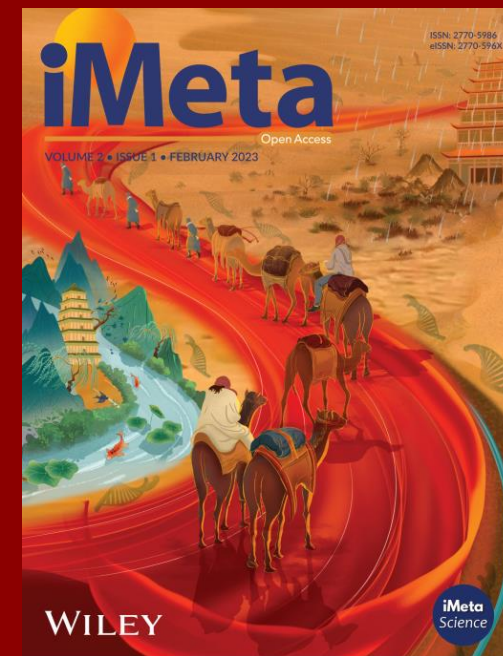




超越组学：从现象描述到发酵微生物组的 理性与规模化设计

牛东泽^{1#}, 庞会利^{2#}, 王学凯^{3#}, 宋亮^{4#}, 张晶^{5#}, Ansah Terry⁶, 李君风⁷, 曹景文⁸, 刘秦华⁹, 韩大永⁴, 王纪栋², Jong Geun Kim¹⁰, Kazuo Ataku¹¹, Smerjai Bureenok¹², 谈重芳², 白逢彦⁴, 邵涛⁷, 呼和涛力^{1*}, 王立峰^{5*}, 韩培杰^{4*}, 徐春城^{13*}, 杨富裕^{3, 14*}, 蔡义民^{2*}

¹常州大学城乡矿山研究院, 生物质炼制及高质化利用国家和地方联合工程研究中心, 常州, 中国; ²郑州大学农业与生物制造学院, 棉花生物育种与综合利用全国重点实验室, 郑州, 中国; ³中国农业大学草业科学与技术学院, 北京, 中国; ⁴中国科学院微生物研究所, 北京, 中国; ⁵南京财经大学食品科学与工程学院, 南京, 中国; ⁶加纳发展研究大学动物科学系, 加纳; ⁷南京农业大学草业学院, 南京, 中国; ⁸上海交通大学农业与生物学院, 上海, 中国; ⁹云南农业大学动物科学技术学院, 昆明, 中国; ¹⁰首尔大学国际农业技术研究生院及绿色生物科学与技术研究所, 平昌, 韩国; ¹¹酪农学园大学乳品科学系, 北海道, 日本; ¹²拉贾曼加拉理工大学伊森校区农业创新与技术学院, 呵叻, 泰国; ¹³中国农业大学工学院, 北京, 中国; ¹⁴贵州大学动物科学学院, 贵阳, 中国

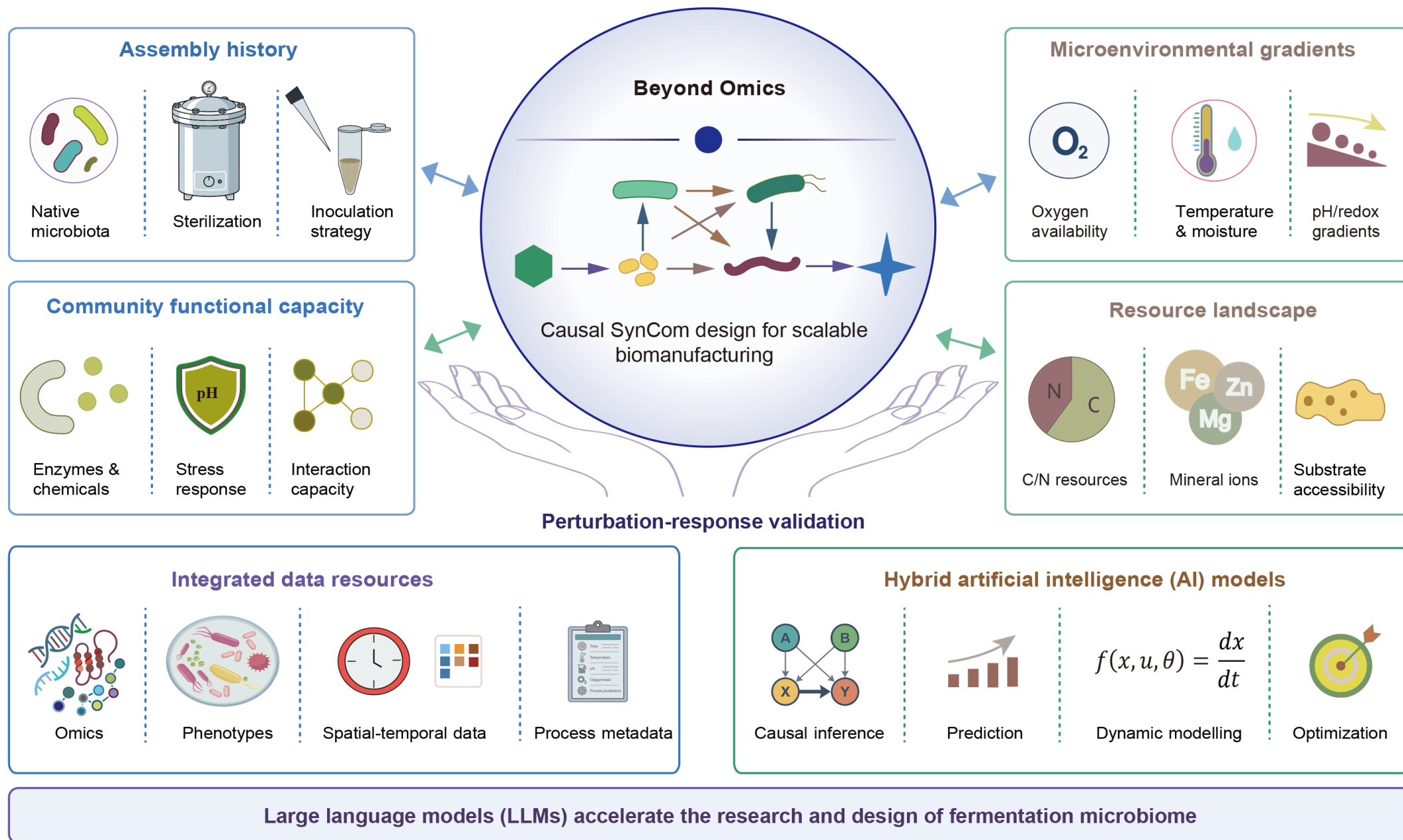


Dongze Niu, Huili Pang, Xuekai Wang, Liang Song, Jing Zhang, Ansah Terry, Junfeng Li, et al. 2026. Beyond omics: From descriptive profiling to causal and scalable design of fermentation microbiomes. *iMeta* 5: e70161.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70161>



图形摘要





亮点

- **从传递限制到生态位设计：**探讨高固含量发酵中的空间异质性，梳理微环境、资源分布与微生物组装的调控机制；
- **从海量组学数据到可复用知识：**推动跨研究与发酵体系的多组学数据与其它数据整合，支撑数据复用、跨系统比较与规律发现；
- **从通用大模型到专业工具协同：**借力大语言模型加速专业方法与分析工具开发，构建面向未来生物制造的研究方法与体系。

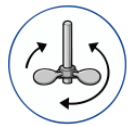


不同发酵体系的典型特征

(A) Industrial liquid fermentation



Single species



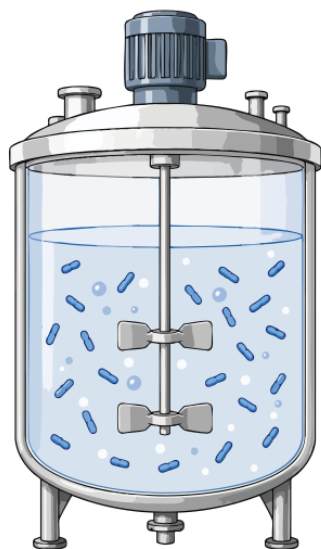
Well mixed



Homogeneous environment



Easy process control



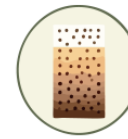
VS

(B)

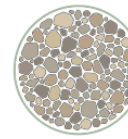
High-solids fermentation



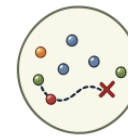
Multiple species



Spatially heterogeneous



High-solid matrix



Often transport-limited

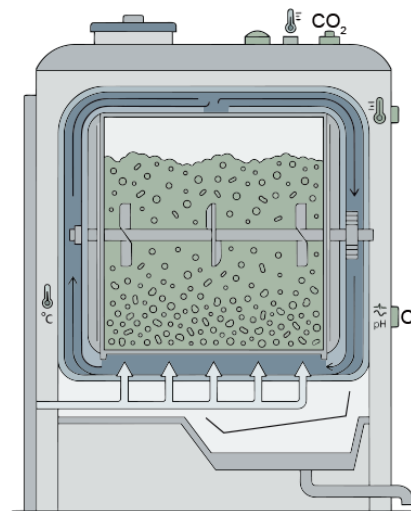


图1A. 工业液体发酵的典型特征

图1B. 高固含量发酵的特征与面临的挑战



发酵微生物组的群落组装与空间生态位调控

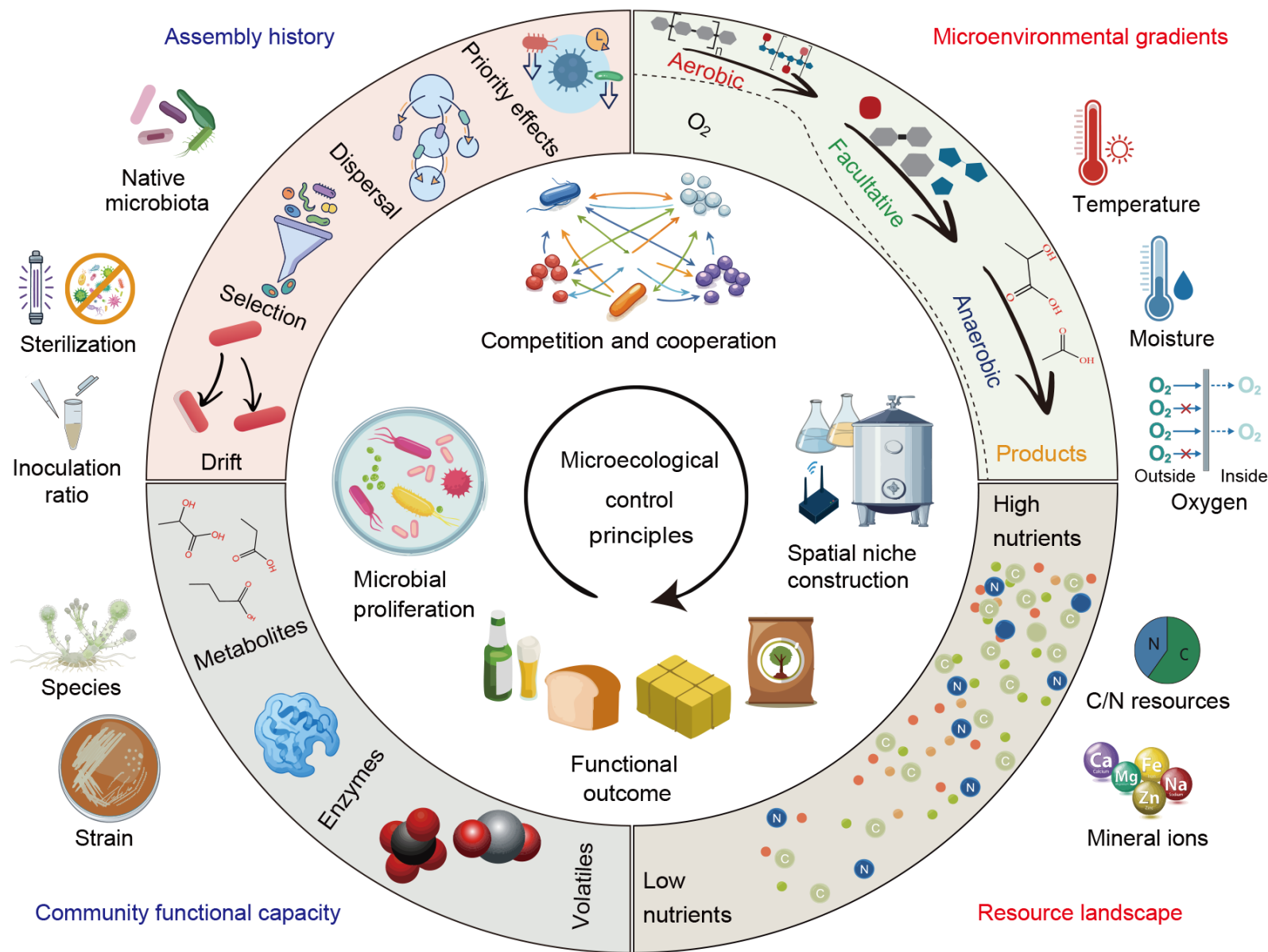


图1C. 群落组装与空间生态位驱动的微生态调控



跨发酵体系组学数据整合与知识发现

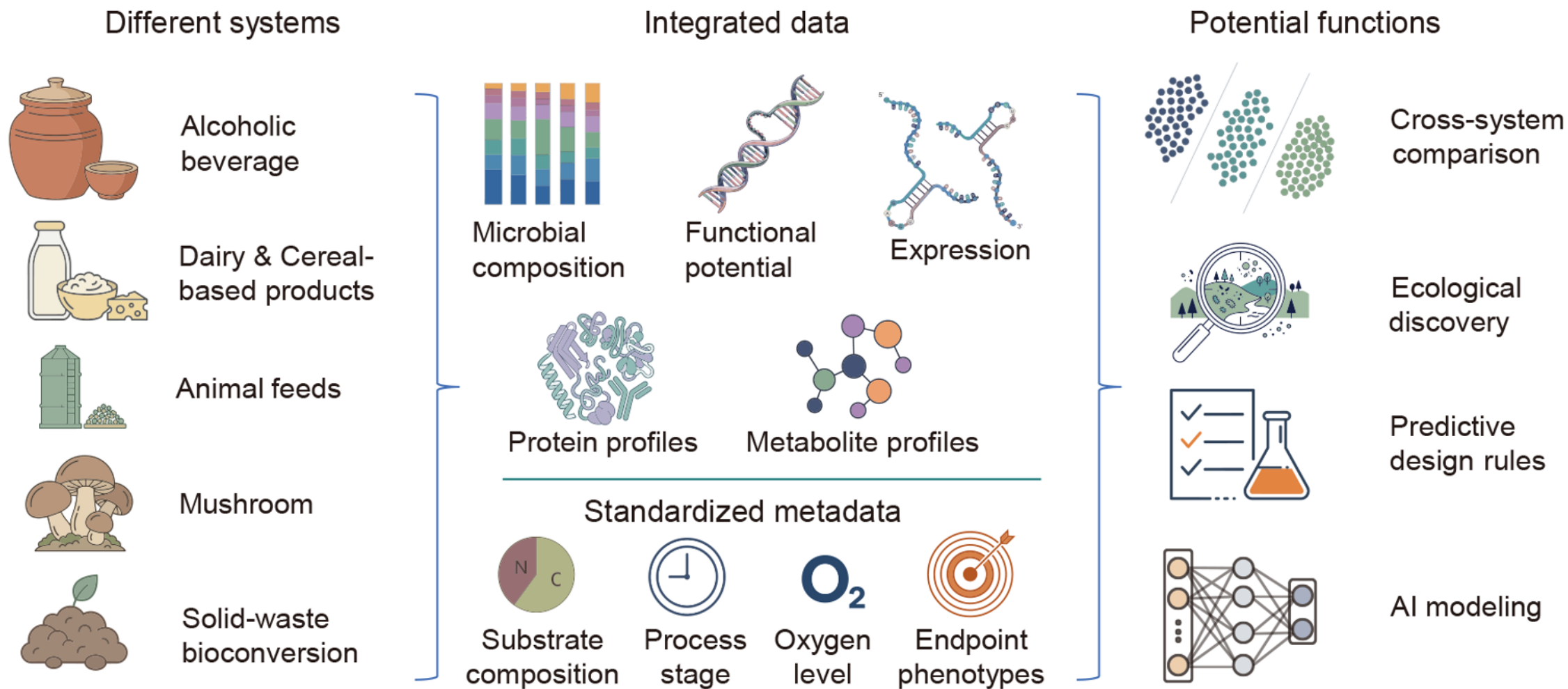


图2A. 从碎片化组学数据到可复用发酵知识的整合



面向发酵微生物组的多层级人工智能框架

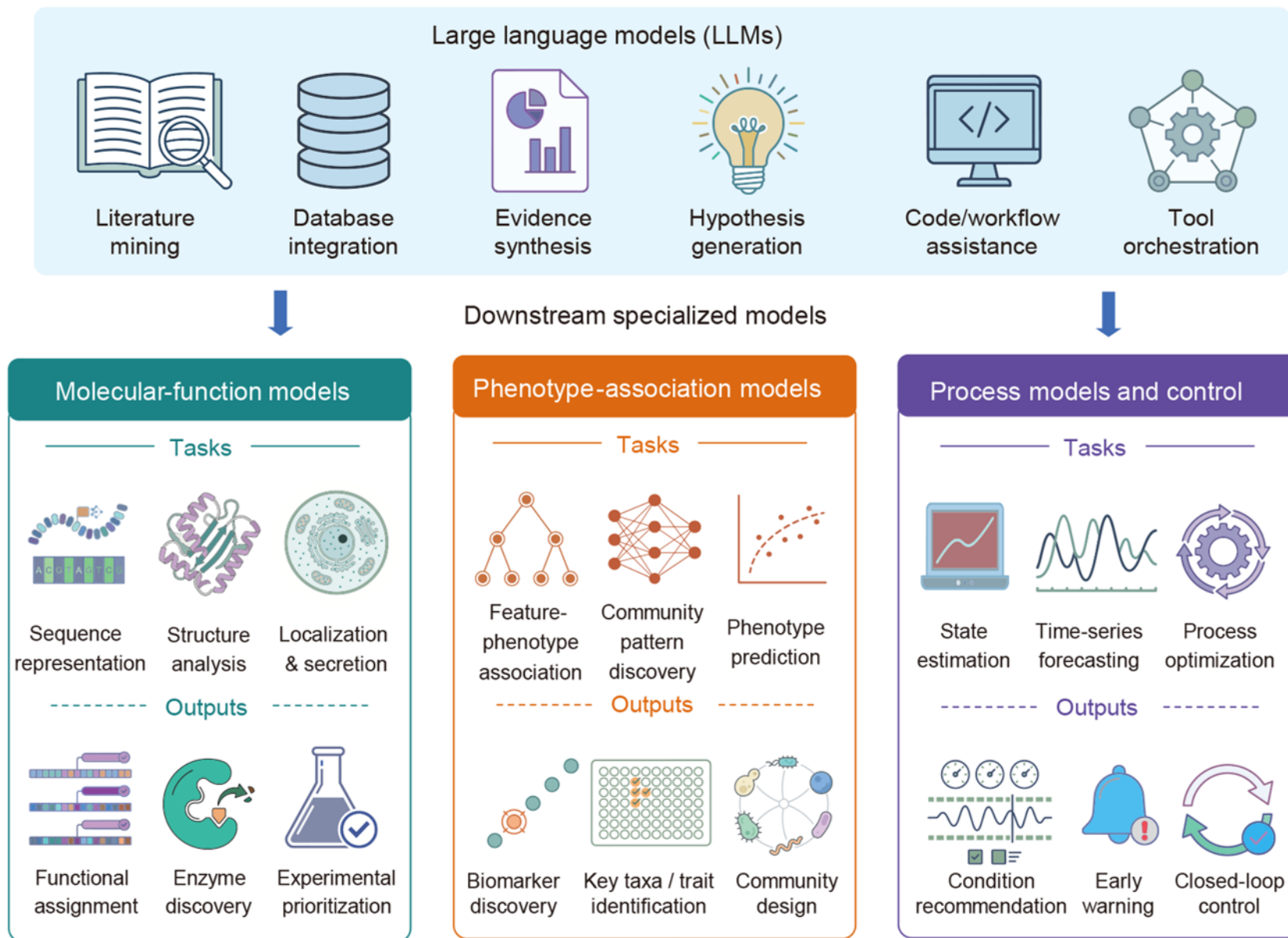


图2B. 大语言模型加速下游专业模型开发与协同应用的人工智能框架



总结

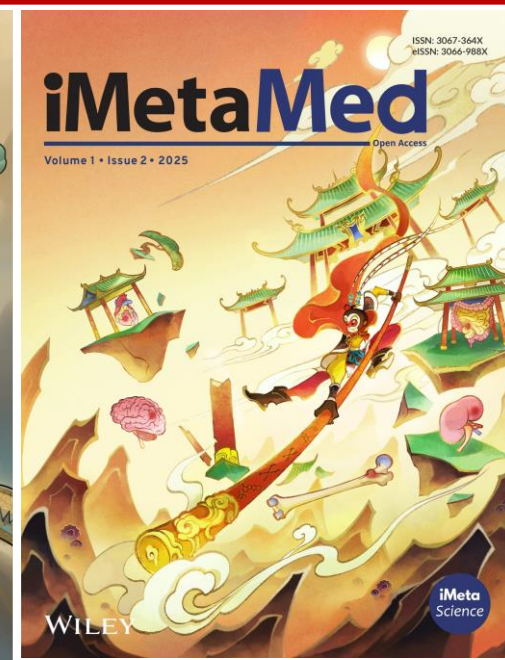
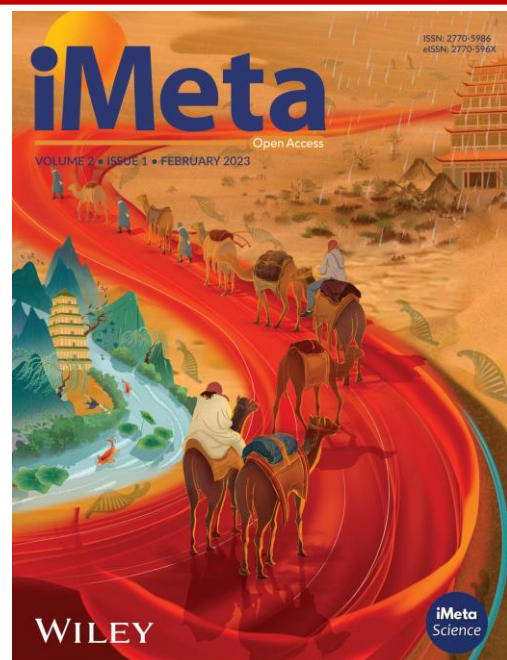
- ▣ 空间异质性是高固含量发酵区别于液体发酵的核心特征，也是限制过程优化与规模放大的关键因素，需要由传统传递限制思维转向生态位设计。
- ▣ 跨研究、跨发酵体系的数据整合，将推动发酵微生物组研究由海量组学数据积累迈向可复用知识构建和规律发现。
- ▣ 以大语言模型为核心、多层级人工智能协同的研究框架，将加速发酵微生物组的因果解析、预测设计与智能生物制造。

Dongze Niu, Huili Pang, Xuekai Wang, Liang Song, Jing Zhang, Ansah Terry, Junfeng Li, et al. 2026. Beyond omics: From descriptive profiling to causal and scalable design of fermentation microbiomes. *iMeta* 5: e70161.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70161>

iMeta(宏): 生物和医学顶级成果发表平台

iMeta WILEY



iMeta(宏)期刊由宏科学创办, 对标**Cell**的生物/医学综合期刊, **SCIE**、**PubMed**收录, 影响因子(IF)44.4, 位列全球第47, 中国第4, **分区表生物学1区Top**, 外审平均21天, 投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍), 欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿, CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学), 定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊, 已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2026/6/17