南京农业大学学报 2026,49(5):1208-1220
Journal of Nanjing Agricultural University
http://nauxb.njau.edu.cn
DOI:10.7685/jnau.202604011

涂涛. 酶制剂在酱香型白酒糟饲料化利用中的研究进展:从结构解构到 AI 赋能[J]. 南京农业大学学报,2026,49(5):1208-1220.
TU Tao. Research progress on enzyme preparations for the feed utilization of Jiang-flavor Baijiu distillers' grains:From structural deconstruction to AI empowerment[J]. Journal of Nanjing Agricultural University,2026,49(5):1208-1220.

特约综述

酶制剂在酱香型白酒糟饲料化利用中的研究进展:从结构解构到 AI 赋能

涂涛*

(中国农业科学院北京畜牧兽医研究所动物营养与饲养全国重点实验室,北京 100093)

摘要:酱香型白酒糟作为"12987"工艺产生的大宗副产物,年产量逾千万吨。因其高纤维、高酸度、蛋白质热变性以及木质素-碳水化合物复合体高度交联的结构特征,直接饲用价值偏低、转化难度突出。当前产业多采用粗放处理,以低值饲喂为主,资源潜力与实际利用水平之间存在显著落差。酶制剂凭借催化专一性、作用条件温和、易与工艺耦合等优势,被视为破解酒糟结构屏障、实现高值化饲料转化的核心技术路径之一。本文系统解析了酱香型白酒糟的理化特性与营养限制因素,归纳了纤维降解酶系、蛋白酶系及酯酶、裂解性多糖单加氧酶等辅助酶系的协同作用机制;从复合酶复配方案、关键工艺参数调控及预处理-酶解-发酵耦合 3 个层面总结了酶解过程的优化规律及产业化适配要点;从理化特性、营养品质、功能活性与动物饲用效果 4 个维度评估了酶解处理对酒糟高值化效果的提升作用。针对当前酶制剂成本偏高、批次适应性不强、工艺集成度低等产业化瓶颈,本文提出了人工智能驱动的新型研发路径:未来应重点发展基于机器学习的酶制剂理性设计,基于深度学习的酶解过程实时优化与调控,以及基于大数据挖掘的功能产物预测与工艺适配模型。本文旨在为酱香型白酒糟的资源化、高值化与绿色化饲料利用提供系统性的理论参考与技术路径支撑。

关键词:酱香型白酒糟;酶制剂;饲料化利用;酶解饲料;人工智能
中图分类号:S816.7;TQ925　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1000-2030(2026)05-1208-13

Research progress on enzyme preparations for the feed utilization of Jiang-flavor Baijiu distillers' grains: from structural deconstruction to AI empowerment

TU Tao*

(State Key Laboratory of Animal Nutrition and Feeding, Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100093, China)

Abstract: Jiang-flavor Baijiu distillers' grains (JFDG), a major by-product of the "12987" process, are produced at an annual output exceeding ten million metric tons. Owing to their high fiber content, high acidity, thermal denaturation of proteins, and the highly cross-linked lignin-carbohydrate complex, JFDG exhibited low direct feeding value and were difficult to convert efficiently. Current industrial practices remained extensive, mainly utilizing JFDG as low-value feed or discarding them, resulting in a significant gap between resource potential and utilization efficiency. Enzyme preparations, characterized by catalytic specificity, mild reaction conditions, and ease of process integration, were recognized as one of the key technological routes to break down the structural barriers of JFDG and achieve high-value feed conversion. This review systematically analyzed the physicochemical characteristics and nutritional limitations of JFDG, and summarized the synergistic mechanisms of fiber-degrading enzyme systems, protein-modifying enzyme systems, and auxiliary enzyme systems (e.g., esterases, lytic polysaccharide monooxygenases). Optimization strategies for the enzymatic process and industrial adaptation were discussed from three aspects: multi-enzyme formulation, regulation of key process parameters, and coupling of pretreatment, enzymatic hydrolysis, and fermentation. The effects of enzymatic treatment on enhancing the value of JFDG were evaluated across four dimensions: physicochemical properties, nutritional quality, functional bioactivity, and animal feeding performance. To address current industrial bottlenecks such as high enzyme cost, poor batch-to-batch adaptability, and low process integration, a novel artificial intelligence (AI)-driven R&D paradigm was proposed. Future efforts should focus on machine learning-based rational design of acid-tolerant enzyme systems, deep learning-based real-time optimization and control of enzymatic processes, and big data-driven

收稿日期:2026-04-09
基金项目:国家自然科学基金项目(U25A20709)
作者简介:涂涛,研究员,博导,主要从事饲料用酶制剂构效关系研究,E-mail:tutao@caas.cn。

prediction of functional products and process adaptation models. This review aimed to provide a systematic theoretical reference and technological roadmap for the resourceful, high-value, and environmentally friendly feed utilization of JFDG.

Keywords: Jiang-flavor Baijiu distillers' grains; enzyme preparations; feed utilization; enzymatically hydrolyzed feed; artificial intelligence

贵州省作为长江经济带生态屏障与乡村振兴示范区,其畜牧业发展具有特殊战略价值。依靠喀斯特地貌形成的天然牧场条件,全省肉牛存栏量已突破 500 万头,但蛋白饲料自给缺口超过 60%,严重制约产业提质增效。与此同时,该省作为我国酱香型白酒核心产区,年产白酒糟逾 600 万吨(按 1∶6~1∶10 糟酒比推算),其干基粗蛋白含量 21.62%~27.71%,粗纤维含量则维持在较低水平。这种高蛋白与中低纤维相伴的特征,使酱香型白酒糟天然具备替代玉米、豆粕等常规蛋白饲料的潜力。因此,实现其高效饲料化应用,不仅可缓解南方地区蛋白饲料短缺困境,更是落实国发〔2022〕2 号文件中的"创新生态产品价值实现机制"的创新实践,对推动"酒-饲-畜"三产融合具有重要示范意义。

酱香型白酒糟在饲料化应用中面临三重技术壁垒,严重制约其资源潜力的有效释放:一是结构屏障导致营养利用率低。在酿造过程中添加的稻壳含高达 26%的木质素,与纤维素、半纤维素紧密结合形成纳米级复合结构,犹如"生物盔甲"般包裹蛋白质,严重阻碍瘤胃微生物的降解[1];二是理化特性抑制饲用安全。鲜糟含水量超过 60%,不仅增加运输成本与霉变风险,其天然低 pH 值(3.5~4.5)还易诱发反刍动物长期饲喂后的瘤胃酸中毒,成为规模化应用的突出隐患[2];三是感官品质影响采食意愿。白酒糟特有的酸涩气味与黏稠质地,会显著抑制牛群采食欲,即使营养指标达标,也难以在实际养殖中发挥应有价值。上述三重壁垒相互叠加,导致酱香型白酒糟目前仍以简易烘干后作为低值粗饲料使用,资源潜力与利用水平之间的巨大反差,构成了饲料化利用的核心产业矛盾。

酶制剂技术为破解上述矛盾提供了精准、高效的路径。作为一类安全、专一的生物催化剂,酶制剂在非粮饲料资源开发中展现出独特优势:纤维素酶、木聚糖酶等可定向破解稻壳纤维结构,打开包裹蛋白质的"生物盔甲";蛋白酶能在酒糟原生 pH 环境下高效降解变性蛋白,释放小分子肽与氨基酸;酯酶、单宁酶等辅助酶系可消减异味物质、改善适口性。与传统的固态发酵或物理化学处理相比,酶解过程具有反应条件温和、靶向性强、周期短、成本可控等特点,是实现从粗放酒糟向酶解功能饲料提质转化的核心路径。近年来,随着酶工程技术的进步和人工智能在生物催化领域的渗透,酶解工艺正从经验驱动逐步走向数据智能驱动。基于此,本文围绕酱香型白酒糟的酶解转化,系统阐述其理化特性与营养限制、核心酶系作用机制、工艺优化策略及饲用效果评估,并前瞻性探讨人工智能在酶系设计、过程控制中的赋能潜力,为酒糟的资源化与高值化饲料利用提供理论参考。

1　酱香型白酒糟的理化特性与营养限制

酱香型白酒糟是一类典型的生物质资源,兼具高开发潜力与高利用限制的双重特征。其高蛋白、中低纤维的营养构成赋予替代常规饲料的天然优势,但稻壳木质纤维网络的物理屏障、高酸度及抗营养因子等化学特性的多重制约相互叠加,导致其实际饲用价值远未得到充分发挥。系统解析其物化特性与营养限制,是理性设计酶解方案、实现精准转化的逻辑前提。

1.1　营养组成与资源优势

酱香型白酒糟在营养成分构成上具有显著特征。其干基粗蛋白含量 21.62%~27.71%,显著超过其他香型酒糟的 15%~20%;粗纤维含量维持在 6.83%~14.03%的较低水平[3]。需要指出的是,粗纤维含量相对较低并不等同于纤维结构易于降解。酒糟中的纤维主要源于稻壳,其半纤维素与木质素通过酯键形成高度交联的网络,对蛋白质等营养物质产生物理包埋效应,成为限制饲用价值的关键结构屏障。这种高蛋白、中低纤维的特性,使其天然具备替代玉米、豆粕等常规蛋白饲料的营养基础[4]。然而,营养成分的含量与可利用性之间存在本质区别:酱香型白酒糟复杂的工艺赋存状态,使其实际饲用价值远低于理论营养潜力。

1.2　主要营养限制因子

酱香型白酒糟虽然在饲料化过程中保留了一定数量的蛋白质、残余淀粉、脂肪和矿物质,但其实际营养价值受到原料特性、发酵工艺及副产物等多重因素的制约。其营养限制可归纳为以下 4 个方面。

1)纤维结构屏障。酱香型白酒糟的重要营养限制首先表现为粗纤维(CF)、中性洗涤纤维(NDF)、酸

性洗涤纤维(ADF)及木质素含量偏高。笔者团队前期对茅台镇不同酱香型白酒厂酒糟样品的理化指标测定结果显示:CF 为 6.8%~14.0%,NDF 为 31.8%~44.9%,ADF 为 24.8%~42.2%。这类结构性碳水化合物不仅会稀释日粮有效能值,还会因细胞壁包埋效应阻碍细胞内营养物质的释放,降低蛋白质、可溶性糖和其他可消化组分的利用效率[5]。其中,木质素几乎不能被动物消化利用,且能与纤维素、半纤维素形成致密复合结构,进一步抑制瘤胃微生物或消化酶对底物的降解[6]。研究表明,酒糟经蒸汽爆破或混合菌发酵后,木质素、半纤维素和粗纤维含量均明显下降,而还原糖及粗蛋白含量随之提高,从侧面印证了高纤维屏障确实是限制营养释放的关键因素[7]。需要明确的是,酶降解的主要对象是半纤维素(尤其是阿拉伯木聚糖)和纤维素,木质素本身难以被酶解,需依靠阿魏酸酯酶等辅助酶切断其与多糖的交联。

2)蛋白质的可利用性问题。酱香型白酒糟存在粗蛋白含量较高但优质蛋白比例不足的问题。在发酵和蒸馏过程中,原料蛋白会经历复杂的热加工和微生物转化,部分蛋白质发生变性、交联或与纤维组分结合,从而降低其消化率和可利用性。研究表明,经发酵处理后,酒糟的真蛋白含量可提升 15.2%,表明原始酒糟中的蛋白并非均以高效利用形态存在[7]。蒸馏酒糟(如 DDGS)经热处理后,赖氨酸标准回肠消化率可从 66.8%降至 54.9%,甚至 51.9%[8]。因此,酱香型白酒糟虽然总蛋白含量不低,但优质蛋白、真蛋白及可消化必需氨基酸供给不足,是制约其高效应用的重要原因。

3)抗营养因子与安全风险。酱香型白酒糟的高值化利用还受单宁含量及毒素污染的影响。酱香型白酒的酿造通常以高粱为主要原料,高粱含有一定量单宁(1.4%~1.7%)[9]。单宁属于多酚类化合物,能与蛋白质、消化酶及某些矿物元素形成复合物,从而降低蛋白消化率和营养吸收效率[10-11]。此外,白酒糟易受霉菌毒素侵袭,仅黄曲霉毒素 B1 的平均浓度就高达 100 $\mu g \cdot kg^{-1}$,易导致牛群肝损伤、肠胃炎、免疫抑制等[12]。

4)高水分与低 pH 值的加工限制。新鲜酒糟含水量超过 60%,微生物负荷大,极易在堆放过程中腐败变质,产生不良气味和渗滤液[13];同时,较低的 pH 值(3.5~4.5)以及较高的乙醇和结构性碳水化合物含量,也会进一步影响适口性和采食量。因此,从饲料资源开发角度看,酱香型白酒糟虽然含有营养,但并不属于可直接高效利用的优质原料,是一类需要经过调制或预处理后方能较好利用的非常规饲料资源。

1.3 多维利用价值及开发潜力

尽管存在上述限制,酒糟的资源属性并未被削弱,其利用价值主要体现在以下 3 个维度:第一,作为大宗非常规饲料资源的战略价值。酱香型白酒糟产量稳定、来源集中,属于典型的非粮型蛋白与能量资源。研究表明,经适度预处理或生物转化后,酿造副产物可在一定比例上替代玉米、豆粕及部分粗饲料,有助于降低饲料成本、缓解人畜争粮压力[14]。在我国饲料粮对外依存度持续上升的背景下,推进酿造副产物资源化利用,对保障饲料粮安全、增强畜牧业韧性具有现实意义。第二,功能性成分释放与价值提升潜力。酒糟中残留酵母细胞壁多糖、小分子肽类及多酚物质,在酶解或发酵作用下可被有效释放或转化为功能活性组分。相关研究指出,酿造副产物经生物转化后,其抗氧化活性、益生元功能及免疫调节潜力显著提升[1-15]。第三,资源循环与降本增效的环境价值。多项研究指出,酿造副产物的资源化处理能显著降低废弃物排放强度与环境负荷,提高产业整体资源利用效率[16]。以白酒糟替代 50%精料可降低养殖成本 30%,同时每千头牛每年可减少碳排放 0.8~1.2 t,形成变废为宝的循环经济模式。

2 酱香型白酒糟酶解转化的核心酶系及其作用机制

酶制剂作为一种安全高效的生物催化剂,在非粮饲料资源的开发与利用方面展现出独特优势,尤其是在对抗营养因子的选择性分解、毒性成分的降解转化以及营养释放的精细调控等方面,具有靶向性强、效率高、成本相对可控的特点[17-18]。因此,酶制剂可作为实现酱香型白酒糟高值化利用的重要关键技术。酱香型白酒糟的高值化转化,本质上是对其复杂基质进行精准拆解与定向重组的过程,酶制剂在此过程中承担生物催化功能,其理性选择与高效复配需建立在对底物结构特性、催化反应机制及目标产物调控机制的系统解析之上。在多轮蒸煮、堆积发酵和蒸馏过程中,白酒糟内部逐渐形成由纤维素、半纤维素和木质素构成的致密细胞壁结构,残余蛋白和淀粉常被包埋于细胞壁网络中,并与多酚、植酸等成分形成复合体,导致营养成分释放困难、消化利用率偏低。因此,单一酶制剂往往难以充分降解白酒糟的复杂底物,而由纤维降解酶系、蛋白质与淀粉修饰酶系及功能辅助酶系组成的复合酶系统,更有利于从多层次、多靶点协同破坏底物屏障,提升酱香型白酒糟的营养可利用性和高值化利用潜力。各酶系间分工明确、协同催化,

可实现酒糟基质的高效降解与资源化增值(图 1)。

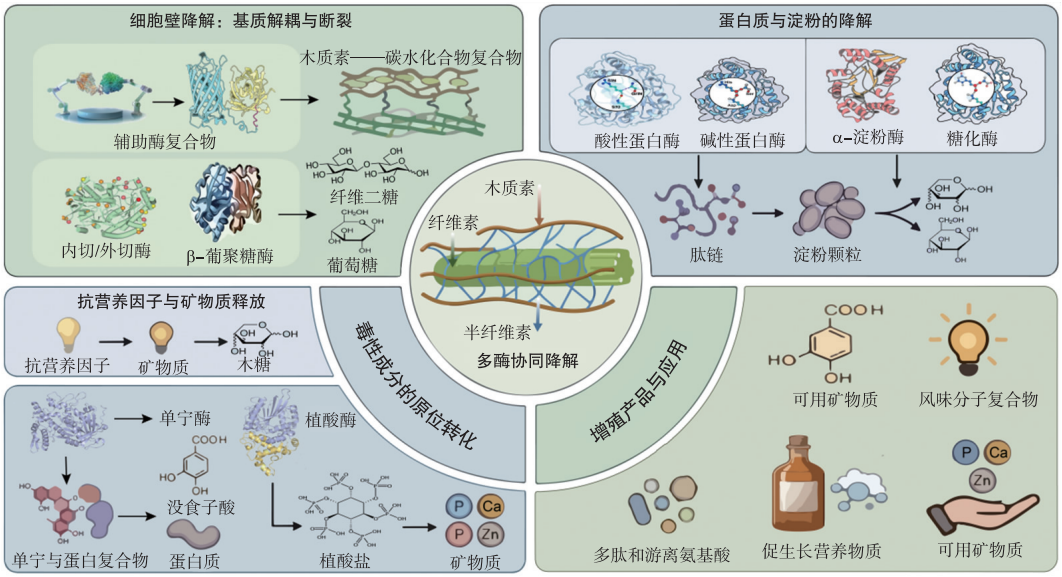

图 1　酱香型白酒糟基质的高效降解与资源化增值

Fig. 1　Efficient degradation and resource valorization of Jiang-flavor Baijiu distillers' grains matrix

2.1　纤维降解酶系对酱香型白酒糟细胞壁屏障的破坏作用

纤维降解酶系是复合酶制剂系统中的基础模块,主要作用于酱香型白酒糟中的纤维素、半纤维素及部分非淀粉多糖。各核心酶组分的作用机制与功能特点如表 1 所示。由于酒糟细胞壁结构较为致密,纤维素微纤丝与半纤维素、木质素之间形成稳定复合网络,严重限制了内部蛋白、淀粉及其他可溶性营养物质的释放[19]。因此,纤维降解酶系的首要功能是破坏细胞壁结构,降低底物致密性和包埋效应。纤维素结晶度较高,其高效降解需要三类酶的协同:内切葡聚糖酶随机切断纤维素分子内部的 β-1,4-糖苷键,降低聚合度并打开纤维束结构;外切葡聚糖酶进一步从纤维素链末端释放纤维二糖;β-葡萄糖苷酶则将纤维二糖继续水解为葡萄糖,减少中间产物积累对上游酶活性的反馈抑制。这一过程既能直接降解纤维素骨架,还能显著增加底物的孔隙度和比表面积,为其他酶制剂进一步接触底物创造条件[20]。半纤维素是酱香型白酒糟中含量最高的结构性多糖,其中阿拉伯木聚糖占主导。针对这一靶点,内切木聚糖酶作为核心酶,通过切割 β-1,4-木糖苷键将主链降解为低聚木糖,削弱半纤维素对细胞壁的支撑作用[21]。阿拉伯呋喃糖苷酶作为关键辅助酶,去除侧链阿拉伯糖取代基,消除空间位阻,协同提高主链降解效率[22]。针对半纤维素-木质素之间的阿魏酸酯键交联,阿魏酸酯酶是关键辅助酶,它切断酯键,释放阿魏酸,破坏半纤维素-酚酸-木质素网络,从而使木聚糖酶、纤维素酶等主链酶的可及性显著提高[23]。上述酶系的最终目的在于降解木质纤维素复合体,将纤维素与半纤维素转化为可发酵糖,并弱化木质素与多糖之间的交联作用,为后续营养物质的释放与高效利用提供前体[1]。

表 1　木质纤维素降解酶系的组成及作用机制

Table 1　Composition and mechanisms of lignocellulose-degrading enzyme systems

酶系类别	主要酶组分	作用位点	核心催化功能	与酱香型白酒糟的适配意义	参考文献
纤维素酶	内切葡聚糖酶、外切葡聚糖酶(纤维二糖水解酶)、β-葡萄糖苷酶	纤维素 β-1,4-糖苷键	随机切割纤维素非结晶区,产生新末端;从链末端切割,释放纤维二糖;将纤维二糖/寡糖水解为葡萄糖;	作用于稻壳、高粱壳中结晶纤维素,降低粗纤维含量;需选用耐酸性纤维素酶以适应酒糟酸性环境	[20,24-25]
半纤维素酶	内切木聚糖酶、β-木糖苷酶、侧链水解酶	木聚糖为主的半聚糖 β-1,4-糖苷键及侧链基团	切割木聚糖主链,降低聚合度;将木寡糖水解为木糖;去除侧链基团,提高主链可及性	降解酒糟中高含量半纤维素,削弱半纤维素与木质素交联,暴露纤维素位点,提升整体纤维降解效率	[19,22]
辅助纤维降解酶与裂解酶	阿魏酸酯酶、香豆酸酯酶、膨胀素(Tlexl1)、裂解性多糖单加氧酶	半纤维素-木质素酯键、结晶纤维素	切断阿魏酸酯键,解偶联木质素与多糖;切断香豆酸酯键,解偶联木质素与多糖;破坏纤维素结晶区,增加纤维素酶可溶性;破坏纤维素结晶区,提升传统酶水解效率	破解酒糟纤维-木质素顽固结构,显著增效纤维降解,是复合酶系的增效组分	[26-28]

2.2　蛋白质与淀粉修饰酶系对营养释放的促进作用

在纤维屏障被初步破坏后,蛋白质与淀粉修饰酶系成为提高酱香型白酒糟营养可利用性的关键物质。

酒糟中保留了一定量的残余蛋白和未完全利用的淀粉,但这些成分常被包埋于细胞壁结构之中,或与多酚、植酸等形成复合体,导致实际利用率明显低于理论含量。

蛋白酶的作用机制主要体现在2个方面。首先,水解蛋白质分子中的肽键,将大分子贮藏蛋白和结构蛋白分解为小肽和游离氨基酸,直接提高氮源的可利用性。其次,蛋白酶能破坏包裹在残余淀粉颗粒外部的蛋白质基质,降低蛋白-淀粉复合结构对淀粉消化的限制,为淀粉酶进一步发挥作用提供条件[29-30]。因此,蛋白酶不仅是蛋白质降解工具,也在一定程度上承担了解除淀粉屏蔽的功能。淀粉修饰酶系主要包括α-淀粉酶、糖化酶等。α-淀粉酶能够切割淀粉内部的α-1,4-糖苷键,将大分子淀粉快速降解为糊精和低聚糖;糖化酶则进一步从非还原端持续释放葡萄糖;脱支酶或普鲁兰酶可切断支链淀粉中的α-1,6-糖苷键,降低支链结构对后续水解的阻碍[31-32]。在酱香型白酒糟中,淀粉修饰酶系的主要功能并非简单提高总糖水平,而是将消化难度较高的残留淀粉转化为更易利用的小分子糖,提高底物能量释放效率。因此,该酶系的核心作用机制:通过蛋白酶削弱蛋白包埋与蛋白-淀粉复合结构,再由淀粉酶完成残余能量底物的水解与释放,使处于被包裹、难降解状态的蛋白和淀粉逐步转变为动物可吸收利用的小分子养分。

2.3 功能辅助酶系对抗营养因子和交联限制的解除作用

除了纤维和蛋白-淀粉复合结构外,酱香型白酒糟中还存在单宁、植酸及酚酸交联等非结构性限制因子。这些成分虽然含量相对较低,但能通过与蛋白质、消化酶、矿物质或细胞壁组分形成复合体,显著降低整体营养利用效率。因此,功能辅助酶系在复合酶制剂体系中具有重要的解锁作用。

植酸酶是功能辅助酶系中的重要成员。植酸作为植物性原料中常见的抗营养因子,能与钙、铁、锌等矿物元素及蛋白质形成稳定复合物,并通过螯合作用抑制部分消化酶活性[18]。植酸酶通过逐步水解植酸分子中的磷酸酯键,释放无机磷和低聚肌醇磷酸衍生物,解除植酸对矿物元素和蛋白质的束缚,提高磷和矿物质的生物利用率,并为蛋白酶、淀粉酶提供更有利的环境。单宁酶在酱香型白酒糟体系中同样具有重要意义。高粱中含有一定水平的单宁及其他酚类物质,酒糟中残留的单宁含量为5.6~9.0 $mg \cdot g^{-1}$。这些多酚类成分可与蛋白质、碳水化合物及消化酶结合,降低蛋白消化率和整体营养吸收效率。单宁酶通过水解单宁中的酯键,降低单宁分子对蛋白质和酶活性的抑制作用,从而改善蛋白和淀粉的可降解性[33]。因此,单宁酶在酱香型白酒糟复合酶体系中主要承担削弱多酚抗营养效应、恢复酶促降解效率的功能。

2.4 复合酶制剂系统降解酱香型白酒糟的协同机制

复合酶制剂系统能够围绕酱香型白酒糟“多层次结构障碍”的特点,形成层级分明、协同有序的降解过程。植酸酶、单宁酶、阿魏酸酯酶等功能辅助酶首先作用于植酸-矿物-蛋白复合体、单宁-蛋白复合体以及酚酸交联桥键,解除底物的化学束缚和部分抗营养限制。随后,纤维素酶、木聚糖酶、果胶酶和β-葡聚糖酶等纤维降解酶对细胞壁骨架进行系统破坏,降低细胞壁完整性和黏滞性,释放被包埋的内部营养成分。在此基础上,蛋白酶和淀粉酶进一步对暴露出来的蛋白质和淀粉进行深度水解,将大分子营养物质转化为小肽、氨基酸和葡萄糖等易吸收成分。

针对酱香型白酒糟这一结构复杂、限制因素多重叠加的特性,构建由上述三类酶系组成的复合酶制剂系统具有明确的机制合理性:纤维降解酶系主要负责破坏细胞壁结构、解除营养包埋;蛋白质与淀粉修饰酶系主要负责释放残余蛋白和能量底物;功能辅助酶系则通过削弱植酸、单宁及酚酸交联等抗营养限制,进一步提高主效酶对底物的作用效率。三类酶系协同作用,有望显著提高酱香型白酒糟的营养可利用性,为其饲料化和高值化利用提供理论依据和技术支撑。

3 酱香型白酒糟酶解转化的工艺优化

在明确核心酶系组成的基础上,酶解工艺参数的系统优化是实现酱香型白酒糟高效、经济生物转化的关键环节。酶解过程是酶制剂、底物结构与反应环境三者动态互作的复杂体系。与一般农副产品相比,酱香型白酒糟来源特殊、组成复杂,具有高纤维、高木质化、部分淀粉回生、蛋白质热变性及酚类物质残留等特征,使其在酶解过程中表现出更强的底物异质性和更复杂的酶-底物互作关系。工艺优化不能局限于单一指标的提升,应从底物利用效率、酶制剂投入成本、产物营养品质及后续转化适配性等多个维度综合考量,构建兼顾效率与经济性的工艺技术体系。本节重点围绕酶制剂复配方案、关键反应参数、预处理酶解耦合模式及酶解发酵联动转化等核心内容的研究进行综述和探讨,以期形成高效、经济、稳定的酶解工艺。

3.1　复合酶制剂复配方案优化

酶制剂复配方案是酱香型白酒糟酶解工艺设计的核心。由于底物中同时存在纤维素、半纤维素、残余淀粉、变性蛋白以及部分酚类和酯类成分,单一酶制剂通常难以有效破除其多层级结构障碍,也难以兼顾不同营养组分的同步释放。应根据底物组成特征构建复合酶体系,通过多酶协同作用实现对白酒糟结构骨架和营养组分的系统降解。

从功能定位上看,纤维降解酶系应作为酱香型白酒糟酶解体系的主体。纤维素酶直接作用于纤维素主链,促进纤维素骨架降解,而木聚糖酶则可优先破坏半纤维素网络,减弱其对纤维素酶进入底物内部的空间阻碍[34]。已有研究表明,在天然木质纤维素底物中,纤维素酶与木聚糖酶间存在显著的协同效应,联合使用时降解效率明显高于单酶处理[35]。这一规律同样适用于酱香型白酒糟,即纤维屏障的有效破除应建立在主酶与辅酶合理复配的基础之上。此外,蛋白酶和淀粉酶也是复合酶体系中不可或缺的组分。蛋白酶促进变性蛋白的降解,提高可溶性蛋白和小分子肽的释放水平[29];淀粉酶及糖化酶则进一步水解残留淀粉,提高可发酵糖含量,为后续发酵创造条件[31]。同时,应适当引入植酸酶、酯酶、单宁酶等功能辅助酶以改善体系环境,降低抗营养效应,提升主酶作用效率。需要指出的是,复配方案优化的关键不在于简单增加酶种数量或总加酶量,而在于明确不同酶种之间的功能分工与比例关系。若主酶比例过高而辅助酶不足,则可能因底物可及位点受限而导致酶资源浪费;若辅助酶设置不合理,则可能无法充分体现协同效应[36]。因此,在实际工艺优化中,应遵循先筛选、后复配、再优化的思路:先通过单酶和双酶组合试验明确不同酶制剂对白酒糟主要指标的影响趋势,再结合正交试验或响应面分析进一步确定最优复配比例,以实现酶解效率与成本控制的统一[37]。

3.2　关键反应参数的优化

在酶制剂体系基本确定后,关键反应参数的优化直接影响酶活表达、底物结构变化及产物释放效率,是决定酶解工艺优劣的另一核心环节。酶解反应本质上是酶、底物与环境三者互作的过程,其中温度、pH 值、加酶量、反应时间和料液比等因素均会对酶底物结合、催化速率及终产物积累产生显著影响[38]。因此,酱香型白酒糟酶解工艺的建立,必须在系统考察单因素影响规律的基础上,进一步分析多因素之间的交互作用,形成合理的工艺参数。

温度和 pH 值是影响酶催化效率的基础条件。不同酶具有各自相对适宜的温度和 pH 值范围,适宜条件有助于维持酶活性中心构象稳定,提高底物结合效率和催化反应速率[39-40];而复合酶解往往涉及多种来源和功能不同的酶制剂,不存在某一种酶的绝对最适点,应寻求多酶共存条件下整体反应效率最高的协同区间。同时,pH 值还会改变底物中蛋白质、酚酸和矿物质的存在状态,间接影响酶与底物之间的吸附和作用方式。因此,工艺优化应综合考虑主导酶种的活性需求、底物理化特征以及后续利用方向,确定合理的温度和 pH 值参数。

加酶量和反应时间则更多体现工艺的经济性与动力学特征。在白酒糟酶解过程中,随着加酶量的增加,底物降解速率和产物释放量通常会在初期显著提升,但当底物表面的有效作用位点逐渐接近饱和后,继续增加酶量所带来的增益会明显下降,甚至因酶之间竞争吸附和非特异性结合而降低整体利用效率[41]。与此类似,反应时间延长虽然有助于酶解程度的进一步提高,但酶解过程通常呈现前快后慢的动力学特征,即前期易降解组分迅速释放,而后期由于剩余底物结构趋于致密、终产物抑制增强及部分酶活下降,反应逐渐进入平台期[42]。因此,最优酶解时间并非越长越好,而应建立在单位时间产物增量、设备利用率和总体成本综合平衡的基础之上。

料液比也是酱香型白酒糟酶解中影响较大的参数之一。酒糟本身纤维含量高、持水性强,若体系固形物含量过高,则易导致黏度升高、传质受限和混合不均,不利于酶与底物充分接触;而若稀释程度过高,虽然可以改善体系流动性和传质性能,却会增加后续浓缩、脱水或发酵步骤的能耗与成本[43]。因此,在工艺优化中应根据酶解目的、设备条件及后续利用路径,确定兼顾流动性、反应效率和工业可操作性的适宜料液比。必要时,还可通过搅拌方式优化、分步补液或分阶段加酶等手段改善高固态酶解体系的传质条件。

总体而言,关键参数优化不应孤立开展,而应在单因素筛选的基础上进一步采用响应面分析等统计优化方法,综合考察温度、pH 值、加酶量、反应时间及料液比等因素之间的交互关系,并以还原糖释放量、可溶性蛋白含量、CF 或 NDF/ADF 降低幅度、底物残渣结构变化及单位成本等指标为评价依据,最终建立多目标协调优化的工艺参数体系。

3.3 预处理与酶解工艺的耦合

鉴于酱香型白酒糟纤维结构的极端致密性,单一酶解工艺有时难以达到理想的降解效果。适度的预处理可软化底物结构、破坏纤维屏障,显著提升酶与底物的可及性,从而强化酶解效率,实现预处理与酶解工艺的协同增效。常用的预处理方法分为物理预处理与温和的化学/生物预处理两类。物理预处理方法操作简单、无二次污染,是目前应用最广泛的预处理方式,主要包括粉碎与蒸汽爆破。粉碎通过机械粉碎减小酒糟颗粒尺寸,增大比表面积,破坏纤维结构的物理完整性,降低酶解阻力。但需控制粉碎粒度,过细粉碎会显著增加能耗,且可能影响酒糟作为饲料时的物理性状[44]。蒸汽爆破将酒糟置于高温高压蒸汽环境中(通常为1.0~2.0 MPa,160~200 ℃),保持一定时间后瞬间泄压,利用压力差产生的机械力破坏木质纤维结构,使纤维素、半纤维素充分暴露,可极大提高酶解可及性。但该方法设备投资成本高,且可能产生糠醛等抑制性物质,需严格控制处理条件[45]。化学/生物预处理方法条件温和、对环境友好,适合与酶解工艺耦合,主要包括稀酸/稀碱处理与生物预处理。稀碱处理可有效溶解木质素与半纤维素,破坏木质素-碳水化合物复合体交联结构,显著提升酶解效率,但对设备有一定腐蚀性,且可能产生含盐废水,需后续中和与洗涤处理;稀酸处理对半纤维素降解效果较好,但会加剧纤维素结晶化,对酱香型白酒糟的适用性不如稀碱处理[46]。结合酱香型白酒糟本身的高酸度特性,采用温和的稀碱预处理,可实现酸碱互补,提升预处理与酶解的协同效果。生物预处理利用白腐菌、褐腐菌等木质素降解微生物进行预发酵,选择性降解木质素,破坏纤维屏障,具有特异性强、条件温和、无二次污染等优势,但存在处理周期长(数天至数周)、过程控制复杂、难以规模化应用等问题,目前主要处于实验室研究阶段[47-48]。

3.4 酶解与固态发酵的联合生物转化

酶解过程的目标不仅是破坏酱香型白酒糟的内部结构,更为后续生物转化创造条件。酶解释放的可溶性糖、小分子肽和其他可利用中间产物,可进一步被酵母、乳酸菌、芽胞杆菌等功能微生物利用,用于改善饲用品质、积累功能代谢产物或提升资源附加值。因此,从资源高值化利用角度出发,酶解工艺不宜作为孤立的技术单元,而应与后续发酵转化有机衔接,构建酶解与发酵联动优化模式。

从技术层面来讲,酶解与发酵联动优化模式主要可分为先酶解后发酵和酶菌协同转化两类模式[49]。前者通过复合酶先行破壁和营养释放,再接种功能微生物进行定向发酵;后者则在发酵过程中同步引入外源酶或利用菌体自身分泌酶持续降解底物,形成边降解、边转化的动态过程。相关研究表明,在白酒糟资源化处理中,酶菌协同模式能有效降低CF、ADF和NDF含量,同时提高粗蛋白、真蛋白及酸溶蛋白水平,表现出较好的饲料化应用潜力[50]。特别是针对鲜酱香型酒糟的液态酶菌协同研究进一步证实,纤维素酶、木聚糖酶和蛋白酶与复合菌剂联合使用后,可显著改善底物营养组成及动物消化利用价值[51-52]。这些结果说明,酶解与发酵联动设计不仅有助于提高原料降解效率,也能够进一步拓展其终端利用形式。

从作用机制来讲,酶解与发酵联动的模式还有助于缓解酶解阶段的终产物抑制问题。在单独酶解体系中,随着可溶性糖和低聚产物不断积累,部分酶的催化效率会受到反馈抑制,从而使酶解速率逐渐下降。而在联动体系中,微生物可及时利用酶解释放出的中间产物,降低终产物积累水平,从而在一定程度上维持酶解过程的持续进行[42]。此外,发酵过程还可能通过酸度调节、代谢协同和风味改良等方式进一步改善酱香型白酒糟的最终品质。因此,在工艺设计中,应根据具体目标比较分步酶解发酵、同步糖化发酵和酶菌协同发酵等不同模式的优势与局限,结合转化效率、操作复杂度、菌种适配性及总体成本,筛选出最适宜的联动工艺路线。

综上,酱香型白酒糟酶解与发酵联动优化的关键,在于实现前端高效破壁释放与后端定向生物转化的有效衔接,将难利用组分转化为更高价值的营养或功能产物,从而提高资源利用深度和产业应用潜力。

4 酱香型酒糟高值化利用效果的综合评估

酱香型白酒糟的高值化评估须通过理化特性、营养品质、功能特性及饲用效果等多维度的实质性改善来体现。

4.1 理化特性与微观结构的根本性改善

理化特性的改善是酱香型白酒糟高值化利用的基础。未经处理的酒糟纤维结构致密,底物异质性强,高含水、高酸度和高有机质含量使其在贮藏与加工过程中容易发生腐败变质,限制了后续酶解、发酵和饲料化利用效率[13]。从高值化角度看,理化特性的优化应重点体现在底物结构疏松化、可及性提升、加工稳

定性增强以及贮藏风险降低等方面。菌酶协同发酵的研究表明,经纤维素酶、木聚糖酶和蛋白酶与复合菌剂联合处理后,鲜酒糟的粗蛋白含量提高,CF 含量显著下降,微观结构呈现出更疏松的纤维形态和蛋白结构变化,说明其由致密难降解向疏松易转化的底物状态转变[51]。这表明理化特性的改善不仅是外观或含水状态的改变,更是后续营养释放和生物转化得以顺利进行的前提。

4.2　营养品质提升的高值化核心评估

营养品质提升是酱香型白酒糟高值化评估的核心。白酒糟本身并非单纯的低值残渣,其干物质中仍含有蛋白质、膳食纤维、残余淀粉、脂肪和灰分等多种成分,但这些成分在天然状态下并不等同于可利用营养,其实际价值取决于能否通过酶解、发酵或分离提取等手段转化为更易消化、更易吸收或更易开发的形式[1]。已有研究表明,微生物-酶协同处理鲜酱香型酒糟后,粗蛋白含量增加而 CF 显著下降,且多数氨基酸的标准化回肠消化率得到改善,说明其营养价值的提升已不仅体现在常规成分分析层面,而且进一步提高了动物可利用性[52]。

4.3　功能特性增强的高值化延伸评估

在基础营养提升的基础上,功能特性的增强体现了酱香型白酒糟高值化利用的重要意义。近年来,关于白酒糟功能成分的研究不断深入:白酒糟中除常规营养物质外,还含有多糖、酚类、活性肽、酯类及其他发酵产物,这些成分使其具备向功能性原料方向开发的潜力[53]。对白酒糟酚类物质的研究表明,其结合酚含量高于游离酚,且多酚组分具有较高抗氧化活性;在体外模拟消化发酵模型中,这些多酚还能提高总细菌、丁酸产生菌、*Akkermansia*、*Lactobacillus*、*Ruminococcus* 和 *Bifidobacterium* 的相对丰度,并增加短链脂肪酸含量,提示其具有潜在的肠道微生态调节作用[54]。此外,白酒糟来源非消化性多糖经适宜加工后可增强抗氧化能力及对淀粉水解过程的调控潜力,而白酒糟中阿魏酰化寡糖则表现出一定体外抗炎活性,抑制 TNF-α、IL-6 和 IL-1β 等炎性因子的分泌,并促进 IL-10 的分泌[55]。因此,若处理后的酱香型白酒糟不仅提升了营养利用率,还表现出抗氧化、抗炎或肠道健康调节等功能特性,则其高值化水平已超出传统饲料化利用范畴,进入功能性开发阶段。

4.4　动物饲用效果验证的高值化应用评估

酱香型白酒糟高值化利用的最终目的在于在动物生产体系中体现实际应用效果。鲜酱香型酒糟液态酶菌协同发酵研究表明,经复合菌剂与木聚糖酶、纤维素酶和蛋白酶处理后,酒糟的营养组成得到优化,猪对多数氨基酸的标准化回肠消化率显著提高[51]。这说明经过适宜工艺改造,酱香型白酒糟不仅可以作为可替代性原料被重新纳入饲料体系,更有望作为具有更高生物学利用率的功能性饲料资源参与动物营养调控(表 2)。

表 2　酶制剂处理酒糟在动物饲喂中的效果

Table 2　Application effects of enzyme-treated distillers' grains in animal feeding

原料类型	酶处理方式	动物模型	主要评价指标	应用效果	参考文献
鲜酱香型酒糟	复合菌剂(乳酸菌、酵母、芽胞杆菌)联合木聚糖酶、纤维素酶和蛋白酶进行液态协同发酵	猪	粗蛋白(CP)、粗纤维(CF)、氨基酸标准化回肠消化率(SID)	CP 提高 8.83%,CF 降低 31.31%,多数氨基酸 SID 显著提高	[51]
玉米 DDGS 日粮	外源多糖酶复合物、植酸酶(MCPC)	肉鸡	生长性能、肠道健康、菌群组成	DDGS 添加至 14% 时不损害生长性能;在 DDGS 日粮中补充 MCPC 后,肉鸡生产性能显著改善	[56]
高粱 DDGS 日粮	复合碳水化合物酶 、蛋白酶	肉鸡	代谢能(ME)、净能(NE)、热增耗、胴体脂肪沉积	30% DDGS 会提高产热并降低日粮 NE;酶处理虽未显著改变 HP、ME 或 NE/ME,但提高了 NE	[57]
玉米 DDGS	植酸酶、木聚糖酶、蛋白酶单独或组合添加	猪	全肠道表观消化率(ATTD)、DE、ME、Ca/P 利用率	复合酶可提高 DE、ME 和 DM 的 ATTD;木聚糖酶在 DDGS 体系中更有效;组合酶优于单一酶	[58]
25%玉米 DDG 日粮	木聚糖酶、β-葡聚糖酶梯度添加	生长猪	NDF 消化率、可消化能(DE)、氮平衡	可提高 NDF 消化率和 DE,增加额外能量与蛋白可利用性	[59]
30%小麦 DDGS 基础日粮	复合多糖酶	生长猪和育肥猪	生长性能、DM/N/GE/粗纤维消化率、回肠养分消化率	复合多糖酶改善了生长性能,提高了 DM、N、GE 和粗纤维表观消化率;对育肥阶段回肠养分消化亦有促进作用	[60]
蒸馏糟/DDGS 含量较高日粮	NSP 降解酶	单胃动物	生产性能、纤维消化率、胴体指标	NSP 降解酶在多数研究中可改善 DDGS 日粮的营养消化指标	[61]

注:DDGS:干酒糟及其可溶物。

5 酶制剂在酱香型白酒糟高值化利用中的现存挑战与AI赋能展望

酱香型白酒糟作为白酒酿造过程中的副产物,兼具资源潜力大和利用难度高的双重特征。前文已从酶系组成、工艺优化、高值化评估及动物饲用效果等方面论述了其资源化利用路径。总体来看,酶制剂在此过程中具有不可替代的重要作用,既可通过降解纤维结构和释放被包埋营养物质提高原料可及性,又能与发酵过程协同促进饲用价值提升和功能成分释放。然而,受底物复杂性、酶系适配性、工艺控制难度及产业化成本等因素制约,其应用仍面临一系列现实挑战。与此同时,人工智能(AI)技术在数据建模、模式识别、参数优化、分子设计和智能决策等方面展现出显著优势,为该领域由经验驱动向数据驱动和智能驱动转变提供了新的可能。因此,系统梳理当前酶制剂应用中存在的主要问题,并探讨AI技术在其中的潜在赋能路径,对推动酱香型白酒糟高值化利用技术升级具有重要意义。

5.1 酶制剂应用于酱香型白酒糟高值化利用的现存挑战

尽管酶制剂在酱香型白酒糟高值化利用中表现出促进纤维降解、释放潜在营养组分、改善底物可及性及提高后续发酵转化效率等多方面优势,但其实际应用仍面临诸多制约,尚未形成稳定、高效且易于产业化推广的技术体系。首先,酱香型白酒糟来源复杂,受原料组成、酿造轮次、蒸煮强度、堆积发酵条件及贮存状态等因素影响,其纤维素、半纤维素、木质素、残余淀粉、蛋白质及酚类代谢物等组分存在明显波动,导致底物异质性强、批次差异大,同一酶制剂或工艺参数在不同批次酒糟中的处理效果难以保持稳定。其次,酱香型白酒糟经过高温蒸煮和多轮微生物发酵后形成较为致密的复合结构,酶与底物之间的有效接触受限,削弱了酶制剂理论活性的实际发挥;同时,复合酶体系的精准适配能力不足,不同酶种之间虽可能存在协同增效,但也可能因作用位点重叠、竞争吸附或最适反应条件不一致而影响整体效率,难以满足复杂底物定向转化的需求。最后,酶制剂在酱香型白酒糟中发挥最佳作用,不仅取决于酶种,还受到温度、pH值、料液比、酶添加量、反应时间、预处理强度、搅拌条件以及是否联动发酵等多种因素共同影响,参数之间往往存在复杂交互关系,酶解酱香型白酒糟工艺优化成为一个典型的多因素、多目标耦合问题。总体来看,酶制剂在酱香型白酒糟高值化利用中的挑战主要集中体现为底物复杂性与酶系适配性之间的矛盾、工艺优化精细化与产业应用可行性之间的矛盾,这也是后续技术升级和智能化赋能亟须突破的关键方向。

5.2 AI赋能酱香型白酒糟酶制剂高值化利用的潜在路径

面对酱香型白酒糟高值化利用过程中底物异质性强、复合酶体系筛选依赖经验、工艺参数优化复杂等挑战,人工智能技术的引入为该领域由传统经验驱动向数据驱动和智能驱动转变提供了新的发展方向。以AlphaFold[62]和RoseTTAFold[63]为代表的高精度蛋白质结构预测工具,加深了对酶构效关系的理解。基于梯度反向传播的新技术,如trDesign[64]和RFdiffusion[65]等,实现了蛋白质的从头设计。以ProGen语言模型为例,其生成的人工溶菌酶蛋白与天然蛋白的序列相似度仅31.4%,却展现出相似的催化效率[66]。这一突破为针对白酒糟特定底物进行酶的精准设计提供了理论依据和技术支撑。

首先,AI在酶制剂的基因挖掘、蛋白设计、高效表达等方面应用效果明显。巴西国家能源材料研究中心Mario T. Murakami研究团队深入挖掘微生物群落“暗物质”,发现了一种全新的金属酶CelOCE[24]。该酶通过独特的氧化裂解机制高效转化纤维素且仅生成纤维二糖酸,其晶体结构、二聚体结构和催化机制颇具特色。CelOCE与内切纤维素酶协同作用显著,在工业条件下能大幅提升预处理生物质的葡萄糖释放量,远超传统真菌酶,为生物质转化开辟了新路径。此外,基于数据驱动的酶制剂设计策略,笔者团队先后开发了可耐受100 ℃的超级植酸酶、淀粉酶等饲料酶制剂[18,38,67],在满足饲料制粒加工工艺的同时,也为提升国产酶制剂的品质提供了有力的技术支撑。

其次,AI在多源数据整合与模式识别方面优势突出,可将近红外光谱、常规营养成分、纤维结构参数、发酵特征及处理效果等信息进行联合建模,实现对酒糟原料特征的快速解析、原料分级与利用潜力预测,为不同批次酒糟匹配更适宜的处理方案。Li等[68]开发的基于深度学习的智能多模态系统,融合高光谱成像的颜色特征、光谱特征及理化指标,实现了辣椒酱质量的无损评估。Xue等[69]提出的面向光谱分析的预训练基础模型Deep Spectral Component Filtering通过自监督学习获取通用光谱知识,在代谢谱分析中展示了跨样本、跨设备、跨模态的泛化能力,使光谱分析有望从任务特异性建模转向预训练基础模型+下游任务迁移的新范式。

再次,AI可通过建立底物特征-酶系组成-处理结果的映射关系,对纤维素酶、木聚糖酶、蛋白酶及辅

助酶的组合方式、添加比例和潜在协同效应进行高通量预测筛选,减少传统复配试验的大量盲目摸索,节约时间与成本,为酶制剂精准设计提供新的技术路径。传统多酶体系优化主要依赖试验试错法,效率低、成本高。近期研究通过整合高通量测试与空间结构预测,快速构建人工多酶协同体系的空间构效关系模型,揭示了多酶空间邻近度与催化效率的内在关联,精准识别影响催化效率的关键因素(图 2)[70]。

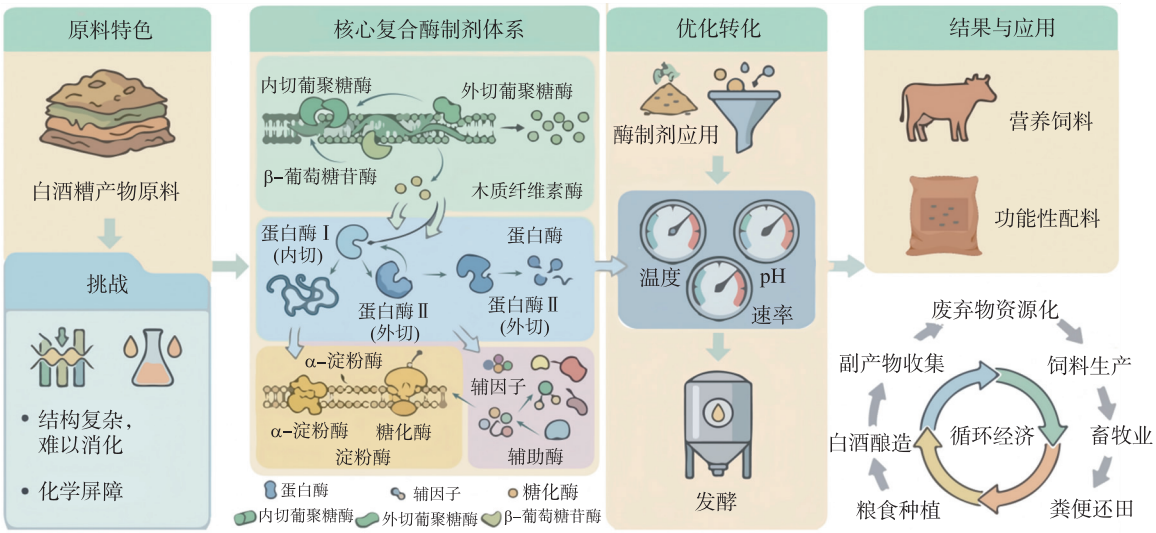

图 2　推动酱香型白酒糟资源化利用的酶制剂技术路径

Fig. 2　Key technological pathways for enzyme preparations promoting resource utilization of Jiang-flavor Baijiu distillers' grains

酒糟酶解及酶菌协同发酵工艺属于典型的多变量、多目标优化问题,机器学习和智能优化算法在处理复杂非线性关系方面具有天然优势,可用于温度、pH 值、料液比、加酶量、反应时间、预处理强度及发酵条件等关键参数的协同寻优,兼顾降解效率、营养释放、成本控制与过程稳定性,构建更具实用价值的工艺优化模型。Diao 等[71]提出的人工智能驱动数字菌落挑选平台,无需琼脂培养或物理接触,即可基于单细胞分辨率的生长和代谢表型,实现微生物克隆的自动化、高通量筛选与导出。该平台整合了 16 000 个可寻址皮升级微腔室的微流控芯片、AI 驱动动态图像分析与激光诱导气泡无接触导出技术,成功应用于运动发酵单胞菌 *Zymomonas mobilis* 的筛选,获得乳酸产量提升 19.7% 且在 30 $g \cdot L^{-1}$ 乳酸胁迫下生长增强 77.0%的突变株,并鉴定出关键功能基因。

总体来看,随着人工智能与酶工程、发酵工程及饲料营养学的持续交叉融合,酱香型白酒糟高值化利用有望逐步实现从原料识别、酶系筛选、工艺优化到终端应用评价的全流程智能化升级,为酶制剂在复杂副产物资源转化中的精准应用、效率提升和产业推广提供更加坚实的技术支撑。

6　结语与展望

酱香型白酒糟是一类资源潜力突出但利用受限的特殊酿造副产物,其高纤维、高酸度、结构致密及营养组分利用率低等特性,是制约其高值化利用的关键因素。酶制剂凭借催化专一、条件温和、易于工艺耦合等优势,能有效破除酒糟细胞壁屏障、释放包埋养分并改善饲用价值,是推动其资源化利用的重要技术路径。整体而言,复合酶体系构建、关键工艺参数优化以及预处理—酶解—发酵协同,是提升酒糟转化效率和应用价值的核心环节。未来应进一步深化酶-底物互作机制、工艺放大适配性及应用效果研究,并融合人工智能在酶系筛选、过程优化与智能控制中的潜力,推动酱香型白酒糟高值化利用向精准化、高效化和产业化方向发展。

参考文献 References:

[1] Zhang C, Li J L, Zeng X D, et al. Comprehensive use of distillers' grains derived from Chinese Baijiu: a review[J]. Journal of Agriculture and Food Research, 2024, 18: 101439.

[2] Liu C G, Xiao Y, Xia X X, et al. Cellulosic ethanol production: progress, challenges and strategies for solutions[J]. Biotechnology Advances, 2019, 37(3): 491-504.

[3] 刘伟,张文杰. 酒糟类饲料在肉羊养殖中的应用研究探讨[J]. 畜牧兽医杂志,2024,43(3):46-48.
Liu W,Zhang W J. Research on the application of distiller's grains feed in meat sheep breeding[J]. Journal of Animal Science and Veterinary Medicine,2024,43(3):46-48(in Chinese with English abstract).

[4] 杨翼,王府,欧仁,等. 贵州酱香型白酒糟渣对畜禽饲料的研究进展[J]. 现代畜牧科技,2025(9):93-96.
Yang Y,Wang F,Ou R,et al. Research progress in Guizhou sauce-flavor Baijiu distillers' grains on livestock and poultry feeds[J]. Modern Animal Husbandry Science & Technology,2025(9):93-96(in Chinese with English abstract).

[5] Fu R Q,Han L,Li Q,et al. Studies on the concerted interaction of microbes in the gastrointestinal tract of ruminants on lignocellulose and its degradation mechanism[J]. Frontiers in Microbiology,2025,16:1554271.

[6] Gurovic M S V,Viceconte F R,Bidegain M A,et al. Regulation of lignocellulose degradation in microorganisms[J]. Journal of Applied Microbiology,2023,134(1):lxac002.

[7] 司维江,刘建忠,黄德利,等. 白酒糟饲料化利用菌种的筛选及工艺优化[J]. 饲料研究,2022,45(8):67-72.
Si W J,Liu J Z,Huang D L,et al. Screening and process optimization of bacteria for fodder utilization of distiller's grains[J]. Feed Research,2022,45(8):67-72(in Chinese with English abstract).

[8] Almeida F N,Htoo J K,Thomson J,et al. Amino acid digestibility of heat damaged distillers dried grains with solubles fed to pigs[J]. Journal of Animal Science and Biotechnology,2013,4(1):44.

[9] 丁延庆,等. 酱香型酒用糯高粱研究进展[J]. 生物技术通报,2019,35(5):28-34.
Ding Y Q,Zhou L B,Wang C,et al. Research advance in glutinous sorghum for making sauce flavor liquor in China[J]. Biotechnology Bulletin,2019,35(5):28-34(in Chinese with English abstract).

[10] Predescu N C,Stefan G,Rosu M P,et al. Fermented feed in broiler diets reduces the antinutritional factors,improves productive performances and modulates gut microbiome:a review[J]. Agriculture,2024,14(10):1752.

[11] Diribi M,Ijara F. Livestock feed antinutritional components:a review[J]. Journal Nutrition Food Process,2024,7(6):231.

[12] Murtaza B,Guo L L,Wang L L,et al. Mycotoxin detection in corn and distillers dried grains for food security[J]. Renewable and Sustainable Energy Reviews,2025,210:115194.

[13] 唐哲仁,高勇,师雄,等.白酒酒糟资源化利用技术研究进展[J]. 中国酿造,2024,43(8):13-19.
Tang Z R,Gao Y,Shi X,et al. Research progress on resource utilization techniques of Chinese Baijiu distiller's grains[J]. China Brewing,2024,43(8):13-19(in Chinese with English abstract).

[14] 廖云琼,康永刚,昌莉丽. 发酵白酒糟的营养价值及其在动物生产中应用的研究进展[J]. 畜牧与兽医,2024,56(2):142-148.
Liao Y Q,Kang Y G,Chang L L. Progress in research on nutritional value and application of fermented distillers' grains in animal production[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine,2024,56(2):142-148(in Chinese with English abstract).

[15] Li J,Sun J Y,Pan Y,et al. Value-added products from Baijiu distillers' grains:bioactive flavonoids and the evaluation of its potential function[J]. Journal of Food Science,2025,90(7):e70425.

[16] Belardi I,de Francesco G,Alfeo V,et al. Advances in the valorization of brewing by-products[J]. Food Chemistry,2025,465:141882.

[17] Su X Y,Hao Z Z,Yao B. Translocation of health-promoting enzymes across the gut barrier[J]. Trends in Endocrinology & Metabolism,2023,34(5):257-259.

[18] Tu T,Wang Q,Dong R Y,et al. Achieving thermostability of a phytase with resistance up to 100 ℃[J]. The Journal of Biological Chemistry,2024,300(12):107992.

[19] Liu X Q,Gao F,Wang Y R,et al. Characterization of a novel thermostable α-l-arabinofuranosidase for improved synergistic effect with xylanase on lignocellulosic biomass hydrolysis without prior pretreatment[J]. Bioresource Technology,2024,394:130177.

[20] Shi Q C,Abdel-Hamid A M,Sun Z Y,et al. Carbohydrate-binding modules facilitate the enzymatic hydrolysis of lignocellulosic biomass:releasing reducing sugars and dissociative lignin available for producing biofuels and chemicals[J]. Biotechnology Advances,2023,65:108126.

[21] Zong Z Y,Mazurkewich S,Pereira C S,et al. Mechanism and biomass association of glucuronoyl esterase:an α/β hydrolase with potential in biomass conversion[J]. Nature Communications,2022,13:1449.

[22] Dong R Y,Liao M,Liu X Q,et al. Effectiveness of ruminal xylanase with an extra proline-rich C-terminus on lignocellulosic biomass degradation[J]. Bioresource Technology,2023,372:128695.

[23] Dilokpimol A,Verkerk B,Li X X,et al. Screening of novel fungal carbohydrate esterase family 1 enzymes identifies three novel dual feruloyl/acetyl xylan esterases[J]. FEBS Letters,2022,596(15):1932-1943.

[24] Santos C A,Morais M A B,Mandelli F,et al. A metagenomic 'dark matter' enzyme catalyses oxidative cellulose conversion[J]. Nature,2025,639(8056):1076-1083.

[25] Martins M P,Martins G H,Fuzita F J,et al. A disulfide redox switch mechanism regulates glycoside hydrolase function[J]. Nature Communications,2026,17:45.

[26] Gopalan N,Rodríguez-Duran L V,Saucedo-Castaneda G,et al. Review on technological and scientific aspects of feruloyl esterases:a versatile enzyme for biorefining of biomass[J]. Bioresource Technology,2015,193:534-544.

[27] Long L F,Hu Y,Sun F B,et al. Advances in lytic polysaccharide monooxygenases with the cellulose-degrading auxiliary activity family 9 to facilitate cellulose degradation for biorefinery[J]. International Journal of Biological Macromolecules,2022,219:68-83.

[28] Gaber Y,Rashad B,Hussein R,et al. Heterologous expression of lytic polysaccharide monooxygenases(LPMOs)[J]. Biotechnology Advances,

2020,43:107583.

[29] Ren Y X,Luo H Y,Huang H Q,et al. Improving the catalytic performance of proteinase K from *Parengyodontium album* for use in feather degradation[J]. International Journal of Biological Macromolecules,2020,154:1586-1595.

[30] Zhao H Y,Feng H. Engineering *Bacillus pumilus* alkaline serine protease to increase its low-temperature proteolytic activity by directed evolution [J]. BMC Biotechnology,2018,18(1):34.

[31] Jeon H Y,Kim N R,Lee H W,et al. Characterization of a Novel maltose-forming α-amylase from *Lactobacillus plantarum* subsp. *plantarum* ST-III[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry,2016,64(11):2307-2314.

[32] Kan L J,Capuano E,Fogliano V,et al. Inhibition of α-glucosidases by tea polyphenols in rat intestinal extract and Caco-2 cells grown on Transwell[J]. Food Chemistry,2021,361:130047.

[33] Jana A,Halder S K,Banerjee A,et al. Biosynthesis,structural architecture and biotechnological potential of bacterial tannase:a molecular advancement[J]. Bioresource Technology,2014,157:327-340.

[34] Yuan Y F,Jiang B,Chen H,et al. Recent advances in understanding the effects of lignin structural characteristics on enzymatic hydrolysis[J]. Biotechnology for Biofuels,2021,14(1):205.

[35] 杜京京,朱倩,郭家刚,等. 纤维素酶/木聚糖酶复合酶解竹笋粉的工艺优化及其功能特性[J]. 食品研究与开发,2025,46(10):148-154.
Du J J,Zhu Q,Guo J G,et al. Process optimization and functional characterization of bamboo shoot powder modified by composite cellulase/xylanase hydrolysis[J]. Food Research and Development,2025,46(10):148-154(in Chinese with English abstract).

[36] Naresh Kumar M,Ravikumar R,Kirupa Sankar M,et al. New insight into the effect of fungal mycelia present in the bio-pretreated paddy straw on their enzymatic saccharification and optimization of process parameters[J]. Bioresource Technology,2018,267:291-302.

[37] Lin X J,Ma Z H,Liu F F,et al. Optimizing enzymatic oil extraction:critical roles of enzyme selection,process parameters,and synergistic effects on yield and quality[J]. Food Chemistry,2025,495:146347.

[38] Liao M,Feng S H,Liu X Q,et al. Novel insights into enzymatic thermostability:the "short board" theory and zero-shot Hamiltonian model[J]. Advanced Science,2024,11(45):2402441.

[39] Tu T,Zhang Y J,Yan Y R,et al. Revealing the intricate mechanism governing the pH-dependent activity of a quintessential representative of flavoproteins,glucose oxidase[J]. Fundamental Research,2026,6(2):919-928.

[40] Qin L Q,Ma J H,Tian H F,et al. Production of xylooligosaccharides from Jiuzao by autohydrolysis coupled with enzymatic hydrolysis using a thermostable xylanase[J]. Foods,2022,11(17):2663.

[41] Wu J,Dong Y T,Zhang H Y,et al. Reduced cellulose accessibility slows down enzyme-mediated hydrolysis of cellulose[J]. Bioresource Technology,2023,371:128647.

[42] Andrić P,Meyer A S,Jensen P A,et al. Reactor design for minimizing product inhibition during enzymatic lignocellulose hydrolysis:Ⅰ. Significance and mechanism of cellobiose and glucose inhibition on cellulolytic enzymes[J]. Biotechnology Advances,2010,28(3):308-324.

[43] da Silva A S,Espinheira R P,Teixeira R S S,et al. Constraints and advances in high-solids enzymatic hydrolysis of lignocellulosic biomass:a critical review[J]. Biotechnology for Biofuels,2020,13(1):58.

[44] Gladysheva E K. Liquid hot water and steam explosion pretreatment methods for cellulosic raw materials:a review[J]. Polymers,2025,17(13):1783.

[45] Sun S N,Sun S L,Cao X F,et al. The role of pretreatment in improving the enzymatic hydrolysis of lignocellulosic materials[J]. Bioresource Technology,2016,199:49-58.

[46] Li S X,Li M F,Bian J,et al. Biphasic 2-methyltetrahydrofuran/oxalic acid/water pretreatment to enhance cellulose enzymatic hydrolysis and lignin valorization[J]. Bioresource Technology,2017,243:1105-1111.

[47] Wang Z Y,Wang R X,Zhou J S,et al. An assessment of the genomics,comparative genomics and cellulose degradation potential of *Mucilaginibacter polytrichastri* strain RG4-7[J]. Bioresource Technology,2020,297:122389.

[48] Ma W J,Liang Y T,Lin H S,et al. Fermentation of grapefruit peel by an efficient cellulose-degrading strain(*Penicillium* YZ-1):modification,structure and functional properties of soluble dietary fiber[J]. Food Chemistry,2023,420:136123.

[49] Tang C J,Cavka A,Bui M,et al. Comparison of simultaneous saccharification and fermentation with LPMO-supported hybrid hydrolysis and fermentation[J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology,2024,12:1419723.

[50] Qiao L,Wang K,Xin X,et al. Upcycling of Chinese Nong-flavor Baijiu distiller's grains through solid-state fermentation by microbial-enzyme synergy[J]. Fermentation,2026,12(1):13.

[51] Wu C M,Zhou Z Y,Li M H,et al. Development of a liquid microbial enzyme synergistic fermentation process for strong-aroma and soy-sauce-aroma fresh distiller's grains and the evaluation of their nutritional value in pigs[J]. Animals,2026,16(2):170.

[52] Li W,Cheng P,Zhang J B,et al. Synergism of microorganisms and enzymes in solid-state fermentation of animal feed:a review[J]. Journal of Animal and Feed Sciences,2021,30(1):3-10.

[53] Guan C L,Zhou F Z,MaP H,et al. High-value applications of bioactive polysaccharides and functional components from Baijiu distillers' grains:a review[J]. Agriculture,2026,16(5):527.

[54] 钟江,黄永光,胡鹏刚,等. 清酱香型白酒糟酚类物质鉴定及其活性功能解析[J]. 中国酿造,2024,43(1):69-76.
Zhong J,Huang Y G,Hu P G,et al. Identification of phenolics and functional analysis of their activity in light/sauce-flavor Baijiu distiller's grain [J]. China Brewing,2024,43(1):69-76(in Chinese with English abstract).

[55] Liu Y Z, Li X, Qin H, et al. Obtaining non-digestible polysaccharides from distillers' grains of Chinese Baijiu after extrusion with enhanced antioxidation capability[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2023, 243: 124799.
[56] PontG C D, Lee A, Bortoluzzi C, et al. Distillers dried grains with soluble and enzyme inclusion in the diet effects broilers performance, intestinal health, and microbiota composition[J]. Poultry Science, 2023, 102(11): 102981.
[57] Barekatain M R, Noblet J, Wu S B, et al. Effect of sorghum distillers dried grains with solubles and microbial enzymes on metabolizable and net energy values of broiler diets[J]. Poultry Science, 2014, 93(11): 2793-2801.
[58] Passos A A, Moita V H C, Kim S W. Individual or combinational use of phytase, protease, and xylanase for the impacts on total tract digestibility of corn, soybean meal, and distillers dried grains with soluble fed to pigs[J]. Animal Bioscience, 2023, 36(12): 1869-1879.
[59] Dereck B F C, Giacomel E, de Souza C, et al. Effects of dietary xylanase plus β-glucanase levels on total-tract nutrient and energy digestibility and N balance of growing pigs fed diets containing corn distillers dried grains[J]. Tropical Animal Health and Production, 2023, 55(5): 312.
[60] Emiola I A, Opapeju F O, Slominski B A, et al. Growth performance and nutrient digestibility in pigs fed wheat distillers dried grains with solubles-based diets supplemented with a multicarbohydrase enzyme1[J]. Journal of Animal Science, 2009, 87(7): 2315-2322.
[61] Swiatkiewicz S, Swiatkiewicz M, Arczewska-Wlosek A, et al. Efficacy of feed enzymes in pig and poultry diets containing distillers dried grains with solubles: a review[J]. Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition, 2016, 100(1): 15-26.
[62] Jumper J, Evans R, Pritzel A, et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold[J]. Nature, 2021, 596(7873): 583-589.
[63] Baek M, DiMaio F, Anishchenko I, et al. Accurate prediction of protein structures and interactions using a three-track neural network[J]. Science, 2021, 373(6557): 871-876.
[64] Norn C, Wicky B I M, Juergens D, et al. Protein sequence design by conformational landscape optimization[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2021, 118(11): e2017228118.
[65] Watson J L, Juergens D, Bennett N R, et al. *De novo* design of protein structure and function with RFdiffusion[J]. Nature, 2023, 620(7976): 1089-1100.
[66] Madani A, Krause B, Greene E R, et al. Large language models generate functional protein sequences across diverse families[J]. Nature Biotechnology, 2023, 41(8): 1099-1106.
[67] Wang Q, Liu X Q, Tian J, et al. Enhancing the thermostability of phytase to boiling point by evolution-guided design[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2022, 88(11): e0050622.
[68] Li M M, Lai L F, Yuan J J, et al. Deep learning-based multimodal fusion for quality prediction of chili paste using hyperspectral imaging and near-infrared spectroscopy[J]. Food Chemistry, 2025, 493: 145712.
[69] Xue B S, Bi X Y, Dong Z Y, et al. Deep spectral component filtering as a foundation model for spectral analysis demonstrated in metabolic profiling[J]. Nature Machine Intelligence, 2025, 7(5): 743-757.
[70] Wang J W, Ouyang X Y, Meng S Y, et al. Rational multienzyme architecture design with iMARS[J]. Cell, 2025, 188(5): 1349-1362.
[71] Diao Z D, Peng Q Q, Luo S J, et al. AI-powered high-throughput digital colony picker platform for sorting microbial strains by multi-modal phenotypes[J]. Nature Communications, 2025, 16: 8769.

责任编辑:周广礼

涂涛,博士,研究员,博导。国家优秀青年科学基金获得者和国家重点研发计划青年科学家项目主持人。主要从事提升饲用酶性能的构效关系研究,并在饲用酶解决养殖业供需平衡、缓解养殖环境污染、保障动物产品安全等方面取得了一系列原创性成果。以第一作者或通信(含共同)作者在 *ACS Catalysis*、*Advanced Science*、*Engineering* 等期刊发表 SCI 论文 45 篇(封面论文 7 篇),以主要完成人获得国家发明专利 35 件(含 PCT 专利 4 件)。兼任中国水产学会水产微生物生态与资源专业委员会副主任委员、中国畜牧兽医学会动物营养学分会理事、农业农村部农产品加工标准化技术委员会委员等职务,获神农中华农业科技奖一等奖、湖北省科技进步奖二等奖和中国畜牧兽医学会第六届"井冈新秀"、中国农业科学院第八届"十佳青年"等称号。