

特约评述

DOI: 10.12211/2096-8280.2026-030

从“极地探索”到“极地生物制造”：中国极地微生物资源的开发利用与前景

季晶¹, 张伦源^{1,2}, 王正², 徐虎¹, 郑晗冰¹, 谢秉幸¹, 丁海涛², 李祥锴¹

(¹ 兰州大学生命科学学院, 细胞活动与逆境适应教育部重点实验室, 甘肃 兰州 730000; ² 中国极地研究中心, 自然资源部极地科学重点实验室, 上海 200136)

摘要: 极地微生物资源具有长期地理隔离、多重环境适应和功能遗传多样性等特点, 是发现新型功能基因、代谢途径和工程化生物元件的重要来源, 在低温绿色催化、环境污染治理、资源循环利用和低碳生物制造等领域展现出应用潜力。然而, 极地资源开发仍面临资源分散、可培养性不足、功能验证滞后、工程底盘缺乏以及资源治理体系有待完善等问题。本文围绕从极地探索到极地微生物驱动生物制造的发展主线, 系统梳理了中国在南极、北极和第三极形成的科考平台、连续采样体系及资源积累基础, 总结了极地微生物菌株、功能基因与生物合成基因簇、环境耐受模块及潜在工程底盘等关键资源, 回顾了从样本采集、菌株保藏到数字序列信息和多组学数据库建设的发展过程, 并分析了极地资源在低温工业过程、寒区环境修复与资源循环、高寒农业、高附加值产品开发以及生物冶金和一碳生物制造等方向的应用前景。进一步比较了南极、北极和第三极资源体系的特点与互补性, 指出第三极在连续观测、功能验证和场景应用方面具有独特优势。未来应加强极地样本、菌株、基因组、功能表型和环境元数据的系统整合, 推动人工智能辅助挖掘、合成生物学重构、自动化生物铸造和非模式底盘开发, 促进资源发现、功能验证与工程转化的有效衔接。总体而言, 极地微生物资源有望为中国环境治理、低碳转型和生物制造提供新的功能资源与技术支持。

关键词: 极地微生物; 第三极; 生物制造; 冷活性酶; 环境合成生物学; 数字序列信息

中图分类号: Q939 文献标志码: A

From “polar exploration” to “polar biomanufacturing”: the development, utilization, and prospects of China’s polar microbial resources

Ji Jing¹, ZHANG Lunyuan^{1,2}, WANG Zheng², XU Hu¹, ZHENG Hanbing¹, XIE Bingxing¹,
DING Haitao², LI Xiangkai¹

(¹MOE Key Laboratory of Cell Activities and Stress Adaptations, School of Life Sciences, Lanzhou University, Lanzhou 730000, Gansu, China; ²Key Laboratory for Polar Science, Polar Research Institute of China, Ministry of Natural Resources, Shanghai 200136, China)

Abstract: Polar microbial resources represent an important frontier for sustainable biomanufacturing because they

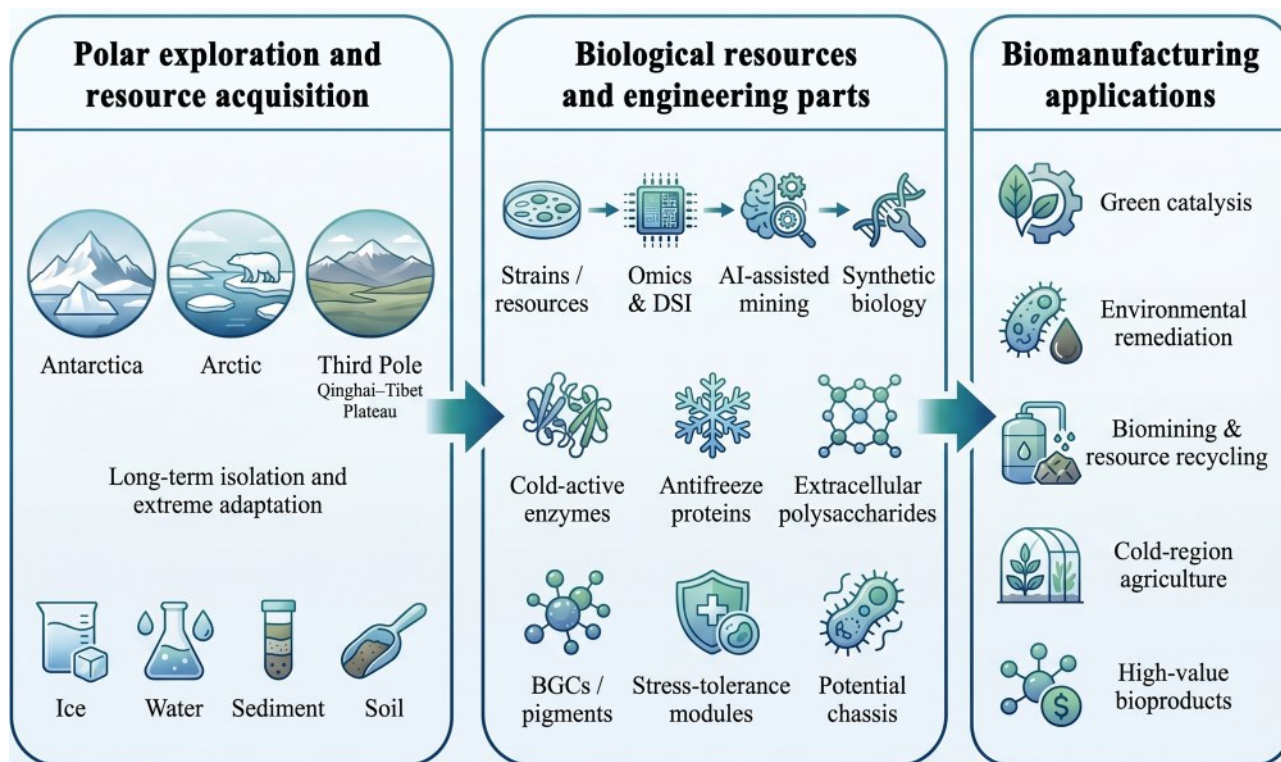
收稿日期: 2026-04-29 修回日期: 2026-07-16

基金项目: 兰州大学人才科研基金 (561120220); 国家自然科学基金 (32300049 和 32370110); 甘肃省自然科学基金 (24JRRA519)

引用本文: 季晶, 张伦源, 王正, 徐虎, 郑晗冰, 谢秉幸, 丁海涛, 李祥锴. 从“极地探索”到“极地生物制造”: 中国极地微生物资源的开发利用与前景[J]. 合成生物学, 2026, 7. DOI: 10.12211/2096-8280.2026-030

Citation: Ji Jing, ZHANG Lunyuan, WANG Zheng, XU Hu, ZHENG Hanbing, XIE Bingxing, DING Haitao, LI Xiangkai. From “polar exploration” to “polar biomanufacturing”: the development, utilization, and prospects of China’s polar microbial resources [J]. Synthetic Biology Journal, 2026, 7. DOI: 10.12211/2096-8280.2026-030

originate from ecosystems shaped by long-term geographic isolation and multiple environmental stresses, including low temperature, freeze-thaw cycles, oligotrophy, high salinity, strong ultraviolet radiation, and low oxygen availability. These evolutionary and ecological processes have generated a wide range of unique functional genes, metabolic pathways, and adaptive traits, making polar microorganisms valuable sources of cold-active enzymes, antifreeze and ice-binding proteins, extracellular polysaccharides, pigments, biosynthetic gene clusters (BGCs), stress-tolerance modules, and potential non-model chassis. However, their practical utilization remains constrained by fragmented resource collections, low culturability, insufficient functional validation, incomplete integration of digital sequence information (DSI), limited genetic toolkits, and underdeveloped biosafety and governance frameworks. Following the theme of "from polar exploration to biomanufacturing", this review summarizes the development of China's polar microbial resource system across Antarctica, the Arctic, and the Third Pole. We first describe the resource acquisition network established through Chinese polar research stations, icebreaker expeditions, Arctic observation programs, and long-term investigations of the Qinghai-Tibet Plateau cryosphere, and discuss the complementary roles of the three polar regions in resource discovery, ecological research, functional validation, and engineering translation. We then review the accumulation of cultivable microbial resources, including bacteria, actinomycetes, yeasts, filamentous fungi, and microalgae, together with advances in functional genes, BGCs, stress-resistance modules, and emerging chassis candidates. Particular attention is given to the transition from physical samples and strain collections to genome catalogs, metagenome-assembled genomes, multi-omics datasets, and DSI platforms, which are enabling data-driven discovery and synthetic biology-guided reconstruction of polar functional resources. The potential applications of these resources in low-temperature industrial processes, environmental remediation and resource recycling, cold-region agriculture, high-value bioproduct development, biomining and one-carbon (C1) biomanufacturing are further discussed in relation to China's environmental and low-carbon development needs. Finally, future priorities are proposed, including coordinated sampling and preservation, phenotype annotation, artificial intelligence (AI)-assisted resource mining, non-model chassis engineering, automated design – build – test – learn workflows, process scale-up, techno-economic assessment, lifecycle analysis, biosafety evaluation, and international governance coordination.



Overall, polar microbial resources provide an expanding foundation for the discovery, validation, and engineering of functional biological components and may contribute to future environmental sustainability, low-carbon transition, and advanced biomanufacturing.

Keywords: polar microorganisms; Third Pole; biomanufacturing; cold-active enzymes; environmental synthetic biology; digital sequence information

生物制造 (Biomanufacturing) 是利用微生物、细胞及其生物组分实现物质转化与产品合成的技术体系, 而合成生物制造 (Synthetic Biomanufacturing) 则进一步依托合成生物学, 通过理性设计和工程化改造生物元件、代谢通路与底盘细胞, 实现目标产物的高效、精准和可持续制造。凭借绿色、低碳和可持续等优势, 合成生物制造正逐渐成为替代传统化工的重要技术路径。然而, 现有合成生物制造体系仍普遍面临过程能耗高、底盘细胞抗逆性不足、复杂工况下稳定性差以及对低温、高盐、低营养等非常规环境适应能力有限等瓶颈^[1-3]。如何挖掘并构建兼具环境耐受性、过程稳健性和资源利用效率的新型生物元件、功能模块与底盘体系, 已成为推动下一代合成生物制造发展的关键科学问题^[3, 4]。

极地微生物作为典型和特殊的极端环境资源, 为破解上述瓶颈提供了新的可能^[5]。与高温、高盐、高渗等其他极端生态系统相比, 极地冰冻圈生态系统具有长期地理隔离、环境波动缓慢以及多重胁迫共同作用等特点。特别是南极大陆自约3400万年前与其他大陆彻底分离, 并在长期低温环境下形成相对独立的演化过程; 部分冰下湖、海冰和永久冻土等生境还经历了更长时间尺度的隔离与筛选^[6]。因此, 极地微生物不仅反映了对低温环境的适应, 更记录了长期地理隔离和独立演化形成的遗传与功能分化过程。近年来的宏基因组和单细胞基因组研究表明, 极地环境中存在大量与现有数据库差异显著的潜在新物种、新基因和未充分解析的代谢途径。这些资源不仅富集冷活性酶、抗冻蛋白 (AFP)、胞外多糖 (EPS)、色素和隐性次级代谢基因簇等可开发分子资源, 还蕴含与膜流动性调控、氧化胁迫应答、低温氮硫代谢及复杂环境耐受相关的底盘性状和调控

模块, 为新型生物元件、功能模块和非模式底盘开发提供了独特资源基础^[7-9]。随着宏基因组学、单细胞基因组学和多组学分析的进展, 扩大了对极地包括未培养微生物及其潜在的新功能基因的研究范围^[10, 11]。目前有兰州大学主导的三极冰川原核生物基因组与基因数据库已整合6万多个原核生物扩增子测序数据, 以及超过6000万个独特的基因和4500个源自冰冻圈样本的原核生物基因组资源^[12]。最新研究进一步表明, 极地微生物资源具有明显的地理隔离性和演化性: 例如, 南极西南极冰盖 Mercer Subglacial 湖研究从水体和沉积物中解析出1374个单细胞扩增基因组 (SAGs), 显示其微生物群体具有显著遗传隔离和复杂代谢潜力^[13]; 宏基因组测序显示, 南极半岛欺骗岛捕鲸者湾的微生物群落蕴藏着丰富的生物合成基因簇 (BGCs), 其中鉴定出的578个非核糖体肽合成酶 (Nonribosomal Peptide Synthetases, NRPS), 只有7%与已知的NRPS相匹配^[14]。这些发现说明, 极地微生物不仅是极端条件下的“生存者”, 更是可为新型合成生物制造提供候选功能资源与天然模块库。

对中国而言, 极地微生物资源开发不仅具有科学价值, 也具有鲜明的战略意义。2024年2月7日, 习近平总书记在致中国南极秦岭站的贺信中强调, 要“更好地认识极地、保护极地、利用极地, 为造福人类、推动构建人类命运共同体作出新的更大的贡献”^[15]。这一重要论述为新时代我国极地事业发展提供了根本遵循。依托南极长城站、中山站、秦岭站、北极黄河站、“雪龙”号和“雪龙2”号, 以及第三极 (青藏高原) 独特的冰川、冻土和高寒湖泊生态系统, 中国已形成覆盖南极、北极和第三极的极地资源获取与研究体系^[16]。这使我国具备了开展极地资源开发及其向合成生物

制造转化研究的基础条件，并为绿色制造、低温催化、一碳（one-carbon, C1）转化、环境修复和极地保护等方向提供了资源和平台支撑。

本文围绕中国极地微生物资源的开发利用展开综述，首先梳理我国极地与第三极微生物资源的获取基础、保藏体系及数字化进展，进而总结赋能合成生物制造的极地“工具箱”，包括冷活性酶、AFP、次级代谢潜力及可工程化底盘与模块，随后讨论其在绿色制造、低碳转化和环境修复等领域的应用前景。本文将极地微生物及其功能基因、代谢通路、调控元件和耐受模块为资源基础，并通过合成生物学和过程工程实现功能重构与应用转化的生物制造模式称为“极地生物制造”，即极地微生物驱动的合成生物制造。最后结合人工智能、自动化、生物安全与资源治理等问题，提出中国极地生物制造的发展路线图。

1 中国极地微生物资源从科考样本到数字资源

在我国极地研究不断深化的背景下，极地微生物资源的认识正在由单纯的物种发现和环境描述，转向围绕资源获取、保藏、解析与开发利用的系统布局。依托南极、北极和第三极三类冰冻圈平台，我国已逐步形成由科考平台、样本积累、菌株保藏、序列解析和功能挖掘构成的资源体系。这种跨区域、跨生境的连续布局，使我国具备了极地微生物资源长期积累和系统转化的独特优势，并推动极地研究由探索型科考进一步走向资源型科考。

1.1 我国极地科考与资源获取体系

我国极地微生物资源获取体系建立在持续拓展的科考平台基础之上。到2024年我国极地考察四十周年时，已累计组织开展40次南极考察、13次北冰洋考察和20次北极黄河站年度考察，形成了以“雪龙”号和“雪龙2”号为海上平台，南极长城站、中山站、秦岭站以及北极黄河站等为支撑节点的综合保障能力^[17]。南极方向，长城站、中山站、秦岭站以及“雪龙”、“雪龙2”等海陆协

同平台，使我国能够持续获取海冰、雪样、海水、沉积物、湖泊和极地陆生生态系统等多种典型生境样本^[18]；北极方向，黄河站和持续开展的北极航次则为海冰-海洋-陆地界面样本的长期积累提供了支撑^[19]。对微生物资源研究而言，这种“船-站-航次”一体化网络使我国具备了跨季节、跨纬度和跨生境的连续采样能力。与南北极相比，青藏高原冰川、冻土、湖泊、冰缘前沿和高寒湿地同样承受低温、低氧、强紫外和大温差等环境压力，但又具有更高可达性和更连续的采样条件，因此特别适合开展长期、重复和对比性的样本获取^[20]。我国极地科考依托南极长城站、中山站、秦岭站，北极黄河站，“雪龙”号和“雪龙2”号，以及青藏高原第三极冰川、冻土和高寒湖泊生态系统，已形成覆盖南极、北极和第三极的极地微生物资源获取体系；第三极因可达性较高、采样连续性较强和生境类型丰富，在连接资源获取、功能验证和资源转化方面具有独特优势（图1）。

这种南极-北极-第三极协同布局的意义，不仅在于样本来源更广，更在于它正在改变我国极地研究的资源组织方式。南极更适合揭示长期地理隔离和封闭演化塑造的独特资源空间，北极有利于比较海冰、海洋和陆地之间的跨界联系，而第三极则提供了最现实的高寒近场系统，使我国能够把极地研究从远距离、间断式取样逐步延展到连续监测的冰冻圈样本体系^[13, 21]。近年来，这一点已经开始在数据层面显现：围绕第三极冰川、水体和沉积物，我国研究者已相继建立面向冰川的青藏高原冰川基因组与基因目录（Tibetan Glacier Genome and Gene catalog, TG2G）、面向高原水生态系统的青藏高原微生物目录（Tibetan Plateau Microbial Catalog, TPMC），以及面向沉积物的青藏高原沉积物微生物目录（Tibetan Plateau Microbial Catalog of Sediment, TPMC-S），分别覆盖21条冰川的85个宏基因组与883个培养分离株基因组、6类水生态系统的498个宏基因组，以及248个沉积物宏基因组^[22, 23]。由此可见，第三极已成为我国开展系统化资源调查和目录化组织的重要研究区域。此外，三类平台的协同，使我国极地微生物资源研究不再依赖单点、单季或单环境样本，而是逐步走向具有体系性、对比性和可

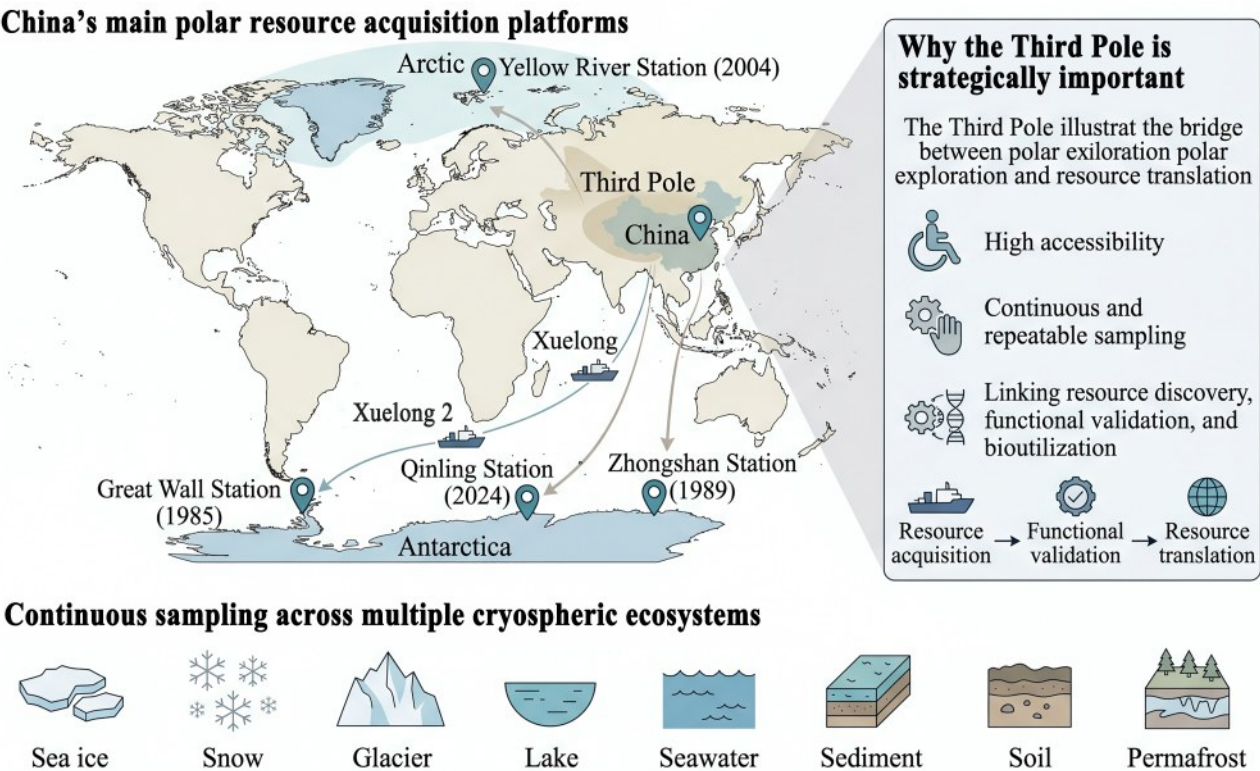


图1 中国极地微生物资源获取体系与第三极战略支点

Fig. 1 China's polar microbial resource acquisition system and the strategic role of the Third Pole

重复性的多源采集格局。

尽管南极、北极和第三极均属于低温环境，但其形成背景、环境选择压力和微生物资源特征并不完全相同。南极长期地理隔离程度最高，孕育了大量具有系统发育独特性的低温适应微生物及潜在新功能基因；北极则同时受到海冰变化、冻土退化和人类活动影响，具有较强的环境梯度和资源异质性；第三极以高海拔、强紫外辐射、昼夜冻融循环和盐湖广泛分布为特点，在耐辐射、耐冻融、耐盐及寡营养适应等方面形成了独特功能资源（表1）。相比南北极，第三极更具连续采样、长期监测和功能验证优势，可作为连接资源发现、工程化研究和场景应用的重要近场平台。因此，三极资源并非简单重复，而是在资源发现、环境适应机制解析、功能验证和工程转化等环节形成明显互补：南极侧重独特生境中的新功能资源发现，北极侧重全球变化背景下的生态过程与环境响应研究，第三极则更适合开展连续观测、梯度比较和工程验证，共同构成极地微生物资源开发与利用的重要基础。

表1 三极微生物资源平台的特点及互补优势

Table 1 Features and complementary advantages of the tripolar microbial resource platform			
比较维度	南极	北极	第三极
主要科学价值	长期隔离生境中的新功能资源发现	气候变化与寒区生态过程研究	功能验证与工程转化
代表资源	冷活性酶、AFP/IBP、EPS、新型BGCs	羟降解菌、碳氮循环微生物、海冰功能模块	耐冷促生菌、放线菌BGCs、耐盐耐紫外模块
典型适应机制	冷适应、冰结合、抗氧化	冻融耐受、污染物降解、温室气体循环	低温-低氧-强紫外协同适应
采样与监测条件	科考窗口有限	受气候变化和人类活动影响显著	可连续采样和长期监测
生物制造价值	提供新型功能元件	提供环境适应机制	提供工程验证和应用场景
战略定位	远场资源发现	远场生态过程研究	近场验证与转化支点

注：AFP，抗冻蛋白（antifreeze protein）；IBP，冰结合蛋白（ice-binding protein）；EPS，胞外多糖（exopolysaccharide）；BGCs，生物合成基因簇（biosynthetic gene clusters）。

1.2 菌株、功能资源与保藏平台

在资源积累层面，我国极地微生物研究已经从科考样品采集逐步走向实体资源与数字资源协同建设。中国极地研究中心自1998年起持续从南、北极海水、海洋沉积物、土壤、湖泊、雪冰等样品中开展微生物分离培养^[24]。按原有统计口径，到2021年前后相关团队已从各类极地样品中累计分离到近万株微生物；在标准化保藏和共享层面，极地微生物种质资源库（Polar Microorganisms Collection of China, PMCC）和升级后的极地基因库进一步推进了菌株、组织样本和环境基因样本的统一管理（<https://genbank.chinare.org.cn/pbgd/>）。中国极地研究中心2025年公开信息显示，升级后的极地基因库已完成3500余株极地微生物标准化保藏并上线3059条菌株标准化信息，资源覆盖185个属。其真正重要之处，并不只是保存了多少菌株，而在于这些资源开始呈现出较为清晰的功能轮廓：一方面，假单胞菌（*Pseudomonas*）、假交替单胞菌（*Pseudoalteromonas*）、嗜冷杆菌属

（*Psychrobacter*）、海栖单胞菌（*Marinomonas*）、稀有放线菌以及多种极地酵母和微藻等代表类群不断被分离、鉴定和保藏^[25]；另一方面，冷活性酶、AFP、EPS、色素、次级代谢基因簇以及耐盐、耐金属、抗氧化和生物膜形成等环境耐受模块，也正在从菌株层面被逐步识别出来^[26, 27]。为避免仅以概念列举方式描述极地菌株与功能资源，本文进一步按资源类别、代表类群、来源生境、功能特征和证据层级进行梳理（表2）。

从表2可见，中国极地和第三极可培养微生物资源已从菌株数量积累进入功能基因、BGCs、耐受模块和潜在底盘识别的阶段^[14]。其中，PMCC和极地基因库提供了可追溯的实体资源基础；南北极代表类群为低温催化、环境耐受和天然产物发现提供了候选模块^[36]；第三极资源则在北部盐湖放线菌、*Streptomyces* sp. QHH-9511、*Exiguobacterium* sp. KRL4和冰芯来源*Cryobacterium*等案例中显示出近场采样与功能验证优势^[35, 37, 38]。总体而言，当前中国极地微生物资源更宜被定义为“菌株-功能基因-生物合成基因簇-耐受模块相互关联的资源

表2 极地代表性可培养微生物资源及功能特征

Table 2 Representative culturable microbial resources and functional characteristics in polar regions

资源类别/类群	菌株或资源规模	主要来源/生境	已报道功能资源	特性或工程价值	证据层级	参考文献
PMCC及极地基因库	累计分离近万株极地微生物；标准化保藏3500余株，覆盖185个属	南极、北极海水、沉积物、土壤、湖泊、雪冰等	菌株资源、环境元数据、基因资源	为资源共享、多组学分析和功能筛选提供基础平台	资源保藏/分离鉴定	[24]
<i>Pseudomonas</i> 、 <i>Pseudoalteromonas</i>	PMCC代表类群，数量未系统披露	南北极海水、海冰、沉积物	冷活性蛋白酶、脂肪酶、EPS、表面活性剂	低温催化、环境修复和工业酶开发	实验室功能验证	[27-29]
<i>Psychrobacter</i> 、 <i>Marinomonas</i>	PMCC代表类群，数量未系统披露	海冰、海水、冻土及低温沉积物	适冷相关酶系、环境耐受模块	潜在耐冷底盘和低温生物催化资源	实验室功能验证	[27, 30]
极地放线菌及稀有放线菌	多属可培养资源	南极土壤、沉积物及海洋环境	PKS/NRPS、BGCs、天然产物	抗菌活性物质和新型天然产物发现	实验室功能验证	[31]
极地酵母和真菌	多个属和种被分离保藏	南极土壤、藻际及湖泊环境	色素、胞外酶、抗氧化代谢物	天然色素和高附加值产物开发	实验室功能验证	[32]
极地微藻	硅藻、绿藻等资源持续积累	海冰、雪冰、极地海水和湖泊	PUFAs、类胡萝卜素、低温适应功能基因	功能食品、生物材料和色素开发	资源保藏/分离鉴定	[33]
第三极盐湖放线菌	255株，隶属21属	青藏高原北部盐湖沉积物	抗菌次级代谢物、芳香族聚酮	天然产物发现与活性分子挖掘	实验室功能验证	[34]
第三极代表菌株	<i>Streptomyces</i> QHH-9511、 <i>Exiguobacterium</i> sp. KRL4、 <i>Cryobacterium</i> spp.	青海湖地衣、冰川沉积物和冰芯环境	36个候选BGCs、芳香族聚酮、环境耐受模块及活性代谢物	功能基因、BGCs和潜在工程模块挖掘	基因组预测/实验室功能验证	[34, 35]

注：PMCC，极地微生物种质资源库（Polar Microorganisms Collection of China）；EPS，胞外多糖（exopolysaccharide）；PKS，聚酮合酶（polyketide synthase）；NRPS，非核糖体肽合成酶（nonribosomal peptide synthetase）；BGCs，生物合成基因簇（biosynthetic gene clusters）；PUFAs，多不饱和脂肪酸（polyunsaturated fatty acids）。

体系”，其中多数资源仍处于分离鉴定、基因组预测或实验室功能验证阶段，距离工程化放大和产业化应用仍需进一步的表达、工艺和安全性验证。

需要强调的是，菌株保藏平台的价值不仅体现在保存规模，还体现在是否能够支撑后续再利用和再开发。随着PMCC和极地基因库对菌株、宏生物组织样本、环境基因样本及元数据的整合，我国极地资源保藏正在从传统菌株库升级为覆盖实体样本、序列信息和环境背景的综合资源平台^[24]。若后续进一步将培养条件、功能表型、基因组、BGCs和样品许可信息纳入统一标准，将更有利于多组学解析、人工智能辅助挖掘和合规工程转化。

1.3 极地资源数字化的新阶段

如果说菌株保藏代表的是极地资源的实体基础，那么数字序列信息（Digital Sequence Information, DSI）正在成为极地资源开发的新核心。近年来，我国极地研究最明显的变化之一，就是不再满足于通过科考获取样品和分离菌株，而开始系统建设面向基因组、功能基因和环境元数据的数字化资源体系（图2）。最具代表性的案例是由中国团队构建的全球冰川原核生物基因组与基因数据库（Global Glacier Genome and Gene Database, 4GDB）^[12]。该数据库整合了南极、北极和青藏高原冰川样品的扩增子、培养菌株基因组和宏基因组数据，当前已包含64,510个原核扩增子分型单元、62,595,715条非冗余基因以及4501个原核基因组，较此前公开数据实现了35.5%的扩展。更重要的是，4GDB不只是一个数据仓库，还提供了与碳水化合物活性酶、氮循环、硫循环和冷适应相关功能基因的结构化注释，从而把极地资源由静态样本转化为可检索、可比较和可挖掘的功能数据库。针对第三极的数据库TG2G目录中，已经把21条青藏高原冰川的85个宏基因组和883个培养分离株基因组整合为一个专门的冰川基因组与基因目录^[22]；进一步扩展到高原水生态系统后，TPMC又将498个宏基因组组织为32,355个宏基因组组装基因组（Metagenome-Assembled Genomes, 简称MAGs）、10,723个代表物种、近3亿个非冗余基因簇和73,864个BGCs^[39]；而TPMC-S则显示，第

三极沉积物中还保存着13,696个MAGs、5.11亿条非冗余基因以及大量可能代表古老谱系的微生物^[23]。这些目录的建立说明，我国极地微生物研究已经从获得样本逐步进入组织数据、比较数据并从中发现功能的新阶段。与中国极地基因库和第三极基因目录建设相对应，国际上近年来也相继建立了Southern Ocean Gene Catalogue、Arctic MAGs数据集以及多个极地环境宏基因组资源库，推动极地微生物研究从菌株资源积累逐步向数字资源驱动转变^[40, 41]。

极地资源数字化的价值还体现在它不断强化独特遗传空间这一认识。Faure等人基于218个宏基因组样本构建了南大洋微生物基因集，结果显示约38%的基因在现有参考海洋基因目录中缺乏同源序列，提示极地资源并不是普通海洋微生物在低温下的一个分支，而是包含大量未被现有数据库充分覆盖的新基因空间^[40]。2025年关于西南极冰盖Mercer亚冰下湖的单细胞基因组研究进一步表明，该系统中解析得到的1374个SAGs与基因组分类数据库（Genome Taxonomy Database, GTDB）中最近参考基因组的平均核苷酸一致性（average nucleotide identity, ANI）仅为77.0%，多数基因组很可能对应新的物种或更高层级的新分类单元，并具有明显不同于近缘类群的代谢潜力^[13]。与此同时，TPMC中88%未注释物种、TPMC-S中90%以上新物种等结果表明，第三极也并不是普通微生物库在低温环境中的简单延伸，而是一个仍远未被现有数据库充分覆盖的独特遗传空间^[23]。这些结果共同说明，极地资源数字化的重要价值不仅是单纯积累更多序列，而在于证明极地、尤其是长期隔离的冰冻圈系统，代表着一个仍远未被完全认识的遗传与功能空间。总体来看，中国极地研究正在从以样本采集和菌株分离为主的资源积累阶段，进入以DSI为核心、以功能注释和资源转化为导向的新阶段^[22]。无论是PMCC和极地基因库对实体资源的标准化管理，还是4GDB等数字平台对三极微生物基因组和功能基因的系统整合，都表明中国极地微生物资源研究正在由样本获取和菌株分离逐步向功能解析与资源转化拓展。这一转变，也正是中国极地微生物资源能够从探索对象走向合成生物制造资源的关键前提。

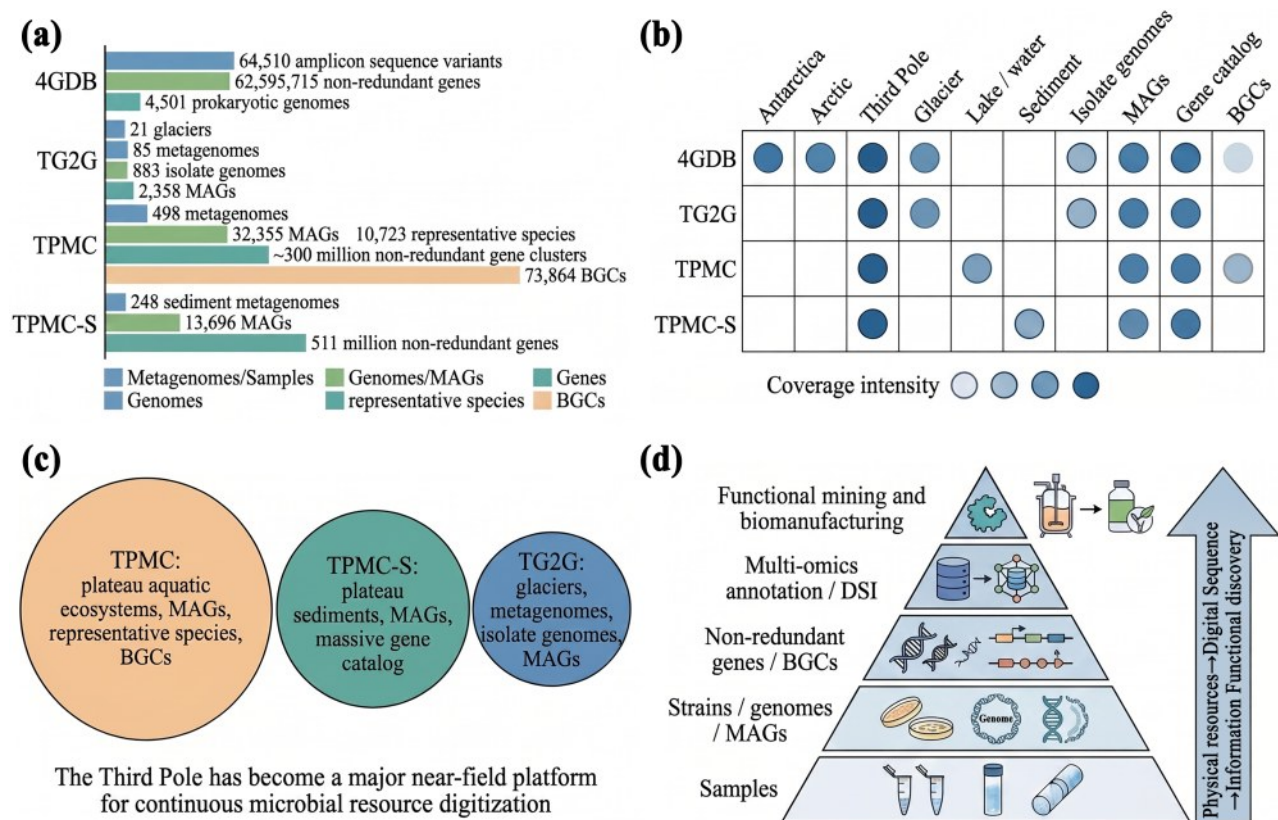


图2 中国极地与第三极微生物资源的数字化图谱^[12, 22, 23, 39]。(a) 主要数字资源平台及其资源规模；(b) 不同平台在区域、生境和数据类型方面的覆盖范围；(c) 第三极数字资源体系的互补组成；(d) 从样本获取到功能挖掘和生物制造转化的层级路径

Fig. 2 Digital landscape of polar and Third Pole microbial resources in China. (a) Major digital resource platforms and their resource scales. (b) Regional, habitat, and data-type coverage of the platforms. (c) Complementary components of the Third Pole digital resource system. (d) Hierarchical transition from sample acquisition to functional mining and biomanufacturing. Abbreviations: 4GDB, Global Glacier Genome and Gene Database; TG2G, Tibetan Glacier Genome and Gene catalog; TPMC, Tibetan Plateau Microbial Catalog; TPMC-S, Tibetan Plateau Microbial Catalog of Sediment; MAGs, metagenome-assembled genomes; BGCs, biosynthetic gene clusters; DSI, digital sequence information

总体来看，中国已初步形成覆盖南极、北极和第三极的极地微生物资源体系，并逐步实现从科考样本、菌株保藏到数字资源和多组学数据库的延伸。其价值不仅在于扩大资源储备规模，更在于构建了“远场资源发现-近场连续采样-数字资源整合-功能验证”的研究链条，为功能基因、生物合成基因簇和环境耐受模块的系统挖掘奠定基础，也为后续工程化开发和生物制造应用提供支撑。

2 赋能合成生物制造的极地工具箱

极地生态系统中由长期环境选择形成的耐冷、

耐盐、抗氧化、底物利用和调控适应能力，可与当前合成生物制造在能耗、稳定性、复杂底物和底盘抗逆性方面的瓶颈形成对应关系，从而为极地工具箱的构建提供逻辑基础（图3）。但极地微生物资源能否从样本和菌株走向合成生物制造，关键不在于简单地把极地微生物直接搬入工业体系，而在于能否将其长期适应低温、冻融、强紫外、寡营养和高盐等环境压力所形成的能力，转化为可识别、可表征、可重构的工程模块^[42, 43]。换言之，极地资源开发的核心任务，是从天然适应中提炼出能够服务合成生物制造的工具箱，包括低温催化酶、冷保护分子、环境耐受模块、次级代谢基因簇以及适合复杂工况的潜在底盘^[3]。

近年来,多组学、基因组挖掘、结构预测和合成生物学工具的发展,使极地功能资源不再只是依赖传统培养和单酶筛选,而开始进入序列发现、功能预测、异源表达和定向改造相结合的新阶段^[11, 44, 45]。南极细菌适应性研究表明,极地微生物

的优势并不局限于低温生长,而体现在膜结构调整、EPS生成、抗氧化反应、冰结合蛋白、冷活性酶和多重胁迫响应等一整套系统性适应策略中,这些特征正是构建极地生物制造工具箱的基础^[27]。

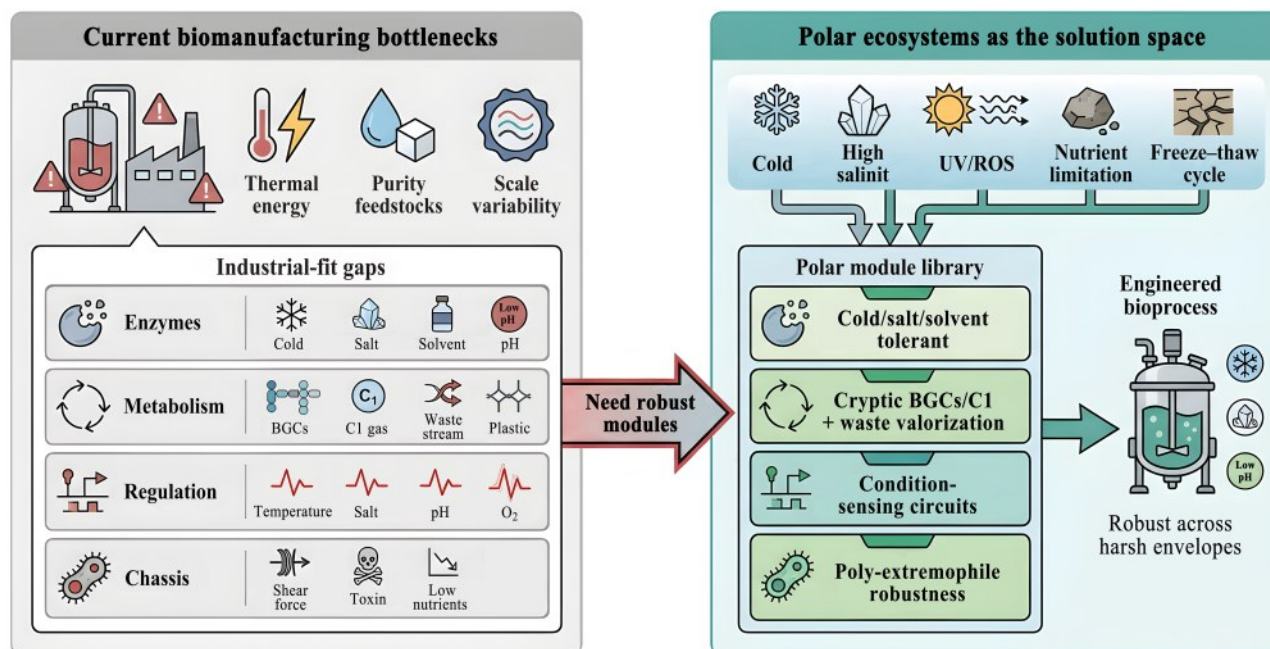


图3 极地天然适应系统为合成生物制造瓶颈提供模块化解决思路

Fig. 3 Polar natural adaptation systems offer modular solutions to bottlenecks in biomanufacturing. Abbreviations: BGCs, biosynthetic gene clusters; C1, one-carbon; UV, ultraviolet; ROS, reactive oxygen species

2.1 低温催化的核心元件

在现有极地功能资源中,冷活性酶是证据链最完整、最接近实际应用的一类资源^[46]。近年来,相关研究已形成从资源发现、结构解析、蛋白工程和异源表达,到工艺优化和场景验证的连续技术路线^[47, 48]。与中温酶相比,冷活性酶通常在低温或中低温条件下保持较高催化效率,并具有较高分子柔性和较低热稳定性^[49]。这种特征使其能够在较低温度下完成水解、转化和修饰反应,从而减少加热需求,保护热敏性底物,并在反应结束后通过温和升温实现失活^[50]。已有综述指出,冷活性酶已在食品加工、乳糖水解、低温洗涤、生物转化、废水处理和环境修复等领域开展应用研究,并表现出节能和降低碳排放的潜力^[51]。对于极地生物制造而言,冷活性酶的价值不仅是提供单个催化剂,更在于为低温或常温条件下的工

艺提供了可替代高温过程的技术入口。

我国前期积累的南极、北极和第三极资源,为冷活性酶筛选提供了较好的基础。南极和北极来源的 *Pseudoalteromonas*、*Pseudomonas*、*Psychrobacter*、放线菌和极地真菌等类群中,已经报道了蛋白酶、脂肪酶、淀粉酶、纤维素酶、木聚糖酶、几丁质酶和 β -半乳糖苷酶等多种低温酶资源(表3)^[28, 36, 52, 53]。第三极则提供了新的数字挖掘路径,例如基于青藏高原基因目录的计算筛选,已经能够直接获得具有低温食品转化潜力的 psychrophilic cellobiose 2-epimerase,说明冷酶发现正在从传统分离筛选扩展到基因目录驱动的计算挖掘^[54]。未来,冷活性酶研究需要进一步从发现走向工程化,重点提升其表达量、稳定性、底物适应性和在真实工艺体系中的耐受性,使其真正成为低温合成生物制造中的标准化催化元件^[55]。

表3 极地微生物功能资源及其合成生物制造应用方向

Table 3 Functional resources of polar microorganisms and their biomanufacturing applications

功能资源	代表来源/类群	关键特征	潜在应用	当前短板	参考文献
冷活性酶	<i>Pseudoalteromonas</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Psychrobacter</i> , 极地真菌	低温高活性, 高柔性, 热稳定性偏低	食品、洗涤、低温生物转化、废水处理	高温条件下易失活; 异源表达常形成包涵体或活性降低; 低温发酵周期长; 与现有工业工艺的pH、盐度和反应体系匹配性不足	[28, 52]
AFP/IBP	极地细菌、酵母、藻类	抑制冰晶生长和重结晶	冷冻食品、细胞保存、抗结冰材料	重组表达产量普遍较低; 活性评价标准尚不统一; 高纯度制备成本较高; 食品和医药领域法规路径尚不明确	[56, 57]
EPS/多糖	<i>Pseudoalteromonas</i> 等	冷保护、抗冻融、抗盐胁迫	冷保护剂、食品、材料、底盘保护	结构组成复杂且易受培养条件影响; 产率偏低; 提取纯化成本较高; 构效关系和质量控制体系仍不完善	[58]
色素/抗氧化物	极地酵母、真菌、细菌	抗氧化、光保护	天然色素、化妆品、光防护材料	发酵产量和稳定性有待提升; 活性成分及作用机制研究不足; 毒理安全性和产业化评价数据有限	[59]
BGCs/天然产物	放线菌、真菌、冰川/盐湖菌株	新型PKS、NRPS和RiPP等	抗菌、抗肿瘤、抗氧化分子	多数BGCs处于沉默状态; 天然宿主遗传操作困难; 活性产物难以表达和分离; 从基因簇到活性化合物的验证周期长	[60]
表面活性剂	适冷细菌	乳化疏水污染物, 促进降解	油污修复、石油采收、工业助剂	发酵产量偏低; 纯化成本较高; 复杂盐度和温度条件下稳定性不足; 与商业表面活性剂相比成本优势尚不明确	[61]
耐受模块/底盘	适冷 <i>Pseudomonas</i> 、 <i>Actinomycetes</i> 、极地酵母、第三极菌株	耐冷、耐盐、耐金属、抗氧化	低温发酵、环境修复、寒区制造	遗传操作体系缺乏; 启动子和表达元件储备不足; 基因编辑效率较低; 发酵工艺和规模化培养参数尚未建立	[62]

注: AFP, 抗冻蛋白 (antifreeze protein); IBP, 冰结合蛋白 (ice-binding protein); EPS, 胞外多糖 (exopolysaccharide); BGCs, 生物合成基因簇 (biosynthetic gene clusters); PKS, 聚酮合酶 (polyketide synthase); NRPS, 非核糖体肽合成酶 (nonribosomal peptide synthetase); RiPP, 核糖体合成及翻译后修饰肽 (ribosomally synthesized and post-translationally modified peptide)。

2.2 抗冻蛋白、胞外多糖与极地生物材料

极地微生物能够在冻结、冻融和低水活度环境中维持生命活动, 依赖的不只是单个冷活性酶, 而是一系列细胞保护和环境耐受机制^[63]。AFP和冰结合蛋白 (ice-binding protein, IBP) 能够吸附在冰晶表面, 抑制冰晶生长和重结晶, 从而减少冰晶对细胞和组织的损伤^[56]; EPS则可在细胞外形成保护层, 降低冰晶、盐分和氧化胁迫对细胞的影响^[58]; 类胡萝卜素、黑色素和抗氧化物质可缓冲强辐射和活性氧压力^[59]; 兼性溶质、膜脂调整和生物膜形成则共同帮助细胞维持渗透压、膜流动性和群体稳定性^[64]。近年来关于微生物AFP的研究指出, AFP/IBP不仅是冷适应的重要分子机制, 也已经显示出在食品、农业和医药低温保存中的应用潜力^[65]。

这些冷保护与耐受模块对合成生物制造具有两方面意义。第一, 它们可直接作为产品或材料,

例如用于冷冻食品保鲜、细胞与组织低温保存、抗结冰材料和低温保护剂开发^[66]。第二, 它们可作为底盘改造元件, 用于提升工程菌在低温、高盐、冻融、氧化压力或复杂环境中的稳定性^[67]。南极细菌适应性研究表明, 极地微生物常通过膜脂组成改变、EPS分泌、脂多糖结构调整、氧化胁迫响应和冰结合蛋白表达等多层次策略维持细胞功能, 这为设计耐受型底盘提供了自然模板^[27]。未来的极地合成生物学不应只关注冷活性酶的异源表达, 还应系统挖掘这些保护模块, 并将其与启动子、调控元件和代谢通路一起纳入标准化元件库, 从而提高细胞工厂在非理想工况下的鲁棒性。

2.3 高价值次级代谢产物与隐性生物合成潜力

除了酶和保护分子, 极地微生物还蕴含大量尚未开发的次级代谢潜力。长期低温、寡营养、

强辐射和空间隔离可能使极地微生物在竞争、防护和信号交流过程中形成独特的代谢产物^[33]。随着 antiSMASH (antibiotics and Secondary Metabolite Analysis Shell)、BiG-SCAPE (Biosynthetic Gene Similarity Clustering and Prospecting Engine) 和 MIBiG (Minimum Information about a Biosynthetic Gene cluster) 等基因组挖掘工具的应用, 极地天然产物研究开始从传统活性筛选扩展到 BGCs 系统挖掘^[68]。格陵兰冰盖微生物组研究基于 133 个高质量 MAGs 和 28 个全基因组发现了大量 BGCs, 并显示不同冰面生境之间的合成潜力重叠较少, 提示冰盖微生物具有生境特异性的化学多样性; 其中相当一部分 BGCs 功能未知, 说明冰冻圈仍存在大量未被解析的天然产物空间^[60]。

第三极在这一方向同样具有很强潜力。青藏高原北部盐湖沉积物中分离的放线菌已经被用于抗菌活性筛选和代谢组学分析, 研究从 255 株放线菌中筛得具有拮抗活性的菌株, 并进一步结合基因组挖掘发现与芳香族聚酮类化合物相关的 BGCs; 其中部分菌株含有多个聚酮合酶 (Polyketide Synthase, PKS)、NRPS 和孤儿基因簇, 提示仍有更多沉默或低表达的代谢潜力有待激活^[34]。更大尺度的 TPMC 还显示, 青藏高原水生生态系统中包含 73, 864 个 BGCs, 其中约一半为新型 BGCs^[39]。这些结果说明, 第三极不仅能够提供新的菌株和酶资源, 也正在成为新型 BGCs 和活性代谢物发现的重要空间。

2.4 极地底盘与可编程模块

极地资源进入生物制造, 最终需要经过工程化重构。短期来看, 更可行的路径是将极地来源酶、保护蛋白、BGCs 或耐受模块移植到 *Escherichia coli*、酵母、*Bacillus*、*Pseudomonas* 等遗传工具成熟的底盘中, 通过异源表达、启动子优化、密码子优化、蛋白工程和代谢通路重构实现功能放大^[69]。近年来, 极地非模式底盘的工程化开发也开始取得进展。南极来源 *Pseudomonas* sp. 已被用于构建适用于低温菌的标准欧洲载体架构 (Standard European Vector Architecture, SEVA) 系列质粒载体、启动子和荧光报告系统, 实现了

外源基因表达和遗传元件表征, 表明极地耐冷菌具有进一步开发为可编程底盘的潜力^[5]。与此同时, *Psychrobacter*、*Pseudoalteromonas* 和 *Shewanella* 等适冷或嗜冷菌也被广泛用于低温生理研究和异源表达体系开发, 为低温条件下的功能验证和底盘构建提供了基础^[30, 70]。此外, 虽然 *Halomonas bluephagenesis* 和 *Methylobacterium buryatense* 并非极地来源菌株, 但其作为非模式底盘实现工业化开发的成功经验, 为极地菌复制子筛选、启动子表征、成簇规律间隔短回文重复序列 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats, CRISPR) 工具适配及过程工程优化提供了重要参考^[71, 72]。

中长期来看, 仍需进一步开发更适合低温、盐胁迫、氧化压力和复杂底物体系的极地原生底盘, 包括适冷 *Pseudomonas*、*Pseudoalteromonas*、*Actinomycetes*、极地酵母以及第三极来源耐受菌株等^[62]。与传统模式菌相比, 这类底盘有望保留天然形成的低温适应和环境耐受特征, 从而更好地服务于低温发酵、环境修复、天然产物合成和寒区现场制造等特殊场景^[73]。对于中国而言, 第三极丰富的菌株和 MAGs 资源更适合作为耐冷启动子、冷激蛋白、AFP/IBP、膜脂调控、EPS 和抗氧化模块等可编程元件的重要来源, 并逐步向低温底盘开发延伸。

因此, 极地工具箱建设应从三个层面推进: 一是继续扩大资源发现, 围绕冷活性酶、AFP、EPS、BGCs 和耐受模块建立高质量候选库; 二是加强标准化表征, 在统一温度、盐度、pH、冻融和氧化胁迫条件下比较模块性能; 三是推动合成生物学重构, 将极地模块与通用底盘、原生底盘和自动化设计、构建、测试和学习 (design-build-test-learn, DBTL) 平台连接起来^[74]。只有完成从天然适应到工程模块、从功能基因到底盘系统、从实验验证到工艺场景的连续转化, 极地微生物资源才能真正从资源发现走向极地生物制造。

3 极地资源服务中国环境与低碳需求

极地微生物资源的价值最终需要通过具体应用场景来体现。对于中国而言, 极地资源并非远

离产业体系的基础研究对象，而是有望服务于低温制造、环境修复、资源循环、高寒农业以及高附加值产品开发等领域（表4）^[9]。我国既面临工业过程降能耗、减排和提高资源利用效率的需求，也拥有青藏高原、东北寒区、西北高海拔矿区以及低温水环境等独特场景，为极地资源转化研究提供了现实应用场景。随着极地资源研究从菌株发现逐步走向功能解析和工程化开发，其应用重点也正在从资源挖掘延伸到环境治理、绿色制造和寒区发展等国家需求导向领域^[75]。因此，极地微生物资源的开发不仅是极端环境生物学研究的延伸，更是环境合成生物学和低碳生物制造的重要组成部分。

3.1 低温工业过程与绿色制造

降低工业过程能耗是生物制造绿色转型的重要目标之一。我国食品加工、生物基材料、生物炼制和部分精细化工过程仍依赖加热、冷却和温度调控，能源消耗较高，同时热敏性底物和活性产物在高温条件下容易发生失活或降解^[3]。极地微生物资源提供了一类适用于低温条件运行的天然催化体系，其中冷活性酶能够在较低温度下保持较高催化活性，为构建低温工业过程提供了新

的可能^[83]。

从中国低碳制造需求看，极地资源的意义不仅在于获得新的酶种，更在于推动部分工艺从高温驱动向低温驱动转变。青藏高原基因目录中挖掘获得的适冷 cellobiose 2-epimerase，已经展示出从数字资源发现到食品转化应用验证的路径^[54]；南北极来源的蛋白酶、脂肪酶和糖苷水解酶等，也为乳制品加工、冷水洗涤、低温生物质转化和副产物资源化提供了候选元件^[84-86]。然而，低温运行带来的节能优势并不必然转化为经济优势，冷活性酶能否在工业上替代中温酶，还需要结合酶制剂生产成本、工艺适配性、运行能耗和产品附加值等因素进行综合评价^[55]。未来，随着蛋白工程、异源表达和过程强化技术的发展，极地功能元件有望进一步服务于冷链生物催化、分布式生物制造以及寒区工业过程优化等场景，为低碳制造提供新的技术选择。

需要指出的是，低温运行并不必然等同于经济优势。冷活性酶的实际应用仍受到表达成本、产品稳定性、工艺适配性和规模化生产能力等因素制约。因此，未来除功能发现外，还应加强技术经济评价和场景验证，明确极地资源在不同工业过程中的实际竞争优势。

表4 极地生物制造应用场景、发展成熟度与关键挑战

Table 4 Application scenarios, maturity levels, and key challenges of polar biomanufacturing

应用场景	资源基础	中国需求	技术成熟度	关键挑战	参考文献
低温催化	冷活性酶	降低加工能耗,温和制造	已形成部分商业化产品和工业应用	稳定性和规模化表达	[76]
环境修复	烃降解菌、表面活性剂、降解酶	极地考察污染控制、寒区油污治理	实验室验证及部分场景验证	原位投放和生态风险	[77, 78]
生物冶金	耐冷铁硫氧化菌、耐金属模块	高海拔矿区、尾矿治理	实验室验证	复杂矿物体系适配	[79]
资源循环	冷活性水解酶、PHA生产菌	农废、食品副产物、低温废水	实验室验证	底物复杂、经济性不足	[78]
高寒农业	耐冷促生菌、生防菌	青藏高原和北方寒区农业	田间试验和场景验证	田间稳定性与安全性	[80]
高附加值产品	AFP、色素、BGCs、EPS	冷链、医药、材料、日化	实验室验证至部分产品开发	毒理、产量、法规审批	[31, 81]
C1生物制造	甲烷氧化菌、碳固定模块	双碳目标、碳负排放	概念验证和实验室验证	气体传质与工程放大	[82]

注：PHA，聚羟基脂肪酸酯（polyhydroxyalkanoate）；AFP，抗冻蛋白（antifreeze protein）；BGCs，生物合成基因簇（biosynthetic gene clusters）；EPS，胞外多糖（exopolysaccharide）；C1，一碳（one-carbon）。

3.2 寒区环境修复与资源循环

环境治理和资源循环利用是极地微生物资源最具现实需求的应用方向之一。南北极和第三极均面临油污、半挥发性有机污染物、重金属以及人类活动输入带来的生态风险，而低温环境往往会降低传统微生物降解和化学处理效率^[87, 88]。已有研究表明，极地微生物具有降解石油烃、多环芳烃（polycyclic aromatic hydrocarbons, PAHs）、持久性有机污染物（persistent organic pollutants, POPs）及其他有机污染物的能力，其长期形成的低温适应性使其更适合在寡营养、冻融循环和低温条件下维持代谢活性^[77, 78]。来自北冰洋表层海水的 *Thalassolituus oleivorans* R6-15 是我国北极科考样品中获得的典型烃降解菌，该菌能够利用 C12 - C36 脂肪烃，并在北极原油降解富集体系中占据较高比例，表明我国极地资源体系已经积累了具有环境修复潜力的功能菌株^[89]。此外，*Micrococcus antarcticus* HZ 和 *Pseudarthrobacter* spp. 等极地耐冷细菌能够通过吸附、还原或沉淀作用降低重金属生物毒性，为高寒矿区和尾矿环境修复提供候选资源^[90, 91]；近年来从极地环境中发现的聚酯水解酶和酯酶等功能元件，也显示出对聚对苯二甲酸乙二醇酯（polyethylene terephthalate, PET）等塑料材料降解和资源化利用的潜力，为低温条件下塑料污染治理提供了新的思路^[48]。

极地污染治理通常需要功能菌群、表面活性剂和过程工程协同作用。适冷菌产生的生物表面活性剂和生物乳化剂具有低毒性、可降解性以及提高疏水污染物生物可利用性的特点，可用于污染场地修复、石油采收和环境治理等领域^[61]。南极来源低温表面活性剂研究表明，节杆菌属（*Arthrobacter*）和希瓦氏菌属（*Shewanella*）能够在 4°C 条件下利用柴油、机油和原油生长，并产生具有乳化和油膜置换能力的表面活性物质^[92]。工程化生物堆研究进一步表明，即使在南极低温环境中，通过合理调控仍可实现石油烃污染土壤的持续生物降解，并使总石油烃含量显著下降^[93]。

对于中国而言，寒区环境治理需求并不仅限于极地考察活动。青藏高原冰川退缩区、高海拔矿区、盐湖开发区以及东北寒区均面临低温条件

下污染物降解效率下降和生态恢复周期延长等问题^[94]。极地来源功能菌株及其耐冷代谢模块，不仅可服务极地生态保护，也为寒区油污治理、矿区生态修复、高海拔工程活动和脆弱生态系统恢复提供了新的技术储备。

除污染治理外，资源循环利用同样是寒区环境管理的重要内容。一方面，冷活性酶能够在较低温度下促进木质纤维素、蛋白质、脂质和多糖等复杂底物转化，为农业废弃物、食品加工副产物和低温有机废水资源化提供催化工具^[48, 95]；另一方面，极地和亚极地耐受微生物可为低温矿物浸出、金属回收和固体废弃物资源化提供新的底盘或模块^[79]。耐冷 *Acidithiobacillus ferrooxidans* 的研究显示，来自低温环境的菌株 PG05 和 MC2.2 在 20°C 左右具有明显铁氧化活性，并携带金属耐受、汞抗性和低温适应相关基因^[96]。这说明，在寒冷或高海拔矿区，传统中温生物浸出效率受限的问题，可能通过耐冷铁氧化菌及其工程化改造获得改善。

3.3 生物冶金与 C1 生物制造

除上述已具备较明确应用场景的方向外，极地微生物资源在生物冶金和 C1 生物制造等领域也展现出潜在价值，但总体仍处于实验室验证或概念验证阶段^[97]。对于中国而言，这些方向的重要意义不仅在于开发新的生物制造路线，更在于服务高海拔矿区绿色开发、尾矿治理以及“双碳”目标下的碳资源利用。

在生物冶金方面，极地来源铁硫氧化菌、耐金属细菌及相关耐受模块，为低品位矿、尾矿和寒区酸性矿山排水治理提供了新的技术储备^[98]。与传统高温冶炼相比，生物过程具有能耗低、环境负荷小等特点，在高寒矿区和生态脆弱区具有潜在应用优势。然而，目前多数研究仍集中于菌株筛选、耐受机制解析和实验室条件验证，距离复杂矿物体系下的工程应用仍有较大距离^[99]。

在 C1 生物制造方面，甲烷和二氧化碳等一碳资源为构建低碳甚至负碳生物过程提供了新的可能。部分嗜冷产甲烷菌和甲烷氧化菌能够利用 CH₄ 和 CO₂ 合成 PHA、单细胞蛋白（SCP）等产物^[82]。

例如, 重组甲烷氧化菌 *Methylobacterium buryatense* 5GB1 在高密度培养条件下实现了 21.4 g/L 细胞干重和 1056 mg/L 脂质积累^[72]。尽管现阶段相关研究仍主要集中在代谢机制解析和实验室验证层面, 但其与寒区能源利用、温室气体资源化以及未来碳循环生物经济之间具有较强的关联性, 值得作为极地生物制造的重要战略储备方向持续关注。

3.4 高寒农业与高附加值生物产品

极地资源的另一类重要应用场景, 是服务高寒农业和高附加值产品开发。青藏高原及我国北方寒区农业长期面临低温、贫瘠土壤、养分有效性低和病害压力等问题, 传统微生物肥料和生防制剂在低温条件下往往活性下降^[100]。相比南北极资源, 第三极不仅具有连续采样和长期监测优势, 而且直接连接我国高寒农牧区, 因此更容易形成从资源发现、功能验证到应用示范的完整链条。极地和耐冷植物促生菌可在较低温度下维持促生和拮抗功能, 为高寒农业提供新的微生物投入品^[101]。南极 *Pseudomonas* 研究显示, 25 株分离菌可在 4-30°C 生长, 部分菌株能在低温下溶解磷酸三钙、产生吡啶乙酸、铁载体和氰化氢, 并抑制多种植物病原真菌; 种子接种后, 小麦在 $14 \pm 1^\circ\text{C}$ 条件下根长和苗长显著增加。这类结果为开发寒区生物肥料和生物防治剂提供了可借鉴路径^[80]。

在高附加值产品方面, 极地微生物的天然产物、色素、AFP、PUFAs、抗氧化物和 EPS 具有较高开发潜力。AFP 和冰结合蛋白可用于冷冻食品、细胞保存和低温保护材料^[31, 81]; 类胡萝卜素、黑色素和其他抗氧化分子可服务天然色素、光保护材料和化妆品^[102]; 极地真菌和放线菌来源的 BGCs 则为抗菌、抗肿瘤和抗氧化活性物质提供新的化学空间^[34, 103]。这些方向与中国食品保鲜、冷链物流、生物医药、功能材料和绿色日化产业均有连接, 但也需要避免将资源潜力直接等同于产业成熟度。未来应将极地资源筛选与毒理评价、产量优化、异源表达、工艺放大和知识产权布局结合起来, 使极地功能分子从候选资源逐步进入可验证、可放大、可合规使用的产品开发链条。

与此同时, 极地资源的产业化价值还需要结合技术经济评价和生命周期评价进行综合评估^[104]。以冷活性酶为例, 虽然其可在较低温度下发挥催化活性, 但低温培养周期、酶制剂稳定性和表达成本可能抵消部分节能优势; AFP 等功能蛋白也面临产量、纯化成本和法规审批等挑战^[93]。因此, 未来研究除关注功能发现外, 还应加强经济可行性和工程放大研究, 明确极地资源在不同应用场景中的实际竞争优势。

总体来看, 极地微生物资源的应用价值应结合资源独特性、工程证据和中国需求进行综合评估。其中, 低温工业过程、寒区环境修复以及高寒农业已具备较明确的场景需求和功能验证基础, 是近期最有可能实现工程转化的方向; 而生物冶金、C1 生物制造和低温原生底盘开发等领域则更适合作为未来战略储备方向持续布局。未来应加强技术经济评价、工艺放大和场景验证研究, 推动极地功能资源从实验室发现逐步走向可验证、可放大和可持续的生物制造体系。

4 总结与展望

极地微生物资源已从样本发现、菌株分离和功能筛选, 逐步进入基因组挖掘、模块开发和合成生物制造转化阶段。然而, 从资源潜力到实际应用之间仍存在明显距离。当前的核心问题不是缺少资源线索, 而是如何把分散的样本、菌株、序列和功能信息整合为可验证、可放大、可监管的技术体系。已有研究指出, 极地微生物资源开发仍受限于可培养性不足、宏基因组解析深度有限、DSI 利用不充分以及资源转化能力不足等问题^[9]。未来应围绕功能验证、智能挖掘、底盘构建、自动化放大和安全治理, 形成中国极地生物制造的系统路线图。

(1) 从资源发现走向功能验证。当前极地微生物研究已积累大量菌株、MAGs、BGCs 和功能基因线索, 但不少仍停留在预测层面。冷活性酶、AFP、EPS、色素和次级代谢基因簇是否能够稳定表达、具有足够活性并适应工业条件, 还需要系统实验验证^[105]。后续应建立从候选基因筛选、异源表达、活性测定、结构解析到稳定性评价和工

艺适配的标准流程,使极地资源从潜在功能转化为可确认的工程模块。第三极样本可达性较高,适合开展长期重复采样、季节比较和快速验证,可作为极地功能模块发现与确认的重要近场平台。

(2) 从数字资源走向智能挖掘。随着 TG2G、TPMC、TPMC-S 和 4GDB 等目录建设推进,中国极地微生物研究已具备较好的 DSI 基础。下一步重点不只是增加序列数量,而是提升元数据完整性和跨平台互操作能力,使采样地点、温度、盐度、pH、宿主类型、培养条件和功能表型能够关联起来。多组学和人工智能将成为重要工具。基因组、转录组、蛋白组和代谢组的整合,有助于解析极地适应机制^[106];大语言模型、知识图谱和检索增强生成可辅助文献整理、功能模块抽取、候选基因筛选和 DBTL 决策^[107]。但 AI 预测不能替代实验验证,未来应形成计算筛选、湿实验确认和模型迭代的闭环。

(3) 从模块转移走向底盘构建。极地功能元件能否进入合成生物制造,很大程度上取决于底盘适配^[108]。短期内,将极地来源酶、AFP、EPS 合成基因、BGCs 或耐受模块导入大肠杆菌、酵母、芽孢杆菌和 *Pseudomonas* 等成熟底盘,是较现实的路径。但这些模块在中温底盘中可能出现折叠异常、表达不足、代谢负担和产物毒性等问题,需要通过密码子优化、分泌表达、伴侣蛋白辅助、动态调控和代谢通量重分配提升可用性^[109]。中长期应重视极地或第三极原生底盘的驯化,优先建立少数代表性适冷菌株的遗传工具包,包括稳定质粒、整合位点、可调启动子、CRISPR 编辑体系和标准化培养条件^[5]。

(4) 从实验室验证走向自动化放大。极地生物制造进入应用阶段,还必须跨过实验室验证到工艺放大的鸿沟。许多极地酶和功能菌株在小体系中表现良好,但在复杂底物、盐度波动、氧传递、污染菌竞争和长期运行条件下可能失效。因此,未来研究应尽早将生命周期评价和技术经济分析纳入极地生物制造研发体系,在功能验证和工艺优化之外,同步评估成本、能耗、碳减排效益及产业适配性,推动极地资源从具有应用潜力向具有产业竞争力转变。Biofoundry 和自动化 DBTL 平台可并行测试不同冷活性酶、启动子、表

达宿主和培养条件,提高实验重复性和优化效率^[110]。未来应把极地样本库、DSI 数据库、合成生物学工具平台和生物铸造设施连接起来,形成从资源发现到工程验证的贯通体系^[111]。

(5) 加强国际协同与全球资源整合。近年来,国际极地微生物研究正从资源调查逐步转向数字资源构建、功能元件挖掘和工程化开发^[41]。欧美国依托南极长期观测网络、极地组学计划和大规模环境基因组项目,持续积累极地微生物基因资源,并推动人工智能辅助功能预测、非模式底盘开发和资源共享平台建设^[40]。相比之下,中国已在南极、北极和第三极形成具有特色的三极协同资源体系,并在连续采样、菌株保藏和数字资源积累方面具备优势。未来应进一步加强与国际极地科学计划、全球微生物组计划和开放数据库体系的衔接,在资源标准化、数据共享、功能验证和工程转化等方面深化合作,推动中国极地微生物资源研究从资源积累向国际引领迈进。

(6) 从资源开发走向安全治理。极地生物制造必须与生物安全、生态保护和国际治理同步推进。极地和第三极生态系统脆弱,资源开发既要避免过度采样和生态扰动,也要关注冰川融化带来的潜在微生物风险^[112]。青藏高原冰川表面潜在致病菌研究提示,冰冻圈微生物研究不能只强调资源价值,还应纳入长期监测、风险识别和预警体系^[113]。在国际层面,极地微生物资源的获取、利用和成果转化正面临越来越多的国际治理议题。南极地区资源利用需遵循《南极条约》及《马德里议定书》关于和平利用、科学合作和环境保护的基本原则^[114, 115]。近年来,DSI 是否纳入获取与惠益分享机制,以及公海遗传资源开发中的惠益分享问题,已成为《生物多样性公约》和《国家管辖范围以外区域海洋生物多样性协定》讨论的重要内容^[116]。相关争议表明,未来极地资源开发不仅涉及样本和菌株本身,也涉及基因组数据、功能信息和知识产权的规范管理。中国已建立中国极地基因库、PMCC 等平台,推动极地样本、菌株和序列资源的规范化保存与共享。未来应在保护优先和科学利用基础上,进一步完善资源管理与成果转化规范,并积极参与相关国际治理规则讨论。

总体来看,中国极地生物制造应以南北极科考平台和第三极连续样本体系为资源基础,以菌株库和DSI平台为数据支撑,以人工智能辅助挖掘和自动化DBTL流程为技术手段,围绕低温绿色催化、环境修复、资源循环和高附加值产品等应用方向开

展系统布局,并统筹生物安全、生态保护和国际治理要求(图4)。未来需进一步加强资源发现、功能验证、底盘工程、工艺放大与场景应用的协同衔接,推动极地微生物资源在服务环境治理、低碳转型和生物制造中的应用研究与工程转化。

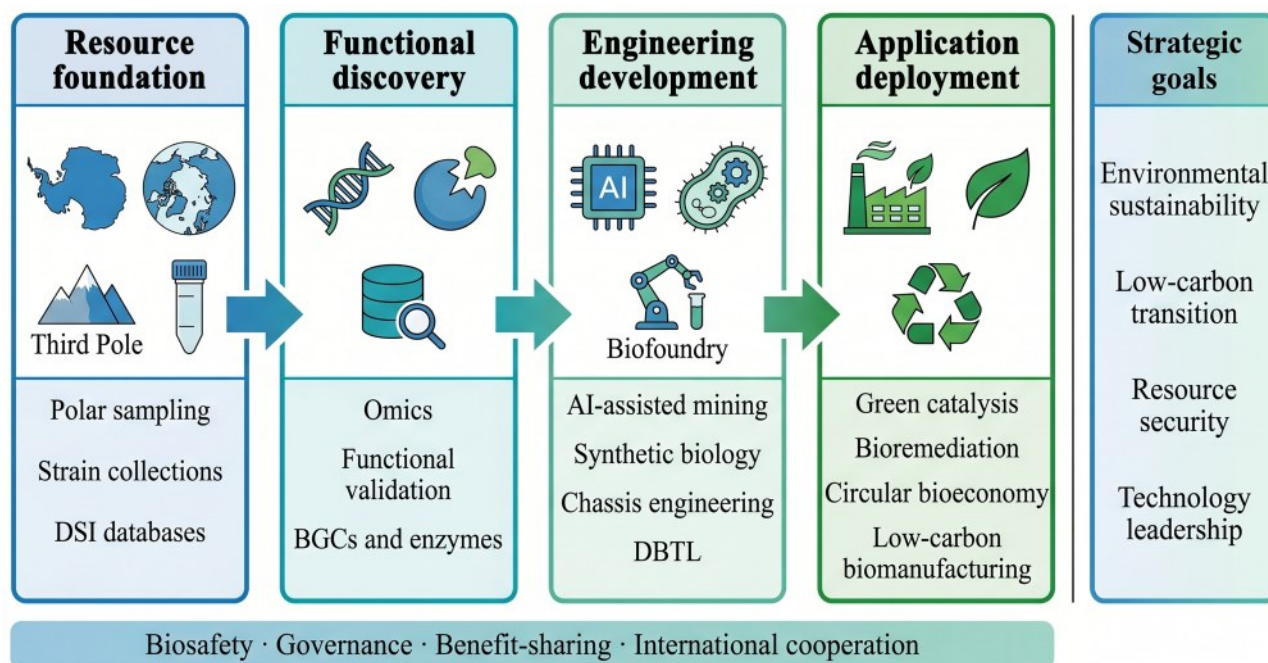


图4 中国极地生物制造的发展路线图

Fig. 4 Roadmap for polar biomanufacturing in China. Abbreviations: AI, artificial intelligence; DSI, digital sequence information; BGCs, biosynthetic gene clusters; DBTL, design-build-test-learn

参 考 文 献

- [1] 邵明威, 孙思勉, 杨时茂, et al. 基于极端微生物的生物制造[J]. 合成生物学, 2024, 5(06): 1419-36.
MINGWEI S, SIMIAN S, SHIMAO Y, et al. Bioproduction based on extremophiles[J]. Synthetic Biology Journal, 2024, 5 (06): 1419-36.
- [2] KOUR D, SHARMA B, KAUR T, et al. Extremozymes: unlocking potential of extreme environments for sustainable biotechnology[J]. Systems Microbiology and Biomanufacturing, 2025, 5(3): 915-47.
- [3] YE J-W, LIN Y-N, YI X-Q, et al. Synthetic biology of extremophiles: a new wave of biomanufacturing[J]. Trends Biotechnol, 2023, 41(3): 342-57.
- [4] KUANG Z, YAN X, YUAN Y, et al. Advances in stress-tolerance elements for microbial cell factories[J]. Synthetic and Systems Biotechnology, 2024, 9(4): 793-808.
- [5] AMARELLE V, ROLD N D M, FABIANO E, et al. Synthetic Biology Toolbox for *Antarctic Pseudomonas* sp. Strains: Toward a Psychrophilic Nonmodel Chassis for Function-Driven Metagenomics[J]. ACS Synthetic Biology, 2023, 12(3): 722-34.
- [6] SHEPHERD A, FRICKER H A, FARRELL S L. Trends and connections across the Antarctic cryosphere[J]. Nature, 2018, 558(7709): 223-32.
- [7] MARTOS Y M, CATAL N M. The Drake Passage asthenospheric and oceanic gateway[J]. Earth-Science Reviews, 2024, 252: 104731.
- [8] MAITI A, ERIMBAN S, DASCHAKRABORTY S. Extreme makeover: the incredible cell membrane adaptations of extremophiles to harsh environments[J]. Chem Commun, 2024, 60(75): 10280-94.
- [9] 彭方, 彭晓娅, 方贻霄. 极地微生物资源的研究现状及挑战[J]. 微生物学通报, 2023, 50(12): 5505-17.
FANG P, XIAOYA P, YIXIAO F. Research status and challenges of polar microbial resources[J]. Microbiology

- China, 2023, 50(12): 5505-17.
- [10] CLARK M S, HOFFMAN J I, PECK L S, et al. Multi-omics for studying and understanding polar life[J]. *Nat Commun*, 2023, 14(1): 7451.
 - [11] LOK C. Mining the microbial dark matter[J]. *Nature*, 2015, 522(7556): 270-3.
 - [12] LIU Y, HU S, YU T, et al. A database of glacier prokaryotic genomes and genes for the Three Poles[J]. *Earth Syst Sci Data*, 2025, 17(10): 5165-79.
 - [13] KIM K M, HWANG K, LEE H, et al. Genetic isolation and metabolic complexity of an Antarctic subglacial microbiome[J]. *Nat Commun*, 2025, 16(1): 7501.
 - [14] MEDEIROS W, HIDALGO K, LE O T, et al. Unlocking the biosynthetic potential and taxonomy of the Antarctic microbiome along temporal and spatial gradients[J]. *Microbiology Spectrum*, 2024, 12(6): e00244-24.
 - [15] LAMAZHAPOV E. Polar regions for global status: China's great power discourse and status-seeking practice in the Arctic and Antarctic[J]. *The British Journal of Politics and International Relations*, 2026, 28(2): 718-47.
 - [16] HARRINGTON J: China's Growing Footprint in Antarctica: Soft Power, Science, and Global Ecopolitics, TRIPATHI S, BHADOURIA R, SINGH R, et al., editor, *Eco-Politics and Global Climate Change*, Cham: Springer Nature Switzerland, 2023: 93-108.
 - [17] 刘顺林. 中国极地考察40年进展与展望[J]. *极地研究*, 2024, 36(03): 317-28.
SHUNLIN L. The progress and prospect on the 40th anniversary of Chinese Arctic and Antarctic Scientific Expeditions[J]. *Chinese Journal of Polar Research*, 2024, 36(03): 317-28.
 - [18] ZHANG M, HAWARD M. The Chinese Antarctic science programme: origins and development[J]. *Antarct Sci*, 2022, 34(2): 191-204.
 - [19] WEI Z, CHEN H, LEI R, et al. Overview of the 9th Chinese National Arctic Research Expedition[J]. *Atmospheric and Oceanic Science Letters*, 2020, 13(1): 1-7.
 - [20] 姚檀栋, 陈发虎, 崔鹏, et al. 从青藏高原到第三极和泛第三极[J]. *中国科学院院刊*, 2017, 32(09): 924-31.
TANDONG Y, FAHU C, PENG C, et al. From the Qinghai-Tibet Plateau to the Third Pole and the Pan-Third Pole[J]. *Bulletin of Chinese Academy of Sciences*, 2017, 32(09): 924-31.
 - [21] 陈皓文, 高爱国. 中国极地微生物学调查研究进展[J]. *极地研究*, 2005, (04): 299-307.
HAOWEN C, AIGUO G. Progress on investigation and research of polar microbiology in China[J]. *Chinese Journal of Polar Research*, 2005, (04): 299-307.
 - [22] LIU Y, JI M, YU T, et al. A genome and gene catalog of glacier microbiomes[J]. *Nat Biotechnol*, 2022, 40(9): 1341-8.
 - [23] CHEN X, WANG N, JIANG C, et al. Data Mining of Sediment Microbiomes of the Tibetan Plateau Revealed a Genomic Repository of Ancient Lineages and Adaptive Evolution of Asgardarchaeota[J]. *Research*, 9: 1213.
 - [24] LIAO LI S Y Y U Y Q I N Q L I C. Current status and demand analysis of polar microbial resources research and development [J]. *Chinese Journal of Polar Research*, 2024, 36(3): 361-74.
 - [25] GE H-Y, ZHANG Y-H, HU Y-Q, et al. *Pseudomonas paeninsulae* sp. nov. and *Pseudomonas svalbardensis* sp. nov., isolated from Antarctic intertidal sediment and Arctic soil, respectively[J]. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2024, 74(7).
 - [26] DU Y, HE C, LLOYD K G, et al. Comparative genomics reveals the high diversity and adaptation strategies of Polaromonas from polar environments[J]. *BMC Genomics*, 2025, 26(1): 248.
 - [27] RAMASAMY K P, MAHAWAR L, RAJASABAPATHY R, et al. Comprehensive insights on environmental adaptation strategies in Antarctic bacteria and biotechnological applications of cold adapted molecules[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1197797.
 - [28] CAGIDE C, MARIZCURRENA J J, VALL S D, et al. A bacterial cold-active dye-decolorizing peroxidase from an *Antarctic Pseudomonas* strain[J]. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2023, 107(5): 1707-24.
 - [29] GIESSLER A, GEIER B M, DE RAGO J-P, et al. Analysis of cytochrome-b amino acid residues forming the contact face with the iron-sulfur subunit of ubiquinol: cytochrome-c reductase in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. *Eur J Biochem*, 1994, 222(1): 147-54.
 - [30] BERGHOLZ PETER W, BAKERMANS C, TIEDJE JAMES M. Psychrobacter arcticus 273-4 Uses Resource Efficiency and Molecular Motion Adaptations for Subzero Temperature Growth[J]. *J Bacteriol*, 2009, 191(7): 2340-52.
 - [31] CHEN L, LIU K, HONG J, et al. The Discovery of Weddellamycin, a Tricyclic Polyene Macrolactam Antibiotic from an Antarctic Deep-Sea-Derived *Streptomyces* sp. DSS69, by Heterologous Expression[J]. *Marine Drugs*, 2024, 22(4): 189.
 - [32] CONG B, YIN X, DENG A, et al. Diversity of Cultivable Microbes From Soil of the Fildes Peninsula, Antarctica, and Their Potential Application[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 570836.
 - [33] TIAN Y, LI Y-L, ZHAO F-C. Secondary Metabolites from Polar Organisms[J]. *Marine Drugs*, 2017, 15(3): 28.
 - [34] LIU S-W, ZHAI X-X, LIU D, et al. Bioprospecting of Actinobacterial Diversity and Antibacterial Secondary Metabolites from the Sediments of Four Saline Lakes on the Northern Tibetan Plateau[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(10): 1915.

- 2475.
- [35] FENG X-L, ZHANG R-Q, WANG D-C, et al. Genomic and Metabolite Profiling Reveal a Novel *Streptomyces* Strain, QHH-9511, from the Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Microbiology Spectrum*, 2023, 11(1): e02764-22.
 - [36] FELLER G, PAYAN F, THEYS F, et al. Stability and structural analysis of α -amylase from the antarctic psychrophile *Alteromonas haloplanctis* A23[J]. *Eur J Biochem*, 1994, 222(2): 441-7.
 - [37] TEDESCO P, PALMA ESPOSITO F, MASINO A, et al. Isolation and Characterization of Strain *Exiguobacterium* sp. KRL4, a Producer of Bioactive Secondary Metabolites from a Tibetan Glacier[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(5): 890.
 - [38] LIU Y, SHEN L, ZENG Y, et al. Genomic Insights of Cryobacterium Isolated From Ice Core Reveal Genome Dynamics for Adaptation in Glacier[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 1530.
 - [39] CHENG M, LUO S, ZHANG P, et al. A genome and gene catalog of the aquatic microbiomes of the Tibetan Plateau[J]. *Nat Commun*, 2024, 15(1): 1438.
 - [40] FAURE E, POMMELLE C, NOEL C, et al. Water mass specific genes dominate the Southern Ocean microbiome[J]. *Nat Commun*, 2026, 17(1): 2025.
 - [41] ROYO-LLONCH M, S NCHEZ P, RUIZ-GONZ LEZ C, et al. Compendium of 530 metagenome-assembled bacterial and archaeal genomes from the polar Arctic Ocean[J]. *Nature Microbiology*, 2021, 6(12): 1561-74.
 - [42] VICK-MAJORS T J, SINGH S M, SINGH P K. Editorial: Microorganisms in polar regions: understanding their survival strategies for a sustainable future[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1442926.
 - [43] 丁明珠, 李炳志, 王颖, et al. 合成生物学重要研究方向进展[J]. *合成生物学*, 2020, 1(01): 7-28.
 - MINGZHU D, BINGZHI L, YING W, et al. Significant research progress in synthetic biology[J]. *Synthetic Biology Journal*, 2020, 1(01): 7-28.
 - [44] IQBAL S, BEGUM F, ULLAH I, et al. Peeling off the layers from microbial dark matter (MDM): recent advances, future challenges, and opportunities[J]. *Crit Rev Microbiol*, 2025, 51(1): 1-21.
 - [45] WANG W, SHUAI Y, ZENG M, et al. DPFunc: accurately predicting protein function via deep learning with domain-guided structure information[J]. *Nat Commun*, 2025, 16(1): 70.
 - [46] LIU Y, ZHANG N, MA J, et al. Advances in cold-adapted enzymes derived from microorganisms[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1152847.
 - [47] MOROZOVA O V, ANDREEVA I S, ZHIRAKOVSKIY V Y, et al. Antibiotic resistance and cold-adaptive enzymes of antarctic culturable bacteria from King George Island[J]. *Polar Science*, 2022, 31: 100756.
 - [48] BL ZQUEZ-S NCHEZ P, ENGELBERGER F, CIFUENTES-ANTICEVIC J, et al. Antarctic Polyester Hydrolases Degrade Aliphatic and Aromatic Polyesters at Moderate Temperatures [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2022, 88(1): e01842-21.
 - [49] MATINJA A I, KAMARUDIN N H A, LEOW A T C, et al. Structural Insights into Cold-Active Lipase from *Glaciozyma antarctica* PI12: AlphaFold2 Prediction and Molecular Dynamics Simulation[J]. *J Mol Evol*, 2024, 92(6): 944-63.
 - [50] CHEN Q, WU Y, HUANG Z, et al. Cold-active enzymes in the dairy industry: Insight into cold adaption mechanisms and their applications[J]. *Trends Food Sci Technol*, 2022, 125: 126-35.
 - [51] WANG W, SWARTZ J. Rational Engineering of Enzymes for Enhanced Cold Activity[J]. *ACS Catalysis*, 2024, 14(16): 12518-28.
 - [52] VAN DER ENT F, LUND B A, SVALBERG L, et al. Structure and Mechanism of a Cold-Adapted Bacterial Lipase[J]. *Biochemistry*, 2022, 61(10): 933-42.
 - [53] 杨柳, 姜龙, 刘耀杰, et al. 半理性设计改造南极假丝酵母脂肪酶B催化合成氯乙酰胺[J]. *中国生物工程杂志*, 2024, 44(09): 33-41.
 - LIU Y, LONG J, YAOJIE L, et al. Semi-rational Design Modifies *Candida antarctica* Lipase B to Catalyze Chloroacetamide Synthesis[J]. *China Biotechnol*, 2024, 44(09): 33-41.
 - [54] XU H, JI M, XU D, et al. Computer-aided mining of a psychrophilic cellobiose 2-epimerase from the Qinghai-Tibet Plateau gene catalogue[J]. *Int J Biol Macromol*, 2024, 277: 134202.
 - [55] HAMID B, BASHIR Z, YATOO A M, et al. Cold-Active Enzymes and Their Potential Industrial Applications—A Review[J]. *Molecules*, 2022, 27(18): 5885.
 - [56] MIDYA U S, BANDYOPADHYAY S. Antifreeze Protein Activity: From Ice Binding to Ice Growth Inhibition[J]. *Advanced Theory and Simulations*, 2025, 8(1): 2400642.
 - [57] MANGIAGALLI M, BAR-DOLEV M, TEDESCO P, et al. Cryo-protective effect of an ice-binding protein derived from Antarctic bacteria[J]. *The FEBS Journal*, 2017, 284(1): 163-77.
 - [58] KONG Q, WANG D, CONG B, et al. Structure characterization and cryoprotective activity of an exopolysaccharide from *Pseudoalteromonas* sp. LP6-12-2[J]. *Food Bioscience*, 2024, 57: 103557.
 - [59] VIMERCATI L, BUENO DE MESQUITA C P, GRIGORIEV I V, et al. The genome of the polyextremophilic yeast, *Naganishia friedmannii*, reveals adaptations involved in stress response pathways, carbohydrate metabolism expansion, and a limited DNA repair repertoire[J]. *FEMS Yeast Res*, 2025, 25: 28.
 - [60] JAARSMA A H, ZERVAS A, SIPES K, et al. The

- undiscovered biosynthetic potential of the Greenland Ice Sheet microbiome[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1285791.
- [61] MALAVENDA R, RIZZO C, MICHAUD L, et al. Biosurfactant production by Arctic and Antarctic bacteria growing on hydrocarbons[J]. *Polar Biol*, 2015, 38(10): 1565-74.
- [62] ZHENG S, SHAO M, WANG W, et al. Next-generation biotechnology inspired by extremes[J]. *EMBO Rep*, 2025, 26(5): 1191-5.
- [63] JIN S, WANG Y, ZHAO X. Cold-adaptive mechanism of psychrophilic bacteria in food and its application[J]. *Microb Pathog*, 2022, 169: 105652.
- [64] CVJETKO BUBALO M, ANDREOU T, PANIĆ M, et al. Natural multi-osmolyte cocktails form deep eutectic systems of unprecedented complexity: discovery, affordances and perspectives[J]. *Green Chem*, 2023, 25(9): 3398-417.
- [65] ESKANDARI A, LEOW T C, RAHMAN M B A, et al. Advanced freezing point insights into regulatory role of antifreeze proteins, their fundamentals, and obstacles in food preservation[J]. *Eur Food Res Technol*, 2024, 250(4): 1103-21.
- [66] MAJEWSKA E, TWARDA-CLAPA A, JĘDRZEJCZAK-KRZEPKOWSKA M, et al. Antifreeze proteins produced by Antarctic yeast from the genus *Glaciozyma* as cryoprotectants in food storage[J]. *PLoS ONE*, 2025, 20(3): e0318459.
- [67] SHAN M, LI Z, WANG H, et al. Engineered β -Carotene Hydroxylase with Excellent Thermostability Promotes Zeaxanthin Production in Yeast[J]. *J Agric Food Chem*, 2025, 73(20): 12319-27.
- [68] NAVARRO-MU OZ J C, SELEM-MOJICA N, MULLOWNEY M W, et al. A computational framework to explore large-scale biosynthetic diversity[J]. *Nat Chem Biol*, 2020, 16(1): 60-8.
- [69] WENDISCH V F, BRITO L F, GIL LOPEZ M, et al. The flexible feedstock concept in Industrial Biotechnology: Metabolic engineering of *Escherichia coli*, *Corynebacterium glutamicum*, *Pseudomonas*, *Bacillus* and yeast strains for access to alternative carbon sources[J]. *J Biotechnol*, 2016, 234: 139-57.
- [70] PARRILLI E, DE VIZIO D, CIRULLI C, et al. Development of an improved *Pseudoalteromonas haloplanktis* TAC125 strain for recombinant protein secretion at low temperature[J]. *Microb Cell Fact*, 2008, 7(1): 2.
- [71] COIMBRA A A B, PRAKASH S, JIM NEZ J I, et al. Establishing *Halomonas* as a chassis for industrial biotechnology: advances in synthetic biology tool development and metabolic engineering strategies[J]. *Microb Cell Fact*, 2025, 24(1): 133.
- [72] FEI Q, PURI A W, SMITH H, et al. Enhanced biological fixation of methane for microbial lipid production by recombinant *Methylobacterium buryatense*[J]. *Biotechnol Biofuels*, 2018, 11(1): 129.
- [73] YE J, HUANG W, WANG D, et al. Pilot Scale-up of Poly (3-hydroxybutyrate-co-4-hydroxybutyrate) Production by *Halomonas bluephagenesis* via Cell Growth Adapted Optimization Process[J]. *Biotechnol J*, 2018, 13(5): 1800074.
- [74] GURDO N, VOLKE D C, NIKEL P I. Merging automation and fundamental discovery into the design-build-test-learn cycle of nontraditional microbes[J]. *Trends Biotechnol*, 2022, 40(10): 1148-59.
- [75] YANG Z, LI L, CHEN Y, et al. Trends in Customizable Single-Cell Protein Production Enabled by Synthetic Biology: Carbon-Negative Biomanufacturing and Engineered Functionalities[J]. *J Agric Food Chem*, 2025, 73(52): 32957-69.
- [76] HAMID B, MOHIDDIN F A: Cold-Active Enzymes in Food Processing, KUDDUS M, editor, *Enzymes in Food Technology: Improvements and Innovations*, Singapore: Springer Singapore, 2018: 383-400.
- [77] CRISAFI F, GIULIANO L, YAKIMOV M M, et al. Isolation and degradation potential of a cold-adapted oil/PAH-degrading marine bacterial consortium from Kongsfjorden (Arctic region) [J]. *Rendiconti Lincei*, 2016, 27(1): 261-70.
- [78] MARTINEZ-VARELA A, CASAS G, BERROJALBIZ N, et al. Polycyclic Aromatic Hydrocarbon Degradation in the Sea-Surface Microlayer at Coastal Antarctica[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 907265.
- [79] WANG L, LIU S, REN J. Effect of low-temperature treatment on bacterial cultivation in bacterial induced mineralization[J]. *Science China Technological Sciences*, 2022, 65(4): 870-81.
- [80] YARZ BAL L A, MONSERRATE L, BUELA L, et al. Antarctic *Pseudomonas* spp. promote wheat germination and growth at low temperatures[J]. *Polar Biol*, 2018, 41(11): 2343-54.
- [81] HOEBUS L, TAVASTSTJERNA M J, GARCIA S J. Mobility of antifreeze proteins as a key factor in their use to control ice growth on surfaces and polymers[J]. *Applied Surface Science Advances*, 2025, 28: 100790.
- [82] LEVETT I, BIRKETT G, DAVIES N, et al. Techno-economic assessment of poly-3-hydroxybutyrate (PHB) production from methane—The case for thermophilic bioprocessing[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2016, 4(4, Part A): 3724-33.
- [83] LIU Y, JIA K, CHEN H, et al. Cold-adapted enzymes: mechanisms, engineering and biotechnological application[J]. *Bioprocess Biosyst Eng*, 2023, 46(10): 1399-410.
- [84] GUTIERREZ F, ALCAINO J, CIFUENTES V, et al. Identification and characterization of a novel β -galactosidase active at low temperatures from the Antarctic fungus *Tetracladium* sp., expressed in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. *Microb Cell Fact*, 2025, 24(1): 223.

- [85] VISHNUPRIYA S, VARALAKKSMI V, SUDALAI S, et al. Emerging trends in *Candida antarctica* lipase-catalyzed biodiesel Production: A decade of advances[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2026, 226: 116267.
- [86] MATINJA A I, KAMARUDIN N H A, LEOW A T C, et al. Novel recombinant cold-adapted alkaliphilic lipase (Glaip03) from Antarctic yeast, *Glaciozyma antarctica* PI12[J]. *Rendiconti Lincei Scienze Fisiche e Naturali*, 2024, 35(4): 1013-31.
- [87] JOJU G S, WARRIER A K, SALI A S Y, et al. An Assessment of Metal Pollution in the Surface Sediments of an East Antarctic Lake[J]. *Soil and Sediment Contamination: An International Journal*, 2024, 33(8): 1674-95.
- [88] SOROKINA T Y: Pollution and Monitoring in the Arctic, FINGER M, REKVIG G, editor, *Global Arctic: An Introduction to the Multifaceted Dynamics of the Arctic*, Cham: Springer International Publishing, 2022: 229-53.
- [89] DONG C, CHEN X, XIE Y, et al. Complete genome sequence of *Thalassolituus oleivorans* R6-15, an obligate hydrocarbonoclastic marine bacterium from the Arctic Ocean [J]. *Standards in Genomic Sciences*, 2014, 9(3): 893-901.
- [90] LIU N, ZHANG G, FANG L, et al. The Marine-Origin Exopolysaccharide-Producing Bacteria *Micrococcus Antarcticus* HZ Inhibits Pb Uptake in Pakchoi (*Brassica chinensis* L.) and Affects Rhizosphere Microbial Communities [J]. *Microorganisms*, 2024, 12(10): 2002.
- [91] RAPPAZZO A C, MARCHETTA A, RIZZO C, et al. Enrichment, Isolation and Characterization of Heavy Metal-Tolerant Bacteria from Polar Lacustrine Sediments[J]. *Microorganisms*, 2025, 13(2): 389.
- [92] ABDULRASHEED M, ZAKARIA N N, AHMAD ROSLEE A F, et al. Biodegradation of diesel oil by cold-adapted bacterial strains of *Arthrobacter* spp. from Antarctica[J]. *Antarct Sci*, 2020, 32(5): 341-53.
- [93] WHELAN M J, COULON F, HINCE G, et al. Fate and transport of petroleum hydrocarbons in engineered biopiles in polar regions[J]. *Chemosphere*, 2015, 131: 232-40.
- [94] HAN Y, JIN W, LIU H, et al. Optimization of ecological restoration efficiency in Qinghai-Tibet Plateau using the Cubist regression tree model: A study of environmental adaptability models[J]. *PLoS ONE*, 2025, 20(11): e0335056.
- [95] ARAVINDHARAJAN S T M, SHUKLA L, KAMIL D, et al. Isolation, Characterization and Development of Psychrotrophic Consortium for Potential Degradation of Paddy Straw at Low Temperature[J]. *Indian Journal of Microbiology*, 2025.
- [96] MU OZ-VILLAGR N C, GROSSOLLI-G LVEZ J, ACEVEDO-ARBUNIC J, et al. Characterization and genomic analysis of two novel psychrotolerant *Acidithiobacillus ferrooxidans* strains from polar and subpolar environments[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 960324.
- [97] LV X, YU W, ZHANG C, et al. C1-based biomanufacturing: Advances, challenges and perspectives[J]. *Bioresour Technol*, 2023, 367: 128259.
- [98] PRIETO-FERN NDEZ F, LAMBERT S, KUJALA K. Assessment of microbial communities from cold mine environments and subsequent enrichment, isolation and characterization of putative antimony- or copper-metabolizing microorganisms[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1386120.
- [99] SHUMILOV O I, KASATKINA E A, KIRTSELI I Y, et al. Tolerance of Rare-Earth Elements in Extremophile Fungus *Umbelopsis isabellina* from Polar Loparite Ore Tailings in Northwestern Russia[J]. *Journal of Fungi*, 2023, 9(5): 506.
- [100] WANG S, LI Y, LI Q, et al. The After-Effect of Organic Fertilizer Varies among Climate Conditions in China: A Meta-Analysis[J]. *Agronomy*, 2024, 14(3): 551.
- [101] TORRACCHI C J E, MOREL M A, TAPIA-V ZQUEZ I, et al. Fighting plant pathogens with cold-active microorganisms: biopesticide development and agriculture intensification in cold climates[J]. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2020, 104(19): 8243-56.
- [102] MANDAL S, KUNDU S, UDDIN M R, et al. Identification of a novel quinoline - based UV - protective pigment from a psychrotrophic Arctic bacterium[J]. *J Appl Microbiol*, 2022, 133(5): 3059-68.
- [103] SU F, SONG Q, ZHANG C, et al. A β -1,3/1,6-glucan from *Durvillaea Antarctica* inhibits tumor progression in vivo as an immune stimulator[J]. *Carbohydr Polym*, 2019, 222: 114993.
- [104] FITZPATRICK J J. Insights from Mathematical Modelling into Energy Requirement and Process Design of Continuous and Batch Stirred Tank Aerobic Bioreactors[J]. *ChemEngineering*, 2019, 3(3): 65.
- [105] MANGIAGALLI M, BROCCA S, ORLANDO M, et al. The "cold revolution". Present and future applications of cold-active enzymes and ice-binding proteins[J]. *New Biotechnol*, 2020, 55: 5-11.
- [106] RAMASAMY K P, MAHAWAR L, RAJASABAPATHY R, et al. Comprehensive insights on environmental adaptation strategies in Antarctic bacteria and biotechnological applications of cold adapted molecules[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, Volume 14 - 2023.
- [107] LI W, MAO Z, XIAO Z, et al. Large language model for knowledge synthesis and AI-enhanced biomanufacturing[J]. *Trends Biotechnol*, 2025, 43(8): 1864-75.
- [108] XU X, LIU Y, DU G, et al. Microbial Chassis Development for Natural Product Biosynthesis[J]. *Trends Biotechnol*, 2020, 38 (7): 779-96.
- [109] 杨永富, 耿碧男, 宋皓月, et al. 合成生物学时代基于非模式

细菌的工业底盘细胞研究现状与展望[J]. 生物工程学报, 2021, 37(03): 874-910.

YONGFU Y, BINAN G, HAOYUE S, et al. Progress and perspective on development of non-model industrial bacteria as chassis cells for biochemical production in the synthetic biology era[J]. Chin J Biotechnol, 2021, 37(03): 874-910.

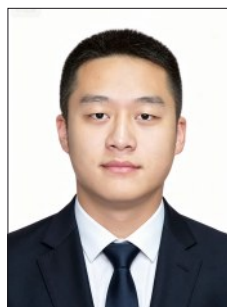
- [110] DANCHIN A. In vivo, in vitro and in silico: an open space for the development of microbe-based applications of synthetic biology[J]. Microbial Biotechnology, 2022, 15(1): 42-64.
- [111] MART NEZ-GARC A E, FRAILE S, ALGAR E, et al. SEVA 4.0: an update of the Standard European Vector Architecture database for advanced analysis and programming of bacterial phenotypes[J]. Nucleic Acids Res, 2023, 51(D1): D1558-D67.
- [112] LI X, GUO H, CHENG G, et al. Polar regions are critical in achieving global sustainable development goals[J]. Nat Commun, 2025, 16(1): 3879.
- [113] MA T, XU Y, WANG X, et al. Diversity and transmission processes of potentially pathogenic bacterial communities in the East Rongbuk Glaciers, Mt. Everest[J]. Current Research in Microbial Sciences, 2026, 10: 100553.
- [114] BUCK M, HAMILTON C. The Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from their Utilization to the Convention on Biological Diversity[J]. Review of European Community & International Environmental Law, 2011, 20(1): 47-61.
- [115] WATTS A. International law and the Antarctic treaty system [M]. 11. Cambridge University Press, 1992.
- [116] SETT S, KRESS W J, HALEWOOD M, et al. Harmonize rules for digital sequence information benefit-sharing across UN frameworks[J]. Nat Commun, 2024, 15(1): 8745.



通讯作者: 李祥锴(1979—),男,教授,博士,博士生导师。研究方向为环境功能微生物开发与应用等。
E-mail: xkli@lzu.edu.cn



第一作者: 季晶(1993—),男,研究员,硕士生导师。研究方向为极地微生物资源挖掘与生物制造。
E-mail: jingji@lzu.edu.cn



共同第一作者: 张伦源(1997—),男,硕士研究生。研究方向为极地微生物资源挖掘与应用。
E-mail: zhangly2024@lzu.edu.cn