

淀粉酶的分类及应用研究进展*

Current Progress in Application of Amylase and Its Classification

罗春雷,韦宇拓**

LUO Chunlei, WEI Yutuo

(广西大学, 生命科学与技术学院, 广西南宁 530005)

(College of Science and Technology, Guangxi University, Nanning, Guangxi, 530005, China)

摘要: 淀粉酶是催化水解淀粉分子内糖苷键的一类酶的总称, 因其氨基酸序列多样、来源广泛以及性质差异大, 分类方法也有多种方式, 比较主流的是以淀粉水解产物异头碳的构型来划分为 α -淀粉酶和 β -淀粉酶。目前已有多种淀粉酶被成功商业化, 广泛应用于各行业中, 本文对淀粉酶的一些分类方法及其应用进行综述。

关键词: 淀粉酶 糖苷水解酶 分类 应用

中图分类号: Q556+.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1005-9164(2018)03-0248-05

Abstract: Amylase is a general term for enzymes (glycoside hydrolases) that catalyze the hydrolysis of glycosidic linkages into starch molecules. Because of their diverse amino acid sequences, wide variety of sources, and large differences in their properties, there are several methods for classification. The most common method is the formation of starch-hydrolyzed products of anomeric carbons. With this method amylase is divided into α -amylase and β -amylase. Several amylases have been successfully commercialized and widely used in various industries currently. In this paper the classification of amylase and its application were reviewed.

Key words: amylases, glycoside hydrolases, classification, applications

0 引言

淀粉是高等植物主要储存的多糖, 是一种可再生可生物降解的天然原料, 广泛用于食品、发酵、化工、防治以及生物乙醇等行业。天然存在的淀粉含有20%~30%的直链淀粉(amylose, AM)及70%~

80%的支链淀粉(amylopectin, AP), AM是一种主要以 α -1,4-糖苷键连接的线性葡萄糖多聚体, AP是由 α -1,4-糖苷键连接的10~60个葡萄糖单元为主体, 通过 α -1,6-糖苷键连接产生分支的葡萄糖多聚体^[1]。

淀粉酶是水解淀粉分子内的 α -1,4-糖苷键和 α -1,6-糖苷键得到葡萄糖、寡糖或者糊精等产物的一类酶。淀粉酶的分类依据多种多样, 根据淀粉水解产物异头碳的构型为 α 构型或者 β 构型, 淀粉酶可以分为 α -淀粉酶或者 β -淀粉酶; 根据水解方式的不同, 可以分为内切型淀粉酶和外切型淀粉酶; 根据水解产物分子的大小又可以分为糊精酶、低聚糖酶; 根据酶学性质分为酸性淀粉酶、碱性淀粉酶、低温淀粉酶、高温淀粉酶等; 根据淀粉酶的用途分为液化酶和糖化酶; 根据淀粉酶的来源分为微生物淀粉酶、真菌淀粉酶、动

收稿日期: 2018-04-02

修回日期: 2018-05-25

作者简介: 罗春雷(1990-), 男, 硕士, 主要从事发酵与酶工程方向的研究。

* 国家自然科学基金项目(31460459)和自治区主席科技资金项目(16449-01)资助。

** 通信作者: 韦宇拓(1971-), 男, 教授, 主要从事发酵与酶工程研究, E-mail: weiyutuo@gxu.edu.cn.

物淀粉酶等^[2]。国内外对淀粉酶的来源、酶学性质、应用等进行了广泛的研究^[3-6],某些淀粉酶的分类方法在应用过程中虽然使用方便,但是无法提供准确的酶学信息。因此本文总结归纳了一些淀粉酶的分类方法及其应用。

1 以水解糖苷键类型划分

大多数淀粉酶都是以 α -1,4-糖苷键为水解对象,比如 α -淀粉酶、外切型的葡糖淀粉酶、 β -淀粉酶等。水解淀粉中 α -1,6-糖苷键的酶即脱支酶主要有异淀粉酶、普鲁兰酶以及极限糊精酶^[7]。异淀粉酶(EC 3.2.1.68)属于GH13家族,能够水解糖原、支链淀粉和其他 β -极限糊精中分支处的 α -1,6-糖苷键,不能水解普鲁兰多糖,对 α -极限糊精水解活性低,麦芽糖是最小单位的水解产物^[8]。普鲁兰酶(EC 3.2.1.41)属于GH13家族和GH57家族,除能水解异淀粉酶能水解的底物外,还能够水解普鲁兰多糖和 α -极限糊精,且能够完全水解支链淀粉中的 α -1,6-糖苷键,水解产物的最小单位也是麦芽糖^[9]。极限糊精酶(EC 3.2.1.142)主要作用底物是 α -极限糊精、 β -极限糊精以及普鲁兰多糖,但是不能完全水解支链淀粉,对糖原的水解活性很低甚至没有活性^[9]。这3种脱支酶的区别主要是作用底物不同,支链淀粉、普鲁兰多糖和极限糊精的支链大小不一样,因此与酶的结合能力也不一样。

2 以水解产物异头碳的构型划分

直链淀粉分子内的葡萄糖单元以 α 构型的 α -1,4-糖苷键连接。当被一种淀粉酶水解时水解产物的异头碳仍保留 α 构型,则该酶是一种 α -淀粉酶,是一种分布范围很广的淀粉酶。而当水解时发生沃尔登转位反应(Walden inversion),产物异头碳由 α -型变为 β -型时,则该酶是一种 β -淀粉酶。

2.1 α -淀粉酶

α -淀粉酶(EC 3.2.1.1)是一类水解如淀粉、糖原等葡聚糖分子中 α -1,4-糖苷键的水解酶^[10]。 α -淀粉酶在GH13家族、GH57家族、GH119家族及GH126家族中均有分布,且GH13家族是 α -淀粉酶的主要集中地^[10]。其普遍存在于自然界中,从古细菌到哺乳动物体均有发现。微生物种类繁多数量庞大,因此来源于微生物的 α -淀粉酶的种类十分多样,既有能够耐受酸环境(pH值3.0)的来源于*Lactobacillus plantarum*的LpMA α -淀粉酶^[11],又有能够耐受高达90℃高温环境的来源于*Bacillus licheniformis*的BLA α -淀粉酶^[12],以及能够耐受各

种极端环境如高盐、有机溶剂、去污剂的 α -淀粉酶^[13-16]。然而对植物来源 α -淀粉酶的研究主要集中在水稻、玉米、大麦、大豆等农作物种子发芽过程中,因为在该过程中,种子需要通过快速水解储存的淀粉来作为生长的能量来源^[5,17-20]。在动物体内, α -淀粉酶常常存在于消化系统中,比如人唾液中的唾液淀粉酶HSAmy^[21],一些哺乳动物胰腺中的 α -淀粉酶^[22-23],昆虫消化道中的淀粉酶^[24],这些淀粉酶通过将食物中的淀粉水解成小分子寡糖来促进机体的消化吸收碳水化合物。

2.2 β -淀粉酶

β -淀粉酶(EC 3.2.1.2)是一种外切型淀粉酶,能从淀粉分子的非还原性末端水解 α -1,4糖苷键并顺次切下一个麦芽糖单元,生成 β -麦芽糖及大分子的 β -极限糊精。该酶在作用于淀粉底物时,由于发生沃尔登转位反应,使产物异头碳变成了 β 构型,因此得名 β -淀粉酶^[25]。在CAZy分类系统中, β -淀粉酶属于GH13家族和GH14家族。一般情况下, β -淀粉酶水解淀粉的产物中,麦芽糖比例在50%以上,并含有大量的 β -极限糊精,但是不产生葡萄糖和寡糖分子^[26]。其广泛存在于大麦、小麦等植物和一些微生物中,例如*Bacillus polymyxa*^[27]。微生物来源的 β -淀粉酶不仅有比植物 β -淀粉酶更高的热稳定性,用于生成高浓度麦芽糖浆,还可以代替大麦芽用于啤酒的生产。

2.3 γ -淀粉酶

γ -淀粉酶(EC 3.2.1.3)是一种外切型淀粉酶,从淀粉链的非还原末端顺次切下一个葡萄糖单元,生成 β -葡萄糖和 β -极限糊精。与 β -淀粉酶的反应模式相似,不同的是生成的产物为 β -葡萄糖^[28]。该类型酶属于GH15家族和GH97家族。

3 以水解糖苷键的位点划分

淀粉酶按照水解淀粉的反应模式不同,也就是活性位点底物结合方式的不同,可以分为内切型淀粉酶和外切型淀粉酶。内切型淀粉酶不依赖于多糖链的还原性末端,直接在淀粉链内部随机的水解糖苷键;外切型淀粉酶则需要先结合多糖链的末端,然后再进行水解反应。

3.1 内切型淀粉酶

内切型淀粉酶(endo-amylases)以淀粉分子内部任意 α -1,4糖苷键为水解对象,因此水解产物也不是单一成分,但是最终的水解产物往往都含有葡萄糖。内切型淀粉酶一般都属于 α -淀粉酶。

3.2 外切型淀粉酶

β -淀粉酶与 γ -淀粉酶都是一种外切型淀粉酶,两

者都是从多糖链的非还原末端顺次切下麦芽糖单元或者葡萄糖单元,但是这两种淀粉酶水解淀粉的产物异头碳均为 β 构型。外切型 α -淀粉酶(exo- α -amylases)与一般 α -淀粉酶的区别仅仅在于酶切淀粉 α -1,4-糖苷键的位置不同。前者从淀粉分子还原性末端依次切开 α -1,4-糖苷键,而后者则在淀粉分子内部随机切开 α -1,4-糖苷键^[29]。底物结合位点是一个关键的因素,BLA淀粉酶有多达九个底物结合位点^[30],而来源于*Pseudomonas stutzeri*的amyP淀粉酶与底物非还原末端则只有两个通过氢键相互作用的结合位点^[31]。据报道,使用柠康酸酐或琥珀酸酐修饰BLA淀粉酶的赖氨酸残基可以将其变为外切型的 α -淀粉酶^[32]。许多外切型 α -淀粉酶已被报道,如来源于*Bacillus stearothermophilus*^[33]、*Lactobacillus plantarum* ST-III^[11]、*Pyrococcus* sp. ST04^[34]等的麦芽糖 α -淀粉酶(EC 3. 2. 1. 133),来源于*Kitasatospora* sp. MK - 1785^[35]、*Streptomyces griseus* NA-468^[36]等的麦芽三糖 α -淀粉酶(EC 3. 2. 1. 116),来源于*Pseudomonas stutzeri* AS22^[37]的麦芽四糖 α -淀粉酶(EC 3. 2. 1. 60),来源于*Pseudomonas* sp. KO-8940^[38]的麦芽五糖 α -淀粉酶,以及来源于*Aerobacter aerogenes*^[39]的麦芽六糖 α -

表 1 不同来源淀粉酶的比较

Table 1 Comparison of amylases from different sources

来源 Sources	类型 Type	最适反应温度 Optimum reaction temperature (°C)	最适反应 pH 值 Optimum reaction pH	最适 NaCl 浓度 Optimum NaCl concentration (mol · L ⁻¹)
地衣芽孢杆菌 <i>Bacillus licheniformis</i>	细菌 Bacterium	95	6.0~6.5	—
黏菌脱硫球菌 <i>Desulfurococcus mucosus</i>	古细菌 Archaea	100	5.5	—
链霉菌 1109 <i>Streptomyces</i> sp. 1109	细菌 Bacterium	85	6.5	—
盐浮交替单胞菌 <i>Alteromonas haloplanctis</i>	细菌 Bacterium	25	7.0	0.5~2.0
嗜酸芽孢杆菌 101 <i>Bacillus acidocaldarius</i> 101	细菌 Bacterium	75	3.5	—
黑曲霉 <i>Aspergillus niger</i>	真菌 Fungus	60	4.0	—
芽孢杆菌 GM8901 <i>Bacillus</i> sp. GM8901	细菌 Bacterium	60	11.0~12.0	—
嗜盐菌 S-1 <i>Haloarcula</i> sp. S-1	古细菌 Archaea	50	7.0	4.3
黄粉虫 <i>Tenebrio molitor</i>	动物 Animal	37	5.8	—
大麦 <i>Barley</i>	植物 Plant	70	3.0~5.5	—

5 淀粉酶的应用

淀粉酶在工业上有广泛的应用,比如动物饲料中的添加 α -淀粉能提高饲料的消化吸收、改善生产性能以及提高饲料的利用率^[41],在麦芽糖浆生产过程中使用 α -淀粉酶液化大米淀粉^[42]。商业化的麦芽糖 α -淀粉酶如诺和诺德公司的 Novamyl[®](来源于*Bacillus stearothermophilus*)能够直接用来生产高麦芽糖浆^[43],应用于面包加工业可以增大面包的体

积,提高面团的发酵速度,产生良好而稳定的面包外表色泽,改善面包心的弹性和口感,延长面包的保鲜期。 α -淀粉酶对于糊化淀粉具有很强的水解作用,因此可以迅速将淀粉水解,使其粘度降低,流动性增高,利于淀粉的糖化;啤酒是最早用酶酿造的产品之一,在啤酒酿造中添加 α -淀粉酶使淀粉快速液化以取代一部分麦芽,使成本降低。此外,淀粉酶还普遍应用在啤酒酿造、医药、洗涤剂、焙烤、酒精工业以及纺织等各个行业^[3,44-46]。

4 以其他方式对淀粉酶划分

由于淀粉的种类多,用途广泛,而又会根据某些特定情况的需要进行分类,比如需要能在酸性条件下具有最适酶活力的淀粉酶被称为酸性淀粉酶,在高温条件下才能发挥最大酶活力的高温淀粉酶等。这些分类方法往往不能提供淀粉酶准确的酶学信息,高温淀粉酶在某种条件下能够保持很高的热稳定性,但是换个缓冲液条件可能就没有那么高,比如来源地衣芽孢杆菌的 α -淀粉酶在缓冲液中添加Ca²⁺前后,最适反应温度相差达到32°C^[40]。

按照淀粉酶的酶学性质包括最适反应温度、温度稳定性、最适反应pH值、pH稳定性、嗜盐等,相应地就可以划分为高温(60°C以上)、中温(30~60°C)、低温(30°C以下)淀粉酶和酸性(pH值小于6.0)、中性(pH值6.0~8.0)、碱性淀粉酶(pH值大于8.0)以及嗜盐淀粉酶等;按照淀粉酶的来源细胞类型,又可以分为微生物淀粉酶、真菌淀粉酶、植物淀粉酶、动物淀粉酶。一些不同来源、不同酶学性质的淀粉酶如表1所示。

6 展望

综上所述,淀粉酶的分类方法很多,但大都缺乏系统性,不能反映淀粉酶的分子结构特点和催化特性,不同的淀粉酶容易混淆,在学术研究报告中一般是采用国际生物化学会酶学委员会(Enzyme Commission, EC)对淀粉酶进行分类的方法,每一种编号对应一种酶。相信随着更多有独特功能的淀粉酶被发现,未来的淀粉酶的分类会有更系统的方法。

参考文献:

[1] WANG S, COPELAND L. Effect of acid hydrolysis on starch structure and functionality: a review[J]. Crit Rev Food Sci Nutr, 2015, 55(8): 1081-1097.

[2] 陈运中. 淀粉酶的性质和分类[J]. 武汉粮食工业学院学报, 1990(1): 15-22.

CHEN Y Z. The classification and properties of amylases[J]. Journal of Wuhan Food Industry College, 1990(1): 15-22.

[3] YAN S, WU G. Analysis on evolutionary relationship of amylases from archaea, bacteria and eukaryota [J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2016, 32(2): 24.

[4] ZHANG Q, HAN Y, XIAO H. Microbial α -amylase: A biomolecular overview[J]. Process Biochemistry, 2017, 53: 88-101.

[5] PAN S, DING N, REN J, et al. Maltooligosaccharide-forming amylase: Characteristics, preparation, and application[J]. Biotechnology Advances, 2017, 35(5): 619-632.

[6] SETHI S, SAINI J S, MOHAN A, et al. Comparative and evolutionary analysis of α -amylase gene across monocots and dicots[J]. Funct Integr Genomics, 2016, 16(5): 545-555.

[7] 王云飞, 张伟丽, 黄丹, 等. 淀粉脱支酶的研究进展及应用[J]. 中国酿造, 2008(24): 25-26.

WANG Y F, ZHANG W L, HUANG D, et al. The advance of starch-debranching enzyme and the application [J]. China Brewing, 2008(24): 25-26.

[8] YOKOBAYASHI K, MISAKI A, HARADA T. Purification and properties of pseudomonas isoamylase [J]. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Enzymology, 1970, 212(3): 458-469.

[9] MANNERS D J. Observations on the specificity and nomenclature of starch debranching enzymes [J]. Journal of Applied Glycoscience, 1997, 44(1): 83-85.

[10] JANECEKS, SVENSSONE B, MACGREGOR A E. α -amylase: An enzyme specificity found in various families of glycoside hydrolases [J]. Cellular and Molecular Life Sciences, 2014, 71(7): 1149-1170.

[11] JEON H Y, KIM N R, LEE H W, et al. Characterization of a novel maltose-forming alpha-Amylase from *Lactobacillus plantarum* subsp. *plantarum* ST-III [J].

Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2016, 64(11): 2307-2314. DOI: 10.1021/acs.jafc.5605892. Epub 2016 Mar 9.

[12] MORGAN F J, PRIEST F G. Characterization of a thermostable α -Amylase from *Bacillus licheniformis* NCIB 6346 [J]. Journal of Applied Microbiology, 1981, 50(1): 107-114.

[13] WEI Y, WANG X, LIANG J, et al. Identification of a halophilic alpha-amylase gene from *Escherichia coli* JM109 and characterization of the recombinant enzyme [J]. Biotechnology Letters, 2013, 35(7): 1061-1065.

[14] MESBAH N M, WIEGEL J. Halophilic alkali- and thermostable amylase from a novel polyextremophilic *Amphibacillus* sp. NM-Ra2 [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2014, 70: 222-229.

[15] FUKUSHIMA T, MIZUKI T, ECHIGO A, et al. Organic solvent tolerance of halophilic alpha-amylase from a Haloarchaeon, *Haloarcula* sp. strain S-1 [J]. Extremophiles, 2005, 9(1): 85-89.

[16] NIYONZIMA F N, MORE S S. Detergent-compatible bacterial amylases [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2014, 174(4): 1215-1232.

[17] NAKATA M, FUKAMATSU Y, MIYASHITA T, et al. High temperature-induced expression of rice α -amylases in developing endosperm produces chalky grains [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 2089. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.02089>.

[18] ROGERS J C, MILLIMAN C. Isolation and sequence analysis of a barley alpha-amylase cDNA clone [J]. The Journal of Biological Chemistry, 1983, 258(13): 8169-8174.

[19] ZHANG Q, LI C. Comparisons of copy number, genomic structure, and conserved motifs for α -amylase genes from barley, rice, and wheat [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 1727. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01727>.

[20] SANWO M M, DEMASON D A. Characteristics of α -amylase during germination of two high-sugar sweet corn cultivars of *Zea mays* L [J]. Plant Physiology, 1992, 99(3): 1184-1192.

[21] BOEHLKE C, ZIERAU O, HANNIG C. Salivary amylase - The enzyme of unspecialized euryphagous animals [J]. Arch Oral Biol, 2015, 60(8): 1162-1176.

[22] RYDBERG E H, LI C, MAURUS R, et al. Mechanistic analyses of catalysis in human pancreatic alpha-amylase: Detailed kinetic and structural studies of mutants of three conserved carboxylic acids [J]. Biochemistry, 2002, 41(13): 4492-4502.

[23] DOYON Y, HOME W, DAULL P, et al. Effect of C-domain N-glycosylation and deletion on rat pancreatic α -amylase secretion and activity [J]. Biochem J, 2002, 362(Pt 1): 259-264.

[24] STROBLA S, GOMIS-RÜTHB F-X, MASKOS K, et al. The α -amylase from the yellow meal worm: Complete primary structure, crystallization and preliminary X-ray analysis [J]. FEBS Lett, 1997, 409(1): 109-114.

- [25] 张剑,林庭龙,秦瑛,等. β -淀粉酶研究进展[J]. 中国酿造,2009(4):5-8.
ZHANG J, LIN T L, QIN Y, et al. Research development on β -amylase[J]. China Brewing, 2009(4):5-8.
- [26] OUTTRUP H, NORMAN B E. Properties and application of a thermostable maltogenic amylase produced by a strain of *Bacillus* modified by recombinant- DNA techniques[J]. Starch - Stärke, 1984, 36(12):405-411.
- [27] FRIEDBERG F, RHODES C. Cloning and characterization of the beta-amylase gene from *Bacillus polymyxa* [J]. J Bacteriol, 1986, 165(3):819-824.
- [28] KELLY J J, ALPERS D H. Properties of human intestinal glucoamylase [J]. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Enzymology, 1973, 315(1):113-122.
- [29] NAKAKUKI T, AZUMA K, KAINUMA K. Action patterns of various exo-amylases and the anomeric configurations of their products[J]. Carbohydr Res, 1984, 128(2):297-310.
- [30] TRAN P L, LEE J S, PARK K H. Experimental evidence for a 9-binding subsite of *Bacillus licheniformis* thermostable α -amylase [J]. FEBS letters, 2014, 588(4):620-624.
- [31] YOSHIOKA Y, HASEGAWA K, MATSUURA Y, et al. Crystal structures of a mutant maltotetraose-forming exo-amylase cocrystallized with maltopentaose[J]. Journal of Molecular Biology, 1997, 271(4):619-628.
- [32] HABIBI A E, KHAJEH K, NEMAT-GORGANI M. Chemical modification of lysine residues in *Bacillus licheniformis* alpha-amylase: Conversion of an endo- to an exo-type enzyme[J]. J Biochem Mol Biol, 2004, 37(6):642-647. DOI: 10. 5483/BMBRep. 2004. 37. 6. 642.
- [33] DAUTER Z, DAUTER M, BRZOZOWSKI A M, et al. X-ray structure of Novamyl, the five-domain "maltogenic" alpha - amylase from *Bacillus stearothermophilus*: Maltose and acarbose complexes at 1.7 Å resolution [J]. Biochemistry, 1999, 38(26):8385-8392.
- [34] JUNG J H, SEO D H, HOLDEN J F, et al. Maltose-forming alpha-amylase from the hyperthermophilic archaeon *Pyrococcus* sp. ST04 [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, 98(5):2121-2131.
- [35] KAMON M, SUMITANI J, TANI S, et al. Characterization and gene cloning of a maltotriose-forming exo-amylase from *Kitasatospora* sp. MK-1785 [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(11):4743-4753.
- [36] WAKO K, TAKAHASHI C, HASHIMOTO S, et al. Studies on maltotriose- and maltose-forming amylases from *Streptomyces* [J]. Journal of the Japanese Society of Starch Science, 1978, 25(2):155-161. https://doi.org/10.5458/jag1972.25.155.
- [37] MAALEJ H, AYED H B, GHORBEL-BELLAJ O, et al. Production and biochemical characterization of a high maltotetraose (G4) producing amylase from *Pseudomonas stutzeri* AS22 [J]. BioMed Research International, 2014, 2014(156438):1-11. http://dx.doi.org/10.1155/2014/156438.
- [38] SHIDA O, TAKANO T, TAKAGI H, et al. Cloning and nucleotide sequence of the maltopentaose-forming amylase gene from *Pseudomonas* sp. KO-8940 [J]. Bio-science, Biotechnology, and Biochemistry, 1992, 56(1):76-80.
- [39] KAINUMA K, KOBAYASHI S, ITO T, et al. Isolation and action pattern of maltohexaose producing amylase from *Aerobacter aerogenes* [J]. FEBS Letters, 1972, 26(1):281-285.
- [40] DECLERCK N, CHAMBERT R, WIEGAND G, et al. Hyperthermostable mutants of *Bacillus licheniformis* alpha-amylase: Thermodynamic studies and structural interpretation [J]. Protein Eng, 1997, 10(5):541-549.
- [41] 李忠玲, 徐升运, 李文孝, 等. 复合酶制剂羊饲料添加剂中纤维素酶和淀粉酶影响因素的研究 [J]. 中国酿造, 2014, 33(11):85-89.
- LI Z L, XU S Y, LI W X, et al. Influence factors of cellulase and amylase of compound enzyme preparation in sheep feed additive [J]. China Brewing, 2014, 33(11):85-89.
- [42] LIN Q L, XIAO H X, LIU G Q, et al. Production of maltose syrup by enzymatic conversion of rice starch [J]. Food and Bioprocess Technology, 2013, 6(1):242-248.
- [43] CHRISTOPHERSEN C, OTZEN D E, NOMAN B E, et al. Enzymatic characterisation of novamyl[®], a thermostable α -amylase [J]. Starch - Stärke, 1998, 50(1):39-45.
- [44] 罗志刚, 杨景峰, 罗发兴. α -淀粉酶的性质及应用 [J]. 食品研究与开发, 2007(8):163-167.
- LUO Z G, YANG J F, LUO F X. Properties and application of α -amylase [J]. Food Res Dev, 2007(8):163-167.
- [45] 刘春莉, 张文学, 杨瑞. 特殊 α -淀粉酶的应用研究现状和前景展望 [J]. 四川食品与发酵, 2002, 38(2):1-5.
- LIU C L, ZHANG W X, YANG R. Current applying research and prospect of several special α -amylase [J]. Sichuan Food and Fermentation, 2002, 38(2):1-5.
- [46] ZHANG Q, HAN Y, XIAO H. Microbial α -amylase: A biomolecular overview [J]. Process Biochemistry, 2017, 53:88-101. https://doi.org/10.1016/j.procbio.2016.11.012.

(责任编辑:米慧芝)