|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **一、项目基本情况** | | | | | | |
| 成果登记号： | 申请之中 | | | | | |
| 项目名称 | 青藏高原盐湖-热泉系统微生物生态特征与元素循环作用 | | | | | |
| 完成人及所在单位 | 1.蒋宏忱，中国地质大学（武汉）；2.普布多吉，西藏自治区高原生物研究所；3.吴耿，中国地质大学（武汉）；4.杨渐，中国地质大学（武汉）；5.黄柳琴，中国地质大学（武汉）；6.张艳敏，河南师范大学；7.方云，武汉工程大学；8.马力，中国地质大学（武汉）；9.宋兆齐，商丘师范学院；10.郑艳艳，西藏自治区高原生物研究所；11.田林，西藏自治区高原生物研究所. | | | | | |
| 推荐单位  （盖章）或  专家（签字） | 王焰新 | | | | | |
| 推荐专业(学科)评审委员会 | 农业 | | 项目所属学科1 | | 微生物学 | |
| 项目所属学科2 | 生态学 | | 项目所属学科3 | | 生物资源 | |
| 已呈交的科技  报告编号 |  | | | | | |
| 所属国民 经济行业 | （M）科学研究、技术服务和地质勘查业 | | | | | |
| 任务来源 | 国家计划、部委及省计划 | | 计划下达单位 、部门 | | 国家科技部、国家自然科学基金委员会、西藏科技厅 | |
| 计划名称和  编号 | 国家自然科学基金项目（91751206：青藏高原湖泊微生物调控碳循环机理及其对盐度的响应；41422208：极端环境地质微生物学；41877322：热泉嗜热硫酸盐还原菌对有机碳矿化的过程和机理研究—以西藏热泉为例；41502318：西藏搭格架热泉微生物厌氧砷氧化过程研究）；科技部科技基础性工作专项（2015FY110100：西藏地区热泉高温微生物资源调查及多样性研究；西藏地区高原湿地湖泊耐盐耐辐射微生物资源调查及多样性研究）；科技部国际合作重点项目（2013DFA31980中国西部热泉微生物资源及其功能利用合作研究）；西藏科技计划项目（21107）西藏伯舒拉零水环境微生物调查研究。 | | | | | |
| 项目开始时间 | 2013年1月1号 | 项目结束时间 | | 2023年12月31号 | | |
| 代表性论文、专著最早发表时间 | 2013年4月 | 代表性论文  影响因子合计 | | 42.2 | 代表性论文  他引次数合计 | 383 |

**项目简介**

（限1200字）

青藏高原作为全球海拔最高、环境最极端的地区之一，其盐湖、热泉等极端生境中微生物群落的代谢活动深刻影响着碳、硫、铁等关键元素的生物地球化学循环。然而，受限于高原严酷的自然条件与技术手段，该区域微生物研究长期面临以下瓶颈：微生物驱动的多元素循环耦合机制不明、极端环境微生物代谢适应性机制不清、群落构建驱动机制争议未决。为此，本项目通过国家科技部、国家自然科学基金委员会、西藏科技厅等课题的研究，系统解析了青藏高原盐湖-热泉系统微生物的生态功能、元素循环规律及其地质演化意义。主要取得以下创新性成果：

​ 1. 盐湖微生物群落构建机制​：发现青藏高原盐湖微生物群落构建由盐度梯度与地理距离协同驱动，随机过程（扩散限制、生态漂变）贡献70%以上变异，但确定性过程（环境过滤）通过筛选耐盐功能类群（如寡营养菌）显著影响结构。首次量化矿物（方解石、白云石）在群落构建中的直接作用，提出“随机-确定性”双重调控理论框架，突破传统生态位理论局限，完善微生物生物地理学体系，为极端环境微生物分布规律提供新范式。

​2.发现盐度梯度下微生物功能基因显著分化：CAZy基因多样性随盐度升高指数下降，氮循环基因多样性增加，硝酸盐还原铁氧化（NRFeOx）微生物代谢模式从淡水自养型（*Gallionella*）转向高盐异养型（*Marinobacter*）。建立盐度-功能基因响应预测模型，推动微生物生态学研究范式革新。

​3.解析盐度梯度驱动下微生物驱动的多元素循环耦合机制：硫酸盐还原菌（*Desulfobacterota*）丰度随盐度升高下降80%，光合微生物（蓝细菌/藻类）主导碳固定（贡献率92.86%-98.42%），硫氧化-铁还原耦合提升能量利用效率达30%。提出铁-钙化学保护作用通过稳定矿物-有机质复合体提升碳埋藏效率，为评估碳中和背景下陆地碳汇潜力提供关键参数。

​4. 揭示热泉微生物生物地理格局​：西藏热泉微生物群落以Proteobacteria（28.6%）、*Deinococcus-Thermus*（18.2%）为主导，云南酸性热泉富集独特*Aquificae*演化支系（52%），地理隔离解释群落变异的83.4%。稀有微生物通过占据芳香族化合物降解、甲烷生成等特化生态位提升群落功能冗余度，其基因资源在污染物降解（如芳香烃）、极端酶开发等领域具重大应用潜力，拓展微生物生物勘探理论边界。

​5.阐明热泉微生物驱动硫循环、砷氧化、铁还原的分子机制：产氢菌（*Caloramator*）丰度与水温正相关，硫还原菌（*Desulfobacterales*）主导高温环境，砷氧化细菌分布受温度-pH协同调控。揭示硝酸盐依赖型铁氧化耦合碳酸盐沉淀机制，为模拟前寒武纪BIF成矿过程提供微生物作用新证据。

​6. 极端环境微生物资源库拓展：报道10个新种（如Tabrizicola alkalilacus sp. nov.），其广谱碳源利用、耐盐碱胁迫特性为盐湖生态修复提供新工具。

本项目已在本领域国内外著名期刊mbio、Appl Environ Microbiol等SCI杂志发表论文34篇，累计影响因子127.7。其中8篇代表性论文总影响因子达42.2，他引次数为383次。其余26篇主要论文的他引次数为602次。受到国际著名刊物评论，在国内外产生了广泛影响。相关成果支撑国家"双碳"战略与青藏高原生态屏障建设；建立的微生物资源库（保藏2000余株极端环境菌株）和发现的耐盐碱基因资源，为西藏盐渍化土地治理及特色资源开发提供科学依据；培养了西藏自治区本地优秀科研人才，建成了一支具有国内外影响的极端微生物研究团队，引领了我国热泉和盐湖微生物学科的发展。

**三、候选人对本项目主要学术贡献**

**第1候选人：蒋宏忱**

参与本项目的具体实施，主持其中的4个基金项目，对创新点1-6做出了重要贡献，对青藏高原盐湖与热泉微生物生态特征与元素循环过程突破性发现和系列新认识。代表性论文5-7的通讯作者，代表性论文1-3,8的并列通讯作者；其他核心论文1-3,6，9，13,16-25通讯作者；4-5，7-8，11,26的并列通讯作者。

**第2候选人：普布多吉**

参与本项目的具体实施，主持其中的2个基金项目，对创新点4做出了重要贡献，对高温热泉微生物参与氮循环的功能过程获得突破性发现；对青藏高原及云南、新疆的湖泊微生物种群构成和生态功能获得新认识。代表性论文6的第一作者，代表性论文5，6的并列通讯作者；核心论文14，18的第一作者，核心论文3，4，6，7，14，19的并列通讯作者。

**第3候选人：吴耿**

参与本项目的具体实施，主持其中的2个基金项目，对创新点5做出了重要贡献，对热泉微生物驱动的元素循环与地质演化机制获得新认识。代表性论文1,2的并列通讯作者，代表性论文6,7的共同作者；其他核心论文9的并列通讯作者，其他核心论文24的第一作者，其他核心论文13，17，18，19，23,25,26的共同作者。

**第4候选人：杨渐**

参与本项目的具体实施，主持其中的1个基金项目，对创新点1,2,3做出了重要贡献，对青藏高原咸盐湖泊微生物群落分布、构建机制与参与元素循环过程获得系列新认识。代表性论文3,5,7的第一作者，代表性论文1,2,6 的共同作者，其他核心论文9,11,16,17，19,23,25的第一作者，其他核心论文5的并列通讯作者，其他核心论文1,2,3，4，7，8，18，20，21，22，24，共同作者。

**第5候选人：黄柳琴**

参与本项目的具体实施，对创新点4，5做出了重要贡献。代表性论文1，3的共同作者；其他核心论文13，26的共同作者。

**第6候选人：张艳敏**

参与本项目的具体实施，对创新点4，5做出了重要贡献，对西藏热泉中稀有微生物群落具有独特的生态位分化与环境适应性和嗜热铁氧化微生物介导的纳米矿物形成获得新认识。代表性论文6的第一作者；其他核心论文13的第一作者。

**第7候选人：方云**

参与本项目的具体实施，对创新点3做出了重要贡献，对盐度梯度驱动自养微生物代谢途径转变与功能适应和Sumerlaeota（苏美尔菌）的代谢多样性与环境适应性获得新认识。代表性论文2的第一作者，其它核心论文3的第一作者。

**第8候选人：马力**

参与本项目的具体实施，对创新点5做出了重要贡献，对西藏温泉产氢微生物群落及代谢多样性和硫循环微生物群落的结构与功能获得新认识。代表性论文1的第一作者，核心论文14，18的第一作者，其它核心论文8的第一作者。

**第9候选人：宋兆齐**

参与本项目的具体实施，对创新点4做出了重要贡献，对青藏高原东西部温泉微生物群落的地理分异机制获得新认识。代表性论文8的第一作者。

**第10候选人：郑艳艳**

承担西藏地区湖泊极端微生物资源调查工作，协助建立西藏地区极端微生物菌种资源库，调查包括西藏11个湖泊。分离、鉴定并保藏菌种2000余株，隶属于250余属660余种，对其中极端嗜盐菌株进行功能筛选及代谢产物分析。

**第11候选人：田林**

承担西藏地区湖泊微生物资源调查工作，协助建立西藏地区极端微生物菌种资源库，调查包括西藏8个边境县多种环境介质包括湖泊中微生物资源。分离、鉴定并保藏菌种1500余株，隶属于150余属400余种，并对其中潜在新种进行形态观察、生理生化及分子鉴定实验。

**四、****代表性论文专著目录（不超过8篇）**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 序  号 | 论文专著  名称/刊名  /作者 | 影响因子 | 年卷页码  （xx年xx卷  xx页） | 发表时间年月 日 | 通讯作者 | 第一作者 | 国内作者 | SCI  他引次数 | 他引总次数 | 知识产权是否归国内所有 |
|  | Distribution of hydrogen-producing bacteria in Tibetan hot springs, China/ Frontiers in Microbiology / Li Ma, Geng Wu, Jian Yang, Liuqin Huang, Dorji Phurbu, Wen-Jun Li and **Hongchen Jiang** | 4.0 | 2021年12卷 1789 | 2021.07.21 | 蒋宏忱/吴耿 | 马力 | 杨渐、黄柳琴、普布多吉、李文均 | 5 | 6 | 是 |
|  | Casting Light on the adaptation mechanisms and evolutionary history of the widespread Sumerlaeota/ mBio/ Yun Fang, Yang Yuan, Jun Liu, Geng Wu\*, Jian Yang, Zhengshuang Hua, Jibin Han, Xiying Zhang, Wenjun Li, **Hongchen Jiang\*** | 5.1 | 2021年12卷e00350-21 | 2021.03.31 | 蒋宏忱/吴耿 | 方云 | 袁洋、刘俊、杨渐、花正双、韩积斌、张西营、李文均 | 19 | 19 | 是 |
|  | Potential utilization of terrestrially derived dissolved organic matter by aquatic microbial communities in saline lakes/The ISME Journal/ Jian Yang, **Hongchen Jiang\***, Wen Liu, Liuqin Huang, Jianrong Huang, Beichen Wang, Hailiang Dong\*, Rosalie K. Chu, and Nikola Tolic | 10.8 | 2020年14卷2313-2324 | 2020.09.15 | 蒋宏忱/董海良 | 杨渐 | 刘文、黄柳琴、黄建蓉、王北辰 | 68 | 80 | 是 |
|  | *Tabrizicola alkalilacu*s sp. nov., isolated from alkaline Lake Dajiaco on the Tibetan Plateau*/*Int J Syst Evol Microbiol / **Dorji Phurbu**, Hui Wang, [Qian Tang,](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Tang+Q&cauthor_id=31385782) [Huibin Lu](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Lu+H&cauthor_id=31385782), [Han Zhu](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Zhu+H&cauthor_id=31385782), [Siping Jiang](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Jiang+S&cauthor_id=31385782), [Peng Xing](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Xing+P&cauthor_id=31385782), [Qinglong L Wu](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Wu+QL&cauthor_id=31385782) | 2.0 | 2019年69卷1093-1098 | 2019.11.15 | 邢鹏 | 普布多吉 | 卢慧斌、 王慧、 唐千、 朱韩、蒋思萍、吴庆龙 | 11 | 11 | 是 |
|  | A comprehensive census of lake microbial diversity on a global scale/ Science China: Life sciences/ Jian Yang, **Hongchen Jiang**\*, Hailiang Dong, Yongqin Liu | 8.0 | 2019年62卷1320–1331 | 2019.10.20 | 蒋宏忱 | 杨渐 | 董海良、刘勇勤 | 53 | 64 | 是 |
|  | Abundant and rare microbial biospheres respond differently to environmental and spatial factors in Tibetan hot springs/ Frontiers in Microbiology/ Yanmin Zhang, Geng Wu, **Hongchen Jiang**\*, Jian Yang, Weiyu She, Inayat Khan, Wenjun Li | 4.0 | 2018年9卷2096 | 2018.09.19 | 蒋宏忱 | 张艳敏/吴耿 | 杨渐、佘伟钰、李文均 | 35 | 43 | 是 |
|  | Distinct factors shape aquatic and sedimentary microbial community structures in the lakes of western China/Frontiers in Microbiology/ Jian Yang, **Hongchen Jiang\***, Geng Wu, Wen Liu and Guojing Zhang | 4.0 | 2016年7卷1782 | 2016.11.08 | 蒋宏忱 | 杨渐 | 吴耿、刘文、张国敬 | 45 | 55 | 是 |
|  | Bacterial and archaeal diversities in Yunnan and Tibetan hot springs, China/ Environmental Microbiology/ Zhao-Qi Song, Feng-Ping Wang, Xiao-Yang Zhi, Jin-Quan Chen, En-Min Zhou, Feng Liang, Xiang Xiao, Shu-Kun Tang, **Hong-Chen Jiang\***, Chuanlun L. Zhang, Hailiang Dong, and Wen-Jun Li | 4.3 | 2013年15卷1160–1175 | 2013.04.15 | 李文均/蒋宏忱 | 宋兆齐 | 王风平、职晓阳、陈金泉、周恩民、冯亮、唐蜀昆、张传伦 | 92 | 105 | 是 |
| 合 计 | | | | | | | | 328 | 383 |  |