

Relevancia estructural y funcional de las globulinas 11S de fuentes vegetales: un enfoque para la alimentación sostenible

Structural and functional relevance of 11S globulins from plant sources: an approach to sustainable food

Jesús Eduardo Pizano-Galvez¹, Juan Alberto Osuna-Castro², Judith Esmeralda Urías-Silvas^{1*}

¹ Tecnología Alimentaria, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, Camino Arenero 1227, El Bajío, C.P. 45019, Zapopan, Jalisco, México.

² Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima, Autopista Colima-Manzanillo km 40, 28100 Tecomán, Colima, México.

*Autor de correspondencia: jurias@ciatej.mx

Palabras clave:

proteínas vegetales, tecnofuncionalidad, nutrición, industria alimentaria, proteínas de almacenamiento.

Keywords:

plant proteins, technofunctionality, nutrition, food industry, storage proteins.

Resumen

Las globulinas 11S son proteínas de almacenamiento o reserva con amplia distribución en una gran variedad de semillas y granos. La estructura cuaternaria, conformada por protómeros α - β , cuya subunidad ácida y subunidad básica están unidas por puentes disulfuro, explica muchas de las propiedades fisicoquímicas y tecnofuncionales, así como el condicionamiento de su comportamiento nutricional y el potencial para la generación de péptidos bioactivos. Esta revisión condensa el conocimiento disponible respecto al origen y diversidad de las globulinas 11S, así como los aspectos estructurales y su relación con la naturaleza fisicoquímica y funcional de dicha clase de proteínas y los métodos analíticos y computacionales para su estudio. Además de aplicaciones industriales y retos actuales en el panorama de investigación y el desarrollo alimentario.

Abstract

11S globulins are storage proteins widely distributed in a wide variety of seeds and grains. Their quaternary structure, consisting of α - β protomers, where their acidic and basic subunits are linked by disulfide bonds, explains many of their physicochemical and technofunctional properties, as well as their nutritional behavior and the potential for generating bioactive peptides. This review summarizes the available knowledge regarding the origin and diversity of 11S globulins, as well as their structural aspects and relationship with the physicochemical and functional properties of 11S globulins, and the analytical and computational methods used for their study. It also discusses industrial applications and current challenges in food research and development.

Recibido: 24 de octubre 2025

Revisado: 16 de diciembre 2025

Aceptado: 30 de diciembre 2025

Publicado: 23 de febrero 2026



Este artículo es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la licencia CC BY-NC-SA 4.0. Para ver una copia de esta licencia visite <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>



Introducción

Las proteínas de almacenamiento de semillas representan un reservorio de nutrientes fundamental para la germinación y crecimiento de la plántula y a su vez una fuente proteica de gran interés para la industria alimentaria y la nutrición humana. La biosíntesis de estas proteínas en la maduración del grano, su plegamiento en el retículo endoplasmático (RE) y posterior almacenamiento en cuerpos proteínicos, así como la respuesta al estrés, son factores que condicionan la calidad y cantidad de las fracciones: albúminas, prolaminas y globulinas: 7S y 11S (Vitale & Pedrazzini, 2022). Comprendidas en el conjunto de las proteínas de almacenamiento y siendo uno de los grupos más representativos, las globulinas 11S, también conocidas como leguminas, se distinguen por poseer una conformación cuaternaria relativamente conservada, atributo que explica su estabilidad fisicoquímica y determina su comportamiento tecnofuncional. Si bien, las primeras estructuras tridimensionales reportadas fueron resueltas mediante cristalografía de rayos X y sentaron las bases del modelo hexamérico característico, actualmente se han complementado las técnicas experimentales con modelados computacionales asistidos con inteligencia artificial para el estudio tanto de la conformación estática como la plasticidad molecular y estados de ensamble u oligoméricos (Jumper et al., 2021; Tamara et al., 2022). En perspectiva de la ciencia alimentaria, las leguminas son atractivas debido a su tecnofuncionalidad que permite el diseño de matrices alimentarias atractivas y con gran calidad nutricional. Sin embargo, aún se presentan retos y limitaciones como la solubilidad limitada en determinadas condiciones y el potencial alergénico en ciertos sectores de la población (Guo et al., 2024; Pi et al., 2021). Estos desafíos dan lugar a esfuerzos por optimizar procesos de extracción y modificación para obtener proteínas con mejor funcionalidad y seguridad, con escalabilidad y viabilidad económica, así como con reducción del impacto ambiental.

Esta revisión comprende los aspectos más relevantes respecto a la biosíntesis, caracterización estructural, tecnofuncionalidad, nutrición y aplicaciones alimentarias de las globulinas 11S a escala industrial. El objetivo de este trabajo es presentar un marco crítico que facilite la comprensión respecto al panorama estructural y funcional de las globulinas 11S.

Importancia de las globulinas 11S

Las globulinas 11S conforman una de las familias proteínicas más importantes pertenecientes a las proteínas de reserva en semillas, principalmente en leguminosas, pseudocereales y cereales como arroz y avena, y cumplen un papel crítico tanto en el desarrollo inicial de la plántula como en el valor nutricional y tecnológico en la pro-



ducción de alimentos. Este tipo de proteínas se sintetizan de manera masiva durante la maduración del grano en el endospermo o los cotiledones, según la naturaleza de la especie, y son almacenados en cuerpos proteicos y vacuolas hasta el proceso de germinación para ser utilizadas como fuente de aminoácidos, nitrógeno, carbono y azufre para el embrión en crecimiento (Ren et al., 2022; Yang et al., 2023). En un enfoque fisiológico, la acumulación de globulinas 11S en la semilla induce al sistema biosintético de la célula, en gran medida al RE, a la gestión de grandes flujos de proteína. Mismos que son capaces de activar respuestas de estrés proteostático, como la respuesta a proteínas desplegadas, que pautan la capacidad del RE para el plegamiento y procesamiento de proteínas de reserva. Alteraciones en este proceso pueden derivar en variaciones estructurales de las globulinas 11S como agregación, proporción de protómeros o subunidades y en algunas glicoleguminas, diferencias en grado y perfil de glicosilación; aspectos que pueden comprometer la funcionalidad de dicho tipo de proteínas de la semilla como ingrediente alimentario (Vitale & Pedrazzini, 2022).

Actualmente, en búsqueda de fuentes proteínicas alternativas, los canales de investigación se han centrado en cultivos vegetales y subproductos con alto contenido de globulinas 11S debido a su abundancia y sus propiedades tecnofuncionales de gran utilidad para la industria alimentaria (Tabla 1).

Tabla 1. Contenido de globulinas en semillas de interés alimentario

Semilla	Proteína Total (% peso seco)	Globulinas (% de la proteína total)	Globulinas Estimadas* (% peso seco)	Referencia
Garbanzo	25-29	53-60	13.3-17.4	Begum et al. (2023)
Frijol	27	49-80	13.2-21.6	Begum et al. (2023)
Chícharo	20-25	55-65	11-16.3	Wu et al. (2023)
Lenteja	20-30	44-70	8.8-21	Salaria et al. (2022)
Haba	27.6	69-78	19-21.5	Martineau-Côté et al. (2022)
Amaranto	17.8	16-35	2.9-6.2	Bojórquez-Velázquez et al. (2021)
Chía	18-25	52-64	9.8-14.7	San Pablo-Osorio et al. (2019)
Soya	40	40-50	16-20	Singh et al. (2015)

Nota. *El contenido de globulinas fue estimado a partir del porcentaje de globulinas respecto a la proteína total, considerando el contenido promedio de proteína reportado para cada semilla. Los valores pueden variar de acuerdo a la variedad, origen geográfico y condiciones de cultivo.

La elección de una fuente proteica vegetal idónea depende de factores como la fracción relativa de globulinas 11S en el proteoma de la semilla, la composición amino-



cídica de la misma y factores como el rendimiento agronómico, facilidad de extracción y el costo de producción. Hoy en día la soya es la fuente insignia relativa a la obtención de proteínas vegetales, destacando su contenido en glicinina (su globulina 11S), no solo en el panorama alimentario, sino también en el ámbito de la investigación donde al día de hoy sigue siendo un modelo referente en el entendimiento de la estructura y función de leguminas y vicilinas, como también son llamadas las globulinas 7S (Sim et al., 2021). Sin embargo, en los últimos años, cultivos como la chía han tomado gran importancia como potencial fuente de proteínas de alto valor biológico debido a su alto contenido proteico (18 a 25% en peso seco) del cual las globulinas 11S conforman la fracción mayoritaria, posicionando a este pseudocereal como una materia prima interesante para la industria de alimentos. No obstante, la investigación respecto a la purificación y caracterización de la globulina 11S de esta fuente vegetal sigue siendo limitada (Wang et al., 2024). Otra fuente de proteínas vegetales significativa es la semilla de amaranto, misma que tiene un contenido de proteína aproximado al 18% en peso seco. Actualmente las globulinas 11S de amaranto conocida como amarantina han sido foco de investigación respecto a su purificación, logrando purezas de hasta el 95% y caracterización estructural y tecnofuncional en las que destacan el modelado de su estructura tridimensional, capacidad de ensamble, solubilidad y capacidad emulsificante (Aguilar-Padilla et al., 2023). Asimismo, también se ha remarcado el uso de leguminosas como el chícharo, haba y frijol como fuentes alternativas de proteína vegetal en las que las globulinas, principalmente las leguminas, en el caso de las dos primeras, y en frijol la globulina 7S o faseolina, predominan en la fracción proteica, de acuerdo a la especie y variedad (Bianju et al., 2020; Srenuja et al., 2023; Xiao et al., 2025). A pesar de los avances científicos sobre el tema, aún existen brechas significativas como la falta de estudios comparativos entre especies, protocolos de extracción que minimicen la pérdida de la funcionalidad de las proteínas y la presencia de sabores indeseados en los productos finales. El abordaje de estos temas permitiría, en gran medida, tanto la generación de conocimiento para aumentar el entendimiento de la naturaleza estructural de las globulinas 11S y comportamiento en sistemas complejos para su aplicación en la formulación de nuevos productos o como sustituyente para análogos de proteínas animales.

Estructura de globulinas 11S

Las leguminas son sintetizadas como precursores polipeptídicos con un péptido señal N-terminal para el ingreso al RE. De este proceso resulta la conformación de una secuencia procesada en dos cadenas denominadas cadena ácida o cadena α (32 a 40 kDa) y cadena básica o cadena β (18 a 25 kDa). En el proceso de plegamiento



co/postraduccional en el RE se establecen puentes disulfuro tanto intramoleculares como inter-subunidad; este mecanismo desemboca en la formación de protómeros heterodiméricos α - β también conocidos como proglobulinas 11S. El ensamble de tres protómeros conforma un trímero que, en vacuolas, ocurre el procesamiento proteolítico en el sitio conservado Asn-Gly por acción de la asparagil endopeptidasa o legumaina y que, por asociación cara a cara con dos trímeros rotos, genera el hexámero nativo de las globulinas 11S. Esta conformación cuaternaria es responsable de la estabilidad de la molécula y de su comportamiento frente a variaciones de factores externos (Chen et al., 2020). La interfase de estabilización hexamérica a partir de la asociación de dos trímeros es dominada por regiones hidrofóbicas y contactos polares complementarios; usualmente, un puente disulfuro intercatenar se ubica en la región de contacto entre trímeros y contribuye fuertemente a la estabilidad del hexámero conformado. La superficie de contacto entre los trímeros comprende una región considerable del área superficial de la proteína; con ello se reduce la accesibilidad a sitios proteolíticos y se logra mayor estabilidad estructural frente a variaciones de temperatura. Asimismo, se han identificado residuos aromáticos y leucinas en estas regiones hidrofóbicas que actúan como anclas de la interfaz (Chamizo-González et al., 2022). La importancia de los puentes disulfuro en las globulinas 11S no solo se sustenta en el mantenimiento de los protómeros α - β , sino que también tienen la capacidad de estabilizar la asociación de los oligómeros; condiciones reductoras propician la ruptura de estos enlaces, conduciendo a la pérdida de la organización hexamérica y aumentando la accesibilidad proteolítica (Pengyu et al., 2021).

El estudio estructural de las globulinas 11S comprende una amplia lista de técnicas complementarias que cubren escalas espaciales y temporales distintas. Desde el estudio de la estructura secundaria local hasta la conformación cuaternaria completa, la dinámica conformacional e interacciones con ligandos. Iniciando con técnicas clásicas como la electroforesis en geles de poliacrilamida nativos (PAGE) en sus diferentes modalidades, cromatografía de exclusión molecular, ultracentrifugación analítica y dispersión dinámica de luz, las cuales son herramientas que permiten analizar la pureza y composición protomérica y ensamble de las globulinas 11S, mientras que técnicas como el dicróismo circular (DC), espectroscopia infrarroja por transformada de Fourier (FTIR) y calorimetría diferencial de barrido (DSC) proporcionan información respecto a la composición de estructuras secundarias y la estabilidad térmica de la molécula. Aumentando la resolución de las técnicas, la cristalografía de rayos X ha sido el pilar central para la descripción de estructuras de globulinas 11S a escala atómica; sin embargo, su dependencia de la obtención de cristales limita su aplicación, que la criomicroscopía electrónica (cryo-EM) no comparte y por ello se ha posicionado como una técnica



poderosa para la descripción de la conformación hexamérica y trimérica en condiciones próximas al estado nativo mediante la captura de poblaciones conformacionales heterogéneas (Rasheed et al., 2020; Van Drie & Tong, 2020). Estas herramientas son complementadas con procedimientos como la dispersión de rayos X a bajo ángulo, espectroscopía de masas en condiciones nativas y movilidad iónica (nMS/IMS) que permiten mediciones de masas y geometrías de complejos nativos, identificación de ligandos no covalentes y el seguimiento de transiciones hexámero-trímero con alta sensibilidad (Karch et al., 2022; Tamara et al., 2022). Hoy en día esta amplia batería de técnicas experimentales se integra con aproximaciones bioinformáticas avanzadas, iniciando con la predicción estructural mediante inteligencia artificial con herramientas emergentes como AlphaFold2 y RoseTTaFold hasta simulaciones de dinámica molecular, docking y modelado integrativo permitiendo relacionar la estabilidad interfacial, la respuesta a estímulos externos y la interacción con otras moléculas (Jeyaraj et al., 2025; Stofella et al., 2024). En conjunto, la convergencia de técnicas experimentales y computacionales ha permitido la obtención de modelos robustos y dinámicos de las globulinas 11S, describiendo no solo su conformación hexamérica y trimérica en el caso de las expresadas en *Escherichia coli*, sino también su plasticidad conformacional y mecanismos de disociación y ensamble que resultan de gran importancia para la comprensión de su funcionalidad biológica y alimentaria, y su potencial aplicación tecnológica y biotecnológica.

Relación estructura-función de las globulinas 11S: propiedades funcionales y características tecnológicas

El estudio de la relación entre la estructura y la funcionalidad de las globulinas 11S es de suma importancia, ya que cambios mínimos en la secuencia, la modificación y conformación postraduccional o durante el procesamiento industrial se pueden traducir en cambios de las propiedades tecnofuncionales de las mismas, que a su vez determinan la calidad de una fuente de proteína de alta calidad para aplicaciones en la industria de alimentos.

La solubilidad de las globulinas 11S es una característica multifactorial, regida por la carga neta de las moléculas, en la que intervienen directamente el punto isoelectrico (pI), la distribución de residuos hidrofóbicos e hidrofílicos en la superficie de la proteína, la presencia de enlaces disulfuro y la conformación oligomérica de la proteína. En términos prácticos, las globulinas 11S presentan mínima solubilidad en ambientes con pH cercano al pI de la globulina específica, y la solubilidad aumenta a pH alejados del pI, donde la repulsión electrostática es mayor y se favorece la disociación de agregados proteicos (Gul et al., 2023). Asimismo, la fuerza iónica tiene



una doble influencia sobre la solubilidad de la proteína: un rango bajo de fuerza iónica en el medio causa el fenómeno “salting-in” que aumenta la solubilidad al estabilizar las cargas, mientras que a alta fuerza iónica provoca el efecto “salting-out” produciendo la precipitación proteica por competencia de los iones con interacciones proteína-agua (Johansson et al., 2023; Kang et al., 2021).

Básicamente, cinco regiones variables (nombradas de I a V) y cuatro conservadas han sido identificadas a través del alineamiento de las estructuras primarias de las globulinas 11S de semillas. Desde el punto de vista estructural, en las proglobulinas 11S las regiones variables I, III, y V se encuentran orientadas hacia la cara IA (que contiene el puente disulfuro intracadena) y las regiones II y IV hacia la cara IE (que contiene el puente disulfuro intercadena) (Figura 1A). Las regiones I, III y V quedan en la superficie del trímero, mientras que las regiones II y IV sólo parcialmente. Las globulinas 11S maduras se ensamblan como hexámeros a través de su cara IE después del procesamiento proteolítico en el sitio Asn-Gly en la región variable IV (Carrasco-Peña et al., 2013; Tandang-Silvas et al., 2010). La cara IA permanece en la superficie del hexámero y consecuentemente las regiones I, III y V; mientras que algunas partes de las regiones II y IV se colocan en los costados de cada trímero. Por lo tanto, las regiones I, III y V y las partes expuestas de las regiones II y IV podrían contribuir al comportamiento superficial de la molécula (Figura 1B). Cambios en el pH (ejemplo de 7 a 2) pueden alterar la conformación de la proteína exponiendo u ocultando sitios de unión al agua. En el caso de las globulinas 11S nativas, el hexámero puede disociarse en sus dos trímeros constituyentes resultando probablemente en un cambio del comportamiento superficial. Por lo que regiones hidrofóbicas que interactúan en la formación del hexámero a través de la cara IE de cada trímero constituyente son expuestas incrementando la hidrofobicidad superficial. Adicionalmente, aquellas regiones que emergen después del procesamiento proteolítico en el sitio Asn-Gly podrían contribuir al cambio en las propiedades superficiales de la proteína. Esto podría explicar por qué la globulina 11S nativa de amaranto es menos soluble que la proglobulina recombinante. Interesantemente, la adición de las cuatro metioninas continuas en la región variable V de la proglobulina de amaranto modificada (situadas en el exterior de la molécula) por ingeniería de proteínas, incrementó la hidrofobicidad superficial dando como resultado una menor solubilidad que la proglobulina de amaranto heteróloga sin modificar (Carrasco-Peña et al., 2013).

Además, factores como las interacciones proteína-ligando afectan la solubilidad. La unión con polisacáridos puede formar complejos con globulinas 11S que incrementan la viscosidad, reduciendo la solubilidad, mientras que la interacción



con polifenoles propicia la formación de agregados insolubles que afectan negativamente la extracción y modifican la funcionalidad proteica (Chen & Luo, 2024). En la práctica industrial y de investigación, el pretratamiento de la materia prima antes de la extracción proteínica con frecuencia mejora el rendimiento y la calidad de los aislados de proteína; no obstante, el uso de condiciones agresivas en los pretratamientos puede provocar modificaciones negativas y disminuir tanto la solubilidad como la funcionalidad de la proteína (Santos et al., 2024; Senna et al., 2024).

Las proteínas son hidrocoloides que pueden funcionar como emulsionantes y estabilizadores de emulsiones de aceite en agua (o/w). La capacidad emulsificante de las globulinas 11S es dependiente de factores correlacionados como lo son la capacidad de difusión y adsorción en la interfase y la capacidad de formación de películas interfaciales cohesivas y elásticas. Se ha encontrado que la buena actividad emulsificante de las leguminas depende del balance entre su hidrofobicidad e hidrofiliidad superficial que les permite establecer más interacciones entre la interfase de la emulsión, comportándose como un surfactante adecuado. Las condiciones de pH ácido también podrían causar un desdoblamiento parcial de los trímeros de las globulinas 11S (Carrasco-Peña et al., 2013; Withana-Gamage et al., 2020). Esto, a su vez, permitiría exponer regiones hidrofóbicas, aumentando el área interfacial entre la interfaz agua-aceite (Figura 1C). Sin embargo, una mayor actividad emulsificante inicial no garantiza la estabilidad de la misma ya que la red interfacial formada por subunidades desnaturalizadas tiende a ser frágil y sufrir coalescencia (Hasegawa et al., 2023). Modificaciones durante los procesos industriales como la glicosilación controlada o la conjugación enzimática han mostrado mejoría en la estabilidad de las emulsiones al aumentar la solubilidad y movilidad superficial sin un proceso de desnaturalización agresiva (Gul et al., 2023).

Otra característica de las globulinas relacionada al fenómeno de adsorción es su capacidad para formar espumas. El comportamiento espumante de las globulinas 11S es la capacidad de las mismas para adsorberse de manera rápida en la interfase aire-agua y formar redes cohesivas que resisten la coalescencia y el drenaje (Zhang et al., 2024). Respecto a este fenómeno, en globulinas 11S existe correlación entre el alto contenido de enlaces disulfuro y una menor estabilidad de la espuma; este comportamiento se interpreta por el aumento en la rigidez molecular que proporcionan los enlaces disulfuro a la proteína en solución, mecanismo que disminuye la capacidad reorganizativa y elástica en la interfase aire-agua (Cermeno et al., 2024).

La capacidad gelificante térmica y no térmica de las globulinas 11S es otro de los atributos más explorados en la industria alimentaria como análogos de textura. La gelificación de proteínas globulares inducida por calor es el resultado de tres



pasos: la desnaturalización térmica de la proteína, la formación de agregados solubles y sus interacciones para formar una red que atrapa agua y otros componentes. La desestabilización de las estructuras cuaternaria y terciaria de las globulinas 11S por tratamiento térmico podría modificar el comportamiento superficial de dichas proteínas. Altos niveles de hidrofobicidad y fuerzas atractivas electrostáticas y la formación de puentes disulfuro pueden promover la gelificación inducida por calor que, en conjunto, conforman una red tridimensional (Carrasco-Peña et al., 2013; Tandang-Silvas et al., 2010; Yaputri et al., 2024). Características como rigidez, porosidad y sinéresis del gel formado dependen de la concentración de proteína, el pH de gelificación, la fuerza iónica del sistema y la presencia de Ca_2^+ . A mayor proporción de globulinas 11S se favorece la firmeza del gel y resistencia al corte; no obstante, la presencia de globulinas 7S también modula la textura y atribuye al gel mayor elasticidad y menor fragilidad. Es por ello que el equilibrio de globulinas 11S-7S es un parámetro importante durante el proceso de desarrollo de productos. Además, tratamientos físicos no térmicos y enzimáticos permiten controlar, hasta cierto punto, la microestructura del gel (Gravel et al., 2024).

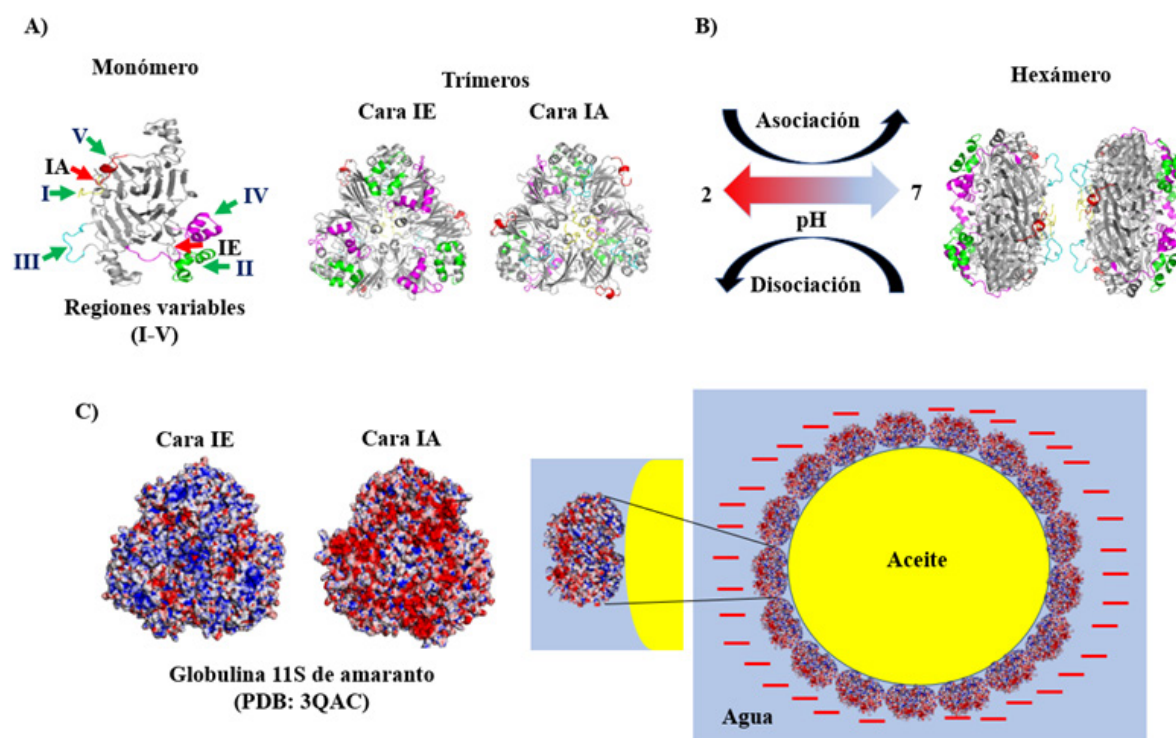


Figura 1. Estructura tridimensional de la proglobulina 11S con regiones variables (I-V) y conservadas (A), ensamble de la globulina 11S en función del pH (B) y capacidad emulsificante (C). Adaptada y modificada de: Carrasco-Peña et al., 2013; Tandang-Silvas et al., 2013; Withana-Gamage et al., 2020



Nutrición y bioactividad

Las leguminas representan una importante fracción de las proteínas de almacenamiento en leguminosas y cereales por lo que constituyen un componente significativo en el aporte proteico de alimentos vegetales ricos en proteína, como la soya, donde las globulinas 11S representan aproximadamente el 52% de la proteína total (Kohli & Singha, 2024). La calidad nutricional de una proteína depende considerablemente de su perfil de aminoácidos esenciales y las 11S se caracterizan por presentar perfiles aminoacídicos relativamente equilibrados, aunque con variaciones destacables entre especies. En general, este grupo de proteínas contiene proporciones considerables de arginina, leucina e isoleucina, como en el caso de la chía, y en el caso de cultivos como el amaranto y cáñamo presentan cantidades destacables de aminoácidos azufrados como la metionina y cisteína (Tabla 2) (Ajibola & Aluko, 2022; Santos et al., 2024; Vidal Torres et al., 2024). Durante el procesamiento tecnológico factores como el pH y las sales de extracción, así como procesos térmicos y enzimáticos ejercen efectos ambivalentes sobre la biodisponibilidad y accesibilidad de las leguminas, evidenciando la digestibilidad y liberación de péptidos bioactivos. No obstante, tratamientos agresivos favorecen la agregación y modificaciones conformacionales que reducen la digestibilidad y biodisponibilidad (Rivera del Rio et al., 2022; Wang et al., 2024). En este sentido, la estructura hexamérica compacta y el alto contenido de hojas β que caracteriza a las globulinas 11S, se ha relacionado con resistencia a la digestión *in vitro*. Tal es el caso de los fragmentos de globulinas 11S de frijol común que han reportado ser resistentes a pepsina y quimotripsina. (Contardo et al., 2025; Santamaria et al., 2024). En este sentido, se ha reportado el porcentaje de digestibilidad *in vitro* de algunas fuentes vegetales como el chícharo que presenta una digestibilidad baja en la fase gástrica (34.2%) con un aumento considerable en la fase intestinal (83.7%). Asimismo, globulinas 11S de cáñamo presentan porcentajes de digestibilidad *in vitro* considerablemente elevados (72.7%). Así las globulinas 11S pueden ser una fuente de proteína de buena calidad (Ajibola & Aluko, 2022; Contardo et al., 2025). Más allá de sus características nutricionales, en las globulinas 11S también se han reportado como buena fuente para la generación de péptidos bioactivos. Procesos como la hidrólisis de concentrados de globulinas 11S pueden liberar fragmentos peptídicos menores a 1 kDa con actividades bioactivas como actividad antioxidante, antidiabetes o anticáncer *in vitro* y el uso de herramientas *in silico* para la validación, predicción y selección de péptidos específicos con mayor probabilidad para presentar actividad biológica (Tabla 3) (Briceño-Islas et al., 2024; Khalid et al., 2023; San Pablo-Osorio et al., 2019; Villanueva et al., 2024). En conjunto, la evidencia científica reciente apunta a que las fuentes vegetales de globulinas



11S representan matrices con alto potencial para la industria alimentaria y nutracéutica. Sin embargo, retos como el condicionamiento tanto de su tecnofuncionalidad como actividad biológica pautados por aspectos estructurales requieren de atención para seleccionar y optimizar fracciones con potencial aplicable real y la resolución de retos de estabilidad, seguridad y evaluación clínica.

Tabla 2. Composición de aminoácidos de globulinas 11S de algunas semillas

Aminoácido	Soya (Sun et al., 2021)	Cáñamo (Sun et al., 2021)	Sésamo (Hsiao et al., 2006)	Requerimiento diario sugerido (Ajibola & Aluko, 2022)
Ala	3.87	6.26	6.62	
Cys#	1.55	1.17	1.14	
Asp	4.65	4.69	4.11	
Glu	8.13	8.21	7.53	
Phe*	3.48	3.91	3.65	
Gly	7.94	6.65	7.53	
His*	2.9	1.95	2.51	1.9
Ile*	3.29	4.3	4.34	2.8
Lys*	3.68	2.15	1.83	5.8
Leu*	7.94	7.04	6.62	6.6
Met*#	0.96	0.97	3.2	
Asn	6.39	6.65	4.79	
Pro	7.36	3.52	4.34	
Gln	8.72	7.24	8.68	
Arg	6.39	11.35	9.82	
Ser	8.33	8.21	7.53	
Thr*	4.06	4.3	5.25	3.4
Val*	6.58	7.04	6.85	3.5
Trp*	0.77	0.97	0.91	1.1
Tyr	2.9	3.32	2.74	

Porcentaje de aminoácidos en base seca. * Indica aminoácidos esenciales. # indica aminoácidos sulfurados

**Tabla 3.** Péptidos bioactivos derivados de globulinas 11S identificados mediante herramientas *in silico*

Bioactividad	Secuencia peptídica	Referencias
Antihipertensión	GI, TG, GM, IP, PG, GS, GG, KF, FG, GD, HL, IF	Montoya-Rodríguez et al. (2015)
	GL, TE, EV, AG, GV, RR, IE, PH, HG, AP, IY	Medina-Godoy et al. (2013)
	NF, IR, LP, LFR, GVSEE, ALEP, VNVDDPSK, EG, YL, GKP, VIKP, LVVVPQN, NR	Sánchez-López et al. (2021)
	LPILR, FNLPIRL, SFNLPIL, QAFEDGFEWVSFK, AFEDGFEWVSFK, VNVDDPSK	Nardo et al. (2020)
	FG, FEW, FSG, AHW	Chirinos et al. (2023)
	FLISCLL, SVFDEELS	Vilcacundo et al. (2019)
Antioxidantes	IR, EL, TY, HL, YL, LH, KP, VY, LK, PHG, PEL, RHL, LHV	Montoya-Rodríguez et al. (2015)
	VIKP	Sánchez-López et al. (2021)
	AWEEREQGSR, YLAGKPQQEH, IYIEQNGITGM, TEVWDSNEQ, GDRFQDQHQ, LAGKPQQEHSGEHQ, PLQAEQDDR, HVIKPPSRA, AVNVDDPSK, KFNRPETT	Orsini et al. (2016)
Anticáncer	VVV, GQ	Montoya-Rodríguez et al. (2015)
	QIVNDQGGQSVFDEELSR, TSENAMFQSLAGR, QAFEDGFEWVSFK, TSENAMFQSLAGR, EFQQGNECQIDR, LTALEPTNR; ADVYTPEAGR, FNRPETTLFR, VQEGLVHVIKPPSR, IQAEAGLTEVWDSNEQEFR, LLAESFGVSEEIAQK, CAGVSVIR, GERNTGNI	Quiroga et al. (2015)
Antidiabetes	FN, FEW, LM, AMP, AHW	Chirinos et al. (2023)
	HA, MA, LL, LP, AP, FA, MP, PA, VA, FP, LA, PP, KA, VV, VP, DFIILE	Montoya-Rodríguez et al. (2015)
	VIKP, LVVVPQ, NR, NF, IR, LP, LFR	Sánchez-López et al. (2021)
	LP, AD, AE, AG, FN, FQ, IR, LM, VE, VM, VS, YQ, LR	Briceño-Islas et al. (2024)

Nomenclatura de aminoácidos: C, Cys: cisteína; H, His: histidina; I, Ile: isoleucina; M, Met: metionina; S, Ser: serina; V, Val: valina; A, Ala: alanina; G, Gly: glicina; L, Leu: leucina; P, Pro: prolina; T, Thr: treonina; F, Phe: fenilalanina; R, Arg: arginina; Y, Tyr: tirosina; W, Trp: triptófano; D, Asp: ácido aspártico; N, Asn: asparagina; E, Glu: ácido glutámico; Q, Gin: glutamina; K, Lys: lisina; Z, Glx: cualquiera de E o Q; B, Asx: cualquiera de D o N.

Aplicación de ciencias ómicas en la caracterización de globulinas 11S

La aplicación de las ciencias ómicas ha ampliado significativamente el estudio y la comprensión de las globulinas 11S mediante la caracterización a nivel molecular, estructural y regulatorio. Entre esos enfoques, la proteómica ha emergido como la herramienta ómica más utilizada para el estudio de proteínas de almacenamiento por su alta capacidad para resolver su heterogeneidad, el procesamiento postraduccional y la diversidad de isoformas. La proteómica basada en espectrometría de masas, entre las que se encuentran, por ejemplo, LC-MS/MS o MALDI-TOF/TOF, se ha



consolidado como una herramienta clave para la identificación y caracterización de subunidades y variantes de las globulinas 11S. La aplicación de estas técnicas permite, además de la identificación de isoformas, inferir modificaciones postraduccionales y perfiles de concentración relativa entre condiciones o accesiones genéticas. En el caso de las semillas de uva, por ejemplo, se logró la identificación de los monómeros de la de globulina 11S, y mediante acoplamiento molecular se predijeron los posibles sitios de interacción del compuesto fenólico malvidina-3-O-glucósido (antocianina de uvas rojas y vinos) a la estructura tridimensional de la legumina, información relevante en el entendimiento del uso de esta clase de proteínas para modular el color del vino (Chamizo-González et al., 2022). De la misma manera, estudios proteómicos comparativos en semillas de amaranto cultivado y silvestre ha revelado isoformas de globulinas 11S con perfiles distintos, sugiriendo una variabilidad funcional y adaptación entre especies y condiciones climatológicas y de cultivo (Bojórquez-Velázquez et al., 2019).

El enfoque transcriptómico, especialmente el uso de RNA-seq, ha permitido el mapeo de la expresión de los genes que codifican a las globulinas 11S durante el desarrollo de las semillas y bajo diversas condiciones ambientales y genéticas. La combinación de transcriptómica y proteómica ofrece una visión más completa de la regulación de la síntesis de globulinas a nivel transcripcional y postranscripcional. Actualmente investigaciones como la de Barberini et al. (2025) han implementado herramientas transcriptómicas y proteómicas conjuntas en el estudio de globulinas 11S de quinoa y encontraron que genes codificantes de globulinas 11S se encuentran entre los más abundantes tanto a nivel de transcrito como de proteína, remarcando su lugar central en la biología de las proteínas de almacenamiento y la determinación de la calidad proteica de la semilla. Además de técnicas directas de estudio ómico, la caracterización de las familias genéticas que codifican a las globulinas 11S abona información crucial acerca de la variabilidad estructural, funcional y evolutiva. La genómica comparativa y filogenética es una herramienta clave para comprender la diversidad molecular de estas proteínas. Los análisis de secuenciación genética han mostrado que los genes que codifican globulinas 11S pertenecen a familias multigenéticas que han experimentado recurrentemente duplicación, divergencia y especialización funcional, especialmente en dicotiledóneas. En contraste con las monocotiledóneas, que han presentado menor representación y diversidad de genes que codifican globulinas 11S, esta diferencia da un indicio de la heterogeneidad cualitativa y cuantitativa en la acumulación de este tipo de proteínas entre ambos grupos taxonómicos. En este sentido, estudios filogenéticos han sugerido que la expansión de familias genéticas de globulinas 11S de dicotiledóneas se relaciona



con presiones evolutivas asociadas a aumentar la eficiencia en el almacenamiento de nitrógeno y carbono durante el desarrollo de la semilla (Li et al., 2012). En conjunto, la integración de las ciencias ómicas establece una estrategia eficaz para el estudio intensivo de la complejidad molecular de las globulinas 11S, permitiendo la correlación de secuencias genéticas, perfiles de expresión y abundancia proteica con atributos funcionales, este enfoque ofrece un marco robusto para aumentar la comprensión de la naturaleza y aplicación de estas proteínas.

Aplicaciones en la industria alimentaria

En el panorama económico actual, el uso de proteínas vegetales, entre las que se encuentran las globulinas 11S, ha dejado de ser una tendencia de nicho para posicionarse como un sector financiero global, alcanzando un mercado valorado en aproximadamente 3.4 mil millones de dólares en el año 2025 con una proyección de crecimiento a los 4.81 mil millones de dólares para 2030 con una tasa de crecimiento anual compuesta del 7.18% (Mordor Intelligence, 2026). En la industria de alimentos, las globulinas 11S son de gran relevancia para la obtención de aislados proteínicos con alta funcionalidad y para el desarrollo de análogos de origen animal. Las estrategias de extracción y purificación determinan, además del rendimiento y pureza proteica, la conservación de la conformación nativa y funcionalidad tecnológica, siendo destacable que técnicas “verdes”, generalmente, preservan mejor la bioactividad y reducen la formación de agregados y complejos indeseables comparado a procesos convencionales (Kim et al., 2024; Tang et al., 2024). Su aprovechamiento en la industria de alimentos se ha ampliado a la generación de análogos de productos animales, como el desarrollo de yogures de soya con mejores propiedades gelificantes y de textura mediante la conjugación de globulinas con glucosa y procesos a altas presiones (Ren et al., 2024). Además, el diseño de nanoacarreadores alimentarios para encapsular compuestos activos, como la betalaína (Martínez et al., 2019). En la aplicación en texturizados de análogos cárnicos, las globulinas 11S destacan por su capacidad de formar redes densas y estables en condiciones de elevada humedad, contribuyendo a la generación de estructuras fibrosas y anisotrópicas con similitud con la carne. Sin embargo, su combinación con otras fracciones proteínicas y carbohidratos ha permitido desarrollar productos con mayor jugosidad y propiedades sensoriales, lo cual está estrechamente relacionado con la capacidad de las globulinas 11S para interactuar con lípidos y compuestos aromáticos, estabilizando su liberación durante la masticación (Ishaq et al., 2022; Sui et al., 2024). Además de su importancia estructural y tecnofuncional, las globulinas 11S inciden directamente en la percepción sensorial de los alimentos en los que se incorporan. Diversos estudios



han demostrado que las globulinas 11S pueden unirse a compuestos volátiles hidrofóbicos y desarrollar notas aromáticas tanto deseables como indeseables (hexanal, pentanal, aldehídos y alcoholes) (Ince et al., 2025). Se ha descrito que este tipo de unión se da en regiones hidrofóbicas situadas en las subunidades ácida y básica de las 11S, donde se dan interacciones hidrofóbicas, de Van der Waals y puentes de hidrógeno que reducen el coeficiente de partición de la fase gaseosa y se volatilizan durante el consumo, con ello se modula la liberación de aromas durante la ingesta y la intensidad sensorial percibida (Xu et al., 2025). En productos como la leche de soya y bebidas proteicas, mayor proporción de globulinas 11S respecto a la fracción 7S ha sido correlacionado de manera positiva con mejoramiento de olor, textura y aceptabilidad general, sugiriendo que la estructura compacta y distribución de regiones hidrofóbicas impacta positivamente en el perfil sensorial (Ma et al., 2015).

En otro sentido, el interés por la diversificación de materias primas más allá de la soya ha impulsado el estudio de cultivos poco explorados como el amaranto, la quinoa y la chía, así como la revalorización de subproductos derivados de procesos industriales ya establecidos. Estas fuentes exhiben propiedades atractivas en cuanto a su contenido de globulinas 11S y la aplicabilidad de las mismas, destacando una mayor proporción de aminoácidos esenciales y atributos tecnofuncionales atractivos para su uso en el sector alimentario (Aguilar-Padilla et al., 2023; Chen & Luo, 2024). La integración de innovaciones respecto a la extracción, diseño de matrices alimentarias y aprovechamiento de materias primas no convencionales posiciona a las leguminas en un punto central de la transición hacia sistemas alimentarios sostenibles, funcionales y diversificados.

Retos y perspectivas futuras

El desarrollo de alimentos a partir de globulinas 11S es un área con gran potencial tecnológico; sin embargo, se enfrenta a retos importantes que condicionan su aprovechamiento. En los procesos de extracción y purificación es clave la elección del proceso ya que de ello depende no solo el rendimiento de extracción, sino también la estabilidad estructural y funcional de estas proteínas, con ello las tecnologías “verdes” son las más prometedoras por tener un menor impacto sobre la integridad proteica y la conservación conformacional (Kim et al., 2024; Tang et al., 2024). No obstante, existen limitantes como la variabilidad agronómica, costos de escalamiento, los problemas con la generación de sabores y/o colores indeseables y principalmente la alergenicidad de algunas leguminas siguen siendo retos a superar (Kerezsi et al., 2022). En el panorama ambiental, se muestra que, aunque las extracciones de proteínas vegetales presentan menor huella de carbono que la obtención de proteínas animales, el gasto



energético del procesamiento puede disminuir esta ventaja, lo que resalta la importancia de la revalorización de subproductos agroalimentarios (Allotey et al., 2023). Con este panorama, se plantean perspectivas futuras como la integración de ciencias ómicas y herramientas computacionales para el diseño de procesos personalizados, obtención dirigida de péptidos bioactivos, aplicación de tecnologías avanzadas para la formulación de análogos cárnicos y el mejoramiento genético para la reducción de agentes alergénicos así como la validación de estudios de biodisponibilidad y ensayos clínicos para la consolidación de las leguminas en la innovación alimentaria sostenible.

Conclusiones

Las globulinas 11S son una de las fracciones proteicas de almacenamiento vegetales de mayor interés por su integridad respecto a propiedades tecnológicas, nutricionales y biofuncionales. Este conjunto de atributos las perfila como ingredientes clave en el desarrollo de alimentos. Sin embargo, su aprovechamiento actualmente presenta retos significativos. En este panorama, la revalorización de subproductos agroalimentarios, la aplicación de ciencias ómicas y bioinformáticas ofrecen oportunidades para enfrentar y solucionar los retos actuales para ampliar su estudio y aplicaciones.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses en la publicación de este artículo.

Agradecimientos

Se agradece al fondo de ciencia de frontera, proyecto número CF-2023-I-2694, así como también a la Red CYTED INNOPROT (124RT0164) por el apoyo brindado.

Referencias

- Adachi, M., Takenaka, Y., Gidamis, A. B., Mikami, B., & Utsumi, S. (2001). Crystal structure of soybean proglycinin A1aB1b homotrimer. *Journal of Molecular Biology*, 305(2), 291–305. <https://doi.org/10.1006/jmbi.2000.4310>
- Aguilar-Padilla, J., Centeno-Leija, S., Bojórquez-Velázquez, E., Elizalde-Contreras, J. M., Ruiz-May, E., Serrano-Posada, H., & Osuna-Castro, J. A. (2023). Characterization of the Technofunctional Properties and Three-Dimensional Structure Prediction of 11S Globulins from Amaranth (*Amaranthus hypochondriacus* L.) Seeds. *Foods*, 12(3), 461. <https://doi.org/10.3390/foods12030461>
- Ajibola, C. F., & Aluko, R. E. (2022). Physicochemical and functional properties of 2S, 7S, and 11S enriched hemp seed protein fractions. *Molecules*, 27(3), 1059. <https://doi.org/10.3390/molecules27031059>



- Allotey, D. K., Kwofie, E. M., Adewale, P., Lam, E., & Ngadi, M. (2023). Life cycle sustainability assessment outlook of plant-based protein processing and product formulations. *Sustainable Production and Consumption*, 36, 108–125. <https://doi.org/10.1016/j.spc.2022.12.021>
- Barberini, M. L., Lee, Y. S., Guerrero, L. D., Obertello, M., Mazzella, M. A., Bertero, D., Grotewold, E., & Muschietti, J. P. (2025). Comparative transcriptomic, proteomic, and amino acid content analyses of quinoa (*Chenopodium quinoa*) seed accessions from diverse geographic locations. *BMC Plant Biology*, 25(1), 1002. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06913-z>
- Begum, N., Khan, Q. U., Liu, L. G., Li, W., Liu, D., & Haq, I. U. (2023). Nutritional composition, health benefits and bio-active compounds of chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Frontiers in Nutrition*, 10, 1218468. <https://doi.org/10.3389/fnut.2023.1218468>
- Bojórquez-Velázquez, E., Barrera-Pacheco, A., Espitia-Rangel, E., Herrera-Estrella, A., & De La Rosa, A. P. B. (2019). Protein analysis reveals differential accumulation of late embryogenesis abundant and storage proteins in seeds of wild and cultivated amaranth species. *BMC Plant Biology*, 19(1), 59. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1656-7>
- Bojórquez-Velázquez, E., Talamantes-Herrera, F. A., Cerritos-Castro, I. T., Valles, S., & Barba de la Rosa, A. P. (2021). Molecular characterisation of seed storage proteins (SSPs) in grain amaranth. En D. Adhikary, M. K. Deyholos, & J. P. Délano-Frier (eds.), *The Amaranth Genome* (pp. 55–79). Springer Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-72365-1_5
- Briceño-Islas, G., Mojica, L., & Urías-Silvas, J. E. (2024). Functional chia (*Salvia hispanica* L.) co-product protein hydrolysate: An analysis of biochemical, anti-diabetic, antioxidant potential and physicochemical properties. *Food Chemistry*, 460, 140406. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.140406>
- Byanju, B., Rahman, M. M., Hojilla-Evangelista, M. P., & Lamsal, B. P. (2020). Effect of high-power sonication pretreatment on extraction and some physicochemical properties of proteins from chickpea, kidney bean, and soybean. *International Journal of Biological Macromolecules*, 145, 712–721. <https://doi.org/10.1016/j.IJBIOMAC.2019.12.118>
- Carrasco-Peña, L., Osuna-Castro, J. A., De León-Rodríguez, A., Maruyama, N., Toro-Vazquez, J. F., Morales-Rueda, J. A., & Barba De La Rosa, A. P. (2013). Modification of solubility and heat-induced gelation of Amaranth 11S Globulin by protein engineering. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 61(14), 3509–3516. <https://doi.org/10.1021/jf3050999>



- Cermeño, M., Silva, J. V. C., Arcari, M., & Denkel, C. (2024). Foaming properties of plant protein blends prepared using commercial faba bean and hemp protein concentrates at different faba bean/hemp protein ratios. *LWT*, 198, 115948. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2024.115948>
- Chamizo-González, F., Heredia, F. J., Rodríguez-Pulido, F. J., González-Miret, M. L., & Gordillo, B. (2022). Proteomic and computational characterisation of 11S globulins from grape seed flour by-product and its interaction with malvidin 3-glucoside by molecular docking. *Food Chemistry*, 386, 132842. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.132842>
- Chen, N., Zhao, Z., Wang, Y., & Dimova, R. (2020). Resolving the mechanisms of soy glycinin self-coacervation and hollow-condensate formation. *ACS Macro Letters*, 9(12), 1844–1852. <https://doi.org/10.1021/acsmacrolett.0c00709>
- Chen, S., & Luo, X. (2024). Chia seed protein as a promising source for plant-based foods: Functional properties, processing methods and potential food applications. *Applied Food Research*, 4(2), 100459. <https://doi.org/10.1016/j.afres.2024.100459>
- Chirinos, R., Escobar-Mendoza, N., Figueroa-Merma, A., de Oliveira, T. V., Guzmán, F., Pedreschi, R., & Campos, D. (2023). Evaluation of the antihypertensive and antidiabetic potential of peptides from the globulin fraction of quinoa (*Chenopodium quinoa*) by an *in silico* and *in vitro* approach. *International Journal of Food Science and Technology*, 58(8), 4386–4396. <https://doi.org/10.1111/ijfs.16544>
- Contardo, I., Gutiérrez, S., Hurtado-Murillo, J., & Escobar, N. (2025). Understanding the structural differences in chickpea globulins and their relationship with *in vitro* protein digestibility. *Food Research International*, 202, 115702. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.115702>
- Gravel, A., Dubois-Laurin, F., Turgeon, S. L., & Doyen, A. (2024). The role of the 7S/11S globulin ratio in the gelling properties of mixed β -lactoglobulin/pea proteins systems. *Food Hydrocolloids*, 156, 110273. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2024.110273>
- Gul, O., Gul, L. B., Baskinci, T., Parlak, M. E., & Saricaoglu, F. T. (2023). Influence of pH and ionic strength on the bulk and interfacial rheology and technofunctional properties of hazelnut meal protein isolate. *Food Research International*, 169, 112906. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2023.112906>
- Guo, R., Deng, X., Hu, Q., Zhu, Y., & Zhu, X. (2024). Soy protein gels based on ultrasonic treatment: Effects of Ca^{2+} and 11S/7S ratio on gel structures and digestive properties. *Ultrasonics Sonochemistry*, 111, 107143. <https://doi.org/10.1016/j.ultsonch.2024.107143>



- Hasegawa, K., Matsumiya, K., Saeki, H., Matsumura, Y., & Nishimura, K. (2023). Emulsifying properties of glucose-conjugated soybean 11S globulin with maximum antioxidant capacity, obtained under optimal preparatory conditions identified by random-centroid optimization. *Food Science and Technology Research*, 29(1), 57–69. <https://doi.org/10.3136/fstr.FSTR-D-22-00169>
- Helmick, H., Jain, A., Terashi, G., Liceaga, A., Bhunia, A. K., Kihara, D., & Kokini, J. L. (2025). Bioinformatic approaches for characterizing molecular structure and function of food proteins. *Annual Review of Food Science and Technology*. 14, 203-224. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-060721>
- Hou, Y., Huang, L., Xing, G., Yuan, X., Zhang, X., Dai, D., Yuan, X., Chen, X., & Xue, C. (2025). Structure and functional properties of proteins from different soybean varieties as affected by the 11S/7S globulin ratio. *Foods*, 14(5), 755. <https://doi.org/10.3390/foods14050755>
- Hsiao, E. S. L., Li-Jen, L. I. N., Li, F. Y., Wang, M. M. C., Liao, M. Y., & Tzen, J. T. C. (2006). Gene families encoding isoforms of two major sesame seed storage proteins, 11S globulin and 2S albumin. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 54(25), 9544–9550. <https://doi.org/10.1021/jf061505x>
- Ince, C., Condict, L., Stockmann, R., Ashton, J., & Kasapis, S. (2025). Molecular characterisation of interactions between 11S glycinin and hexanal – An off-flavour compound. *Food Hydrocolloids*, 158, 110543. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2024.110543>
- Ishaq, A., Irfan, S., Sameen, A., & Khalid, N. (2022). Plant-based meat analogs: A review with reference to formulation and gastrointestinal fate. In *Current Research in Food Science*. 5, 973–983. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2022.06.001>
- Jeyaraj, G., Rajendran, A. K., Sathishkumar, K. K., Almutairi, B., Vadivelu, A., Chokkakula, S., & Xie, W. (2025). High-resolution protein modeling through Cryo-EM and AI: Current trends and future perspectives – a review. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 12, 1688455. <https://doi.org/10.3389/FMO LB.2025.1688455>
- Johansson, M., Karkehabadi, S., Johansson, D. P., & Langton, M. (2023). Gelation behaviour and gel properties of the 7S and 11S globulin protein fractions from faba bean (*Vicia faba* var. *minor*) at different NaCl concentrations. *Food Hydrocolloids*, 142, 108789. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2023.108789>
- Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Ronneberger, O., Tunyasuvunakool, K., Bates, R., Židek, A., Potapenko, A., Bridgland, A., Meyer, C., Kohl, S. A. A., Ballard, A. J., Cowie, A., Romera-Paredes, B., Nikolov, S., Jain, R., Adler, J., ... Hassabis, D. (2021). Highly accurate protein structure predic-



- tion with AlphaFold. *Nature*, 596(7873), 583–589. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>
- Kang, Z. L., Zhang, X. hua, Li, X., Song, Z. jun, Ma, H. jun, Lu, F., Zhu, M. ming, zhao, S. ming, & Wang, Z. rong. (2021). The effects of sodium chloride on proteins aggregation, conformation and gel properties of pork myofibrillar protein running head: Relationship aggregation, conformation and gel properties. *Journal of Food Science and Technology*, 58(6), 2258–2264. <https://doi.org/10.1007/s13197-020-04736-4>
- Karch, K. R., Snyder, D. T., Harvey, S. R., & Wysocki, V. H. (2022). Native mass spectrometry: Recent progress and remaining challenges. *Annual Review of Biophysics*, 51, 157–179. <https://doi.org/10.1146/annurev-biophys-092721>
- Kerezsi, A. D., Jacquet, N., & Blecker, C. (2022). Advances on physical treatments for soy allergens reduction - A review. *Trends in Food Science and Technology*, 122, 24–39. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2022.02.007>
- Khalid, W., Arshad, M. S., Aziz, A., Rahim, M. A., Qaisrani, T. B., Afzal, F., Ali, A., Ranjha, M. M. A. N., Khalid, M. Z., & Anjum, F. M. (2023). Chia seeds (*Salvia hispanica* L.): A therapeutic weapon in metabolic disorders. *Food Science and Nutrition*, 11(1), 3–16, 20487177. <https://doi.org/10.1002/fsn3.3035>
- Kim, W., Yiu, C. C. Y., Wang, Y., Zhou, W., & Selomulya, C. (2024). Toward diverse plant proteins for food innovation. *Advanced Science*, 11(38), 2408150. <https://doi.org/10.1002/advs.202408150>
- Kohli, V., & Singha, S. (2024). Protein digestibility of soybean: How processing affects seed structure, protein and non-protein components. *Discover Food*, 4(7). <https://doi.org/10.1007/s44187-024-00076-w>
- Li, C., Li, M., Dunwell, J. M., & Zhang, Y. M. (2012). Gene duplication and an accelerated evolutionary rate in 11S globulin genes are associated with higher protein synthesis in dicots as compared to monocots. *BMC Evolutionary Biology*, 12(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2148-12-15>
- Li, R., True, A. D., Sha, L., & Xiong, Y. L. (2025). Structure–functionality relationship and modification strategies of oat protein: Challenges and opportunities. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 24(1), e70091. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.70091>
- Ma, L., Li, B., Han, F., Yan, S., Wang, L., & Sun, J. (2015). Evaluation of the chemical quality traits of soybean seeds, as related to sensory attributes of soymilk. *Food Chemistry*, 173, 694–701. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2014.10.096>



- Martineau-Côté, D., Achouri, A., Karboune, S., & L'Hocine, L. (2022). Faba bean: An untapped source of quality plant proteins and bioactives. *Nutrients*, 14(8), 1541. <https://doi.org/10.3390/nu14081541>
- Martínez, J. H., Velázquez, F., Burrieza, H. P., Martínez, K. D., Paula Domínguez Rubio, A., dos Santos Ferreira, C., del Pilar Buera, M., & Pérez, O. E. (2019). Betanin loaded nanocarriers based on quinoa seed 11S globulin. Impact on the protein structure and antioxidant activity. *Food Hydrocolloids*, 87, 880–890. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2018.09.016>
- Medina-Godoy, S., Rodríguez-Yáñez, S. K., Bobadilla, N. A., Pérez-Villalva, R., Valdez-Ortiz, R., Hong, E., Luna-Suárez, S., Paredes-López, O., & Valdez-Ortiz, A. (2013). Antihypertensive activity of AMC3, an engineered 11S amaranth globulin expressed in *Escherichia coli*, in spontaneously hypertensive rats. *Journal of Functional Foods*, 5(3), 1441–1449. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2013.06.001>
- Montoya-Rodríguez, A., Gómez-Favela, M. A., Reyes-Moreno, C., Milán-Carrillo, J., & González de Mejía, E. (2015). Identification of bioactive peptide sequences from amaranth (*Amaranthus hypochondriacus*) seed proteins and their potential role in the prevention of chronic diseases. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 14(2), 139–158. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12125>
- Mordor Intelligence. (2026). Hydrolyzed vegetable protein market size and share.
- Nardo, A. E., Añón, M. C., & Quiroga, A. V. (2020). Identification of renin inhibitors peptides from amaranth proteins by docking protocols. *Journal of Functional Foods*, 64, 103683. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2019.103683>
- Orsini Delgado, M. C., Nardo, A., Pavlovic, M., Rogniaux, H., Añón, M. C., & Tironi, V. A. (2016). Identification and characterization of antioxidant peptides obtained by gastrointestinal digestion of amaranth proteins. *Food Chemistry*, 197, 1160–1167. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2015.11.092>
- Pengyu, Z., Yang, Y., Ling, Z., Jian, G., Bing, W., Xin, B., Dehui, Y., Linlin, L., Congyu, L., & Na, Z. (2021). The effect of trehalose on the thermodynamic stability and emulsification of soybean 11S globulin in the molten globule state. *Food Hydrocolloids*, 118, 106811. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2021.106811>
- Pi, X., Sun, Y., Fu, G., Wu, Z., & Cheng, J. (2021). Effect of processing on soybean allergens and their allergenicity. *Trends in Food Science and Technology*, 118, 316–327. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2021.10.006>
- Quiroga, A. V., Barrio, D. A., & Añón, M. C. (2015). Amaranth lectin presents potential antitumor properties. *LWT*, 60(1), 478–485. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2014.07.035>



- Rasheed, F., Markgren, J., Hedenqvist, M., & Johansson, E. (2020). Modeling to understand plant protein structure-function relationships—implications for seed storage proteins. *Molecules*, 25(4), 873. <https://doi.org/10.3390/molecules25040873>
- Ren, H. Bin, Feng, B. L., Liu, H. Y., Wang, Y. T., Zhang, H. T., Li, Z. L., Meng, L., Zhang, J. J., Bai, X. Sen, Gao, F., Wang, Z. P., Luo, B. W., Chen, X. L., Song, H. J., Yan, X. X., Zhao, J. Y., & Zhang, Y. H. (2024). A novel approach has been developed to produce pure plant-based gel soy yogurt by combining soy proteins (7S/11S), high pressure homogenization, and glycation reaction. *Food Chemistry*, 22(101259). <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2024.101259>
- Ren, Y., Wang, Y., Zhang, Y., Pan, T., Duan, E., Bao, X., Zhu, J., Teng, X., Zhang, P., Gu, C., Dong, H., Wang, F., Wang, Y., Bao, Y., Wang, Y., & Wan, J. (2022). Endomembrane-mediated storage protein trafficking in plants: Golgi-dependent or Golgi-independent? *FEBS Letters*, 596(17), 2215–2230. <https://doi.org/10.1002/1873-3468.14374>
- Rivera del Rio, A., Boom, R. M., & Janssen, A. E. M. (2022). Effect of Fractionation and Processing conditions on the digestibility of plant proteins as food ingredients. *Foods*, 11(6), 870. MDPI. <https://doi.org/10.3390/foods11060870>
- Salaria, S., Boatwright, J. L., Thavarajah, P., Kumar, S., & Thavarajah, D. (2022). Protein Biofortification in lentils (*Lens culinaris* Medik.) toward human health. *Frontiers in Plant Science*, 13, 869713. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.869713>
- San Pablo-Osorio, B., Mojica, L., & Uriás-Silvas, J. E. (2019). Chia seed (*Salvia hispanica* L.) pepsin hydrolysates inhibit angiotensin-converting enzyme by interacting with its catalytic site. *Journal of Food Science*, 84(5), 1170–1179. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.14503>
- Sánchez-López, F., Robles-Olvera, V. J., Hidalgo-Morales, M., & Tsopmo, A. (2021). Angiotensin-I converting enzyme inhibitory activity of *Amaranthus hypochondriacus* seed protein hydrolysates produced with lactic bacteria and their peptidomic profiles. *Food Chemistry*, 363, 130320. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.130320>
- Santamaria, L., Pajak, A., House, J. D., & Marsolais, F. (2024). Identification and characterization of a pepsin- and chymotrypsin-resistant peptide in the α subunit of the 11S globulin legumin from common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 72(26), 14844–14850. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c08744>
- Santos, J. S., Durso, A. C., da Silva, C. A. S., & de Castro Santana, R. (2024). Scientific mapping of chia protein research: State of the art and future trends. *Foods*, 13(24), 4181. <https://doi.org/10.3390/foods13244181>



- Senna, C., Soares, L., Egea, M. B., & Fernandes, S. S. (2024). The techno-functionality of chia seed and its fractions as ingredients for meat analogs. *Molecules*, 29(2), 440. <https://doi.org/10.3390/molecules29020440>
- Sim, S. Y. J., Srv, A., Chiang, J. H., & Henry, C. J. (2021). Plant proteins for future foods: A roadmap. *Foods*, 10(8), 1967. <https://doi.org/10.3390/foods10081967>
- Srenuja, D., Hema, V., Anand, M. T., Mohan, R. J., & Vidyalakshmi, R. (2023). Kidney bean: Protein's treasure trove and creates avenues for a healthy lifestyle. *Legume Science*, August 2022, 1–19, 26396181. <https://doi.org/10.1002/leg3.193>
- Stofella, M., Grimaldi, A., Smit, J. H., Claesen, J., Paci, E., & Sobott, F. (2024). Computational tools for hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry data analysis. *Chemical Reviews*, 124(21), 12242–12263. <https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.4c00438>
- Sui, X., Zhang, T., Zhang, X., & Jiang, L. (2024). High-moisture extrusion of plant proteins: Fundamentals of texturization and applications. *Annual Review of Food Science and Technology*, 15, 125–149. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-072023>
- Sun, X., Sun, Y., Li, Y., Wu, Q., & Wang, L. (2021). Identification and characterization of the seed storage proteins and related genes of *Cannabis sativa* L. *Frontiers in Nutrition*, 8, 678421. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.678421>
- Tamara, S., Den Boer, M. A., & Heck, A. J. R. (2022). High-resolution native mass spectrometry. *Chemical Reviews*, 122(8), 7269–7326. <https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.1c00212>
- Tandang-Silvas, M. R., Cabanos, C. S., Carrasco Peña, L. D., De La Rosa, A. P. B., Osuna-Castro, J. A., Utsumi, S., Mikami, B., & Maruyama, N. (2012). Crystal structure of a major seed storage protein, 11S proglubulin, from *Amaranthus hypochondriacus*: Insight into its physico-chemical properties. *Food Chemistry*, 135(2), 819–826. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2012.04.135>
- Tandang-Silvas, M. R., Tecson-Mendoza, E. M., Mikami, B., Utsumi, S., & Maruyama, M. (2011). Molecular design of seed storage proteins for enhanced food physicochemical properties. *Annual Review of Food Science and Technology*, 2, 59–73. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-022510-133718>
- Tandang-Silvas, M. R. G., Fukuda, T., Fukuda, C., Prak, K., Cabanos, C., Kimura, A., Itoh, T., Mikami, B., Utsumi, S., & Maruyama, N. (2010). Conservation and divergence on plant seed 11S globulins based on crystal structures. *Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics*, 1804(7), 1432–1442. <https://doi.org/10.1016/j.bbapap.2010.02.016>



- Tang, J., Yao, D., Xia, S., Cheong, L., & Tu, M. (2024). Recent progress in plant-based proteins: From extraction and modification methods to applications in the food industry. *Food Chemistry: X*, 23, 101540. <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2024.101540>
- Van Drie, J. H., & Tong, L. (2020). Cryo-EM as a powerful tool for drug discovery. *Bioorganic and Medicinal Chemistry Letters*, 30(22), 127524. <https://doi.org/10.1016/j.bmcl.2020.127524>
- Vidal Torres, E., Valencia, E., Simsek, S., & Ramírez, A. M. L. (2024). Amaranth: Multipurpose agroindustrial crop. *Agronomy*, 14(10), 2323. <https://doi.org/10.3390/agronomy14102323>
- Vilcacundo, R., Martínez-Villaluenga, C., Miralles, B., & Hernández-Ledesma, B. (2019). Release of multifunctional peptides from kiwicha (*Amaranthus caudatus*) protein under *in vitro* gastrointestinal digestion. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 99(3), 1225–1232. <https://doi.org/10.1002/jsfa.9294>
- Villanueva, A., Rivero-Pino, F., Martin, M. E., Gonzalez-De la Rosa, T., Montserrat-De la Paz, S., & Millan-Linares, M. C. (2024). Identification of the bioavailable peptidome of chia protein hydrolysate and the *in silico* evaluation of its antioxidant and ACE inhibitory Potential. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 72(6), 3189–3199. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c05331>
- Vitale, A., & Pedrazzini, E. (2022). StresSeed: The unfolded protein response during seed development. *Frontiers in Plant Science*, 13, 869008. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.869008>
- Wang, Y., Hernández-Alvarez, A. J., Goycoolea, F. M., & Martínez-Villaluenga, C. (2024). A comparative study of the digestion behavior and functionality of protein from chia (*Salvia hispanica* L.) ingredients and protein fractions. *Current Research in Food Science*, 8, 100684. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2024.100684>
- Withana-Gamage, T. S., Hegedus, D. D., Qiu, X., & Wanasundara, J. P. D. (2011). *In silico* homology modeling to predict functional properties of cruciferin. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 59(24), 12925–12938. <https://doi.org/10.1021/jf201979a>
- Withana-Gamage, T. S., Hegedus, D. D., McIntosh, T. C., Coutu, C., Qiu, X., & Wanasundara, J. P. D. (2020). Subunit composition affects formation and stabilization of o/w emulsions by 11S seed storage protein cruciferin. *Food Research International*, 137, 109387. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109387>
- Wu, D. T., Li, W. X., Wan, J. J., Hu, Y. C., Gan, R. Y., & Zou, L. (2023). A comprehensive review of pea (*Pisum sativum* L.): Chemical composition, proces-



- sing, health benefits, and food applications. *Foods*, 12(13), 2527. <https://doi.org/10.3390/foods12132527>
- Xiao, T., Roland, I. S., Nielsen, S. D. H., Le, T. T., Olesen, E., Larsen, L. B., & Poulsen, N. A. (2025). Variation in composition of storage proteins, minor proteins and amino acids across faba bean cultivars. *Food Chemistry*, 483, 144225. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2025.144225>
- Xu, J., Chen, Q., Qiu, Y., Wang, Z., Zeng, M., Qin, F., Chen, J., & He, Z. (2025). Competitive binding of flavors in the preparation of soy protein: Screening based on molecular docking. *Food Chemistry*, 475, 143279. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2025.143279>
- Yang, T., Wu, X., Wang, W., & Wu, Y. (2023). Regulation of seed storage protein synthesis in monocot and dicot plants: A comparative review. *Molecular Plant*, 16(1), 145–167. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.12.004>
- Yang, Y., Sun, S. hui, Zou, L., Wang, B., Bian, X., Zhu, P. yu, Ren, L. kun, Shi, Y. guo, & Zhang, N. (2022). Characterization of structural and functional properties of soybean 11S globulin during the renaturation after the guanidine hydrochloride denaturation. *Food Hydrocolloids*, 130, 107715. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2022.107715>
- Yaputri, B. P., Feyzi, S., & Ismail, B. P. (2024). Transglutaminase-induced polymerization of pea and chickpea protein to enhance functionality. *Gels*, 10(1), 11. <https://doi.org/10.3390/gels10010011>
- Zhang, X., Liu, Z., Ma, X., Zheng, Y., Hu, H., Jiao, B., McClements, J., Wang, Q., & Shi, A. (2024). Interfacial and foaming properties of plant proteins: Comparison of structure-function behavior of different plant proteins. *SSRN*. <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4906731>