

揉面过程中面团面筋蛋白结构的变化

Study on the changes of dough gluten protein structure during kneading

孟 莲¹周惠明^{1,2}朱科学¹郭晓娜¹MENG Lian¹ ZHOU Hui-ming^{1,2} ZHU Ke-xue¹ GUO Xiao-na¹

(1. 江南大学食品学院, 江苏 无锡 214122;

2. 江苏省现代粮食流通与安全协同创新中心, 江苏 南京 210000)

(1. School of Food Science and Technology, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China; 2. Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Grain Circulation and Safety, Nanjing, Jiangsu 210000, China)

摘要:研究了手工揉面过程中面团面筋蛋白结构的变化。结果表明:揉面过程中,揉面初期(2 min)面团游离巯基下降10.69%,二硫键增加4.48%,随后缓慢增长或下降;氢键显著增多($P < 0.05$),疏水作用力显著下降($P < 0.05$);二级结构中的无规则卷曲初始骤降56.52%, β -折叠初始增加32.34%,随后小幅增长或下降, α -螺旋和 β -转角无明显变化;面筋蛋白、麦醇溶蛋白、麦谷蛋白的SDS可萃取率均有不同程度下降;B/C-LMW-GS峰面积分别增加4.56%,2.61%,4.11%,6.73%,3.18%,0.81%, α -麦醇溶蛋白亚基峰面积分别降低22.42%,10.87%,11.59%,12.87%,9.22%,4.35%。手工揉面促进了面筋蛋白的交联聚合反应,使其蛋白构象朝着更为有序和稳定方向发展,进而增强了面团的黏弹性。

关键词:小麦面团;分子间作用;蛋白亚基;二级结构

Abstract: This experiment investigated the changes of the gluten protein structure of the dough during manual kneading. Results: At the first 2 minutes of kneading, the free sulfhydryl group in the dough was decreased by 10.69%, the disulfide bond was increased by 4.48%, and then was slowly increased or decreased; the hydrogen bonds was increased significantly ($P < 0.05$), and the hydrophobic force was decreased significantly ($P < 0.05$); the random coil in the secondary structure had an initial sharp drop of 56.52%, and the β -sheet had an initial increase of 32.34%, followed by a small increase or decrease, and the α -helix and β -turn have no significant changes; The SDS extractable rates of glutenin all decreased to varying degrees; the peak area of B/C-LMW-GS increased by 4.56%, 2.61%, 4.11%, 6.73%, 3.18%,

0.81%, and the peak area of α -gliadins decreased by 22.42%, 10.87%, 11.59%, 12.87%, 9.22%, and 4.35%, respectively. Hand kneading promoted the cross-linking polymerization reaction of gluten protein and made its protein conformation develop in a more orderly and stable direction, thereby enhanced the viscoelasticity of the dough.

Keywords: wheat dough; molecular interaction; protein subunit; secondary structure

揉面是手擀面制作工艺中至关重要的环节之一,也是手擀面口感爽滑筋道,深受人们喜爱的原因之一。目前,国内外对面条工艺的研究主要集中于和面、熟化。杨玉玲等^[1]研究了和面方式对面团流变学特性及面条品质的影响;Don等^[2]发现面团中麦谷蛋白大聚体含量随熟化时间的延长而升高;陈洁等^[3]研究了熟化温度,以期通过调整醒面温度获得不同用途的面团。而关于传统工艺中揉面这一环节的研究很少。Scepanovic等^[4]通过Tanner多模损伤模型,模拟理想揉面机几何形状,数值化研究了面团揉捏过程的微观结构损伤及流动行为。该研究是从力学角度探索理想化的揉面条件,未涉及揉捏对面团这一黏弹体系产生的作用和贡献。邵丽芳等^[5]研究发现,揉面可使冷冻熟面质构品质显著提升,手工揉面比机器揉面效果更为显著。但仍缺乏关于面团揉捏过程中面筋蛋白结构变化和交联机制的研究。

面筋形成过程主要是蛋白质分子通过氢键发生水合作用,蛋白质分子自身通过二硫键发生聚集^[6]。由于水合作用,面筋蛋白产生一定的内聚性和黏附性^[7]。通过SH-SS交换或在分子水平上发生非共价相互作用(氢键或疏水),诱导大分子聚集,并改变面筋的二级结构,使面团的物理和流变特性发生变化^[8]。麦醇溶蛋白使面团具有黏性和延展性,而麦谷蛋白通过聚合物网络的形成在面团的弹性中起关键作用,故面团的麦醇溶蛋白与麦谷

基金项目:国家自然科学基金(编号:31772006)

作者简介:孟莲,女,江南大学在读硕士研究生。

通信作者:周惠明(1957—),男,江南大学教授,博士。

E-mail: hmzhou@jiangnan.edu.cn

收稿日期:2019-12-16

蛋白的比例(Gli/Glu)影响面团的形成^[9]。此外,二硫键或疏水性相互作用可能会加速麦谷蛋白的聚集^[10-11]。

试验拟对手工揉面过程中面团面筋蛋白的结构变化规律及交联作用进行深入研究,为面条的品质改良和传统工艺发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 原料与试剂

小麦粉:金龙鱼麦芯粉,含水量 14.43%,蛋白质含量 9.95%,益海嘉里粮油有限公司;

十二烷基硫酸钠、尿素、乙二胺四乙酸、三羟甲基氨基甲烷、甘氨酸、异丙醇等:分析纯,国药集团化学试剂有限公司;

二硫苏糖醇、Ellman 试剂、 β -巯基乙醇:分析纯,美国 Sigma 公司;

乙腈:色谱纯,美国 Sigma 公司。

1.2 仪器与设备

和面机:JHMZ-200 型,北京东孚久恒仪器技术有限公司;

生化培养箱:LRH-250 型,上海一恒科学仪器有限公司;

物性分析仪:TA-XT plus 型,英国 SMS 公司;

傅里叶变换红外光谱仪:NEXUS 型,美国尼高力仪器公司;

高效液相色谱仪:LC-20AT 型,日本岛津公司。

1.3 方法

1.3.1 面团的制备 称取 200 g 小麦粉,96 g 去离子水与 2 g 盐于针式和面机中,混合 5 min,分别揉面 2,4,6,8,10,15 min 后,放置于 30 °C,湿度 80% 的恒温箱中静置 20 min,冷冻干燥,研磨成粉,过 80 目筛备用,每组试验至少重复 3 次。

1.3.2 面团质构特性的测定

(1) 硬度和弹性:用 A/DP 装置制备测试面团,采用 P/1S 型号探头,测试前、中、后速度分别为 2,1,5 mm/s,形变 35%,接触时间 1 s,触发力 5 g。

(2) 黏性:用 A/DSC 装置制备测试面团,采用 P/25 型号探头,测试前、中、后速度分别为 0.5,0.5,10.0 mm/s,应力 40 g,接触时间 0.1 s,触发力 5 g。

1.3.3 面团中游离巯基与二硫键含量的测定 根据 Beveridge 等^[12-13]的方法稍作修改。将冷冻面团(0.4 g)分散于 10.0 mL 0.2 mol/L Tris-Gly 缓冲液(pH 8.0,含 8 mol/L 尿素,3 mmol/L EDTA,1% SDS)中,搅拌提取 1 h。悬浮液 13 600 r/min 离心 10 min,收集上清液。测定游离巯基时,在 4 mL 上清液中加入 0.1 mL 10 mmol/L DTNB,室温反应 20 min,412 nm 处读取吸光度。测定总巯基时,将 0.1 mL β -巯基乙醇和 4 mL 0.2 mol/L Tris-

Gly 缓冲液加入 1 mL 上层清液,室温下振荡混合 1 h,加入 10 mL 12% 的三氯乙酸,再振荡混合 1 h,5 000 r/min 离心 10 min,取上清,重复 3 次,收集最终沉淀物,于 10 mL 0.2 mol/L Tris-Gly 缓冲液中溶解,加入 0.1 mL 10 mmol/L DTNB 混合,测定吸光度。

标准曲线的制备:将 L-半胱氨酸溶解在 0.2 mol/L Tris-Gly 缓冲液中,制备巯基标准溶液(0.00,0.02,0.03,0.04,0.05,0.06 μ mol/mL)。将 4 mL L-半胱氨酸溶液与 0.1 mL 10 mmol/L DTNB 溶液混合,测定溶液吸光度。建立巯基浓度与吸光度的关系标准曲线,按式(1)、(2)分别计算巯基、二硫键含量。

$$m = S \times \frac{n}{C}, \quad (1)$$

$$m_2 = \frac{m_1 - m_3}{2}, \quad (2)$$

式中:

m ——巯基含量, μ mol/g;

C ——冷冻面团浓度,g/mL;

S ——巯基浓度, μ mol/mL;

n ——上层清液稀释系数。

m_2 ——二硫键含量, μ mol/g;

m_1 ——总巯基含量, μ mol/g;

m_3 ——游离巯基含量, μ mol/g。

1.3.4 面团蛋白质分子间作用力的测定 参考 Gómez-Guillén 等^[14]的方法并修改,取 A、B、C 3 组样品各 0.1 g, A 样品加入 5 mL 0.6 mol/L NaCl(SA)溶液, B 样品加入 5 mL 0.6 mol/L NaCl 和 1.5 mol/L 尿素(SB)溶液, C 样品加入 5 mL 0.6 mol/L NaCl 和 8 mol/L 尿素(SC)溶液,混合均匀。4 °C 静止 1 h,3 000 r/min 离心 15 min,取上清液,采用考马斯亮蓝法测定上清液蛋白质含量。溶解在 SB 与 SA 溶液的蛋白含量差表示氢键;溶解在 SC 与 SB 溶液的蛋白质含量差表示疏水相互作用。

1.3.5 面团蛋白质二级结构的测定 参照 Chompoorat 等^[15-16]的方法并加以修改,将样品与 KBr 按比例(1:50,质量比)混合,研磨均匀,使用配套压片机制得透明薄片,进行全波长扫描(400~4 000 cm^{-1}),扫描次数 16,分辨率 4 cm^{-1} 。利用 Omnic 和 Peak Fit v4.12 软件分析数据,进行二阶导数拟合,根据各结构对应的区间范围计算其所占百分比含量。

1.3.6 面团蛋白质交联程度的测定 参照 Lagrain 等^[17]的方法并修改,准确称取一定量的面团冻干样品(含 1.00 mg 干基蛋白质),溶解于 1.0 mL 的样品缓冲液(含有 2.0% SDS 的 0.05 mol/L, pH 6.8 磷酸盐缓冲液)中,室温振荡 30 min,8 000 r/min 离心 10 min,取上清液过 0.45 μ m 滤膜备用。采用美国 Biosep-SEC-S4000 色谱柱(300 mm $\times$ 7.8 mm,15~500 kDa),流动相为 50% 乙腈

(含有 0.05% 的三氟乙酸),流速 0.9 mL/min,柱温 30 ℃,进样量 60 μL,紫外检测波长 214 nm。总面筋蛋白的提取用含有 2.0 mol/L 尿素和 1.0% 二硫苏糖醇的样品缓冲液溶解样品,其余操作步骤一致。

1.3.7 面团蛋白质亚基占比的测定 参考 Bruneel 等^[18]的方法并稍作修改,准确称取含有 50.00 mg 干基蛋白质的面团冻干样品,先用含有 0.4 mol/L 氯化钠的 1.5 mL 磷酸盐缓冲液(0.05 mol/L, pH 7.6)提取两次,弃上清液,再用 1.5 mL 的去离子水提取一次,弃上清液;将沉淀物用 1.5 mL 60% 乙醇提取 3 次,室温离心(15 000 r/min)后收集上清液,即为麦醇溶蛋白的提取液;沉淀物用 1.5 mL 含有 50% 异丙醇,2.0 mol/L 尿素,1.0% 二硫苏糖醇的 Tris-HCl 缓冲液(0.05 mol/L, pH 7.5)于 60 ℃ 下提取 3 次,室温离心(15 000 r/min)后收集上清液,即为麦谷蛋白的提取液,过 0.45 μm 滤膜后备用。选用德国 Nucleosil 300-5 C₈ 色谱柱,流动相分别为含有 0.1% 的三氟乙酸的超纯水(A 液)和含有 0.1% 的三氟乙酸的乙腈(B 液),洗脱条件为二元高压梯度洗脱,洗脱液中 B 的浓度为 24.0%~56.0%。流动相总流速 1 mL/min,柱温 50 ℃,进样量 100 μL,紫外检测波长 214 nm。参考 Wieser 等^[19-20]的方法将各峰区分,并计算各亚基所对应洗脱曲线的峰面积。

1.3.8 数据统计与分析 采用 SPSS 23.0 在 P<0.05 检验水平上进行显著性分析,数据表示为(平均值±标准差);采用 Origin 2016 制图。

2 结果与分析

2.1 揉面过程中面团质构特性的变化

由图 1 可知,揉面可使面团硬度、弹性和黏性增加,当揉面时间为 10~15 min 时,硬度大幅增加,黏性和弹性发生轻微下降。这可能是由于揉面初期,在力的作用下,

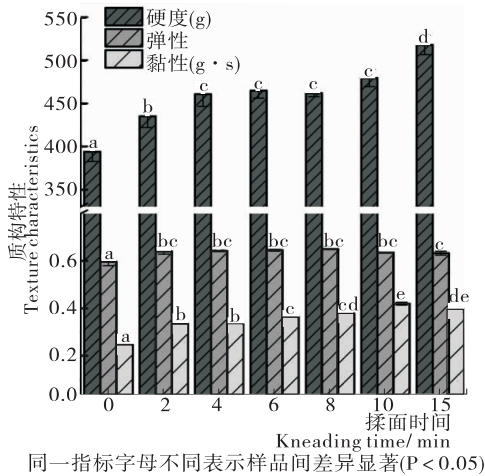


图 1 揉面过程中面团质构特性的变化

Figure 1 Changes in dough texture characteristics during kneading

面团中蛋白质大分子相互缠结,形成部分应力,使得面团变得坚韧和致密;揉面后期因外力作用时间过长,在内部产生的应力经熟化静置后并未完全消去,存在残余应力使得面团吸水能力和弹性性能轻微下降。

2.2 揉面过程中面团巯基与二硫键含量的变化

由表 1 可知,随着揉面时间的延长,巯基一二硫键互换增多,二硫键逐渐增加,表明此阶段,面筋蛋白内部发生了二硫键交联,且交联程度不断增强。当揉面时间为 2 min 时,游离巯基的减少率与二硫键的增长率分别为 10.69%, 4.48%, 随后缓慢互为转换;当揉面时间为 6~10 min 时,二者转换速率几乎为零;当揉面时间为 15 min 时,互换速率增大,游离巯基的减少率与二硫键的增长率分别为 17.19%, 5.09%。这可能是由于揉面初期,在力的作用下蛋白质分子与水分子深度接触,水合作用增强,水溶的氧分子促进了游离巯基氧化为二硫键;随着揉面时间的延长,水合作用进一步增强,直至饱和;揉面后期由于面团长时间被 360° 揉捏暴露于空气中,蛋白质分子与氧气接触增多,一定程度上促进了氧化作用。

表 1 揉面过程中面团巯基与二硫键的变化[†]

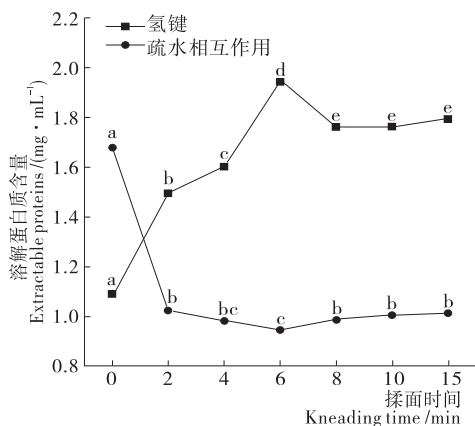
Table 1 Changes of sulfhydryl group and disulfide bonds in dough during kneading

揉面时间/ min	游离巯基/ (μmol · g ⁻¹)	二硫键/ (μmol · g ⁻¹)	总巯基/ (μmol · g ⁻¹)
0	1.59±0.04 ^a	2.01±0.03 ^a	5.61±0.11 ^a
2	1.42±0.06 ^b	2.10±0.06 ^b	5.61±0.17 ^a
4	1.36±0.04 ^b	2.11±0.04 ^b	5.61±0.07 ^a
6	1.27±0.02 ^c	2.17±0.02 ^b	5.61±0.07 ^a
8	1.29±0.03 ^c	2.16±0.02 ^b	5.61±0.08 ^a
10	1.28±0.04 ^c	2.16±0.05 ^b	5.61±0.13 ^a
15	1.06±0.08 ^d	2.27±0.06 ^c	5.61±0.23 ^a

[†] 同列字母不同表示有显著性差异(P<0.05)。

2.3 揉面过程中面团蛋白质分子间作用力的变化

由图 2 可知,揉面初期,氢键大量形成,随后含量趋于稳定;疏水相互作用先大幅下降后趋于平缓。当揉面时间为 0 min 时,疏水相互作用相对处于较高水平,氢键处于较低水平,是由于揉捏使面团中水分子与蛋白质分子进一步接触,蛋白质分子与水分子间的氢键结构取代了水-水氢键结构,蛋白质与水相互作用增强直至趋于饱和状态,此外,疏水相互作用与自由巯基的氧化有关,游离巯基氧化形成二硫键使蛋白质疏水相互作用降低^[21]。面团蛋白质分子与水分子的进一步结合,疏水相互作用下降,面筋蛋白分子聚集和缔合形成紧密的网络,提高了蛋白质的弹性,使其结构更加稳定,增强了面团的弹性,与上述质构特性结果一致。



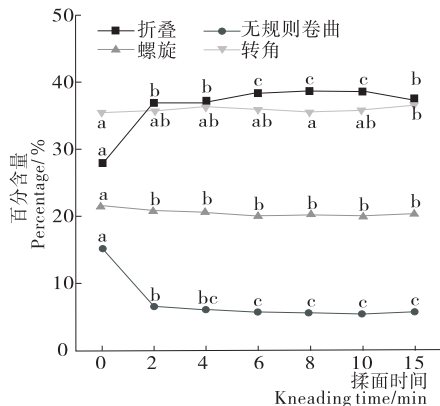
同一指标字母不同表示样品间差异显著($P < 0.05$)

图2 揉面过程中面团蛋白质分子间作用力的变化

Figure 2 Changes of protein intermolecular forces in dough during kneading

2.4 揉面过程中面团蛋白质二级结构的变化

酰胺 I 带对应的拉曼光谱可用于表征蛋白质二级结构变化, $1\ 614 \sim 1\ 640\ \text{cm}^{-1}$ 对应的谱峰可归于 β -折叠, $1\ 640 \sim 1\ 650\ \text{cm}^{-1}$ 对应的谱峰可归于无规则卷曲, $1\ 650 \sim 1\ 660\ \text{cm}^{-1}$ 对应的谱峰可归于 α -螺旋, $1\ 660 \sim 1\ 685\ \text{cm}^{-1}$ 对应的谱峰可归于 β -转角^[22-24]。由图 3 可知,揉面过程中面团的蛋白质二级结构: α -螺旋和 β -转角处于动态波动状态,基本无变化;无规则卷曲揉面初期骤降 56.52%, β -折叠揉面初期增加 32.34%,随后二者变化幅度较小。这表明揉面过程中面团蛋白质的构象变化主要取决于 β -折叠和无规则卷曲,进而影响面筋网络结构的形成。 β -折叠一般被认为是所有二级结构中最稳定的一种构象。Choi 等^[25]研究表明,相比 β -转角和无规卷曲, α -螺旋和 β -折叠属于比较有序化的构象,具有较高的稳定性。故揉面可大幅提升面筋蛋白结构的稳定性和有序性。随着揉面的进行, β -折叠有小幅度的增加和降低变



同一指标字母不同表示样品间差异显著($P < 0.05$)

图3 揉面过程中面团蛋白质二级结构的变化

Figure 3 Changes of dough protein secondary structure during kneading

化,与二硫键含量变化趋势一致,可能是由于二硫键有促进蛋白结构更易于形成 β -折叠的作用^[26]。

2.5 揉面过程中面团面筋蛋白可萃取率的变化

Pareyt 等^[27]研究表明,SDS 可萃取麦谷蛋白的保留时间为 5.00~7.25 min, SDS 可萃取麦醇溶蛋白的保留时间为 7.25~10.50 min。由图 4 可知,随着揉面的进行,麦谷蛋白的峰面积下降趋势不明显,麦醇溶蛋白的峰面积有不同程度的下降,揉面后期,麦醇溶蛋白峰面积有一定程度增加,但仍然低于 0 min 的。这表明在揉面阶段,麦醇溶蛋白发生聚合,而麦谷蛋白仅有轻微下降,结果不明显,有待进一步研究认证。

由图 5 可知,随着聚集过程的进行,SDS 可提取部分减少,SDS 不可提取部分增加^[28]。揉面过程中,麦谷蛋白

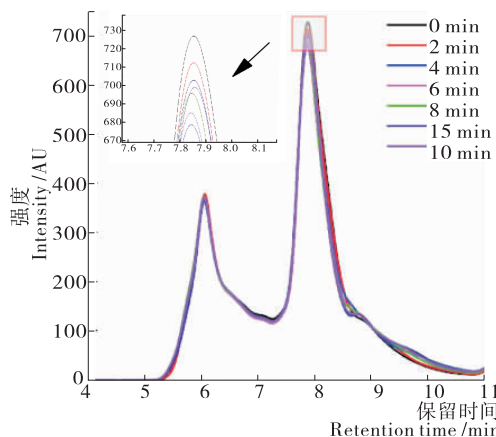
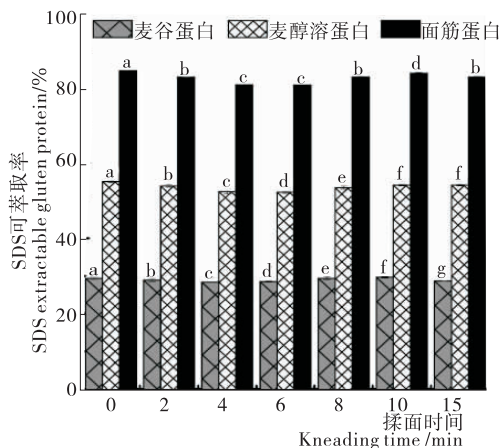


图4 揉面过程中 SDS 可萃取面筋蛋白的 SE-HPLC 图谱

Figure 4 SE-HPLC chromatogram of SDS extractable gluten protein during kneading



同一指标字母不同表示样品间差异显著($P < 0.05$)

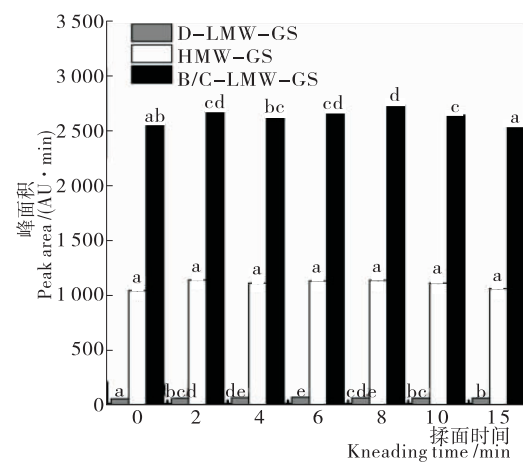
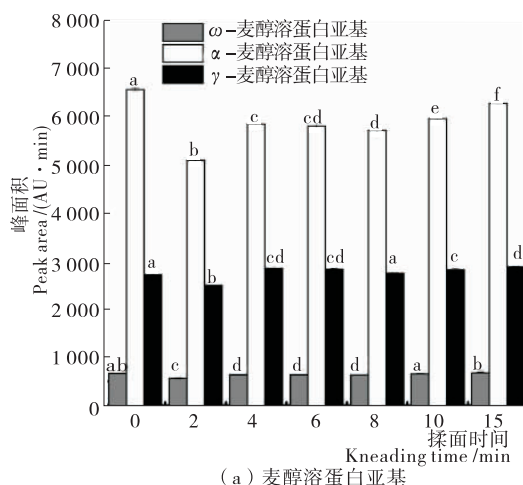
图5 揉面过程中面团面筋蛋白 SDS 可萃取率的变化

Figure 5 Changes in SDS extractable rate of dough gluten protein during kneading

萃取率下降幅度虽然较小,但不同样品间具有显著性差异($P<0.05$),麦醇溶蛋白萃取率揉面初期下降,揉面后期(8~15 min)有所提升,但仍然低于 0 min 的,与图 4 结果一致。揉面后期麦醇溶蛋白和麦谷蛋白的萃取率发生不同程度提升,可能是因为揉面后期面团已充分水合,且施加作用力时间过长,产生的机械可导致蛋白发生轻微解聚,或是使蛋白构象发生一定变化。

2.6 揉面过程中面团蛋白质亚基占比的变化

面筋提取物可分为两大类,分别是麦醇溶蛋白亚基(ω -、 α -、 γ -麦醇溶蛋白)和麦谷蛋白亚基(HMW-GS 和 LMW-GS),其中 LMW-GS 又可分为 B/C-LMW-GS 和 D-LMW-GS^[29-30]。由图 6 可知,揉面过程中, ω -麦醇溶蛋白亚基峰面积无明显变化, γ -麦醇溶蛋白亚基峰面积仅在揉面初期(2 min)发生下降,随后与初始值差异不大, α -麦醇溶蛋白亚基峰面积明显下降,尤其是揉面初期最为显著,与麦醇溶蛋白的 SDS 可萃取率下降趋势一致。



同一指标字母不同表示样品间差异显著($P<0.05$)
图 6 揉面过程中面团蛋白亚基的变化

Figure 6 Changes in dough protein subunits during kneading

揉面过程中 α -麦醇溶蛋白亚基峰面积分别降低了 22.42%, 10.87%, 11.59%, 12.87%, 9.22%, 4.35%, 表明随着揉面的进行,面团黏性和延展性得到加强。麦谷蛋白的 B/C-LMW-GS 峰面积显著增加, HMW-GS 峰面积无明显变化,说明揉面过程中麦谷蛋白交联程度增强主要是以低分子量麦谷蛋白为主。LMW-GS 是小麦面筋蛋白的主要成分之一,决定着面团的面筋强度和弹性^[31]。揉面过程中 B/C-LMW-GS 峰面积分别增加了 4.56%, 2.61%, 4.11%, 6.73%, 3.18%, 0.81%, 表明随着揉面的进行,面团弹性得到增强。

3 结论

随着揉面的进行,面团黏弹性增强,揉面初、中期(0~8 min)面团的游离巯基下降,二硫键增多,氢键增多,疏水作用力下降;二级结构中的 β -折叠增多,无规则卷曲下降, α -螺旋和 β -转角无明显变化;面筋蛋白、麦醇溶蛋白、麦谷蛋白的 SDS 可萃取率均有不同程度下降;麦谷蛋白主要是以低分子量蛋白发生交联聚合,麦醇溶蛋白的 α -、 γ -麦醇溶蛋白亚基参与了面筋蛋白的交联聚合反应。揉面后期(10~15 min),各指标或是趋势变得平缓或是发生不同程度反弹,但依然区别于初始值(0 min)。因此,在实际生产应用中,可增加揉面工艺,选取适当时间,可一定程度上改善面团的黏弹性,进而改善面条品质。试验仅从面团面筋蛋白结构构象或成分含量的变化解释面团黏弹性变化,后续可从非线性力学角度(如流变学特性等)定量或定性表征揉面过程中面团面筋蛋白黏弹性变化,使研究更加完善。

参考文献

- [1] 杨玉玲, 关二旗, 李萌萌, 等. 不同和面方式对面团流变特性及面条品质的影响[J]. 河南工业大学学报: 自然科学版, 2019, 40(5): 18-24, 52.
- [2] DON C, LICHTENDONK W J, PLIJTER J J, et al. The effect of mixing on glutenin particle properties: Aggregation factors that affect gluten function in dough[J]. Journal of Cereal Science, 2005, 41(1): 69-83.
- [3] 陈洁, 汪磊, 王远辉. 醒面温度对高水分面团流变学性质的影响[J]. 粮食与饲料工业, 2018(11): 16-20.
- [4] SCEPANOVIC P, GOUDOULAS T B, GERMANN N. Numerical investigation of microstructural damage during kneading of wheat dough[J]. Food Structure, 2018, 16: 8-16.
- [5] 邵丽芳, 朱科学, 郭晓娜. 和面及揉面方式对冷冻熟面品质的影响[J]. 食品与机械, 2017, 33(11): 28-32.
- [6] 王灵昭, 陆启玉. 面筋蛋白组分在制面过程中的变化及与面条质地差异的关系[J]. 河南工业大学学报: 自然科学版, 2005(1): 11-14.
- [7] TUHUMURY H C D, SMALL D M, DAY L. The effect of

- sodium chloride on gluten network formation and rheology[J]. *Journal of Cereal Science*, 2014, 60(1): 229-237.
- [8] CHEN Geng-jun, EHMKE L, MILLER R, et al. Effect of sodium chloride and sodium bicarbonate on the physicochemical properties of soft wheat flour doughs and gluten polymerization[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2018, 66(26): 6 840-6 850.
- [9] HE H, ROACH R R, HOSENEY R C. Effect of nonchaotropic salts on flour bread-making properties [J]. *Cereal Chemistry*, 1992, 69(4): 366-371.
- [10] WU Jian-ping, BETA T, CORKE H. Effects of salt and alkaline reagents on dynamic rheological properties of raw oriental wheat noodles[J]. *Cereal Chemistry*, 2006, 83(2): 211-217.
- [11] BUTOW B J, GRAS P W, HARASZI R, et al. Effects of different salts on mixing and extension parameters on a diverse group of wheat cultivars using 2-g mixograph and extensigraph methods[J]. *Cereal Chemistry*, 2002, 79(6): 826-833.
- [12] BEVERIDGE T, TOMA S J, NAKAI S. Determination of SH- and -SS- groups in some food proteins using Ellman's reagent[J]. *Journal of Food Science*, 1974, 39: 49-51.
- [13] CHAN Kin-yu, WASSERMAN B P. Direct colorimetric assay of free thiol groups and disulfide bonds in suspensions of solubilized and particulate cereal proteins[J]. *Cereal Chemistry*, 1993, 70(1): 22-26.
- [14] GOMEZ-GUILLEN M C, BORDERIAS A J, MONTERO P. Chemical interactions of nonmuscle proteins in the network of sardine (*Sardine pilchardus*) muscle gels[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 1997, 30(6): 602-608.
- [15] CHOMPOORAT P, HERNÁNDEZ-ESTRADA Z J, MULVANEY S J, et al. Comparison of rheological properties of wet gluten; Creep-recovery and biaxial compression [J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2018, 98: 197-203.
- [16] WANG Kai-qiang, LUO Shui-zhong, CAI Jing, et al. Effects of partial hydrolysis and subsequent cross-linking on wheat gluten physicochemical properties and structure[J]. *Food Chemistry*, 2016, 197(A): 168-174.
- [17] LAGRAIN B, BRIJS K, VERAVERBEKE W S, et al. The impact of heating and cooling on the physico-chemical properties of wheat gluten-water suspensions[J]. *Journal of Cereal Science*, 2005, 42(3): 327-333.
- [18] BRUNEEL C, BUGGENHOUT J, LAGRAIN B, et al. Redox agents and N-ethylmaleimide affect protein polymerization during laboratory scale dry pasta production and cooking[J]. *Food Chemistry*, 2016, 196: 646-653.
- [19] WIESER H. Comparative investigations of gluten proteins from different wheat species I Qualitative and quantitative composition of gluten protein types[J]. *European Food Research and Technology*, 2000, 211(4): 261-268.
- [20] SEILMEIER W, WIESER H. Comparative investigations of gluten proteins from different wheat species[J]. *European Food Research and Technology*, 2003, 217(4): 360-364.
- [21] 马涛, 周佳, 张良晨. 谷朊粉在面团中作用机理的研究[J]. *食品工业科技*, 2012, 33(15): 124-126.
- [22] BOCK J E, DAMODARAN S. Bran-induced changes in water structure and gluten conformation in model gluten dough studied by Fourier transform infrared spectroscopy [J]. *Food Hydrocolloids*, 2013, 31(2): 146-155.
- [23] JEONG S, KIM H W, LEE S. Rheological and secondary structural characterization of rice flour-zein composites for noodles slit from gluten-free sheeted dough[J]. *Food Chemistry*, 2017, 221: 1 539-1 545.
- [24] LI Yun-tong, CHEN Ye, LI Shu-hong, et al. Structural changes of proteins in fresh noodles during their processing[J]. *International Journal of Food Properties*, 2017, 20(S1): 202-213.
- [25] CHOI S M, MA C Y. Structural characterization of globulin from common buckwheat (*Fagopyrum esculentum Moench*) using circular dichroism and Raman spectroscopy[J]. *Food Chemistry*, 2007, 102(1): 150-160.
- [26] WELLNER N, MILLS E N, BROWNSEY G, et al. Changes in protein secondary structure during gluten deformation studied by dynamic Fourier transform infrared spectroscopy [J]. *Biomacromolecules*, 2005, 6(1): 255-261.
- [27] PAREYT B, BRUNEEL C, BRIJS K, et al. Flour sodium dodecyl sulfate (SDS)-extractable protein level as a cookie flour quality indicator[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2010, 58(1): 353-360.
- [28] SCHOFIELD J D, BOTTOMLEY R C, TIMMS M F, et al. The effect of heat on wheat gluten and the involvement of sulphhydryl-disulphide interchange reactions[J]. *Journal of Cereal Science*, 1983, 1(4): 241-253.
- [29] WIESER H. Chemistry of gluten proteins[J]. *Food Microbiology*, 2007, 24(2): 115-119.
- [30] SHEWRY P R, HALFORD N G, BELTON P S, et al. The structure and properties of gluten: An elastic protein from wheat grain[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B, Biological Sciences*, 2002, 357(1 418): 133-142.
- [31] CORNISH G B, BEKES F, ALLEN H M, et al. Flour proteins linked to quality traits in an Australian doubled haploid wheat population[J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 2001, 52(12): 1 339-1 348.