆浓缩蛋白粉的总水分含量变化规律如图 2 所示。由图 2 可以看出, 经过不同剂量的 EBI 处理后, 大豆浓缩蛋白粉中的总水分含量显著升高( $p < 0.05$ )。EBI 引起的大豆蛋白内部 H 键的变化, 主要导致了大豆浓缩蛋白粉中结合水面积  $A_{21}$  的增大, 而结合水在总水分含量中占比达到了 97.0% $\pm$ 0.7%,

因此,总水分含量的变化趋势与结合水的面积变化趋势一致,均是先增大后减小,在EBI剂量为5.40 kGy时,大豆浓缩蛋白粉中的总水分含量最高,信号量达到 $5292 \pm 229.11$ 。冯敏等<sup>[14]</sup>研究发现,经3.0~7.0 kGy辐照处理的大豆蛋白粉,卫生质量可达到食品卫生国家标准,并且经6.0 kGy以下的辐照处理后,大豆蛋白粉的色泽、气味和口感不会发生明显的变化。因此,经过5.40 kGy的EBI处理后,大豆浓缩蛋白粉的亲水性会有所提高,但仍会保持其良好的功能性和外观色泽,不会影响其营养品质和食用价值,此外,还能延长保质期和提高耐贮性。

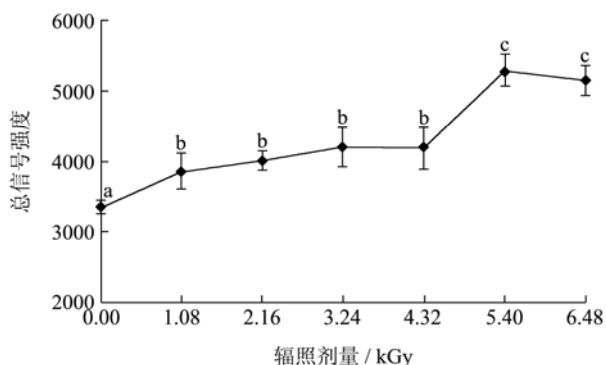


图2 不同EBI剂量对大豆浓缩蛋白粉中总水分含量的影响

Fig.2 Effect of EBI at different doses on the total water content of soybean protein concentrate powder

注:不同小写字母代表差异性显著( $p < 0.05$ )。

## 2.2 EBI对大豆浓缩蛋白粉热变性的影响

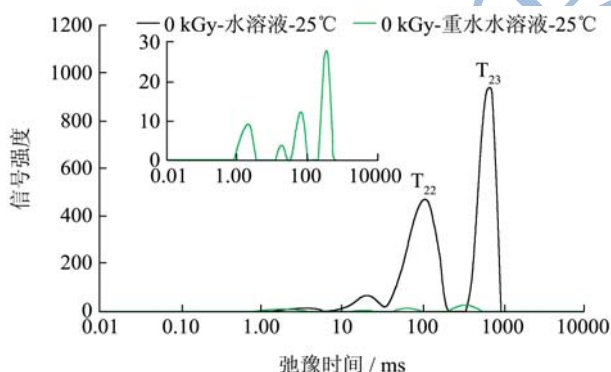


图3 0 kGy的大豆浓缩蛋白粉分别溶于水和重水后的 $T_2$ 弛豫图谱

Fig.3  $T_2$  relaxation curves of 0 kGy soybean protein concentrate powder dissolved in  $H_2O$  and  $D_2O$

大豆浓缩蛋白溶于水时会出现分层现象,上层是溶解了少部分蛋白质的水溶液,下层是蛋白质。利用重水在核磁共振中不产生信号的原理,通过重水实验,可以判别出各个峰的归属<sup>[6]</sup>,如图3所示, $T_{23}$ 代表溶于水的蛋白质体系, $T_{22}$ 代表不溶于水的蛋白质体系。

从不同的EBI剂量处理对大豆浓缩蛋白粉各组

分水的含量和总水分含量的影响中可知,当EBI剂量为5.40 kGy时,大豆蛋白结合水的能力最强,因此,我们选择了经该EBI剂量处理的样品和未经EBI处理的样品进行了热变性分析,两个样品的峰顶点时间 $T_{22}$ 随温度的变化情况如图4所示。由图4可以看到,随着温度的增加, $T_{22}$ 均呈先降低后升高的趋势。当温度由0℃增加到50℃时,0 kGy和5.40 kGy的样品的 $T_{22}$ 峰顶点值都显著降低( $p < 0.05$ ),在50℃达到最低值,分别是 $(79.42 \pm 3.78)$  ms和 $(75.65 \pm 0.00)$  ms。这主要是由于随着温度的升高,不溶于水的蛋白质变性,束缚力增强,弛豫时间缩短。当温度从50℃升高到90℃时,两个样品的 $T_{22}$ 又随温度呈逐渐增大的趋势,这可能是由于加热温度超过了变性温度时,蛋白质的溶解度降低,蛋白质分子之间相互作用产生凝聚沉淀<sup>[15]</sup>而引起的。因此,EBI剂量为0 kGy和5.40 kGy的大豆浓缩蛋白辐照干粉的变性温度均为50℃,但在相同的温度下,经5.40 kGy EBI剂量处理的大豆浓缩蛋白粉的 $T_{22}$ 峰顶点时间都要小于未经EBI处理的样品,这是由于EBI处理破坏了大豆蛋白内部的H键使得弛豫时间变短。热变性实验结果表明,EBI处理并不会改变大豆浓缩蛋白粉的变性温度,只是改变了大豆蛋白分子内部的一些极性疏水基团以及H键所处的化学环境,并没有从根本上影响大豆蛋白的空间构象,再一次验证EBI技术在对食品进行杀菌处理时,食品内部温度变化极小,食品原有的结构不会被破坏<sup>[2]</sup>。

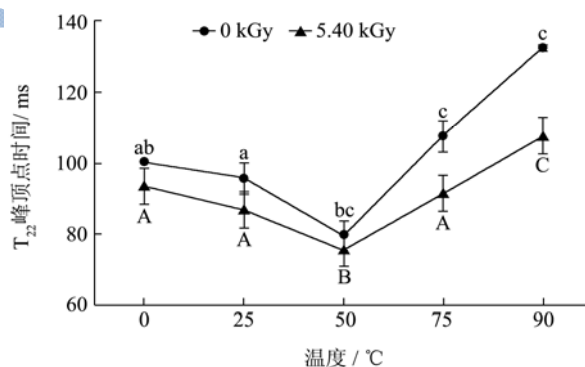


图4 0 kGy和5.40 kGy的大豆浓缩蛋白粉在不同温度下峰顶点时间 $T_{22}$ 的变化

Fig.4 Changes in  $T_{22}$  of soybean protein concentrate powder treated with 0 kGy or 5.40 kGy EBI at different temperatures

注:不同小写字母代表EBI剂量为0 kGy的样品间的差异性显著( $p < 0.05$ );不同大写字母代表EBI剂量为5.40 kGy的样品间的差异性显著( $p < 0.05$ )。

## 2.3 FT-IR光谱图分析

未经EBI处理和经5.40 kGy EBI处理的大豆浓缩蛋白粉的FT-IR光谱图如图5所示。由图5可以发现,

两个样品的红外吸收峰在化学位移上基本相同,但在相同的振动频率处经EBI处理后的样品的吸收峰强度显著增强。经过5.40 kGy的EBI处理后,样品在3600~3300  $\text{cm}^{-1}$ 波段的宽吸收峰强度增强,说明EBI处理能引起大豆蛋白分子内的O-H键(3600~3300  $\text{cm}^{-1}$ )以及N-H键(3300  $\text{cm}^{-1}$ )伸缩振动增强,结合水中的O-H基团与氨基酸中的C=O所形成的分子内H键以及分子间H键振动增强<sup>[6]</sup>,大豆浓缩蛋白粉结合水的能力变强,这与LR-NMR分析所得的其所含的结合水含量增加的原因相一致。

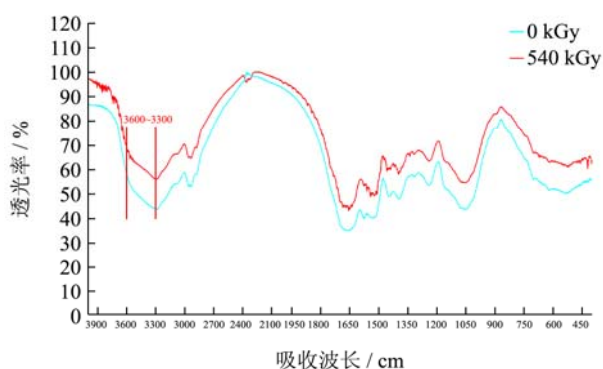


图5 FT-IR 光谱图

Fig.5 The FT-IR spectra

### 3 结论

本文借助LF-NMR技术,以不同剂量的EBI处理后的大豆浓缩蛋白粉为原料,探究了不同剂量的EBI处理对大豆浓缩蛋白粉中水分分布及各组分水含量的影响,并通过热变性分析和FT-IR测定,进一步探究了其水分变化的机制。LF-NMR实验结果表明,大豆浓缩蛋白粉中的主要水组分为与大豆蛋白分子紧密结合的结合水( $T_{21}$ ,占97.0%±0.7%)。当EBI剂量由0 kGy增大到5.40 kGy时,结合水含量取得最大值,此时大豆蛋白粉结合水的能力最强,而大豆蛋白分子之间的弱结合水 $T_{22}$ 弛豫时间变短。热变性和FT-IR结果表明EBI引起了结合水中的O-H基团与氨基酸中的C=O所形成的分子内H键以及分子间H键振动增强,而大豆蛋白的空间构象并没有受到影响。因此,我们推断EBI是通过改变大豆蛋白分子内和分子间的H键作用来影响大豆浓缩蛋白粉的水分分布及含量。大豆蛋白分子内H键的破坏导致与水的结合能力的增强,从而使得结合水 $T_{21}$ 含量增多;而分子间H键作用的增强,使水分子受到的束缚力增大,自由度降低,从而导致 $T_{22}$ 弛豫时间变短。

### 参考文献

[1] José María S, María Luisa M. High performance liquid

chromatography and capillary electrophoresis in the analysis of soybean proteins and peptides in foodstuffs [J]. Journal of Separation Science, 2007, 30(4): 431-51

- [2] Arvanitoyannis I S, Alexandros Ch S, Panagiotis T. Irradiation applications in vegetables and fruits: a review [J]. Critical Reviews in Food Science & Nutrition, 2009, 49(5): 427-462
- [3] 朱军,杨明成,陈海军,等.大豆蛋白辐射杀菌工艺研究[J].辐射研究与辐射工艺学报,2006,24(3):155-158  
ZHU Jun, YANG Ming-cheng, CHEN Hai-jun, et al. A study on  $\gamma$ -ray radiation decontamination of soybean protein product [J]. Journal of Radiation Research and Radiation Technology, 2006, 24(3): 155-158
- [4] 莫耽,黄行健,段雅庆,等.辐照对大豆分离蛋白功能特性影响[J].食品科学,2011,32(1):52-55  
MO Dan, HUANG Xing-jian, DUAN Ya-qing, et al. Effect of irradiation on functional properties of soybean protein isolate [J]. Food Science, 2011, 32(1): 52-55
- [5] Shao J, Deng Y, Song L, et al. Investigation the effects of protein hydration states on the mobility water and fat in meat batters by LF-NMR technique [J]. LWT-Food Science and Technology, 2016, 66: 1-6
- [6] Teng L, Chuan-hai T, Xin R, et al. Study of water dynamics in the soaking, steaming and solid-state fermentation of glutinous rice by LF-NMR: a novel monitoring approach [J]. J. Agric. Food Chem., 2015, 63(12): 3261-3270
- [7] Jia W, Ke W, Ying W, et al. A novel application of pulsed electric field (PEF) processing for improving glutathione (GSH) antioxidant activity [J]. Food Chemistry, 2014, 161(11): 361-366
- [8] Hills B P. Applications of low-field nmr to food science [J]. Annual Reports on Nmr Spectroscopy, 2006, 58(5): 177-230
- [9] Bertram H C, Karlsson A H, Andersen H J. The significance of cooling rate on water dynamics in porcine muscle from heterozygote carriers and non-carriers of the halothane gene: a low-field NMR relaxation study [J]. Meat Science, 2003, 65(4): 1281-1291
- [10] Lin S, Yang S, Li X, et al. Dynamics of water mobility and distribution in soybean antioxidant peptide powders monitored by LF-NMR [J]. Food Chemistry, 2016, 199: 280-286
- [11] Kato A, Osako Y, Matsudomi N, et al. Changes in emulsifying and foaming properties of proteins during heat denaturation [J]. Agricultural & Biological Chemistry, 1983, 47(1): 33-37

- [12] 张振山,刘玉兰,王娟娟,等.辐照对大豆中蛋白质品质的影响[J].食品工业科技,2013,34(2):104-107  
ZHANG Zhen-shan, LIU Yu-lan, WANG Juan-juan, et al. Effect of irradiation on the quality of soy protein [J]. Science and Technology of Food Industry, 2013, 34(2): 104-107
- [13] 林松毅,王可,刘静波.电子束辐照技术提高玉米蛋白粉酶解效果[J].农业工程学报,2014,30(22):300-308  
LIN Song-yi, WANG Ke, LIU Jing-bo. Improving the effect of enzyme hydrolysis of corn gluten meal with an assistant method by electron beam irradiation [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2014, 30(22): 300-308
- [14] 冯敏,王玲,朱佳廷,等.大豆蛋白粉辐照杀菌技术规范[J].江苏农业科学,2010,6:407-408  
FENG Min, WANG Ling, ZHU Jia-ting, et al. Irradiation sterilization techniques specification of soybean protein powder [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2010, 6: 407-408
- [15] 刘珊,刘晓艳.热变性对蛋白质理化性质的影响[J].中国食品添加剂,2006,6:108-112  
LIU Shan, LIU Xiao-Yan. The thermal denaturation of protein [J]. China Food Additives, 2006, 6: 108-112
- [16] 刘燕燕,曾新安,陈晓东.FTIR 分析脉冲电场和热处理后的大豆分离蛋白结构变化[J].光谱学与光谱分析,2010,30(9): 2340-2344  
LIU Yan-yan, ZENG Xin-an, CHEN Xiao-dong. Effects of pulsed electric fields and heat treatments on spi structure analyzed by FT-IR [J]. Spectroscopy & Spectral Analysis, 2010, 30(9): 2340-2344