

# 不同干热处理对花生蛋白二级结构及乳化性的影响

王晓琳,朱力杰,陈妍婕,王勃,刘贺,何余堂,马涛\*

(渤海大学 食品科学与工程学院,渤海大学粮油科学与技术研究所,生鲜农产品贮藏加工及安全控制技术国家地方联合工程研究中心,辽宁 锦州,121013)

**摘 要** 通过不同的干热处理条件对花生蛋白二级结构及其乳化性的变化规律进行了研究。采用傅里叶红外光谱仪测定不同加热温度和加热时间处理后的花生蛋白二级结构,并测定对应条件下的花生蛋白乳化性。结果表明:100 ℃加热 5 min 时,无规卷曲结构比例最大,表明这一条件下花生蛋白变性最为明显,在此条件下,花生蛋白的乳化活性指数和乳化稳定性较好。 $\beta$ -折叠结构在不同时间热处理过程中呈先减小后增加趋势,蛋白质热变性下的聚集现象是可能其中一个原因。花生蛋白的乳化活性指数在 5 min 时出现最大值为 34.43 m<sup>2</sup>/g。

**关键词** 干热处理;花生蛋白;二级结构;乳化性

花生中抗营养因子的含量少于同为油料作物的大豆,其提取油脂后的饼粕中富含大量的优质蛋白质,在用于加工乳糖不耐症消费者的蛋白基料、生产牛乳等动物奶类的替代品等方面极具开发潜力<sup>[1]</sup>。乳化性对花生蛋白加工制品的品质具有重要影响<sup>[2]</sup>,因此,改良花生蛋白的乳化性是对花生深加工产业具有重要意义<sup>[3]</sup>。适度热处理能够使花生蛋白发生变性,改变乳化性能,湿热处理容易使蛋白发生聚集沉淀,而研究发现蛋白质与多糖在干热条件下反应形成蛋白质-多糖复合物,大大改善蛋白质的乳化性和起泡性<sup>[4]</sup>。

蛋白质在中红外区(4 000 ~ 400 cm<sup>-1</sup>)有若干特征吸收峰,其中酰胺 I 带(1 700 ~ 1 600 cm<sup>-1</sup>)对于研究蛋白质二级结构最有研究价值<sup>[5-9]</sup>,酰胺 III 带(1 300 ~ 1 200 cm<sup>-1</sup>)能够排除水汽干扰问题。同时红外光谱法具有操作简单,快速,所用试样量少,不破坏试样也不产生环境污染等优点<sup>[10]</sup>,因此本文采用红外光谱法研究不同热处理条件对花生蛋白结构的影响,并进一步探讨了不同热处理方式对于花生蛋白功能特性的影响。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与试剂

低温压榨脱脂花生蛋白粉(蛋白质含量为 54.64%),由辽宁红螺健康食品企业有限公司提供;

第一作者:硕士研究生(马涛教授为通讯作者,Email:1040732408@qq.com)。

收稿日期:2015-09-25,改回日期:2015-11-10

实验所用试剂均为分析纯试剂。

### 1.2 仪器与设备

Scimitar 2000 Near FT-IR Spectrometer 型傅里叶变换红外光谱仪,美国安捷伦公司;电热鼓风干燥箱,上海一恒科学仪器有限公司;PH-25CW 型 pH 计,上海般特仪器有限公司;GT10-1 型高速台式离心机,北京时代北利离心机有限公司;UV-2700 型紫外可见分光光度计,日本岛津公司;Free Zone 2.5L 台式冷冻干燥机,美国 LABCONCO 公司;远红外电热食品烤炉,上海宝珠机械科技发展有限公司;8400 型全自动定氮仪,丹麦 FOSS 公司;sx2-30-10 型马弗炉,上海意宏电炉。

### 1.3 实验方法

#### 1.3.1 花生分离蛋白的制备

脱脂花生粉与蒸馏水 1:10 (g:mL) 混合,以 2 mol/L NaOH 调节体系 pH 值至 8.0,在 50 ℃水浴条件下搅拌提取 1 h,4 000 r/min 离心 20 min,取上清液,以 2 mol/L HCl 调节体系 pH 值至 4.5 产生沉淀,将沉淀溶解在蒸馏水中。以 1 mol/L NaOH 调节体系 pH 值至 7.0,加蒸馏水在 4 ℃条件下平衡 24 h。真空冷冻干燥,得到花生分离蛋白,于 4 ℃条件下保存备用<sup>[11]</sup>。

#### 1.3.2 花生分离蛋白的纯度及主要蛋白组成测定

制备好的花生分离蛋白采用凯氏定氮法测定其蛋白纯度为 89.26%<sup>[12]</sup>采用 OSBORNE 提出的连续累进提取法,采用考马斯亮蓝法测定各个蛋白组分含量,以牛血清蛋白作为标准蛋白制作标准曲线<sup>[13]</sup>,计算出花生分离蛋白中各主要组分质量分数

为:清蛋白 7.13%,球蛋白 53.46%,谷蛋白 2.87%。

### 1.3.3 花生分离蛋白的热处理

#### 1.3.3.1 不同温度处理

将样品放入烤箱,分别在 70、80、90、100、110 ℃ 条件下干热处理 5 min。

#### 1.3.3.2 不同加热时间处理

将样品放入烤箱,在 100 ℃ 条件下,分别进行干热处理 1、2、3、4、5 min。

#### 1.3.4 红外光谱扫描

准确称量 0.002 g 花生蛋白样品,加入一定量的 KBr 至 0.2 g,用研钵研磨成均匀粉末,压制成薄片,用傅里叶红外光谱仪做全波段扫描(4 000 ~ 400  $\text{cm}^{-1}$ ),扫描次数为 32<sup>[14]</sup>。每个样品做 3 次平行试验。

#### 1.3.5 乳化性的测定

准确称取 1.000 g 花生蛋白样品,加入到 0.05 mol/L pH 值为 7.0 的磷酸盐缓冲液中,使其充分溶解,配成质量分数为 1% 的花生蛋白溶液 100 mL。取 30 mL 花生蛋白溶液与 10 mL 花生油充分混合,在高速剪切乳化机中,设定 10 000 r/min,乳化 2 min,然后立刻在烧杯底部吸取 20  $\mu\text{L}$  乳状液(此时计为 0 min),加入到 5 mL 0.1% 的十二烷基硫酸钠(sodium dodecyl sulfate, SDS)溶液中混合均匀。以质量分数为 0.1% 的 SDS 溶液为空白样品,测定 500 nm 波长处的吸光度记为  $A_0$ 。按照公式(1)计算花生蛋白的乳化活性指数(emulsifying activity index, EAI)<sup>[15]</sup>。

$$\text{EAI}/(\text{m}^2 \cdot \text{g}^{-1}) = \frac{2 \times 2.303 \times A_0}{0.25 \times m} \quad (1)$$

式中:  $A_0$  为 0 min 时的吸光度;  $m$  为花生蛋白质量, g。

花生蛋白的乳化稳定性:待上述乳化液放置 10 min 后,再从烧杯底部吸取乳状液(确保与 0 min 取样点的高度相同),按如上方法测定吸光度记为  $A_{10}$ 。按照公式(2)计算花生蛋白的乳化稳定性指数(emulsion stability index, ESI)。

$$\text{ESI}/\text{min} = \frac{A_0 \times \Delta t}{\Delta A} \quad (2)$$

式中:  $A_0$  为 0 min 时的吸光度;  $A_{10}$  为 10 min 时的吸光度;  $\Delta A$  为吸光度之差,  $\Delta A = A_0 - A_{10}$ ;  $\Delta t$  为间隔时间, 10 min。

### 1.4 数据处理

采用 SPSS 19.0 对数据进行差异显著性分析,采用 Origin 8.5 软件对数据进行拟合处理。

## 2 结果与分析

### 2.1 花生蛋白的红外光谱分析

利用傅里叶红外光谱仪对不同处理条件下的花生蛋白进行全波段扫描,结果见图 1 和图 2。

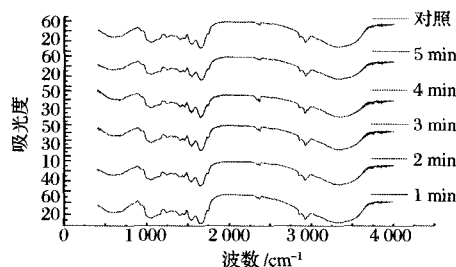


图1 不同加热时间处理下的花生蛋白 FT-IR 光谱

Fig. 1 FT-IR spectra of peanut protein subjected to different heating time treatment

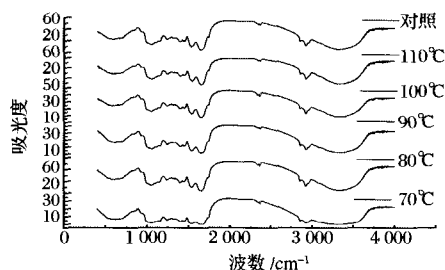


图2 不同加热温度处理下的花生蛋白 FT-IR 光谱

Fig. 2 FT-IR spectra of peanut protein subjected to different heating temperature treatment

选取红外光谱的酰胺 I 带和酰胺 III 带综合分析经过不同热处理后的花生蛋白二级结构组成<sup>[16-19]</sup>。采用 Peakfit 软件对蛋白质酰胺 I 带和酰胺 III 带进行解析,首先对得到的红外光谱的酰胺 I 带和酰胺 III 带进行傅里叶去卷积处理<sup>[20]</sup>,然后进一步进行二阶导数拟合,结合原始图谱和二阶导数图谱子峰峰位,进行相应二级结构构象指认。酰胺 I 带各峰位的指认依据为:  $\beta$ -折叠结构, 1 637、1 615、1 695  $\text{cm}^{-1}$ ;  $\beta$ -折叠或  $\beta$ -转角结构, 1 684  $\text{cm}^{-1}$ ;  $\beta$ -转角结构, 1 670  $\text{cm}^{-1}$ ;  $\alpha$ -螺旋结构, 1 640  $\text{cm}^{-1}$ ; 无规卷曲结构, 1 649  $\text{cm}^{-1}$ <sup>[21]</sup>。酰胺 III 带各峰位的指认依据为: 1 330 ~ 1 290  $\text{cm}^{-1}$  为  $\alpha$ -螺旋, 1 295 ~ 1 265  $\text{cm}^{-1}$  为  $\beta$ -转角, 1 270 ~ 1 245  $\text{cm}^{-1}$  为无规卷曲, 1 250 ~ 1 220  $\text{cm}^{-1}$  为  $\beta$ -折叠<sup>[22]</sup>。

由表 1 可以看出,未经过加热处理的花生蛋白的主要组成为无规卷曲,占二级结构总量的 30.46%。 $\alpha$ -螺旋结构在加热温度达到 90 ℃ 时所占比例最低,

原因可能如下:(1)随着加热温度的升高, $\alpha$ -螺旋结构中的氢键逐渐断裂,使其发生解螺旋,从而导致 $\alpha$ -

表1 酰胺 I 带和酰胺 III 带拟合不同热处理温度

处理后花生蛋白二级结构组成比例 单位: %

Table 1 Secondary structure of peanut protein under different temperature heat treatment fitted by amide I band and amide III band

| 样品编号                   | $\alpha$ -螺旋结构                | $\beta$ -折叠结构                 | $\beta$ -转角结构                 | 无规卷曲结构                        |
|------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|
| 未处理蛋白                  | 18.55 $\pm$ 0.02 <sup>a</sup> | 24.53 $\pm$ 0.02 <sup>a</sup> | 26.46 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup> | 30.46 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup> |
| 70 $^{\circ}\text{C}$  | 16.97 $\pm$ 0.01 <sup>c</sup> | 23.60 $\pm$ 0.04 <sup>a</sup> | 20.57 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup> | 38.86 $\pm$ 0.06 <sup>e</sup> |
| 80 $^{\circ}\text{C}$  | 17.05 $\pm$ 0.03 <sup>d</sup> | 23.93 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup> | 20.73 $\pm$ 0.02 <sup>b</sup> | 38.29 $\pm$ 0.05 <sup>e</sup> |
| 90 $^{\circ}\text{C}$  | 15.22 $\pm$ 0.02 <sup>a</sup> | 23.65 $\pm$ 0.10 <sup>b</sup> | 22.63 $\pm$ 0.10 <sup>b</sup> | 38.50 $\pm$ 0.01 <sup>d</sup> |
| 100 $^{\circ}\text{C}$ | 16.83 $\pm$ 0.03 <sup>b</sup> | 23.19 $\pm$ 0.04 <sup>b</sup> | 20.74 $\pm$ 0.02 <sup>b</sup> | 39.24 $\pm$ 0.02 <sup>f</sup> |
| 110 $^{\circ}\text{C}$ | 16.90 $\pm$ 0.05 <sup>b</sup> | 22.55 $\pm$ 0.04 <sup>a</sup> | 25.12 $\pm$ 0.02 <sup>d</sup> | 35.43 $\pm$ 0.02 <sup>b</sup> |

注:采用 Duncan's multiple range test 方法分析,同列小写字母不同表示差异显著( $P < 0.05$ )。

螺旋结构比例降低;(2)可能是在加热过程中 R 基基团发生聚合现象,而 R 基基团过大破坏了 $\alpha$ -螺旋结构的稳定性,从而导致其比例降低<sup>[2]</sup>。随着温度进一步升高, $\alpha$ -螺旋结构比例升高,从而判断第二种推测的可能性较大。在进一步升温时 $\alpha$ -螺旋结构的比例增加可能是由于高温导致 R 基基团形成的聚合物发生分解,导致 $\alpha$ -螺旋结构比例回升。加热温度达到 70  $^{\circ}\text{C}$ 时形成的 R 基基团聚合物稳定性较弱,在 80  $^{\circ}\text{C}$ 时部分稳定较弱的聚合物可能先发生分解,从而导致 80  $^{\circ}\text{C}$ 比 70  $^{\circ}\text{C}$ 的 $\alpha$ -螺旋结构所占比例要高。 $\beta$ -折叠结构整体呈下降趋势,其原因可能是在加热过程中氢键断裂所致。 $\beta$ -转角结构在加热温度达到 110  $^{\circ}\text{C}$ 时比例有明显增加,甘氨酸的存在有利于形成 $\beta$ -转角结构的形成<sup>[23]</sup>,此时 $\beta$ -转角结构比例增加与甘氨酸是否相关有待进一步研究。在加热温度为 100  $^{\circ}\text{C}$ 加热 5 min 时,无规卷曲结构比例最大,表明这一条件下花生蛋白变性明显。无规卷曲中不同氨基酸残基的对二面角存在于典型构象图的不同点上,能够产生多种不同构象,而外界因素对于不同构象具有一定影响,110  $^{\circ}\text{C}$ 时无规卷曲结构比例反而下降可能是由于构象改变,转化等原因所致<sup>[24]</sup>。

由表 2 可以看出, $\alpha$ -螺旋结构在 100  $^{\circ}\text{C}$ 进行加热处理 5 min 时所占比例最低,说明在这一条件下, $\alpha$ -螺旋结构中的氢键逐步断裂。 $\beta$ -折叠结构在热处理过程中先减小后增加,蛋白质热变性下的聚集现象是 $\beta$ -折叠结构含量减少的一个可能原因, $\beta$ -折叠结构比例回升的原因仍需进一步研究。 $\beta$ -转角结构是肽链

在出现 180 $^{\circ}$ 回折时的回折部分,多数处于球蛋白分子表面<sup>[23]</sup>,在加热过程中呈先增加趋势,形成 $\beta$ -转角结构能力很强的某些氨基酸残基有时会出现 $\alpha$ -螺旋结构中,这有可能是在温度为 100  $^{\circ}\text{C}$ 条件下出现了一个下降的拐点的原因<sup>[23]</sup>。在 1~5 min 加热过程中无规卷曲结构呈增加增加趋势,在 5 min 时增幅最为明显,可能是由于较长时间加热使部分 $\alpha$ -螺旋结构和 $\beta$ -转角结构向无规卷曲结构转化所致。

表2 酰胺 I 带和酰胺 III 带拟合不同热处理时间

处理后花生蛋白二级结构组成比例 单位: %

Table 2 Secondary structure of peanut protein under different heating time treatment fitted by amide I band and amide III band

| 样品编号  | $\alpha$ -螺旋结构                | $\beta$ -折叠结构                 | $\beta$ -转角结构                 | 无规卷曲结构                        |
|-------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|
| 未处理蛋白 | 18.55 $\pm$ 0.02 <sup>b</sup> | 24.53 $\pm$ 0.02 <sup>d</sup> | 26.46 $\pm$ 0.03 <sup>e</sup> | 30.46 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup> |
| 1 min | 19.95 $\pm$ 0.03 <sup>d</sup> | 25.74 $\pm$ 0.02 <sup>e</sup> | 23.36 $\pm$ 0.03 <sup>b</sup> | 30.95 $\pm$ 0.07 <sup>b</sup> |
| 2 min | 18.66 $\pm$ 0.04 <sup>c</sup> | 23.72 $\pm$ 0.01 <sup>c</sup> | 24.82 $\pm$ 0.02 <sup>c</sup> | 32.80 $\pm$ 0.06 <sup>c</sup> |
| 3 min | 18.63 $\pm$ 0.01 <sup>c</sup> | 23.17 $\pm$ 0.01 <sup>b</sup> | 25.37 $\pm$ 0.02 <sup>d</sup> | 32.83 $\pm$ 0.01 <sup>c</sup> |
| 4 min | 18.65 $\pm$ 0.02 <sup>c</sup> | 21.92 $\pm$ 0.02 <sup>a</sup> | 26.56 $\pm$ 0.03 <sup>f</sup> | 32.87 $\pm$ 0.02 <sup>c</sup> |
| 5 min | 16.83 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup> | 23.19 $\pm$ 0.04 <sup>b</sup> | 20.74 $\pm$ 0.02 <sup>a</sup> | 39.24 $\pm$ 0.02 <sup>d</sup> |

注:采用 Duncan's multiple range test 方法分析,同列小写字母不同表示差异显著( $P < 0.05$ )。

## 2.2 花生蛋白的乳化活性指数及乳化稳定性

由图 3 可知,经过不同温度处理的花生蛋白乳化活性指数呈先减小后增加的趋势。加热温度达到 90  $^{\circ}\text{C}$ 时,乳化活性指数低于未经处理样品,而在加热温度达到 110  $^{\circ}\text{C}$ 时,乳化活性指数达到最大值,其原因可能是加热对于 $\alpha$ -螺旋结构中 R 基基团的电负性的影响,间接表现为乳化活性指数的增加。

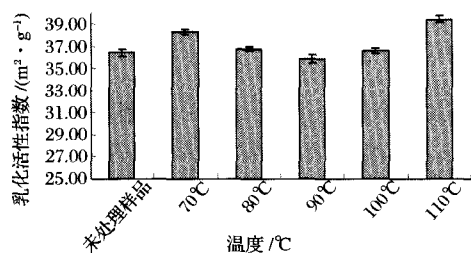


图3 不同热处理温度对花生蛋白乳化活性指数的影响

Fig. 3 Effect of different heating temperature on the emulsifying activity index of peanut protein

由图 4 可知,经过不同温度加热处理之后,相对于未经过处理的样品,花生蛋白的乳化稳定性均有不同程度的改善。其中热处理温度为 100  $^{\circ}\text{C}$ 时乳化液的乳化稳定性有明显改善,相较于 90  $^{\circ}\text{C}$ ,其乳化稳定性增加了 48.19%,这主要可能是由于温度较低时蛋

白质变性程度较低,分子仍然能够维持其稳定结构状态,而不足以使疏水性基团暴露,而在温度达到 100 ℃ 时,疏水基团暴露的相对充分,对于乳化液体系起到了维持稳定的作用。

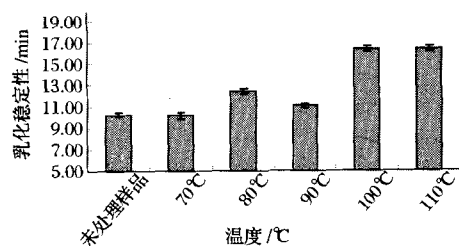


图 4 不同热处理温度对花生蛋白乳化稳定性的影响

Fig. 4 Effect of different heating temperature on the emulsion stability of peanut protein

由图 5 可知,未经过处理的花生蛋白的乳化活性指数为 36.47  $\text{m}^2/\text{g}$ ,在前 4 min 热处理之后,花生蛋白的乳化活性指数并没有提高,反而随着加热时间的延长乳化活性指数呈现下降趋势,在加热到第 5 min 时,乳化活性指数有了明显的回升(图 5),这主要可能是由于花生蛋白分子在加热到第 5 min 时, $\alpha$ -螺旋结构的解螺旋现象, $\beta$ -转角结构中的氢键断裂,以及无规卷曲结构的比例增加共同导致蛋白质发生明显变性,蛋白质结构逐渐展开,使花生蛋白更易于分散在乳化界面中,从而提高了花生蛋白的乳化活性指数。

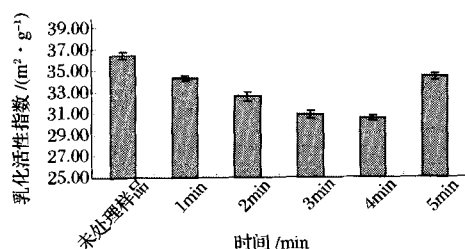


图 5 不同热处理时间对花生蛋白乳化活性指数的影响

Fig. 5 Effect of different heating time on the emulsifying activity index of peanut protein

由图 6 可知,经过一段时间加热处理之后,相对于未经过处理的样品,花生蛋白的乳化稳定性均有不同程度的改善。这主要可能是由于疏水性基团的暴露对于乳化液体系起到了维持稳定的作用。其中,在经过加热 4 min 后的花生蛋白乳化稳定性最好,这可能是因为是在短时间内花生蛋白的热变性程度较低,花生蛋白结构解折叠程度也较低,二级结构中有序结构单元的含量变化相对较小,无规卷曲的含量并未呈现

较大幅度的增加,疏水基团未能充分暴露出来,随着加热时间的延长,花生蛋白的热聚集效应也随之增强,疏水基团暴露更加充分,从而使其稳定性改善最为明显。进一步延长加热时间处理导致被界面吸附的蛋白质膜的黏度和刚性下降可能是导致 100 ℃ 加热 5 min 时乳化稳定性反而下降的原因<sup>[25]</sup>。

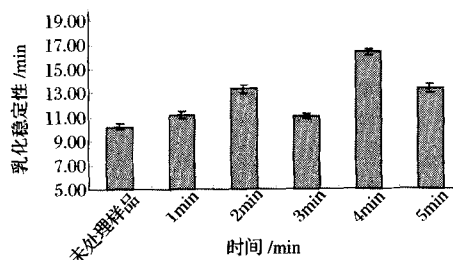


图 6 不同热处理时间对花生蛋白乳化稳定性的影响

Fig. 6 Effect of different heating time on the emulsion stability of peanut protein

### 3 结论

加热温度对于花生蛋白乳化活性指数和乳化稳定性有一定影响,具体表现为,在 100 ℃ 条件下加热 5 min 时,乳化稳定性达到最大值,其原因可能是高温对于  $\alpha$ -螺旋结构中 R 基基团的电负性存在一定影响,间接表现为乳化稳定性的增加。 $\beta$ -折叠结构可能由于蛋白质热变性下的聚集现象而减少,无规卷曲结构比例增加,花生蛋白在这一条件下变性程度明显,最终表现为花生蛋白的乳化性质改善。

### 参 考 文 献

- [1] 李明姝,姚开,贾冬英,等. 花生功能成分及其综合利用[J]. 中国油脂, 2004, 29(9): 13-15.
- [2] 王长远,郝天舒,张敏. 干热处理对米糠蛋白结构与功能特性的影响[J]. 食品科学, 2015, 36(7): 13-18.
- [3] 李晓,陈怡平. 超高压对花生分离蛋白乳化性和结构的影响[J]. 粮油加工, 2009, 9:64-66.
- [4] 胡坤,方少瑛,王秀霞,等. 大豆蛋白-瓜尔豆胶水解物 Maillard 反应共聚物的乳化特性研究[J]. 食品与发酵工业, 2006, 32(10): 25-28, 31.
- [5] 严衍禄. 近红外光谱分析基础及应用[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2004.
- [6] 王镜岩. 生物化学[M]. 北京: 高等教育出版社, 2002.
- [7] SINGH B R, FULLER M P, CHIAVO G S. Molecular structure of tetanus neurotoxin as revealed by Fourier transforms infrared and circular dichroic spectroscopy [J]. Biophysical Chemistry, 1990, 36(2): 155-166.
- [8] 卢雁,张玮玮,王公轲. FTIR 用于变性蛋白质二级结构的研究进展[J]. 光谱学与光谱分析, 2008, 28(1):

- 88-93.
- [9] DONG A, HUANG P, CAUGHEY W S. Protein secondary structures in water from second-derivative amide I infrared spectra [J]. *Biochemistry*, 1990, 29 (13): 3 303-3 308.
- [10] 蒋耀庭, 梁承红, 陈菊娜. 现代近红外光谱分析在食品检测中的应用[J]. *粮食与食品工业*, 2010, 17 (1): 51-54.
- [11] ZHANG QIU-TING, TU ZONG-CAI, XIAO HUI, et al. Influence of ultrasonic treatment on the structure and emulsifying properties of peanut protein isolate [J]. *Food and Bioproducts Processing*. 2014, 92(1): 30-37.
- [12] GB/T 5511—2008. 谷物和豆类 氮含量测定和粗蛋白质含量计算 凯氏法[S].
- [13] 戴良香, 张岱, 闫彩霞, 等. 不同花生品种籽仁发育过程中蛋白质组分分析 [J] *中国粮油学报* 2011, 26 (4): 42-46.
- [14] 吴姣, 郑为完, 赵伟学, 等. 有限酶解米渣蛋白的乳化功能特性表征[J]. *食品与发酵工业*, 2007, 33 (10): 23-26.
- [15] 陈慧. 大豆分离蛋白的功能特性及开发与应用[J]. *石河子科技*, 2007(5): 38-39.
- [16] 谢孟峡, 刘媛. 红外光谱酰胺Ⅲ带用于蛋白质二级结构的测定研究[J]. *高等学校化学学报*, 2003, 24 (2): 226-231.
- [17] 李顺, 张聚华, 李秀艳, 等. FT-IR 自去卷积法对丝织物蛋白酰胺Ⅲ带二级结构研究初探[J] *北京服装学院学报*. 2011(2): 68-73.
- [18] 曹栋, 史苏家, 张永刚, 等. 酰胺 I 带和酰胺 III 带测定花生磷脂酶 D 的  $\alpha$ -螺旋和  $\beta$ -折叠含量[J]. *化学通报*, 2008(11): 877-880.
- [19] 孙秀发, 周才琼, 肖安红. 食品营养学[M]. 郑州: 郑州大学出版社, 2011: 151.
- [20] ICONOMIDOU V A, CHRYSSIKOS D G, GIONIS V, et al. Secondary structure of chorion proteins of the teleostean fish *Dentex dentex* by ATR FT-IR and FT-Raman spectroscopy [J]. *Journal of Structural Biology*, 2000, 132(2): 112-122.
- [21] VENYAMINOVSY, K. Quantitative IR spectrophotometry of peptide compounds in water ( $H_2O$ ) solutions. II. Amide absorption bands of polypeptides and fibrous proteins in  $\alpha$ -,  $\beta$ -, and random coil conformations[J]. *Biopolymers*, 1990, 30(13/14): 1 259-1 271.
- [22] STATHOPOULOS P B, SCHOLZ G A, HWANG Y M, et al. Sonication of proteins causes formation of aggregates that resemble amyloid[J]. *Protein Science*, 2004, 13 (11): 3 017-3 027.
- [23] 周瑞宝. 花生加工技术[M]. 北京: 化学工业出版社, 2003.
- [24] 管斌, 林洪, 王广策, 等. 食品蛋白质化学[M]. 北京: 化学工业出版社, 2005.
- [25] 谢笔钧. 食品化学[M] (3 版). 北京: 科学出版社, 2011.

## The effect on secondary structure and emulsibility of peanut protein under different dry heat treatment

WANG Xiao-Lin, ZHU Li-Jie, CHEN Yan-Jie, WANG Bo,  
LIU He, HE Yu-Tang, MA Tao \*

(College of Food Science and Engineering, Bohai University, Grain and Oil Science and Technology Institute of Bohai University,  
State and local joint engineering research center of fresh agricultural products processing, storage and technology of  
security control, Jinzhou 121013, China)

**ABSTRACT** Based on the different dry heat treatment, there was a changing rule of the secondary structure and emulsibility on peanut protein, this study was made to provide the foundation for the application of peanut protein. Secondary structure was detected by FT-IR spectrometer in different temperature and different time, the emulsibility of peanut protein was detected under the same condition. The results showed that, random coil structure proportion was the largest less than 100 °C for 5 min, which suggests that the most obvious denaturation occurred under this condition. Meanwhile, the emulsifying activity and emulsifying stability of peanut protein was preferably. Beta-fold structure firstly increased and then decreased with different time of the heat treatment process, under the thermal denaturation of protein, aggregation phenomenon was one of the possible reasons. Peanut protein emulsifying activity index reach the maximum value of 34.43 m<sup>2</sup>/g after 5 min.

**Key words** dry heat treatment; peanut protein; secondary structure; emulsification