

编 号：	2710024111500004	专题编号：	20270202
广东省技术领域：	粮油及其他作物(水稻、甘薯、花生等)	专题名称：	合成生物学育种技术创新与新品种创制

广东省重点领域研发计划项目 申报书

项目名称：	农业功能微生物新种质合成生物学创制与高值化应用		
专项资金类别：	重点领域研发计划		
业务类型：	生物育种		
牵头承担单位一：	深圳华大万物科技有限公司		
项目负责人一：	王孝林		
项目联系人：	陈宏运	联系电话：	13632437083
联系人电子邮箱：	chenhongyun@genomics.cn		
推荐单位：	深圳市科技创新局		
申报日期：	2026年 08月 21日		



(广东科技微信公众号)

广东省科学技术厅
二〇一九年制



(受理纸质材料二维码)

填写说明

一、本申报书通过“广东省科技业务管理阳光政务平台”（以下简称阳光平台）在线填写、报送，不需要线下提交纸质材料。

二、关于“牵头承担单位及项目负责人”的情况说明：
只有一个牵头承担单位的，只填写“牵头承担单位一”；原则上，只有省外单位作为“牵头承担单位一”时，才允许填写“牵头承担单位二”；一个牵头承担单位对应填写一个项目负责人，原则上项目负责人应该来自对应的牵头承担单位；特殊情况下，允许项目负责人为非牵头单位人员。

三、申报书中的单位名称，请按规范全称填写，并与单位公章一致。

四、项目名称是指所申请项目的全称，只能由中文、英文字符组成，不超过50中文字。

五、涉密项目请在“广东省科技业务管理阳光政务平台”下载申报书的电子版模板，按保密要求离线填写、报送。

六、项目的起点时间不得早于项目申报时间（以申报书提交业务系统之日为准），不得迟于项目立项文件下达之日。

七、本申报书中凡是无需填写的内容，应在空白处划“/”，或用“无”表示。

八、申报书内容须按照项目申报书据实填写，要遵循实事求是原则，无需凑够字数。

项目基本信息表

项目名称	农业功能微生物新种质合成生物学创制与高值化应用			
专项名称	生物育种			
课题研究方向	方向1：农业功能微生物新种质选育与高值化应用			
专题名称	20270202—合成生物学育种技术创新与新品种创制	单位总数	4	
经费预算	总投入 2680.00 万元，其中省级财政科技资金投入 800.00 万元			
项目周期节点	起始时间	2027年 01月 01日	结束时间	2029年 12月 31日
	实施周期	共 35 个月	预计中期时间点	2028年 07月 01日
项目牵头承担单位一	单位名称	深圳华大万物科技有限公司	单位性质	有限责任公司
	单位所在地	广东省-深圳市-盐田区	统一社会信用代码	91440300MA5H2E430T
	通信地址	梅沙街道滨海社区云华路9号华大时空中心B栋901	邮政编码	518083
	银行账号	775775344008	法定代表人姓名	刘欢
	单位开户名称	深圳华大万物科技有限公司		
	开户银行（全称）	中国银行股份有限公司深圳金港支行		

项目负责人一	姓名	王孝林	性别	男	出生日期	1989-10-14
	证件类型	身份证	证件号码	362322198910143911		
	所在单位	深圳华大万物科技有限公司				
	最高学位	博士				
	职称	教授	职务	无		
	电子邮箱	xlwang@scau.edu.cn		移动电话	13564204710	
项目联系人	姓名	陈宏运	电子邮箱	chenhongyun@genomics.cn		
	固定电话	0755-36307846	移动电话	13632437083		
	证件类型	身份证	证件号码	422326198411061913		
项目财务负责人	姓名	魏胜云	电子邮箱	weishengyun@genomics.cn		
	固定电话	13578264350	移动电话	13578264350		
	证件类型	身份证	证件号码	430624198212168711		
其他参与单位						
序号	单位名称	单位性质		统一社会信用代码		
1	中山大学	高等院校		121000004558631445		
2	清华大学深圳国际研究生院	高等院校		12440300455752807L		
3	南京农业大学	高等院校		12100000466007562R		
项目参加人数 15 人。其中		高级职称 10 人，中级职称 2 人，初级职称 0 人，其他 3 人； 博士学位 12 人，硕士学位 2 人，学士学位 1 人，其他 0 人。				

一、项目验收指标

(一) 技术及成果指标				
1. 核心考核指标				
序号	成果名称	成果类型	验收指标	评测方式/方法
1	农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建	新理论, 新原理, 新方法	获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞3株以上。	技术报告或相关论文
2	高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制	新理论, 新原理, 新方法	在底盘细胞基础上, 构建具有明确功能提升的微生物新种质5个以上, 每个新种质须明确标注功能提升的具体类型和量化幅度。	技术报告或相关论文
3	农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产	新产品, 新技术	针对封闭发酵工艺, 实现3种以上由新种质产生的目标功能产物的发酵水平达到国际领先, 其中至少1种小分子目标产物的发酵产量达到100g/L以上, 至少1种大分子目标产物的发酵产量达到10g/L以上, 至少1种目标产物完成产业化应用; 形成3个以上新种质中试发酵的稳定性发酵工艺参数包, 建立1条用于目标功能产物生产的发酵规模 ≥ 2000 升的中试生产线。	技术报告; 技术参数或技术规程; 专家现场考察
4	农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估	新技术, 应用解决方案	建立农业种植类应用示范基地2个以上, 累计示范应用面积1000亩以上。	专家现场考察; 示范应用证明
2. 高水平知识产权指标				
序号	内容	类型	结题时状态	拟解决关键问题
1	农业微生物底盘细胞的基因组编辑系统及其构建方法	国内发明专利	受理	填补国内技术空白
2	提高微生物发酵生产目标产物产量的方法、重组微生物菌株及其应用	国内发明专利	受理	填补国内技术空白
3	农业功能微生物的高密度发酵调控方法及关键工艺参数	国内发明专利	受理	填补国内技术空白
对以上项目成果属于高质量知识产权的相关说明				

项目围绕农业功能微生物的基因编辑工具开发、菌株种质创制和发酵工艺放大三个核心环节，系统布局了三件国内发明专利申请，形成了从“基因操作工具”到“高产菌株构建”再到“产业化工艺”的完整知识产权保护链。专利1“农业微生物底盘细胞的基因组编辑系统及其构建方法”对应核心考核指标1，解决了农业微生物遗传操作效率低的共性难题，直接支撑了3株以上底盘细胞的成功构建；专利2“提高微生物发酵生产目标产物产量的方法、重组微生物菌株及其应用”对应核心考核指标2，覆盖了5个以上新种质的构建，其方法、菌株和应用多主题并行撰写，保护范围全面；专利3“农业功能微生物的高密度发酵调控方法及关键工艺参数”对应核心考核指标3，直接支撑了小分子产物达到100 g/L以上、大分子产物达到10 g/L以上的国际领先发酵水平。拟申请专利均以“填补国内技术空白”为目标，实施转化潜力明确、市场价值切实。综上，本项目围绕“编辑工具—菌株种质—发酵工艺”全链条布局的发明专利，技术方案具备创造性、保护范围合理、产业验证充分，属于高质量知识产权成果。

3. 技术创新就绪水平

当前技术创新就绪水平	中期评估时技术创新就绪水平	项目完成时技术创新就绪水平
4级	6级	8级

对项目实施后技术创新就绪水平提升情况的相关说明

项目启动时，四项关键技术/成果中底盘细胞构建与遗传操作、功能元件挖掘与新种质创制、产品应用与生态安全评价均处于技术创新就绪度4级，发酵工艺开发与产业化生产处于5级：已完成底盘菌株定向筛选体系、菌株资源库和四维评价方法构建，完成功能元件多样性解析、候选酶评价和底盘菌株关键功能实验室验证，完成摇瓶—小试—50 L验证发酵工艺开发，并具有较为成熟的产品应用技术体系与示范推广经验。按照项目实施进度，第一年度重点完成底盘菌株基因组解析、遗传操作工具与元件设计流程构建，获得底盘细胞2株以上、新种质2个以上，推动关键技术由4级向5—6级提升。中期评估时（2028年7月），累计获得底盘细胞3株以上、新种质5个以上，实现3种以上目标产物发酵水平国际领先（其中至少1种小分子目标产物发酵产量达100 g/L以上、至少1种大分子目标产物发酵产量达10 g/L以上），形成1个以上中试发酵工艺参数包并建立种植类示范基地1个以上，关键技术模块完成中试验证并进入实际场景应用，技术创新就绪度综合达到6级。项目完成时（2029年），累计完成3个以上新种质中试发酵的稳定性发酵工艺参数包并建成1条发酵规模≥2000 L的生产线，3种以上目标产物完成发酵放大与产业化应用验证，建成农业种植类示范基地2个以上、累计示范应用面积1000亩以上，形成生态安全评价报告和水稻—大豆轮作体系农业功能微生物产品应用技术规程，各项技术在真实使用环境中完成验证并获用户认可，技术创新就绪度综合达到8级，其中底盘构建、元件与种质创制、发酵产业化、应用示范分别达到7级、7级、8级和8级，整体由实验室原理验证阶段提升至实际环境验证与产业化应用阶段。

4. 科技报告考核指标

序号	报告类型	提交时间	公开类别及时限
1	中期进展报告	2028-07	延期5年公开
2	年度技术报告	2027-12	延期5年公开
3	年度技术报告	2028-12	延期5年公开
4	年度技术报告	2029-12	延期5年公开
5	最终科技报告	2029-12	延期5年公开

5. 参考指标

无。

项目负责人（签章）：

年 月 日

(二) 项目经济指标及社会效益

累计新增销售收入（万元，截至项目验收结题）	1000.00
累计新增利税（万元，截至项目验收结题）	100.00

(三) 项目其他经济指标及社会效益说明，包括攻克核心关键技术、“卡脖子”技术等内容

项目聚焦农业微生物领域源头创新，重点攻克底盘细胞高效遗传改造、功能基因元件模块化重构等核心关键技术，建立农业功能微生物新种质的快速创制与定向进化平台。通过自主设计、重构具有自主知识产权的生物防治、土壤改良及植物促生功能元件，打破国外在该领域底盘细胞专利壁垒和菌种资源垄断，实现农业微生物核心种质的自主可控，为我省乃至国家农业微生物产业的战略安全提供技术保障。

项目将推动高效、安全的新型农业微生物制品的创制与应用，目标功能成分的产业化生产将有效支撑生物农药、微生物肥料等绿色投入品的升级换代，显著降低化学农药和化肥的使用强度，减轻农业面源污染，改善土壤微生态环境，提升耕地质量和农产品品质。通过在我省典型农业场景下的应用示范验证，将加速科技成果向田间地头的转化，助力我省农业实现“减量增效、生态安全、品质提升”的高质量发展目标。

(四) 阶段性成果评价					
序号	指标名称	立项时已有指标值/状态	中期指标值/状态	完成时指标值/状态	评估方式(方法)及评价手段
1	获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞3株以上。	有部分前期基础	获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞3株以上。	获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞3株以上。	技术报告或相关论文
2	在底盘细胞基础上, 构建具有明确功能提升的微生物新种质5个以上, 每个新种质须明确标注功能提升的具体类型和量化幅度。	有部分前期基础	在底盘细胞基础上, 构建具有明确功能提升的微生物新种质5个以上, 每个新种质须明确标注功能提升的具体类型和量化幅度。	在底盘细胞基础上, 构建具有明确功能提升的微生物新种质5个以上, 每个新种质须明确标注功能提升的具体类型和量化幅度。	技术报告或相关论文
3	实现3种以上目标产物的发酵水平达到国际领先, 其中至少1种小分子目标产物的发酵产量达到100 g/L以上, 至少1种大分子目标产物的发酵产量达到10 g/L以上, 至少1种目标产物完成产业化应用; 形成3个以上新种质中试发酵的稳定性发酵工艺参数包, 建立1条发酵规模 ≥ 2000 升的生产线。	有部分前期基础	实现3种以上目标产物的发酵水平达到国际领先, 其中至少1种小分子目标产物的发酵产量达到100 g/L以上, 至少1种大分子目标产物的发酵产量达到10 g/L以上, 至少1种目标产物完成产业化应用; 形成1个以上新种质中试发酵的稳定性发酵工艺参数包。	实现3种以上目标产物的发酵水平达到国际领先, 其中至少1种小分子目标产物的发酵产量达到100 g/L以上, 至少1种大分子目标产物的发酵产量达到10 g/L以上, 至少1种目标产物完成产业化应用; 形成3个以上新种质中试发酵的稳定性发酵工艺参数包, 建立1条发酵规模 ≥ 2000 升的生产线。	技术报告; 技术参数或技术规程; 专家现场考察
4	建立农业种植类应用示范基地2个以上, 累计示范应用面积1000亩以上。	有部分前期基础	建立农业种植类应用示范基地1个以上。	建立农业种植类应用示范基地2个以上, 累计示范应用面积1000亩以上。	专家现场考察; 示范应用证明

二、项目研究内容

（一）立项的背景和意义

当前我国农业仍面临化肥农药过量施用、水肥利用效率偏低、耕地质量下降和农业面源污染等突出问题。在“双碳”目标和农业绿色转型背景下，实现作物稳产增产、耕地质量提升与生态环境保护协同发展已成为农业科技创新的重要任务。农业功能微生物可通过解磷促生、生物固氮、病害绿色防控、根际调控和土壤改良等途径减少化学投入，但现有产品多依赖天然菌株筛选，存在种质资源不足、功能效能和环境适应性不强、遗传背景与调控机制不清、发酵放大及田间应用稳定性不足等瓶颈。

合成生物学为农业功能微生物由经验筛选向理性设计和定向创制转变提供了关键技术路径。T6P、植物激素、植酸酶、脂肽类抗生素及生物固氮菌等具有重要农业应用价值，但仍存在产率低、菌株效能不足和规模化制造能力弱等问题。

本项目面向广东水稻—大豆水旱轮作体系，围绕底盘构建、功能元件组装、新种质创制、发酵放大与田间示范开展全链条研究，创制自主可控农业微生物新种质，突破高价值农业功能成分生物制造关键技术，形成减肥增效、耕地提质和作物稳产应用模式，为农业绿色投入品升级和生物制造产业高质量发展提供技术支撑。

(二) 项目拟解决的关键问题

本项目面向广东省水稻—大豆水旱轮作体系中酸性低磷、稻田磷素固定、大豆结瘤固氮效率不稳定、长期稻作根际胁迫物质积累及病害绿色防控等突出问题，围绕指南“农业功能微生物新种质选育与高值化应用”要求，拟解决农业功能微生物从底盘细胞构建、功能元件设计、新种质创制、发酵产业化到田间应用与生态安全评价中的关键问题。

1. 解决农业功能微生物底盘细胞缺乏、遗传背景不清和工程改造能力不足的问题。

目前农业功能微生物多停留在天然菌株筛选和经验应用阶段，存在分类地位不清、功能遗传基础不明、遗传操作体系薄弱和工程改造适配性不足等问题，难以支撑合成生物学定向育种。本项目拟围绕水稻—大豆轮作需求，构建以芽孢杆菌*Bacillus amyloliquefaciens* BBB14、慢生根瘤菌*Bradyrhizobium elkanii* LFS09、噬几丁质菌*Chitinophaga polysaccharaea* BAG08、鞘氨醇菌*Sphingobium yanoikuyae* BK54、毛双孢菌*Lasiodiplodia pseudotheobromae* LpJA01和泛菌*Pantoea anthophila* B5为代表的解磷抗病、共生固氮、生物刺激和根际调控底盘矩阵，明确其基因组特征、功能性状、目标产物合成潜力和安全边界；重点突破BBB14和LFS09基因组编辑、稳定整合、无抗标记改造、共生诱导表达和根瘤内表达调控等技术瓶颈，形成可编辑、可评价、可产业化的农业功能微生物底盘细胞。

2. 解决高价值农业功能成分合成元件不足、调控机制不清和新种质功能提升不可控的问题。

农业微生物促生、固氮、解磷和抗病功能通常由多基因、多通路协同决定，传统筛选或单基因改造难以实现稳定、可量化的功能提升。本项目拟依托底盘菌株基因组和团队前期发起的千种植物微生物组计划（1KPM）根际微生物组资源，挖掘T6P/植物激素等生物刺激素、结瘤固氮体系、植酸酶及有机磷矿化、吡咯喹啉醌葡萄糖脱氢酶（PQQ-GDH）解磷、iturin/surfactin脂肽抗生素等功能元件和调控模块；结合AI辅助设计、启动子/核糖体结合位点（RBS）梯度调控、分泌信号肽优化、多基因协同表达和安全位点整合，构建标准化功能元件库。通过底盘适配性验证和理性设计，创制BBB14-P、BBB14-B、LFS09-N、BAG08-R和BK54-C等不少于5个功能提升明确、遗传稳定的新种质。

3. 解决工程新种质和目标功能成分发酵放大不稳定、产业化生产工艺缺乏的问题。

农业功能微生物产品常存在实验室功能显著但放大生产后活性下降、批次稳定性差、功能成分质控不足和生产成本偏高等问题。本项目拟围绕核心新种质建立从摇瓶、小试、50 L验证、500 L中试到2000 L级生产线的逐级放大发酵体系，系统优化低成本培养基、pH、溶氧、通气、搅拌、补料和发酵终点等关键参数，重点解决BBB14高芽孢率与植酸酶、iturin/surfactin合成协同提升，LFS09高活菌数与结瘤固氮活性保持，BAG08 T6P相关代谢物和生物刺激活性稳定积累，BK54芳香族胁迫物质降解功能保持等问题。通过分罐发酵后复配和质量控制体系建设，形成3个以上新种质中试稳定发酵工艺参数包和可产业化转化的产品体系。

4. 解决田间应用效果不稳定、功能作用难追踪和轮作配套模式不清的问题。

农业微生物产品田间效果易受土壤酸度、养分状态、水旱交替、土著微生物竞争、作物品种和施用方式等影响，导致功能发挥不稳定、增效机制不清。本项目拟在广东典型酸性低磷稻田、冬种大豆区和水旱轮作区开展连续田间评价，系统验证工程新种质、目标功能成分及其合生元产品在水稻季解磷促生、病害防控，大豆季结瘤固氮、氮磷协同吸收，以及周年轮作减肥增效、地力提升中的作用。重点追踪植酸酶、T6P等生物刺激素、固氮酶活性、iturin/surfactin和芳香族胁迫物质降解等功能指标，明确农用微生物菌剂及其功能制剂的最佳组合、施用时期和技术模式，建立2个以上示范基地和1000亩以上累计示范应用体系。

5. 解决工程化农业微生物生态安全评价和风险管控不足的问题。

工程化农业微生物田间应用必须明确其遗传稳定性、环境持留、功能模块稳定性、非靶标影响和水平基因转移风险。本项目区分两类情形进行差异化评估：转基因新种质（带“-”菌株）仅用于发酵罐内生产功能活性成分，活菌体不进入开放环境，需在封闭条件下系统评估其环境行为与生态安全；目标功能产品（发酵产物）施入大田，需评估功能活性成分的环境归趋与残留DNA水平基因转移风险。该项工作具有重要的前沿战略意义。本项目拟利用菌株特异性标记、qPCR、可培养计数、扩增子测序、宏基因组和代谢物检测，动态监测工程菌株在根际、根瘤、土壤和水体中的定殖、扩散、持留与消退规律，评价功能模块完整性、目标成分产生稳定性、抗性标记残留、可移动遗传元件和抗性基因谱变化，建立农业功能微生物新种质生态安全评价指标体系，为我国制定相关评价标准和政策提供首份系统性科学依据，为产品登记、产业化推广和风险管理提供支撑。

综上，本项目拟系统突破农业功能微生物“底盘不清、元件不足、改造不可控、发酵不稳定、田间效果难验证和生态安全评价不完善”等瓶颈，形成面向广东水稻—大豆轮作体系的新种质创制、目标产物生产和绿色高效应用技术体系。

(三) 项目的主要研究内容

(1) 农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建

面向广东水稻—大豆轮作体系中酸性低磷、磷素固定、结瘤不稳、根际胁迫及病害防控需求,构建农业功能微生物底盘细胞资源与遗传操作平台。针对促生、生防、土壤改良和高值成分合成等应用,整合多组学数据,挖掘具高效底物利用、产物合成、逆境耐受及定殖能力的候选菌株,建立评价指标与筛选模型,获得性能明确、安全的优势底盘。以*Bacillus amyloliquefaciens* BBB14为核心解磷抗病底盘,评价其在酸性、低磷、干湿交替及病原胁迫下的生长稳定性、植酸酶/酸性磷酸酶活性、有机酸、铁载体、水解酶、定殖及拮抗能力;通过全基因组测序,解析植酸酶、PQQ-GDH、磷转运、 β -1,3-葡聚糖酶、蛋白酶及iturin/surfactin/fengycin合成基因簇,明确解磷和生防遗传基础。

以*Bradyrhizobium elkanii* LFS09为固氮底盘,评价其与广东大豆品种的结瘤适配性、根瘤形成、固氮酶活性、耐酸及竞争定殖;解析nif/nod/fix、低氧呼吸、固氮酶保护、胞外多糖、黄酮响应及宿主识别基因。以*Chitinophaga polysaccharaea* BAG08、*Lasiodiplodia pseudotheobromae* LpJA01、*Pantoea anthophila* B5为生物刺激底盘,评价促根活性、胞外多糖、挥发性物质及T6P/细胞分裂素/茉莉酸代谢,解析相关信号互作及抗逆基因。以*Sphingobium yanoikuyae* BK54为环境调控底盘,评价其对苯甲酸、阿魏酸、对羟基苯甲酸等芳香族胁迫物质的降解能力,解析降解、转运、趋化及抗逆通路。

建立“遗传稳定性—基础功能—功能成分遗传基础—工程适配性”四维评价体系,形成T6P、固氮酶、植酸酶及脂肽检测方法。优先构建BBB14、LFS09、LpJA01及B5的遗传操作系统:BBB14建立电转化、接合转移、CRISPR/Cas编辑、多位点整合、无抗/无质粒编辑及启动子/RBS/终止子/信号肽/安全整合位点工具箱;LFS09建立接合转移、稳定整合、共生诱导表达、根瘤内调控及标记追踪体系。最终获得不少于3株、优选4株分类明确、遗传稳定、性能清楚、可工程改造的底盘细胞。

(2) 高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制

依托BBB14、LFS09、BAG08、BK54、LpJA01等底盘及千种植物微生物组、广东省水稻/大豆根际微生物组和全球宏基因组数据,建立基于大语言模型和计算结构生物学的功能基因挖掘体系。面向促生、固氮、解磷、抗病及根际适应需求,解析高价值成分合成所需的关键基因、酶、调控元件及代谢模块,构建标准化元件库。针对不同途径,建立Pfam-HMM模型,对超83万个MAGs进行靶向检索;结合共线性、邻近关系及通路完整性,筛选完整功能组合的候选基因簇。针对远缘新颖基因,引入ESM-2提取蛋白隐空间特征,与已知酶比较筛选新颖候选酶。进一步进行结构预测、分子对接及动力学模拟,从序列新颖性、结构质量、亲和力和稳定性排序,获得高潜力元件,为后续设计提供基础。

开展代谢网络重构与设计。通过启动子/RBS梯度调控、多基因协同表达及安全位点整合,围绕解磷、抗病、固氮、生物刺激和环境调控,定向创制不少于5个功能增强型新种质,并经连续传代评价遗传稳定性。运用多组学、基因组挖掘和AI预测,解析合成与调控机制,挖掘关键酶、转运蛋白、调控因子及启动子:围绕生物刺激,挖掘BAG08、LpJA01中otsA/otsB/treS/treY/treZ等T6P/茉莉酸/细胞分裂素代谢基因及碳氮代谢、根系发育和抗逆调控元件;围绕固氮,挖掘LFS09中nifHDK/nifENB/nifUSVW/fixABCX/fixNOQP/nod/nol/noe、胞外多糖、黄酮响应及宿主识别元件;围绕磷素活化,挖掘BBB14中植酸酶、酸性磷酸酶、PQQ-GDH、有机酸合成及pho/Pst系统;围绕抗病,挖掘iturin/surfactin/fengycin基因簇及调控因子,联合水解酶、铁载体和生物膜元件构建生防模块。

对候选元件进行AI辅助预测及理性设计,利用AlphaFold、ProteinMPNN、分子对接和机器学习评价结构稳定性、酸性适应性、底物结合、分泌及催化效率,通过定向进化及设计提升活性、特异性和底盘适配性;开展模块化组装、代谢流重定向、辅因子平衡和区室化调控,构建人工合成通路,通过基因合成、异源表达、启动子/RBS调控、信号肽优化、安全整合及多酶自组装技术,建立元件标准化表征体系,检测T6P积累、植酸酶活性、有效磷释放、固氮酶活性、结瘤效率、脂肽产量及病原抑制率。

创制策略:以BBB14为底盘,构建解磷增强模块和抗病增强模块,创制BBB14-P和BBB14-B;以LFS09为底盘,优化nif/fix/nod、低氧保护、电子传递、能量供给及宿主识别,创制LFS09-N;以BAG08为底盘,强化T6P、胞外多糖及促根物质,创制BAG08-R;以BK54为底盘,强化芳香族降解、转运及趋化定殖,创制BK54-C。通过启动子梯度、RBS、拷贝数优化、动态调控及无抗编辑,创制不少于5个功能提升明确、遗传稳定的新种质,并明确相对出发底盘的提升指标与幅度。

(3) 农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产

承接前两部分获得的底盘及新种质,建立低成本、高密度、功能成分稳定积累和遗传性状保持的发酵放大与制剂化工艺。围绕BBB14-P/BBB14-B、LFS09-N、BAG08-R、BK54-C及其复合菌剂,开发高活菌数生产、功能成分定向发酵、复配稳定性控制及质量标准,形成不少于3个新种质中试发酵工艺参数包,建设或依托1条2000 L级以上生产线,完成3种以上目标产物的发酵放大与产业化验证,实现发酵水平国际领先,其中至少1种小分子产物 ≥ 100 g/L,至少1种大分子产物 ≥ 10 g/L,至少1种完成产业化应用。

建立摇瓶、小试、50 L、500 L及2000 L级放大评价体系。BBB14-P/BBB14-B优化高活菌数、芽孢率、植

酸酶/酸性磷酸酶分泌、有效磷释放及脂肽合成，活菌数 $\geq 1 \times 10^{10}$ CFU/mL、芽孢率 $\geq 80\%$ ；LFS09-N优化高活菌数、结瘤活性、耐酸性、共生信号及种子接种活性，活菌数 $\geq 1 \times 10^9$ CFU/mL；BAG08-R优化T6P代谢物、胞外多糖及促根物质；BK54-C保持降解酶活及根际适应能力。

利用糖蜜、米糠、麸皮、玉米浆、豆粕、淀粉副产物等低成本原料，构建适配培养基。系统优化温度、pH、溶氧、通气、搅拌、接种量、补料、周期及终点，建立放大中氧传递、剪切、泡沫、补料节律及批次差异控制方法。面向水稻季和大豆季，优先采用分罐发酵后复配，研究菌株比例保持、存活稳定性、代谢互作、拮抗风险及成分相容性。

开发液体菌剂、可湿性粉剂、颗粒剂、种子包衣剂及育秧基质添加剂，建立覆盖菌体和功能成分的质量体系，指标包括活菌数、芽孢率、菌株比例、杂菌率、水分、pH、遗传稳定性、货架期、植酸酶活性、有效磷释放、结瘤活性、T6P水平、脂肽含量、促根活性及病原抑制活性，为田间示范和产业化提供稳定产品。

（4）农业功能微生物新种质及目标产物在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估
本项目建立双轨评估体系：①转基因新种质在封闭设施内评估环境行为与生态安全；②目标产物在开放大田评估应用效果与产品安全性。该体系属开创性工作，将为我国相关政策制定提供关键科学依据。

转基因新种质封闭评估方面，在华大建设封闭田间小区（1.5 m深水泥隔断，全封闭），结合盆栽试验，对BBB14-P、BBB14-B、BAG08-R、BK54-C、LFS09-N等开展系统评估。采用菌株特异性引物qPCR定量监测新种质在根际和土壤中的定殖、扩散、持留与消退；评价功能模块完整性、目标成分（植酸酶、脂肽、T6P代谢物、降解酶等）产生稳定性及抗性标记残留和可移动元件变化；利用16S rRNA/ITS扩增子及宏基因组测序分析对土壤微生物群落结构、多样性及功能基因丰度的非靶标影响，评估水平基因转移风险。本评估具有重大前沿战略价值：转基因农业微生物环境释放安全性评价是全球热点，系统性框架国际尚属空白；我国法规主要针对转基因植物，缺乏微生物标准；本项目数据将为我国制定相关技术标准和国家政策提供首份系统性科学依据，为“科学评估、依法管理基础上推进转基因新品种产业化”提供决策支撑。

目标产物方面，围绕广东水稻—大豆轮作制度，选择酸性低磷稻田、冬种大豆区及轮作示范区，建立早稻—晚稻—冬大豆、单季稻—鲜食大豆、稻—豆轮作、低磷障碍及化肥农药减量等应用场景。设置常规施肥、减氮减磷、不接菌对照、单功能产物（植酸酶/磷活化产物、胞外多糖/促根产物、降解产物、固氮产物等）、复合产物及配合非转基因菌株联合施用等处理，形成小区试验、核心示范和连片示范，建立2个以上示范基地，累计示范1000亩以上。水稻季重点评价产物对有效磷活化、植酸酶活性、脂肽动态及病害防控的贡献，以等量灭活产物为对照；大豆季重点评价对结瘤固氮、磷吸收和促根的贡献。以周年轮作综合评价产量、减肥减药、土壤地力和经济效益。利用功能成分特异性标记（植酸酶活性、脂肽抗体检测、特征代谢物UPLC-MS/MS追踪）动态评估活性成分在土壤中的持留与降解，结合扩增子测序、宏基因组和代谢组学评估对土壤微生态的影响。围绕功能成分环境归趋、残留DNA水平基因转移风险、非靶标影响（土壤微生物、蚯蚓、跳虫）和环境持留建立生态安全评价体系。将数据输入gMEND土壤碳库模型耦合碳氮周转酶丰度，推演长期施用对土壤呼吸、碳固存及氮循环的长期效应；利用层次分析法构建生态安全风险指数（Risk Index）定量模型，综合判定安全边界，形成产品施用技术规程、安全评价报告及可复制推广的应用模式。

(四) 项目采取的研究方法及技术路线

608142989163

本项目以广东水稻—大豆水旱轮作体系重大生产需求为牵引，采用“资源筛选—底盘构建—元件设计—新种质创制—发酵放大—田间验证—生态安全评价”总体技术路线，融合微生物组学、合成生物学、发酵工程、田间农学评价和生态风险评估等方法，系统开展农业功能微生物新种质创制与高值化应用研究。实施路径分为四个阶段。

（1）底盘细胞筛选与遗传操作体系构建

以BBB14、LFS09、BAG08和BK54等为候选底盘，采用形态学、生理生化、全基因组测序、系统发育分析和功能基因注释，明确菌株分类地位、遗传背景和安全边界。通过酸性低磷、淹水—落干、病原胁迫、根际定殖、结瘤固氮、芳香族胁迫物质降解等表型评价，建立“遗传稳定性—农业基础功能—目标功能成分—工程改造适配性”四维筛选体系。针对BBB14和LFS09，建立电转化、接合转移、CRISPR/Cas编辑、多位点整合、无抗标记编辑、共生诱导表达和菌株标记追踪等遗传操作平台，为工程改造提供底盘支撑。

（2）功能元件挖掘、理性设计与新种质创制

针对促生、固氮、解磷、抗病和根际适应目标，从已报道功能基因中筛选高可信参考序列，进行去冗余、多序列比对和保守结构域分析，基于Pfam确定保守结构域及功能基序，利用HMMER建立检索模型，对宏基因组蛋白序列进行敏感性搜索，根据E-value、覆盖度、结构域完整性及关键保守位点初步筛选候选蛋白。结合基因邻近关系、共线性及KEGG注释分析代谢通路完整性，依据关键反应覆盖程度及基因共现情况综合判定候选基因簇。对低相似度候选蛋白，采用ESM-2提取嵌入特征，以已知酶为参考，通过特征空间距离和阈值校准评估潜在功能，结合序列相似性筛选高潜力候选蛋白。对优先候选蛋白采用ESMFold进行结构预测，根据pLDDT评价结构质量，结合活性口袋及催化残基分析结构合理性；采用AutoDock Vina分子对接，通过结合能及关键相互作用评价底物识别；对较优复合物开展GROMACS动力学模拟，通过RMSD、RMSF、Rg、氢键及自由能景观评价构象稳定性。构建层级评价矩阵，量化排序后精选核心元件，建立标准化农业功能元件库。

针对生物合成途径，利用RDKit分子指纹从KEGG筛选结构类似物，调用RetroRules结合蒙特卡洛树搜索构建逆合成网络，经人工校正保留甲基化、羟基化、还原、异戊烯基化、环化和去甲基化等可行转化，依据中间体是否已报道进行筛选，枚举从底盘前体到目标分子的路线。

依托遗传操作工具，通过启动子与RBS梯度调控、天然相互作用结构域及支架蛋白介导的自组装体系、多片段无痕组装，重构植酸酶分泌、脂肽合成和固氮电子传递等通路；借助CRISPR/Cas将优化模块整合至底盘基因组，经表型验证、靶向代谢物定量和连续传代遗传稳定性评估，确证功能提升，创制功能增强型新种质。

（3）高密度发酵放大与产品制剂化

采用摇瓶、小试、50 L、500 L及2000 L逐级放大，围绕工程新种质高密度培养、遗传稳定性和目标功能成分稳定积累，优化低成本培养基、pH、温度、溶氧、通气、搅拌、补料和发酵终点。围绕不同工程新种质产生的植酸酶、脂肽、T6P相关代谢物、胞外多糖及其他目标功能成分，研究定向发酵、功能成分复配稳定性及质量控制技术。工程新种质菌体作为封闭生产体系中的功能成分生产载体，不作为开放环境田间施用产品；根据水稻—大豆轮作应用需求，开发目标功能产品的液体制剂、可湿性粉剂、颗粒剂、种子包衣制剂和育秧基质添加剂等剂型，并建立覆盖生产菌株活菌数、遗传稳定性及目标功能产品中植酸酶活性、T6P水平、脂肽含量、促根活性、货架期等指标的质量控制体系。

（4）田间应用评价与生态安全评估

在广东典型轮作区开展随机区组田间试验，设置常规施肥、减肥、不接菌、单功能产物、复合产物及配合减肥等处理（≥3重复），按生育期连续取样。水稻季评价产物对有效磷活化、植酸酶活性、脂肽动态及病害防控的贡献，大豆季评价对结瘤固氮、磷吸收和促根的效果，以等量灭活对照扣除基质影响。测定株高、根系、生物量、产量构成、籽粒品质及植株氮磷，计算养分利用率；同步采集根际和非根际土壤，测定pH、有效氮磷、SOC及脲酶、磷酸酶、脱氢酶等活性。

针对转基因新种质，建设封闭田间小区（1.5 m深水泥隔断），采用菌株特异性引物qPCR和选择性培养计数，按时间序列监测工程菌定殖、扩散、持留与消退。针对功能产物，利用植酸酶活性、脂肽抗体检测和UPLC-MS/MS追踪代谢物，评估活性成分持留与降解。

利用16S rRNA和ITS扩增子测序分析细菌和真菌群落多样性及组成，结合宏基因组测序分析功能基因丰度及碳氮磷循环通路；通过宏基因组和qPCR检测抗性基因、移动元件，评估水平基因转移风险。将碳氮周转酶丰度输入gMEND模型，耦合定殖动态推演对土壤呼吸、碳周转和温室气体排放的长期影响。以不接菌为基准，计算多样性、生态功能、病原菌丰度、抗性基因、移动元件及工程菌残留等指标的相对变化率，经无量纲标准化后采用层次分析法构建综合生态安全指数，经敏感性分析验证稳定性，形成产品施用技术规程和生态安全评价报告。总体技术路线从轮作障碍出发，完成底盘筛选、元件挖掘、新种质创制、发酵制剂、田间验证和生态安全评价，形成可复制推广的绿色高效应用模式。

(五) 主要创新点

1. 创新构建面向水稻—大豆轮作体系的农业功能微生物底盘细胞与遗传操作平台

针对当前农业微生物产品普遍存在底盘菌株来源分散、功能单一、遗传背景不清、工程改造能力弱等行业瓶颈，本项目以广东水稻—大豆水旱轮作体系为特定应用场景，创新构建“解磷抗病—共生固氮—生物刺激—根际调控”多功能底盘细胞体系。项目以BBB14、LFS09、BAG08和BK54为核心对象，系统解析其基因组特征、农业功能基础、环境适应性和安全边界，并建立遗传稳定性、农业基础功能、目标功能成分遗传基础和工程改造适配性四维评价方法。进一步优先突破芽孢杆菌和慢生根瘤菌遗传操作难、稳定表达难、无抗标记编辑难等关键技术，构建CRISPR/Cas编辑、多位点安全整合、共生诱导表达和菌株标记追踪体系。该创新具有明确的方法学特征，可形成自主可控的农业微生物底盘资源、遗传操作工具箱和底盘评价标准，为农业微生物从经验筛选走向理性设计提供基础平台。

2. 创新建立AI辅助的农业功能元件挖掘、理性设计与工程新种质创制体系

针对高价值农业功能成分合成效率低、功能元件缺乏标准化、工程新种质与底盘适配性和功能表达稳定性不足等前沿问题，本项目融合根际微生物组资源挖掘、合成生物学和 AI 辅助蛋白设计，建立农业功能元件“发现—预测—设计—装配—表征”的闭环创制体系。项目围绕 T6P 等生物刺激素、nif/fix/nod 共生固氮、植酸酶/PQQ-GDH 解磷、iturin/surfactin 脂肽抗病和芳香族胁迫物质降解等关键功能，构建标准化元件库和功能模块库；利用 AlphaFold、ProteinMPNN、分子对接和机器学习模型，提升关键酶酸性适应性、底物结合能力、分泌潜力和催化效率；通过启动子/RBS 梯度调控、多基因协同表达、安全位点整合和动态调控，创制 BBB14-P、BBB14-B、LFS09-N、BAG08-R、BK54-C 等功能增强型新种质。该创新体现出前沿性和引领性，具备自主知识产权形成基础，可支撑农业功能微生物由天然菌株经验筛选向工程新种质理性设计和目标功能成分定向制造升级。

3. 创新形成“工程新种质—发酵制造—功能产品—双轨评价”一体化应用转化模式

针对农业功能微生物工程新种质发酵放大不稳定、目标功能成分积累和质量控制不足以及工程化农业微生物生态安全评价体系不完善等转化瓶颈，本项目创新建立工程新种质封闭评价与目标功能产品开放田间应用相结合的双轨技术模式。项目采用摇瓶、小试、50 L验证、500 L中试和 2000 L级放大的逐级工艺路线，利用糖蜜、米糠浸提液、麸皮水解液、玉米浆和豆粕水解液等低成本原料，建立适配不同工程新种质和目标功能成分的高密度发酵工艺，强化目标功能成分定向积累、复配稳定性和质量控制。工程新种质在封闭设施内开展定殖、扩散、持留、消退、非靶标影响和水平基因转移等生态安全评价；发酵获得的目标功能产品在广东典型水稻—大豆轮作区开展开放田间应用验证，评价其农业效应、环境归趋和生态安全性。最终形成目标功能产品质量标准、应用技术规程、生态安全评价体系及可复制推广的绿色农业应用模式。

三、项目核心内容介绍

项目整体情况阐述
项目前期已形成农业功能微生物资源、合成生物学技术体系和广东稻田应用基础。项目联合多单位协同攻关，围绕“需求—底盘—设计—创制—发酵—评价—应用”开展研究，创制功能增强型微生物新种质并完成封闭生态安全评价，突破高价值功能成分规模化发酵，形成目标功能产品并开展水稻—大豆轮作田间示范，支撑节肥增效和绿色产业化。
预期标志性成果
预期形成面向水稻—大豆轮作的农业功能微生物新种质创制与高值化应用解决方案：创制功能增强型微生物新种质，构建农业功能元件库和遗传操作平台，突破AI辅助元件设计、多基因模块装配及2000 L级发酵技术，形成目标功能产品；工程新种质在封闭条件下完成生态安全评价，目标功能产品开展千亩级田间示范。
与国外先进技术水平对标情况
申报团队已掌握农业微生物组解析、功能菌筛选、合成生物学改造、AI 辅助元件设计及发酵放大技术。国外在底盘标准化、功能基因模块化和产业化制造方面具有先发优势。本项目拟突破工程新种质创制、高价值功能成分规模化制造及双轨安全评价，形成“工程新种质封闭评价—目标功能产品开放田间应用”的技术路径，提升国际竞争力。

四、项目进度和阶段目标

(一) 项目起止时间: 2027年 01月 01日 至 2029年 12月 31日				
(二) 项目实施进度及阶段主要目标				
开始日期	结束日期	主要工作内容	预期目标	成果形式
2027年 01月 01日	2027年 12月 31日	开展农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建、高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制。	获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞2株以上;在底盘细胞基础上,构建具有明确功能提升的微生物新种质2个以上,每个新种质须明确标注功能提升的具体类型和量化幅度。	新方法/新理论/新原理
2028年 01月 01日	2028年 12月 31日	进一步推进农业功能微生物底盘细胞构建、功能元件挖掘与新种质创制,初步开展目标产物发酵工艺开发及水稻一大豆轮作应用与生态评价。	累计获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞3株以上;累计构建具有明确功能提升的微生物新种质5个以上,每个新种质明确功能提升的具体类型和量化幅度;实现3种以上目标产物发酵水平达到国际领先,其中至少1种小分子目标产物发酵产量达到100 g/L以上、至少1种大分子目标产物达到10 g/L以上;形成1个以上新种质中试稳定发酵工艺参数包;建立农业种植类应用示范基地1个以上,完成中期评估。	新方法/新理论/新原理/新技术/应用解决方案
2029年 01月 01日	2029年 12月 31日	重点推进农业功能微生物新种质及目标产物发酵放大与产业化生产,完成工程新种质封闭生态安全评价和目标功能产品水稻一大豆轮作应用示范与生态安全评价。	累计形成3个以上新种质中试稳定发酵工艺参数包,建成1条发酵规模 ≥ 2000 L的生产线,至少1种目标产物完成产业化应用;累计建成农业种植类应用示范基地2个以上,累计示范应用面积1000亩以上;形成生态安全评价报告和水稻一大豆轮作应用技术规程并完成验收。	新技术/应用解决方案

五、知识产权对策、成果管理及合作权益分配

本项目依据《中华人民共和国民法典》、《中华人民共和国著作权法》、《中华人民共和国专利法》、《中华人民共和国专利法实施细则》、《中华人民共和国促进科技成果转化法》以及科技部《关于加强科技有关的知识产权保护和管理工作的若干意见》等法律法规和政策文件，将知识产权管理纳入项目全过程，保障各方合法权益，具体如下：

（一）知识产权对策

项目牵头单位与各参与单位在项目启动前签署协议，明确各方在项目执行前已独立拥有的知识产权归各自所有，不因共同申报本项目而改变。执行期间，各单位独立完成的研究成果，知识产权归完成方所有；两个及以上单位共同参与研发的成果，其知识产权归相关参与方共同所有，项目组整体拥有使用权。对项目实施中产生的论文、专利、标准、技术规程、新品种、新产品等成果，第一完成单位须及时通过专利申请、品种权申请、著作权登记等方式予以保护并承担维护费用。涉及国家秘密的成果，按照国家保密法律法规执行。

（二）成果管理

建立全过程成果管理制度，设立知识产权与成果管理小组，配备专职管理秘书，负责国内外相关领域知识产权信息检索与动态跟踪，监督各参与单位的知识产权保护工作。项目实施过程中取得重大阶段性成果时，承担单位应及时向项目管理部门报告，并根据成果类别依法采取专利、品种权、技术秘密等方式保护。各单位取得的科技成果应在项目组内登记统计，确保信息客观准确。项目全部研究工作完成后，牵头单位按任务合同规定时间以书面形式向项目管理部门申请验收，提交完整的技术报告和成果清单。

（三）合作权益分配

合作权益分配遵循“谁创造、谁所有、谁受益”的原则，尊重发明人或完成人的合法权益。论文、著作等学术成果的署名及排序由各参与方按实际贡献大小协商确定，由项目和课题负责人确认。对共同所有的知识产权，各参与方根据对该成果的实际贡献大小进行确权，具体比例协商确定并写入合作协议。成果转化或产业化开发产生的收益，依据确权比例进行分配，具体遵照《中华人民共和国促进科技成果转化法》及《国家科技重大专项知识产权管理暂行规定》执行。项目各参与方在项目执行期间有权就合作完成的科技成果的知识产权归属及权益分配进行协商约定，并在符合法律法规和公平原则的前提下以书面协议确认。牵头单位与参与单位之间进行技术转让、技术交易时，须严格按照《中华人民共和国民法典》相关规定签订技术合同，明确知识产权归属、使用方式及权益分配办法，保障各方合法权益。

六、参与人员信息

项目负责人一：								
姓名	性别	年龄	职务	职称	学位	在项目中承担的任务	所在单位	
王孝林	男	37	无	教授	博士	项目负责人，牵头农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建研究	深圳华大万物科技有限公司	
身份证（外籍填写护照）号码				362322198910143911				
是否项目总负责人				是		是否院士		否
主要工作经历		2018年7月到2023年5月，中国科学院分子植物科学卓越创新中心，博士后 2023年6月 至今，华南农业大学，教授、博导 2026年8月 至今，深圳华大万物科技有限公司，专家顾问						
主要工作成绩		长期围绕植物微生物组的群落组装、稳态维持及环境适应等科学问题，尝试在农业体系下开展精准微生物组研究。通过发展并整合微生物组的精准定量、精准互动与精准施用等策略，希望为作物增产与环境保护之间的平衡提供可行方案。在定量微生物组及农业精准微生物组领域，开展了一系列探索，并以第一作者或通讯作者（含共同）在《iMeta》（2026）、《Soil and Tillage Research》(2026)、《Plant Biotechnology Journal》（2025, 2022）、《Annual Review of Plant Biology》（2023）、《Nature Communications》（2022）、《Molecular Plant》（2021）、《Science Bulletin》（2020）及《Soil Biology and Biochemistry》（2018）等中科院一区期刊发表论文，其中4篇入选高被引论文。此外，依托“千种植物微生物组计划（1KPM）”，申请人在植物定量微生物组研究方向取得了重要进展，相关成果作为第一作者论文已投稿至《Nature》，目前处于第三轮返修阶段。这些工作获得了国内外同行的关注与鼓励，并被植物微生物组研究先驱Jeffery Dangl等在CNS等期刊的论文中引用。						
签名								

主要研究开发人员：								
姓名	性别	年龄	职务	职称	学位	在项目中承担的任务	所在单位	签名
刘欢	男	42	总经理	研究员	硕士	牵头农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产研究	深圳华大万物科技有限公司	
杨云锋	男	52	环境与生态学院副院长	教授	博士	牵头农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	清华大学深圳国际研究生院	

凌宁	男	42	无	教授	博士	主要参与农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	南京农业大学	
魏蜜	女	39	无	副教授	博士	牵头高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制研究	中山大学	
王亚玉	女	43	微生物部门总监	副研究员	博士	参与高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制研究	深圳华大万物科技有限公司	
陈宏运	男	42	微生物市场负责人	副研究员	博士	参与农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产研究	深圳华大万物科技有限公司	
刘文馨	女	26	生物信息助理研究员	未取得	硕士	参与农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建研究	深圳华大万物科技有限公司	
胡傲	男	25	无	未取得	学士	参与农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	深圳华大万物科技有限公司	
郭俊杰	男	37	无	副教授	博士	参与农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	中山大学	

汤红婷	女	38	无	副教授	博士	参与高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制研究	中山大学	
宋文欣	女	31	无	助理研究员	博士	参与农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	中山大学	
周瑶	男	37	无	未取得	博士	参与高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制研究	中山大学	
李炳	男	45	无	副教授	博士	参与农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	清华大学 深圳国际研究生院	
李玲	女	34	无	助理研究员	博士	主要参与农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究	南京农业大学	

七、承担、参与单位工作分工及经费分配情况

承担/参与单位名称 (盖章)	工作分工	总经费分摊 (万元)	省级财政科技资金分配 (万元)
深圳华大万物科技有限公司	全面统筹项目申报、组织实施、过程管理、经费管理、成果汇总和项目验收，牵头开展农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产，农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建研究；参与高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与多基因协同调控研究，农业功能微生物产品在水稻-大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估。完成考核指标中新种质高密度发酵工艺开发及产业化生产任务，底盘细胞定向筛选与遗传操作系统构建任务。	2230.00	350.00
中山大学	协助开展项目申报和实施，牵头开展高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与多基因协同调控研究；配合开展农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建，以及农业功能微生物产品在水稻-大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估。完成考核指标中合成元件挖掘与多基因调控、底盘细胞定向筛选与遗传操作系统构建研发任务。	180.00	180.00
清华大学深圳国际研究生院	协助开展项目申报和实施，牵头开展农业功能微生物产品在水稻-大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究，负责多地点田间试验设计、样品采集、应用效果评估、生态风险评估及综合效益评价。完成考核指标中产品应用效果评价与生态安全性评估任务。	150.00	150.00

南京农业大学	协助开展项目申报和实施，重点配合开展农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产相关研究，及农业功能微生物产品在水稻-大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估。完成考核指标中新种质高密度发酵工艺开发与应用效果评价研发任务。	120.00	120.00
合计		2680.00	800.00

八、项目总经费及财政科技经费预算

(一) 拟申请财政科技资金总额: (大写) 捌佰万圆整; (小写) 800.00万元;							
(二) 总经费及拟申请财政科技资金情况						(单位: 万元)	
项目总经费投入	财政科技资金			自筹经费			合计
	省级	中央	地方	自有经费	贷款	地方政府投入及其他	
	800.00	0.00	0.00	1880.00	0.00	0.00	
2680.00							
自筹资金投入情况说明:							
无。							
项目经费预算						(单位: 万元)	
是否为数学等纯理论基础研究项目: 否							
	项目总经费			省级财政科技资金			
支出经费	经费额	用途说明		经费额	用途说明		
1、直接费用	2061.54	设备费、业务费、直接人力资源成本合计。		615.39	设备费、业务费、直接人力资源成本合计(省级财政科技资金)。		
(1) 设备费	0.00	本项目不安排设备购置费。		0.00	本项目不安排设备购置费。		
(2) 业务费	1237.00	材料费约480万元; 其余用于测试化验加工、基因合成与测序、发酵中试、田间试验及差旅、知识产权等。		370.00	用于试剂耗材、测试化验、基因合成与测序、发酵中试及田间试验等核心研发支出。		
(3) 直接人力资源成本	824.54	用于项目研发人员人力成本, 按任务投入和工作量测算。		245.39	用于项目研发人员人力成本。		
2、间接费用	618.46	按不超过直接费用扣除设备购置费后的30%核定。		184.61	按不超过直接费用扣除设备购置费后的30%核定(省级财政科技资金)。		
(1) 绩效支出	309.23	给予有正式编制的课题组成员的绩效开支。		92.31	给予有正式编制的课题组成员的绩效开支(省级财政科技资金)。		
(2) 管理费用	185.54	参与单位管理费(不低于间接费用总额的30%)。		55.38	参与单位管理费(不低于间接费用总额的30%, 省级财政科技资金)。		
(3) 其他间接成本	123.69	公共分摊水电、房屋及设备维护等间接成本(不少于间接费用总额的20%)。		36.92	公共分摊水电、房屋及设备维护等间接成本(不少于间接费用总额的20%, 省级财政科技资金)。		
合计	2680.00	其中省级财政科技资金800万元、自筹经费1880万元。		800.00	省级财政科技资金800万元。		

其它需说明的情况
无。

608142989163

单价50万元以上购置/试制设备预算明细表

序号	设备名称	设备分类	功能和技术指标	单价(万元)	数量	金额(万元)	购置或试制单位	安置单位	购置设备类型	主要生产厂家及国别	规格型号	拟开放共享范围
单价50万元以上购置设备合计					0	0.00	/	/	/	/	/	/
单价50万元以上试制设备合计					0	0.00	/	/	/	/	/	/

608142989163

九、项目承担单位与参与单位基本情况表

(一)项目牵头承担单位一基本情况表

单位基本信息													
单位名称		深圳华大万物科技有限公司				统一社会信用代码		91440300MA5H2E430T					
注册资金		10000.00 万人民币		所在地区		广东省-深圳市-盐田区		银行信用等级		BB			
单位性质		有限责任公司		所属行业		谷物种植		单位级别		其他			
职工总人数		30 人				研究人员数		7 人					
上年度销售额		1374.6936 万元				上年利税		-751.3625 万元					
上年研发经费总额		1284.46 万元				研发经费占销售额比例		93.43 %					
近三年年均研发费用		805.83 万元											
近三年承担科技计划项目数量													
		国家级				省部级		其它					
项目数(项)		0				1		0					
项目总经费(万元)		0.00				500.00		0.00					
建立的科研平台													
平台类型		国家级				省级		市级		无			
1. 工程技术开发中心		○				○		○		○			
2. 企业技术中心		○				○		○		○			
3. 企业重点实验室		○				○		○		○			
4. 博士后科研工作站		○				○		○		○			
其它		○				○		○		○			
企业资质情况													
企业认定情况		高新技术企业											
其它认定或认证情况													
单位拥有知识产权情况													
最近三年知识产权总数 (单位: 项)										近五年牵头或参与 标准定制 (个)			
发明专利 (件)		实用新型专利 (件)		外观设计专利 (件)		国际专利 (件)		软件著作权 (个)				集成电路 布图设计 (个)	
申请	授权	申请	授权	申请	授权	申请	授权						
15	6	0	1	0	0	0	0	1	0	0			

(二) 参与单位基本情况表 (2)					
单位基本信息					
单位名称	中山大学		统一社会信用代码	121000004558631445	
联系人	胡菁	联系电话	020-84113181	电子邮箱	kjcgxkb@mail.sysu.edu.cn
单位性质	高等院校	所在地区	广东省-广州市-海珠区	所属行业	教育-教育-高等教育-普通高等教育
单位法人	唐洪武	证件类型	身份证	证件号码	320106196609030871
单位级别	国家(部委)级				
职工总人数	15242 人		研究人员数	5906 人	

单位基本信息					
单位名称	清华大学深圳国际研究生院		统一社会信用代码	12440300455752807L	
联系人	张丽蓉	联系电话	0755-86547391	电子邮箱	kjc@sz.tsinghua.edu.cn
单位性质	高等院校	所在地区	广东省-深圳市-南山区	所属行业	教育-教育-高等教育-普通高等教育
单位法人	李路明	证件类型	身份证	证件号码	110108196802281473
单位级别	国家(部委)级				
职工总人数	1215 人		研究人员数	259 人	

单位基本信息					
单位名称	南京农业大学		统一社会信用代码	12100000466007562R	
联系人	周国栋	联系电话	13913941628	电子邮箱	zgd@njau.edu.cn
单位性质	高等院校	所在地区	江苏省	所属行业	教育-教育-高等教育-普通高等教育
单位法人	陈发棣	证件类型	身份证	证件号码	320113197006154857
单位级别	国家(部委)级				
职工总人数	3705 人		研究人员数	1764 人	

十、承担/参与单位合作协议

广东省重点领域研发计划项目联合申报协议

甲方（项目申报单位）：深圳华大万物科技有限公司

乙方（项目参与单位）：中山大学

丙方（项目参与单位）：清华大学深圳国际研究生院

丁方（项目参与单位）：南京农业大学

经甲方、乙方、丙方、丁方四方友好协商，就联合申报2027年度广东省重点领域研发计划“生物育种”专项专题二方向1“农业功能微生物新种质选育与高值化应用”（项目名称“农业功能微生物新种质合成生物学创制与高值化应用”）的有关事宜达成如下协议：

1. 甲方全面统筹项目申报、组织实施、过程管理、经费管理、成果汇总和项目验收工作，乙方、丙方、丁方应积极配合甲方开展上述工作。
2. 项目获得资助后，根据乙方、丙方、丁方承担的项目任务进行财政经费分配，乙方、丙方、丁方财政拨款经费占比分别为22.5%、18.75%、15%；甲方在专项经费到位后，应及时按既定拨款方案向乙方、丙方、丁方分别划转专项资金。
3. 本研究过程中，各自独立研发所产生的科研成果及相应的知识产权归独立完成方所有，合作研发所产生的科研成果及相应的知识产权归合作各方共同所有。但相应成果均应注明受本项目资助。
4. 甲、乙、丙、丁四方要采取切实措施保证申报材料符合《中华人民共和国民法典》、《中华人民共和国专利法》、《中华人民共和国著作权法》、《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规，并对项目申报涉及的各项资料和信息严格保密。
5. 协议未尽事宜，双方应本着互惠互利、友好协商的原则另行协商解决。
6. 本协议由中文书写，可由甲、乙、丙、丁四方采用分别签署的方式签订，各方无需在同一份协议文本上共同签署。各方分别签署的协议文本内容应保持一致，并共同构成本协议完整的签署文件。本协议自甲、乙、丙、丁四方均由授权代表签字并加盖单位公章之日起生效。
7. 各方分别签署的协议文本均为本协议的组成部分，与各方在同一协议文本上共同签署具有同等法律效力。甲方负责汇集各方签署文本并形成完整的协议签署文件，各参与单位留存相应签署文本，项目主管部门所需协议文本由甲方统一提供。
8. 如该项目未获得立项，此协议自动作废。项目获准立项后，双方应就合作事项签订具体协议。

十一、重大信息披露情况

本项目（或其主要内容）是否同时申报了国家级科技计划项目并获得立项： 否

序号	名称或主要内容与本项目相同的项目	业务类别	申报人	申报单位	申请金额(万)
----	------------------	------	-----	------	---------

本项目（或其主要内容）是否同时申报了其他省份或国外科技计划项目并获得立项：否

序号	名称或主要内容与本项目相同的项目	业务类别	申报人	申报单位	申请金额(万)
----	------------------	------	-----	------	---------

本项目负责人在该年度，以项目负责人身份获得立项或在研的其他国家、省级科技计划项目： 否

序号	项目名称	计划类别	项目编号	立项年度	立项金额(万)	完成情况
----	------	------	------	------	---------	------

十二、本申请项目所附附件清单

	附件名称	数量
■	1. 企业营业执照	1
■	2. 单位法人证书	1
■	3. 上年度资产负债表	1
■	4. 上年度损益表（收入支出表）	1
■	5. 高新技术企业证书	1
□	6. 科学技术成果鉴定证书	0
■	7. 专利证书	2
■	8. 检测报告	1
□	9. 查新证明	0
□	10. 新药证书	0
□	11. 通讯电力入网证	0
■	12. 生物新品种、农产品、农药登记证	1
□	13. 特殊产品生产许可证	0
□	14. 企业各出资方意见	0
■	15. 各类获奖证书	1
□	16. 列入国家计划文件或证书	0
□	17. 环保证明	0
■	18. 用户意见	1
■	19. 合作协议	1
■	20. 其他	10
■	21. 上一年度企业所得税纳税申报表	1
■	22. 聘用协议	1
□	23. 原单位同意函	0
□	24. 本人（含团队）投入时间承诺函	0
■	25. 申报材料真实性承诺函	1

十三、审核意见

承担单位意见	承诺书 我单位承诺提交的全部申报材料真实可靠，并保证不违反有关科技计划项目管理的纪律规定，严肃查处或全力配合相关机构调查处理各种失信行为。 如我单位有不履行上述承诺或有弄虚作假行为，一经发现，广东省科技厅有权追回项目经费，情节严重的，愿意承担法律责任。 其它内容： 同意申报 项目负责人(签字)： 年 月 日 二级部门： 单位法定代表人(签字)： 单位盖章： 年 月 日 年 月 日
县级科技主管部门意见	是否同意配套支持： 是 ☐ 支持方式： 有偿 ☐ 金额_____万元 否 ☐ 无偿 ☐ 金额_____万元 经办人： 单位负责人： 年 月 日 年 月 日
地市科技主管或省直主管部门意见	是否同意配套支持： 是 ☐ 支持方式： 有偿 ☐ 金额_____万元 否 ☐ 无偿 ☐ 金额_____万元 同意推荐。 经办人： 单位负责人： 年 月 日 年 月 日
其它部门意见	

任务书条款

第一条	甲乙丙三方根据《广东省人民政府关于印发广东省重点领域研发计划实施方案的通知》（粤府〔2018〕84号）《广东省科学技术厅关于印发广东省重点领域研发计划“十四五”行动方案的通知》（粤科资字〔2022〕37号）《中共广东省委科技委员会关于印发〈广东省重点领域研发计划“十五五”行动方案〉的通知》（粤委科发〔2026〕4号）《广东省人民政府办公厅关于改革完善省级财政科研经费使用管理的实施意见》（粤府办〔2022〕14号）《广东省财政厅广东省审计厅关于印发〈省级财政科研项目资金管理监督办法（2023年修订）〉的通知》（粤财规〔2023〕3号）《广东省重点领域研发计划管理办法(修订)》(粤科规范字〔2025〕2号)等文件规定，以及有关法律、政策和管理要求，依据项目立项通知，为顺利完成（2027）年农业功能微生物新种质合成生物学创制与高值化应用项目（文件编号： 号），特签署本任务书。
第二条	本项目以攻克关键核心技术、研发关键零部件和重大装备为目标，力争突破前沿性、引领性的技术，取得产业带动性强、技术自主可控的重大原创科技成果和自主知识产权。《项目申报书》和申报指南是本任务书填报的重要依据，任务书填报时不得降低考核指标，不得自行对主要研究任务作出调整。《项目申报书》、申报指南和本任务书将共同作为项目过程管理、验收结题和监督评估的重要依据。
第三条	甲方有权按照《广东省重点领域研发计划实施方案》进行资源整合，以目标为导向，合理优化牵头单位、参与单位布局。甲方实行科技计划“放管服”改革，建立基于信任的管理制度,但有权按照有关规定采取日常监管、随机抽查、专项检查、中期评估、财务审计等方式对项目实施监督，并严格以本任务书中约定的任务、期限、目标和验收指标等具体内容作为监督依据。项目到期后，甲方依据本任务书对项目实施结果进行验收。甲方可根据《广东省科学技术厅科技计划项目科研诚信管理办法》（粤科规范字〔2024〕2号）对乙方进行科技计划信用管理。
第四条	乙方要建立以诚信为原则的自主管理制度，按如下要求执行项目：1. 承担项目的核心研究任务。2. 统筹协调做好资源分配和任务分工工作，履行项目组织实施和资金使用等方面的主体责任，对项目实施目标和财政资金绩效负责。3. 完善单位内部控制制度和单位间监督制约机制。4. 乙方负责协调落实项目自筹经费及有关保障条件，按照任务分工、任务量和时间进度合理分配和拨付财政资金，确保财政资金使用的安全有效，并签订单位间的合作协议。5. 乙方及相关参与单位均应对财政资金实行专款专用，单独列账，并积极配合甲方（或委托专业机构等）进行的监督检查。6. 乙方须积极配合甲方组织的评估检查；项目完成后，应主动申请验收结题。7. 乙方应按照国家 and 省有关规定，提交科技报告及其他材料。8. 项目负责人及主要研究开发成员应实质性参与项目组织实施，不得出现挂名现象。
第五条	丙方作为项目推荐单位，应当推动和督促乙方实施好项目，监督项目执行，落实配套资金。
第六条	项目经费可按单位性质、项目进展及评估情况分阶段拨付。
第七条	在本任务履行过程中，根据实际需要，乙方可按规定对项目起止时间、项目经费使用（包括自筹经费、经费分配及经费支出预算等）、项目内容（包括研发内容、技术指标、经济指标及成果指标等）、技术路线、项目参与单位、项目负责人和项目组成员等进行变更，具体按照有关规定执行。
第八条	在履行本任务过程中，乙方及参与单位必须恪守科研道德准则、科研活动规范和科研诚信规定，严格遵守有关法律法规。涉及医学、生物技术和人工智能等敏感领域研究，应当按照国家有关规定设立伦理委员会，开展研究项目的伦理审查，遵循国际公认的科研伦理规范和生命伦理准则。
第九条	本项目主要研发活动应在广东省内开展，项目成果应优先在广东省内实施转化应用。项目形成的知识产权归属、使用和转移，按照国家和广东省有关法律、法规和政策执行。
第十条	根据广东省科技计划管理相关规定， 代表甲方履行本项目过程管理及验收结题等相关组织管理工作。后期如甲方业务分工发生调整，以实际调整的专业机构为准。

第十一条	按照《广东省科学技术厅关于科技成果登记与信息公开的实施办法》（粤科管字〔2013〕127号）的规定，本项目产生的科技成果必须登记；登记完成后，科技管理部门根据文件要求，可在有关科技成果信息综合平台将登记信息（内容包括成果名称、成果完成单位、成果简介、成果完成人等）进行公开。
第十二条	为促进职务科技成果转化，本项目形成的职务科技成果在项目验收完成后，自动纳入省职务科技成果“先用后转预备库”（经主管部门同意不纳入的除外）。成果完成方同意以“先用后转”方式转化的，成果自动从“先用后转预备库”进入“先用后转库”，予以公开发布；成果完成方不采取“先用后转”方式转化的，该成果3年内未完成转化，自动进入“先用后转库”予以公开发布。成果纳入“先用后转预备库”后完成转化的，成果完成人应及时提交佐证材料申请出库。对采取“先用后转”方式转化的，具体事宜由使用方与成果所有方另行约定。
第十三条	各方应充分理解本任务书的内容并自愿签署本任务书。未尽事宜，协商解决或签订补充协议进一步明确，甲方拥有最终解释权。

附 2 可行性研究报告

(编写提纲)

注意：内容凡是涉及到“申报人姓名”、“参与人姓名”、“申报人所在单位名称”、“参与人所在单位名称”的，分别以“申报人”、“参与人”、“申报单位”、“参与单位”代替。多个参与人与参与单位的名称，以“参与人 1”“参与单位 1”、“参与人 2”“参与单位 2”等代替。另：正文中标红部分为新增内容，请注意补充。

一、项目实施背景（500 字左右）

当前我国农业面临化肥农药过度施用、水肥利用率低、土壤退化和生态污染等突出问题。在“双碳”目标和农业绿色转型背景下，兼顾粮食稳产、耕地提质和生态安全，已成为农业科技发展的紧迫任务。农业功能微生物可在解磷促生、共生固氮、病害绿色防控、根际调控和土壤改良中部分替代或减少化学投入品，是发展绿色农业和生物农业的重要方向。但现有农业微生物产品多依赖天然菌株筛选，普遍存在种质资源不足、功能活性弱、环境适应性差、遗传背景不清、合成调控技术不成熟和田间效果不稳定等问题，严重制约农业微生物产业化应用。

合成生物学可精准重构微生物基因组和代谢通路，为农业功能微生物由经验筛选向理性设计转变提供颠覆性技术路径。海藻糖-6-磷酸（T6P）、植物激素等相关生物刺激成分、生物固氮功能菌株、植酸酶和脂肽类抗生素等核心农业功能成分，在作物增产、养分高效利用、土壤改良和病害绿色防控方面价值突出，但仍面临合成成本高、产能低、菌株效能不足和发酵工艺不成熟等产业化瓶颈。

本项目立足广东水稻—大豆水旱轮作体系需求和微生物产业基础，聚焦微生物种质匮乏、多基因调控难、目标产物发酵放大不稳定和应用模式不清等关键问题，开展底盘构建、元件组装、新种质创制、发酵放大和田间示范全链条研究。项目实施将创制自主可控的农业微生物新种质，突破高价值功能成分产业化合成壁垒，形成减肥增效、耕地提质和作物稳产技术模式，对落实“藏粮于地、藏粮于技”战略，推动农业绿色投入品升级和生物制造产业高质量发展具有重要意义。

二、项目实施方案（5000 字左右）

（一）主要内容。

1.1 主要研究内容

（1）农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建

面向广东省水稻—大豆水旱轮作体系中酸性低磷、稻田磷素固定、大豆结瘤固氮效率不稳、长期稻作根际胁迫物质积累及病害绿色防控需求，构建农业功能微生物底盘细胞资源与遗传操作平台。针对植物促生、生物防治、土壤改良和高值农业功能成分合成等应用需求，整合基因组、转录组、代谢组及表型组数据，挖掘具有高效底物利用、目标产物合成、逆境耐受和环境适应能力的候选菌株，建立多维度评价指标与定向筛选模型，获得性能明确、安全性良好的优势底盘细胞。以芽孢杆菌 *Bacillus amyloliquefaciens* BBB14 为核心解磷抗病底盘，系统评价其在酸性、低磷、淹水—落干交替和病原胁迫条件下的生长稳定性、植酸酶和酸性磷酸酶活性、有机酸释放、铁载体、胞外水解酶、根际定殖及对水稻和大豆主要病原菌的拮抗能力；通过全基因组测序和功能注释，解析植酸酶、PQQ 依赖葡萄糖脱氢酶、磷转运系统、 β -1,3-葡聚糖酶、蛋白酶及 iturin/surfactin/fengycin 等 NRPS 脂肽合成基因簇，明确其解磷、植酸磷矿化和生防功能遗传基础。

以慢生根瘤菌 *Bradyrhizobium elkanii* LFS09 为大豆共生固氮底盘，评价其与广东适宜大豆品种的结瘤适配性、根瘤形成、固氮酶活性、耐酸性和根际竞争定殖能力；解析 *nif*、*nod*、*fix*、低氧呼吸、固氮酶保护、胞外多糖、黄酮响应及宿主识别相关基因，为耐酸高效共生固氮新种质创制提供底盘。以噬几丁质菌 *Chitinophaga polysaccharea* BAG08、毛双孢菌 *Lasiodiplodia pseudotheobromae* LpJA01、泛菌 *Pantoea anthophila* B5 等为生物刺激剂底盘，评价其促根活性、胞外多糖、挥发性促生物质及海藻糖/细胞分裂素/茉莉酸等相关代谢能力，解析 T6P/细胞分裂素/茉莉酸等相关代谢、根际信号互作和抗逆诱导基因。以鞘氨醇菌 *Sphingobium yanoikuyae* BK54 为根际环境调控辅助底盘，评价其对苯甲酸、阿魏酸、对羟基苯甲酸等芳香族障碍土壤胁迫物质的利用与降解能力，解析降解、转运、趋化和抗逆通路。

建立“遗传稳定性—农业基础功能—目标功能成分遗传基础—工程改造适配性”四维评价体系，形成 T6P/细胞分裂素/茉莉酸、固氮酶活性、植酸酶活性和 iturin/surfactin 脂肽检测方法。优先构建 BBB14、LFS09、LpJA01 及 B5 遗传操

作系统：BBB14 建立电转化、接合转移、CRISPR/Cas 编辑、多位点整合、无抗标记编辑、无质粒基因编辑及启动子、RBS、终止子、分泌信号肽、安全整合位点等工具箱；LFS09 建立根瘤菌接合转移、稳定整合、共生诱导表达、根瘤内表达调控和标记追踪体系。最终获得不少于 3 株、优选 4 株分类明确、遗传稳定、性能清楚、可工程改造的农业功能微生物底盘细胞。

（2）高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制

依托第一部分构建的 BBB14（核心解磷抗病底盘）、LFS09（大豆共生固氮底盘）、BAG08（生物刺激剂底盘）、BK54（根际环境调控辅助底盘）、LpJA01（生物刺激剂底盘）等底盘细胞以及千种植物微生物组计划（1KPM）根际微生物组、广东省水稻及大豆群体根际微生物组和全球宏基因组大数据资源，建立融合大语言模型与计算结构生物学的功能基因智能挖掘体系。面向广东水稻—大豆轮作体系中促生、固氮、解磷、抗病及根际适应等关键需求，系统解析农业高价值功能成分合成所需的关键功能基因、酶元件、调控元件和代谢模块，构建标准化农业功能元件库。针对不同农业功能及其代谢途径，梳理关键反应步骤及核心酶家族，将建立相应的 Pfam-HMM 隐马尔可夫模型，对包含超 83 万个高质量宏基因组组装基因组（MAGs）的全球数据库开展大规模靶向检索；结合基因组共线性、基因邻近关系及代谢通路完整性，筛选具有完整功能组合和潜在协同作用的候选基因簇。针对传统同源搜索极易遗漏的远缘新颖功能基因，引入 ESM-2 蛋白质语言模型提取候选蛋白序列的隐空间嵌入特征。通过与已知功能酶进行特征相似性比较和阈值校准，筛选序列新颖且具有潜在活性的候选酶。进一步进行蛋白结构预测，结合 AutoDock Vina 分子对接评价候选酶与目标底物的结合倾向，并通过分子动力学模拟评价蛋白—底物复合物的构象稳定性，从序列新颖性、结构质量、底物亲和力和动态稳定性等维度，对候选功能酶进行优先级排序，获得一批具有较高应用潜力的农业功能元件，为后续功能元件理性设计、组合优化及微生物新种质创制提供元件基础。

在此基础上，项目将开展底盘细胞内的代谢网络重构与理性设计。通过启动子与 RBS 的梯度调控、多基因协同表达及安全位点无痕整合，围绕解磷、抗病、固氮、生物刺激和根际环境调控等目标功能，定向创制不少于 5 个功能增强型微生物新种质，并通过连续传代评价其遗传稳定性，为后续中试发酵提供元件与菌

株。运用多组学分析、基因组挖掘和人工智能辅助预测等技术，解析目标功能成分的生物合成与调控机制，挖掘关键酶、转运蛋白、调控因子及启动子等功能元件：围绕生物刺激功能，将重点挖掘 BAG08、LpJA01 及根际菌中 *otsA*、*otsB*、*treS*、*treY*、*treZ* 等海藻糖/T6P、茉莉酸、细胞分裂素代谢基因及碳氮代谢、根系发育和抗逆诱导调控元件；围绕固氮功能，挖掘 LFS09 中 *nifHDK*、*nifENB*、*nifUSVW*、*fixABCX*、*fixNOQP*、*nod/nol/noe*、胞外多糖、黄酮响应和宿主识别元件；围绕磷素活化，挖掘 BBB14 中植酸酶、酸性磷酸酶、PQQ-GDH、有机酸合成和 *pho/Pst* 调控系统；围绕抗病功能，挖掘 BBB14 中 *iturin*、*surfactin*、*fengycin* 合成基因簇及其调控因子，并联合胞外水解酶、铁载体和生物膜形成元件构建生防模块。

对候选元件开展 AI 辅助功能预测和理性设计，利用 AlphaFold、ProteinMPNN、分子对接和机器学习模型评价关键酶的结构稳定性、酸性适应性、底物结合能力、分泌潜力和催化效率，通过定向进化和理性设计，提升关键元件的催化活性、底物特异性与底盘适配性；开展合成途径模块化组装、代谢流重定向、辅因子平衡和区室化调控，构建高效稳定的人工合成通路，主要通过基因合成、异源表达、启动子/RBS 梯度调控、分泌信号肽优化、安全位点整合及建立蛋白自组装的多酶协同催化技术，建立元件标准化表征体系，检测 T6P 等生物刺激素积累、植酸酶活性、有效磷释放量、固氮酶乙炔还原活性、结瘤效率、*iturin*/*surfactin* 产量和病原菌抑制率。

在具体创制策略上：以 BBB14 为底盘，分别构建解磷植酸酶增强模块和脂肽抗病增强模块，创制解磷增强型新种质 BBB14-P 和抗病增强型新种质 BBB14-B；以 LFS09 为底盘，优化 *nif/fix/nod*、低氧保护、电子传递、能量供给和宿主识别模块，创制固氮增强型新种质 LFS09-N；以 BAG08 为底盘，强化 T6P、胞外多糖和促根活性物质合成，创制生物刺激与促根功能增强型新种质 BAG08-R；以 BK54 为底盘，强化芳香族胁迫物质降解、转运和趋化定殖模块，创制根际环境调控功能增强型新种质 BK54-C。通过启动子梯度、RBS 调控、拷贝数优化、动态调控和无抗标记编辑，创制不少于 5 个功能提升明确、遗传稳定的新种质，并明确相对出发底盘的提升指标和量化幅度。

(3) 农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业

化生产

承接前两部分获得的底盘细胞和功能提升型新种质，建立低成本、高密度、功能成分稳定积累和遗传性状稳定保持的发酵放大与制剂化工艺体系。重点围绕 BBB14-P/BBB14-B、LFS09-N、BAG08-R、BK54-C 及其复合菌剂，开发菌体高活菌数生产、目标功能成分定向发酵、复配稳定性控制和产品质量标准，形成不少于 3 个新种质中试稳定发酵工艺参数包，建设或依托 1 条 2000 L 级以上发酵生产线，并完成 3 种以上目标产物或功能成分的发酵放大，实现 3 种以上目标产物的发酵水平达到国际领先，其中至少 1 种小分子目标产物的发酵产量达到 100 g/L 以上，至少 1 种大分子目标产物的发酵产量达到 10 g/L 以上，至少 1 种目标产物完成产业化应用。

分别建立摇瓶、小试罐、50 L 验证、500 L 中试和 2000 L 级放大评价体系。BBB14-P/BBB14-B 重点优化高活菌数、高芽孢率、植酸酶和酸性磷酸酶分泌、有效磷释放及 iturin/surfactin 脂肽合成，发酵液有效活菌数力争达到 1×10^{10} CFU/mL 以上、芽孢率 80% 以上；LFS09-N 重点优化根瘤菌高活菌数、结瘤活性保持、酸性适应性、共生信号稳定性和种子接种活性，活菌数力争达到 1×10^9 CFU/mL 以上；BAG08-R 重点优化 T6P 相关代谢物、胞外多糖和促根活性物质积累；BK54-C 重点保持芳香族胁迫物质降解酶活和根际适应能力。

利用糖蜜、米糠浸提液、麸皮水解液、玉米浆、豆粕水解液、淀粉加工副产物等低成本原料，构建不同菌株和目标产物适配的培养基体系。系统优化温度、pH、溶氧、通气量、搅拌、接种量、补料策略、发酵周期和终点判定，建立放大过程中氧传递、剪切敏感性、泡沫控制、补料节律和批次差异控制方法。围绕水稻季和大豆季应用需求，优先采用分罐发酵后复配策略，研究菌株比例保持、存活稳定性、代谢互作、拮抗风险和功能成分相容性。

开发液体菌剂、可湿性粉剂、颗粒剂、种子包衣剂和育秧基质添加剂等剂型，建立覆盖菌体和功能成分的质量控制体系，指标包括有效活菌数、芽孢率、菌株比例、杂菌率、水分、pH、遗传稳定性、货架期、植酸酶活性、有效磷释放量、结瘤活性、T6P 水平、iturin/surfactin 含量、促根活性和病原菌抑制活性，为田间示范和产业化转化提供稳定产品。

(4) 农业功能微生物新种质及目标产物在水稻—大豆轮作体系中的应用效

果评价与生态安全性评估

本项目建立双轨评估体系：①转基因新种质在封闭设施内系统评估其环境行为与生态安全，②目标功能产品（发酵产物）在开放大田评估应用效果与产品安全性。该双轨评估体系属于开创性工作——系统获取转基因农业微生物环境释放安全性数据，将为我国相关政策的制定提供关键科学依据。

在转基因新种质封闭评估方面，在华大建设专门的封闭田间小区（每小区 1.5 m 深水泥墙隔断，全封闭管控），结合盆栽试验，对转基因新种质（BBB14-P、BBB14-B、BAG08-R、BK54-C、LFS09-N 等）开展受控环境下的系统评估。采用菌株特异性引物结合 qPCR 建立定量检测方法，动态监测新种质在根际和土壤中的定殖、扩散、持留与消退规律；评价功能模块完整性、目标成分（植酸酶、iturin/surfactin、T6P 代谢物、降解酶等）产生稳定性及抗性标记残留和可移动遗传元件变化；利用 16S rRNA 和 ITS 扩增子测序、宏基因组测序分析新种质对土壤微生物群落结构、多样性及功能基因丰度的非靶标影响，评估水平基因转移风险。本项评估具有重要的前沿意义和战略价值：转基因农业微生物的环境释放安全性评价是当前全球研究热点，系统性评价框架在国际上尚属空白；我国现行法规体系主要针对转基因植物，微生物领域缺乏专门评价标准；本项目的评估数据将为我国制定转基因农业微生物环境释放安全性评价技术标准和国家政策提供首份系统性科学依据，为“在科学评估、依法管理基础上推进转基因新品种产业化”国家战略提供决策支撑。

在目标产物方面，围绕广东水稻—大豆水旱轮作典型农业制度，选择酸性低磷稻田、冬种大豆区和水旱轮作示范区，建立早稻—晚稻—冬大豆、单季稻—鲜食大豆、稻—豆轮作、低磷障碍田和化肥农药减量增效等应用场景。设置常规施肥、减氮减磷、不接菌对照、单功能成分产品（BBB14 植酸酶/磷活化代谢产物、BAG08 胞外多糖/促根代谢物、BK54 降解代谢物、LFS09-N 固氮代谢产物等）、复合功能成分产品及功能产品配合非转基因功能菌株联合施用等处理，形成小区试验、核心示范和连片示范体系，**建立 2 个以上示范基地，累计示范面积 1000 亩以上**。水稻季重点评价功能产品对有效磷活化、植酸酶活性、iturin/surfactin 动态及病害防控的贡献，以等量灭活产品为对照扣除发酵基质影响；大豆季重点评价功能产品对结瘤固氮、磷素吸收和促根效果的贡献。以周年轮作为单元综合评

价产量、减肥减药、土壤地力和经济效益。利用功能成分特异性标记（植酸酶活性、iturin/surfactin 抗体检测、特征代谢物 UPLC-MS/MS 追踪）动态评估活性成分在土壤中的持留与降解规律，结合扩增子测序、宏基因组和代谢组学评估对土壤微生态的影响。围绕功能成分环境归趋、残留 DNA 水平基因转移风险、非靶标影响（土壤微生物群落、蚯蚓和跳虫）和环境持留建立生态安全评价体系。将数据输入 gMEND 土壤碳库模型耦合碳氮周转功能酶丰度，推演长期施用对土壤呼吸、碳固存及氮循环的长期效应；利用层次分析法构建生态安全风险指数（Risk Index）定量模型，综合判定生态安全边界，形成产品施用技术规程、生态安全评价报告及可复制推广的功能微生物应用模式。

1.2 实施方案

本项目以广东水稻—大豆水旱轮作体系重大生产需求为牵引，采用“资源筛选—底盘构建—元件设计—新种质创制—发酵放大—田间验证—生态安全评价”的总体技术路线，融合微生物组学、合成生物学、发酵工程、田间农学评价和生态风险评估等方法，系统开展农业功能微生物新种质创制与高值化应用研究。总体实施路径框架分为四个主要阶段。

（1）底盘细胞筛选与遗传操作体系构建

以 BBB14、LFS09、BAG08 和 BK54 等为候选底盘，采用形态学、生理生化、全基因组测序、系统发育分析和功能基因注释等方法，明确菌株分类地位、遗传背景和安全边界。通过酸性低磷、淹水—落干、病原胁迫、根际定殖、结瘤固氮、芳香族胁迫物质降解等表型评价，建立“遗传稳定性—农业基础功能—目标功能成分—工程改造适配性”四维筛选体系。针对 BBB14 和 LFS09，建立电转化、接合转移、CRISPR/Cas 编辑、多位点整合、无抗标记编辑、共生诱导表达和菌株标记追踪等遗传操作平台，为工程改造提供底盘支撑。

（2）功能元件挖掘、理性设计与新种质创制

针对促生、固氮、解磷、抗病和根际适应等目标功能，从已报道的功能基因、酶家族及实验验证序列中筛选高可信参考序列，开展序列去冗余、多序列比对和保守结构域分析，基于 Pfam 数据库确定目标蛋白的保守结构域和功能基序，并利用 HMMER 建立和优化功能酶家族 HMM 检索模型。以模型对宏基因组蛋白序列进行敏感性搜索，根据 E-value、序列覆盖度、结构域完整性及关键保守位

点对候选蛋白进行初步筛选。进一步结合候选基因所在基因组的基因邻近关系、共线性及 KEGG 代谢通路注释,分析候选基因与上下游功能基因的关联,并依据关键反应步骤的覆盖程度、相关基因共现情况及代谢通路完整性,对候选功能基因簇和代谢模块进行综合判定。针对低序列相似度的远缘候选蛋白,利用 ESM-2 蛋白质语言模型提取序列嵌入特征,以已知功能酶作为参考集合,通过特征空间距离、相似性分布及阈值校准评价候选蛋白与目标功能酶的潜在功能关联,并结合序列相似性结果筛选具有较高功能潜力和序列新颖性的候选蛋白。对优先候选蛋白采用 ESMFold 进行三维结构预测,根据 pLDDT 等结构置信度指标评价预测结构质量,并结合已知功能蛋白结构、活性口袋及关键催化残基分析候选酶的结构合理性。随后采用 AutoDock Vina 开展蛋白—底物分子对接,通过结合能、结合构象及关键氢键和疏水相互作用评价候选酶的底物识别能力。对具有较优对接结果的候选复合物进一步利用 GROMACS 开展分子动力学模拟,通过 RMSD、RMSF、回转半径 (R_g)、氢键数量及自由能景观等参数评价蛋白—底物复合物的构象稳定性和结合状态。构建包含序列新颖度、结构置信度、结合自由能及动力学稳定性的层级评价矩阵,对候选功能酶进行量化打分与优先级排序,从而精选出综合性能优异的核心元件,并建立具备序列、结构与功能深度注释的标准化农业功能元件库。

针对生物合成途径解析,利用 RDKit 分子指纹相似性分析,从 KEGG 数据库中筛选目标化合物的结构类似物,调用 RetroRules12 反应规则库,结合蒙特卡洛树搜索、人机交互和单步逆合成分析,逐步扩展并构建逆合成反应网络。根据特化代谢的酶催化逻辑,对候选中间体及反应进行人工校正,保留甲基化、羟基化、还原、异戊烯基化、环化和去甲基化等生物化学上可行的转化,并依据中间体是否已在检测或报道进行筛选。最终将优化后的中间体和反应构建为有向图,采用深度优先搜索枚举从底盘前体到目标分子的可行路线,筛选获得候选合成途径。

依托已建立的特异性遗传操作工具,进行底盘细胞代谢网络重构与理性设计。运用启动子与核糖体结合位点 (RBS) 梯度调控元件,对目标功能基因或基因簇的表达强度实施通量调控;通过挖掘天然蛋白相互作用结构域、短肽标签及支架蛋白元件,结合蛋白结构预测与界面理性设计,建立可编程的酶—酶和酶—支架特

异性组装体系，提高级联反应效率和目标产物合成能力；采用多片段无痕组装技术，重构植酸酶高效分泌、脂肽类抗生素合成及根瘤共生固氮电子传递等关键代谢通路。进而借助 CRISPR/Cas 介导的编辑系统，将优化后的功能模块稳定地整合至 BBB14、LFS09 等底盘细胞的基因组。最终，通过表型验证、靶向代谢物定量分析及连续传代遗传稳定性评估，确证解磷效率、固氮酶活性、促生物质产率等功能的显著提升，创制出功能强化且具备田间应用潜力的工程增强型农业微生物新种质。

(3) 高密度发酵放大与产品制剂化

采用摇瓶、小试罐、50 L 验证、500 L 中试和 2000 L 级放大的逐级工艺开发方法，围绕活菌数、芽孢率、目标功能成分积累和遗传稳定性，优化低成本培养基、pH、温度、溶氧、通气、搅拌、补料策略和发酵终点。利用糖蜜、米糠浸提液、麸皮水解液、玉米浆、豆粕水解液等副产物降低成本。采用分罐发酵后复配策略，研究菌株比例、相容性、存活稳定性和功能成分保持，开发液体菌剂、可湿性粉剂、颗粒剂、种子包衣剂和育秧基质添加剂等剂型，并建立覆盖活菌数、杂菌率、货架期、植酸酶、T6P 等生物刺激素、固氮活性和脂肽含量的质量控制体系。

(4) 田间应用评价与生态安全评估

在广东典型水稻—大豆轮作区开展田间试验，采用随机区组设计，设置常规施肥、减肥、不接菌、单功能成分产品、复合功能成分产品及功能产品配合减肥等处理，不少于 3 个重复，根据生育期连续取样。水稻季重点评价功能产品对有效磷活化、植酸酶活性、iturin/surfactin 动态及病害防控的贡献，以等量灭活产品为对照扣除发酵基质影响；大豆季重点评价功能产品对结瘤固氮、磷素吸收和促根效果的贡献。分别测定株高、根系形态、生物量、产量构成、籽粒品质及植株氮磷含量，计算养分吸收量和利用率；同步采集根际和非根际土壤，测定 pH、有效氮磷、SOC 等理化指标及脲酶、磷酸酶、脱氢酶等关键功能酶活性。

针对转基因新种质，建设封闭田间小区（1.5 m 深水泥墙隔断），采用菌株特异性引物结合 qPCR 建立定量检测方法，辅以选择性培养计数，按时间序列采集根际土和植株样品，拟合工程菌丰度动态，分析其定殖能力、空间扩散范围、环境滞留时间及消退速率。针对功能产品，利用功能成分特异性标记（植酸酶活性、

iturin/surfactin 抗体检测、特征代谢物 UPLC-MS/MS 追踪) 动态评估活性成分在土壤中的持留与降解规律。

利用 16S rRNA 和 ITS 扩增子测序解析细菌和真菌群落 α 、 β 多样性及群落组成变化, 结合物种数据库和已报道病原菌名录识别潜在病原类群; 结合宏基因组测序分析微生物功能基因丰度及碳、氮、磷循环等代谢通路变化。通过宏基因组测序、qPCR 检测抗性基因、移动遗传元件及工程菌相关遗传元件, 结合共现分析评估潜在水平基因转移风险。将提取的关键碳氮周转功能酶丰度作为约束参数输入土壤碳库模型(gMEND), 耦合工程菌原位定殖动态与群落底物利用效率, 推演外源菌剂释放对土壤呼吸、有机碳周转速率及温室气体排放的影响。以不接菌对照为基准, 计算各处理微生物多样性、生态功能、潜在病原菌丰度、抗性基因丰度、移动遗传元件丰度及工程菌环境残留等指标的相对变化率, 进行方向统一和无量纲标准化, 采用层次分析法构建判断矩阵确定权重, 计算综合生态安全指数, 并通过敏感性分析检验评价结果的稳定性, 形成产品施用技术规程和生态安全评价报告。总体技术路线为: 首先从广东水稻—大豆轮作障碍因子出发, 筛选并解析核心功能微生物底盘; 其次挖掘和设计高价值农业功能元件, 完成底盘适配和模块化装配; 再次创制功能增强型新种质并建立稳定发酵、制剂化和质控体系; 最后通过田间多场景验证和生态安全评价, 形成可复制推广的农业功能微生物产品与绿色高效应用模式。

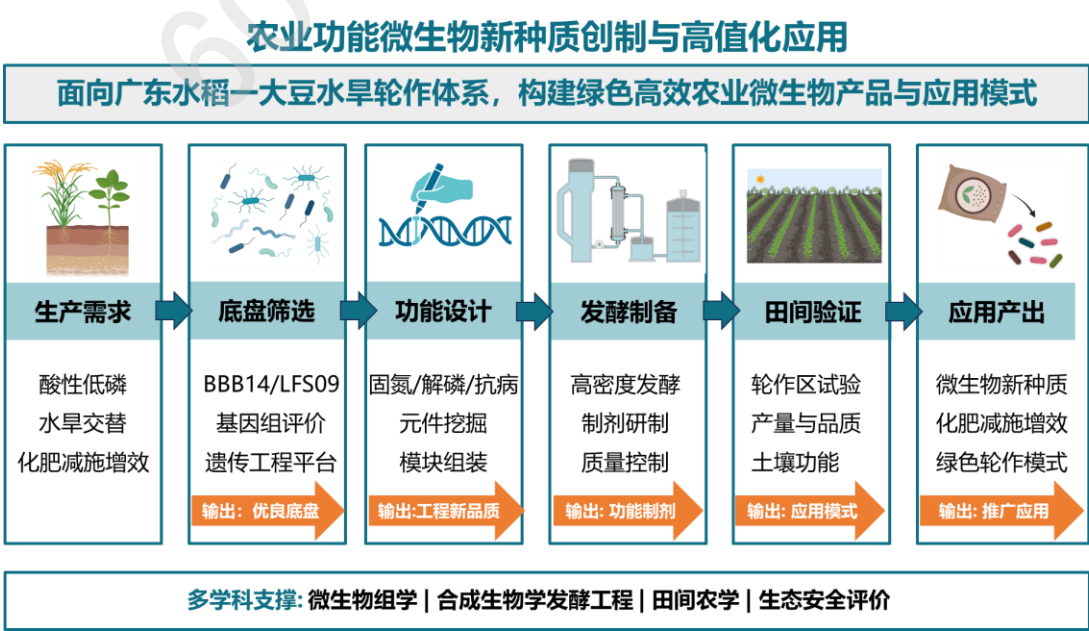


图 1 技术路线图

（二）拟解决的关键问题。

本项目面向广东省水稻—大豆水旱轮作体系中酸性低磷、稻田磷素固定、大豆结瘤固氮效率不稳定、长期稻作根际胁迫物质积累及病害绿色防控等突出问题，围绕指南“农业功能微生物新种质选育与高值化应用”要求，拟解决农业功能微生物从底盘细胞构建、功能元件设计、新种质创制、发酵产业化到田间应用与生态安全评价中的关键问题。

1. 解决农业功能微生物底盘细胞缺乏、遗传背景不清和工程改造能力不足的问题。

目前农业功能微生物多停留在天然菌株筛选和经验应用阶段，存在分类地位不清、功能遗传基础不明、遗传操作体系薄弱和工程改造适配性不足等问题，难以支撑合成生物学定向育种。本项目拟围绕水稻—大豆轮作需求，构建以芽孢杆菌 *Bacillus amyloliquefaciens* BBB14、慢生根瘤菌 *Bradyrhizobium elkanii* LFS09、噬几丁质菌 *Chitinophaga polysaccharea* BAG08、鞘氨醇菌 *Sphingobium yanoikuyae* BK54、毛双孢菌 *Lasiodiplodia pseudotheobromae* LpJA01 和泛菌 *Pantoea anthophila* B5 为代表的解磷抗病、共生固氮、生物刺激和根际调控底盘矩阵，明确其基因组特征、功能性状、目标产物合成潜力和安全边界；重点突破 BBB14 和 LFS09 基因组编辑、稳定整合、无抗标记改造、共生诱导表达和根瘤内表达调控等技术瓶颈，形成可编辑、可评价、可产业化的农业功能微生物底盘细胞。

2. 解决高价值农业功能成分合成元件不足、调控机制不清和新种质功能提升不可控的问题。

农业微生物促生、固氮、解磷和抗病功能通常由多基因、多通路协同决定，传统筛选或单基因改造难以实现稳定、量化的功能提升。本项目拟依托底盘菌株基因组和团队前期发起的千种植物微生物组计划（1KPM）根际微生物组资源，挖掘 T6P/植物激素等生物刺激素、结瘤固氮体系、植酸酶及有机磷矿化、吡咯喹啉醌葡萄糖脱氢酶（PQQ-GDH）解磷、iturin/surfactin 脂肽抗生素等功能元件和调控模块；结合 AI 辅助设计、启动子/核糖体结合位点（RBS）梯度调控、分泌信号肽优化、多基因协同表达和安全位点整合，构建标准化功能元件库。通过底盘适配性验证和理性设计，创制 BBB14-P、BBB14-B、LFS09-N、BAG08-R 和 BK54-C 等不少于 5 个功能提升明确、遗传稳定的新种质。

3. 解决工程新种质和目标功能成分发酵放大不稳定、产业化生产工艺缺乏的问题。

农业功能微生物产品常存在实验室功能显著但放大生产后活性下降、批次稳定性差、功能成分质控不足和生产成本偏高等问题。本项目拟围绕核心新种质建立从摇瓶、小试、50 L 验证、500 L 中试到 2000 L 级生产线的逐级放大发酵体系，系统优化低成本培养基、pH、溶氧、通气、搅拌、补料和发酵终点等关键参数，重点解决 BBB14 高芽孢率与植酸酶、iturin/surfactin 合成协同提升，LFS09 高活菌数与结瘤固氮活性保持，BAG08 T6P 相关代谢物和生物刺激活性稳定积累，BK54 芳香族胁迫物质降解功能保持等问题。通过分罐发酵后复配和质量控制体系建设，形成 3 个以上新种质中试稳定发酵工艺参数包和可产业化转化的产品体系。

4. 解决田间应用效果不稳定、功能作用难追踪和轮作配套模式不清的问题。

农业微生物产品田间效果易受土壤酸度、养分状态、水旱交替、土著微生物竞争、作物品种和施用方式等影响，导致功能发挥不稳定、增效机制不清。本项目拟在广东典型酸性低磷稻田、冬种大豆区和水旱轮作区开展连续田间评价，系统验证工程新种质、目标功能成分及其合生元产品在水稻季解磷促生、病害防控，大豆季结瘤固氮、氮磷协同吸收，以及周年轮作减肥增效、地力提升中的作用。重点追踪植酸酶、T6P 等生物刺激素、固氮酶活性、iturin/surfactin 和芳香族胁迫物质降解等功能指标，明确农用微生物菌剂及其功能制剂的最佳组合、施用时期和技术模式，建立 2 个以上示范基地和 1000 亩以上累计示范应用体系。

5. 解决工程化农业微生物生态安全评价和风险管控不足的问题。

工程化农业微生物田间应用必须明确其遗传稳定性、环境持留、功能模块稳定性、非靶标影响和水平基因转移风险。本项目区分两类情形进行差异化评估：转基因新种质（带“-”菌株）仅用于发酵罐内生产功能活性成分，活菌体不进入开放环境，需在封闭条件下系统评估其环境行为与生态安全；目标功能产品（发酵产物）施入大田，需评估功能活性成分的环境归趋与残留 DNA 水平基因转移风险。该项工作具有重要的前沿战略意义。本项目拟利用菌株特异性标记、qPCR、可培养计数、扩增子测序、宏基因组和代谢物检测，动态监测工程菌株在根际、根瘤、土壤和水体中的定殖、扩散、持留与消退规律，评价功能模块完整性、目

标成分产生稳定性、抗性标记残留、可移动遗传元件和抗性基因谱变化，建立农业功能微生物新种质生态安全评价指标体系，为我国制定相关评价标准和政策提供首份系统性科学依据，为产品登记、产业化推广和风险管理提供支撑。

综上，本项目拟系统突破农业功能微生物“底盘不清、元件不足、改造不可控、发酵不稳定、田间效果难验证和生态安全评价不完善”等瓶颈，形成面向广东水稻—大豆轮作体系的新种质创制、目标产物生产和绿色高效应用技术体系。

（三）项目实施的技术、经济指标以及项目实施后可达到的技术创新就绪度。

1. 技术经济指标综合性描述；

本项目围绕底盘构建、元件与种质创制、发酵产业化、应用示范四项研究内容，以种质资源、产业化、应用示范为核心设置技术经济指标：

（1）种质资源指标：获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞 3 株以上；构建具有明确功能提升的微生物新种质 5 个以上，每个新种质明确标注功能提升的具体类型和量化幅度。

（2）产业化指标：实现 3 种以上目标产物的发酵水平达到国际领先，其中至少 1 种小分子目标产物发酵产量达到 100 g/L 以上、至少 1 种大分子目标产物发酵产量达到 10 g/L 以上，至少 1 种目标产物完成产业化应用；形成 3 个以上新种质中试发酵的稳定性发酵工艺参数包；建立 1 条发酵规模 ≥ 2000 升的生产线，支撑目标产物产业化生产。

（3）应用与示范指标：建成农业种植类应用示范基地 2 个以上，累计示范应用面积 1000 亩以上，形成可复制推广的水稻—大豆轮作应用模式；形成水稻—大豆轮作应用技术标准或技术规程。

2. 新增知识产权情况；（参照申报指南“高质量知识产权分析评议指引”，着重阐述知识产权竞争状况及风险分析等）

本项目实施后新增的知识产权主要涉及底盘细胞构建、功能元件与种质创制、发酵放大等领域，技术和方法均基于自有菌种资源、自有数据和经典可靠且公开的常规技术，获得的研究成果具有完全自主知识产权。项目组在该领域已形成系列授权及申请专利和论文发表，研究处于国内领先地位，新增知识产权具有较高

的新颖性和创造性，竞争优势明显；申报单位及各参与单位均设有专门的知识产权管理和维护部门，能够保证本团队有效应用、管理和保护知识产权。

3. 可达到的技术创新就绪度情况；（参照申报指南“技术创新就绪度评价标准及细则”，着重阐述技术创新就绪特征）

序号	关键技术/成果名称	与项目目标的关系	重要性权重	评价类型	可达到的技术创新就绪度	
					等级	情况描述
1	农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建	构建可编辑、可评价、可产业化的底盘细胞与遗传操作平台，对应指南考核指标 1	0.30	理论原理、方法	7 级	项目完成后以正样为载体，在实际使用环境下完成底盘细胞与遗传操作系统的工程化开发与试验验证，形成可复制应用的底盘评价标准和遗传操作规范
2	高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制	创制功能提升明确的新种质，对应指南考核指标 2	0.25	理论原理、方法	7 级	完成功能元件挖掘与理性设计，创制的新种质在实际生产环境中应用并获得认可，形成标准化表征与评价方法
3	农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产	实现目标产物发酵放大与产业化，对应指南考核指标 3	0.25	技术方法/产品	8 级	3 种以上目标产物发酵水平国际领先，形成 3 个以上中试稳定发酵工艺参数包，建成 2000 L 级以上生产线，至少 1 种目标产物完成产业化应用
4	农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估	实现种植示范与生态安全评价，对应指南考核指标 4	0.20	应用示范/技术规程	8 级	建成农业种植类示范基地 2 个以上、种植类累计示范面积 1000 亩以上，形成生态安全评价报告和应用技术规程，技术方法在实际使用环境验证并获用户认可

（四）计划进度安排。

项目实施周期为3年（2027年1月至2029年12月），年度计划进度及阶段目标安排如下：

第一年度（2027年）：围绕研究内容一、二，开展底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建及高价值功能成分合成元件挖掘、理性设计与新种质创制，完成底盘菌株基因组解析、遗传操作工具和元件设计流程构建，获得底盘细胞2株以上、新种质2个以上并明确功能提升类型与量化幅度。

第二年度（2028年）：进一步推进底盘构建、元件挖掘与新种质创制，初步开展目标产物发酵工艺开发及轮作应用生态评价，3种以上目标产物发酵水平国际领先（其中至少1种小分子产物发酵产量100 g/L以上、至少1种大分子产物达10 g/L以上），形成1个以上中试参数包、示范基地1个以上，完成中期评估。

第三年度（2029年）：重点推进新种质及目标产物发酵放大与产业化生产，完成产品轮作应用示范与生态安全评价，累计形成3个以上中试发酵工艺参数包、建成2000 L级以上生产线，累计建成示范基地2个以上、示范应用面积1000亩以上，形成应用技术规程并完成验收。

（五）合作机制及任务分工。

本项目建设“牵头单位统筹、产学研协同、任务闭环”的合作机制。申报单位作为项目牵头单位，负责项目总体组织实施、任务分解与进度管理、经费统筹与拨付、成果集成与产业化推广；设立项目领导小组和专家咨询组，实行年度计划、季度调度、月度沟通的例会制度；建立统一的数据管理、菌株与样品管理和知识产权管理平台，各单位按任务书和合作协议约定共享数据与菌株资源；项目成果与知识产权按照“背景知识产权各自所有、前景知识产权按贡献约定”的原则分配，成果转化收益按合作协议执行。任务分工如下：

（1）申报单位（牵头）：全面统筹项目申报、组织实施、过程管理、经费管理、成果汇总和项目验收，牵头开展农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产，农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建研究；参与高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与多基因协同调控研究，农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估。

（2）参与单位1：协助申报单位开展项目申报和实施，牵头开展高价值农业

功能成分合成元件挖掘、理性设计与多基因协同调控研究；配合开展农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建，以及农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估。

(3) 参与单位 2：协助申报单位开展项目申报和实施，牵头开展农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估研究，负责多地点田间试验设计、样品采集、应用效果评估、生态风险评估及综合效益评价。

(4) 参与单位 3：协助申报单位开展项目申报和实施，重点配合开展农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产相关研究，及农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估。

(六) 经费预算及合理性评估（包括对设备费、业务费、直接人力资源成本等费用的基本测算说明，应当对 50 万元以上的仪器设备/软件工具的购置/改造/租赁等进行重点说明）

支出经费	经费额 (万元)	用途说明及测算依据
1、直接费用	2061.54	设备费、业务费、直接人力资源成本合计。
(1) 设备费	0	本项目不安排设备购置费。
(2) 业务费	1237	①材料费约 480 万元：4 种底盘菌株全基因组测序文库构建及基因合成、载体构建约 150 万元；培养基原料（糖蜜、玉米浆、豆粕水解液等）及通用试剂耗材 3 年约 200 万元；功能成分检测酶制剂、标准品等约 130 万元。②测试化验加工费约 260 万元：底盘菌株及新种质全基因组/宏基因组测序与生信分析约 120 万元；T6P/TUP、固氮酶、植酸酶、脂肽等代谢物检测约 80 万元；第三方发酵产物与产品质量检测约 60 万元。③田间试验与示范费约 210 万元：试验地租赁、整地与肥料农资 3 年约 90 万元；田间试验人工与测产约 70 万元；示范推广、技术培训与观摩约 50 万元。④2000 L 级发酵生产线改造与试制费约 200 万元。⑤差旅、会议、出版文献及知识产权事务等其他业务费约 87 万元：差旅与学术交流约 30 万元、会议与培训约 15 万元、论文版面费与出版文献约 15 万元、专利申请与维持及标准制

		定约 27 万元。
(3)直接人力资源成本	824.54	直接人力资源成本按项目组研发人员实际投入工作量测算，依据四项研究内容的任务分工、各单位人员投入承诺和 3 年实施周期核定。测算涵盖项目负责人及核心研发人员劳务报酬与绩效激励、研究生及临时聘用研发人员劳务、其他研发辅助人员绩效激励等，3 年合计约 824.54 万元；实际投入人数按任务书确定的人员安排执行。
2、间接费用	618.46	按不超过直接费用扣除设备购置费后的 30% 核定。
(1) 绩效支出	309.23	给予有正式编制的课题组成员的绩效开支。
(2) 管理费用	185.54	参与单位管理费（不低于间接费用总额的 30%）。
(3) 其他间接成本	123.69	公共分摊水电、房屋及设备维护等间接成本（不少于间接费用总额的 20%）。
合计	2680	其中省级财政科技资金 800 万元、自筹经费 1880 万元。

预算合理性评估：项目总投入 2680 万元，其中省级财政科技资金 800 万元、自筹经费 1880 万元（由申报单位承担，占 70.1%）。直接费用 2061.54 万元，其中业务费 1237 万元、直接人力资源成本 824.54 万元，覆盖底盘构建、元件与种质创制、发酵放大、田间示范四项研究内容的材料、测试化验、田间试验、生产线改造与人员投入；间接费用 618.46 万元，其中绩效支出 309.23 万元、管理费用 185.54 万元、其他间接成本 123.69 万元。本项目不安排设备购置费，无单价 50 万元以上设备购置/改造/租赁；直接费用不列支电脑等办公用品；参与单位 1 经费不列支人员费；自筹经费全部由申报单位投入，牵头单位分配最大财政份额，各参与单位经费与任务量相适配，经费安排合理可行。

重点说明：本项目设备费为 0，2000 L 级发酵生产线依托申报单位现有厂房和公用工程改造建设，改造与试制费用列入业务费，建成后开放共享，用于各参与单位新种质中试和功能成分放大验证。

三、前期工作基础（3000 字左右）

申报单位深耕合成生物学十余年，是国内少数打通基因“读-写-AI 自动化”全链条的主体，底层技术自主可控优势突出；自主研发 mMPS 高通量 DNA 合成技术与配套国产合成装备，相较传统技术，产量提升 4-6 个数量级、合成成本降低 70%，建成自动化规模化 DNA 合成平台，打破海外设备垄断。团队成员深度参

与国际酵母基因组合成重大计划，目前累计发表论文 61 篇，其中《Science》、《Nature》、《Cell》及其子刊 19 篇，申请专利 76 项，制定标准 17 项（包括国际标准和国家标准各 1 项）。依托测序、AI 算法、自动化工作站构建完整的“设计—构建—测试—学习”（DBTL）研发闭环，配套完善微生物基因组数据库、基因编辑与多组学分析能力，向下游农业育种、土壤微生物改造、生物智造输出成套底层技术，旗下合成生物学平台已落地微生物菌剂、全基因组设计育种产业化应用，形成“基础科研-工具装备-产业转化”协同体系，技术壁垒与产业落地能力行业领先。

参与单位一在合成生物学与农业微生物交叉领域形成鲜明优势，建立酵母区室化驱动植物代谢重构技术，突破叶绿体依赖实现茉莉素从头合成，并创新 CO₂ 高值化利用路径；围绕促生、防病、抗逆挖掘优异微生物菌种，系统解析有益微生物调控植物健康的多层次机制；以有机培肥为核心，完善“无机增效—有机促效—生物强化”耕地质量与产能提升理论体系。团队成员主持国家自然科学基金青年科学基金 B 类、国家重点研发计划课题等 10 余项，累计在《Nat Catal》、《Nat Synth》等期刊发表高水平论文 60 余篇，为微生物细胞工厂重构、功能菌株定向筛选及土壤微生物组定向调控提供理论支持。

参与单位二构建了国际一流的环境微生物基因组数据库及人工智能大语言模型，具备功能元件智能定向设计与生态安全评估能力；在耐药基因及病原微生物风险防控方向形成“高通量检测—时空赋存解析—削减阻控”完整技术体系，监测与风险评估技术国内领先。团队成员承担国家自然科学基金青年科学基金 A 类、国家“万人计划”青年拔尖人才、农业农村部“神农英才计划”青年英才等重大任务，在《Nature》、《PNAS》等期刊发表论文 430 余篇，入选科睿唯安全球高被引学者、全球前 2% 顶尖科学家榜单、爱思唯尔“中国高被引学者”等，总引用近 5 万次，为智能设计及风险预警提供核心数据与算法支撑。

参与单位三依托国家“双一流”建设学科及国家有机类肥料工程技术研究中心等平台，建有国家微生物菌种保藏中心区域分中心以及省级微生物菌种保藏中心，围绕“土壤-微生物-肥料-作物”互作，在有机肥创制与微生物定向调控方面优势突出。团队成员入选国家级青年人才项目，主持国家重点研发计划等 10 余项，以第一或通讯在《PNAS》、《Nat Commun》等发表论文 100 余篇，入选科睿

唯安“全球高被引学者”与“全球前 2% 顶尖科学家”榜单，为产品中试与田间验证提供关键保障。

在上述优势基础上，本项目已形成以下五项系统性研究积累：

(1) 建立了面向区域与品种适配的农业功能微生物底盘细胞定向筛选体系

围绕农业功能微生物底盘细胞资源匮乏、田间适应性差及菌剂应用效果不稳定等瓶颈，建立了融合土壤生态适配、作物基因型适配与田间功能验证的定向筛选体系（图 2）。通过解析耕作方式、土壤 pH 和作物基因型对功能微生物群落组装及促生效应的影响，明确土壤酸碱度与宿主基因型是决定功能菌株定殖、促生增产和田间稳定性的关键因素，据此提出依据土壤类型和作物品种进行定向筛选的“农业精准微生物组”策略。围绕玉米促生与产量提升场景，筛选获得 *Sinorhizobium*、*Bradyrhizobium* 等共生根瘤菌，以及 *Massilia*、*Peribacillus*、*Pseudarthrobacter*、*Chitinophag* 等促生菌，获得一批具有土壤适应性和品种匹配性的候选功能菌株，并在酸性和碱性土壤条件下开展田间验证，证实不同菌株的增产效果呈显著土壤依赖性和品种依赖性。相关研究建立“土壤生态解析-宿主基因型适配-候选菌株筛选-酸碱土壤田间验证”的底盘细胞定向筛选流程，为后续农业功能微生物新种质创制、遗传操作系统构建、功能强化和产业化应用提供了重要种质资源与技术基础。

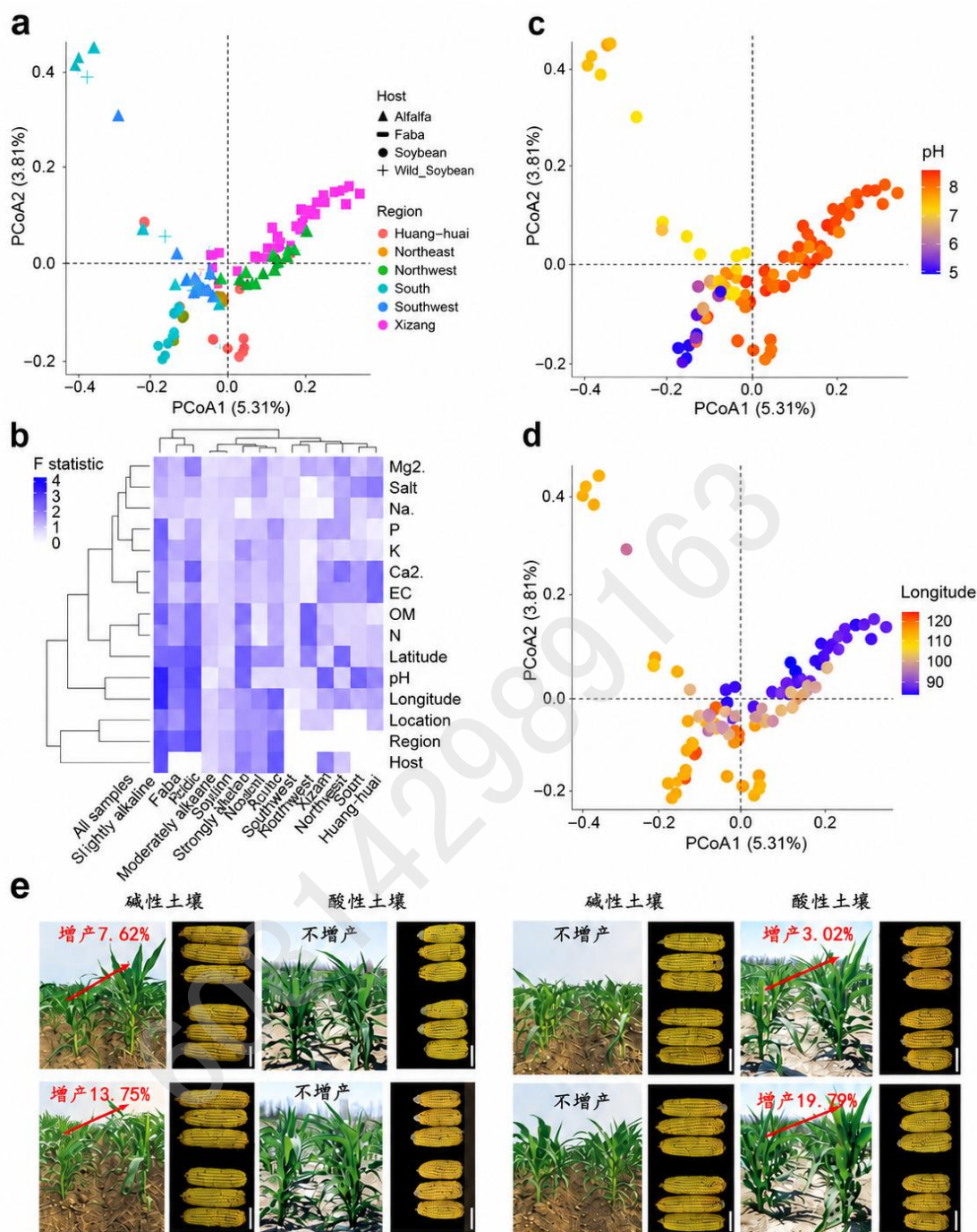


图 2 基于土壤生态环境与作物基因型适配的农业功能微生物底盘资源定向筛选依据与田间验证

(2) 建立了植物源代谢物高性能微生物细胞工厂设计构建与适配协同体系

针对微生物细胞工厂在合成植物源代谢物过程中异源途径与底盘细胞适配性差、产物合成效率低及可再生原料利用率不高等瓶颈，围绕合成途径非天然代谢区室设计协同底盘优化，开展了酵母区室化工程驱动植物途径重构，突破叶绿

体依赖，从头合成了茉莉素；偶联化学模块创制了酵母碳链延长模块，推动不依赖光合作用的 CO₂ 高值化利用，实现了淀粉等化合物高效合成；开发了基于启动子工程、蛋白质工程和代谢工程开发构建微生物细胞工厂的新技术，提升了途径酶活性表达和萜类化合物产量（图 3）。相关研究最终形成“酵母区室化工程驱动植物途径重构-偶联化学模块创制酵母碳链延长模块-多维工程强化合成途径与代谢流”的高性能微生物细胞工厂设计与构建流程，为目标产物的绿色生物制造提供了高效底盘种质与工程化解决方案。

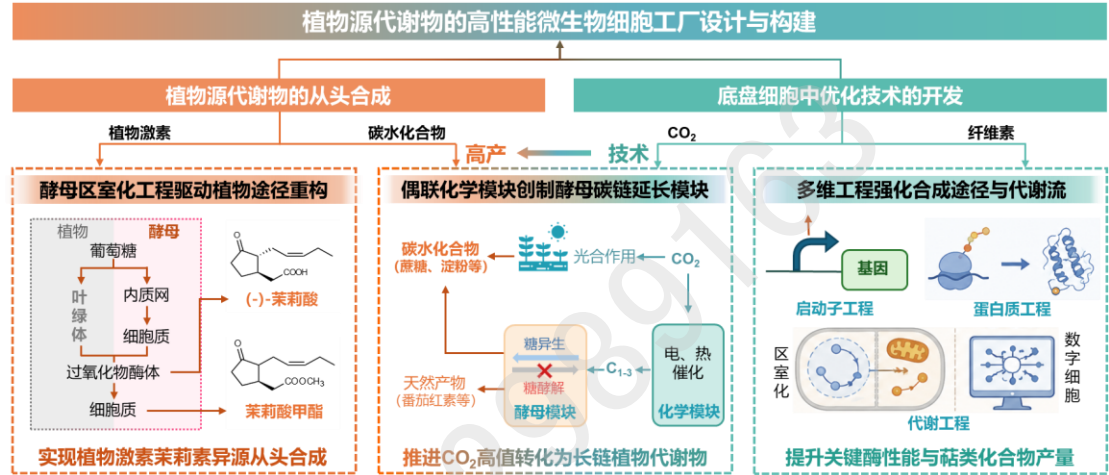


图 3 建立了植物源代谢物高性能微生物细胞工厂设计构建与适配协同体系

（3）建立了基于宏基因组大数据与蛋白质语言模型的功能基因挖掘体系

围绕功能基因的高效挖掘与性能预测，建立了融合宏基因组大数据、蛋白质语言模型和结构生物信息学的功能基因智能挖掘技术体系（图 4）。以阿特拉津降解功能基因为对象，团队基于包含 83 万个宏基因组组装基因组（MAGs）的全球数据库开展系统挖掘，经目标环境筛选和质量控制获得 3190 个中高质量 MAGs 及 617 万条代表蛋白序列；通过 5 个 Pfam 家族 HMM 模型靶向检索阿特拉津降解通路关键酶，结合基因组共线性分析，鉴定出 839 个具有完整 A+B+C 酶组合的候选基因簇。在此基础上，引入 ESM-2 蛋白质语言模型提取候选酶序列嵌入特征，并通过参考酶互校准确定相似度阈值，最终获得 1713 个与已知参考酶 BLASTp 序列同一性低于 30% 的序列新颖候选酶，表明该体系能够从海量微生物资源中有效发现传统同源搜索难以识别的潜在功能基因。进一步构建 ESMFold 结构预测、AutoDock Vina 分子对接和 GROMACS 分子动力学模拟相衔接的分层计算筛选体系，对候选酶的结构质量、底物结合能力及复合物动态稳定性进行多

维度评价，最终筛选出以 FCLIJBMP_01226 和 NDPGABOD_02565 等为代表的高优先级候选功能酶，其中 NDPGABOD_02565 表现出良好的底物结合倾向和结构稳定性，为后续实验验证提供了明确候选对象。相关研究为元件理性设计及多基因协同调控提供重要的候选资源和计算技术基础。

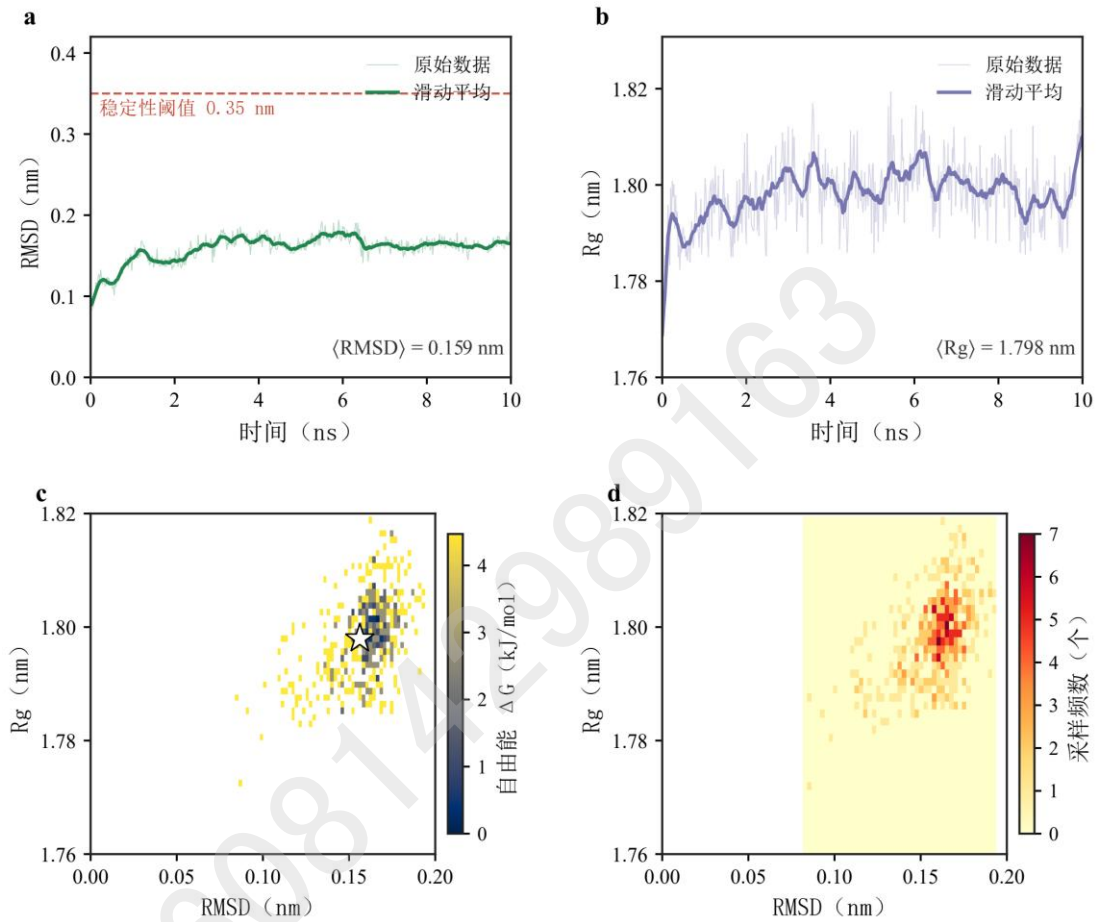


图 4 建立了基于宏基因组大数据与蛋白质语言模型的功能基因挖掘体系

(4) 建立了基于微生态的生态安全风险评估方法

围绕农业功能微生物产品在田间应用中的生态安全不确定性，基于层次分析法（AHP）量化并建立生态安全风险指数（图 5）。依据世界卫生组织发布的病原体清单，将环境中的潜在病原菌划分为极高风险、高风险、中风险、低风险四个优先等级。通过专家评估进行两两比较并构建判断矩阵，利用和积法计算特征向量，归一化后获得各等级权重（极高风险 0.535，高风险 0.270，中风险 0.120，低风险 0.075）。计算判断矩阵的一致性比率，验证了评估系统的主观赋值可靠性及矩阵的高度一致性与合理性。进一步结合微生物群落测序数据，实现不同环境中潜在风险的定量识别与比较。相关研究所构建的生态安全风险评估模型实现了

从微生物群落组成到生态风险的综合评价,为农业功能微生物产品的生态安全评估提供了方法基础。

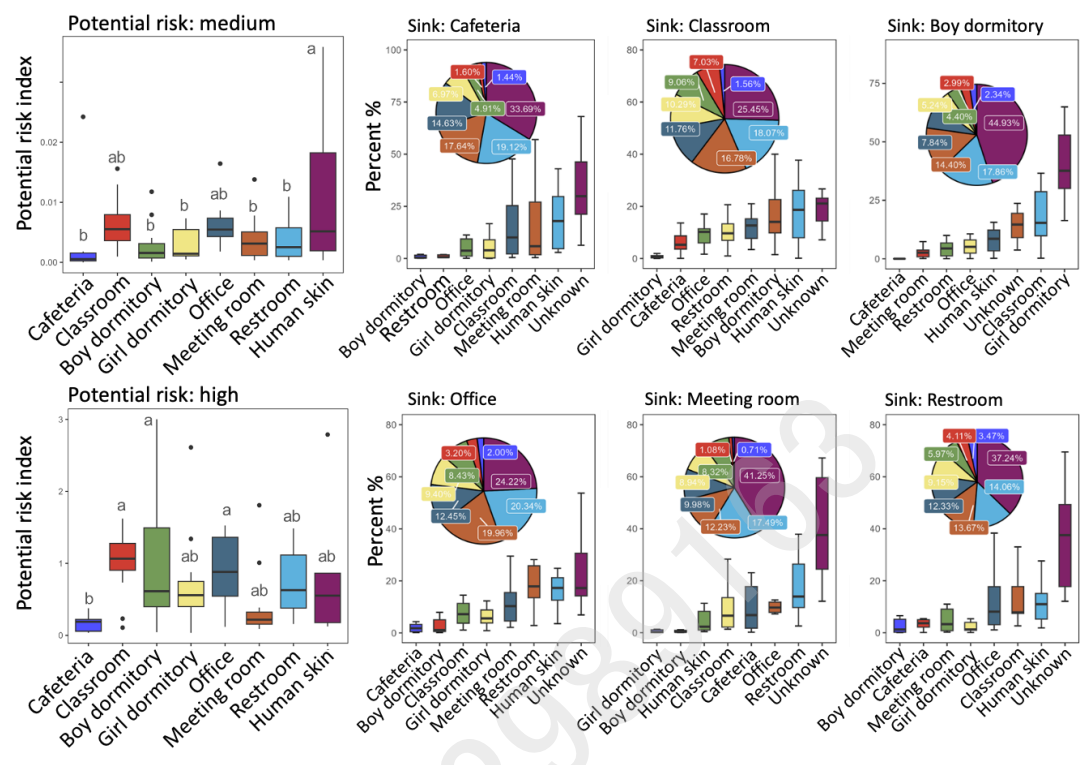


图 5 建立了基于微生态的生态安全风险评估方法

(5) 相关技术转化微生物菌剂产品示范应用推广达百万亩

申报单位基于基因组学建立微生物研究技术平台, 经过层层筛选, 挖掘出优势固氮、活磷、解钾促生菌, 结瘤共生根瘤菌及生防菌。每一株菌都有完整的基因组信息, 并经过 112 项植物益生功能基因评估, 39 项促生、抗病、环境适应、趋化反应等功能验证, 自主研发出“华益”系列微生物菌剂。该系列菌剂已在全国 21 省市自治区、304 个示范点、36 种作物上应用, 示范应用推广面积达百万亩。在大豆、水稻、棉花、花生增产分别达到 8.9%-17.4%、6.1%-12.8%、5.3%-10.0%、10.12% (图 6)。

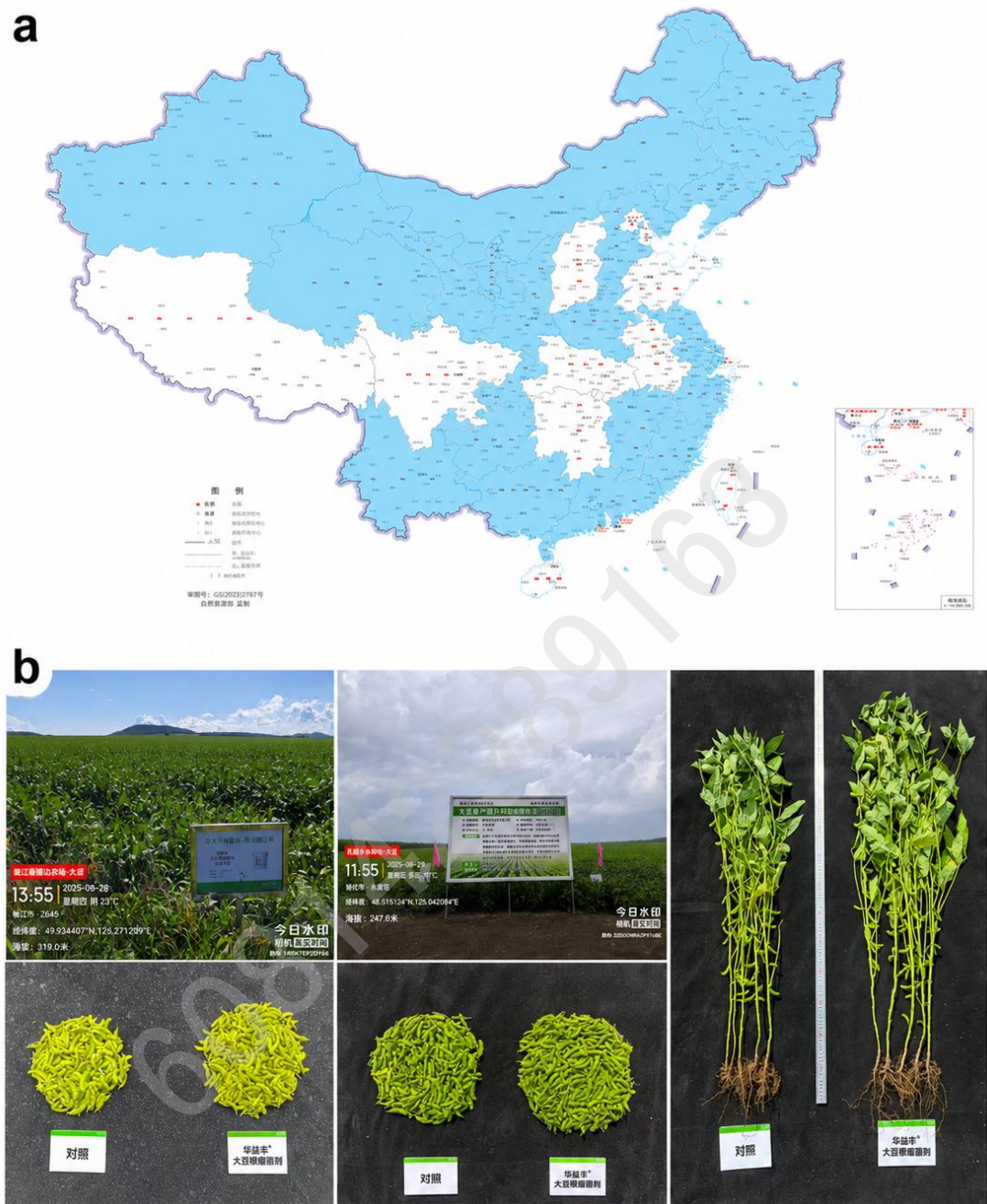


图 6 相关微生物菌剂产品示范应用推广面积达百万亩

(一) 获得国家和省科技计划、奖励等支持情况；

①获得国家和省科技计划

序号	项目名称	项目来源及编号	实施年限
1	应用谱系地理学策略靶向开发治疗耐药肺炎克雷伯菌的噬菌体资源研究	国家自然科学基金 (32561160136)	2026-2029
2	南方大豆根际微生物组的季节动态与适应性合成菌群功能研究	国家自然科学基金面上项目 (32570109)	2026-2029
3	赖氨酸协同绿弯菌通过调控根际区系	国家自然科学基金面上项目	2026-2029

	促进水稻耐盐的机制研究	(32570131)	
4	碳—细胞工厂从头设计与构建	国家重点研发计划 (2025YFA0922200)	2026-2029
5	植物源代谢物微生物细胞工厂的设计	国家自然科学基金青年科学基金项目 (B类)(32522003)	2026-2028
6	盐碱地微生物耐盐促生抗逆及生态修复功能评价	国家重点研发计划课题 (2025FY100504)	2026-2028
7	ARC 微生物菌剂诱导大豆/花生根际微生物协同调控共生固氮效率和植物生长发育的机制	国家自然科学基金重大专项课题 (32441048)	2025-2028
8	酿酒酵母细胞核区室化单萜合成调控机制的研究及其平台开发	国家自然科学基金面上项目 (32471484)	2025-2028
9	河西走廊栽培草地培肥的土壤微生物驱动机制与调控,	国家自然科学基金联合重点项目 (U24A20630)	2025-2028
10	抗生素耐药性环境健康风险评估方法构建及其应用研究	国家自然科学基金 (22476108)	2025-2028
11	千种植物的根际及叶际固氮菌的群落多样性与基因功能研究	国家自然科学基金面上项目 (32370016)	2024-2027
12	有机无机肥配施下农田土壤固碳的微生物学机制	国家自然科学基金 (32372808)	2024-2027
13	探究谷子基因型影响根际微生物定殖的遗传机制	国家自然科学基金 (32300265)	2024-2026
14	有机培肥体系下黑土地农田氮素蓄供调控机制与高效利用技术研究	国家重点研发青年科学家项目 (2024YFD1502200)	2024.12- 2027.11
15	贝莱斯芽胞杆菌调控根际菌根真菌 <i>Sebacina vermifera</i> 协同促进金钱莲生长的机制研究	国家自然科学基金面上项目 (32270296)	2023-2026
16	海南热带雨林生态系统碳汇机制与价值实现路径研究	海南国家公园研究院科研课题 (20232000571)	2023-2025
17	基因高效挖掘技术开发与应用	国家科技创新 2030—生物育种重大专项 (2023ZD04073)	2023-2025
18	健康一体化框架下跨环境介质中抗生素耐药性的产生与传播机制、风险评估及阻控策略研究	国家重点研发计划课题 (2022YFE0103200)	2022-2025
19	联合应用 Hi-C 与纳米孔测序技术精准识别水环境中抗生素耐药基因宿主及耐药基因水平转移机制解译研究	国家自然科学基金 (22176107)	2022-2025
20	植物基因型、共生微生物和根际微环境的“共生三角”相互作用研究	国家自然科学基金青年科学基金项目 (32100227)	2022-2024
21	养分添加对全球草地土壤微生物多样性和功能的影响及机理	国家自然科学基金重点国际(地区)合作研究项目 (32161123002)	2021-2026
22	基于基因密码子扩展技术共价自组装超分子复合物纤维小体	广东省基础与应用基础研究基金面上项目 (2021A1515010842)	2021-2023
23	多倍体化与根际微生物组稳态对植物	中国博士后科学基金特别资助	2021-2023

	应对病原菌的适应机制研究	(2021T140666)	
24	基于监测的污染物自然衰减新型指标体系与衰减效率评估方法	国家重点研发计划课题 (2019YFC1806204)	2020-2023
25	阻断糖基化修饰造成酵母分泌途径增强的机制解析及应用	国家自然科学基金青年项目 (31901030)	2020-2022
26	绿色稻田循环利用生产体系与技术的合作研究及示范应用	江苏省科技厅国际合作项目 (BZ2020064)	2020.08-2022.08
27	土壤氮磷比调控秸秆腐解的微生物学机制	国家自然科学基金 (31902114)	2020-2022
28	抗肿瘤、抗感染等活性天然产物合成途径解析及异源表达	国家重点研发计划 (2018YFA0903200)	2019-2024
29	土壤微生物学	国家自然科学基金国家杰出青年科学基金项目 (41825016)	2019-2023
30	土壤微生物多样性及其对高原冻土生态系统的影响	第二次青藏高原综合科学考察研究课题 (2019QZKK0503)	2019-2023
31	应用功能宏基因组学、epicPCR 和纳米孔测序技术鉴定新型抗性基因并解读微生物间抗性基因传播规律	广东省自然科学基金-杰出青年项目 (2019B151502034)	2019.10-2023.09
32	极端环境微生物菌群的构建	国防科技创新特区 163 计划	2019-2021
33	常用中药的核酸物质分析及核酸标记研究	国家重点研发计划课题 (2019YFC1711002)	2019.12-2021.12
34	利用基因密码子扩展技术表达硫化的广谱中和 HIV 抗体	中国博士后科学基金 (2018M631283)	2017-2018

②获得国家和省科技奖励

序号	成果/奖励名称	奖励等级	获奖年份
1	基于强化分离与功能界面的低碳污水处理和资源化关键技术及应用	中国环境保护产业协会环境技术进步奖一等奖	2025
2	广东省“百千万工程”表现突出集体	广东省人民政府集体奖	2025
3	穿山甲保育技术研究与应用	广东省科技进步二等奖	2025
4	创新研发功能菌群技术及构建产业化管理体系与推广应用	广东省农业技术推广奖一等奖	2024
5	粤港澳大湾区水环境新污染物赋存规律解析和削减关键技术研发	广东省环境保护科学技术奖一等奖	2024
6	穿山甲种群保育与恢复技术研究	梁希林业科学技术奖科技进步奖二等奖	2024
7	梁希科普奖	梁希科普奖二等奖	2023
8	气候变化背景下土壤微生物群落组成与功能的演变	中国土壤学会科学技术奖一等奖	2021
9	利用秸秆和废弃动物蛋白制造木霉固体菌种及木霉全元生物有机肥	大北农科技奖	2018
10	高寒区畜禽粪便与秸秆高效堆肥关键技术研究与推广	黑龙江省科技进步二等	2018

		奖	
11	水环境中高风险污染物健康危害及生物组学机理研究	中华人民共和国教育部 自然科学奖一等奖	2016
12	有机肥作用机制和产业化关键技术与推广	国家科学技术进步奖二 等奖	2015
13	有机肥与土壤微生物创新团队	中华农业科技一等奖	2015

（二）取得的阶段性研究成果，以及项目当前已达到的技术创新就绪度（参照申报指南“技术创新就绪度评价标准及细则”，着重阐述技术创新就绪特征）。

1、关键技术/成果一（关键技术/成果与“二、项目实施方案”第（三）条第3点“可达到的技术创新就绪度情况”列表保持一致）

关键技术/成果	农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建		
评价类型	技术方法/新种质		
功能描述	序号	目标功能	当前具备的功能
	1	获得遗传稳定、性能明确、具有完善遗传操作系统的微生物底盘细胞 3 株以上（以 BBB14、LFS09 等为代表）	已建立“土壤生态解析—宿主基因型适配—候选菌株筛选—酸碱土壤田间验证”底盘定向筛选体系，筛选获得根瘤菌 <i>Sinorhizobium</i> 、 <i>Bradyrhizobium</i> 及促生菌 <i>Massilia</i> 、 <i>Peribacillus</i> 、 <i>Pseudarthrobacter</i> 、 <i>Chitinophaga</i> 等候选菌株并完成酸碱土壤田间验证（增产 3.02%—19.79%）；建立微流控高通量分菌和菌株功能高通量评价平台，选育优质菌种资源近 3 万种，分离保藏耐盐耐碱抗逆功能菌株 1000 余株、根际细菌 1011 株（56 属）
	2	建立完善遗传操作系统（电转化、接合转移、CRISPR/Cas 编辑、无抗标记编辑、稳定整合、共生诱导表达、根瘤内表达调控）	已完成贝莱斯芽孢杆菌、 <i>Pantoea anthophila</i> B5 等菌株基因组解析，鉴定并验证 <i>miaA</i> 调控细胞分裂素合成关键基因，建立同源重组基因敲除体系；以根瘤菌 GZHC2-2 为核心建立大豆涝害缓解与根际/根内生微生物招募研究体系；完成启动子/RBS 等遗传工具箱初步构建并开展实验室功能验证

		序号	目标指标	当前达到的指标	
技术指标		1	完成不少于3株底盘菌株全基因组解析与“四维评价”，形成底盘菌株评价标准	已完成多株功能菌基因组解析，构建覆盖590种野生植物、1549份根际样本的1KPM资源库，明确nif基因簇及解磷功能元件的多样性模式和生态分布规律，NifHDK在豆科根际75%以上分布于α/β变形菌纲	
		2	建立无抗标记基因组编辑与稳定整合体系，编辑效率和遗传稳定性达到设计要求	已建立同源重组基因敲除体系和启动子元件库，在实验室环境下完成关键功能验证，具备开展无抗标记编辑和多位点整合的技术条件	
当前已达到的技术创新就绪度情况综述		项目已建立底盘菌株定向筛选体系、菌株资源库（含盐碱抗逆菌株1000余株、根际细菌1011株56属）和基因组解析平台，形成“遗传稳定性—农业基础功能—目标功能成分—工程改造适配性”四维评价框架，完成关键功能模块的实验室验证，当前技术就绪度为TRL4（关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证）。			
当前技术创新就绪度等级(N)		TRL4：关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证			
等级评价细则			评价细则实现情况	符合情况	证明材料
上一等级(N-1)	TRL3：关键功能和特性在实验室条件下通过试验或仿真完成了原理性验证。评价细则：形成完善的实施方案，有明确的目标和指标要求（30%）；通过试验或仿真分析手段验证了关键功能的可行性（40%）；理论分析了系统集成方案的可行性（10%）；形成完善的项目开发计划（10%）；评估产品预期需要的制造条件和现有的制造能力（10%）		已形成底盘细胞定向筛选与遗传操作实施方案并明确目标指标；已通过相关专利布局积累类芽孢杆菌、副伯克霍尔德氏菌、金黄杆菌、节杆菌、假单胞菌等多类功能菌株资源，具备开展底盘筛选与遗传操作的条件。	☑符合	1. 授权专利证书：ZL202310702570.4、ZL202310140560.6； 2. 专利申请受理通知书：202311868813.8、202311742693.7、202410164618.5、202311462833.5。
当前等级	TRL4：关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真		已完成多株功能菌株基	☑符合	1. 授权专利证书：ZL202310702570.4、

(N)	验证。评价细则：完成基础关键功能试样/模块/部件的开发（30%）；在实验室环境下通过各基础关键功能试样/模块/部件的功能、性能试验或仿真验证（30%）；试制了关键功能试样/模块/部件（10%）；对各关键功能试样/模块/部件进行系统集成（10%）；评估关键制造工艺（10%）；关键功能试样/模块/部件设计过程文档清晰（10%）	因组解析，形成“遗传稳定性—农业基础功能—目标功能成分—工程改造适配性”四维评价体系及功能检测方法，相关菌株资源和检测方法已有专利及获奖成果支撑。		ZL202310140560.6； 2.专利申请受理通知书： 202210911575.3 、 202311868813.8 、 202311742693.7 、 202410164618.5 、 202311462833.5。

2、关键技术/成果二

关键技术/成果	高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制		
评价类型	技术方法/新种质		
功能描述	序号	目标功能	当前具备的功能
	1	挖掘并设计固氮、解磷、生物刺激、抗病等功能元件，构建标准化功能元件与模块	依托 1KPM 根际微生物组和全球宏基因组资源，已明确固氮、解磷等功能元件的多样性模式和生态分布规律，形成功能元件资源图谱；已建立蛋白质结构预测与理性设计方法，完成关键酶的结构—底物—动力学评价
	2	创制不少于 5 个功能提升明确、遗传稳定的新种质（BBB14-P、BBB14-B、LFS09-N、BAG08-R、BK54-C），明确功能提升类型和量化幅度	已完成高效促生抗逆菌株筛选与基因组解析（如 <i>Pantoea anthophila</i> B5），鉴定 <i>miaA</i> 调控细胞分裂素合成关键基因并建立基因敲除体系；形成大豆减氮促生合成菌群（株高+6%—15%、干重+18%—38%、硝态氮+36.6%—81.5%）
技术指标	序号	目标指标	当前达到的指标
	1	元件与模块完成标准化表征，关键酶经理性设计后性能提升并在底盘菌株中验证	已完成功能元件多样性解析和候选酶结构—底物—动力学评价，具备实验验证条件
	2	新种质功能提升可量化	已建立植酸酶、固氮酶、脂肽、T6P/TUP

		验证(植酸酶活性、有效磷释放量、固氮酶活性、结瘤数、脂肽含量、T6P/TUP 水平等), 传代遗传稳定	等检测方法并完成核心菌株功能定量验证, 合成菌群在盆栽条件下减氮促生效果量化明确	
当前已达到的技术创新就绪度情况综述		项目已建成功能元件挖掘与理性设计方法体系, 完成候选元件评价和底盘菌株功能验证, 具备开展新种质创制的技术基础, 综合评定当前技术就绪度为 TRL4 (关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证)。		
当前技术创新就绪度等级(N)		TRL4: 关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证		
等级评价细则		评价细则实现情况	符合情况	证明材料
上一等级(N-1)	TRL3: 关键功能和特性在实验室条件下通过试验或仿真完成了原理性验证。评价细则: 形成完善的实施方案, 有明确的目标和指标要求 (30%); 通过试验或仿真分析手段验证了关键功能的可行性 (40%); 理论分析了系统集成方案的可行性 (10%); 形成完善的项目开发计划 (10%); 评估产品预期需要的制造条件和现有的制造能力 (10%)	已形成功能元件挖掘与新种质创制的实施方案并明确目标指标; 依托红树林促生耐盐菌株、GPP 合成酵母、合成启动子等相关授权及申请专利, 积累功能元件与底盘菌株资源, 具备开展元件验证与种质创制的条件。	☑符合	1. 授权专利证书: ZL202210895907.3、ZL202011284753.1、ZL202010261091.X; 2. 专利申请受理通知书: 202610029441.7、202310550295.9、202211728886.2、202210870907.8。
当前等级(N)	TRL4: 关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证。评价细则: 完成基础关键功能试样/模块/部件的开发 (30%); 在实验室环境下通过各基础关键功能试样/模块/部件的功能、性能试验或仿真验证 (30%); 试制了关键功能试样/模块/部件	已完成功能元件模块开发, 形成植酸酶、固氮酶、脂肽、T6P/TUP 等检测方法体系, 相关元件、菌株和检测方法已有专利及获奖成果支撑。	☑符合	1. 授权专利证书: ZL202210895907.3、ZL202011284753.1、ZL202010261091.X; 2. 专利申请受理通知书: 202610029441.7、202310550295.9、202211728886.2、202210870907.8、EP22845457.5。

	(10%); 对各关键功能试样/模块/部件进行系统集成 (10%); 评估关键制造工艺 (10%); 关键功能试样/模块/部件设计过程文档清晰 (10%)			

3、关键技术/成果三

关键技术/成果	农业功能微生物新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产		
评价类型	技术方法/产品		
功能描述	序号	目标功能	当前具备的功能
	1	建立摇瓶—小试—50 L 验证—500 L 中试—2000 L 级放大的逐级发酵工艺体系, 形成 3 个以上中试稳定发酵工艺参数包	已完成摇瓶—小试—50 L 验证发酵工艺开发, 具备 500 L 中试和 2000 L 级放大条件; 已建成复合菌剂剂型开发与质量控制体系基础, 具备液体菌剂、可湿性粉剂等剂型开发和中试生产能力
	2	建成 1 条发酵规模≥2000 升的生产线, 3 种以上目标产物发酵水平国际领先, 至少 1 种目标产物完成产业化应用	“华益”系列微生物菌剂已在全国 14 省 42 县市 130 个示范点应用, 耐盐碱复合菌剂配套腐植酸肥料完成 500 亩田间示范, NK-28 完成上千亩大田示范, 具备小批量制备和田间应用条件
技术指标	序号	目标指标	当前达到的指标
	1	中试稳定发酵工艺参数包覆盖培养基配方、发酵周期、pH、溶氧、搅拌、补料策略和发酵终点等关键参数	已建立低成本培养基与关键工艺参数优化流程, 完成 50 L 验证, 形成工艺开发记录
	2	有效活菌数 $\geq 1 \times 10^{10}$ CFU/mL (芽孢杆菌类), 3 种以上目标产物发酵水平国际领先、至少 1 种产业化应用	具备液体菌剂、可湿性粉剂等剂型开发和中试生产能力, 依托江苏省农业微生物资源保护与种质创新利用中心(保藏总量 5 万株)具备菌种保藏与功能评价服务能力
当前已达到的技术创新就绪度情况	项目已建立逐级发酵放大工艺开发体系和菌剂剂型制备能力, 现有菌剂产品完成实际使用环境全面试验验证并具备小批量制备条件, 综合评定当前技术就绪度为 TRL5 (形成产品初样, 在模拟使用环境中完成试验		

综述		验证)。		
当前技术创新就绪等级(N)		TRL5：形成产品初样（部件级），在模拟使用环境中进行了试验或仿真验证		
等级评价细则		评价细则实现情况	符合情况	证明材料
上一等级(N-1)	TRL4：关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证。评价细则：完成基础关键功能试样/模块/部件的开发(30%)；在实验室环境下通过各基础关键功能试样/模块/部件的功能、性能试验或仿真验证(30%)；试制了关键功能试样/模块/部件(10%)；对各关键功能试样/模块/部件进行系统集成(10%)；评估关键制造工艺(10%)；关键功能试样/模块/部件设计过程文档清晰(10%)	已形成高密度发酵工艺开发与产业化实施方案；围绕菌剂产品与根瘤菌制剂形成系列专利申请，具备低成本培养基开发、菌剂剂型开发和中试生产能力，相关产品开发能力已有专利及获奖成果支撑。	☑符合	1. 授权专利证书：ZL202310702570.4； 2. 专利申请受理通知书： 202511010413.2 、 202511636954.6 、 202511636963.5。
当前等级(N)	TRL5：形成产品初样（部件级），在模拟使用环境中进行了试验或仿真验证。评价细则：完成各功能部件开发，形成产品初样(35%)；在模拟使用环境条件下完成产品初样的功能、性能试验或仿真验证(35%)；功能部件设计过程文档清晰(10%)；确定部件生产所需机械设备、测试工装夹具、人员技能等(10%)；确定部件关键制造工艺和部件集成所需的装配条件(10%)	已完成菌株筛选—发酵—制剂化各功能部件的基础开发，具备液体菌剂、可湿性粉剂等剂型开发和中试生产能力，形成产品开发的设计方案，相关菌株和制剂专利及获奖成果可支撑产品开发能力。	☑符合	1. 授权专利证书：ZL202310702570.4； 2. 专利申请受理通知书： 202511010413.2 、 202511636954.6 、 202511636963.5； 3. 广东省农业技术推广奖一等奖证书（“创新研发功能菌群技术及构建产业化管理体系与推广应用”，2024年）。

4、关键技术/成果四

关键技术/成果	农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估
---------	-------------------------------------

评价类型		应用示范/技术规程		
功能描述	序号	目标功能	当前具备的功能	
	1	在广东水稻—大豆轮作区建成示范基地 2 个以上，种植类累计示范应用面积 1000 亩以上	已完成田间试验点布局和土壤本底调查，完成第一轮田间小区试验，具备开展核心示范和连片示范条件	
	2	完成应用效果评价与生态安全评价，形成应用技术规程和生态安全评价报告	已建立菌株特异性标记、qPCR、扩增子测序、宏基因组和代谢物检测等方法，具备生态安全评价和综合效益评价能力	
技术指标	序号	目标指标	当前达到的指标	
	1	示范田在化肥减量条件下实现水稻、大豆稳产增产，肥料利用率提高	已完成土壤有效磷、植株磷吸收、根瘤固氮等指标的监测方案并开展第一批数据采集	
	2	形成生态安全评价报告和水稻—大豆轮作应用技术规程各 1 项	已具备完成生态安全评价的检测方法体系（工程菌定殖、持留、消退及非靶标影响监测）	
当前已达到的技术创新就绪度情况综述		项目已具备开展田间应用评价与生态安全评价的技术条件，完成试验布局和第一轮田间小区试验，综合评定当前技术就绪度为 TRL4（关键功能试样/模块在实验室或田间初步验证）。		
当前技术创新就绪度等级(N)		TRL4：关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证		
等级评价细则		评价细则实现情况	符合情况	证明材料
上一等级(N-1)	TRL3：关键功能和特性在实验室条件下通过试验或仿真完成了原理性验证。评价细则：形成完善的实施方案，有明确的目标和指标要求(30%)；通过试验或仿真分析手段验证了关键功能的可行性(40%)；理论分析了系统集成方案的可行性(10%)；形成完善的项目开发计划(10%)；评估产品预期需要的制造条件和现有的制造能力(10%)	已形成田间应用与生态安全评价实施方案并明确目标指标；已建立菌株特异性标记、qPCR、扩增子测序、宏基因组和代谢物检测等监测方法体系，相关方法和菌株已有授权专利支撑。	☑符合	1. 授权专利证书：ZL202310644076.7、ZL202010719205.0、ZL202011026676.X； 2. 专利申请受理通知书：202410706785.8、202511639435.5、202411732013.8。
当前等级(N)	TRL4：关键功能试样/模块在实验室通过了试验或仿真验证。评价细则：完成基础关键功能试样/模块/部件	已完成生态安全评价检测方法体系搭建，具备工程菌定殖、	☑符合	1. 授权专利证书：ZL202310644076.7、ZL202010719205.0、ZL202011026676.X；

	的开发(30%);在实验室环境下通过各基础关键功能试样/模块/部件的功能、性能试验或仿真验证(30%);试制了关键功能试样/模块/部件(10%);对各关键功能试样/模块/部件进行系统集成(10%);评估关键制造工艺(10%);关键功能试样/模块/部件设计过程文档清晰(10%)	持留、消退及非靶标影响监测和生态安全风险评估能力,相关方法与菌株已有授权及申请专利、获奖成果支撑。		2.专利申请受理通知书: 202410706785.8、 202511639435.5、 202411732013.8; 3.广东省环境保护科学技术奖一等奖证书(“粤港澳大湾区水环境新污染物赋存规律解析和削减关键技术研发”,2024年)。

(三) 与项目相关的知识产权情况(所有单位)。(填写表 1-4)

表 1: 自有知识产权				
自有知识产权概述(不超过 1000 字): 本项目相关前期专利及专利申请 16 件,其中授权发明专利 3 件、在审发明专利申请 13 件,发表相关学术论文 50 余篇,获得相关主推技术多项。自有知识产权保护内容主要涉及农业功能微生物菌种资源与底盘菌株、基因组编辑与遗传操作工具、高价值功能成分合成元件与工程菌株、高密度发酵工艺与微生物菌剂制剂,以及根际微生物调控、田间应用与生态安全评价等技术方向,与本项目四项研究内容高度匹配。项目组在农业功能微生物和合成生物学领域已开展多年系统研究:围绕类芽孢杆菌、孔雀石刺链霉菌、副伯克霍尔德氏菌、金黄杆菌、节杆菌、假单胞菌、鞘脂菌、根瘤菌等功能微生物菌种形成系列专利布局,可支撑底盘细胞筛选与改造;并拥有千种植物微生物组(1KPM)根际微生物组和宏基因组资源;参与单位围绕红树林来源促生耐盐菌株(ZL202210895907.3)、GPP 合成酵母(202610029441.7)等形成授权或申请专利,并具备功能元件挖掘、微生物细胞工厂构建和发酵工艺开发等能力。经知识产权法律信息查证、知识产权权属关系查证和知识产权相关协议条款审查,本项目开展所用到的技术、成果均为申报单位和各参与单位所持有,不存在因未及时缴纳相关费用或授权期限届满而失效的情况,现阶段初步检索未发现侵犯他人知识产权的风险。				
项目承担/参与单位拥有的与本项目技术密切相关的 专利或专利申请列表				
序号	专利号或申请号	发明名称	共同专利权人	法律

			或申请人	状态
1	ZL202310702570.4	具有促生长和生防功能的类芽孢杆菌新菌种及其应用	深圳华大生命科学研究院	授权有效
2	ZL202310140560.6	一株提高茶枝柑单萜含量的孔雀石刺链霉菌及其应用	深圳华大生命科学研究院；华南农业大学	授权有效
3	ZL202210895907.3	一株来源于红树林生态系统具有促生耐盐功能的菌株及其应用	无	授权有效
4	202410164618.5	节杆菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
5	202311868813.8	一种对植物具有促生作用的副伯克霍尔德氏菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
6	202311742693.7	金黄杆菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
7	202311462833.5	一种假单胞菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
8	202210911575.3	根际促生菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
9	202510412168.1	根际促生菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
10	202510412169.6	根际促生菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
11	202510427898.9	根际促生菌及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
12	202311871569.0	具有促生长和生防功能的菌种及其应用	深圳华大生命科学研究院	在审
13	202610029441.7	高效合成 GPP 衍生化合物的重组酵母及其构建方法与应用	无	在审
14	202511010413.2	具有保水、促生及抗病作用的植物益生菌及其应用	无	在审
15	202511636954.6	根瘤菌及其微生物制剂应用	无	在审
16	202511636963.5	高效固氮根瘤菌及其制剂的开发和应用	无	在审
[填表说明]:				
1、按照与本项目相关程度由强到弱排序, 仅限承担单位和参与单位				

的中国专利或专利申请，总共不超过 20 项；

2、授权专利填写专利号，专利申请填写申请号；

3、如无共同专利权人或申请人则填写“无”；

4、法律状态应据实填写专利或专利申请当前状态,如：“授权有效”、“在审”、“失效”。

项目组主要成员近年来发明创造情况
(专利/专利申请的申请日为 2014 年 1 月 1 日以后的)

序 号	专利号或申 请号	发明名称	发明 人	申请人或 专利权人	法律 状态
1	ZL20231064407 6.7	土壤固碳减排的方法	参与人 2	清华大学	授权有效
2	ZL20221089590 7.3	一株来源于红树林生态系统具有促生耐盐功能的菌株及其应用	参与人 4	参与单位 1	授权有效
3	ZL20201128475 3.1	合成启动子及其构建方法 和应用	参与人 10	中国科学院 深圳先进技术 研究院	授权有效
4	ZL20201026109 1.X	一种提高酿酒酵母中异源 蛋白分泌或表面展示表达的 方法	参与人 10	中国科学院 深圳先进技术 研究院	授权有效
5	ZL20201023533 2.3	制备具有梯度活性的半乳 糖诱导合成启动子的方 法、及其制备的启动子、 应用	参与人 10	中国科学院 深圳先进技术 研究院	授权有效
6	ZL20201071920 5.0	一种由 SNP 所引起利福平 类抗生素耐药的抗性基因 的特异性引物的设计方法 及检测方法	参与人 13	参与单位 2	授权有效
7	ZL20201102667 6.X	氯霉素的新型抗性基因及 其应用	参与人 13	参与单位 2	授权有效
8	202210896788.3	一种参与广陈皮黄酮合成的 氧甲基转移酶及其编码 基因与应用	参与人 1、参与 人 5	申报单位； 深圳华大生 命科学研究 院	在审
9	202511639435.5	一种污染场地修复技术绿	参与人	清华大学	在审

		色可持续性评价方法及装置	2		
10	202410706785.8	一种基于层次分析法的室内潜在病原菌风险评估方法	参与人2	参与单位2	在审
11	202310645197.3	氨基酸水溶肥及其制备方法和应用	参与人2	清华大学	在审
12	202610029441.7	高效合成 GPP 衍生化合物的重组酵母及其构建方法与应用	参与人10	参与单位1	在审
13	202310550295.9	一种在酿酒酵母导入外源通路用于生产茉莉酸及衍生物的方法	参与人10	中国科学院深圳先进技术研究院	在审
14	202211728886.2	一种提高微生物发酵生产葡萄糖产量的方法、重组酿酒酵母菌株及其应用	参与人10	中国科学院深圳先进技术研究院	在审
15	202210870907.8	一种重组酵母生物转化生产葡萄糖及其衍生物的方法	参与人10	中国科学院深圳先进技术研究院	在审
16	EP22845457.5	METHOD FOR PRODUCING GLUCOSE AND DERIVATIVES THEREOF BY MEANS OF BIOTRANSFORMATION WITH RECOMBINANT YEAST	参与人10	中国科学院深圳先进技术研究院	在审
17	202411732013.8	一种水体中抗生素抗性基因的绝对定量及宿主鉴定的方法	参与人13	参与单位2	在审

表 2：专利风险分析

项目专利风险分析（不超过 1000 字）：

本项目实施后新增的知识产权技术主要涉及领域包括农业功能微生物底盘细胞定向筛选、基因组编辑与遗传操作系统构建，高价值农业功能成分合成元件挖掘、理性设计与微生物新种质创制，新种质及目标产物高密度发酵工艺开发、放大与产业化生产，以及农业功能微生物产品在水稻—大豆轮作体系中的应用效果评价与生态安全性评估等方面。本项目所用技术方法均为自有材料和经典可靠且公开的常规技术和方法，获得的研究成果具有自主知识产权。经初步检索，现阶段未发现直接阻碍项目实施的他人有效专利权。

项目可能涉及到的他人有效专利权列表

序号	专利号	发明名称	专利权
----	-----	------	-----

			人
1	无（初步检索）	现阶段未发现需明确列示的直接阻碍项目实施的其他人有效专利权	—

[填表说明]:

1、按照与本项目相关程度由强到弱排序，总共不超过 20 项

2、包括国内外有效专利

表 3： 知识产权管理能力	
设置知识产权管理部门	是 ☒ 否 ☐
知识产权管理人员数量	<u>7</u> 人
国家知识产权示范企业	☒
国家知识产权优势企业	☒
省级知识产权示范企业	☐
省级知识产权优势企业	☐
其他资格认定: _____	
通过《企业知识产权管理规范》贯标认证 是 ☒ 否 ☐	
知识产权相关获奖情况: 1. 申报单位: 获广东省农业技术推广奖一等奖 (“创新研发功能菌群技术及构建产业化管理体系与推广应用”, 2024 年), 相关成果围绕功能微生物技术研发、产品创制及产业化推广形成了较好的成果转化基础; 2. 参与单位 2: 获环境技术进步奖一等奖 (“基于强化分离与功能界面的低碳污水处理和资源化关键技术及应用”, 2025 年)、广东省环境保护科学技术奖一等奖 (“粤港澳大湾区水环境新污染物赋存规律解析和削减关键技术研发”, 2024 年), 在环境生物技术研发、技术集成及成果应用方面具有较好的知识产权创造与成果转化基础;	

3. 参与单位 3: 获国家科技进步二等奖 (“有机肥作用机制和产业化关键技术研究与推广”, 2015 年)、大北农科技奖 (“利用秸秆和废弃动物蛋白制造木霉固体菌种及木霉全元生物有机肥”, 2018 年), 相关成果涉及微生物肥料、有机肥技术创制及产业化推广, 与本项目农业功能微生物产品开发和成果转化方向具有较高相关性。

知识产权运用和保护方面已开展和将开展的工作:

已开展: 申报单位设有知识产权管理部门 (知识产权管理人员 7 人), 已建立专利申请、检索、保密与转化服务机制; 围绕农业功能微生物菌种资源、底盘菌株、遗传操作工具、功能元件与菌剂制剂等方向形成系列专利布局, 已形成多项授权发明专利和在审发明专利申请, 相关知识产权覆盖功能菌株及其应用、合成启动子、微生物细胞工厂、农业微生物制剂及生态安全评价等方向; 申报单位及各参与单位均建立了相应的知识产权管理和科技成果转化机制, 为项目知识产权全过程管理和成果转化提供支撑。

将开展: 本项目将严格依据《中华人民共和国民法典》《中华人民共和国专利法》《中华人民共和国著作权法》《中华人民共和国促进科技成果转化法》等法律法规, 将知识产权管理纳入项目全过程。项目启动及实施过程中, 将依据联合申报协议及项目合作协议, 明确各方背景知识产权、项目形成知识产权及成果转化权益: 项目执行前各单位已独立拥有的知识产权归原权利人所有; 项目执行期间由单一单位独立完成的成果, 原则上归完成单位所有; 由两个及以上单位共同完成的成果, 根据各方实际贡献及协议约定确定知识产权归属, 并对共同成果的申请、实施、许可、转让及收益分配方式作出明确约定。建立全过程成果管理制度, 设立知识产权与成果管理小组、配备专职管理秘书, 负责国内外相关领域知识产权信息检索与动态跟踪、科技成果登记与统计; 对项目形成的工程微生物新种质、功能元件、遗传操作工具、发酵工艺、制剂配方、软件与数据库等成果, 根据成果属性分别采取发明专利申请、生物材料保藏、著作权或软件著作权登记、技术秘密等方式进行保护, 并对论文、标准和技术规程等成果实行规范化管理; 建立 “先保护、后公开” 机制, 在论文发表、会议交流及成果公开前开展知识产权审查, 避免因提前公开影响专利申请。围绕核心技术方向开展专利导航与 FTO 检索, 执行实验记录、菌株/样品编号、数据分级和申请前保密制度; 在成果转化和产业化阶段, 根据知识产权权属及合作协议, 依法开展许可、转让、作价投资等成果转化, 并按照约定进行收益分配, 保障各参与单位及成果完成人的合法权益。

[填表说明]:

1、知识产权运用和保护方面的工作, 可以包括但不限于如知识产权保护意识强化、高价值核心专利培育、知识产权维权、知识产权许可转让、知识产权质押融资等。

表 4:

其他重要知识产权相关情况说明

无

[填表说明]: 包括在研发中使用或购买他人知识产权、研发涉及技术秘密、与项目相关软件著作权等与本项目相关的其他重要知识产权情况说明，如：本项目研发实施过程已获（普通/独占）许可使用 XXXX 的专利号为 ZLXXXX 的专利技术；如无特殊说明可不填写。