

热处理对猪肉中蛋白质体外消化率 及 5-羟甲基糠醛形成的影响

王 军, 王忠合*, 骆 宝

(韩山师范学院食品工程与生物科技学院, 广东潮州 521041)

摘要:应用模拟体外消化模型研究不同热处理的猪肉中蛋白质的体外消化率,并以 5-羟甲基糠醛为指标评定蛋白质的修饰程度,探讨加热处理对猪肉中蛋白质特性的影响。结果表明,热处理 10~240 min 后猪肉中蛋白质的消化率增加。同时,随着热处理时间的增大,消化液中游离氨基的含量也呈现出先增加后下降的趋势。色泽分析表明:热处理后猪肉的色泽加深, L^* 、 a^* 、 b^* 值增大,热处理时间大于 120 min 的猪肉样品色差值 ΔE 均在 4.0 以上,影响猪肉外观。猪肉样品中 5-羟甲基糠醛的形成量随着加热时间的增加而显著增多 ($p < 0.05$),蛋白质的修饰程度增大,这与蛋白质体外消化率的变化趋势一致。热处理在一定程度上可显著提高猪肉中蛋白质的体外消化率,但长时间的过热处理则影响猪肉的色泽和蛋白质的消化性,5-羟甲基糠醛形成量和色值等指标可用于评定肉类热处理中蛋白质的修饰程度。

关键词:肉蛋白,热改性,体外消化性,美拉德反应产物

Effect of heating treatment on *in vitro* digestibility of protein and 5-hydroxymethylfurfural formation in pork meat

WANG Jun, WANG Zhong-he*, LUO Bao

(School of Food Engineering and Biotechnology, Hanshan Normal University, Chaozhou 521041, China)

Abstract: In this paper, effects of different boiling times on protein digestibility in pork meat were investigated by *in vitro* digest model. Moreover, degree of modification of pork protein by boiling treatment was examined through 5-hydroxymethylfurfural (HMF) content as indicators. Results showed that *in vitro* digestibility of pork protein increased after boiling treatment for 10 to 240 min. Moreover, the content of free amino group increased firstly and then decreased with the increase of boiling time. Color analysis indicated that color of pork samples became dark, and L^* a^* b^* values increased after boiling treatment. Boiling in water (greater than 120 min) caused great change of color value, which was above 4.0 and influenced appearance of pork samples. The content of intermediates HMF increased with the increase of boiling time, which indicated degree of modification of protein increased. The variation trend was consistent with that of *in vitro* digestibility of protein in pork meat. Thus, heat treatment significantly improved the *in vitro* digestibility of proteins in pork, while overheating treatment affected the color and protein digestibility of pork. So, 5-HMF formation and color indexes are proposed as useful indicators for monitoring damage of protein during the heating treatment of pork.

Key words: meat protein; heating-induced modifications; *in vitro* digestion; Maillard reaction products

中图分类号: TS251.1

文献标识码: A

文章编号: 1002-0306(2017)16-0079-05

doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2017.16.016

热处理不仅影响肉制品的质量和风味,加热时间和温度是影响肉制品的柔软程度、含汁量、颜色和风味等指标的主要因素,而且加热过程会引发一系列的化学物理反应,如肉制品的质构、风味、色泽等变化,同时还能够杀死有害微生物以保证食品安全^[1]。肌肉收缩、组织变硬、汁液流失以及变色等在

加热过程中发生的剧烈变化都源于肌肉蛋白的变性,适当的热处理可以改善食物的适口性和蛋白质品质,加热的作用就是加速蛋白质变性,但是加热时间过长或温度过热可能会影响蛋白质的消化率^[2-3],猪肉经长时间炖煮后,脂肪含量减少,不饱和脂肪酸增加,而胆固醇含量会大大降低^[4]。评定肉类食品

收稿日期: 2017-02-07

作者简介: 王军(1981-),女,博士,副教授,研究方向:食品加工与安全控制技术, E-mail: wangjun19811210@163.com。

* 通讯作者: 王忠合(1980-),男,博士,副教授,研究方向:食品安全检测, E-mail: wangzh20@163.com。

基金项目: 广东省教育厅特色创新项目(2015KTSCX088);潮州市科技计划项目(2013X06);广东省高校优秀青年创新人才培养计划项目(2013LYM0056);韩山师范学院博士启动项目(QD20140324)。

质的指标一般包括颜色、嫩度、风味、保水性、多汁性等,加热温度和时间对肉的食用品质具有重要影响,不同温度下处理的猪肉蒸煮损失、剪切力和 pH 均随着热处理温度的升高而增加,肉块形状发生缩短,色泽从红色变为白色或灰白色^[5],影响猪肉的食用品质,但研究并未深入探讨热处理后肉中蛋白质的消化性及其修饰程度。

肉类富含蛋白质、脂肪和少量的糖,在热处理或贮存的过程中容易发生美拉德反应,氨基酸(特别是赖氨酸)被破坏或束缚,从而影响猪肉的营养价值,甚至会形成一些潜在有害物(如杂环胺、呋喃素、晚期糖基化终产物等),特别是烤制或油炸等热处理过程中这些潜在有害物的形成量是煮制处理过程中的十多倍^[6]。美拉德反应是由一系列复杂的反应构成,包含不同的反应阶段,常用呋喃素^[7]、5-羟甲基糠醛(HMF)^[8]、吸光度、荧光值、N^ε-羧甲基赖氨酸(CML)^[3]、丙烯酰胺等指标来评定其反应程度,以揭示食品加工程度与蛋白质修饰程度及其营养特性之间的关系。羊肉烤制或烹煮后蛋白质的聚集性增加,氨基酸侧链上的氨基酸被氧化和修饰形成 CML 等^[9-11],而影响肉蛋白的营养或功能特性,这为研究猪肉烹煮后蛋白质的消化性及修饰程度提供借鉴。

本文研究蒸煮加热时间对猪肉中蛋白质消化率、游离氨基含量、HMF 形成量和色度等指标的影响,探索加工程度对猪肉中蛋白质的破坏程度,为猪肉的加工处理提供一定的技术参考和理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

猪肉(背最长肌部分) 购于广东省潮州市大润发超市;2,4,6-三硝基苯磺酸(TNBS)、5-羟甲基糠醛(HMF) 美国 Sigma 公司;亚硝基铁氰化钠、2-硫代巴比妥酸(TBA)、胃蛋白酶(3000~3500 NFU/mg)、胰酶(5×USP)、十二烷基硫酸钠(SDS) 生工生物工程(上海)有限公司;盐酸、草酸、三氯乙酸、葡萄糖、浓硫酸、硫酸铜、硫酸钠、磷酸氢二钠、磷酸二氢钠、磷酸三钠、酒石酸钾钠、氢氧化钠、水杨酸钠、次氯酸钠、碳酸氢钠、亚硫酸钠等 均为分析纯。

TU-1901 型紫外可见分光光度计 北京普析通用仪器有限责任公司;HWS24 型电热恒温水浴锅 上海一恒科技有限公司;H1650 型高速台式离心机 湘仪天平仪器设备有限公司;SFA22048 型精密电子天平 上海精密科学仪器有限公司;FD-1D-50 型冷冻干燥机 北京博医康实验仪器有限公司;JZ-350 型彩色色差计 深圳市金准仪器设备有限公司;JYZ-D526 型九阳榨汁机(带绞肉杯) 九阳股份有限公司。

1.2 实验方法

1.2.1 样品的处理 参照文献[12]中的方法并略有修改,取 500 g 猪肉(背最长肌部分)斩碎后粉碎 2 min,各取 15 g 样品加入到圆底烧瓶中,按照 1:3 的比例加入蒸馏水,搅匀,加热回流并不断搅拌,分别于加热 0、15、30、60、120、240 min 处取出样品于冰水浴中冷却至室温,于 10000×g 下离心 10 min 得到沉淀

物,冷冻干燥后贮存于-20℃备用,分别以样品-0、样品-15、样品-30、样品-60、样品-120、样品-240 表示不同热处理时间制备的样品。

1.2.2 蛋白质含量的测定 采用凯氏定氮消化-水杨酸比色法测定^[13]样品或消化液中蛋白质的含量,以浓度为 2.5~12.5 μg/mL 的氮绘制标准曲线($A = 0.0369C + 0.0071, R^2 = 0.9973$),根据标准曲线方程查出其含氮量,计算蛋白质的含量,氮转化系数为 6.25。

1.2.3 蛋白质体外消化率的测定 参照文献[14]报道的体外消化模型法测定蛋白质的消化性,称取 0.5 g 样品,加入 100 mL 蒸馏水,并用 1 mol/L 的盐酸将样品液 pH 调至 2.0,加入胃蛋白酶液 1 mL(控制酶与底物中蛋白质的质量比接近 1:12.5),在 37℃恒温振荡器中模拟体外胃液消化,转速为 140 r/min,分别于 0、30、60、90、120 min 各取样 2.0 mL,于 10000×g(4℃)离心 5 min,取上清液采用凯氏定氮法^[14]测定蛋白质的含量 S。其余部分用 0.1 mol/L 的 NaHCO₃调节 pH 至 7.0 终止模拟胃液消化反应,加入胰酶 1 mL(控制酶与底物中蛋白质的质量比接近 1:62.5),置于 37℃恒温振荡器上模拟体外肠液消化,转速为 140 r/min,同样于消化 150、180、210、240 min 各取样 2.0 mL,于 85℃水浴中处理 3 min 灭酶,于 10000×g(4℃)离心 5 min,取上清液采用凯氏定氮法测定蛋白质的含量 S,根据样品中的总蛋白质含量 T 按照下式计算蛋白质的体外消化率 DR:

$$DR(\%) = \frac{S}{T} \times 100$$

式中:S 为上清液中蛋白质的含量,μg;T 为样品中蛋白质的总量,μg。

1.2.4 游离氨基的测定 采用 TNBS 比色法^[15]测定样品中游离氨基的含量,取 1.0 mL 待测猪肉样品溶液(含氨基酸 0.5~4.0 μmol/L),加入 40 g/L 碳酸氢钠溶液 1 mL 和 1 g/L TNBS 溶液 1 mL,混合后于 40℃反应 2 h,加入 1 mol/L 盐酸溶液 1 mL,混合后在 340 nm 处测定吸光度,空白组以蒸馏水代替待测液,以 0.5~3.5 mmol/L 系列浓度的 L-亮氨酸为标准品绘制标准曲线方程($A = 0.2596C - 0.0034, R^2 = 0.9998$),查得游离氨基的浓度,求得样液中游离氨基的含量。

1.2.5 色度的测定 采用色差计测量样品的色泽差异,每个样品重复 3 次。按照下式计算 ΔE 值,ΔE 值表示待测样品与对照样品之间的色差值,ΔE 越大表示颜色变化越严重^[16]。

$$\Delta E = \sqrt{(L_0^* - L^*)^2 + (a_0^* - a^*)^2 + (b_0^* - b^*)^2}$$

其中, L_0^* 和 L^* 、 a_0^* 和 a^* 、 b_0^* 和 b^* 分别为反应前后样品的亮度、红绿度、黄蓝度。

1.2.6 HMF 的检测 取 0.3 g 样品加入 3 mL 0.15 mol/L 的草酸溶液,混合均匀后加入离心管中,振荡提取 30 min,再加入 2 mL 40% 的三氯乙酸(TCA)充分振荡,然后静置一段时间,于 4000 r/min 离心 15 min,取 4 mL 上清液于试管中,加入 1 mL 浓度为 0.05 mol/L 的 TBA 溶液,并在 40℃水浴中加热

表1 不同热处理的猪肉中蛋白质消化率的变化(%)
Table 1 Change of protein digestibility in pork meat boiled under different time(%)

消化时间(min)	样品-0	样品-15	样品-30	样品-60	样品-120	样品-240
30	3.1 ± 0.8 ^{aA}	2.3 ± 0.4 ^{aA}	4.7 ± 0.8 ^{aB}	6.1 ± 0.4 ^{aC}	8.7 ± 0.4 ^{aD}	1.8 ± 0.4 ^{aA}
60	4.5 ± 0.4 ^{aA}	5.8 ± 0.0 ^{bB}	8.2 ± 0.4 ^{bC}	10.3 ± 0.4 ^{bD}	26.5 ± 0.8 ^{bE}	9.3 ± 0.4 ^{bCD}
90	9.0 ± 0.0 ^{bA}	11.6 ± 2.3 ^{cAB}	16.4 ± 0.0 ^{cCD}	17.0 ± 0.0 ^{cD}	40.6 ± 1.9 ^{cE}	13.8 ± 0.8 ^{cBC}
120	20.7 ± 0.8 ^{cA}	28.9 ± 0.4 ^{dC}	32.6 ± 0.4 ^{dD}	27.6 ± 0.8 ^{dC}	44.1 ± 0.8 ^{dE}	24.4 ± 0.8 ^{dB}
150	30.2 ± 0.8 ^{dA}	58.7 ± 0.4 ^{eE}	60.3 ± 1.9 ^{eE}	50.7 ± 0.4 ^{eD}	43.1 ± 0.8 ^{dC}	34.0 ± 0.0 ^{eB}
180	40.1 ± 1.1 ^{eA}	59.5 ± 0.8 ^{eD}	64.0 ± 1.1 ^{fE}	56.5 ± 1.1 ^{fC}	47.0 ± 0.4 ^{eB}	45.4 ± 0.4 ^{fB}
210	45.4 ± 1.1 ^{fA}	62.4 ± 1.1 ^{fC}	70.9 ± 0.4 ^{gE}	66.4 ± 0.8 ^{gD}	56.8 ± 0.8 ^{fB}	50.1 ± 0.8 ^{gB}
240	56.0 ± 0.4 ^{gA}	66.4 ± 1.5 ^{gB}	78.9 ± 0.4 ^{hE}	70.9 ± 0.4 ^{hC}	66.6 ± 0.4 ^{gB}	63.5 ± 0.8 ^{hB}

注:同列中标注不同小写字母表示差异显著,同行中标注不同大写字母表示差异显著, $p < 0.05$,表2同。

30 min,冷却至常温,在 443 nm 下测定吸光度^[17],实验重复三次。以浓度为 3~15 $\mu\text{g/mL}$ 的 HMF 为标准品绘制标准曲线方程 ($A = 0.107C + 0.018$, $R^2 = 0.987$),根据标准曲线方程查得 HMF 的浓度,计算样品中 HMF 的含量。

1.3 数据处理

实验重复测定三次以上,结果以平均值 $\pm$ 标准偏差表示,数据统计分析采用 SPSS 17.0 软件(美国 IBM 公司)进行一维方差分析(one-way ANOVA),差异显著性采用邓肯(Duncan)检验,检验水平 $p < 0.05$ 。

2 结果与讨论

2.1 不同热处理的猪肉中蛋白质消化率的变化

热处理在一定程度上可增加肉中蛋白质的消化率,但过长时间或温度过高的热处理则对蛋白质的修饰程度过大,而降低了肉中蛋白质的消化率,蒸煮不同时间的猪肉中蛋白质的消化率变化趋势如表1所示。

由表1可知,体外模拟胃肠液消化实验表明,热处理的猪肉样品中蛋白质的消化率远高于未经热处理的猪肉样品中蛋白质的消化率($p < 0.05$),分别增加 10.4%、22.9%。而模拟胃液和模拟肠液各消化 2 h 后,热处理的猪肉中蛋白质最大消化率比未经热处理的猪肉中蛋白质消化率分别增加 23.4% 和 22.9%,这主要是因为猪肉经加热处理后蛋白质变性,蛋白质内部致密的空间结构遭到破坏而变得松软,而胃蛋白酶作用的位点往往位于蛋白质分子的内部,加热处理后原先位于分子结构内部的酶作用位点暴露,酶易到达作用部位。此外,其粘度增强,结晶能力消失,均可有效地加速酶对它的降解,因而热处理后的猪肉中蛋白质的消化率较高^[18]。

随着热处理时间的增加,猪肉中蛋白质的消化率呈现先增大后降低的趋势,这可能与蛋白质的变性程度密切相关,热处理的后期蛋白质的修饰程度过大,而不易被胃蛋白酶和胰酶等降解,所以蛋白质的消化率下降。另外,在模拟胃液和模拟肠液消化过程中猪肉蛋白的消化率均随着消化时间的增加而显著增大($p < 0.05$),且在模拟肠液阶段蛋白质的消化率远大于模拟胃液阶段蛋白质的消化率,这可能是由于胃蛋白酶属于肽链内切酶、专一性程度较大,主要作用于芳香族氨基酸的羧基基团形成的肽链;

而胰酶为多种内切酶和外切酶的混合物,胰蛋白酶可切断赖氨酸和精氨酸残基中羧基侧的肽键、胰凝乳蛋白酶可切断侧链具有疏水性氨基酸的肽键、羧肽酶可专一性地从肽链的 C 端逐个降解释放出游离氨基酸的外切酶^[19],因此模拟肠液阶段胰酶消化蛋白质的速率会显著高于模拟胃液阶段的蛋白质的消化率($p < 0.05$)。

2.2 不同热处理的猪肉在消化过程中游离氨基酸的变化

由图1可知,猪肉中的蛋白质经模拟体外胃肠液消化后生成了大量的游离氨基酸,未经热处理的猪肉样品消化后形成的游离氨基酸含量远低于热处理样品消化后形成的游离氨基酸的含量($p < 0.05$),消化 240 min 后,热处理比未热处理的猪肉消化后的游离氨基酸含量增加 12.7%~37.6%,这表明未经热处理的猪肉比较难消化,与前面的蛋白质消化率的结论一致。随着热处理时间的延长,消化产物中游离氨基酸的含量先增多,直至热处理时间在 120 min 处生成的游离氨基酸含量达到最大值,与蛋白质消化率的实验结果呈现出基本相同的规律,这也验证了存在较适宜的热处理时间^[12]。

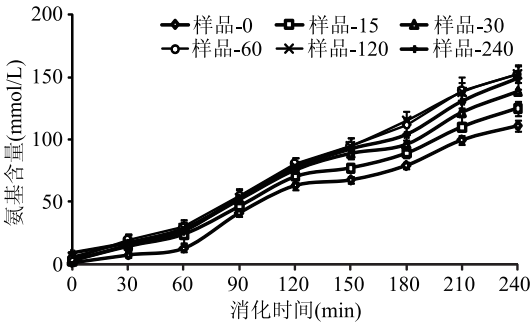


图1 不同热处理的猪肉在消化过程中游离氨基酸的变化
Fig.1 Change of free amino content of pork meat boiled under different conditions during digestion

同时,从图1还可以看出,模拟肠液消化阶段生成游离氨基酸的速率较快,这与酶的组成及接触面积有关,反应后期成块的猪肉慢慢分散开,接触面积增大,因而消化反应速率加快。

2.3 不同热处理的猪肉色度的变化

通过猪肉样品颜色的变化可判断美拉德反应的程度,加热时间对猪肉样品色泽的影响如表2所示。

表2 加热时间对猪肉色泽的影响

Table 2 Influence of boiling time on color of pork meat

加热时间(min)	L^*	a^*	b^*	ΔE
0	75.05 ± 0.42^a	3.23 ± 0.03^a	9.82 ± 0.04^a	0^a
15	76.69 ± 0.12^b	3.64 ± 0.06^b	9.95 ± 0.08^b	1.69 ± 0.04^b
30	77.99 ± 0.08^{bc}	3.76 ± 0.06^c	11.23 ± 0.01^c	3.30 ± 0.10^c
60	78.76 ± 0.28^c	4.14 ± 0.05^d	11.54 ± 0.04^d	3.74 ± 0.13^c
120	80.26 ± 1.06^d	4.22 ± 0.02^{de}	11.48 ± 0.07^d	5.56 ± 0.23^d
240	80.84 ± 0.71^d	4.25 ± 0.03^e	11.55 ± 0.09^d	6.13 ± 0.28^d

由表2可知,随着加热时间的增加,猪肉样品的 L^* 值增加,即猪肉样品光泽变亮; a^* 值和 b^* 值增大,表明热处理后猪肉的红色指数和黄色指数均增大,即猪肉的褐色加深; ΔE 值表示待测样品与对照样品之间的色差值, ΔE 值越大,表示颜色变化越大,热处理过程中猪肉样品的 ΔE 值随着加热时间的延长而显著增大($p < 0.05$),热处理15 min的猪肉样品色差值 ΔE 仅为1.69,热处理30和60 min的样品色差值 ΔE 为3.30和3.74, ΔE 值在2.0~4.0范围内表明色差有一定差距,而处理120 min和240 min的猪肉样品色差值 ΔE 均在4.0以上,表明色差非常大,且色泽逐渐变深、变红、变黄,影响外观。猪肉中含有蛋白质、脂质和少量的糖,在热处理或贮存过程中容易发生美拉德反应而影响猪肉的色泽及营养价值,美拉德反应过程中形成的类黑精等物质又具有较强的抗氧化性,可以延长猪肉的保质期,因此,猪肉样品热处理过程中需要控制美拉德反应的程度,以避免形成的有色物质影响猪肉样品的色泽。

2.4 不同热处理的猪肉中 HMF 形成量的变化

HMF 是美拉德反应过程中通过重排产物异构化以及糖的降解而产生的中间产物,是美拉德反应中期阶段的标志性产物,可通过测定猪肉在加热和贮存过程中 HMF 的含量变化评定美拉德反应修饰程度。加热处理对猪肉样品中 HMF 形成量的影响如图2所示。

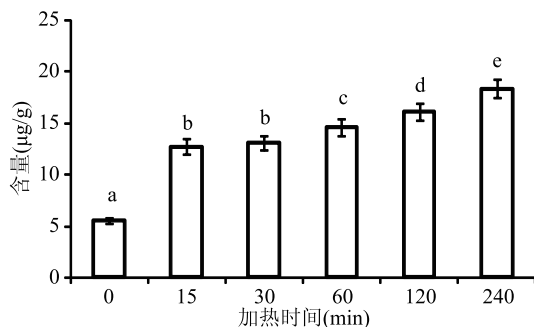


图2 加热时间对猪肉中 HMF 含量的影响

Fig.2 Effect of boiling time on HMF formation in pork meat

注:不同小写字母代表差异显著($p < 0.05$)。

由图2可知,猪肉样品中 HMF 的形成量随着加热时间的增加而显著增加($p < 0.05$),HMF 的含量由未处理的猪肉样品中为 $5.61 \mu\text{g/g}$ 增加到 $18.32 \mu\text{g/g}$,增加了约 2.3 倍,其变化趋势与色度的变化一致。食品加工过程中常用美拉德反应的产物的含量,如呋喃素、HMF、荧光化合物、丙烯酰胺等^[2,4,6-7],作为评定美

拉德反应修饰程度的指标,其中呋喃素常作为美拉德反应初级阶段的重要产物和指示物,可用于评定食品中蛋白质的营养特性和赖氨酸的损失程度,而美拉德反应的高级阶段及更深度的食品加工需要用其他指标进行评定,如 HMF 的形成量和色度等。

3 结论

体外消化性分析表明,猪肉中蛋白质的体外消化率随着热处理时间的增加呈现先增大后下降的趋势,且热处理的猪肉样品消化后形成的游离氨基酸含量远高于未经热处理的,即热处理的猪肉中蛋白质更易消化。

色度和中间产物 HMF 形成量分析表明,猪肉样品的色泽随着热处理时间的增加而加深,红色指数和黄色指数均增大,且美拉德产物中间产物 HMF 的形成量也增多,这表明猪肉样品加热过程中美拉德反应程度随着加热时间的延长而增大,蛋白质的修饰程度也增加。

参考文献

- [1] Carmody RN, Wrangham RW. The energetic significance of cooking[J]. Journal of Human Evolution, 2009, 57(4): 379-391.
- [2] Prestat C, Jensen J, McKeith FK, et al. Cooking method and endpoint temperature effects on sensory and color characteristics of pumped pork loin chops [J]. Meat Science, 2002, 60(4): 395-400.
- [3] Wen S, Zhou G, Li L, et al. Effect of cooking on *in vitro* digestion of pork proteins: A peptidomic perspective[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2015, 63(1): 250-261.
- [4] Domínguez R, Borrajo P, Lorenzo JM. The effect of cooking methods on nutritional value of foal meat [J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2015, 43(11): 61-67.
- [5] 黄明, 黄峰, 张首玉, 等. 热处理对猪肉食用品质的影响[J]. 食品科学, 2009, 30(23): 189-192.
- [6] Trevisan AJB, de Almeida Lima D, Sampaio GR, et al. Influence of home cooking conditions on Maillard reaction products in beef[J]. Food Chemistry, 2016, 196(4): 161-169.
- [7] Erbersdobler HF, Somoza V. Forty years of furosine - Forty years of using Maillard reaction products as indicators of the nutritional quality of foods [J]. Molecular Nutrition & Food Research, 2007, 51(4): 423-430.
- [8] Rada - Mendoza M, Sanz ML, Olano A, et al. Formation of hydroxymethylfurfural and furosine during the storage of jams and fruit - based infant foods [J]. Food Chemistry, 2004, 85(4):

(下转第105页)

株形态一致。根据传统形态学鉴定结合分子生物学鉴定,进化树同源性比对结果与菌株形态特征基本一致。最终确定 8 株主要致霉菌株分别为 C1 米曲霉菌 (*Aspergillus oryzae*), C2 黑曲霉菌 (*Aspergillus niger*), C3 构巢曲霉菌 (*Aspergillus nidulans*), C4 烟曲霉菌 (*Aspergillus fumigatus*), C5 冠突曲霉菌 (*Aspergillus cristatus*), C6 层生镰刀霉菌 (*Fusarium proliferatum*), C7 木贼镰刀菌 (*Fusarium equiseti*) 和 C8 青霉菌 (*Penicillium aethiopicum*)。

通过对贵州薏米中致霉菌菌株的鉴定,确定薏米中的主要致霉菌株类型,为薏米储藏技术的开发研究提供了一定的参考依据,今后可以通过抑制霉菌生长条件等相关方法来抑制薏米储藏霉变,延长薏米的储藏时间,降低薏米储藏过程中微生物污染和对人类健康的危害。

参考文献

- [1] 杨红亚,王兴红,彭谦.薏苡仁抗肿瘤活性研究进展[J].中草药,2007,38(8):7-9.
- [2] 刘峰良,赵志辉,谢晶.谷物中真菌毒素的研究进展[J].广东农业科学,2012,39(19):115-119.
- [3] 林莉,秦礼康,张伟.薏米糠蛋白的提取工艺优化及其功能性质[J].食品科学,2015(2):46-51.
- [4] 涂鸿,秦礼康,韦柳燕,等.不同设备和工艺加工薏仁谷精米和碎米重金属污染评价[J].中国酿造,2016(3):120-123.
- [5] 吴雪辉,何淑华,谢炜琴.薏米淀粉的颗粒结构与性质研究[J].中国粮油学报,2004,19(3):35-37.
- [6] 熊柳,韩忠杰,孙庆杰.薏米粉及其淀粉的理化性质和淀粉消化性对比[J].中国粮油学报,2012,27(7):32-37.
- [7] 王晓敏,王惠,刘天行,等.一株不产生孢子的盐生海芦笋内生真菌鉴定[J].食品科学,2013,34(17):146-149.
- [8] Wen P C, Hinrichs S H, Rupp M E. Utilization of the internal transcribed spacer regions as molecular targets to detect and

- identify human fungal pathogens[J]. Medical Mycology, 2002, 40(1):87-109.
- [9] Belloch C, Fernández-Espinar T, Querol A, et al. An analysis of inter- and intraspecific genetic variabilities in the *Kluyveromyces marxianus* group of yeast species for the reconsideration of the *K. lactis* taxon[J]. Yeast, 2002, 19(3):257-268.
- [10] 章初龙,徐同. *Trichoderma harzianum* 及其近缘种的分子系统学研究[J]. 生物多样性, 2003, 11(1):10-19.
- [11] 郑雪芳,蓝江林,曹宜. 瓜类作物枯萎病病原菌的分类鉴定及 ITS 序列差异性分析[J]. 中国农业科学, 2008, 41(12):4077-4084.
- [12] Alwakeel. Molecular identification of isolated fungi from stored apples in Riyadh, Saudi Arabia[J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2013, 20(4):311-317.
- [13] 李闽真,马群飞,傅武胜. 市售中药材霉菌污染情况和优势种群分布的研究[J]. 中国卫生检验杂志, 2013(17):3351-3353.
- [14] Inouye S, Takizawa T, Yamaguchi H. Antibacterial activity of essential oil and their major constituents against respiratory tract pathogens by gaseous contact[J]. Journal of Antibacterial Chemotherapy, 2001, 47(4):565-573.
- [15] 魏景超. 真菌鉴定手册[M]. 上海:上海科学技术出版社, 1979:489-507.
- [16] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0[J]. Mol Biol Evol, 2007, 24(8):1596-1599.
- [17] Weidenböcker M, Wiczorek C, Appel S, et al. Whole wheat and white wheat flour—the mycobiota and potential mycotoxins[J]. Food Microbiol, 2000, 17(1):103-107.
- [18] Al-Defiery MEJ, Merjan AF. Mycoflora of mold contamination in wheat flour and storage wheat flour[J]. Environ J, 2015, 1(2):18-25.

(上接第 82 页)

605-609.

- [9] Tornberg E. Effects of heat on meat proteins—Implications on structure and quality of meat products[J]. Meat Sci, 2005, 70(3):493-508.
- [10] Yu T-Y, Morton JD, Clerens S, et al. Proteomic investigation of protein profile changes and amino acid residue-level modification in cooked lamb longissimus thoracis et lumborum: The effect of roasting[J]. Meat Science, 2016, 119(9):80-88.
- [11] Yu T-Y, Morton JD, Clerens S, et al. Proteomic investigation of protein profile changes and amino acid residue level modification in cooked lamb meat: The effect of boiling[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2015, 63(41):9112-9123.
- [12] Deb-Choudhury S, Haines S, Harland D, et al. Effect of cooking on meat proteins: Mapping hydrothermal protein modification as a potential indicator of bioavailability[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2014, 62(32):8187-8196.
- [13] Choi SJ, Kim HJ, Park KH, et al. Molecular characteristics of ovalbumin-dextran conjugates formed through the Maillard reaction[J]. Food Chemistry, 2005, 92(1):93-99.

- [14] Nunes A, Correia I, Barros A, et al. Sequential *in vitro* pepsin digestion of uncooked and cooked sorghum and maize samples[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2004, 52(7):2052-2058.
- [15] 王军,王忠合,宋凤艳,等.糖基化反应对鸡蛋清蛋白与低聚麦芽糖交联物活性和功能性的影响[J].现代食品科技, 2014, 30(10):22-29, 95.
- [16] 缪函霖,蒋璐,王锡昌,等.不同新鲜度金枪鱼肉蒸煮品质的研究[J].食品工业科技, 2014, 35(13):80-84, 295.
- [17] Lamberts L, Rombouts I, Brijs K, et al. Impact of parboiling conditions on Maillard precursors and indicators in long-grain rice cultivars[J]. Food Chemistry, 2008, 110(4):916-922.
- [18] Yu T-Y, Morton JD, Clerens S, et al. Proteomic investigation of protein profile changes and amino acid residue level modification in cooked lamb meat: The effect of boiling[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2015, 63(41):9112-9123.
- [19] Zheng L, Ren J, Su G, et al. Comparison of *in vitro* digestion characteristics and antioxidant activity of hot- and cold-pressed peanut meals[J]. Food Chemistry, 2013, 14(4):4246-4252.