

## 项目名称：典型海洋生境微生物的环境响应模式及物种共存规律

推荐单位（专家）及推荐意见：

该项目围绕自然变化和人为活动双重影响下的海洋微生物群落演变及其物种共存模式进行了系统研究，揭示了盐度、溶解氧、营养盐和浊度等多重环境梯度塑造的珠江口微生物群落演替规律；鉴定了海洋氨氧化古菌 Marine Group I (MG-I) 的一个新亚类，发现其不同亚类具有显著的生境偏好性；发现我国北部边缘海不同海区沉积物具有各自特异的微生物群落，受沉积物来源的重要影响；揭示了南太平洋环流区微生物的种群结构及随环境变化的演变过程；阐明了我国边缘海沉积物微生物的共存模式及功能微生物间的耦合关系；该项目的 5 篇代表性 SCI 收录论文发表在 Microb Ecol, Front Microbiol, PLoS ONE, Syst Appl Microbiol 和 FEMS Microbiol Ecol 微生物领域国际主流学术刊物上。该成果为深入认知微生物在海洋中的动态变化规律及其相互作用过程提供了重要理论依据，对理解海洋微生物的生物地球化学功能并预测海洋生态系统未来变化趋势具有重要意义。我单位经认真审阅推荐书材料，确认推荐材料真实有效、相关栏目符合填写要求，并已在所有完成人工作单位、完成单位和推荐单位进行公示，经公示无异议。对照青岛市自然科学奖授奖条件，推荐该项目参评 2020 年度青岛市自然科学一等奖。

项目简介：

该项目所属学科为海洋生物学。

海洋生物地球化学循环和气候变化是国际前沿的重要科学问题。微生物作为元素循环转化的主要驱动者，对海洋生态系统功能的维持与稳定具有重要意义。微生物对环境变化极为敏感，在自然变化和人为活动的双重影响下，其群落结构及互作模式正发生着显著改变。探究不同海洋环境条件下的微生物群落结构及其对环境变化的响应模式，有助于深化了解微生物的生物地球化学作用，是有效预测海洋生态系统未来变化趋势的重要环节。本项目系统研究了河口、边缘海、大洋等具有不同环境特征的典型海洋生境中的微生物群落组成、环境响应模式、生态型分化特征及物种共存模式，取得的重要科学发现如下：

1. 揭示了多重环境梯度塑造的珠江口微生物群落演替规律及生态型分化特征。解析了盐度、溶解氧、营养盐和浊度等多重环境梯度作用下的珠江口微生物群落演替规律，发现高营养物质输入使得富营养类群在珠江口水体明显富集。鉴定并命名了海洋重要氨氧化古菌 Marine Group I (MG-I) 的一个新亚类，发现盐度、溶解氧、水深和宿主等因素驱动 MG-I 演化出多个具有不同栖息地偏好性的生态型。2. 探明了沉积物来源决定的我国北部边缘海底栖微生物空间分布格局。首次开展了覆盖我国边缘海多个海区的底栖微生物群落结构研究，发现渤海、黄海和东海北部沉积物具有各自特异的微生物群落组成，呈现明显的区域化分布特征，沉积物来源是形成该分布模式的主控因素。3. 发现洋流驱动的南太平洋环流区表层海水微生物群落演替规律。首次报道了极端寡营养的南太平洋环流区表层海水微生物群落结构，发现南太平洋环流区的微生物丰度远低于其它海区。受洋流循环和营养盐等因素影响，环流区微生物群落沿环流中心到外缘呈现明显的空间异质性。从环流区水体分离获得了 14 个新型微生物菌株，为海洋生物资源开发提供了重要材料。4. 阐明了我国近海沉积物中微生物的物种共存模式。发现我国近海沉积物微生物种属间呈现“近缘相依”的共存模式。首次将网络分析应用于功能微生物类群，发现硫、氮循环内部及之间均存在潜在的耦合过程。

该项目通过选取典型海洋生境，探究了多种不同环境梯度下的微生物群落演替规律，揭示了海洋微生物响应环境变化的群落更替现象及“微进化”特征，对理解和区分自然变化和人为活动驱动的海洋微生物群落演变具有重要意义。阐释了我国近海沉积物中微生物的物种共存模式，深化了对边缘海底栖微生物互作机制及其介导的生源要素循环耦合过程的认识。该项目的 5 篇代表性论文发表在 Microb Ecol, Front Microbiol, PLoS ONE, Syst Appl Microbiol 和 FEMS Microbiol Ecol 微生物领域国际主流期刊，共获引用 243 次，他引 202 次，以上核

心成果项目组多次在国内外重要学术会议上做特邀报告,得到了国内外同行的广泛关注和认可。

客观评价:

#### 1. 论文收录和引用情况

教育部科技查新工作站于 2020 年 8 月 12 日给出的检索报告结论: 张晓华提交的论文有 5 篇被 SCI 收录, 这 5 篇论文被 web of science 总库论文引用 243 次, 其中他引 202 次。

#### 2. 代表性论文他引情况

重要科学发现点一: 揭示了多重环境梯度塑造的珠江口微生物群落演替规律及生态型分化特征

1) 代表性论文 2 共获引用 57 次, 包括他引 51 次。2017 年美国科罗拉多大学著名微生物学家 Norman R. Pace 课题组在 *Environ Sci Technol* (IF=6.653) 上发表文章 (代表性引文 2, 附件 7), 引用了代表性论文 2 报道的有关珠江口细菌群落演替方面的研究结果。代表性论文 2 同时得到多篇发表在微生物领域 TOP 期刊 *Appl Environ Microbiol* (例如 2016, 82: 1846-1858; 2017, 83: e00494-17; 2018, 84: e01000-18; 2020, doi: 10.1128/AEM.02423-19) 文章的引用, 用以阐述不同海洋和淡水区域中的微生物群落变化及其环境控制因素。其中, 2016 年发表在 *Appl Environ Microbiol* (82: 1846-1858) 的文章同时引用了该项目的另外 2 篇代表性论文 (代表性论文 1 和 5), 用以说明盐度、pH 和溶解氧是影响海洋微生物群落结构的重要环境因素。

2) 代表性论文 5 共获引用 27 次, 包括他引 21 次。2019 年我国学者在 *Mol Ecol* (IF=5.163) 上发表文章 (代表性引文 5, 附件 10), 引用了代表性论文 5 报道的有关珠江口浮游古菌群落演替方面的成果, 用以说明古菌 MG-I 和 MG-II 分别在淡水和海水区域占优的分布模式同样适用于其它河口。此外, 代表性论文 5 还得到美国佐治亚大学终身董事教授 (Regents's Professor) Mary Ann Moran 课题组所发表文章 (*Front Mar Sci*, 2017, 4: 253) 的引用, 用以描述珠江口淡水区域具有高度多样化的氨氧化古菌 MG-I 类群。该论文同时被香港大学学者所引用 (*Sci Total Environ*, 2018, 637: 349-358), 用于描述全球河口古菌的多样性及随环境变化的演替规律。

重要科学发现点二: 探明了沉积物来源决定的我国北部边缘海底栖微生物空间分布格局

代表性论文 1 共获引用 64 次, 包括他引 57 次。2017 年德国马克斯-普朗克研究所环境微生物学家 Marc Mußmann 课题组在 *ISME J* (IF=9.52) 上发表文章 (代表性引文 1, 附件 6), 该论文与该课题组发表在 *ISME J* 上的另一篇文章 (2016, 10: 1939-1953), 引用了代表性论文 1 报道的有关我国边缘海沉积物微生物群落结构的研究结果, 用以从全球角度阐明  $\gamma$ -变形菌纲中的 JTB255 是边缘海沉积物中最为优势的微生物类群。代表性论文 1 同时得到马克斯-普朗克研究所环境微生物学家 Katrin Knittel 课题组发表在 *ISME J* 上的文章 (2018, 12: 623-633) 的引用, 用以阐释近海沉积物中的细菌高多样性。此外, 该论文还得到 *Microbiome* (2019, 7: 71)、*Environ Microbiol* (2017, 19: 1584-1599; 2018, 20: 450-461) 和 *Quat Sci Rev* (地球科学一区 Top; 2018, 181: 19-29) 等多个微生物和地学领域权威期刊的引用, 表明论文成果对理解边缘海底栖微生物的群落结构和分布规律具有重要科学意义。

重要科学发现点三: 发现洋流驱动的南太平洋环流区表层海水微生物群落演替规律

代表性论文 3 共获引用 53 次, 包括他引 37 次。2017 年德国微生物菌种保藏中心主任 Jorg Overmann 在 *Annu Rev Microbiol* (IF=9.808) 上发表文章 (代表性引文 3, 附件 8), 引用了代表性论文 3 报道的有关南太平洋环流区微生物群落演替的研究成果, 用以说明在寡营养海区也能够培养出富营养型微生物。代表性论文 3 同时被发表在 *Nat Commun* (2020, 11: 3626; 尚未被 web of science 收录) 和 *Appl Environ Microbiol* (2019, 85: e00184-19) 上的文章所引用, 用以表征南太平洋环流区表层海水微生物群落结构, 指出我们的研究是有关

南太平洋极端寡营养海区微生物群落结构的少数报道之一。此外，该论文还得到葡萄牙学者发表在 *Mol Ecol* 上文章的引用，用以说明南太平洋环流区具有特殊的古菌群落组成，铵盐对海洋重要氨氧化古菌类群的分布起到关键调控作用。

重要科学发现点四：阐明了我国近海沉积物中微生物的物种共存模式

代表性论文 4 共获引用 42 次，包括他引 36 次。2018 年我国学者在 *FEMS Microbiol Rev* (IF=11.524) 上发表古菌综述性文章（代表性引文 4，附件 9），用整段篇幅引用了代表性论文 4 报道的有关我国边缘海沉积物微生物群落共存模式的研究结果，用以阐述深古菌门在海洋沉积物中的生态分布特征及其与其它古菌类群的相互作用模式。此外，代表性论文 4 还得到多位国内外学者发表在 *Appl Environ Microbiol* (2019, 85: e02602-18)、*FEMS Microbiol Ecol* (2018, 94: fix180) 和 *Microb Ecol* (2015, 70: 380-389) 等微生物领域权威期刊的引用，用以描述海洋沉积物微生物的演化规律及共存关系。

以上科学发现的核心内容曾在第二届深海研究与地球系统科学学术研讨会（2012 年；发现点三）、第三届地球系统科学大会（2014 年；发现点一和二）以及国际海洋微生物学研讨会（2015 年；发现点一、二和四）等领域重要学术研讨会上做口头报告。其中，第二完成人刘吉文在国际海洋微生物学研讨会上做的英文口头报告，荣获最佳口头报告奖（附件 15）。

代表性论文专著目录:

| 序号 | 论文专著名称                                                                                                                                        | 刊名（出版社）                   | 作者（按刊物发表顺序）                                                                  | 年卷页码<br>（xx 年<br>xx 卷<br>xx 页） | 发表时间<br>（年月 日） | 通讯作者<br>（含共同）            | 第一作者<br>（含共同） | 国内作者                                                                        | 他引<br>总次数 | 检索数<br>数据库        | 论文署名<br>单位是否<br>包括国外<br>单位 |
|----|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------|------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------|----------------|--------------------------|---------------|-----------------------------------------------------------------------------|-----------|-------------------|----------------------------|
| 1  | Bacterial and archaeal communities in sediments of the north Chinese marginal seas                                                            | Microbial Ecology         | Jiwen Liu, Xiaoshou Liu, Min Wang, Yanlu Qiao, Yanfen Zheng, Xiao-Hua Zhang  | 2015 年<br>70 卷<br>105-117 页    | 2015 年 7 月     | Xiao-Hua Zhang           | Jiwen Liu     | Jiwen Liu, Xiaoshou Liu, Min Wang, Yanlu Qiao, Yanfen Zheng, Xiao-Hua Zhang | 57        | web of science 总库 | 否                          |
| 2  | Phylogenetic shifts of bacterioplankton community composition along the Pearl Estuary: the potential impact of hypoxia and nutrients          | Frontiers in Microbiology | Jiwen Liu, Bingbing Fu, Hongmei Yang, Meixun Zhao, Biyan He, Xiao-Hua Zhang  | 2015 年<br>6 卷 64 号             | 2015 年 2 月     | Biyan He, Xiao-Hua Zhang | Jiwen Liu     | Jiwen Liu, Bingbing Fu, Hongmei Yang, Meixun Zhao, Biyan He, Xiao-Hua Zhang | 51        | web of science 总库 | 否                          |
| 3  | Spatial variations in microbial community composition in surface seawater from the ultra-oligotrophic center to rim of the South Pacific Gyre | PLoS ONE                  | Qi Yin, Bingbing Fu, Bingyu Li, Xiaochong Shi, Fumio Inagaki, Xiao-Hua Zhang | 2013 年<br>8 卷<br>e55148 号      | 2013 年 2 月     | Xiao-Hua Zhang           | Qi Yin        | Qi Yin, Bingbing Fu, Bingyu Li, Xiaochong Shi, Xiao-Hua Zhang               | 37        | web of science 总库 | 是                          |
| 4  | Spatial distribution                                                                                                                          | Systematic                | Jiwen Liu,                                                                   | 2014 年                         | 2014 年 12      | Xiao-Hua                 | Jiwen Liu     | Jiwen Liu,                                                                  | 36        | web of            | 否                          |

|    |                                                                                           |                           |                                                              |                             |             |                |           |                                                              |     |                   |   |
|----|-------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------|--------------------------------------------------------------|-----------------------------|-------------|----------------|-----------|--------------------------------------------------------------|-----|-------------------|---|
|    | patterns of benthic microbial communities along the Pearl Estuary, China                  | and Applied Microbiology  | Hongmei Yang, Meixun Zhao, Xiao-Hua Zhang                    | 37 卷<br>578-589 页           | 月           | Zhang          |           | Hongmei Yang, Meixun Zhao, Xiao-Hua Zhang                    |     | science 总库        |   |
| 5  | Shifts in archaeaplankton community structure along ecological gradients of Pearl Estuary | FEMS Microbiology Ecology | Jiwen Liu, Shaolan Yu, Meixun Zhao, Biyan He, Xiao-Hua Zhang | 2014 年<br>90 卷<br>424-435 页 | 2014 年 11 月 | Xiao-Hua Zhang | Jiwen Liu | Jiwen Liu, Shaolan Yu, Meixun Zhao, Biyan He, Xiao-Hua Zhang | 21  | web of science 总库 | 否 |
| 合计 |                                                                                           |                           |                                                              |                             |             |                |           |                                                              | 202 |                   |   |

主要完成人情况：

张晓华，排名 1，教授，完成单位和工作单位均为中国海洋大学，研究了典型海洋生境中的微生物群落结构、环境响应及相互作用模式，对该项目的所有重要科学发现均作出了创造性贡献。

刘吉文，排名 2，副教授，完成单位和工作单位均为中国海洋大学，探讨了我国边缘海沉积物中总微生物和功能细菌的共存模式。对重要科学发现点一、二和四作出了创造性贡献。

尹琦，排名 3，助理研究员，完成单位为中国海洋大学，工作单位为重庆医科大学，研究了南太平洋环流区的微生物群落结构。对重要科学发现点三作出了创造性贡献。

完成人合作关系说明：

第一完成人张晓华自 2012 年 1 月至今与第二完成人刘吉文合作，共同研究了我国河口和边缘海区域中微生物的群落演替、环境响应及共存模式，共同发表多篇 SCI 收录论文。本项目中有 4 篇 SCI 论文以刘吉文为第一作者，张晓华为通讯作者。

第一完成人张晓华自 2012 年 1 月至 2013 年 2 月与第三完成人尹琦合作，共同研究了南太平洋环流区中微生物的群落演替规律及环境响应模式，合作发表 SCI 论文 1 篇，尹琦为第一作者，张晓华为通讯作者。