

附件：

## 2025 年度海南省科学技术奖提名公示内容

项目名称	海南热带雨林转为橡胶林过程中土壤微生物群落的响应机制
提名奖项及等级	海南省自然科学奖二等奖。
提名者	中国热带农业科学院
提名意见：	<p>该项目历时 9 年，围绕雨林转为橡胶林后土壤退化的微生物机制开展研究，取得三项突破性发现：（1）发现热带雨林土壤微生物群落功能基因丰度较高，但群落结构稳定性较低；（2）揭示了 pH 与养分协同调控微生物群落结构、功能及稳定性的关键作用；（3）明确雨林转橡胶林后有益微生物减少是导致功能退化的主要原因，修正了“种植橡胶必然导致土壤酸化”的传统观点。发表论文 28 篇，8 篇代表性论文中，有 3 篇发表于 <i>Geoderma</i> 等 Top 期刊；总他引 224 次，其中被国际顶刊（中科院一区）引用 50 余次。研究成果为天然橡胶产业的绿色转型和海南热带雨林国家公园建设提供了重要科学依据。</p> <p>提名该项目为海南省自然科学奖二等奖。</p>
项目简介（1200 字以内）	<p><b>研究背景：</b>海南作为我国天然橡胶的主要种植基地之一，承担着重要的战略物资生产任务。然而，长期以来，我国天然橡胶的自给率不足 20%。土壤微生物作为维系植物生长的关键生物因子，其群落结构和功能对橡胶树的生长具有直接影响。长期以来，学术界普遍认为雨林转化为橡胶林会导致土壤酸化和土壤质量退化，然而这一结论缺乏系统性的微生物学研究支撑，导致橡胶林土壤退化机制不明，成为制约产业绿色转型的核心瓶颈。</p> <p><b>研究内容：</b>项目组历时 9 年，在国家自然科学基金、海南省重点研发等 4 个项目的支持下，围绕雨林转为橡胶林后土壤退化的微生物机制开展研究。</p> <p><b>主要创新点：</b></p> <p>（1）首次揭示雨林与橡胶林微生物组成差异，明确了雨林土壤微生物功能基因丰度高于橡胶林，但群落稳定性低于橡胶林。明确</p>

	<p>了橡胶林细菌群落 <i>K</i>-策略占优势，雨林 <i>r</i>-策略占优势；橡胶林真菌群落子囊菌门占优势，雨林担子菌门占优势；明确了雨林土壤微生物代谢等功能基因丰度高于橡胶林，明确了雨林土壤微生物群落网络稳定性较低的特征，土壤 pH 是土壤网络结构的核心调控因子。</p> <p><b>(2) 创新性的解析了土壤微生物时空分布格局及驱动机制，确立了 pH 与养分是驱动土壤微生物群落变异的主要因素。</b>明确了不同尺度下群落变异的主要驱动因子：小尺度受季节变化影响，局域尺度由地理位置决定，大尺度则受气候与土壤理化性质共同驱动；季节和土壤 pH/速效钾 (AK) 通过间接作用显著调控群落组装，其中 pH 对细菌群落和真菌群落的调控力分别为 61.0%和 29.1%。</p> <p><b>(3) 突破性的揭示了雨林转为橡胶林土壤功能退化是由于有益菌的减少，修正了“种植橡胶必然导致土壤酸化的”的传统观点。</b>明确了雨林转橡胶林后，土壤质量下降 26.4%，土壤 pH 升高 10-16%，群落内有益菌，如慢生根瘤菌科的比例降低 58%，红菇科真菌从 20%降低到 1%；转化后群落细菌 <math>\alpha</math> 多样性增加，但真菌多样性普遍降低；群落组成变化受pH 与养分的协同驱动，其中 pH 和 AK 分别解释群落组成变异的 49.1%和 38.2%。</p> <p><b>科学价值：</b>本项目明确了雨林土壤微生物功能较强，但稳定性较低；确立pH 与养分协同驱动微生物结构、功能及稳定性的核心地位；明确了雨林转橡胶林后有益微生物减少是导致功能退化的主要原因，修正了“种植橡胶会导致土壤酸化”的传统认知。研究成果可为天然橡胶产业的绿色转型及海南热带雨林国家公园建设提供理论依据。</p> <p><b>同行引用及评价：</b>发表 28 篇论文 (12 篇 SCI, 含 3 篇 1 区 Top)，8 篇代表作发表在 <i>Geoderma</i> 等国际期刊，4 篇入选 CiteScore 前 10% 期刊。研究成果总被他引 224 次，单篇引用率不低于 30 的代表作有 4 篇，被 <i>Soil Biology &amp; Biochemistry</i>、<i>Geoderma</i>、<i>New Phytologist</i> 等国际顶刊引用率达 50 余次，表明研究成果具有重要学术价值。</p>
<p>提名书 相关内容</p>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Lan, G.Y.*, Wu, Z.X., Sun, R., Yang, C., Chen, B.Q., Zhang, X. (兰国玉*;吴志祥;杨川;孙瑞;陈帮乾;张先) Tropical rainforest conversion into rubber plantations results in changes in soil fungal composition, but underling mechanisms of community assembly remain unchanged. <i>Geoderma</i>, 2020, 375;114505 (影响因子: 6.114 ; 他引: 33)</li> <li>2. Lan, G.Y.*, Wu, Z.X., Sun, R., Yang, C., Chen, B.Q., Zhang, X.C.</li> </ol>

	<p>(兰国玉*; 吴志祥;孙瑞;杨川; 陈帮乾;张希财)Forest conversion changed the structure and functional process of tropical forest soil microbiome. <i>Land Degradation &amp; Development</i>, 2021, 32(2):613-627 (影响因子: 4.377 ; 他引: 21)</p> <p>3. Lan, G.Y.*, Li, Y.W.*, Lesueur, D., Wu, Z.X., Xie, G.S.(兰国玉*; 李玉武*;Didier Lesueur;吴志祥;谢贵水)Seasonal changes impact soil bacterial communities in a rubber plantation on Hainan Island, China. <i>Science of the Total Environment</i>, 2018,626, 826-834 (影响因子: 5.589 ; 他引: 37)</p> <p>4. Lan, G.Y.*, Yang, C., Wu, Z.X., Sun, R., Chen, B.Q., Zhang, X.C. (兰国玉*; 杨川; 吴志祥;孙瑞 ; 陈帮乾;张希财)Network complexity of rubber plantations is lower than tropical forests for soil bacteria but not for fungi, <i>Soil</i>, 2022. 8, 149-161 (影响因子: 6.800; 他引: 27)</p> <p>5. Lan, G.Y.*, Quan F., Yang C., Sun .R, Chen B.Q., Zhang, X.C., Wu, Z.X. (兰国玉*; 全飞;杨川; 孙瑞 ;陈帮乾;张希财;吴志祥)Driving factors for soil fungal and bacterial community assembly in topical forest of China. <i>Applied Soil Ecology</i>, 2022, 177: 104520 (影响因子: 4.800; 他引: 38)</p> <p>6. Lan, G.Y.*, Li, Y.W.*, Wu, Z.X., Xie, G.S. (兰国玉*; 李玉武*;吴志祥;谢贵水) Impact of tropical forest conversion on soil bacterial diversity in tropical region of China. <i>European Journal of Soil Biology</i>, 2017, 83:91-97. (影响因子: 2.068; 他引: 24)</p> <p>7. Wei, YQ; Quan#, F; Lan, GY*; Wu, ZX; Yang, C. (魏亚情; 全飞#; 兰国玉*;吴志祥;杨川)Space rather than seasonal changes explained more of the spatiotemporal variation of tropical soil microbial communities. <i>Microbiology Spectrum</i>, 2022, 10:e01846-22 (影响因子: 3.700; 他引: 14)</p> <p>8. Lan, G.Y.*, Li, Y.W., Wu, Z.X., Xie, G.S.( 兰国玉*;李玉武;吴志祥;谢贵水) Soil bacterial diversity impacted by conversion of secondary forest to rubber or eucalyptus plantations-A case study of Hainan Island, south China. <i>Forest Science</i>, 2017,63(1): 87-93 (影响因子: 1.364; 他引: 30)</p>
<p>主要完成人 (排序、工作单位和贡献)</p>	<p>1. 兰国玉，研究员，工作单位：中国热带农业科学院橡胶研究所。 对本项目贡献：全面主持，负责具体工作。负责野外取样、实验室分析、数据处理及论文撰写等工作，全面统筹三个创新点的研究工作。</p> <p>2. 李玉武，教授，工作单位：青岛农业大学。 对本项目贡献：负责西双版纳地区（扩展研究区域）的野外取样、</p>

	<p>实验室分析、数据分析，完成 2 篇 SCI 论文的实质性修改，参与完成第二、三个创新点的主要研究内容。</p> <p><b>3. 魏亚情，助理研究员，工作单位：中国热带农业科学院橡胶研究所。</b></p> <p>对本项目贡献：参与项目的野外取样，数据分析及论文撰写等工作，完成 1 篇 SCI 论文撰写与发表，参与完成二个创新点的主要研究内容。</p> <p><b>4. 吴志祥，研究员，工作单位：中国热带农业科学院橡胶研究所。</b></p> <p>对本项目贡献：参与项目的野外取样，数据分析及论文撰写等工作，参与完成三个创新点的主要研究内容。</p> <p><b>5. 杨川，助理研究员，工作单位：中国热带农业科学院橡胶研究所。</b></p> <p>对本项目贡献：参与项目的野外取样，数据分析及论文撰写等工作，参与完成三个创新点的主要研究内容。</p> <p><b>6. 孙瑞，副研究员，工作单位：中国热带农业科学院橡胶研究所。</b></p> <p>对本项目贡献：参与项目的野外取样，数据分析及论文撰写等工作，参与完成三个创新点的主要研究内容。</p>
<p><b>主要完成单位 (排序和贡献)</b></p>	<p><b>1. 中国热带农业科学院橡胶研究所。</b></p> <p><b>主要学术贡献：</b>负责整个项目的野外采样、实验室分析、数据处理、论文撰写等工作。主要学术贡献包括：</p> <p>(1) 系统阐明热带雨林和橡胶林土壤微生物组成差异，发现热带雨林土壤微生物群落功能潜力强，但其群落网络结构稳定性较低；</p> <p>(2) 创新性地解析微生物多样性时空格局，发现季节变化、地理位置和气候差异分别主导小尺度、局域尺度和地理尺度的群落变异，并证实 pH 与养分协同调控微生物群落结构、功能及稳定性的关键作用；</p> <p>(3) 首次明确雨林转橡胶林后有益微生物减少是导致功能退化的主要原因，修正了“种植橡胶必然导致土壤酸化”的传统观点。</p> <p>(4) 发表 SCI 论文 28 篇（SCI12 篇，其中中科院 1 区 3 篇），培养青年科研人才 3 人（博士 1 人，硕士 2 人）。</p> <p><b>2. 中国科学院西双版纳热带植物园。</b></p> <p><b>主要学术贡献：</b>负责西双版纳地区（扩展研究区域）的野外采样、实验室分析和数据处理工作，主要参与完成第二、三创新点的核心研究内容。主要学术贡献包括：</p> <p>(1) 首次量化揭示地理位置对土壤微生物组成的影响</p>

	<p>(38.2%) 显著高于季节变化 (7.4%), 并证实土壤 pH 的核心调控作用;</p> <p>(2) 证实森林转为橡胶林后细菌多样性保持稳定而真菌多样性衰退, 阐明 pH 上升与养分增加协同驱动群落演替, 该发现与海南地区研究结果一致;</p> <p>(3) 作为共同通讯作者与第一完成单位合作发表 SCI 论文 2 篇, 并联合培养硕士研究生 1 名。</p>
--	---