

2026 年度陕西省科学技术奖提名项目公示内容

（自然科学奖）

一、项目名称：黄土高原植被恢复下土壤微生物群落演替与生态功能维持机制

二、提名者：杨凌农业高新技术产业示范区管理委员会

提名意见：黄土高原是我国水土流失最严重和生态环境最脆弱的地区之一，也是我国“三区四带”生态屏障的重要组成部分。植被恢复是该地区生态建设的重要途径，而土壤微生物功能的恢复是植被恢复的关键。该项目依托长期定位试验与室内控制实验，融合高通量测序、代谢组学和同位素示踪技术，系统研究了黄土高原林草土壤生态系统功能的微生物学驱动机制，揭示了黄土高原 30 年植被恢复过程中植物—微生物群落演替的“不同步性”，阐明了微生物对水土保持及碳氮磷循环的级联效应，明确了植物-土壤生态功能维持的微生物机制，提出了面向黄土高原生态恢复的微生物资源利用新策略。5 篇代表性论文被 SCI 他引 1154 次，其中 3 篇土壤学顶级期刊 *Soil Biology & Biochemistry* (IF₂₀₂₅=12.2) 为 ESI 前 1% 高被引论文。项目从微生物视角深化了恢复生态学的学科内涵，对推动黄河流域生态保护和高质量发展具有重要科学价值与应用前景。

提名该项目为陕西省自然科学奖二等奖。

三、项目简介：

本项目属于生态学领域，涉及土壤学、微生物学、林学等多个学科。针对黄土高原植被恢复中地下生态过程驱动机制不清、恢复效果定量评估困难关键科学问题，依托长期定位试验，以 0-30 年林草恢复序列对象，采用高通量测序、代谢组学和¹³C/¹⁵N 同位素示踪技术，以“微生物特征-生态效应-驱动机制-应用策略”为主线，系统研究了植被恢复过程中土壤微生物群落演替规律及其对生态系统功能维持的调控机制，从微生物学视角深化了恢复生态学的学科内涵，为黄河流域生态保护和高质量发展提供了重要科学依据。

1. 揭示了林草恢复下土壤微生物群落的时空分异与演替规律

基于 5-30 年恢复序列，系统解析了细菌、真菌、原生动物及固氮菌等多类群微生物的地理分布格局，绘制了黄土高原土壤微生物空间分布图谱；提出并证实微生物-植被协同演替存在“时滞效应”，即细菌、真菌演替速率明显慢于地上植物群落，且时滞幅度为 5-10 年。微生物群落演替随恢复阶段分化：5-10 年

为群落重组期，15-20 年进入功能类群定型期，25-30 年趋于近稳态；明确微生物周转速率及碳氮转化功能随土壤剖面加深呈垂直递减规律，为理解深层土壤生态功能稳定性提供了新视角。

2. 阐明了微生物群落演替驱动土壤功能提升的生态效应

阐明了植被恢复对土壤生物多样性的增益效应，发现恢复 30 年后细菌、真菌及线虫多样性分别提升 43-66%、21-33%和 23-35%，显著增强了土壤食物网稳定性及物质循环效率。首次量化了微生物对水土保持功能的贡献率，为 9%-15%，揭示了其通过分泌胞外多糖促进团聚体形成的固土机制；明确了固氮菌与解磷菌等关键功能类群是驱动土壤碳氮磷提升的核心生物引擎，阐明了微生物介导的养分转化机制。

3. 解析了植被-微生物互作驱动微生物功能发挥的关键机制

揭示了凋落物输入是微生物功能发挥的物质基础，发现演替中后期（20-25 年）凋落物由难分解向易分解碳源转变，直接驱动微生物群落构建与代谢活性。提出并验证根系分泌物是地下生态过程的核心驱动力，阐明其通过重塑根际微生物群落、激发固氮、解磷及有机质矿化等关键生理过程，发挥了“根际激发效应”，从而反馈调节植物群落结构与生态系统生产力，10-15 年为植被-微生物互作由植被驱动向微生物维持的关键阶段。

4. 提出了面向生态恢复的微生物资源利用新策略与技术方案

构建基于微生物功能性状的土壤质量指数（SQIMicro），筛选出有机质转化、固氮、解磷等 6 项核心指标，并明确不同恢复阶段的性状阈值：5-10 年以功能微生物适应为主，15-20 年以功能多样性为主，25-30 年以网络稳定性为主，实现了干旱半干旱区土壤恢复效果的定量评估；筛选并解析耐旱固氮菌与解磷菌等土著功能菌种适应干旱胁迫的基因组与代谢通路机制，研创适配黄土高原逆境的微生物菌剂复配技术，为区域生态修复提供了原创性生物调控方案。

项目共发表学术论文 60 余篇，其中 SCI 收录 40 篇，ESI 高被引论文 3 篇，被引 6000 余次，100 次引用以上 8 篇，单篇最高他引 511 次；项目完成人获国家万人计划青年拔尖人才、农业农村部神农英才、国家林草局青年拔尖人才、中国水土保持学会青年科技奖、陕西省生态学会青年科技奖、陕西省科技新星等荣誉。通过近 30 年的系统研究，项目在理论上阐明了黄土高原植被恢复过程中微

生物驱动林草土壤生态系统功能形成的作用机制，在实践上提出了面向生态恢复的微生物资源利用新策略，为黄土高原生态保护和高质量发展提供了科学依据和技术支撑。

四、客观评价：

该项目 5 篇代表性论文被包括美国、英国、德国、法国、加拿大、澳大利亚等 33 个国家学者引用与评价，被 SCI 他引共 1154 次，包括 4 篇土壤学领域顶级期刊 Soil Biology& Biochemistry（IF=12.2），其中 3 篇为 ESI 前 1%高被引论文，相关成果被 Science Advance、ISME Journal、Environmental Science Technology、Global Change Biology 等国际顶级刊物和联合国粮农组织、水利部等重要机构引用。项目成果入选 2016 年中国生态系统研究网络（CERN）十佳青年优秀论文、中国林学会优秀论文一等奖，并获得了陕西高校科研优秀成果一等奖、陕西省生态学会特等奖。关于干旱区生态恢复过程中微生物与地上植被协同演替的“时滞效应”被著名生态学家 Soil Biology& Biochemistry 主编 Karl Ritz 教授认为推动了生态恢复演替学科理论，为土壤微生物与植物的反馈研究提出了新的观点。基于该成果，项目团队受邀在《水土保持通报》撰写黄土高原植被恢复微生物功能的相关研究成果，并受到科学网关注，认为我们的研究为未来黄土高原的生态恢复提供了理论参考，并在《中国科学报》进行了报道。项目成果支撑了“黄土高原生态修复与特色产业模式构建”，作为黄土高原唯一代表成果参加科技部十三五重大成就展。

五、代表性论文专著目录（不超过 8 条。其中代表性论文不超过 5 篇，代表性专著不超过 3 部）

序号	论文专著名称	刊名	作者	年卷页码 （xx 年 xx 卷 xx 页）	发表时间 （年月日）	通讯作者 （含共同）	第一作者 （含共同）	国内作者	他引总次数	检索数据库	知识产权是否归国内所有
----	--------	----	----	--------------------------	---------------	---------------	---------------	------	-------	-------	-------------

1	Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau	Soil Biology & Biochemistry	Chao Zhang *, Guobin Liu, Sha Xue, Guoliang Wang	2016, 97: 40-49.	2016年3月2日	Chao Zhang	Chao Zhang	张超, 刘国彬, 薛蕙, 王国梁	511次 ESI 前1% 高被引	Web of Science	是
2	Simplified microbial network reduced microbial structure stability and soil functionality in alpine grassland along a natural aridity gradient	Soil Biology & Biochemistry	Chao Zhang, Shilong Lei, Hongyue Wu,Lirong Liao,Xiantao Wang, Lu Zhang, Guobin Liu, Guoliang Wang, linchuan Fang, Zilin Song*	2024, 191: 109366	2024年2月13日	Zilin Song	Chao Zhang	张超, 雷石龙, 吴红玥, 廖李容, 王向涛, 张路, 刘国彬, 王国梁, 方临川, 宋籽霖	232次 ESI 前1% 高被引	Web of Science	是

13	Nitrogen enrichment stimulates rhizosphere multi-element cycling genes via mediating plant biomass and root exudates	Soil Biology & Biochemistry	Lirong Liao, Jie Wang, Shilong Lei, Lu Zhang, Xiaojun Wang, Guobin Liu, Chao Zhang	2024, 190: 10930-6	2024年1月2日	Guobin Liu, Chao Zhang	Lirong Liao	廖李容, 王杰, 雷石龙, 张路, 王小军, 刘国彬, 张超	89次 ESI 前 1% 高被引	Web of Science	是
4	Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands	Soil Biology & Biochemistry	Chao Zhang, Guobin Liu, Zilin Song, Jie Wang, Liang Guo	2018, 124: 47-58	2018年6月2日	Liang Guo	Chao Zhang	张超, 刘国彬, 宋籽霖, 王杰, 郭梁	139次	Web of Science	是
5	Rhizosphere soil microbial activity under different vegetation types on the Loess Plateau, China	Geoderma	Chao Zhang, Guobin Liu, Sha Xue, Zilin Song	2011, 161:115-125	2011年2月3日	Guobin Liu	Chao Zhang	张超, 刘国彬, 薛蕙, 宋籽霖	183次	Web of Science	是

六、主要完成人情况

排名	姓名	行政/技术职称	工作单位/完成单位	对本项目主要学术贡献
1	张超	研究员	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	揭示了植被恢复过程中土壤微生物的时空演替特征，阐明了林草生态系统的土壤环境及其形成机制，是代表作1、2、4、5的第一作者，代

				表作 3 的通讯作者。
2	宋籽霖	副教授	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	阐明了植物根系驱动微生物演变的作用机制及其生态位异化特征，是代表作 2 的通讯作者，代表作 4、5 的共同作者。
3	刘国彬	研究员	中国科学院水利部水土保持研究所/ 中国科学院水利部水土保持研究所	揭示了植被恢复过程中的微生物结构和功能的演变机制，明晰了人工措施对脆弱生态系统微生物功能的调控机理，是代表作 3、5 的通讯作者，代表作 1、2、4 的共同作者
4	雷石龙	博士研究生	中国科学院水利部水土保持研究所/ 中国科学院水利部水土保持研究所	明确了土壤微生物的根际效应对植被演替的驱动机制，量化了植物-土壤-微生物对水土保持功能的贡献，是代表作 2、3 的共同作者
5	张路	博士研究生	西北农林科技大学/ 西北农林科技大学	阐明了微生物驱动土壤养分转化的作用机制，明晰了撂荒草地生态系统的微生物养分转化功能，是代表作 2、3 的共同作者。

七、主要完成单位情况

排名	单位名称	对本项目主要学术贡献
西北农林科技大学	1	西北农林科技大学作为组织管理单位为项目的实施提供了必要的科研信息咨询、人员保障、资金、试验基地、仪器设备设施、示范应用等必要条件，为项目的申报、验收、成果材料撰写等多方面提供支持和保障，同时该单位参与人员在项目中主要揭示了林草生态系统恢复过程中植物-土壤-微生物的时空演替特征,阐明了土壤微生物在林草生态系统恢复过程中的生态效应,明确了土壤微生物的根际效应对植被恢复的驱动机制，揭示了黄土高原植被恢复中植物-土壤-微生物之间的协同机制，提出了基于微生物功能的土壤质量评价方法。
中国科学院水利部水土保持研究所	2	中国科学院水利部水土保持研究所协助开展了黄土高原植被恢复过程中土壤微生物结构和功能的时空演替特征，林草土壤生态系统的环境效应及其形成机制研究等方面工作。同时协助开展项目的设计、立项、实施与成果鉴定等工作，给予该项目必要的人力、物力支持和必备的支撑条件，为该项目的顺利开展做出了重要贡献。

八、完成人合作关系说明（合作方式包括专著合著、论文合著、共同立项、共同知识产权、共同获奖、共同参与制定标准规范、产业合作等）

序号	合作方式	合作者/项目排名	合作时间	合作成果	证明材料
----	------	----------	------	------	------

1	论文合著	张超 1、宋籽霖 2	2011-2026	Simplified microbial network reduced microbial structure stability and soil functionality in alpine grassland along a natural aridity gradient	代表性论文 2
2	论文合著	张超 1、刘国彬 3	2010-2026	Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau; Rhizosphere soil microbial activity under different vegetation types on the Loess Plateau, China	代表性论文 1 代表性论文 5
3	论文合著	张超 1、雷石龙 4	2020-2026	Nitrogen enrichment stimulates rhizosphere multi-element cycling genes via mediating plant biomass and root exudates	代表性论文 3
4	论文合著	张超 1、张路 5	2020-2026	Nitrogen enrichment stimulates rhizosphere multi-element cycling genes via mediating plant biomass and root exudates	代表性论文 3

5	论文合著	宋籽霖 2、刘国彬 3	2021-2025	Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands	代表性论文 4
6	论文合著	宋籽霖 2、雷石龙 4、张路 5	2021-2026	Simplified microbial network reduced microbial structure stability and soil functionality in alpine grassland along a natural aridity gradient	代表性论文 2
7	论文合著	刘国彬 3、雷石龙 4、张路 5	2021-2026	Nitrogen enrichment stimulates rhizosphere multi-element cycling genes via mediating plant biomass and root exudates	代表性论文 3

完成人合作关系说明（限 1000 字）：

本项目完成人包括：张超、宋籽霖、刘国彬、雷石龙、张路

第一完成人西北农林科技大学的张超研究员，师从中国科学院水利部水土保持研究所刘国彬研究员，在科研项目、论文发表等方面有着密不可分的合作关系，长期以来在植物-土壤-微生物互作机制、生态系统结构改善与功能提升，区域生态修复的植被恢复技术及土壤质量提升技术等方面开展了深入的合作研究，与第二完成人宋籽霖副教授合著论文 2、4、5，与第三完成人刘国彬研究员合著代表论文 1、2、3、4、5，与第四完成人雷石龙、第五完成人张路合著论文 2、3。

第二完成人宋籽霖副教授是张超研究员团队的科研骨干，从事土壤微生物效应研究，本项目中揭示了植被恢复过程中土壤质量改善和植物-土壤-微生物协同演变机制，明确了黄土高原生态修复过程中土壤质量恢复效应，与第一完成人张超、第二完成人刘国彬共同完成了代表论文 2、4、5，与第四完成人雷石龙、第五完成人张路合著论文 2。

第三完成人刘国彬研究员是第一完成人张超研究员的博士生导师，合著论论文 1、2、3、4、5，

与第二完成人宋籽霖副教授合著论文 2、4、5， 与第四完成人雷石龙、第五完成人张路合著论文 2、3。

第四完成人雷石龙为第一完成人张超研究员的博士研究生，本项目中参与植被恢复过程中微生物演变机制的科研工作，与第一完成人张超、第三完成人刘国彬合著代表论文 2、3，与第二完成人宋籽霖合著代表论文 2，与第五完成人张路合著代表论文 2、3。

第五完成人张路为第一完成人张超研究员的博士研究生，本项目中参与植被恢复过程中微生物功能基因分析的科研工作，与第一完成人张超、第三完成人刘国彬合著代表论文 2、3，与第二完成人宋籽霖合著代表论文 2，与第四完成人雷石龙合著代表论文 2、3。