

# 云南菌种资源信息系统的开发与应用\*

周 斌 杨丽源 李治滢 李绍兰 陈有为 张 琦

(云南大学微生物研究所教育部微生物资源开放研究重点实验室 昆明 650091)

**摘要:** 应用程序设计语言与数据库引擎, 开发了“云南菌种资源信息系统”。信息系统包含了云南大学微生物所菌种资源库收藏的1万余株菌种的信息及相关资料, 系统的开发不仅为菌种资源库的管理提供了方便, 还能有关科研工作及应用开发提供科学准确的资料。

**关键词:** 菌种库, 数据库, 信息系统

**中图分类号:** Q93      **文献标识码:** A      **文章编号:** 0253-2654 (2003) 04-0085-03

## THE DEVELOPMENT AND APPLICATION OF YUNNAN STRAIN INFORMATION SYSTEM

ZHOU Bin YANG Li-Yuang LI Zhi-Ying LI Shao-Lan CHEN You-Wei ZHANG Qi

(The Key Laboratory for Microbial Resources of Ministry of Education, Yunnan University  
Institute of Microbiology, Kunming 650091)

**Abstract:** Yunnan Strain Information System has been developed by using the Programming Language and Database Engine. It includes information of over 10, 000 strains that are stored in Yunnan University Institute of Microbiology Strain Library. The System makes a convenience for management of Strain Library and supply important information for study these.

**Key words:** Strains Library, Database, Information system

云南大学微生物研究所菌种保藏室保藏有食品工业发酵菌种、食用菌、各种指示菌以及云南各地不同生态地质环境和各种基质分离的野生菌约1万余株, 是西南3个省唯一的专业菌种保藏机构。菌种库的保藏量以每年数千株的数量增加, 因而新的菌种信息也不断增加。菌种研究开发工作的开展, 需要能准确方便的获得菌种的资料, 同时随着研究工作的进展, 旧的资料也要不断的更新。而原来基于文字记录的菌种管理方式越来越不能满足菌种的收集、保藏、研究、开发应用的需要。这就要求开发一个既能高效的管理保藏菌种信息, 又能方便准确得到所需资料的信息系统。

计算机技术在许多信息管理领域中的成功应用, 为我们提供的可以借鉴的方法与经验。目前类似系统的开发较专业也是比较好的方案是利用程序设计语言(Programming Language)与数据库引擎(Database Engine)相结合的模式。程序设计语言是开发 Windows 应用程序最强大的工具, 用于开发面向使用者的操作界面, 程序设计语言可以通过数据库引擎操作几乎所有的目前 Windows 上流行的数据库, 并支持网络数据库的操作, 两者相结合的优势胜过用单一的数据库系统如 Microsoft® Visual FoxPro 来开发信息系统。因此我们开发的“云南菌种资源信息系统”(以下简称信息系统), 就采用了程序设计语言结合数据库引擎的方法。

## 1 信息系统总体设计

### 1.1 信息系统的组成

信息系统由数据库和操作界面两部分构成。信息系统的全部资料存于菌种资源数

\* 云南大学“211工程”建设基金资助项目 (No.21195-2-020)

收稿日期: 2002-07-16, 修回日期: 2002-09-21

据中,而使用者所进行的资料管理、维护、查询等操作由C++语言开发的操作界面集中完成,两者结合,就构成了完整的信息系统。

### 1.2 菌种资源数据库

通过对菌种资源信息的收集整理、分析,结合关系数据库原理,我们将菌种资源数据库设计为由一个主数据表(Master table)和几个详细数据表(Detail tables)组成。主数据表记录了保藏菌种的基本信息,如种属拉丁名、中文名、来源及原始号、用途、培养基编号、培养温度及图片编号等主要信息组成,详细数据表分别是培养基配方表:记录了所用到的培养基配方;图片记录表:记录了一些菌种的菌落图片、显微图片、分离源及生态环境等相关图片信息;论文数据表:记录了菌种相关论文题目、摘要甚至全文。主数据表通过关联字段与详细数据相关联,这样在访问到主记录时也就能够根据需要访问到相关的详细内容如培养基配方和相关图片资料。

### 1.3 操作界面

根据使用者的各种需要,操作界面封装了对菌种资源数据库的全部操作过程,并按照Windows9X系列中最常用的风格设计的,界面形象直观,使用者不需要知道数据库的结构与具体的操作过程,只需选择相应功能,就可以完成所需要的操作。

## 2 开发平台及工具

### 2.1 硬件环境

为提高效率,信息系统开发采用了较高配置的计算机:PII333,64M内存,6G硬盘;显示器:SVGA;打印机:hp laser jet 6L。而信息系统运行所要求的配置却很低,以使其能得到广泛的应用:计算机:486以上能运行中文Windows95即可,显示器:VGA,打印机:Windows9X支持的任何一种打印机。

### 2.2 操作系统

信息系统是从目前微机最广泛使用的操作系统“中文Windows9X”系列开发的,并在中文Windows2000/Me/Nt上通过了测试,所以能应用到目前几乎所有微型计算机上。

### 2.3 数据库引擎

选用了Borland数据库引擎BDE,它能连接几乎所有目前主流数据库,具有很好的稳定性,并支持网络<sup>[1]</sup>,操作又十分方便,便于操作界面的开发和今后数据库升级。

### 2.4 程序设计语言

由于C++ Builder在操作数据库方面和开发的效率上要优于其它的C++开发工具,我们选用Borland C++ Builder 5.0作为开发工具。

## 3 信息系统的功能和特点

### 3.1 保藏菌种的信息管理

**3.1.1 菌种信息编辑:**信息编辑是指菌种信息的修改、追加。选定编辑功能后,打开一个专门的编辑窗口,修改、追加统一在这一窗口下进行。在相应的提示下,可以对一株菌的所有信息进行修改。可以锁住一些无需修改的内容,避免出错和提高效率。追加用于录入新的菌种信息,可以一次录入一个新记录,也可以录入一批。所有的功能除在工具栏上有相应的按钮外,还设置了功能热键,并支持复制——粘贴。

**3.1.2 数据的备份:**数据的备份是把菌种资源数据库的全部内容复制到一个安全的地方,一旦数据库被意外损坏后,能及时完整的恢复。

## 3.2 信息查询

**3.2.1 浏览查询:**信息系统主界面的左有一浏览框,按菌种保藏编号顺序列出所有菌种的编号和中文名。点取编号后,右边就列出该菌株的主要内容。

**3.2.2 编号查询:**保藏的菌种每一株都有统一编号,在编号查询框内输入这一编号就可很快的查到这株菌。

**3.2.3 关键字搜索:**关键字搜索是根据一些相关的信息关键字来查询,如菌种的用途、来源、特征等,将关键字输入搜索框内,再选择搜索的字段组合,这时就可以找出所有符合条件的菌株。还可在已搜索好的菌株中进一步的搜索,以最大限度地符合要求。

## 3.3 信息输出

提供信息输出的方式多种多样,自由灵活,可输出单个菌株的信息、搜索出一批菌株的信息甚至于所有菌种的信息,可选择输出的格式和顺序,还可选择是直接打印出来还是保存为计算机文件。

# 4 系统的应用

## 4.1 菌种库扩建中信息管理

近年来,我们对云南一些生态环境和极端环境的微生物、经济和药用植物的内生真菌等进行物种收集,菌种库每年增加1,000~2,000株的数量,每株菌都包含有许多信息,而随着科研工作的进展,新的信息不断增加。原来没有信息系统的情况下,菌种资料的整理编目、新信息的追加都是需要许多人并消耗许多时间才能完成的,从而无法完成每年增加1,000~2,000株菌种的数量,许多研究开发工作也将被延误。而信息系统的应用使菌种管理工作的效率大大提高,有更多的时间和精力来做有关的研究开发工作。

## 4.2 菌种名录的编辑

目前我们正在将保藏菌种的内容编辑出版“菌种目录”,可出版菌株记录一共有8,000多条,人工编排将是一项繁重的工作。而使用信息系统的“输出目录”功能,便可在几分钟的时间内,自动选出信息完整达到出版要求的记录,按照中国普通微生物菌种保藏管理中心出版的《菌种目录》<sup>[2]</sup>的格式输出这些菌种信息。

## 4.3 为菌种的开发研究提供信息

针对不同的研究目的和方向就需要与此相关的菌株,如植物活性化合物产生菌的筛选就需要该植物的内生真菌;微生物肥料的开发需要有能固氮、解磷、解钾的菌株。信息系统为我们的研究工作提供了快速、准确、完整的菌种信息,而我们的研究进展又能及时地录入到信息系统中,又成为了进一步研究工作的资料。

# 5 展望

目前的系统只是单机版本,使其应用范围受到限制,中国科学院微生物研究所信息网络中心正在为我们建立一个网站,一旦建成,全国的同行可以共享信息。另外,菌种资源数据库还需要扩充,增加分类性状表、碱基列表等数据信息,同时还增加一些相应的功能,如碱基系列分析等,使信息系统能得到更广泛的应用。

## 参考文献

- [1] 陈周造,陈灿煌.精通C++ Builder5程序设计高级教程.北京:中国青年出版社,2001.
- [2] 周宇光,元伟,从兆海,等.菌种目录(第三版).北京:中国农业科技出版社,1997.
- [3] 李颖,陈文新.微生物学通报,1994,131~135.