

# 企鹅珍珠贝蛋白质组成及重金属镉的分布

廖 艳<sup>1</sup> 蒋志红<sup>2</sup> 吴晓萍<sup>2</sup> 吴育廉<sup>1</sup> 章超桦<sup>2</sup>

1. 广东海洋大学现代生物化学实验中心, 湛江 524088; 2. 广东省水产品加工与安全重点实验室/  
广东普通高等学校水产品深加工重点实验室/广东海洋大学食品科技学院, 湛江 524088

**摘要** 为了解企鹅珍珠贝蛋白质组成及重金属镉在不同蛋白质组分中的分布特征, 对企鹅珍珠贝蛋白质进行分离, 利用石墨炉原子吸收光谱法进行镉的检测及用 SDS-PAGE 和 HPSEC 技术测定蛋白组分的相对分子量分布。结果显示: ①从企鹅珍珠贝全脏器中分离得到 3 种主要蛋白质组分, 各分离蛋白组分占总蛋白含量分别为肌浆蛋白 27.3%、肌原纤维蛋白 23.1%、总基质蛋白 50.0% (其中酸溶性基质蛋白 10.3%, 酸不溶性基质蛋白 39.7%; 碱溶性基质蛋白 22.1%, 碱不溶性基质蛋白 27.9%)。②肌浆蛋白、肌原纤维蛋白、酸溶性和碱溶性基质蛋白的相对分子量分布存在较大差异, 在 20~200 ku 的高分子量段, 肌浆蛋白和肌原纤维蛋白相对分子量分布范围较宽, 组成复杂, 酸溶性蛋白和碱溶性蛋白组成较为简单; 在 2~20 ku 的低分子量段, 肌浆蛋白和碱溶性蛋白由较多相对分子量组分构成, 而肌原纤维蛋白和酸溶性蛋白组成相对较简单。③总基质蛋白、肌浆蛋白和肌原纤维蛋白中的镉含量与蛋白质含量呈显著正相关 (相关系数为 0.998 5), 而在各基质蛋白质中, 镉的含量与蛋白质含量则呈显著负相关 (相关系数为 0.996 4), 说明镉在企鹅珍珠贝体内蛋白质中并不是平均分布的, 而是有选择性地结合在不同蛋白质组分上, 在温和提取条件下, 镉与蛋白质的结合态不被破坏, 而在极端 pH 条件下, 由于蛋白质变性可能会导致镉从中解离。

**关键词** 企鹅珍珠贝; 蛋白质组成; 镉; 分布

**中图分类号** Q 959.215 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2013)06-0132-06

传统的元素分析大多只对元素的总量进行检测, 以考察生物体受重金属污染的情况, 然而越来越多的环境学和毒理学研究结果证明, 化学元素的生物吸收率及其对生物的毒性不仅取决于金属的种类、理化性质, 而且还取决于其浓度以及其存在的价态和形态。简单地采用某一重金属的总含量、并以其离子态的毒性效应作为评价标准往往会高估其毒害效应<sup>[1-2]</sup>。对生物体内重金属的研究焦点近年来已由简单的含量测定逐渐转移到重金属在生物体内的分布及存在形态上。

此前笔者研究了贝肉中镉的脱除<sup>[3]</sup>及镉金属硫蛋白<sup>[4-5]</sup>等, 在进行镉金属硫蛋白的提取时发现, 贝类体内的重金属镉除了与金属硫蛋白相结合, 在其他蛋白质组分中也有较多分布。企鹅珍珠贝 (*Pteria penguin*) 养殖量大, 贝肉营养丰富, 具有重要的开发利用价值。企鹅珍珠贝粗蛋白的含量高达其干质量的 81.1%<sup>[6]</sup>, 是良好的贝类蛋白质资源。目前

对企鹅珍珠贝的研究多为养殖育种方面, 也有少量有关其营养<sup>[6-7]</sup>、功能性<sup>[8]</sup>等方面的研究。本文报道企鹅珍珠贝的蛋白质组成及镉在不同蛋白质组分中的分布情况, 以期有效填补这一方面研究的空白, 并为贝类重金属结合蛋白的研究及企鹅珍珠贝蛋白质资源的合理利用提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

1) 企鹅珍珠贝 (*Pteria penguin*)。采集于广东省徐闻县芳华珍珠养殖场, 贝龄为 2.5 a。

2) 试验试剂。电泳用相对分子量标准品, 购自北京鼎国生物技术有限公司; 色谱用相对分子量标准品: 磷酸异构酶 triosephosphate-isomerase (26 625 u), 肌球蛋白 myoglobin (16 950 u), 抑肽酶 aprotinin (6 512 u), 胰岛素 B insulin-B (3 496 u), 杆菌肽 bacitracin (1 423 u), 美国 Bio-Rad 公司; 马

收稿日期: 2013-03-31

基金项目: 现代农业产业技术体系项目 (CARS-48-07B) 和广东省科技厅农业攻关项目 (2010B 020313005)

廖 艳, 硕士研究生, 研究方向: 食品安全检测技术, E-mail: liaoyan39@163.com

通讯作者: 蒋志红, 硕士, 讲师, 研究方向: 水产品质量安全技术控制, E-mail: jzh2382@126.com

尿酰-组氨酰-亮氨酸 N-Hippuryl-His-Leu hydrate (433 u),北京华美生物技术有限公司;镉标准贮备液 GBW08612(1.0 mg/mL),国家标准物质研究中心;贻贝标准 GBW08571,中国科学院生态环境研究所国家海洋局第二海洋研究所;盐酸、硝酸、高氯酸为优级纯;其他试剂均为分析纯;试验用水均为超纯水。

3)主要仪器。Z-5000 塞曼原子吸收光谱仪(日本日立公司);LC-20AT 高效液相色谱仪(日本岛津公司);CR 22G 高速冷冻离心机(日本日立公司);T25 高剪切乳化分散机(德国 IKA 公司);DYY-12C 电泳仪(北京六一仪器厂);Gel Doc XR 凝胶成像系统(美国伯乐公司)。

## 1.2 试验方法

1)样品预处理。企鹅珍珠贝去壳、除杂,取全脏器官依次用蒸馏水、超纯水迅速洗净,沥干,用高速组织匀浆机匀浆,于-18℃下冻藏备用。

2)蛋白质的分离。按文献[9-10]方法略加改动后,对企鹅珍珠贝全脏器官蛋白质进行分离提取。

取企鹅珍珠贝全脏器官 10 g,加入 10 倍体积( $V/m$ )0.05 mol/L、pH 7.4 的磷酸盐缓冲液匀浆 2 min(匀浆 30 s,停 30 s),抽提 90 min(4℃,不时搅拌),10 000 r/min 离心 20 min,上清液为肌浆蛋白质。在肌浆蛋白质中加入等体积 10%( $V/m$ )的三氯乙酸(TCA),于 4℃冰箱放置过夜,同上离心,得上清液为非蛋白氮。上述除去肌浆蛋白后的残留物,加入 10 倍体积( $V/m$ )0.1 mol/L、pH 7.4 的磷酸盐缓冲液(含 1.1 mol/L NaCl),于 4℃冰箱放置过夜(不时搅拌),离心得上清液为肌原纤维蛋白质;沉淀用 10 倍体积( $V/m$ )的超纯水洗涤 3 次即得总基质蛋白质;总基质蛋白质用 10 倍体积( $V/m$ )0.1 mol/L 的醋酸于摇床振摇抽提 10 h(25℃,200 r/min),再于 4℃冰箱放置过夜,离心得上清液为酸性基质蛋白,沉淀为碱性基质蛋白;总基质蛋白用 10 倍体积( $V/m$ )0.1 mol/L 的 NaOH 同上于摇床振摇抽提 10 h,于 4℃冰箱放置过夜,离心得上清液为碱性基质蛋白,沉淀为碱性不溶性基质蛋白。

3)蛋白质和非蛋白氮含量的测定。采用微量凯氏定氮法测定各提取组分含氮量(g/100 g)。以肌浆蛋白、肌原纤维蛋白和总基质蛋白含氮量之和为 100%,计算各组分含氮量占总量的百分比。

4)蛋白质组分相对分子质量的测定。采用聚丙烯

酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)和高效体积排阻色谱(HPSEC)技术对蛋白质组分进行相对分子质量测定。SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)<sup>[11-12]</sup>,浓缩胶为 4%( $m/V$ )聚丙烯酰胺凝胶,分离胶为 12%( $m/V$ )聚丙烯酰胺凝胶,采用考马斯亮蓝 R250 进行染色,结果采用凝胶成像系统进行拍照。

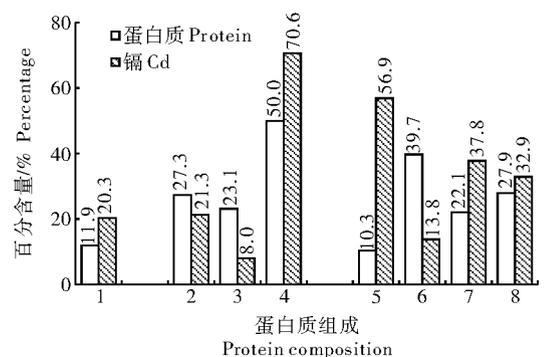
高效体积排阻色谱(HPSEC),分析柱为蛋白凝胶柱 PROTEIN-PAK 60(WAT085250)。分子质量测定范围在 1~20 ku。流动相为 0.05 mol/L Tris-HCl(pH 7.2),流速 0.7 mL/min,检测波长 214 nm,温度 25℃。

5)镉的测定。参照国标 GB/T5009.15.2003 方法,样品经湿式消解法消化后用石墨炉原子吸收光谱法测定消化液中镉含量(ng/mL),采用国家标准物质贻贝(GBW08571)验证方法的准确度。消化液中镉含量(ng/mL)经质量换算得到试样中镉含量(mg/kg),以肌浆蛋白、肌原纤维蛋白和总基质蛋白镉含量之和为 100%,计算各蛋白质组分镉含量占总镉量的百分比。

## 2 结果与分析

### 2.1 企鹅珍珠贝蛋白质组成及镉的含量分布

分别对各组分进行含氮量和镉含量测定,以肌浆蛋白、肌原纤维蛋白和总基质蛋白之和为总量,计算企鹅珍珠贝各蛋白质组分中的蛋白质和镉占总量的百分比,获得结果见图 1。



1. 非蛋白氮 Non-protein nitrogen; 2. 肌浆蛋白 Sarcoplasmic protein; 3. 肌原纤维蛋白 Myofibrillar protein; 4. 总基质蛋白 Total matrix protein; 5. 酸性基质蛋白 Acid soluble matrix protein; 6. 碱性基质蛋白 Acid insoluble matrix protein; 7. 碱性可溶性基质蛋白 Alkali soluble matrix protein; 8. 碱性不溶性基质蛋白 Alkali insoluble matrix protein.

图 1 企鹅珍珠贝蛋白质组成及镉的分布

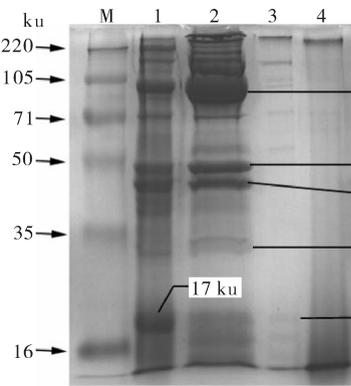
Fig. 1 The comparison of protein component and distribution of Cd in *Pteria penguin*

从图 2 可以看出,从企鹅珍珠贝全脏器蛋白质中分离得到的 3 种主要蛋白质组分中,蛋白质含量依次为:总基质蛋白(50.0%)>肌浆蛋白(27.3%)>肌原纤维蛋白(23.1%)。镉的含量分布依次为:总基质蛋白(70.6%)>肌浆蛋白(21.3%)>肌原纤维蛋白(8.0%)。用 TCA 沉淀法分离得到的非蛋白氮组分含氮量不足肌浆蛋白的一半,但肌浆蛋白中的镉几乎完全随之溶出。用酸(碱)进一步对基质蛋白进行抽提,得到的酸(碱)溶性基质蛋白均少于酸(碱)不溶性基质蛋白,但镉的分布则呈相反趋势。以蛋白质含量(%)为横坐标,Cd 含量(%)为纵坐标做图,得到两者的相关性曲线。其中镉在 3 种主要蛋白质组分中的分布与其蛋白质含量呈显著正相关(线性回归方程为  $y = 2.2758x - 42.845$ ,相关系数  $r = 0.9985$ ),随着蛋白质含量增大,镉含量也增大;而镉在酸(碱)溶性基质蛋白质中的分布与蛋白质含量则呈显著负相关(线性回归方程为  $y = -1.4408x + 71.34$ ,相关系数  $r = 0.9964$ )。

## 2.2 企鹅珍珠贝可溶蛋白质组分的相对分子质量分布

本文采用 SDS-PAGE 和 HPSEC 技术对肌浆蛋白、肌原纤维蛋白、酸溶性基质蛋白和碱溶性基质蛋白的相对分子质量进行测定,以考察这 4 种蛋白质的相对分子质量分布情况。SDS-PAGE 结果见图 2。从图 2 中可看出:4 种蛋白质组分的相对分子质量分布存在明显的差异性,肌浆蛋白和肌原纤维蛋白相对分子质量分布范围较宽,在  $>220$  ku、 $220 \sim 31$  ku 和  $<18$  ku 之间均有分布。肌浆蛋白在 80、47、43 和 17 ku 处各有 1 条明显的粗条带;肌原纤维蛋白在  $>71$  ku 处蛋白条带分布较为密集且颜色较深,另外两处粗条带出现在 47 ku 和 43 ku 处,特别是 80 ku 处的条带极粗,说明此处蛋白含量很高。酸溶性和碱溶性基质蛋白相对分子质量组成相对简单且含量较低,其中酸溶性基质蛋白在  $>47$  ku 和  $<18$  ku 处可见数条较浅的蛋白条带;碱溶性基质蛋白仅在  $>220$  ku 处可见一清晰条带,之后成连续带状,并在小于 18 ku 后出现较深色带,这与郑慧娜等<sup>[10]</sup>分离得到的马氏珠母贝碱溶性蛋白现象较为一致,可能是由于碱溶性基质蛋白中含有的蛋白尤其是低相对分子质量蛋白相对分子质量非常接近而在电泳中无法分开。另外肌浆蛋白、肌原纤维蛋白和酸溶性基质蛋白也在小于 18 ku 后出现较深连

续色带,这些低分子范围的蛋白质无法在电泳图上观测到。

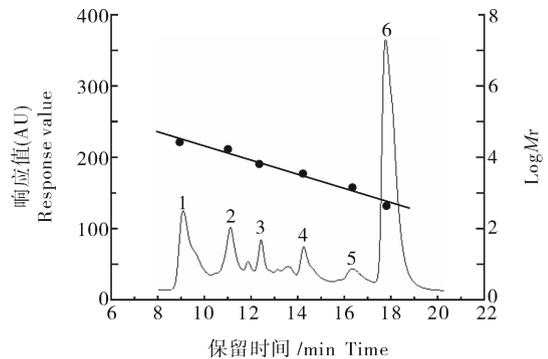


M: Marker; 1. 肌浆蛋白 Sarcoplasmic protein; 2. 肌原纤维蛋白 Myofibrillar protein; 3. 酸溶性基质蛋白 Acid soluble matrix protein; 4. 碱溶性基质蛋白 Alkali soluble matrix protein.

图 2 蛋白质组分 SDS-PAGE 图谱

Fig. 2 SDS-PAGE of protein components

图 3 是 6 种相对分子质量标准品的 HPSEC 图谱及标准曲线,相对分子质量回归方程为  $\log Mr = 6.4972 - 0.2261t_R$ ,相关系数  $r = 0.9877$ 。



1. 磷酸异构酶 Triosephosphate-isomerase(26 625 u); 2. 肌球蛋白 Myoglobin(16 950 u); 3. 抑肽酶 Aprotinin(6 512 u); 4. 胰岛素 B Insulin-B(3 496 u); 5. 杆菌肽 Bacitracin(1 423 u); 6. 马尿酸-组氨酸酰-亮氨酸 N-Hippuryl-His-Leu hydrate(433 u).

图 3 相对分子质量标准品 HPSEC 图谱及标准曲线

Fig. 3 HPSEC chromatogram of standard peptides and the standard curve of molecular weight

图 4 为企鹅珍珠贝各蛋白质组分的 HPSEC 图谱。由图 4 看出:在小于 20 ku 的低相对分子质量段,4 种蛋白相对分子质量分布差异也很明显。肌浆蛋白组成较复杂,在 1~20 ku 和小于 1 ku 有多处蛋白质吸收峰。肌原纤维蛋白组成相对简单,在 3~5 ku 间出现一个蛋白质强吸收峰,其他相对分子质量段未见明显的组分峰。酸溶性基质蛋白组成最为简单,仅在 5~10 ku 间有一明显吸收。碱溶性

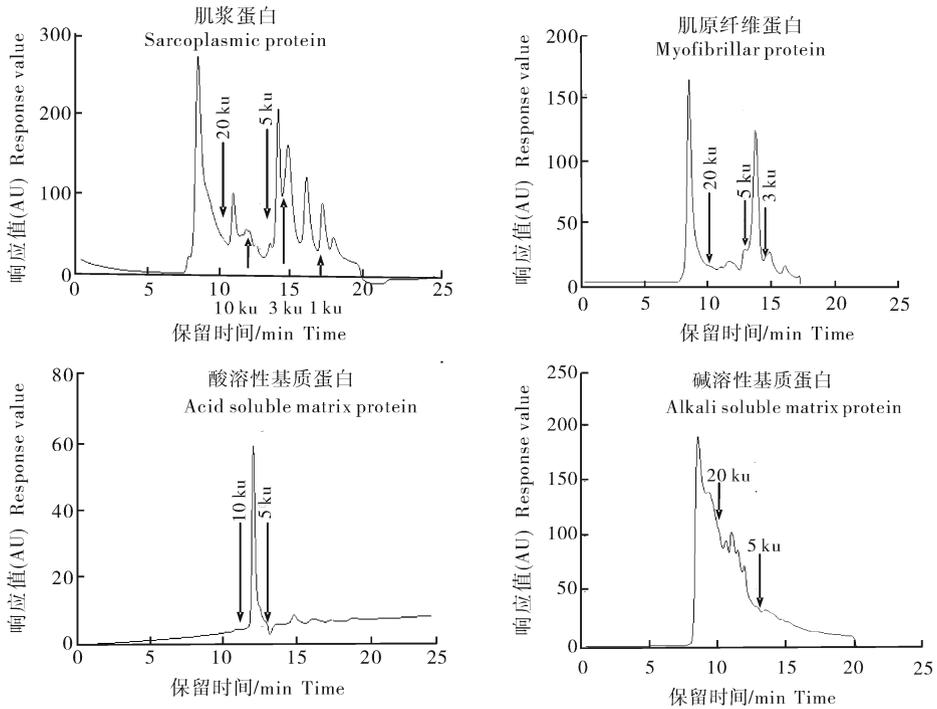


图 4 蛋白质组分 HPSEC 图谱

Fig. 4 HPSEC chromatogram of protein components

基质蛋白组分相对分子质量比较接近,在整个测定范围内呈连续分布。采用 HPSEC 法测定蛋白质相对分子质量,在分子质量 1~20 ku 范围内可清晰地观测到蛋白质的相对分子质量分布情况,与 SDS-PAGE 法可以成为互补。

### 3 讨论

我国水产资源丰富,对水产动物蛋白质组成的研究,可为其合理利用及储藏加工提供有价值的基础数据。丁玉庭<sup>[9]</sup>采用日本学者 Saito<sup>[13]</sup>的方法,分离测定了鲢、鳙、鳊、鲫等淡水鱼的 7 种蛋白质;在此基础上,邓高贵<sup>[14]</sup>、郑惠娜等<sup>[10]</sup>分别对青鳞鱼和马氏珠母贝蛋白质组成进行了较为系统的研究。另外对水产动物蛋白电泳图谱的分析,可为属种鉴别<sup>[15]</sup>、遗传进化<sup>[16]</sup>、病变<sup>[17]</sup>等方面提供理论基础。本文借鉴上述文献中蛋白质的分离方法,对企鹅珍珠贝蛋白进行分离,并测定了各蛋白质组分的含量、相对分子质量分布及重金属镉在不同蛋白质组分中的分布等,以期为合理、安全利用企鹅珍珠贝这一蛋白质资源提供有价值的基础数据。

本研究根据蛋白各组分溶解性的差异,对企鹅珍珠贝蛋白进行分离,得到肌浆蛋白、肌原纤维蛋白

和总基质蛋白 3 种主要蛋白质组分。企鹅珍珠贝与此前郑惠娜等<sup>[10]</sup>分离得到的马氏珠母贝蛋白质组分比较,既具有相似性,又略有不同。2 种珍珠贝的肌浆蛋白含量均约占蛋白质总量的 1/3 左右,这可能是贝类汤汁鲜美的缘由之一。而从企鹅珍珠贝肌浆蛋白中分离得到的非蛋白氮组分含量(11.9%)远高于马氏珠母贝(1.48%),非蛋白氮中主要包括游离氨基酸和核苷酸,这是最重要的呈味成分,提示企鹅珍珠贝肉可能比马氏珠母贝肉含有更多的呈味氨基酸。与其他水产品蛋白组分<sup>[9,18]</sup>含量相比较,企鹅珍珠贝总基质蛋白含量(50.0%)远高于鲢、鳙、鳊、鲫等淡水鱼肉和虾肉(<20.8%),而肌原纤维蛋白(23.1%)则远低于这几种水产品(>50.28%),这与马氏珠母贝蛋白组分特性十分相近<sup>[10]</sup>。贝肉相对于鱼肉具有更好的弹性口感,可能与其含有较高的基质蛋白有关,但其较低的肌原纤维蛋白含量,说明贝肉凝胶形成能力较差,因而不适宜作为鱼糜类食品原料。分别采用 0.1 mol/L 的 NaOH 和醋酸对企鹅珍珠贝的基质蛋白进行抽提,得到的碱溶性基质蛋白高于酸溶性基质蛋白(分别为 22.1%、10.3%),这与丁玉庭<sup>[9]</sup>的研究结果相似,而唐小丹<sup>[19]</sup>采用 pH 值调节法处理基质蛋白,经等电点沉

淀得到的酸溶蛋白则稍高于碱溶蛋白。因此,对于酸提还是碱提更容易使蛋白变性从而得到更多的基质蛋白所得的结论并不一致,这可能与原料蛋白质组成性质和采用的提取方法不同有关。

根据蛋白质溶解性的差异采用中性的盐溶液对企鹅珍珠贝蛋白质进行提取,对蛋白活性等的影响很小,因而镉与蛋白质的结合态不易被破坏。企鹅珍珠贝 3 种主要蛋白质组分中的镉含量与蛋白质含量呈显著正相关( $r=0.9985$ ),该结果可较为真实地反映镉在蛋白质中的实际分布规律。分别用醋酸和 NaOH 对总基质蛋白进一步进行抽提,得到的酸(碱)溶性基质蛋白均少于酸(碱)不溶性基质蛋白,但镉的分布则呈相反趋势,并且镉的分布与蛋白质含量呈显著负相关。原因可能是镉在基质蛋白中的分布是有选择性的,酸(碱)溶态蛋白中结合的镉多于不溶态镉,而酸溶态蛋白中结合的镉又多于碱溶态蛋白中结合的镉。另外,蛋白质分子在极端酸性或碱性条件下展开,分子内部巯基、疏水残基暴露,表面基团之间可能因此产生共价和非共价的相互作用<sup>[20]</sup>,可能导致部分结合态镉被解离出来。用强酸性的蛋白质变性剂 TCA 从肌浆蛋白中分离得到的非蛋白氮含量不足肌浆蛋白质的一半,但肌浆蛋白中镉的损失超过 95%。一方面,可能有部分镉存在于氨基酸、肽类等有机非蛋白含氮化合物或氨、铵盐等无机非蛋白含氮化合物中;另一方面,由于 TCA 呈强酸性,作为蛋白质变性剂使蛋白质构象发生改变,暴露出较多的疏水性基团,使之聚集沉淀,此时也有可能将与蛋白质结合的镉解离出来。此前我们发现,贝类体内的镉不仅仅只与金属硫蛋白结合,在其他大分子蛋白质组分中也有分布<sup>[4]</sup>,本研究更证实了镉在企鹅珍珠贝体内蛋白质中并不是平均分布的,而是有选择性地结合在不同蛋白质组分上,在温和提取条件下,镉与蛋白质的结合态不被破坏,而在极端 pH 条件下,由于蛋白质变性可能会导致镉从中解离。这为进一步研究贝类中镉的去除方法提供了基础理论。

对企鹅珍珠贝各蛋白质组分的相对分子质量分布的分析,可为开发特殊相对分子质量分布要求的制品提供基础理论数据。另外本研究首次对重金属镉在企鹅珍珠贝不同蛋白质组分中的分布特征及两者含量之间的相关性进行了分析,可为贝类重金属结合蛋白的研究和企鹅珍珠贝蛋白质资源的安全利

用提供基础理论依据。令人感兴趣的是,贝体内的镉除了分布在蛋白质中,还会与哪些生化成分相结合?企鹅珍珠贝中超过总镉量 70% 的镉存在于不溶性的总基质蛋白中,这部分镉的形态、结构和性质如何?都有待进行深入研究。

## 参 考 文 献

- [1] 陶澍,骆永明,曹军,等.水生与陆生生态系统中微量金属的形态与生物有效性[M].北京:科学出版社,2006:1-141.
- [2] 张翠,翟毓秀,宁劲松,等.镉在水生动物体内的研究概况[J].水产科学,2007,26(8):465-470.
- [3] 吴晓萍,廖艳,章超桦,等.柠檬酸和琥珀酸提取牡蛎匀浆液中镉的研究[J].上海海洋大学学报,2011,20(3):462-467.
- [4] 吴晓萍,廖爱琳,章超桦,等.企鹅珍珠贝镉金属硫蛋白的分离纯化及其多克隆抗体的制备[J].水产学报,2011,35(6):816-823.
- [5] WU X P, LIAO A L, ZHANG C H, et al. Determination of Cd-MT in *Pteria penguin* with indirect non-competitive ELISA [J]. Wuhan University Journal of Natural Science, 2011, 16(4):349-356.
- [6] 吴晓萍,周春霞,章超桦,等.企鹅珍珠贝全脏器的营养成分分析与评价[J].食品科学,2007,28(7):385-388.
- [7] 方富永,黄甫,邓陈茂,等.企鹅珍珠贝和马氏珠母贝软体部脂肪酸组成[J].水产科学,2007,26(7):384-386.
- [8] 左光扬,章超桦,高加龙,等.企鹅珍珠贝肉酶解产物的制备及其醒酒作用的初步研究[J].食品工业科技,2012,33(15):145-148.
- [9] 丁玉庭.鳗鲡鳊鲫鱼肉的蛋白质组成及分离研究[J].水产科学,1999,18(3):21-25.
- [10] 郑惠娜,章超桦,刘书成,等.马氏珠母贝蛋白的分离及分子量分布研究[J].水产科学,2008,27(9):447-451.
- [11] 郭尧君.蛋白质电泳实验技术[M].2版.北京:科学出版社,2005:72,85.
- [12] 陈钧辉.生物化学实验[M].4版.北京:科学出版社,2008:122-125.
- [13] SAITO T. Effect of thermal treatment on extraction of proteins from meats[J]. Bulletin of the Japanese Society of Scientific Fisheries, 1983, 49(10):1569-1597.
- [14] 邓尚贵.采用复合酶控制水解青鳉鱼蛋白的研究[D].广州:华南理工大学食品与生物工程学院,2004.
- [15] 蔡扬鹏,张农,刘光明.两种织纹螺肌肉蛋白的电泳鉴别[J].食品科学,2006,27(12):631-634.
- [16] 梁前进,彭奕欣.野生鲫鱼和五个金鱼代表品种的肌肉蛋白电泳分析[J].动物学研究,1994,15(2):68-75.
- [17] 章跃陵,卓奕明,朱永飞,等.南美白对虾人工感染细菌后肝脏脏中主要变化蛋白的研究[J].水产科学,2005(6):21-23.
- [18] 蓝尉冰,毛伟杰,池岸英,等.凡纳滨对虾肌肉蛋白质组成及分子量分布研究[J].食品工业科技,2012,33(9):49-52.

- [19] 唐小丹. 罗非鱼肉蛋白的分离及其性质研究[D]. 湛江: 广东海洋大学食品科技学院, 2011.
- [20] 莫文敏, 曾庆孝, 张孝祺, 等. 热处理和碱处理对可食性大豆分离蛋白膜性能的影响[J]. 食品工业科技, 2001, 22(3): 22-24.

## Protein compositions and distribution of cadmium in *Pteria penguin*

LIAO Yan<sup>1</sup> JIANG Zhi-hong<sup>2</sup> WU Xiao-ping<sup>2</sup> WU Yu-lian<sup>1</sup> ZHANG Chao-hua<sup>2</sup>

1. Modern Bio-Chemical Laboratory Center, Guangdong Ocean University,  
Zhanjiang 524088, China;

2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Product Processing and Safety/  
Key Laboratory of Advanced Processing of Aquatic Products of Guangdong  
Higher Education Institution/

College of Food Science and Technology, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088, China

**Abstract** The protein composition and distribution of cadmium in different protein composition were investigated in *Pteria penguin*. The contents of cadmium in different protein compositions which were separated from *Pteria penguin* were determined by atomic absorption spectrometry (AAS). Molecular weight distribution of different protein were determined by sodium dodecyl sulfonate-polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) and high performance size exclusion chromatography (HPSEC) chromatogram. In the present study, three protein compositions were separated from whole viscera of *Pteria penguin*, and content of each protein component in total protein were 27.3% sarcoplasmic protein, 23.1% myofibrillar protein, 50.0% total matrix protein (there were 10.3% of acid soluble matrix protein, 39.7% of acid insoluble matrix protein, 22.1% of alkali soluble matrix protein and 27.9% of alkali insoluble matrix protein in total matrix protein). There were a large respective divergence in the molecular weight distribution of sarcoplasmic protein, myofibrillar protein and acid/alkali soluble matrix protein, with sarcoplasmic proteins and myofibrillar protein exhibiting wide molecular weight distribution range of 20-200 ku and complex compositions, and acid/alkali soluble matrix protein having simple composition, while there were complex compositions of sarcoplasmic proteins and alkali soluble matrix protein and simple compositions of myofibrillar protein and acid soluble matrix protein in the low molecular weight range of 2-20 ku. The distribution of cadmium in three major protein compositions including total matrix protein, sarcoplasmic protein and sarcoplasmic protein exhibited a significantly positive correlation with contents of proteins ( $r=0.9985$ ), while the distributions of cadmium in different matrix protein had a significantly negative correlation with contents of proteins ( $r=0.9964$ ). The results suggested that cadmium did not evenly distribute in protein of *Pteria penguin*, but selectively combined with different protein components, and cadmium can not be dissociated from protein under mild extraction conditions, but it was dissociated from protein under extreme pH conditions.

**Key words** *Pteria penguin*; protein composition; cadmium; distribution