



环境微生物资源信息库的构建及应用

王臣^{1,2}, 代碧莹^{1,2,3}, 张丹^{1,2,3}, 岳华^{1,2,3}, 杨惠兰^{1,2,3}, 兰书焕^{1,2,3}, 李旭东^{1,2}, 谢翼飞^{1,2*}

¹中国科学院成都生物研究所, 四川 成都 610041

²四川省环境微生物重点实验室, 四川 成都 610041

³中国科学院大学, 北京 100049

摘要:【目的】开发一个收集环境微生物信息并能快速合成环境治理微生物群体的网站。【方法】在“中国科学院战略生物资源服务网络计划”的支持下, 依托资源丰富环境微生物实体保藏库, 完善菌株功能、环境适应及生理生化相关信息, 建立了环境微生物资源信息库(网址: <http://www.envimicrobe.com>)。【结果】该信息库主要包含“资源库”、“群体合成系统”两个模块, 其中资源库收集整合了环境微生物实体库中菌株的功能特性、环境适应性、生理生化特性等信息; 群体合成系统则将这些功能菌特征信息与目标污染治理对象的污染物信息、环境条件参数信息相匹配, 快速合成针对性强的环境治理微生物群体, 研制环境微生物复合菌剂产品。【结论】该信息库的应用, 不仅可以帮助研究者快速获取相关微生物资源信息, 高效快速地开展环境微生物相关研究, 而且也将会促进环境微生物资源的产业化推广应用。

关键词: 环境生物技术, 环境微生物资源库, 信息库, 群体合成系统

生态文明建设多次被纳入我国国民经济和社会发展规划中, 在“十四五”规划建议中也明确提出要持续改善生态环境, 牢固生态安全屏障, 提升生态系统质量和稳定性^[1]。其中环境污染治

理任务艰巨, 而微生物治理技术在污染治理中发挥重要核心作用^[2]。由于环境污染物成分多, 环境条件恶劣, 单一菌株难以稳定发挥作用, 微生物群体由于稳定性好、环境适应能力强、抗冲击

基金项目: 中国科学院战略生物资源服务网络计划“生物资源衍生库”项目(KFJ-BRP-009); 中国科学院战略生物资源能力建设项
目(KFJ-BRP-017-59); 四川省重点研发项目(2020YFS0021); 四川省环境治理与生态保护重大科技专项(2019YFS0504)

*通信作者。E-mail: xieyf@cib.ac.cn

收稿日期: 2020-12-15; 修回日期: 2021-03-19; 网络出版日期: 2021-10-06

等优点而受到广泛的关注^[3-5]。但目前环境微生物群体合成中存在理论不明晰、菌剂结构不合理、针对性不强、开发时间长等问题^[6]。

近年来,随着高通量检测技术及设备的出现,使得大规模检测环境微生物相关基础信息成为了可能^[7-8]。这些微生物信息的获取,在提高微生物群体针对性、缩短研发时间上可提供巨大的应用价值。如张丹等构建的高效堆肥复合菌剂就是基于对实验室现有微生物功能信息、环境适应信息及生理生化信息的基础上,在一个月内就针对干温河谷区农村易腐垃圾研发出了高温期长、腐熟时间短、堆肥品质好的CM菌剂^[9]。

但是目前借助高通量检测技术及设备获得的大量微生物信息并未得到充分的整理和利用^[6],因此构建一个能够收集整理这些信息数据并将其利用的环境微生物资源信息库就显得十分必要。在“中国科学院战略生物资源服务网络计划”的支持下,依托资源丰富环境微生物实体保藏库,通过完善环境微生物的功能特性、环境适应特性及生理生化特征等信息,建立了环境微生物资源信息库。该资源信息库中“资源库”模块不仅储备了丰富的环境微生物资源及环境微生物复合菌剂信息,而且也将会促进环境微生物群体的合成及相关菌剂产品的研发,提高微生物资源的利用效率,促进环境微生物的产业化,有效地服务国家环保战略。另外,通过“群体合成系统”模块合成的环境微生物菌剂的应用,也可有效输出广谱实用的复合菌剂产品及其相关技术,扩大环保复合菌剂在我国使用的范围,提高了我国环保科技企业的技术水平和核心竞争力,最终为环境污染有效治理提供极大的支持。

1 环境微生物资源信息库

本资源库主要依托中国科学院战略生物资源服务网络计划“生物资源衍生库”项目、中国科学院战略生物资源能力建设项目等收集了多种功能微生物,并通过建立高通量检测的方法,获得微生物的生理生化特性、功能特性、环境适应特性等信息数据。为了保障数据的质量,每个数据均设置3个平行,其中平行数据间误差不大于5%的作为可信数据,误差大于5%的则为不可信数据,需要重新检测(后台展示数据为平行数据间的平均数)。最终以获得的微生物菌株信息数据为基础,通过“ASP.NET 开发语言+MySQL 数据库”的方法构建微生物资源库平台,并将其搭载到云服务器上形成可通过浏览器直接访问的环境微生物资源信息库(网址:<http://www.envimicrobe.com>),从而实现微生物信息资源的共享。图1为环境微生物资源信息库的首页,主要设置了“资源库”和“群体合成系统”两个常用功能模块。其中“资源库”模块能够为明确了解菌株功能需求或者修复场景污染物单一的用户提供单个菌株或者简单几株菌的组合服务,同时又能为后者微生物群体的合成提供丰富的菌种资源信息;“群体合成系统”模块主要是针对污染物组分复杂、环境条件特殊的污染场景修复提供微生物复合菌剂合成工具。下面对两大模块的构建原理、数据结构及其应用范围进行详细介绍。

1.1 资源库

基于丰富的环境微生物资源信息,根据微生物修复性能的强弱及其在环境修复中的应用成熟程度,将环境微生物“资源库”分为“普通资源库”和“高效菌种库”两个子库,资源库数据结构如图2所示。

图 1. 环境微生物资源信息库首页

Figure 1. Homepage of environmental microbial information repository.

其中，“普通资源库”作为环境修复基础微生物资源库，主要收集了一些功能特性不突出、污染物降解性能一般的菌株。其菌株的信息收集主要来自 2 个方面，一方面是前期参与“中国科学院战略生物资源服务网络计划”的中国科学院成都生物研究所、中国科学院微生物研究所、中国科学院天津工业生物技术研究所等多家科研单位经过富集、筛选、分离、培养及 16S rDNA 鉴定、命名等过程，最终获得环境治理菌株的代号、中文名称、培养基、培养条件及 16S rDNA 序列等信息；另一方面是从相关学者的文献报道上收集菌株的基础信息。

“高效菌种库”则作为环境修复及群体合成的

种子库，主要包括一些功能信息明确、污染物降解性能优异的菌株，其菌株的信息收集主要是基于丰富的环境微生物资源实体库，选取具有实际应用潜能的菌株，在获得菌株代号、中文名称、培养基、培养条件及 16S rDNA 序列等的基础上，借助高通量的检测仪器或技术手段，经过“评价指标科学性调研-评价指标确定-高通量评价指标检测方法建立-检测”等过程获得菌株的功能特性（目标污染物、底物耐受浓度、降解性能等）、环境适应特性（耐盐性能、耐酸碱性能、耐旱性能、最适温度、最适 pH 等）以及生理生化特性（糖类、淀粉、明胶等）等详细信息；也可通过合作科研单位、企业等获得高效菌株的详细信息。



图 2. “资源库”数据结构
Figure 2. Data structure of “resource repository”.

综上所述，构建的资源库一方面储存了大量的环境治理微生物相关信息，丰富了环境治理微生物资源库，挖掘了微生物潜在的功能特性，发掘了潜在的高效修复环境的菌株；另一方面菌种信息的不断完善将有助于提高菌株的利用率，促进环境治理菌剂的研制并扩大其使用范围。

1.2 群体合成系统

群体合成系统，全称环境治理微生物群体精准匹配合成系统，是基于需要治理的污染环境污染物成分多、环境条件严苛、单一菌株难以稳定发挥作用等问题，而为复合菌剂功能菌配伍研发的快速筛选工具，构建原理如图 3 所示。该系统是在环境微生物资源实体库和信息库基础上，

将“资源库”中“高效菌种库”的菌株信息储存在 MySQL 数据库中作为底层数据，经过“污染场景信息提取-功能特性匹配-环境特性匹配”等过程快速配伍获得环境治理微生物群体，系统应用流程及数据结构如图 4 所示。

群体合成系统根据菌株所降解目标污染物性质的不同将其分为“合成有机污染物(含石油化工行业)”、“天然有机污染物”、“综合污染物”三个污染场景,每个污染场景下面均含有“功能特性”和“环境特性”两个匹配子系统,且均采用精准匹配的方式将污染生境信息与菌株信息数据相匹配,从而保障了合成的微生物群体能够快速适应并修复污染场景。

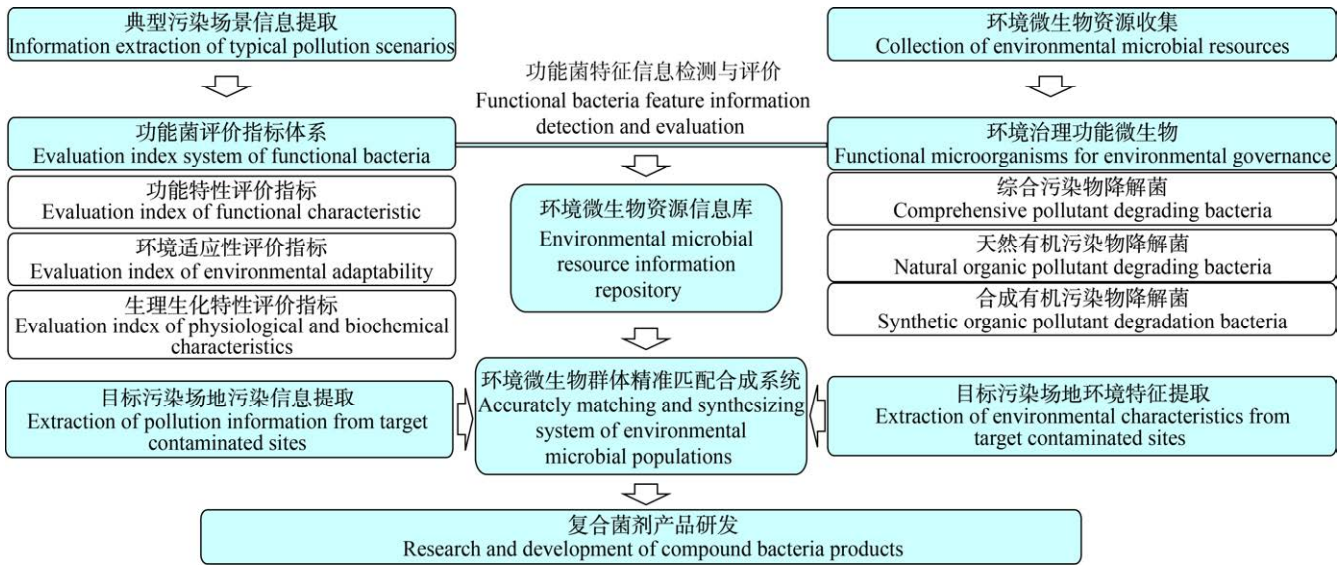


图 3. “群体合成系统”构建原理示意图

Figure 3. Schematic diagram of the construction principle of “group synthesis system”.

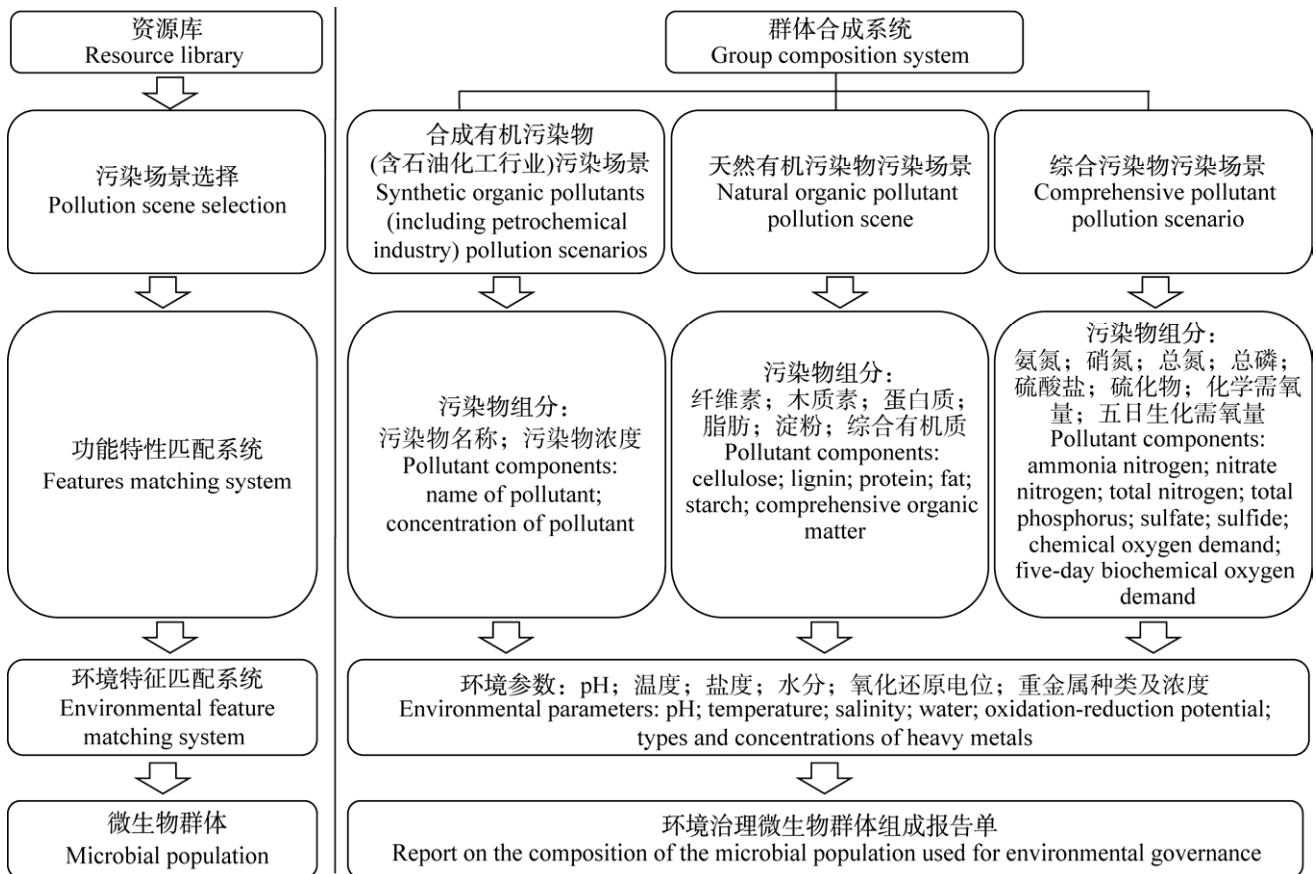


图 4. “群体合成系统”应用流程及数据结构

Figure 4. Application process and data structure of “group composition system”.

“合成有机污染物(含石油化工行业)”污染场景主要是针对有毒有害且难以生物降解的合成有机污染物,筛选出对有毒污染物耐受性高且具有脱卤或开环或氧化不饱和键等污染物降解过程中发挥关键作用的特殊功能菌群。通过对污染场景信息进行解析,提取有毒有害污染物名称、浓度范围,通过“功能特性”匹配子系统分别与菌株信息中的目标污染物、底物耐受性能相匹配,其中污染物名称与菌株信息中目标污染物字段为完全匹配,而由于具有底物高耐受性的菌株可适应低浓度污染物,因此污染物浓度范围与底物耐受性进行匹配时是将底物耐受浓度大于或者等于用户所选污染物浓度范围的菌株全部筛选出来,再根据其对污染物的降解性能优先选择降解性能高的菌株。

“天然有机污染物”污染场景则是侧重污染物的转化,针对天然高分子有机物筛选出能够将生物高分子化合物转化为小分子化合物的高效功能菌群。重点是对其中的天然有机成分按照纤维素、木质素、蛋白质等进行含量解析,通过“功能特性”匹配子系统分别与菌株信息中的目标污染物、污染物降解性能相匹配。同样的纤维素、木质素等污染物名称与菌株信息中目标污染物字段为完全匹配,而由于天然有机物在生物体内合成,毒性较小,所以不再将天然有机污染物的含量与底物耐受性进行匹配,而是直接根据菌株信息中的污染物降解性能对符合条件的菌株按照降解性由高到低排序。

“综合污染物”污染场景则是针对一些污染组分多、不易定量以及通常以总氮、总磷、化学需

氧量等表示污染状况的污染场景,筛选出能够去除总氮、总磷、化学需氧量等的高效降解菌群。其“功能特性”匹配子系统与“合成有机污染物(含石油化工行业)”污染场景中的相似,均是将污染物的名称、浓度范围与菌株信息中的目标污染物、底物耐受性能相匹配。

另外,3个污染场景下的“环境特性”匹配子系统均是将用户选择的pH、温度、盐度、水分、氧化还原电位、重金属种类及浓度等环境参数分别与菌株信息中最适pH、最适温度、最适盐性、最适湿度、最适氧化还原电位、耐受重金属类型、重金属耐受浓度等相匹配。其中在匹配pH、温度、盐度、水分、氧化还原电位环境参数时,“环境特性”匹配子系统会从“功能特性”匹配子系统筛选出来的菌株中,优先选择最适环境条件在用户所选环境参数范围内的菌株,其次为最适环境条件与所选环境参数相接近的菌株。而对于重金属种类及浓度,该子系统则选择与用户所选重金属种类完全匹配的菌株,优先选择对该种重金属耐受浓度较高的菌株。经过“功能特性”和“环境特性”两匹配子系统的层层筛选,该菌群合成系统从高效菌种库中针对污染生境筛选出能够降解该浓度下污染物且又能适应所选环境参数条件的一类菌株,最终将环境污染物信息、环境参数信息、群体合成信息进行汇总,形成“环境治理微生物群体组成报告单”,方便用户打印、汇报、商讨使用,也便于系统管理员获得用户需求,及时与用户沟通交流,确定最佳的菌剂定制方案。

综上所述,群体合成系统在借助数据库技术和人工智能技术上,分析了污染场景的环境参数

信息,并与信息库中环境微生物特征信息进行了匹配,因此研发的污染场景修复微生物群体(复合菌剂)具有指导理论统一、群体结构合理、针对性强、开发时间短等特点。

2 展望

在如今“微生物大数据”时代,微生物信息的便捷提取与利用将是克服我国环保复合菌剂针对性不强、开发时间长等问题的重要途径之一。本文介绍的环境微生物资源信息库作为快速合成微生物群体的有效手段之一,其中“资源库”收集和储存了大量环境治理功能微生物信息,可在有污染物降解、脱氮、除磷、除臭等方面提供高效功能菌株,提高保藏菌株的利用效率,充分发挥微生物在环境修复中的作用。“群体合成系统”则是在“资源库”的基础上,借助数据库及人工智能技术为环境污染物组分、环境条件较为复杂的污染场景提供环境微生物复合产品。由于目前“资源库”中菌株的种类及数量的限制,该系统仅可服务于清洗剂类、醛酚类等人工合成有机污染物、石油类有机污染物及农村易腐垃圾、黑臭水体等污染环境领域的治理。该系统的建立规范了菌剂合成的指导理论,提高了菌剂的针对性、环境适应性,优化了菌剂结构的稳定性,大大缩短了菌剂研发时间。同时该系统也可向高校、环保企业、政府单位等菌剂研发与使用者输出环境治理微生物相关产品、技术服务等,切实扩大我国复合菌剂产品应用范围,有效服务于国家环保战略。

但环境微生物资源信息库也存在一定的不

足之处:(1)微生物样本量不够大。目前资源信息库能够修复的受污染环境领域有限,如针对畜禽养殖废水、湖库富营养化水体、农村生活污水等的治理还需筛选和吸纳更多有效微生物丰富资源信息库。(2)信息库菌株科学评价体系的完善。针对不同治理功能的微生物,还需研发科学的微生物功能特性评价体系,为用户提供准确的菌株评价标准。(3)信息库中微生物潜在功能的挖掘。依托酶标仪、荧光定量 PCR、高效液相/气相、高通量菌种筛选仪等高通量检测仪器,实现大规模菌体功能特性检测,挖掘完善菌株潜在功能特性。(4)合成微生物群体结构的完善。目前群体合成的建立仅是考虑到污染物组分、环境参数等条件,对所选群体中微生物间的拮抗作用、协同作用、互生等作用仅靠后期人工完成,因此加强微生物间相互作用信息的录入,将有助于合成群体结构的完善。

综上所述,基于环境微生物群体在环境生物修复领域的良好应用前景,初步建立一条完整、详尽的微生物信息库,清楚描述菌株功能特性、环境适应特性、生理生化特定等基础信息,加之后续完善的菌株间相关作用,根据修复场地污染物组分、环境参数需求,从菌种库中组配出最优环境修复治理复合菌剂,使微生物共生共存、协同代谢,进而发挥出最大的联合优势。该环境微生物资源信息库的建立,不仅能够为菌剂研发工作者提供大量的微生物基础信息,缩短菌剂研发周期,提高微生物资源利用率及扩大菌剂使用范围,同时也能加强我国微生物资源的推广与应用,促进环境微生物的产业化发展。

参 考 文 献

- [1] Xinhua News Agency. Proposals of the Central Committee of the Communist Party of China on Formulating the Fourteenth Five-Year Plan for National Economic and Social Development and the Long-term Goals for 2035. *China Civil Affairs*, 2020(21): 8–21. (in Chinese)
新华社. 中共中央关于制定国民经济和社会发展第十四个五年规划和二〇三五年远景目标的建议. 中国民政, 2020(21): 8–21.
- [2] Feng Z. Application of microbiological technology in environmental control. *Agricultural Engineering*, 2018, 8(10): 62–63. (in Chinese)
冯昭. 微生物技术在环境治理中的应用. 农业工程, 2018, 8(10): 62–63.
- [3] Zhang S, Merino N, Okamoto A, Gedalanga P. Interkingdom microbial consortia mechanisms to guide biotechnological applications. *Microbial Biotechnology*, 2018, 11(5): 833–847.
- [4] Bhatia SK, Bhatia RK, Choi YK, Kan E, Kim YG, Yang YH. Biotechnological potential of microbial consortia and future perspectives. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2018, 38(8): 1209–1229.
- [5] Qian XJ, Chen L, Sui Y, Chen C, Zhang WM, Zhou J, Dong WL, Jiang M, Xin FX, Ochsenreither K. Biotechnological potential and applications of microbial consortia. *Biotechnology Advances*, 2020, 40: 107500.
- [6] Yang YH, Wang BC, Shi LC, Wang QH. Development of researching the synthetical application of compound microorganisms. *Journal of Chongqing University: Natural Science Edition*, 2003, 26(6): 81–85. (in Chinese)
杨艳红, 王伯初, 时兰春, 王庆红. 复合微生物制剂的综合利用研究进展. 重庆大学学报: 自然科学版, 2003, 26(6): 81–85.
- [7] Ai S, Zhang LJ, Xiao PY, Zhang XF, Xing ZL. Application and progress of high-throughput sequencing technology in the field of environmental microorganisms. *Journal of Chongqing University of Technology: Natural Science*, 2018, 32(9): 111–121. (in Chinese)
艾铄, 张丽杰, 肖芃颖, 张晓凤, 邢志林. 高通量测序技术在环境微生物领域的应用与进展. 重庆理工大学学报: 自然科学, 2018, 32(9): 111–121
- [8] Kan JL. Application of molecular biology technology in environmental microbe monitoring and management. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2016, 44(2): 171–173. (in Chinese)
阚金兰. 分子生物学技术在环境微生物检测和污染治理中的应用. 安徽农业科学, 2016, 44(2): 171–173.
- [9] Zhang D, Yue H, Yang HY, Lan SH, LI XD, Wang C, Xie YF. Fast-preparation of compost effective microorganisms (EM) for perishable garbage based Environmental Microbial Repository. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, 61(10): 3199–3210. (in Chinese)
张丹, 岳华, 杨惠兰, 兰书焕, 李旭东, 王臣, 谢翼飞. 基于环境微生物资源库快速构建易腐垃圾高效堆肥复合菌剂. 微生物学报, 2021, 61(10): 3199–3210.

Construction and application of environmental microbial resources information repository

Chen Wang^{1,2}, Biying Dai^{1,2,3}, Dan Zhang^{1,2,3}, Hua Yue^{1,2,3}, Huilan Yang^{1,2,3}, Shuhuan Lan^{1,2,3}, Xudong Li^{1,2}, Yifei Xie^{1,2*}

¹ Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041, Sichuan Province, China

² Environmental Microbiology Key Laboratory of Sichuan Province, Chengdu 610041, Sichuan Province, China

³ University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract: [Objective] Developing a website that collects environmental microbial information and can quickly synthesize environmental control microbial populations. [Methods] With the support of the “Chinese Academy of Sciences Strategic Biological Resources Service Network Plan”, relying on the resource-rich environmental microbial entity collection library, we improved the information on function, environmental adaptation and physiological and biochemical characteristics of the deposited strains, and established environmental microbial information repository (website: <http://www.envimicrobe.com/em.cib.cn>). [Results] The information repository mainly includes two modules: “resource library” and “group synthesis system”. The resource database collects and integrates information on the functional characteristics, environmental adaptability, physiological and biochemical characteristics of the strains. The population synthesis system matches the feature information of these functional bacteria with the pollutant information and environmental condition parameter information of the target contaminants, and then quickly synthesizes targeted environmental management microbial populations, and develops environmental microbial compound products. [Conclusion] The application of this information database not only helps researchers quickly obtain relevant microbial resource information and carry out environmental microbial research efficiently and quickly, but also promotes the industrialization and application of environmental microbial resources.

Keywords: environmental biotechnology, environmental microbial repository, information platform, group synthesis system

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the Strategic Biological Resources Service Network of Chinese Academy of Sciences “Construction of Synthetic Library of Environmental Functional Microorganisms” (KFJ-BRP-009), by the Strategic Biological Resources Capacity Building Project of the Chinese Academy of Sciences (KFJ-BRP-017-59), by the Key Research and Development Program of Sichuan Province (2020YFS0021) and by the Major Science and Technology Project for Environmental Governance and Ecological Protection of Sichuan Province (2019YFS0504)

*Corresponding author. E-mail: xieyf@cib.ac.cn

Received: 15 December 2020; Revised: 19 March 2021; Published online: 6 October 2021

谢翼飞, 男, 副研究员, 硕士研究生导师。主要从事环境微生物制剂研制, 废水生物强化处理与资源化, 农村生活污水微生物-生态组合处理、黑臭水体及富营养化水体生物修复、重金属污染生物治理与修复。目前, 已开发重金属废水处理菌剂、易腐垃圾堆肥菌剂、生物除臭复合菌剂等多种生物制剂产品, 研制撬装式废水应急处理装置及生活污水处理装置各1套; 发表学术论文30余篇, 申请发明专利5项, 参加编写专著2部, 获四川省科技进步二等奖1项、三等奖2项。

