

# 乳酸菌微机检索软件的开发

刘全永 薛景珍\* 阎浩林\*\* 周丽娜\*\* 李清波\*

(东北大学理学院生物工程研究所 沈阳市 110006)

**摘要** 以现有乳酸菌信息为依据,利用汉字 foxbase + 2.10 进行数据处理,研制出一套乳酸菌微机检索软件。该软件的特点:检索速度快,途径灵活,增添、修改、删除、打印方便,各模块性能优良,实用性强。

**关键词** 乳酸菌,检索,软件

**分类号** Q939.09

乳酸菌系指那些发酵糖获得能量产生大量乳酸的细菌的总称。从形态上可分为球形、杆状和分枝杆状。呈球形的有乳链球菌、乳球菌、片球菌和明串珠菌;呈杆状的有乳杆菌和双歧杆菌;呈分枝杆状的有分枝双歧杆菌。从对氧的需求上分需氧、厌氧和兼性厌氧。同时不同乳酸菌利用糖的种类和能力不同,产生乳酸的构型也不同,这些都是乳酸菌分类检索的依据。但就目前国内现状来看,对于乳酸菌(包括其它微生物)的检索还只停留在书面上。书面检索不可避免地存在以下几点不足:(1)检索速度慢;(2)检索途径单一、不灵活;(3)难以对新发现的乳酸菌作及时收录;(4)对现有欠妥信息不便改动。为了解决上述实际困难,我们利用汉字 foxbase + 2.10,以沈阳农业大学薛景珍教授的《乳酸菌分类》为依据,进行数据处理,开发研制出一套检索乳酸菌的软件。该软件的研制成功不仅为其它微生物的微机检索起到抛砖引玉的作用,更重要的是利用该软件可以从不同途径实现对于乳酸菌的快速检索,能够方便地增添一些新发现的乳酸菌到数据库,修改或删除已收录菌的内容,并可将被检索菌的信息打印输出到纸面上,实现了微机 and 微生物信息的有机结合。

**1.1.1 数据库结构字段的确立:**在科研和实际生产中,对于乳酸菌常常关注其以下信息:①学名(c, 30);②中文菌名(c, 24);③属名(c, 14);④形态(c, 8);⑤所需碳源(c, 8);⑥需氧性(c, 8);⑦发酵途径(c, 4);⑧乳酸构型(c, 1)。(括号中字母为字段类型,数字为字段宽度)。此外,每种乳酸菌还有其它一些物理、化学、生化特点,为了能使用户较为详尽地了解其信息,还应添加“理化性质”这一字段,该字段类型为 Memo,以便存放较多的数据内容。

**1.1.2 库结构的建立:**根据上述几个关键字段,建立关于乳酸菌的数据库结构。

关于几个字段的说明:①需氧性:根据乳酸菌的需氧性特点,将其分为三类即需氧、厌氧、兼性厌氧,所以其字段宽度为 8 个字符。②碳源:由于乳酸菌利用碳源的情况较为复杂,如将所有碳源一一列出,一则繁琐,二则这样做并无分类检索上的实际意义,故只将主要的 8 种碳源作为依据。它们是阿拉伯糖、鼠李糖、甘露糖、乳糖、麦芽糖、蔗糖、半乳糖和葡萄糖。将这 8 种碳源分别编码为 1-8,这样不仅可以节省数据库结构空间,而且用户在进行有关碳源的检索时,只需输入几个数字,而不必输入汉字,因而可以大大缩短检索时间。③乳酸构型:乳酸

## 1 软件的设计思想

### 1.1 乳酸菌信息的人工数据向电子数据的转化

辽宁省科委资助项目

- \* 沈阳农业大学食品科学系微生物室
  - \*\* 沈阳药科大学制药系微生物室
- 1997-07-03收稿

菌产生乳酸不外乎以下几种情况:只能产生D型;只能产生L型;只能产生DL型;既能产生DL型又能产生D型;既能产生DL型又能产生L型。分别给以上五种情况编码1-5,既方便用户检索输入,又可保证对于有关乳酸构型项检索的精确性。④理化性质:这一字段是用于存放关于某种乳酸菌的所有已知信息,字段宽度10为foxbase<sup>+</sup>内定。

**1.1.3 数据库数据的录入:**在已建数据库结构的基础上,将所有乳酸菌的已知信息分别录入。这样即建立了关于乳酸菌分类检索的数据库。

录入数据时注意的事项:(1)学名中的属名用一个大写字母代表;(2)中文菌名和属名(中文)均按标准名输入;(3)形态:将乳酸菌的形态分为三种即球形、杆状、分枝杆状,根据不同菌名的相应形态输入;(4)碳源:按既定的碳源代码顺序输入,如某种菌能利用阿拉伯糖、乳糖、蔗糖、葡萄糖,则只能输入1468,代码间无间隔及其它任何符号;(5)发酵途径:将乳酸菌发酵途径类型分为同型和异型两种。根据不同乳酸菌相应的发酵途径进行输入;(6)乳酸构型:只输入乳酸菌所产乳酸构型的代码;(7)理化性质:为使理化性质一项清晰地反应出某种乳酸菌的全部已知信息,输入时均按固定格式。①学名;②中文菌名;③属名;④需氧性;⑤可利用碳源;⑥发酵途径;⑦产乳酸构型;⑧其它信息(例如显微镜下具体形态描述、GC百分含量等)。

## 1.2 软件功能的分析归纳

**1.2.1 软件基本功能归纳:**作为一套完整实用的乳酸菌检索软件应具备以下几方面的基本功能:(1)保密功能:对于软件的使用安全保密性应有所保障,以防非法用户执行误操作,对数据库内容造成破坏;(2)增添功能:能对新发现并经确认的乳酸菌作及时收录;(3)检索功能:能够通过不同途径,根据已知信息实现对于乳酸菌的快速检索;(4)修改功能:可以对现有某个乳酸菌的欠妥信息作及时修改;(5)删除功能:对于划分错误的“乳酸菌”从数据库中清除;(6)打印功能:既能将某个乳酸菌的详细信息打印

输出,又可将具有相同性质一组乳酸菌的主要信息打印到纸面上;(7)帮助功能:对于不了解foxbase<sup>+</sup>使用的用户也可通过检索软件的“使用说明”在短时间内掌握检索方法。

**1.2.2 检索功能与打印功能途径分析:**在检索乳酸菌或将乳酸菌信息打印输出时,一般要通过以下途径之一实现:(1)按学名或中文菌名;(2)按属名;(3)按利用碳源情况;(4)按利用碳源情况和需氧性;(5)按形态和需氧性;(6)按形态、需氧性及利用碳源情况;(7)按需氧性和发酵途径;(8)按需氧性及所产乳酸构型;(9)按发酵途径和所产乳酸构型;(10)按发酵途径、所产乳酸构型及需氧性;(11)按发酵途径、所产乳酸构型、需氧性及利用碳源情况。

## 1.3 程序设计时关键性问题的处理

**1.3.1 学名及中文菌名的部分性检索:**这一途径的检索分为精确和不精确两种。如确切知道某一乳酸菌的学名或中文菌名,则选精确检索,可一次性将该菌检索出;如只知道学名的前几个字母或中文菌名的前几个汉字,则选非精确检索,可将具有相同前几个字母或汉字的乳酸菌逐一检出。

**1.3.2 碳源的部分性检索:**对于某种乳酸菌利用碳源的情况常常了解得并不完全,或者有时我们只想检索出能利用其中某种或某几种碳源的乳酸菌,这时的检索都属于部分性检索。为此,有关碳源字段的检索途径下也设精确检索和非精确检索,用户可根据需要自行选择。例如:要检索出能同时利用4号和7号碳源的乳酸菌,应先选择非精确检索,然后分别通过1号、2号、3号、4号碳源检索达到目的。建议此时选用打印功能,将符合条件的乳酸菌打印出来,即一目了然。

## 1.4 主程序设计

**1.4.1 主程序模块流程图** 封面→索取口令→功能模块→修改口令→封底

**1.4.2 功能模块菜单:**功能主菜单为该软件的核心部分。为使用户清晰了解软件的所有功能,主菜单设计为下拉式:增添、检索、修改、删除、打印等功能以及碳源代码、乳酸构型代码和

使用说明都直接面向用户。

**1.4.3 程序内容:**本软件的所有程序均存放在软盘中,由于篇幅原因,在此不作赘述。

## 2 结束语

利用微机检索乳酸菌,在国内属首例,使用本软件检索速度快,途径灵活,增添、修改、删除和打印等均方便,软件各个模块性能优良,界面

友好,下拉菜单中各项功能在 286、386、486、586 微机下均已通过试用。因此该软件具有较强的实用性。

## 参 考 文 献

- [1] 李淑华编著,《汉字 foxbase<sup>+</sup>教程》,沈阳:辽宁大学出版社,1994, 56~61;92~97;106~110。
- [2] 匡松主编,《汉字 foxbase<sup>+</sup>数据库实用编程技术》,重庆:重庆出版社,1995,121~127;140~143。

## A SEARCH SOFTWARE OF LACTIC BACTERIA

Liu Quanyong Xue Jingzhen Yan Haolin Zhou Lina Li Qingbo

(*Institute of Biotechnology, Northeastern University, Shenyang 110006*)

**Abstract** Based on the existing information about Lactic bacteria, a search software was developed using CC foxbase<sup>+</sup> 2.10. It is functional by multi-channel search, speediness as well as convenience in complementing, amending, deleting and printing.

**Key words** Lactic bacteria, Search, Software