DOI:10.12441/spyswjs.20260628001 [文章编号] 1673-1689(2026)07-0039-09

内源性蛋白质调控对米饭消化特性的影响

朱炤东[1,2] 鲍 涛[1,2] 欧颖仪[2] 李 晶[2] 郑家宝[1] 孙为正[1*]

(1. 华南理工大学食品科学与工程学院,广东 广州 510641; 2. 佛山市顺德区美的电热电器制造有限公司,广东 佛山 528311)

摘要:【目的】探究烹饪过程中大米蛋白质减少量对米饭消化特性的影响,揭示米饭淀粉-蛋白质复合物的交联机制。**【方法】**基于电饭煲烹饪体系的米汤收集装置,通过降低蛋白质质量(149.31~258.02 mg),比较不同处理组米饭的质构特性、水分分布与体外消化率,解析蛋白质减少量对淀粉-蛋白质交联的分子作用机制。**【结果】**降低大米蛋白质质量可显著提高米饭的体外消化率,当蛋白质减少量为227.47 mg时,淀粉体外消化率由(85.89±3.03)%提升至(94.17±1.08)%,蛋白质体外胃消化率由(38.88±1.75)%提升至(43.55±2.25)%。体外胃消化0、1、2 h样品的淀粉-蛋白质交联程度均显著下降。**【结论】**降低大米中的蛋白质质量能够抑制淀粉-蛋白质复合物的形成,促进淀粉与蛋白质酶切位点暴露,从而显著提高米饭的体外消化率。

关键词:米饭;消化特性;淀粉;内源性蛋白质;交联

Effects of Endogenous Protein Modulation on the Digestive Properties of Cooked Rice

ZHU Zhaodong[1,2] *BAO Tao*[1,2] *OU Yingyi*[2] *LI Jing*[2] *ZHENG Jiabao*[1] *SUN Weizheng*[1*]

(1. School of Food Science and Engineering, South China University of Technology, Guangzhou 510641, China; 2. Foshan Shunde Midea Electrical Heating Appliances Manufacturing Co., Ltd., Foshan 528311, China)

Abstract: [**Objective**] This study explored the effects of protein reduction during rice cooking on the digestive properties of cooked rice, aiming to reveal the cross-linking mechanism of starch-protein complexes. [**Method**] The rice-water collection device integrated into a rice cooker system was employed to regulate the protein reduction amount ranging from 149.31 to 258.02 mg. The textural properties, moisture distribution, and *in vitro* digestibility of cooked rice in different groups were systematically compared. In addition, the molecular mechanism by which protein reduction influenced starch-protein cross-linking was investigated. [**Result**] Protein mass reduction significantly improved the *in vitro* digestibility of cooked rice. When the protein reduction amount reached 227.47 mg, the *in vitro* starch digestibility increased from (85.89±3.03)% to (94.17±1.08)%, while the *in vitro* gastric protein digestibility increased from (38.88±1.75)% to (43.55±2.25)%. Moreover, the degree of starch-protein cross-linking significantly decreased after 0 h, 1 h, and 2 h of *in vitro* gastric digestion. [**Conclusion**] Protein mass reduction during rice cooking inhibited the formation of starch-protein complexes, thereby exposing more enzymatic hydrolysis sites in starch and protein. This structural modification contributed to the enhanced *in vitro* digestibility of cooked rice.

Keywords: cooked rice; digestive property; starch; endogenous protein; cross-linking

消化不良是常见的胃肠道不适症状之一,全球有20%~40%的人群受其困扰[1],主要症状包括上腹痛、腹胀、早饱和嗳气等[2-3]。除药物治疗外,通过提高食物消化率以减轻胃肠消化负担,为消

基金项目:国家“十四五”重点研发计划项目(2024YFF1106503);校企合作横向科研项目(2023440002000539)。

通信作者:孙为正(1983—),男,博士,教授,博士研究生导师,主要从事蛋白质化学与营养研究。E-mail:fewzhsun@scut.edu.cn

收稿日期:2026-06-28 **修回日期:**2026-07-27

化不良的辅助干预提供了新思路。

大米作为热带及亚热带国家的主食之一，在日常膳食结构中占有重要地位。因此，从食品加工角度提高米饭消化率，有望缓解消化不良相关症状。淀粉是大米的主要营养成分，其在人体内的消化主要依赖淀粉酶的作用[4]。然而，米饭的消化过程受多尺度结构因素的共同影响，主要包括米饭的宏观结构（淀粉组成和质构特性）[5-6]、介观结构（物质结合特性）[7]、微观结构（孔隙特性）[8]和纳观结构（淀粉结构无序化程度）[9-10]等。目前，消化不良人群常通过增加烹饪加水量，将米饭制备为软米饭或米粥，以减轻进食后的不适症状，但该方式会导致米饭的食用品质下降。另一改善途径是提高米饭淀粉的糊化度，但通常需延长烹饪时间或采用更严苛的烹饪条件[11]。

近年来，蛋白质对米饭淀粉消化的调控作用受到广泛关注。蛋白质作为大米中另一类主要营养成分，可通过物理效应（参与米饭致密微观结构的形成或对淀粉的包裹）或化学效应（淀粉与蛋白质通过氢键等分子间作用力结合）掩蔽淀粉中的淀粉酶结合位点，进而影响米饭淀粉的消化率[7,12-14]。已有研究表明，去除米饭中的部分蛋白质或采用化学试剂破坏淀粉-蛋白质相互作用，可提高米饭消化率[13]。然而，上述方法可能存在低蛋白质大米成本高、化学试剂残留难以去除等问题，难以在家庭烹饪中推广应用。因此，开发低成本且适用于家庭烹饪的米饭消化特性改善策略具有重要意义。

基于此，作者利用米饭烹饪过程中淀粉和蛋白质的起泡特性，设计了一种可在烹饪过程中收集米汤的电饭煲装置。通过预先加入过量水并进行中温浸泡，使大米中的部分蛋白质溶出至米汤中，再于沸腾阶段收集米汤，实现米饭蛋白质质量的调控。在此基础上，通过调节预加水质量和米汤质量，调控烹饪过程中的蛋白质减少量，系统考察了不同蛋白质减少量对米饭淀粉及蛋白质体外消化特性的影响；同时，从米饭宏观结构（质构特性和水分分布）、介观结构（淀粉-蛋白质相互作用）、微观结构（淀粉交联状态）和纳观结构（淀粉结构）等多角度解析其作用机制。本研究可为电饭煲烹饪工艺优化及米饭消化特性改善提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

大米：庆安青清米业有限公司；α-淀粉酶（≥5 U/mg）：美国西格玛公司；胃蛋白酶（≥30 U/mg）、胰酶（≥4 U/mg）：上海源叶生物科技有限公司；猪胆盐、氢氧化钠、氯化钙、氯化钾、磷酸二氢钾、磷酸氢二钾、碳酸氢钠、氯化镁、碳酸铵、尿素、硫脲、二硫苏糖醇、曲拉通 X-100、CHAPS 和磺基水杨酸：国药集团化学试剂有限公司。

1.2 仪器与设备

搅拌机：MJ-LZ25Easy121 型，广东美的生活电器制造有限公司；电饭煲：MB-CFB3081H 型，广东美的生活电器制造有限公司；物性分析仪：TA.XT Plus 型，英国 Stable Micro System 公司；低场核磁共振分析仪：NMI 20-040H-I型，苏州纽迈分析仪器股份有限公司；高速冷冻离心机：3K-15 型，德国 Sigma Laborzentrifugen 公司；紫外分光光度计：UV-1800 型，日本岛津公司；高效液相色谱仪：1260 Infinity II型，美国安捷伦公司；分析天平：ML304T 型，瑞士梅特勒托利多公司；水浴循环器：SC150-S15 型，美国赛默飞世尔科技公司；激光共聚焦显微镜：LSM900 型，德国蔡司公司；X 射线衍射仪（XRD）：X’Pert Powder 型，荷兰帕纳科公司。

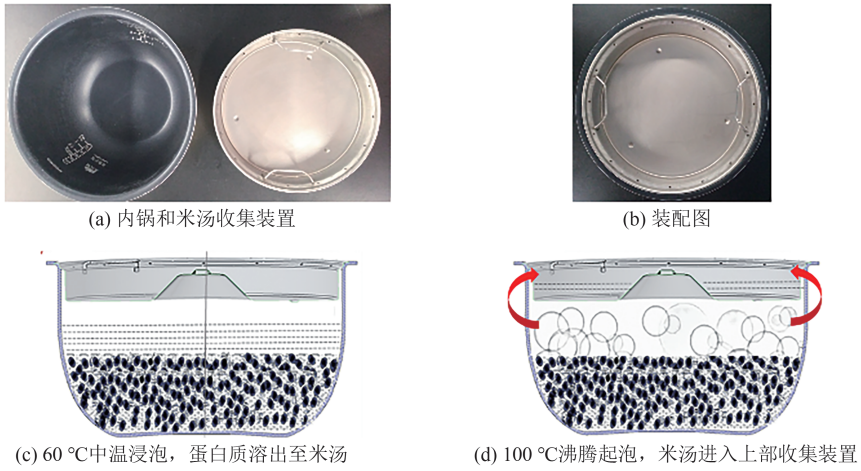
1.3 方法

1.3.1 米饭样品的制备

对照组按照米水质量比 480∶670 称量原料，其中米饭质量 480 g，采用电饭煲精华饭功能档进行烹饪。精华饭烹饪程序为：加热至 60 ℃并恒温浸泡 20 min（含升温时间），继续升温至 100 ℃维持 25 min（含升温时间）。易消化 1、易消化 2 和易消化 3 分别按米水质量比 480∶770、480∶970、480∶1 170 称量原料，并置于米汤收集装置中，选择易消化饭功能档进行烹饪。易消化饭烹饪程序为：加热至 60 ℃并恒温浸泡 20 min（含升温时间），继续升温至 100 ℃并收集米汤，约持续 8 min，最后于 100 ℃维持 17 min。烹饪结束后，立即开盖取样。易消化 1、易消化 2 和易消化 3 收集的米汤质量分别为（87.07±1.69）、（187.78±2.86）、（303.26±0.96）g。易消化组米饭烹饪过程见图 1。

1.3.2 蛋白质质量浓度的测定

参照 GB 5009.5—2025《食品安全国家标准



(a) 内锅和米汤收集装置　(b) 装配图

(c) 60 ℃中温浸泡，蛋白质溶出至米汤　(d) 100 ℃沸腾起泡，米汤进入上部收集装置

图 1　易消化组米饭烹饪过程示意图

Fig. 1　Diagram of the cooking process for the easily digestible rice

食品中蛋白质的测定》中的凯氏定氮法对米汤样品中蛋白质质量浓度进行测定[15]。

1.3.3　米饭硬度的测定

参照 T/CHEAA 0002—2018《电饭煲烹饪米饭品质评价方法》[16]对米饭硬度进行测定。取 87 g 米饭置于高 20 mm、直径 90 mm 的测试皿中，压平米饭后采用 P-36R 探头进行 TPA 测试。测试参数为：压缩比 75%，测前速度、测中速度和测后速度均为 0.5 mm/s。

1.3.4　米饭水分分布的测定

米饭水分分布的测试参照文献[17]的方法并稍加修改。采用低场脉冲核磁共振分析仪测定样品的横向弛豫时间（T_2），磁场强度为 0.5 T，质子共振频率为 20 MHz。将制备的米饭放入直径为 40 mm 的圆柱形样品管内，插入分析仪中。采用 CPMG 脉冲序列测定米饭的 T_2。测定参数为：采样频率 20 MHz，重复扫描 8 次，回波次数 3 000，回波时间 0.15 ms。

采用低场核磁共振分析仪测定米饭的水分分布状态，采用 SE 序列对样品进行质子密度成像分析。测定参数为：重复时间 260 ms，反转时间 20 ms，回波时间 20 ms，平均次数 8。

1.3.5　米饭的体外模拟胃肠消化

米饭的体外模拟胃肠消化参照文献[18-19]中的方法并稍加修改。

1）体外模拟口腔消化和胃消化：将 10 g 米饭与模拟唾液以质量比 1∶1 混合，加入 α-淀粉酶，使终体系中 α-淀粉酶活力为 75 U/mL。使用物性分析仪的 A/MEC 多重咀嚼测定装置进行 25 个周期的双向挤压循环。取 10 g 模拟口腔消化产物，将其与模拟胃液以质量比 1∶1 混合，调节 pH 至 3.0，于 37 ℃循环水浴消化杯中保温 15 min。加入胃蛋白酶，使终体系中胃蛋白酶活力为 2 000 U/mL，于 37 ℃磁力搅拌消化 2 h。分别于胃消化起点（0 h）、中点（1 h）和终点（2 h）取样，取样后立即用 NaOH 调节 pH 至 7.0 以终止消化。

2）体外模拟肠消化：将模拟肠液与体外模拟胃消化产物以质量比 1∶1 混合，加入猪胆盐和胰酶，使终体系中猪胆盐浓度为 10 mmol/L、胰酶活力为 200 U/mL，37 ℃磁力搅拌消化 2 h。消化结束后，沸水浴 15 min 以终止消化。

1.3.6　米饭淀粉体外胃肠消化率及蛋白质体外胃消化率的测定

1）米饭淀粉体外胃肠消化率的测定：参照 GB 5009.9—2023《食品安全国家标准 食品中淀粉的测定》中的酸水解法对米饭进行酸水解[20]。取 40 g 米饭与 80 g 水经搅拌机破碎 90 s 制得米糊，取 15 g 米糊于 250 mL 具塞三角瓶中，加入 85 mL 去离子水、30 mL 6 mol/L 的 HCl 溶液，于 100 ℃水冷凝回流 2 h。待冷却至室温后加入 2 滴甲基红指示剂，滴加 10 mol/L 的 NaOH 溶液至溶液变黄。用 6 mol/L 的 HCl 溶液调节 pH 至 7.0。加入 20 mL TCA 溶液（20 g/dL）摇匀，静置 30 min 以沉淀蛋白质。过滤后取滤液，用 10 mol/L 的 NaOH 溶液或 6 mol/L 的 HCl 溶液调节 pH 至 7.0，用去离子水定容至 500 mL。于 540 nm 处测定吸光度，以葡萄糖

为标准品绘制标准曲线，计算米饭经酸水解后的还原糖质量浓度。

取模拟胃肠消化后的样品，于 4 ℃、10 000 *g* 离心 15 min，取上清液，测定样品于 540 nm 处的吸光度，计算米饭经胃肠消化后的还原糖质量浓度。米饭淀粉体外胃肠消化率（%）为米饭经胃肠消化后的还原糖质量与米饭经酸水解后产生的还原糖质量比。

2）米饭蛋白质体外胃消化率的测定：参照 GB 5009.5—2025《食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定》中的凯氏定氮法，对米饭样品及经胃消化后样品的蛋白质质量浓度进行测定[15]。米饭蛋白质体外胃消化率（%）为米饭经胃消化后的蛋白质质量与米饭的蛋白质质量比。

1.3.7 米饭淀粉结晶结构的测定

米饭淀粉结晶结构的测定参照文献[21]的方法并稍加修改。米饭样品经液氮速冻后于−80 ℃冰箱冷冻过夜，真空冷冻干燥后粉碎，于−80 ℃冰箱保存备用。取冻干的米饭样品进行 XRD 扫描。扫描参数为：步长 0.013°，扫描速度 12（°）/min，衍射角（2θ）扫描范围 5°~50°。使用 MDI Jade 6 软件分析数据并计算相对结晶度。

1.3.8 米饭分子间作用力的测定

米饭分子间作用力的测定参照文献[22]的方法并稍加修改。采用不同提取体系分析蛋白质分子间的作用力，提取体系试剂包括磷酸缓冲液（phosphate buffer，PB）、尿素、二硫苏糖醇（dithiothreitol，DTT）、硫脲、曲拉通 X-100 和 CHAPS 缓冲液。PB 常用来提取天然状态下的蛋白质；尿素和硫脲用来破坏蛋白质非共价键，其中尿素更倾向于破坏氢键，硫脲更倾向于破坏疏水相互作用；曲拉通 X-100 和 CHAPS 可辅助硫脲破坏疏水相互作用；DTT 用来破坏二硫键。5 种提取体系分别为：1）0.1 mol/L PB+8 mol/L 尿素+0.05 mol/L DTT+2 mol/L 硫脲+20 g/L 曲拉通 X-100+20 g/L CHAPS；2）0.1 mol/L PB+8 mol/L 尿素+0.05 mol/L DTT；3）0.1 mol/L PB+0.05 mol/L DTT+2 mol/L 硫脲+20 g/L 曲拉通 X-100+20 g/L CHAPS；4）0.1 mol/L PB+8 mol/L 尿素+2 mol/L 硫脲+20 g/L 曲拉通 X-100+20 g/L CHAPS；5）0.1 mol/L PB。基于完全提取体系 1，依次减少某类试剂，以研究不同分子间的相互作用。

将 40 g 米饭和 80 g 水经搅拌机破碎 90 s 制得米糊。取 0.2 g 米糊与 7 mL 各提取体系溶剂，涡旋 2 min，于 25 ℃振荡 2 h，4 ℃、10 000 *g* 离心 20 min。取上清液并用 Bradford 试剂盒测定蛋白质质量浓度。

1.3.9 米饭淀粉−蛋白质交联状态的观察

米饭淀粉−蛋白质交联状态的观察参照文献[14]中的方法并稍加修改。分别取 1 mL 胃消化 0、1、2 h 的样品，加入 50 μL 含 5 mg/L 异硫氰酸荧光素和 5 mg/L 罗丹明 B 的混合溶液，充分混匀。取 10 μL 染色后的样品滴加至载玻片上，盖上盖玻片后于激光共聚焦显微镜下观察。采用 40 倍物镜分别于 488、561 nm 处激发染料，观察消化起点、中点和终点米饭蛋白质与淀粉的空间分布及交联状态。

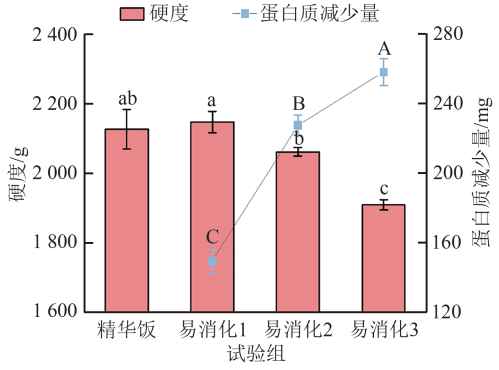
1.4 数据处理与分析

采用 SPSS 20.0 软件分析数据，所有试验至少重复测定 3 次。利用 Duncan 法检验数据之间的显著性，P<0.05 表示差异显著。

2 结果与讨论

2.1 米饭硬度和蛋白质减少量

米饭硬度是评价其食用品质的重要感官指标之一，对消费者的食用体验具有重要影响。根据中国家用电器协会发布的 T/CHEAA 0002—2018《电饭煲烹饪米饭品质评价方法》，粳米饭硬度 A 级范围为 2 000~2 200 g。易消化 1、易消化 2 样品的硬度与精华饭相比均无显著差异（P>0.05），且均属于 A 级，见图 2。易消化 3 的硬度显著低于其他样品（P<0.05），这可能是由于易消化 3 样品加水量较



不同大写字母表示组间蛋白质减少量差异显著（P<0.05）；不同小写字母表示组间硬度差异显著（P<0.05）。

图 2 不同米饭的硬度和蛋白质减少量

Fig. 2 Hardness and protein reduction amount of rice cooked under different conditions

多，而米汤质量未同步增加，导致体系内残留水增多，进而使米饭硬度下降。大米蛋白质减少量随米汤质量的增加而增大。在易消化米饭的加水质量均增加200 g的条件下，易消化2样品较易消化1样品的蛋白质减少量的增量为78.17 mg，显著高于易消化3样品较易消化2样品的增量（30.54 mg），表明蛋白质减少量并未随加水量增加呈等比例增长。这主要是由于易消化3样品加水量过多，稀释了米汤中的蛋白质，同时米汤质量的增幅随加水量增加而逐渐放缓，导致蛋白质溶出效率逐渐降低。

2.2　米饭的水分分布

为进一步解析米饭硬度的变化机制，作者测定了不同米饭的横向弛豫时间，见表1。所有样品均可检测到3种水分，这与文献[23]的研究结果一致。弛豫时间越短，水分流动性越弱，水分与蛋白质、脂质等大分子的结合程度越紧密。据此，可将米饭中的水分进行分类：弛豫时间为0~1 ms的T_{2b}组分代表结合水，是与大分子紧密结合的水分；弛豫时间为1~300 ms的T_{21}、T_{22}组分代表不易流动水，主要分布于米饭三维网络结构中。水分流动性与米饭三维网络结构疏松程度密切相关，疏松多孔的结构更利于水分的迁移与流动[24]。

表1　不同米饭的横向弛豫时间

Table 1　Transverse relaxation time of rice cooked under different conditions

样品	T_{2b}/ms	T_{21}/ms	T_{22}/ms
精华饭	0.26±0.33^{b}	4.09±0.15^{b}	47.69±0.00^{c}
易消化1	0.24±0.00^{b}	3.19±0.00^{c}	39.92±0.00^{d}
易消化2	0.41±0.01^{a}	4.75±0.18^{a}	60.01±0.00^{b}
易消化3	0.42±0.01^{a}	4.96±0.35^{a}	65.07±4.65^{a}

注：同列不同字母表示组间差异显著（P<0.05）。

与精华饭相比，易消化1样品的T_{2b}无显著差异（P>0.05），但T_{21}、T_{22}显著降低（P<0.05）。这表明精华饭样品中淀粉、蛋白质与结合水的结合状态无明显变化，但易消化1米饭的三维网络结构内的水分流动性降低。该现象可能与米饭结构更为致密有关，这也与易消化1样品的硬度相较于精华饭虽略有升高但差异不显著相吻合。相较于精华饭，易消化2、易消化3样品的T_{2b}、T_{21}、T_{22}均显著升高（P<0.05），表明这2组样品的水分流动性显著增强。这可能是由于米汤收集过程降低了米饭中的蛋白质质量，抑制了淀粉-蛋白质复合物的形成，促使米饭三维网络结构趋于疏松，进而提高了水分流动性，导致米饭硬度降低。

如图3所示，图像颜色越黄，代表弛豫信号越强，对应的样品水分体积分数及水分流动性越高；反之，颜色越紫，代表弛豫信号越弱，水分体积分数及水分流动性越低。与精华饭相比，易消化1样品的图像颜色更紫，说明其水的流动性减弱；而易消化2、易消化3样品的图像颜色更黄，说明其水分流动性增强，该结果与弛豫时间的变化趋势一致。

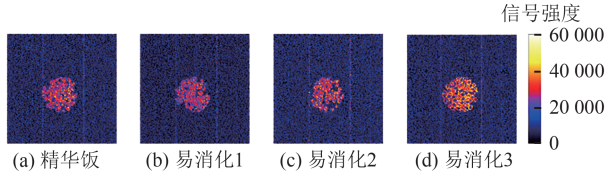
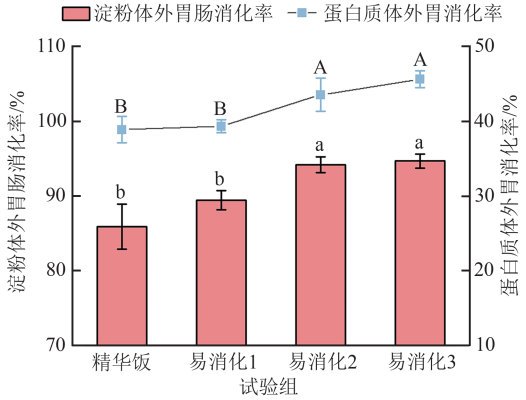


图3　不同米饭的低场核磁共振成像图

Fig. 3　LF-NMR relaxation imaging maps of rice cooked under different conditions

2.3　米饭淀粉体外胃肠消化率和蛋白质体外胃消化率

淀粉与蛋白质的主要消化场所为肠道，但与淀粉不同，蛋白质的消化从胃开始，其消化过程易受自身多尺度结构的影响，并进一步影响肠道阶段的整体消化率[25]。基于此，对米饭的淀粉体外胃肠消化率和蛋白质体外胃消化率进行了测定，见图4。与精华饭相比，易消化2、易消化3米饭的淀粉体外胃肠消化率和蛋白质体外胃消化率均显著升高（P<0.05），这可能与其硬度降低和水分流动性提升有关。已有研究表明，质地柔软、水分流动性较强的食物可通过提升机械破碎效率、降低消化酶扩散阻力、增加底物可及性等途径促进消化进程[26]。此外，大米内源性蛋白质可通过淀粉与蛋白质的交联作用显著抑制米饭淀粉的消化进程。相较于结合态蛋白质，游离态蛋白质的空间位阻更小、活性位点暴露更充分，更易与淀粉发生相互作用[12]。本研究中，米汤收集过程带走了部分游离蛋白质，降低了游离蛋白质与淀粉形成复合物的概率，有效减弱了淀粉-蛋白质复合物对酶扩散及底物暴露的阻碍作用，最终显著提升了米饭淀粉与蛋白质的体外消化率。



不同大写字母表示组间蛋白质体外胃消化率差异显著（P<0.05）；不同小写字母表示组间淀粉体外胃肠消化率差异显著（P<0.05）。

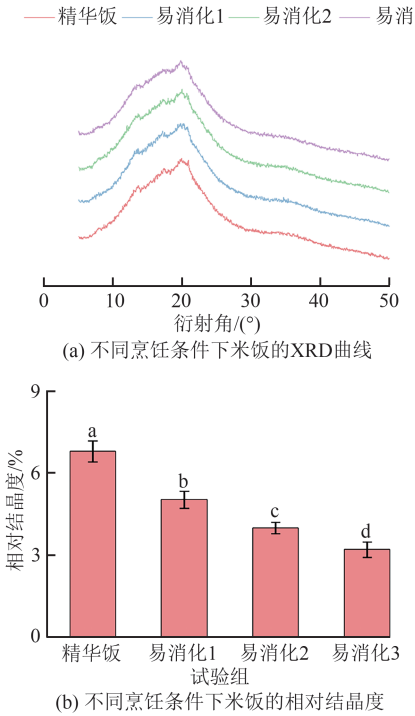
图 4　不同米饭的淀粉体外胃肠消化率和蛋白质体外胃消化率

Fig. 4　Starch *in vitro* gastrointestinal digestibility and protein *in vitro* gastric digestibility of rice cooked under different conditions

2.4　米饭的淀粉结构

淀粉颗粒主要由结晶区与无定形区组成，其中结晶区在 XRD 图谱中通常表现为尖锐衍射峰，半结晶结构与无定形区则主要表现为弥散衍射峰。不同烹饪条件下米饭的 X 射线衍射图见图 5（a）。精华饭在 13.5°、17.0°、20.0°观察到较弱的衍射峰，其中 13.5°与 20.0°为 V 型淀粉的特征衍射峰，17.0°的衍射峰与样品水分状态密切相关[27-28]。易消化样品在 13.5°和 20.0°的特征峰强度均低于精华饭，表明降低蛋白质质量可有效抑制烹饪过程中淀粉-蛋白质复合物的形成。在 17.0°衍射峰处，易消化 1 样品的特征衍射峰强度升高，而易消化 2、易消化 3 样品衍射峰强度降低，这与各样品水分流动性的变化规律一致。

如图 5（b）所示，所有易消化样品的相对结晶度相较于精华饭均显著降低（P<0.05），且随蛋白质减少量的加剧呈下降趋势。这可能是由于米汤收集过程去除了游离蛋白质，减少了游离蛋白质与淀粉形成复合物的机会，弱化了淀粉-蛋白质复合结构对淀粉糊化的限制作用，促使淀粉在烹饪过程中分子有序结构被破坏，最终表现为相对结晶度降低。淀粉相对结晶度降低意味着颗粒内部有序结构减少，更有利于淀粉酶吸附、扩散并作用于淀粉底物，这也是米饭淀粉体外胃肠消化率提高的重要原因。



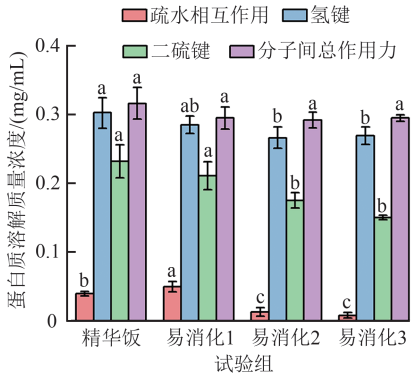
不同字母表示组间差异显著（P<0.05）。

图 5　不同米饭的 XRD 曲线和相对结晶度

Fig. 5　XRD curves and relative crystallinity of rice cooked under different conditions

2.5　米饭的分子间作用力

米饭中的蛋白质可通过物理屏障效应与化学相互作用共同调控淀粉的消化进程。为进一步阐明米饭体外消化率提升的机制，作者测定了不同溶剂处理下样品的蛋白质溶解质量浓度，各溶剂能够通过破坏样品的分子间作用力，减弱蛋白质间的结合作用，使蛋白质更易从聚集态结构中解离溶出，进而提高蛋白质溶解质量浓度。因此，该数值越高表明溶剂破坏的分子间作用力越强，即样品中的分子间作用力越强。如图 6 所示，氢键、疏水相互作用和二硫键共同参与了米饭三维网络结构的构建与稳定，且 3 种分子间作用力对米饭网络结构的贡献程度依次为：氢键>二硫键>疏水相互作用。氢键是维持米饭三维网络结构的主要作用力，这可能与米饭样品含水率较高有关[29]。与精华饭相比，易消化 1 样品的氢键无显著差异（P>0.05），而易消化 2、易消化 3 样品的氢键显著降低（P<0.05），这一变化与样品的 T_{2b} 变化相符。通常情况下，T_{2b} 越长，米饭体系中大分子对结合水的束缚能力越弱，间接反映了体系内氢键相互作用强度更低。二硫键主要由蛋白质分子内或分子



同一指标不同字母表示组间差异显著（P<0.05）。

图6　不同烹饪条件下米饭的分子间作用力

Fig. 6　Intermolecular forces of rice cooked under different conditions

间的巯基氧化交联形成，可维持蛋白质网络及淀粉-蛋白质复合结构的稳定[30]。与精华饭相比，易消化样品的二硫键均明显降低，其中易消化2、易消化3样品的二硫键显著降低（P<0.05），且二硫键随米汤蛋白质减少量的增加呈下降趋势。该结果进一步印证了游离蛋白质含量的降低会减少蛋白质参与淀粉-蛋白质交联的机会，从而削弱了二硫键对复合结构的稳定作用。疏水相互作用主要取决于米饭中淀粉与蛋白质疏水基团的暴露程度[31]。与精华饭相比，易消化1样品的疏水相互作用显著增强（P<0.05），而易消化2、易消化3样品的疏水相互作用显著降低（P<0.05），该变化规律与不易流动水的弛豫时间（T_{21}、T_{22}）变化趋势相反。这可能与米饭三维网络结构强度有关：疏水相互作用越强，淀粉与蛋白质疏水基团暴露程度越高，越易发生分子交联，形成结构更致密的三维网络结构，最终表现为硬度较高、水分流动性较弱；反之，疏水相互作用较弱时，米饭结构更疏松、硬度更低、水分流动性更强。

2.6　米饭的淀粉-蛋白质交联状态

分子间作用力结果可初步反映米饭中淀粉-蛋白质复合结构的紧密程度，但无法直观表征空间结构层面的物理屏障效应。因此，作者采用激光共聚焦显微镜进一步观察米饭在体外胃消化起点、中点和终点的淀粉与蛋白质空间分布及交联状态。由图7可知，经体外模拟口腔破碎处理后，易消化2、易消化3样品的米饭颗粒尺寸均小于精华饭，这可能与其硬度降低相关。在胃消化1、2 h的样品中，易消化2、易消化3样品的颗粒尺寸始终较小。较小的颗粒结构有利于暴露蛋白质的酶切位点，促进消化酶的扩散及其与蛋白质结合，进而提高蛋白质体外胃消化率。

图7中的绿色荧光区域代表蛋白质，红色荧光区域代表淀粉，黄色荧光区域表示红色与绿色信号的共定位，对应淀粉-蛋白质复合物或空间包埋结构。在体外模拟口腔破碎的样品中，易消化样品的黄色荧光区域均低于精华饭，说明米汤收集处理降低了淀粉与蛋白质的空间共定位和交联程度，有助于提高消化过程中的底物可及性。这一趋势在胃消化1、2 h样品中进一步显现，黄色荧光区域随消化时间延长持续减少。结果表明，米汤收集处理能够抑制淀粉-蛋白质复合物的形成，削弱蛋白质对淀粉的空间包埋和物理屏障作用，从而提高米饭淀粉体外胃肠消化率与蛋白质体外胃消化率。

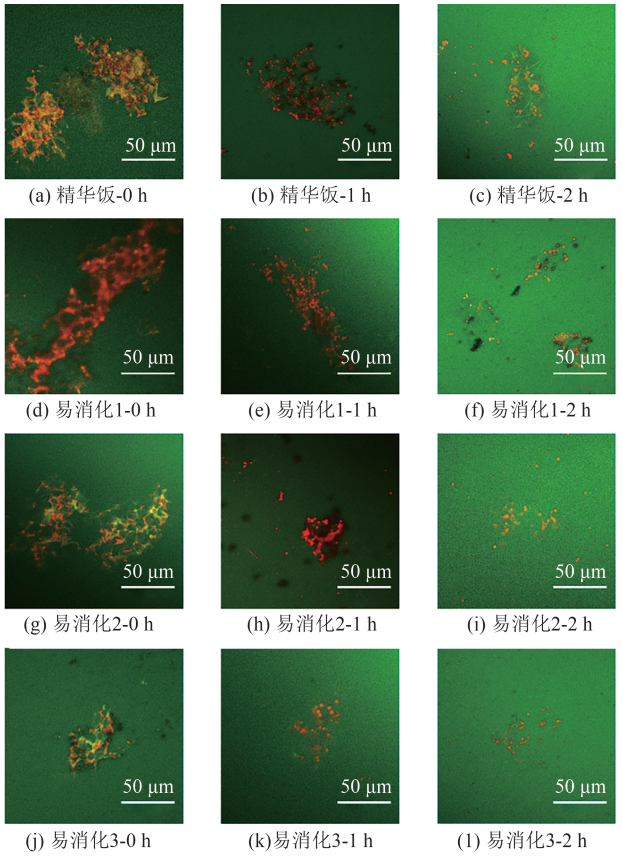


图7　不同米饭在体外胃消化0、1、2 h的淀粉-蛋白质交联状态

Fig. 7　Starch-protein cross-linking states of rice cooked under different conditions after 0 h, 1 h, and 2 h of *in vitro* gastric digestion

3 结论

作者基于烹饪体系构建了米汤收集装置，通过调控米饭中游离态蛋白质减少量，显著提高了米饭淀粉体外胃肠消化率和蛋白质体外胃消化率，并阐明了其内在机制。游离态蛋白质含量的降低可削弱米饭体系中淀粉-蛋白质相互作用，具体表现为体外消化起点、中点和终点样品中淀粉-蛋白质交联及空间共定位程度降低；同时促进了米饭淀粉在烹饪过程中的结构趋于无序，使米饭硬度降低、水分流动性增强。综上，基于降低蛋白质质量的电饭煲烹饪可有效提高米饭的体外消化率，可为开发易消化米饭烹饪程序提供理论依据和技术参考。该策略为减轻消化不良人群主食消化负担提供了新的辅助思路。后续需进一步开展体内消化及人体适用性研究，以验证该烹饪程序在复杂的口腔机械破碎、胃排空和胃肠动力学条件下对米饭真实消化行为的影响。

参考文献

[1] Ford A C, Mahadeva S, Carbone M F, et al. Functional dyspepsia[J]. Lancet, 2020, 396(10263): 1689-1702.

[2] Osadchuk M A, Svistunov A A, Balashov D V, et al. Functional dyspepsia: a multifaceted problem in gastroenterology[J]. Terapevticheskii Arkhiv, 2021, 93(12): 1539-1544.

[3] Stanghellini V, Chan F K, Hasler W L, et al. Gastroduodenal disorders[J]. Gastroenterology, 2016, 150(6): 1380-1392.

[4] 王馨雨，郭玉宝，李勤勤，等. 大米陈化处理对淀粉颗粒理化性质和淀粉结构的影响[J]. 中国粮油学报，2026，41(3)：41-51.
Wang X Y, Guo Y B, Li Q Q, et al. Effects of rice aging on the physicochemical properties and starch structure of starch granules[J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2026, 41(3): 41-51.(in Chinese)

[5] 申振琨. 低GI粗粮米粉的研制及品质改良[D]. 南昌：南昌大学，2025：7.

[6] 朱庆松，任双，陈亚蓝，等. 超声波-乳酸菌联合处理对发芽过程中稻谷营养品质及体外模拟消化特性的影响[J]. 食品与生物技术学报，2025，44(9)：91-99.
Zhu Q S, Ren S, Chen Y L, et al. Effects of combined ultrasonication and lactic acid bacteria treatment on nutritional quality and *in vitro* simulated digestibility characteristics of rice during the germination process[J]. Journal of Food Science and Biotechnology, 2025, 44(9): 91-99.(in Chinese)

[7] Lu X X, Ma R R, Zhan J L, et al. The role of protein and its hydrolysates in regulating the digestive properties of starch: a review [J]. Trends in Food Science & Technology, 2022, 125: 54-65.

[8] Benavent-Gil Y, Rosell C M. Performance of granular starch with controlled pore size during hydrolysis with digestive enzymes[J]. Plant Foods for Human Nutrition, 2017, 72(4): 353-359.

[9] Bao W J, Li Q, Wu Y W, et al. Insights into the crystallinity and *in vitro* digestibility of chestnut starch during thermal processing[J]. Food Chemistry, 2018, 269: 244-251.

[10] 刘惠惠，廖卢艳. 韧化处理对大米淀粉性质的影响[J]. 食品与生物技术学报，2023，42(3)：74-82.
Liu H H, Liao L Y. Effect of annealing on physicochemical properties of rice starch[J]. Journal of Food Science and Biotechnology, 2023, 42(3): 74-82.(in Chinese)

[11] 卢晓雪. 三种典型热加工过程中大米淀粉结构衍变及其影响机体血糖稳态机制[D]. 无锡：江南大学，2025：18.

[12] Wang S J, Chao C, Cai J J, et al. Starch-lipid and starch-lipid-protein complexes: a comprehensive review [J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2020, 19(3): 1056-1079.

[13] Li C F, Cao P P, Wu P, et al. Effects of endogenous proteins on rice digestion during small intestine (*in vitro*) digestion[J]. Food Chemistry, 2021, 344: 128687.

[14] Khatun A, Waters D L E, Liu L. The impact of rice protein on *in vitro* rice starch digestibility[J]. Food Hydrocolloids, 2020, 109: 106072.

[15] GB 5009.5—2025 食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定[S].

[16] T/CHEAA 0002—2018 电饭煲烹饪米饭品质评价方法[S].

[17] 黎秋云，李森，管骁，等. 真空联合超声对大米吸水和蒸饭特性的影响[J]. 食品与生物技术学报，2020，39(12)：42-48.
Li Q Y, Li S, Guan X, et al. Effect of vacuum combined with ultrasonic on the hydration and steaming properties of rice[J]. Journal of Food Science and Biotechnology, 2020, 39(12): 42-48.(in Chinese)

[18] Brodkorb A, Egger L, Alminger M, et al. INFOGEST static *in vitro* simulation of gastrointestinal food digestion [J]. Nature Protocols, 2019, 14(4): 991-1014.

[19] 朱炤东，龚艳玲，鲍涛，等. 针对米饭的体外口腔消化方法优化及压力烹饪米饭甜味比较[J]. 现代食品科技，2025，41(12)：191-199.
Zhu Z D，Gong Y L，Bao T，et al. Optimization of an *in vitro* oral digestion method for rice and comparative analysis of sweetness in pressure-cooked rice [J]. Modern Food Science & Technology，2025，41(12)：191-199.(in Chinese)

[20] GB 5009.9—2023 食品安全国家标准 食品中淀粉的测定[S].

[21] 薛薇，张聪男，王莉，等. 不同品种大米理化性质及其淀粉结构对米饭食用品质的影响[J]. 食品与生物技术学报，2022，41(9)：37-45.
Xue W，Zhang C N，Wang L，et al. Effects of physicochemical properties and starch structure of different rice varieties on rice eating quality[J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2022，41(9)：37-45.(in Chinese)

[22] Liu K L，Zheng J B，Chen F S. Effect of domestic cooking on rice protein digestibility[J]. Food Science & Nutrition，2019，7(2)：608-616.

[23] 黄玉莹，陈芷涵，金伟平，等. 微波复热对冷冻大米饭团品质与风味成分的影响[J]. 食品工业科技，2026，47(14)：83-92.
Huang Y Y，Chen Z H，Jin W P，et al. Effect of microwave reheating on the quality and flavor compounds of frozen rice balls[J]. Science and Technology of Food Industry，2026，47(14)：83-92.(in Chinese)

[24] 王丽爽. 挤压体系下复合米框架的构建及大米淀粉-米谷蛋白互作机制的研究[D]. 沈阳：沈阳农业大学，2024：84.

[25] Dressman J B. Comparison of canine and human gastrointestinal physiology [J]. Pharmaceutical Research，1986，3(3)：123-131.

[26] Capuano E，Janssen A E M. Food matrix and macronutrient digestion [J]. Annual Review of Food Science and Technology，2021，12：193-212.

[27] 闫溢哲，牛斌，史苗苗，等. V-型淀粉复合物稳定性研究[J]. 食品科技，2016，41(10)：213-218.
Yan Y Z，Niu B，Shi M M，et al. Study on the stability of V-type starch complex [J]. Food Science and Technology，2016，41(10)：213-218.(in Chinese)

[28] 栾惠宇. 基于XRD对淀粉晶体结构表征方法的探索[D]. 天津：天津科技大学，2020：26.

[29] Wang J，Zhao S M，Min G，et al. Starch-protein interplay varies the multi-scale structures of starch undergoing thermal processing [J]. International Journal of Biological Macromolecules，2021，175：179-187.

[30] Zhang X，Wang L L，Xu J，et al. Effects of endogenous proteins on the hydrolysis of gelatinized starch and their mechanism of inhibition [J]. Process Biochemistry，2022，113：134-140.

[31] Liu J S，Liu Q，Yang Y Y，et al. Effects of whey protein on the *in vitro* digestibility and physicochemical properties of potato starch [J]. International Journal of Biological Macromolecules，2021，193(Pt B)：1744-1751.