

· 重大研究计划专题:水圈微生物驱动地球元素循环的机制 ·

科学基金加强水圈微生物领域基础研究

杜全生¹ 魏巍² 邹龙³ 冯雪莲^{1*}

(1. 国家自然科学基金委员会生命科学部,北京 100085;
2. 浙江省农业科学院农产品质量标准研究所,杭州 310021;
3. 江西师范大学生命科学院,南昌 330022)

[摘要] 国家自然科学基金委员会于2017年启动了“水圈微生物驱动地球元素循环的机制研究”重大研究计划(以下简称“水圈微生物计划”),旨在揭示水圈微生物驱动碳、氮、硫等元素循环的机制。本文主要介绍了本计划的相关研究基础、申请与资助情况以及项目组织管理原则与程序,供有关研究人员参考。

[关键词] 水圈微生物;元素循环;驱动机制;重大研究计划;研究进展;资助管理

国家自然科学基金“水圈微生物计划”重大研究计划,将深入研究地球典型水圈环境中微生物群落及结构、生态学特征、功能类群丰度及时空变化规律,阐明微生物在地球重要元素(碳、氮、硫等)的生物地球化学循环中的驱动机制^[1]。为了让科研人员更好地了解和参与本计划,不断提高资助成效,本文对我国在水圈微生物驱动地球元素循环领域的基础研究进展、年度申请资助情况和组织管理等方面进行概述。

1 我国在水圈微生物驱动地球元素循环领域的基础研究进展

1.1 大洋重要微生物功能类群及其驱动元素循环机制的研究进展

大洋是海洋的主体,远离大陆架,生态环境复杂多样,大洋深部蕴含大量未知微生物(群),在地球元素循环中起着重要作用。近年来,我国科学家在大洋重要微生物学类群的研究中取得了快速进步,获得了一批具有国际水平的研究成果。中国海洋大学张晓华教授在我国东海海水样品中分离到 α -变形菌纲细菌—团聚拉布伦茨氏菌(*Labrenzia aggregata*),具有二甲基巯基丙酸盐(dimethylsulphoniopropionate, DMSP)合成能力^[2]。山东大学张玉忠教授

团队首次揭示了海洋细菌(*Ruegeria lacuscaerulensis* ITI_1157)中DMSP裂解酶催化产生二甲基硫(DMS,海洋排放量最大的挥发性有机硫化物)的机制^[3];其团队还发现深海适冷细菌(*Pseudoaltermonas* sp. SM9913)在深海有机氮降解与深海氮循环中的关键作用^[4]。上海交通大学王风平院士团队提出“深古菌”是海洋沉积物中碳循环和生态系统的核心驱动者^[5]。肖湘教授发现甲烷厌氧氧化古菌具有不同的甲烷氧化和电子传输通路,揭示了海底热液生态系统演替及厌氧甲烷氧化途径^[6]。李志勇教授分析了不同海域海绵中氨氧化或反硝化微生物种群分布^[7]。

1.2 近海与河口微生物驱动元素循环机制相关研究进展

浅海与海陆过渡带的河口是物质转化与能量流动最活跃的水圈环境之一,二氧化碳和甲烷等温室气体产生及代谢活跃。我国科研人员在海洋储碳、单细胞监测等方面取得引人瞩目的科研成果。厦门大学焦念志院士团队提出了“微型生物碳泵”海洋储碳新机制,认为细菌、古菌及病毒(噬菌体)是将溶解有机碳转化为惰性溶解有机碳的重要功能生物,对海洋碳循环具有重要贡献^[8]。中国科学院青岛能源与过程研究所徐健研究员等率先实现在单细胞水平

收稿日期:2018-05-22;修回日期:2018-07-30

* 通信作者,Email: fengxl@nsfc.gov.cn

对微藻细胞群体合成甘油三酯过程的动态定量监测^[9]。中国科学院水生生物研究所胡晗华研究团队在硅藻代谢通路和碳固定研究中,揭示了三角褐指藻支链氨基酸降解路径及其与油脂积累的关系^[10]。复旦大学李博教授发现石油污染和土壤盐渍化影响黄河三角洲生态系统根系土壤微生物的多样性和多态性^[11]。中国科学院生态环境中心王爱杰研究团队发现了异养反硝化脱硫细菌新属(*Thiopseudomonas*),认为高负荷下稳定反硝化脱硫的关键是异养微生物^[12]。

1.3 在流域水体(湖泊、湿地)元素循环中的驱动机制及生态效应的研究进展

流域水体(湖泊、湿地)中蕴涵的微生物类群多样,代谢类型丰富,一直是本领域的研究热点。中国科学院南京地理与湖泊研究所吴庆龙研究团队初步阐明了我国太湖中细菌结构及其多样性分布,解析了基于生态位的湖泊微生物群落结构形成机制^[13]。中国地质大学董海良教授等在青藏高原湖泊中发现了先前认为仅存在于海洋的微生物,提出了关于其演化的假说^[14]。中国科学院城市环境研究所杨军研究员发现我国东部42个湖库区优势和稀有浮游细菌的群落生态、生物地理分布格局以及不同生态位^[15]。中国科学院微生物研究所东秀珠研究员发现青藏高原若尔盖高寒湿地土壤中古菌的群落组成与植被类型相关,甲醇产甲烷是若尔盖高寒湿地重要的甲烷排放途径^[16]。中国科学院南京土壤研究所贾仲君研究员分析了湿地土壤氧化大气甲烷的机制,发现湿地甲烷氧化菌在大气甲烷氧化过程中发挥主要作用^[17]。清华大学杨云锋教授验证了具有纤维素—异丁醇转化功能的严格厌氧微生物的基因丰度与土壤有机质分解、硝化潜势和温室气体通量的关联性^[18]。广东省微生物研究所许玫英研究员发现多种复合呼吸功能微生物及其电子受体介导的分层呼吸模式^[19]。

1.4 陆地特殊水生生境微生物代谢的特点及环境适应机制的研究进展

热泉、盐湖、喀斯特岩溶区、稻田和矿山酸性排水等特殊环境中微生物往往具有独特的生长代谢机制,微生物与碳酸盐、磷酸盐和硫化物等多种矿物相互作用极其活跃,碳氮硫等元素的地球化学循环模式具有特殊性和典型性。中国科学院微生物研究所黄力研究员发现极端嗜热古菌—硫化叶菌丰富的遗传机制与环境适应机理^[20]。向华研究员解析了嗜盐古菌合成重要贮碳物质(聚3-羟基丁酸酯3-羟基

戊酸酯)(PHBV)的固碳贮碳途径^[21]。中山大学李文均教授研究发现高温热泉中氨氧化古菌可能利用3-羟基丙酸/4-羟基丁酸(3HB/4HP)途径进行CO₂固定,作为生长所需能量^[22]。中国科学院地球化学研究所刘丛强院士团队揭示了喀斯特流域养分生物地球化学耦合作用机制和循环规律,并提出流域硫和氮生物地球化学循环影响碳循环及其温室气体源—汇效应的观点^[23]。华中科技大学余龙江教授发现岩溶区微生物(真菌溶蚀效果最佳)产生的碳酸酐酶是促进碳酸盐岩溶蚀效应的关键因素,促进了岩溶系统钙镁元素的迁移,以及岩溶环境中生物生长和碳氮代谢^[24]。北京大学陆雅海教授发现了一类广泛分布的产甲烷古菌新类群,它们在水稻根系甲烷生成过程中起主要作用^[25]。中国科学院城市环境研究所朱永官和生态环境研究中心祝贵兵等发现,水稻田根际厌氧氨氧化对氮气损失的贡献为31%—41%^[26]。北京大学吴晓磊教授团队和中国地质大学董海良教授团队在石油环境中分离了大量微生物新物种,并发现非光合微生物可通过金属硫化物和铁氧化物等矿物介导转化和利用光能,促进微生物生长与改变微生物群落^[27]。清华大学周集中教授提出了一个关于生态系统演替规律的新型理论框架^[28],这对于预测生态系统响应环境变化的规律和生物多样性的保护都具有重要的指导意义。

2 “水圈微生物计划”年度申请与资助情况

“水圈微生物驱动地球元素循环的机制研究”重大研究计划已于2017年正式实施,由国家自然科学基金委员会生命科学部(以下简称基金委生命科学部)主管,地球科学部、化学科学部和信息科学部共同参与,计划周期8年,支持经费2亿元。首期项目安排经费3625万元,资助重点支持项目7项,每项平均资助强度316万,资助期限4年;培育项目18项,每项平均资助强度90万,资助期限3年。从2017年度申请项目在各个研究方向分布情况分析,重点支持项目4个研究方向项目申请数较平均,在6—8项之间,培育项目主要集中在“大洋重要微生物功能类群及其驱动碳氮硫循环的机制”和“微生物在流域水体(河流、湖泊、湿地等)碳氮硫循环中的驱动机制及生态效应”这两个研究方向,申请数分别为22项和42项;其他2个研究方向申请数总和为26项,不及前者(共64项)半数,有待后续引导和加强。

2017年度项目申请主要集中在生命科学部(重

点支持项目 17 项, 培育项目 46 项) 和地球科学部(重点支持项目 12 项, 培育项目 41 项), 化学科学部和工程与材料科学部分别只有 1 项和 2 项培育项目申请, 无重点支持项目申请, 有待相关科学部加大宣传和引导, 实现多学科交叉。其中, 中国科学院水生生物研究所项目申请数排名第 1 位, 达到 9 项; 中国科学院微生物研究所和中山大学排名第 2 和第 3 位, 分别达到 7 项和 6 项; 上海交通大学、厦门大学和 中国海洋大学并列第 4 位, 均为 4 项; 北京大学、浙江大学、南开大学、中国地质大学(武汉)、华中农业大学和西南大学均为 3 项。

从申请项目同行评议综合评价结果分析, 每个项目都由 5 位评审专家进行函评, 全部专家评价均为“优”的项目较少, 重点支持项目和培育项目分别只占各自总数的 6.9% 和 0%; 全部专家评价均为“良”以上的项目分别占各自总数的 41.38% 和 14.44%; 综合评价为 1 个“中/差”的项目分别占各自总数的 31.03% 和 23.33%; 综合评价为 2 个“中/差”以下的项目, 分别占各自总数的 27.58% 和 62.22%, 培育项目中专家共同认可的优秀项目较少。从同行评议资助意见结果看, 重点支持项目中 1 位专家“不同意资助”的项目数最多, 占 37.93%; 其次是 3 位及以上专家均“不同意资助”的项目数, 占 24.14%; 全部专家均“同意资助”的项目数占 20.69%; 全部专家均评价为“优先资助”的项目仅有 1 项, 占 3.45%。培育项目 3 位及以上专家“不同意资助”的项目数最多, 占 41.11%, 其次是 2 位专家“不同意资助”、1 位专家“不同意资助”的项目数, 分别占 26.67% 和 25.56%, 全部专家均“同意资助”的项目数仅占 6.67%, 没有函评专家评价全部为“优先资助”的项目。主要原因是申请书的研究内容与本重大研究计划的目标存在差距, 该计划希望在物种、群落、代谢途径等不同层次探讨微生物如何驱动碳氮硫元素循环的新机制及其生态学意义, 而不是简单的多样性调查或群落结构分析, 特别鼓励可能颠覆已知碳氮硫循环概念的研究。

3 “水圈微生物计划”的组织管理工作

根据《国家自然科学基金重大研究计划管理办法》及相关规定的要求, 本重大研究计划按照“有限目标、稳定支持、集成升华、跨越发展”的思路, 强化顶层设计和科学指导, 坚持专家学术指导与项目资助管理相结合、自由探索与集成升华相结合, 按照“依靠专家、科学管理、环境宽松、有利创新”的原则,

在实施过程中把握基础性、前瞻性和交叉性的基本特点做好资助管理工作。

3.1 “水圈微生物计划”的管理模式

“水圈微生物计划”项目实行以专家学术指导与项目资助管理相结合“一体双翼”的管理模式。一体: 围绕重大研究计划的科学目标与核心科学问题, 凝聚优势力量, 形成具有相对统一目标或方向的项目集群, 不断提升我国在水圈微生物领域的原始创新能力; 两翼: 通过设立“指导专家组”和“管理工作组”强化项目实施过程管理, 建立分工不同、相互协调和制约的有序工作机制。“指导专家组”和“管理工作组”协调配合, 引导科研人员自由探索与集成升华相结合, 力争对水圈微生物驱动元素循环的重要问题有综合全面的认识, 并提出新的研究思路 and 理论体系。

“指导专家组”由本研究领域高水平的科学家组成, 成员共 9 人, 其主要职责包括: 负责研究计划的总体部署和项目立项指南的提出等重要学术问题; 负责提出重大研究计划实施规划书; 提出项目指南建议; 参加会议评审工作; 指导在研项目的年度学术交流活 动; 跟踪项目进展, 开展战略研究; 提出研究计划调整方案的建议; 审查项目年度进展报告、中期检查报告和结题报告; 编制重大研究计划中期评估、自评估报告和阶段实施报告; 编制重大研究计划结束评估总结报告、研究成果报告和战略研究报告。同时, 安排学术秘书 2 人, 协助“指导专家组”的工作。“管理工作组”由基金委生命科学部、地球科学部、化学科学部和信息科学部等领导和相关人员组成, 成员共 5 人, 保证研究计划各项工作的顺利开展和 实施。其主要职责包括: 协助计划“指导专家组”对重大研究计划进行总体规划、学术指导和战略调研; 协助“指导专家组”组织重大研究计划的重大学术活动(如项目年度学术交流、中期自评估等); 负责组织项目评审与资助工作; 根据项目指南的要求对申请书进行形式审查, 确定送审项目, 选聘同行评议专家(需征询“指导专家组”意见); 综合、分析同行评议意见, 确定参加重大研究计划评审组评审的项目, 选聘评审组专家(需征询“指导专家组”意见); 复核“指导专家组”提出的项目建议资助方案; 负责项目实施管理(审核资助项目计划书、年度进展报告和结题总结报告; 提出在研基金项目纳入重大研究计划的建议); 负责组织对重大研究计划的阶段评估和验收工作, 选聘中期评估和验收专家组专家; 负责“指导专家组”成员变动事宜; 审核实施计划的正式文

本、评议准则和操作方法;负责计划投入经费的预算、经费指标使用管理等。

3.2 “水圈微生物计划”的管理措施

(1) 加强顶层设计,引导系统深入研究。“指导专家组”做好顶层设计,充分发挥重大研究计划年度申请指南的导向作用,明确围绕水圈碳、氮、硫循环的微生物驱动机制这一重要科学问题开展工作,提出年度具体的资助方向和需要解决的关键科学和技术问题。根据以往重大研究计划执行过程中的经验,在首次评审会上“指导专家组”建议本“计划”前三年对申请项目应少一些限制,鼓励科研工作者开展风险高、创新强的研究,推动源头创新。

(2) 强化跟踪,保证研究计划高质量实施。保证每1个重点支持项目配对1名相关研究领域“指导专家组”专家作为责任专家,每1—2个培育项目配对1名责任专家。每1名责任专家负责项目实施过程中的学术指导,全程参与配对项目的实施,进行不定期的现场考察和沟通指导,解决瓶颈问题,把控项目的实施质量。同时“指导专家组”聘请2名学术秘书,主要负责相关材料收集、协调管理中的具体事务、具体经费管理、会议组织等工作。

(3) 强化项目间实质性交流,促进项目群形成。本“计划”每年度召开一次“指导专家组”和“管理工作组”的联席会议。首次学术交流会已于2018年1月9—12日在南方科技大学召开,指导专家组组长赵国屏院士就本重大研究计划的顶层设计和申报指南进行了说明,并邀请了本领域的国内外知名专家参会作报告。同时,各项目负责人就资助项目的研究意义、内容和方案以及前期工作基础作了开题报告。“指导专家组”对各项目间可能存在的学术交叉与合作进行指导与可行性分析。“指导专家组”和“管理工作组”提出研究中的瓶颈问题,研讨年度资助计划、年度指南的撰写及一些重大问题,并不定期召开学术研讨会,以保证研究计划的顺利实施。同时,加强国际学术交流,引进国外先进技术、听取国外知名学者的意见。鼓励我国相关的研究人员参与和启动大的国际合作计划,扩大研究计划在国际学术界的影响;采取多种形式,加强对该重大研究计划及其成果的宣传。

(4) 加强竞争,分类资助实行滚动管理。本“计划”的项目类型有两类,分为“培育项目”和“重点支持项目”。“培育项目”资助具有较好创新性和研究价值,但需进一步探索的申请项目;“重点支持项目”资助已在本“计划”主要研究领域具有较好工作基

础,对本“计划”研究目标有重大贡献的申请项目。对进展良好、创新性强、有突破前景的培育项目进行连续资助,进入重点资助,在集成过程中优先考虑;对进展较差或者研究重点不在本“计划”主要研究方向的项目不再给予后续资助。鼓励和支持已集成领域向纵深发展,凝练整合新的、更具深度的集成方向。

(5) 强化约束,促进学科交叉与研究资源共享。重大研究计划是以多项目集成的方式开展科学研究,各项目间的信息共享和学科交叉是本“计划”顺利实施和取得预期成果的坚实基础。“指导专家组”和“管理工作组”通过年度交流会、学术交流会、管理工作会等形式,实现获得资助的项目在研究材料、基础数据、技术手段方面的共享,实现研究平台的开放和项目之间的相互支撑。

参 考 文 献

- [1] 黄力,冯雪莲,杜全生,等. 水圈微生物重大研究计划: 聚焦水圈微生物组研究的核心科学问题. 中国科学院院刊, 2017, 32(3): 266—272.
- [2] Curson ARJ, Liu J, Martinez AB, et al. Dimethylsulfoniopropionate biosynthesis in marine bacteria and identification of the key gene in this process. *Nature Microbiology*, 2017, 2(5): 17009.
- [3] Li CY, Wei TD, Zhang SH, et al. Molecular insight into bacterial cleavage of oceanic dimethylsulfoniopropionate into dimethyl sulfide. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111(3): 1026—1031.
- [4] Ran LY, Su HN, Zhao GY, et al. Structural and mechanistic insights into collagen degradation by a bacterial collagenolytic serine protease in the subtilisin family. *Molecular Microbiology*, 2013, 90(5): 997—1010.
- [5] He Y, Li M, Perumal V, et al. Genomic and enzymatic evidence for acetogenesis among multiple lineages of the archaeal phylum Bathyarchaeota widespread in marine sediments. *Nature Microbiology*, 2016, 1(6): 16035.
- [6] Wang FP, Zhang Y, Chen Y, et al. Methanotrophic archaea possessing diverging methane-oxidizing and electron-transporting pathways. *ISME Journal*, 2014, 8(5): 1069—1078.
- [7] Han M, Li Z and Zhang F. The ammonia oxidizing and denitrifying prokaryotes associated with sponges from different sea areas. *Microbial Ecology*, 2013, 66(2): 427—436.
- [8] Jiao N, Herndl GJ, Hansell DA, et al. Microbial production of recalcitrant dissolved organic matter: long-term carbon storage in the global ocean. *Nature Reviews Microbiology*, 2010, 8(8): 593—599.
- [9] Wang TT, Ji YT, Wang Y, et al. Quantitative dynamics of triacylglycerol accumulation in microalgae populations at single-cell resolution revealed by Raman microspectroscopy. *Biotechnology for Biofuels*, 2014, 7(1): 58.

- [10] Ge F, Huang WC, Chen Z, et al. Methylcrotonyl-CoA carboxylase regulates triacylglycerol accumulation in the model diatom *Phaeodactylum tricorutum*. *Plant Cell*, 2014, 26(4): 1681—1697.
- [11] Nie M, Zhang XD, Wang JQ, et al. Rhizosphere effects on soil bacterial abundance and diversity in the Yellow River Deltaic ecosystem as influenced by petroleum contamination and soil salinization. *Soil Biology & Biochemistry*, 2009, 41(12): 2535—2542.
- [12] Tan WB, Huang C, Chen C, et al. Bioaugmentation of activated sludge with elemental sulfur producing strain *Thiopsedomonas denitrificans* X2 against nitrate shock load. *Bioresource Technology*, 2016, 220:647—650.
- [13] Wu QL, Zwart G, Wu J, et al. Submersed macrophytes play a key role in structuring bacterioplankton community composition in the large, shallow, subtropical Taihu Lake, China. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(11): 2765—2774.
- [14] Jiang HC, Dong HL, Yu BS, et al. Dominance of putative marine benthic Archaea in Qinghai Lake, north-western China. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(9): 2355—2367.
- [15] Liu LM, Yang J, Yu Z, et al. The biogeography of abundant and rare bacterioplankton in the lakes and reservoirs of China. *ISME Journal*, 2015, 9(9): 2068—2077.
- [16] Jiang N, Wang YF and Dong XZ. Methanol as the primary methanogenic and acetogenic precursor in the cold Zoige wetland at Tibetan plateau. *Microbial Ecology*, 2010, 60(1): 206—213.
- [17] Cai YF, Zheng Y, Bodelier PLE, et al. Conventional methanotrophs are responsible for atmospheric methane oxidation in paddy soils. *Nature Communications*, 2016, 7:11728.
- [18] Yang YF, Gao Y, Wang SP, et al. The microbial gene diversity along an elevation gradient of the Tibetan grassland. *ISME Journal*, 2014, 8(2): 430—440.
- [19] Yang YG, Xiang YB, Sun GP, et al. Electron acceptor-dependent respiratory and physiological stratifications in biofilms. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49(1): 196—202.
- [20] Liu B, Ouyang SY, Makarova KS, et al. A primase subunit essential for efficient primer synthesis by an archaeal eukaryotic-type primase. *Nature Communications*, 2015, 6:7300.
- [21] Han J, Hou J, Zhang F, et al. Multiple propionyl Coenzyme A-supplying pathways for production of the bioplastic poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) in *Haloferax mediterranei*. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79(9): 2922—2931.
- [22] Song ZQ, Wang L, Wang FP, et al. Abundance and diversity of archaeal accA gene in hot springs in Yunnan Province, China. *Extremophiles*, 2013, 17(5): 871—879.
- [23] 刘丛强. 生物地球化学过程与地表物质循环—西南喀斯特流域侵蚀与生源要素循环. 北京: 科学出版社, 2007.
- [24] Li W, Yu LJ, He QF, et al. Effects of microbes and their carbonic anhydrase on Ca²⁺ and Mg²⁺ migration in column-built leached soil-limestone karst systems. *Applied Soil Ecology*, 2005, 29(3): 274—281.
- [25] Lu YH and Conrad R. In situ stable isotope probing of methanogenic archaea in the rice rhizosphere. *Science*, 2005, 309(5737): 1088—1090.
- [26] Nie SA, Li H, Yang XR, et al. Nitrogen loss by anaerobic oxidation of ammonium in rice rhizosphere. *ISME Journal*, 2015, 9(9): 2059—2067.
- [27] Lu AH, Li Y, Jin S, et al. Growth of non-photosynthetic microorganisms using solar energy through mineral photocatalysis. *Nature Communications*, 2012, 3:768.
- [28] Zhou JZ, He Q, Hemme CL, et al. How sulphate-reducing microorganisms cope with stress: lessons from systems biology. *Nature Reviews Microbiology*, 2011, 9(6): 452—466.

NSFC improve the basic research in hydrosphere microbes

Du Quansheng¹ Wei Wei² Zou Long³ Feng Xuelian¹

(1. Department of Life Sciences, National Natural Science Foundation of China, Beijing 100085;

2. Institute of Quality and Standard for Agro-products, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021;

3. College of Life Sciences, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022)

Abstract National Natural Science Foundation of China (NSFC) implemented a Major Research Plan entitled ‘Mechanisms Underlining Elemental Cycling on the Earth by Microbes in Hydrosphere’ (‘Microbes in Hydrosphere’ in short) from 2017. This plan focuses on key basic scientific issues on the mechanisms driving carbon, nitrogen, and sulfur cycling on the earth by microbes in hydrosphere. This article introduces the recent progress, statistics of application and funding projects, programs organizational and management principles and processes, which will facilitate better understanding of the plan.

Key words microbes in hydrosphere; element cycling; driving mechanisms; Major Research Plan; research progress; funding and management