

# 基于 NRC 模型下不同程度热处理豆渣的营养价值与分子结构功能团特征的相关关系

李 昕 徐宏建 张全宇 王丽华 张永根\*

(东北农业大学动物科学技术学院, 哈尔滨 150030)

**摘要:** 本试验旨在研究基于 NRC 模型下不同程度热处理豆渣的营养价值与分子结构功能团特征的相关关系。利用烘箱对豆渣进行不同温度(100、115、130 °C)下不同时间(2、4、6 h)的热处理,采用 NRC(2001)模型预测不同程度热处理豆渣的代谢蛋白质产量、可消化养分含量和能值,同时利用傅里叶变换红外光谱(FTIR)技术分析不同程度热处理豆渣的分子结构功能团特征,并分析它们之间的相关关系。结果表明:1)随着温度的升高以及加热时间的延长,豆渣的代谢蛋白质产量、可消化养分含量和能值呈现出降低的趋势。2)温度和时间对豆渣的分子结构功能团存在显著的互作效应( $P<0.05$ )。3)酰胺 I 带与结构性碳水化合物峰面积比值(Amide I-STCHO)和酰胺 I 带与总碳水化合物峰面积比值(Amide I-CHO)可以共同作为预测因子估测瘤胃可降解蛋白质( $R^2=0.35, P<0.05$ )、过瘤胃蛋白质( $R^2=0.35, P<0.05$ )、小肠可吸收过瘤胃蛋白质( $R^2=0.33, P<0.05$ )和瘤胃可降解蛋白质可合成菌体蛋白质( $R^2=0.35, P<0.05$ )含量。综上所述,不同程度热处理豆渣的分子结构功能团与其代谢蛋白质产量、可消化养分含量和能值之间存在相关关系,初步证明可以利用分子结构功能团对热处理豆渣的营养价值进行快速分析和估测。

**关键词:** 热处理;豆渣;NRC;光谱分子特征;相关关系

**中图分类号:** S816.42

**文献标识码:** A

**文章编号:** 1006-267X(2020)04-1755-13

豆渣是生产豆浆、豆腐、豆粉等豆制品的副产物。研究表明,豆渣具有丰富的营养价值,而且豆渣可以代替豆粕饲喂反刍动物<sup>[1-2]</sup>。利用豆渣替代部分豆粕饲喂奶牛 30 d 后,其产奶量、乳脂率、精料消耗量等指标与豆粕组无显著差异<sup>[3-4]</sup>。近年来,王治华等<sup>[5]</sup>、穆会杰等<sup>[6]</sup>、李岩等<sup>[7]</sup>、张学燕等<sup>[8]</sup>和高红<sup>[9]</sup>等众多学者利用传统化学方法和体外产气法等方法来评定豆渣的营养价值,结果表明,豆渣中可代谢蛋白质和潜在的可利用碳水化合物含量较高,可以为反刍动物提供较多的能量和氮源。豆渣具有较高的营养价值,是一种潜在的可以替代常规饲料的蛋白质来源。因此,我们

应该充分掌握其营养价值并应用于反刍动物的生产中,从而达到节本增效的目的。由于豆渣含水量较高,不易储存,造成严重的资源浪费。因此,合理的开发和利用豆渣对节约资源和农业的发展具有重要意义。

生产上常采用烘干等方式降低豆渣等湿饲料的含水量,从而便于储存和运输。对饲料进行加热往往会伴随着美拉德反应的发生,且过度加热会破坏饲料内部分子结构,降低饲料的营养价值<sup>[10]</sup>。用传统的化学方法对热处理后豆渣营养价值及消化率进行测定既费时又费力,因此,寻求一种能够直接地反映出豆渣营养价值热损害程度的

收稿日期:2019-09-30

基金项目:国家奶牛产业技术体系(CARS-36)

作者简介:李 昕(1994—),女,黑龙江肇东人,硕士研究生,从事反刍动物营养与饲料科学研究。E-mail: 2628613222@qq.com

\* 通信作者:张永根,教授,博士生导师,E-mail: zhangyonggen@sina.com

敏感指标显得尤为重要。傅里叶变换红外光谱 (FTIR) 技术能够简单、快速地分析不同饲料之间化学成分的细微差异, 并且对其内部的分子结构不具有破坏性<sup>[11]</sup>。利用 NRC (2001)<sup>[12]</sup> 模型评定奶牛营养需要量已被许多国家和地区广泛应用。因此, 本试验旨在利用 FTIR 技术研究不同程度热处理豆渣分子结构功能团的特征, 同时运用 NRC 模型评价不同热处理对豆渣代谢蛋白质产量、可消化养分含量和能值的影响, 进而探求它们之间是否存在相关关系, 为简单、快速、准确地评定饲料营养价值提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

本试验于 2017 年 5 月在哈尔滨某饲料加工厂采集大豆经过豆制品加工后剩余的新鲜湿豆渣, 并将采集到的新鲜豆渣在实验室条件下利用烘箱进行不同温度 (100、115、130 °C) 下不同时间 (2、4、6 h) 的热处理, 在持续烘干过程中每隔 0.5 h 进行搅拌, 共计 9 种不同程度热处理样品, 每个热处理样品的平行样为 3 个。取出样品冷却后, 取部分样品用粉碎机粉碎过 1 mm 孔筛, 用于常规化学分析; 再取部分样品用粉碎机粉碎过 2 mm 孔筛, 用于瘤胃降解试验; 剩余样品用粉碎机粉碎过 0.25 mm 孔筛, 用于光谱分析。

### 1.2 测定指标与方法

#### 1.2.1 常规化学成分分析

干物质 (DM)、粗灰分 (Ash)、粗脂肪 (EE)、粗蛋白质 (CP)、中性洗涤不溶蛋白 (NDICP) 和酸性洗涤不溶蛋白 (ADICP) 含量按照 AOAC (1990)<sup>[13]</sup> 的方法进行测定。中性洗涤纤维 (NDF)、酸性洗涤纤维 (ADF) 和酸性洗涤木质素 (ADL) 含量按照 Van Soest 等<sup>[14]</sup> 的方法进行测定。淀粉 (starch) 含量按照 Weiss 等<sup>[15]</sup> 的方法进行测定。

#### 1.2.2 瘤胃尼龙袋法降解试验

选用东北农业大学阿城试验基地的 3 头装有永久性瘤胃瘘管的健康荷斯坦奶牛 (体重 600 kg 左右) 进行瘤胃降解试验。试验期间每日饲喂 2 次 (08:00 和 16:00), 自由饮水。试验饲料参照 NRC (2001)<sup>[12]</sup> 奶牛营养需要标准进行配制, 试验饲料组成及营养水平见表 1。瘤胃降解试验过程根据 Peng 等<sup>[16]</sup> 的方法, 将装有豆渣样品的尼龙袋用橡皮筋扎紧袋口后随机投放到瘤胃网兜中, 依

次培养 2、4、8、12、24、36、48 h, 每个时间点同一瘘管牛的尼龙袋个数均是 3 个。取出尼龙袋后, 选择 300 目尼龙布制成 10 cm×20 cm 的尼龙袋, 准确称取 7 g 豆渣样品装入尼龙袋中, 然与 0 h 时间点的尼龙袋一起用冷水冲洗, 65 °C 烘干 48 h 至恒重, 然后取出袋中的残渣粉碎过 1 mm 孔筛, 将不同时间点的残渣分别装入封口袋中保存待测。

表 1 试验饲料组成及营养水平 (风干基础)

Table 1 Composition and nutrient levels of the experimental diet (air-dry basis) %

项目 Items	含量 Content
原料 Ingredients	
羊草 Chinese wildrye	42.85
玉米青贮 Corn silage	15.82
玉米 Corn	13.18
麦麸 Wheat bran	3.74
糖蜜 Molasses beet	0.99
豆粕 Soybean meal	3.15
干酒糟 Dried distillers grain	5.35
棉籽粕 Cottonseed meal	2.06
玉米纤维饲料 Corn gluten feed	7.42
玉米胚芽粕 Corn germ meal	4.94
预混料 Premix <sup>1)</sup>	0.50
合计 Total	100.00
营养水平 Nutrient levels <sup>2)</sup>	
粗蛋白质 CP	14.40
中性洗涤纤维 NDF	49.20
酸性洗涤纤维 ADF	30.60
钙 Ca	0.60
磷 P	0.40

1) 每千克预混料中含有 One kg of the premix contained the following: VA 8 000 000 IU, VD 700 000 IU, VE 10 000 IU, Fe 1 600 mg, Cu 1 500 mg, Zn 10 000 mg, Mn 3 500 mg, Se 80 mg, I 120 mg, Co 50 mg。

2) 计算值 Calculated values。

### 1.3 利用 NRC 模型评定不同程度热处理豆渣在奶牛中的消化代谢特征

#### 1.3.1 利用 NRC 模型预测不同程度热处理豆渣的代谢蛋白质产量

利用 NRC 模型预测不同程度热处理豆渣的代谢蛋白质产量, 包括瘤胃可降解蛋白质 (RDP)、瘤胃非降解蛋白质 (RUP)、菌体蛋白质 (MCP)、小肠可吸收菌体蛋白质 (AMCP)、小肠可吸收过瘤胃蛋白质 (ARUP)、内源蛋白质 (ECP)、小肠可吸收内源蛋白质 (AECPP)、可代谢蛋白质 (MP)。根据康奈尔净碳水化合物-蛋白质体系 (CNCPS) 模

型,瘤胃能氮平衡(REN<sub>B</sub>)值由瘤胃可降解蛋白质可合成菌体蛋白质(MCP<sub>RDP</sub>)和总可消化养分(TDN<sub>m</sub>)可合成菌体蛋白质(MCP<sub>TDNm</sub>)的差值来估测。相关计算公式如下:

$$\text{RDP}(\text{g/kg DM}) = A + B \times [Kd / (Kd + Kp)];$$

$$\text{RUP}(\text{g/kg DM}) = B \times [Kp / (Kd + Kp)] + C。$$

式中:A 为快速降解蛋白质部分;B 为可降解蛋白质部分;C 为完全不降解的蛋白质部分;Kd 为 B 的降解速率;Kp 为待测饲料瘤胃流通速率。A、B、C 含量通过瘤胃尼龙袋法测定。

$$\text{MCP}(\text{g/kg DM}) = 0.13 \times \text{TDN}_m \times \text{peNDF}_{\text{adj}}。$$

式中:当物理有效中性洗涤纤维(peNDF)/NDF > 20% 时,peNDF<sub>adj</sub> = 1.0;当 peNDF/NDF < 20% 时,peNDF<sub>adj</sub> = 1.0 - [(20 - peNDF) × 0.025]。

$$\text{AMCP}(\text{g/kg DM}) = 0.80 \times 0.80 \times \text{MCP}。$$

式中:MCP 中 80% 为真蛋白质(PB),80% 可在小肠内吸收<sup>[17]</sup>。

$$\text{ARUP}(\text{g/kg DM}) = \text{RUP} \times 0.85;$$

$$\text{ECP}(\text{g/kg DM}) = 6.25 \times 1.9 \times \text{DM};$$

$$\text{AECP}(\text{g/kg DM}) = 0.50 \times 0.80 \times \text{ECP}。$$

式中:50% 的 ECP 能到达十二指肠,且 80% 为真蛋白质(PB)<sup>[17]</sup>。

$$\text{MP}(\text{g/kg DM}) = \text{ARUP} + \text{AMCP} + \text{AECP};$$

$$\text{REN}_B = \text{MCP}_{\text{TDNm}} - \text{MCP}_{\text{RDP}}。$$

式中:MCP<sub>TDNm</sub> = 0.13 × TDN<sub>m</sub>;MCP<sub>RDP</sub> = 0.9 × RDP。

1.3.2 利用 NRC 模型估测不同程度热处理豆渣的真可消化养分与能值

利用 NRC 模型估测不同程度热处理豆渣的奶牛瘤胃真可消化非纤维性碳水化合物(tdNFC)、真可消化蛋白质(tdCP)、真可消化中性洗涤纤维(tdNDF)和真可消化脂肪酸(tdFA)。进而估测出各饲料的 TDN<sub>m</sub>、生产水平消化能(DE<sub>p</sub>)、生产水平代谢能(ME<sub>p</sub>)及生产水平泌乳净能(NE<sub>LP</sub>)。同时,采用肉牛估测模型公式预测各饲料的维持净能(NE<sub>m</sub>)和增重净能(NE<sub>g</sub>)。各预测公式<sup>[12,17]</sup>如下:

$$\text{tdNFC}(\text{g/kg DM}) = 0.98 \times \{1 - [(NDF - \text{NDICP}) + \text{CP} + \text{EE} + \text{Ash}]\} \times \text{PAF};$$

$$\text{tdCP}(\text{g/kg DM}) = \text{CP} \times \exp[-1.2 \times (\text{ADICP}/\text{CP})];$$

$$\text{tdFA}(\text{g/kg DM}) = \text{FA} = \text{EE} - 1;$$

$$\text{tdNDF}(\text{g/kg DM}) = 0.75 \times (\text{NDF} - \text{NDICP} - \text{ADL}) \times \{1 - [\text{ADL}/(\text{NDF} - \text{NDICP})]\} \times 0.667。$$

式中:PAF 为加工校正因子;FA 为脂肪酸,如果 EE < 1,则 FA = 0。

$$\text{TDNm}(\%) = \text{tdNFC} + \text{tdCP} +$$

$$(\text{tdFA} \times 2.25) + \text{tdNDF} - 7;$$

$$\text{DE}_{\text{IX}}(\text{MJ/kg}) = (\text{tdNFC} \times 4.2 + \text{tdNDF} \times 4.2 + \text{tdCP} \times 5.6 + \text{tdFA} \times 9.4 - 0.3) \times 4.18;$$

$$\text{折扣系数} = 4.18 \times \{[\text{TDN}_m - (0.18 \times \text{TDN}_m - 10.3)] \times 2\} / \text{TDN}_m;$$

$$\text{DE}_p(\text{MJ/kg}) = \text{DE}_{\text{IX}} \times \text{折扣系数};$$

$$\text{ME}_p(\text{MJ/kg}) = 4.18 \times (1.01 \times \text{DE}_p - 0.45);$$

$$\text{NE}_{\text{LP}}(\text{MJ/kg}) = 4.18 \times [(0.703 \times \text{ME}_p) - 0.19];$$

$$\text{NE}_m(\text{MJ/kg}) = 4.18 \times [1.37 \times (\text{DE}_{\text{IX}} \times 0.82) - 0.138 \times (\text{DE}_{\text{IX}} \times 0.82)^2 +$$

$$0.0105 \times (\text{DE}_{\text{IX}} \times 0.82)^3 - 1.12];$$

$$\text{NE}_g(\text{MJ/kg}) = 4.18 \times [1.42 \times (\text{DE}_{\text{IX}} \times 0.82) - 0.174 \times (\text{DE}_{\text{IX}} \times 0.82)^2 +$$

$$0.0122 \times (\text{DE}_{\text{IX}} \times 0.82)^3 - 1.65]。$$

式中:DE<sub>IX</sub> 为 1 倍维持水平的消化能;如果 TDN<sub>m</sub> < 60%,消化率的折扣忽略不计。

#### 1.4 FTIR 分析

在红外烤灯照射下,将称好的 2 mg 干燥的豆渣样品与 200 mg 溴化钾(KBr)放到玛瑙研钵中,充分研磨使其混合均匀,并用红外专用压片机(769YP-15A 粉末压片机)压成半透明薄片状。然后利用傅里叶变换红外光谱仪(岛津 FTIR-8400S)对豆渣样品进行扫描,以溴化钾作为背景,背景图谱扫描次数为 256 次,并对空气(二氧化碳和水蒸气)进行校正,扫描波段在 4 000 ~ 400 cm<sup>-1</sup>,分辨率为 4 cm<sup>-1</sup>,扫描次数为 128 次,每个样品做 5 个重复,收集不同程度热处理豆渣的蛋白质和碳水化合物分子结构光谱图<sup>[18]</sup>。

#### 1.5 光谱分子功能团特征参数处理

使用 OMNIC 8.2 软件将得到的豆渣样品红外光谱图进行分析。先在 OMNIC 8.2 软件中找出蛋白质基线位置,确定出酰胺 I 带区域(基线:ca. 1 709 ~ 1 562 cm<sup>-1</sup>)和酰胺 II 带区域(基线:ca. 1 562 ~ 1 471 cm<sup>-1</sup>)。然后在 OMNIC 8.2 软件中找出碳水化合物基线位置,确定出结构性碳水化合物区域(基线:ca. 1 475 ~ 1 187 cm<sup>-1</sup>)、纤维复合物区域(基线:ca. 1 287 ~ 1 187 cm<sup>-1</sup>)和总碳水化合物区域(基线:ca. 1 187 ~ 898 cm<sup>-1</sup>),然后利用 Excel 2010 表格记录其峰面积值。

本试验的分子功能团特征参数包括:蛋白质酰胺 I 带与结构性碳水化合物峰面积比值(A<sub>amide I</sub>\_STCHO)、蛋白质酰胺 I 带与纤维复合物峰面

积比值(Amide I\_CELC)、蛋白质酰胺 I 带与总碳水化合物峰面积比值(Amide I\_CHO)、蛋白质酰胺 II 带与结构性碳水化合物峰面积比值(Amide II\_STCHO)、蛋白质酰胺 II 带与纤维复合物峰面积比值(Amide II\_CELC)、蛋白质酰胺 II 带与总碳水化合物峰面积比值(Amide II\_CHO)。

## 1.6 数据处理

采用 SAS 9.4 软件中的 PROC MIXED 程序对不同程度热处理豆渣的代谢蛋白质产量、可消化养分和能值的含量进行数据分析。具体模型为：

$$Y_{ijk} = \mu + F_i + B_j + F_i \times B_j + e_{ijk}$$

式中： $Y_{ijk}$ 是对自变量  $ijk$  的因变量； $\mu$  是变量的平均值； $F_i$  是温度效应 ( $i=3; 100, 115, 130\text{ }^\circ\text{C}$ )； $B_j$  是时间效应 ( $j=3; 2, 4, 6\text{ h}$ )； $F_i \times B_j$  是温度与时间的交互作用，作为固定效应； $e_{ijk}$  是误差效应。

采用 Tuley-Karmaer 检验比较不同温度和时间之间的差异， $P<0.05$  表示差异显著， $P>0.05$  表示差异不显著。

采用 SAS 9.4 软件中的 PROC MIXED 程序对不同程度热处理豆渣的蛋白质和碳水化合物光谱分子功能团特征参数进行数据分析，模型同上数据统计。再利用 SAS 9.4 软件中的 PROC CORR 对它们进行相关性分析 ( $P<0.01$  表示极显著相关， $P<0.05$  表示显著相关， $0.05<P<0.10$  表示趋于相关)。最后，豆渣的分子功能团特征参数与其代谢蛋白质产量、可消化养分和能值之间的预测模型通过 SAS 9.4 软件中的 PROC REG 程序逐步回归。

## 2 结果与分析

### 2.1 利用 NRC 模型估测不同程度热处理对豆渣代谢蛋白质产量的影响

由表 2 可知，温度和时间对豆渣代谢蛋白质产量中 ECP 和 AECP 含量均有显著影响 ( $P<0.05$ )，并且温度和时间之间存在显著的互作效应 ( $P<0.05$ )。随着温度的升高以及加热时间的延长，MP 的含量没有明显变化趋势，RUP 和 ARUP 的含量呈现出升高的趋势，其变化范围为 28.14~33.79 g/kg DM、23.92~28.72 g/kg DM。随着温度的升高以及加热时间的延长，RDP、MCP、AMCP、MCP<sub>RDP</sub>、MCP<sub>TDNm</sub> 含量和 RENB 值呈现出降低的趋势，其变化范围分别为 196.74~196.55 g/kg DM、101.69~109.99 g/kg DM、65.08~70.39 g/kg DM、76.21~78.73 g/kg DM、101.69~109.99 g/kg DM、25.48~31.26 g/kg DM。

### 2.2 利用 NRC 模型估测不同程度热处理对豆渣可消化养分含量和能值的影响

由表 3 可知，温度和时间对豆渣可消化养分中 tdNFC 含量有显著影响 ( $P<0.05$ )，并且温度和时间之间存在显著的互作效应 ( $P<0.05$ )。随着温度的升高以及加热时间的延长，tdFA 含量呈现出升高的趋势，其变化范围为 35.24~39.66 g/kg DM。随着温度的升高以及加热时间的延长，tdNFC、tdCP、tdNDF 和 TDN<sub>m</sub> 含量呈现出降低的趋势，其变化范围分别为 261.52~321.79 g/kg DM、201.67~212.90 g/kg DM、236.80~239.08 g/kg DM、782.23~846.05 g/kg DM。随着温度的升高以及加热时间的延长，DE<sub>p</sub>、ME<sub>p</sub>、NE<sub>Lp</sub>、NE<sub>m</sub> 和 NE<sub>g</sub> 表现为逐渐降低的趋势，其变化范围分别为 57.53~62.19 MJ/kg DM、57.65~62.36 MJ/kg DM、40.34~43.65 MJ/kg DM、183.35~234.80 MJ/kg DM、195.99~253.44 MJ/kg DM。由此可见，加热会降低豆渣中估测的能值。

### 2.3 不同程度热处理对豆渣光谱分子结构功能团特征的影响

由表 4 可知，温度和时间之间对豆渣光谱分子结构功能团 Amide I\_STCHO、Amide I\_CELC、Amide I\_CHO、Amide II\_STCHO、Amide II\_CELC 和 Amide II\_CHO 存在显著的互作效应 ( $P<0.05$ )。

### 2.4 不同程度热处理豆渣预测蛋白质代谢参数、可消化养分含量和能值与光谱分子结构功能团特征的相关关系

由表 5 和表 6 可知，Amide I\_CHO 与 RDP、MCP<sub>RDP</sub> 存在极显著正相关 ( $r=0.52, P<0.01$ )，与 RUP 存在极显著负相关 ( $r=-0.52, P<0.01$ )，与 MCP、AMCP、MCP<sub>TDNm</sub> 存在显著正相关 ( $r=0.46, P<0.05$ )，与 ARUP、ECP 存在显著负相关 ( $r=-0.38\sim-0.45, P<0.05$ )。Amide I\_STCHO 与 RDP、MCP、AMCP、MCP<sub>RDP</sub>、MCP<sub>TDNm</sub> 存在显著正相关 ( $r=0.38\sim0.42, P<0.05$ )，与 RUP 存在显著负相关 ( $r=-0.42, P<0.05$ )。Amide I\_CELC 与 RDP、MCP、AMCP、MCP<sub>RDP</sub>、MCP<sub>TDNm</sub> 存在显著正相关 ( $r=0.45\sim0.47, P<0.05$ )，与 RUP 存在显著负相关 ( $r=-0.45, P<0.05$ )。Amide I\_CELC 与 tdCP、TDN<sub>m</sub>、DE<sub>p</sub>、ME<sub>p</sub>、NE<sub>Lp</sub>、NE<sub>m</sub> 和 NE<sub>g</sub> 存在显著正相关 ( $r=0.39\sim0.47, P<0.05$ )。Amide I\_CHO 与 tdCP、TDN<sub>m</sub>、DE<sub>p</sub>、ME<sub>p</sub>、NE<sub>Lp</sub>、NE<sub>m</sub> 和 NE<sub>g</sub> 存在显著正相关 ( $r=0.41\sim0.46, P<0.05$ )。

表 2 利用 NRC 模型估测不同程度热处理对豆渣代谢蛋白质产量的影响  
 Table 2 Effects of different heat treated okara on metabolic protein production by using NRC model prediction

项目 Items	100 °C						115 °C						130 °C						SEM		P 值 P-value	
	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	SEM	温度 Temperature	时间 Time	温度×时间 Temperature× time
瘤胃可降解蛋白质 RDP/% CP	87.48	86.29	85.90	89.96	85.53	84.28	85.71	85.16	84.68	0.193	0.003 5	0.000 5	0.432 4									
瘤胃可降解蛋白质 RDP/(g/kg DM)	196.55	193.20	191.86	195.24	190.89	187.84	186.90	187.35	186.74	1.605	<0.000 1	0.003 5	0.107 7									
过瘤胃蛋白质 RUP/% CP	12.52	13.71	14.06	13.04	14.47	15.72	14.29	14.84	15.32	0.193	0.003 5	0.000 5	0.432 4									
过瘤胃蛋白质 RUP/(g/kg DM)	28.14	30.70	31.41	29.26	32.31	35.03	31.17	32.62	33.79	0.969	0.014 2	0.000 5	0.552 1									
菌体蛋白质 MCP/(g/kg DM)	109.99	108.03	106.33	107.01	106.04	104.83	105.33	103.23	101.69	0.097	<0.000 1	<0.000 1	0.137 3									
小肠可吸收菌体蛋白质 AMCP/(g/kg DM)	70.39	69.14	68.05	68.49	67.86	67.09	67.41	66.07	65.08	0.040	<0.000 1	<0.000 1	0.137 3									
小肠可吸收过瘤胃蛋白质 ARUP/(g/kg DM)	23.92	26.10	26.70	24.87	27.46	29.78	26.49	27.73	28.72	0.700	0.014 2	0.000 5	0.552 1									
内源蛋白质 ECP/(g/kg DM)	10.96	11.20	11.38	11.09	11.39	11.51	11.25	11.60	11.64	<0.001	<0.000 1	<0.000 1	0.027 7									
小肠可吸收内源蛋白质 AECP/(g/kg DM)	4.38	4.48	4.55	4.43	4.56	4.60	4.50	4.64	4.66	<0.001	<0.000 1	<0.000 1	0.027 7									
可代谢蛋白质 MP/(g/kg DM)	98.70	99.72	99.30	97.79	99.88	101.47	98.40	98.43	98.46	0.732	0.205 2	0.130 0	0.285 5									
瘤胃可降解蛋白质可合成菌体蛋白质 MCP <sub>RDP</sub> /(g/kg DM)	78.73	77.66	77.34	78.27	76.97	75.85	77.14	76.65	76.21	0.156	0.003 5	0.000 5	0.432 4									
总可消化养分可合成菌体蛋白质 MCP <sub>TDNm</sub> /(g/kg DM)	109.99	108.03	106.33	107.01	106.04	104.83	105.33	103.23	101.69	0.097	<0.000 1	<0.000 1	0.137 3									
瘤胃能氮平衡值 RENB value/(g/kg DM)	31.26	30.37	28.99	28.74	29.06	28.98	28.19	26.58	25.48	0.237	<0.000 1	0.003 4	0.058 0									

表 3 利用 NRC 模型估测不同程度热处理对豆渣可消化养分含量和能值的影响  
Table 3 Effects of different heat treated okara on digestible nutrient contents and energy values by using NRC model prediction

项目 Items	100 °C			115 °C			130 °C			P 值 P-value				
	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	SEM	SEM	温度 Temperature	时间 Time	温度×时间 Temperature× time
真可消化养分 tdN/(g/kg DM)														
真可消化非纤维碳水化合物 tdNFC	321.79	308.11	286.33	305.30	295.12	284.71	292.05	271.74	261.52	5.769	<0.000 1	<0.000 1	<0.000 1	0.023 1
真可消化蛋白质 tdCP	212.90	210.60	209.00	211.82	208.83	207.38	200.43	201.38	201.67	1.126	<0.000 1	0.042 4	0.100 8	0.100 8
真可消化中性洗涤剂纤维 tdNDF	239.08	233.16	238.59	230.70	236.83	236.17	236.12	234.38	236.80	3.303	0.302 0	0.260 5	0.053 4	0.053 4
真可消化脂肪酸 tdFA	35.24	38.28	40.44	36.58	36.39	37.84	39.39	41.57	39.66	1.172	0.005 2	0.052 4	0.132 2	0.132 2
估测总可消化养分 Predicted TDN <sub>m</sub> /(g/kg DM)														
总可消化养分 TDN <sub>m</sub>	846.05	830.99	817.91	823.14	815.65	806.42	810.23	794.05	782.23	5.746	<0.000 1	<0.000 1	0.137 3	0.137 3
估测能值 Predicted energy values/(MJ/kg DM)														
生产水平消化能 DE <sub>p</sub>	62.19	61.09	60.16	60.58	60.00	59.33	59.43	58.34	57.53	0.028	<0.000 1	<0.000 1	0.210 2	0.210 2
生产水平代谢能 ME <sub>p</sub>	62.36	61.26	60.31	60.74	60.15	59.47	59.58	58.47	57.65	0.029	<0.000 1	<0.000 1	0.210 2	0.210 2
生产水平泌乳净能 NE <sub>LP</sub>	43.65	42.87	42.21	42.51	42.09	41.62	41.69	40.91	40.34	0.014	<0.000 1	<0.000 1	0.210 2	0.210 2
维持净能 NE <sub>m</sub>	234.80	221.92	211.25	216.07	209.52	202.17	203.27	191.62	183.35	3.363	<0.000 1	<0.000 1	0.157 9	0.157 9
增重净能 NE <sub>g</sub>	253.44	239.03	227.12	232.50	225.17	216.97	218.21	205.21	195.99	4.190	<0.000 1	<0.000 1	0.156 3	0.156 3

表 4 不同程度热处理对豆渣光谱分子结构功能团特征的影响

Table 4 Effects of different heat treatments on spectral molecular functional group characteristics of okara

项目 Items	100 °C			115 °C			130 °C			P 值 P-value				
	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	SEM	SEM	温度 Temperature	时间 Time	温度×时间 Temperature× time
酰胺 I 带与结构性碳水化合物峰面积比值 Amide I_STCHO	0.72	0.78	0.74	0.78	0.67	0.64	0.62	0.72	0.72	0.001	0.048 5	0.615 8	0.005 3	0.005 3
酰胺 I 带与纤维复合物峰面积比值 Amide I_CELC	3.69	3.97	3.72	3.99	3.41	3.13	3.01	3.47	3.55	0.033	0.024 4	0.603 0	0.012 6	0.012 6
酰胺 I 带与总碳水化合物峰面积比值 Amide I_CHO	0.27	0.29	0.26	0.29	0.25	0.23	0.23	0.26	0.26	<0.001	0.018 8	0.111 3	0.002 2	0.002 2

续表4

项目 Items	100 °C			115 °C			130 °C			P 值 P-value			
	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	2 h	4 h	6 h	SEM	温度 Temperature	时间 Time	温度×时间 Temperature× time
酰胺 II 带与结构性碳水化合物峰面积比值 Amide II_STCHO	0.16	0.19	0.18	0.19	0.15	0.13	0.16	0.18	0.17	<0.001	0.071 6	0.365 5	0.004 1
酰胺 II 带与纤维复合物峰面积比值 Amide II_CELC	0.80	0.96	0.92	0.96	0.78	0.62	0.78	0.85	0.85	0.003	0.072 0	0.326 3	0.003 4
酰胺 II 带与总碳水化合物峰面积比值 Amide II_CHO	0.06	0.07	0.07	0.07	0.06	0.05	0.06	0.06	0.06	<0.001	0.077 1	0.077 1	<0.000 1

表5 不同程度热处理豆渣预测蛋白质代谢参数与光谱分子结构功能团特征的相关关系

Table 5 Correlation between predicted metabolic parameters of protein and spectral molecular functional group characteristics of different heat treated okara

项目 Items	酰胺 I 带与结构性碳水化合物峰面积比值 Amide I_STCHO			酰胺 I 带与纤维复合物峰面积比值 Amide I_CELC			酰胺 I 带与总碳水化合物峰面积比值 Amide I_CHO			酰胺 II 带与结构性碳水化合物峰面积比值 Amide II_STCHO			酰胺 II 带与纤维复合物峰面积比值 Amide II_CELC			酰胺 II 带与总碳水化合物峰面积比值 Amide II_CHO		
	r	P	r	r	P	r	r	P	r	P	r	P	r	P	r	P	r	P
瘤胃可降解蛋白质 RDP/% CP	0.42	0.031	0.45	0.018	0.018	0.52	0.005	0.005	0.21	0.304	0.31	0.120	0.24	0.226				
瘤胃可降解蛋白质 RDP/(g/kg DM)	0.41	0.032	0.44	0.021	0.021	0.52	0.006	0.006	0.09	0.647	0.22	0.262	0.16	0.430				
过瘤胃蛋白质 RUP/(g/kg DM)	-0.42	0.031	-0.45	0.018	0.018	-0.52	0.005	0.005	-0.21	0.304	-0.31	0.120	-0.24	0.226				
过瘤胃蛋白质 RUP/(g/kg DM)	-0.33	0.093	-0.36	0.064	0.064	-0.45	0.019	0.019	-0.18	0.361	-0.26	0.189	-0.22	0.276				
菌体蛋白质 MCP/(g/kg DM)	0.38	0.050	0.47	0.012	0.012	0.46	0.015	0.015	0.06	0.781	0.22	0.279	0.18	0.378				
小肠可吸收菌体蛋白质 AMCP/(g/kg DM)	0.38	0.050	0.47	0.012	0.012	0.46	0.015	0.015	0.05	0.786	0.22	0.280	0.18	0.380				
小肠可吸收过瘤胃蛋白质 ARUP/(g/kg DM)	-0.33	0.093	-0.36	0.064	0.064	-0.45	0.019	0.019	-0.18	0.361	-0.26	0.189	-0.22	0.276				
内源蛋白质 ECP/(g/kg DM)	-0.24	0.231	-0.35	0.077	0.077	-0.38	0.049	0.049	-0.05	0.801	-0.20	0.323	-0.16	0.419				

续表 5

项目 Items	酰胺 I 带与结构性碳水化合物化合物峰面积比值 Amide I_STCHO		酰胺 I 带与纤维复合物峰面积比值 Amide I_CELC		酰胺 I 带与总碳水化合物化合物峰面积比值 Amide I_CHO		酰胺 II 带与结构性碳水化合物化合物峰面积比值 Amide II_STCHO		酰胺 II 带与纤维复合物峰面积比值 Amide II_CELC		酰胺 II 带与总碳水化合物化合物峰面积比值 Amide II_CHO	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
小肠可吸收内源蛋白质 AECP/(g/kg DM)	-0.23	0.255	-0.33	0.089	-0.37	0.058	-0.04	0.837	-0.19	0.350	-0.15	0.452
可代谢蛋白质 MP/(g/kg DM)	-0.10	0.606	-0.04	0.854	-0.18	0.361	-0.23	0.253	-0.17	0.396	-0.16	0.431
瘤胃可降解蛋白质可合成菌体蛋白质 MCP <sub>RDp</sub> /(g/kg DM)	0.42	0.031	0.45	0.018	0.52	0.005	0.21	0.304	0.31	0.120	0.24	0.226
总可消化养分可合成菌体蛋白质 MCP <sub>TDNm</sub> /(g/kg DM)	0.38	0.050	0.47	0.012	0.46	0.015	0.06	0.781	0.22	0.279	0.18	0.378
瘤胃能氮平衡值 RENb value/(g/kg DM)	0.19	0.337	0.29	0.136	0.24	0.230	-0.13	0.530	0.02	0.904	-0.001	0.995

*r*: 相关系数; *P*: *P* 值。表 6 同。

*r*: correlation coefficient; *P*: *P*-value. The same as Table 6.

表 6 不同程度热处理豆渣可消化养分和能值参数与光谱分子结构功能团特征的相关关系

项目 Items	酰胺 I 带与结构性碳水化合物化合物峰面积比值 Amide I_STCHO		酰胺 I 带与纤维复合物峰面积比值 Amide I_CELC		酰胺 I 带与总碳水化合物化合物峰面积比值 Amide I_CHO		酰胺 II 带与结构性碳水化合物化合物峰面积比值 Amide II_STCHO		酰胺 II 带与纤维复合物峰面积比值 Amide II_CELC		酰胺 II 带与总碳水化合物化合物峰面积比值 Amide II_CHO	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
真可消化养分 tdN/(g/kg DM)												
真可消化非纤维碳水化合物 tdNFC	0.25	0.210	0.36	0.068	0.41	0.035	-0.01	0.957	0.13	0.505	0.14	0.498
真可消化蛋白质 tdCP	0.31	0.110	0.39	0.042	0.41	0.034	-0.09	0.663	0.08	0.686	-0.02	0.939

Table 6 Correlation between prediction of digestible nutrient contents and energy values and spectral molecular functional group characteristics of different heat treated okara



续表 6

项目 Items	酰胺 I 带与结构性碳水 化合物峰面积比值 Amide I_STCHO			酰胺 I 带与纤维 复合物峰面积比值 Amide I_CELC			酰胺 I 带与总碳水 化合物峰面积比值 Amide I_CHO			酰胺 II 带与结构性碳水 化合物峰面积比值 Amide II_STCHO			酰胺 II 带与纤维复化 合物峰面积比值 Amide II_CELC			酰胺 II 带与总碳水 化合物峰面积比值 Amide II_CHO		
	r	P	r	r	P	r	r	P	r	P	r	r	P	r	P	r	P	
真可消化养分 tdN/(g/kg DM)																		
真可消化中性洗涤纤维 tdNDF	-0.07	0.730	-0.12	0.559	0.387	-0.17	0.387	-0.20	0.327	-0.19	0.339	-0.14	0.481					
真可消化脂肪酸 tdFA	-0.01	0.976	-0.10	0.621	0.340	-0.19	0.340	0.17	0.403	0.05	0.812	0.09	0.646					
估测总可消化养分 Predicted TDN <sub>m</sub> /(g/kg DM)																		
总可消化养分 TDN <sub>m</sub>	0.38	0.050	0.47	0.012	0.46	0.46	0.015	0.06	0.781	0.22	0.279	0.18	0.378					
估测能值 Predicted energy values/(MJ/kg DM)																		
生产水平消化能 DE <sub>p</sub>	0.38	0.051	0.47	0.012	0.46	0.46	0.017	0.04	0.835	0.21	0.303	0.16	0.431					
生产水平代谢能 ME <sub>p</sub>	0.38	0.051	0.47	0.012	0.46	0.46	0.017	0.04	0.835	0.21	0.303	0.16	0.431					
生产水平泌乳净能 NE <sub>LP</sub>	0.38	0.051	0.47	0.012	0.46	0.46	0.017	0.04	0.835	0.21	0.303	0.16	0.431					
维持净能 NE <sub>m</sub>	0.38	0.052	0.47	0.013	0.45	0.45	0.018	0.04	0.857	0.20	0.317	0.15	0.451					
增重净能 NE <sub>g</sub>	0.38	0.052	0.47	0.013	0.45	0.45	0.018	0.04	0.857	0.20	0.317	0.15	0.451					

由表 7 的回归方程可知,不同程度热处理豆渣分子结构功能团可以预测基于 NRC 模型下代谢蛋白质的产量。其中, Amide I\_STCHO 和 Amide I\_CHO 可以共同作为预测因子估测 RDP

( $R^2=0.35, P<0.05$ )、RUP( $R^2=0.35, P<0.05$ )、ARUP( $R^2=0.33, P<0.05$ )和  $MC_{RDP}$ ( $R^2=0.35, P<0.05$ )的含量。

表 7 不同程度热处理豆渣光谱参数与预测蛋白质代谢参数、可消化养分和能值参数之间的回归模型分析

Table 7 Regression model analysis of spectral parameters with predicted metabolic parameters of protein, digestible nutrient contents and energy values of different heat treated okara

预测变量 Predicted variables (Y)	回归变量 Regression variables	回归方程 Prediction equations	决定系数 $R^2$	残差 RSD	P 值 P-value
瘤胃可降解蛋白质 RDP/% CP	Amide I_STCHO、 Amide I_CHO	$Y=81.55-22.06 \text{ Amide I\_STCHO}+76.50 \text{ Amide I\_CHO}$	0.35	0.96	0.005
瘤胃可降解蛋白质 RDP/(g/kg DM)	Amide I_CHO	$Y=171.55+76.56 \text{ Amide I\_CHO}$	0.23	13.06	0.012
过瘤胃蛋白质 RUP/% CP	Amide I_STCHO、 Amide I_CHO	$Y=18.45+22.06 \text{ Amide I\_STCHO}-76.50 \text{ Amide I\_CHO}$	0.35	0.96	0.005
过瘤胃蛋白质 RUP/(g/kg DM)	Amide I_STCHO、 Amide I_CHO	$Y=40.16+46.02 \text{ Amide I\_STCHO}-158.49 \text{ Amide I\_CHO}$	0.33	4.52	0.008
可吸收过瘤胃蛋白质 ARUP/(g/kg DM)	Amide I_STCHO、 Amide I_CHO	$Y=34.14+39.10 \text{ Amide I\_STCHO}-134.72 \text{ Amide I\_CHO}$	0.33	3.27	0.008
可代谢蛋白质 MP/(g/kg DM)	Amide II_STCHO	$Y=104.46-31.93 \text{ Amide II\_STCHO}$	0.23	2.14	0.012
瘤胃可降解蛋白质可 合成菌体蛋白质 MCP RDP/(g/kg DM)	Amide I_STCHO、 Amide I_CHO	$Y=73.39-19.88 \text{ Amide I\_STCHO}+68.90 \text{ Amide I\_CHO}$	0.35	0.78	0.005
真可消化蛋白质 tdCP/(g/kg DM)	Amide I_CHO、 Amide II_STCHO	$Y=189.59+124.728 \text{ Amide I\_CHO}-89.82 \text{ Amide II\_STCHO}$	0.29	17.94	0.017

### 3 讨论

#### 3.1 利用 NRC 模型估测不同程度热处理对豆渣代谢蛋白质产量的影响

饲料蛋白质中 70% 的 CP 被微生物降解即为 RDP, 剩余的 CP 不被降解则为 RUP。瘤胃微生物利用碳源和氮源合成 MCP, 并同 RUP 进入真胃和小肠中被利用<sup>[17]</sup>。RDP 是合成 MCP 的主要氮源, 对反刍动物瘤胃代谢起着至关重要的作用。本试验结果表明, 豆渣的 RDP 含量随着加热程度的增加呈逐渐降低的趋势, 这可能是由于 CNCPS 体系中非蛋白氮(PA)和快速降解蛋白(PB1)的含量随着加热程度的增加逐渐减小的原因, 从而使 RUP 含量随着加热程度的增加而降低。MCP 含量与饲料  $TDN_m$  含量呈正相关。本试验结果表明, 豆渣的  $TDN_m$  含量随着加热程度的增加呈现

降低的趋势, 故 MCP 随着加热程度的增加其含量逐渐减少。瘤胃 ECP 的含量与饲料 DM 含量呈正相关, 且有 50% 的 ECP 可到达十二指肠被吸收利用。本试验中, 豆渣的 DM 含量随着加热程度的增加而增加, 故 ECP 含量也随着加热程度的增加而增加; MP 由 MCP、RUP 和 ECP 3 部分组成, 本试验研究结果表明, MP 含量随着加热程度的增加没有明显的变化趋势。REND 值为  $MCP_{TDN_m}$  与  $MCP_{RDP}$  的差值, 若 REND 值为正值, 说明其能量供给过剩, 可降解蛋白质供给量不足, 本试验中 REND 值随着温度的升高以及加热时间的延长表现为逐渐降低的趋势。这说明加热程度较小的豆渣其营养供给量较高, 在实际生产中应该选择较低的温度对豆渣或其他的饲料进行加热。

#### 3.2 利用 NRC 模型估测不同程度热处理对豆渣可消化养分含量和能值的影响

NRC 模型将饲料中 CHO 划分为非纤维性碳

水化合物(NFC)和纤维性碳水化合物(FC)<sup>[17]</sup>。tdNFC的含量随着加热程度的增加逐渐降低,这与其NFC的含量逐渐降低有关。tdNDF的含量越高说明对能量供应的贡献值越大。虽然热处理对蛋白质含量影响不显著,但加热会使暴露出的蛋白质二级结构与纤维素或半纤维素发生交联反应,生成不易被微生物破坏的化学键,从而降低tdNDF和tdCP的含量。虽然不同处理之间的脂肪含量差异不显著,但是由于加热会使脂肪表面的物理结构发生改变,从而改变了瘤胃微生物对脂肪的分解作用,从而增加了tdFA的含量增加。TDN<sub>m</sub>含量为各种真可消化养分之和减去粪中可代谢TDN<sub>m</sub>(7% DM)<sup>[19]</sup>。本试验中,随着加热程度的增加,TDN<sub>m</sub>含量逐渐降低。随着加热程度的增加,DE<sub>p</sub>、ME<sub>p</sub>、NE<sub>Lp</sub>、NE<sub>m</sub>和NE<sub>g</sub>呈逐渐降低的趋势。这说明加热处理会降低豆渣中可消化养分含量和能值,经100℃、2h处理的豆渣可以为奶牛提供更高的TDN<sub>m</sub>和能值。由于可消化养分和能值的含量为模型估测结果,还需要在动物试验中进一步验证。

### 3.3 不同程度热处理对豆渣光谱分子结构功能团特征的影响

蛋白质和碳水化合物可以为反刍动物提供充足的氮源和能量,因此,研究饲料中蛋白质和碳水化合物的分子结构及其营养价值能够更好地为奶牛提供重要的参考价值。饲料中蛋白质和碳水化合物的营养价值与其内部分子结构密切相关,而且蛋白质和碳水化合物的分子结构特点会反映饲料的利用价值。Sun等<sup>[20-21]</sup>研究发现,加热处理使饲料蛋白质和碳水化合物相关官能团分子结构发生变化,加热处理引起的分子结构变化与瘤胃可降解和不可降解碳水化合物组分密切相关。因此,加热处理可能也会使饲料的蛋白质与碳水化合物峰面积的比值发生变化。目前有关于热处理对豆渣光谱分子结构功能团特征(蛋白质与碳水化合物峰面积的比值)影响的研究鲜有报道。孙凯晶等<sup>[22]</sup>利用NRC模型预测不同玉米副产品代谢蛋白质产量,探究了分子结构功能团比值与代谢蛋白质产量之间的相关关系,对本试验的研究结果有一定程度的支持。因此,研究加热处理引起的饲料内部分子结构功能团及其比值的改变,对于快速、更好地了解饲料的化学组成、瘤胃降解情况和营养价值供给情况具有十分重要的

意义。

### 3.4 不同程度热处理豆渣预测蛋白质代谢参数、可消化养分含量和能值与光谱分子结构功能团特征的相关关系

饲料中蛋白质和碳水化合物的营养价值与其内部分子结构密切相关,且饲料分子光谱结构的变化会影响饲料的营养价值、消化行为和利用程度<sup>[23-25]</sup>。Xin等<sup>[26]</sup>研究表明,霜冻小麦与普通小麦蛋白质与碳水化合物的峰面积比值之间存在差异,利用光谱分析技术可以解释饲料内部分子结构功能团特征。孙凯晶等<sup>[23]</sup>发现玉米蛋白粉的Amide I\_CELC较高是由于玉米蛋白粉的CP含量较高,并得出不同玉米副产品的分子结构功能团比值可以作为预测因子对其代谢蛋白质产量参数进行预测,回归方程拟合较好,决定系数( $R^2$ )较高。而本试验中,回归方程的 $R^2$ 偏小,但Amide I\_STCHO和Amide I\_CHO与蛋白质代谢参数、可消化养分含量和能值存在相关关系。原因可能是饲料不同以及对饲料热处理的方式和程度不同导致回归方程的预测存在偏差。上述研究结果表明,可以利用豆渣蛋白质与碳水化合物峰面积的比值对不同程度热处理豆渣的蛋白质代谢参数、可消化养分含量和能值进行预测。为了得到更多更精准的预测方程,需要我们对不同热处理的豆渣或其他饲料进行大量的研究,找出适宜的分子结构功能团光谱参数来预测热处理后饲料的质量和营养价值。

## 4 结论

① 不同程度热处理对豆渣的代谢蛋白质产量、可消化养分含量和能值具有影响,随着加热程度的增加,豆渣的代谢蛋白质产量、可消化养分含量和能值含量降低。经100℃、2h处理的豆渣可以为奶牛提供更高的TDN<sub>m</sub>和能值。

② 不同程度热处理对豆渣的分子结构功能团具有影响,并与其代谢蛋白质产量、可消化养分和能值之间存在相关关系,初步证明可以利用分子结构功能团对热处理豆渣的营养价值进行估测,为简单、快速、准确地评定饲料营养价值提供了理论依据。

### 参考文献:

[1] 陈晓柯,常虹,郭卫芸,等.豆渣的综合利用现状及其

- 研究进展[J].河南农业科学,2015,44(12):1-5.
- [2] WONG M H, TANG L Y, KWOK F S. The use of enzyme-digested soybean residue for feeding common carp[J]. Biomedical and Environmental Sciences, 1996, 9(4):418-423.
- [3] 王治华,王连仲,陈永生,等.奶牛日粮中干豆腐渣替代豆粕的对比试验[J].中国奶牛,2003(2):24-26.
- [4] 王治华,江汪洋,胡忠泽,等.干豆腐渣替代豆粕对肥育牛的饲喂效果研究[J].黄牛杂志,2004,30(6):15-17.
- [5] WANG F, NISHINO N. Ensiling of soybean curd residue and wet brewers grains with or without other feeds as a total mixed ration[J]. Journal of Dairy Science, 2008, 91(6):2380-2387.
- [6] 穆会杰,刘庆华,邢其银.豆腐渣对反刍动物饲用价值研究[J].中国饲料,2013(23):39-42.
- [7] 李岩,孟庆祥,陈万宝,等.应用 CNCPS 方法和体外产气法研究豆腐渣饲料的营养价值[J].中国畜牧兽医,2017,44(5):1355-1362.
- [8] 张学燕,崔占鸿,孙璐,等.利用体外产气法及 CNCPS 体系评定豆渣、菜籽粕的营养价值[J].青海畜牧兽医杂志,2017,47(3):18-22.
- [9] 高红.四种粮食加工副产物对奶牛营养价值的研究[D].硕士学位论文.哈尔滨:东北农业大学,2017.
- [10] GONZÁLEZ-VEGA J C, KIM B G, HTOO J K, 等.热处理豆粕饲喂生长猪的氨基酸消化率[J].中国饲料,2015(24):32-37.
- [11] XIN H S, DING X, ZHANG L Y, et al. Investigation of the spectroscopic information on functional groups related to Carbohydrates in different morphological fractions of corn stover and their relationship to nutrient supply and biodegradation characteristics[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2017, 65(20):4035-4043.
- [12] NRC. Nutrient requirements of dairy cattle[S]. 7th ed. Washington, D. C.: The National Academies Press, 2001.
- [13] AOAC. Official methods of analysis of AOAC International[S]. 15th ed. Arlington, VA: AOAC, 1990.
- [14] VAN SOEST P J, ROBERTSON J B, LEWIS B A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition[J]. Journal of Dairy Science, 1991, 74(10):3583-3597.
- [15] WEISS W P, WYATT D J. Effect of oil content and kernel processing of corn silage on digestibility and milk production by dairy cows[J]. Journal of Dairy Science, 2000, 83(2):351-358.
- [16] PENG Q H, KHAN N A, WANG Z S, et al. Moist and dry heating-induced changes in protein molecular structure, protein subfractions, and nutrient profiles in camelina seeds[J]. Journal of Dairy Science, 2014, 97(1):446-457.
- [17] FOX D G, TEDESCHI L O, TYLUTKI T P, et al. The cornell net carbohydrate and protein system model for evaluating herd nutrition and nutrient excretion[J]. Animal Feed Science and Technology, 2004, 112(1/2/3/4):29-78.
- [18] KIM S, KIM H, REUHS B L, et al. Differentiation of outer membrane proteins from *Salmonella enterica* serotypes using Fourier transform infrared spectroscopy and chemometrics[J]. Letters in Applied Microbiology, 2006, 42(3):229-234.
- [19] (美)国家科学研究委员会组织.奶牛营养需要[M].孟庆翔,译.北京:中国农业大学出版社,2002.
- [20] SUN B L, KHAN N A, YU P Q. Molecular spectroscopic features of protein in newly developed chickpea: relationship with protein chemical profile and metabolism in the rumen and intestine of dairy cows[J]. Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy, 2018, 196:168-177.
- [21] SUN B L, RAHMAN M M, TAR'AN B, et al. Determine effect of pressure heating on carbohydrate related molecular structures in association with carbohydrate metabolic profiles of cool-climate chickpeas using global spectroscopy[J]. Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy, 2018, 201:8-18.
- [22] 孙凯晶,赵洪波,杨金山,等.基于 NRC 模型下不同玉米副产品代谢蛋白预测产量与分子功能团特征参数相关性分析[J].中国畜牧兽医,2018,45(11):3033-3042.
- [23] YU P. Application of advanced synchrotron radiation-based fourier transform infrared (SR-FTIR) microspectroscopy to animal nutrition and feed science: a novel approach[J]. British Journal of Nutrition, 2004, 92(6):869-885.
- [24] YU P Q, MCKINNON J J, CHRISTENSEN R, et al. Using synchrotron transmission FTIR microspectroscopy as a rapid, direct, and nondestructive analytical technique to reveal molecular microstructural-chemical features within tissue in grain barley[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2004, 52(6):1484-1494.

[25] GHOLIZADEH H, ALI NASERIAN A, XIN H S, et al. Detecting carbohydrate molecular structural makeup in different types of cereal grains and different cultivars within each type of grain grown in semi-arid area using FTIR spectroscopy with uni- and multi-variate molecular spectral analyses [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2014, 194: 136–144.

[26] XIN H S, FALK K C, YU P Q. Studies on *Brassica carinata* seed. 2. carbohydrate molecular structure in relation to carbohydrate chemical profile, energy values, and biodegradation characteristics [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2013, 61 (42): 10127–10134.

## Correlation between Molecular Structure Functional Group Characteristics and Nutritional Value of Different Heat Treated Okara Based on NRC Model

LI Xin XU Hongjian ZHANG Quanyu WANG Lihua ZHANG Yonggen\*

(College of Animal Science and Technology, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

**Abstract:** The objective of this experiment was to study the correlation between molecular structure functional group characteristics and nutritional value of different heat treated okara based on NRC model. Using the oven to heat treatment the okara at different temperatures (100, 115, 130 °C) for different times (2, 4, 6 h), the metabolic protein production, digestible nutrient content and energy value of different heat treated okara were predicted using NRC (2001) model, and the molecular functional group characteristics of different heat treated okara were analyzed by Fourier transform infrared spectroscopy (FTIR) technology, then investigated the correlation between them. The results showed as follows: 1) with the increased of temperature and heating time, the metabolic protein production, digestible nutrient content and energy value of okara showed a downward trend. 2) Temperature and time had a significant effect on the molecular structure functional group of okara ( $P < 0.05$ ). 3) Amide I band and structural carbohydrate peak area ratio (Amide I\_STCHO) and amide I band to total carbohydrate peak area ratio (Amide I\_CHO) can be used together as predictors to estimate rumen degradable protein ( $R^2 = 0.35$ ,  $P < 0.05$ ), rumen undegradable protein ( $R^2 = 0.35$ ,  $P < 0.05$ ), absorbable rumen undegradable protein ( $R^2 = 0.33$ ,  $P < 0.05$ ) and microbial crude protein of rumen degradable protein ( $R^2 = 0.35$ ,  $P < 0.05$ ). In summary, there is a correlation between the molecular structure functional group and metabolic protein production, digestible nutrient content and energy value of heat treated okara. It is preliminarily proved that molecular structure functional group can be utilized to analyze and estimate the nutritional value of heat treated okara. [*Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2020, 32(4): 1755-1767]

**Key words:** heat treated; okara; NRC; spectral molecular characteristics; correlation