

2025 年度海南省科学技术奖提名公示内容

(适用于项目主要完成单位、主要完成人所在单位)

公示单位（公章）：

填表日期：2026 年 02 月 10 日

项目名称	海洋微生物资源挖掘、进化与监测机制研究
提名奖项及等级	海南省自然科学奖/一等奖
提名者	海南大学
项目简介（1200 字以内）	作为海洋生态系统的“隐形引擎”，海洋微生物在调控全球碳收支与维护生态平衡中发挥着不可替代的作用。然而，海洋环境的极端复杂性与微生物丰度的巨大差异，构成了资源精准解析的天然屏障。当前，宏基因组技术虽开启了多样性研究的新篇章，但在高质量基因组恢复、环境适应性进化逻辑解析等深层科学问题上，仍存在难以跨越的技术鸿沟。针对此，本项目通过“资源挖掘—功能进化—精准监测”的全链条研究，实现了以下原创性成果： 一、突破复杂样本组装瓶颈，构建海洋微生物“全景图谱” 针对宏基因组高质量组装难、海洋“生命暗物质”解析度低等瓶颈，本项目通过算法创新与多组学融合，实现了海洋微生物资源的高效挖掘与系统评价：1) 创新“一体化”解析体系，突破挖掘瓶颈：系统构建了海洋生态基因组学研究平台，自主开发了 5 套涵盖基因组组装、结构注释、功能预测及进化溯源的标准化生物信息分析流程。该体系解决了海洋微生物资源分散、难培养导致的认知偏差，形成了从原始测序数据到功能知识发现的高效转化路径。2) 构建多维组学资源库，刻画遗传全景：依托 30 TB 海量测序数据，构建了包含 30 万个基因模型和 25 万个功能基因的综合数据库。通过绘制全球变化背景下的基因表达模式图谱与 SNP 精细突变图谱，实现了对海洋生物遗传变异与代谢响应的精准刻画。 二、揭示环境适应性进化机制，阐明海洋微生物演化逻辑 针对南海及热带海洋生境的极端性与复杂性，深入解析了海洋微型生物（微藻与微生物）的生存策略，从分子水平到宏观生态维度，系统阐明了极端生境下的环境适应性进化逻辑：1) 解析极端生境下的分子进化机制，夯实适应性理论基础：通过对海洋微型生物种质资源库的深度解析，勾勒出微生物在应对高盐、高

	紫外及极端营养贫瘠等环境胁迫下的定向进化路径；阐明了关键功能模块在跨尺度时空演替中的稳定性维持机制，从分子构效关系层面破解了生命在极端环境下的鲁棒性密码。2) 描绘全球尺度功能基因演替版图，构筑生态评估基准：在全球尺度上深度解析了 5000 余种海洋微生物及 120 余万个功能基因的空间分布格局与生态功能特征。系统阐明了全球变化压力驱动下海洋微生物群落结构的演变趋势与功能演替逻辑，为构建全球海洋生态风险监测与评估体系提供了关键的基准数据与理论框架。 三、攻克超灵敏检测瓶颈，建立单碱基分辨的微生物监测体系 针对海洋生境中目标物种“极低丰度”与环境背景“高同源干扰”带来的监测难题，本项目通过分子进化技术与生化反应动力学优化，构建了具备单碱基分辨能力的超灵敏分子诊断体系：1) 独创“Cas 蛋白+PNA”耦合机制：在分子水平上实现了单碱基信号的放大与特异性识别。该机制彻底解决了传统方法无法实现任意位点单碱基分辨的技术痛点。2) 实现单碱基精度的极端灵敏检测：体系检测限达到 1 CFU/mL 的极端灵敏度，且具备精准识别单核苷酸多态性 (SNP) 的能力，错配信号抑制率达 95% 以上。2) 攻克复杂样本原位检测难题：将检测时长大幅缩短至 30–45 min，并实现了对海水样本的直接检测，无需繁琐的实验室前处理。不仅突破了灵敏度与特异性互斥的理论天花板，更为海洋生态风险的即时预警与原位精准监测提供了关键的技术支撑与理论范式。 相关结果发表在 Chemical review (IF=55.8) , Nature Ecology & Evolution (IF= 14.5) , Nature Climate Change (IF= 27.1) , Nucleic Acids Research (IF= 13.1) 等国际主流专业期刊，并被 Chemical Reviews , Nature Protocols , Nature Climate Change Nature Biotechnology 等权威杂志引用。培养国家杰青和优青各1名，国家高层次人才特殊支持计划（简称“万人计划”）领军人才1名和青年拔尖人才1名，教育部青年长江学者1名。
提名书 相关内容	提名书的代表性论文专著目录、主要知识产权和标准规范目录。 一、代表性论文专著目录 1. Wan Yi, Zong Chengli, Li Xiangpeng, Wang Aimin, Li Yan, Yang Tao, Bao Qing, Dubow Michael, Yang Mingming, Rodrigo Ledesma-Amaro, Mao Chuanbin, New Insights for Biosensing: Lessons from Microbial Defense Systems. Chemical Reviews 2022, 122 (9), 8126-8180. 2. Naihao Ye, Wentao Han, Andrew Toseland, Yitao Wang, Xiao Fan, Dong Xu, Cock van Oosterhout, Sea of Change Consortium, Igor V. Grigoriev, Alessandro Tagliabue, Jian Zhang, Yan Zhang, Jian Ma1, Huan Qiu, Youxun Li, Xiaowen Zhang, Thomas Mock . The role of zinc in the adaptive evolution of polar phytoplankton. Nature Ecology & Evolution 2022,6, 965 - 978. 3. Yitao Wang, Xiao Fan, Guang Gao, John Beardall , Kazuo Inaba , Jason M. Hall-Spencer, Dong Xu, Xiaowen Zhang, Wentao Han, Andrew McMinn, Naihao Ye. Decreased motility of flagellated

	microalgae long-term acclimated to CO₂-induced acidified waters. <i>Nature Climate Change</i>, 2020, 10(6): 561-567 4. Yangdao Wei, Zhiqing Yang, Chengli Zong, Buhua Wang, Xiaolin Ge, Xiao Tan, Xin Liu, Zhenzhen Tao, Peng Wang, Chunxin Ma, Yi Wan Jinghong Li, trans Single-Stranded DNA Cleavage via CRISPR/Cas14a1 Activated by Target RNA without Destruction. <i>Angew. Chem. Int. Ed.</i> 2021, 60, 24241 - 24247 5. Bo Zhang, Jinying Lin, Vanja Perculija, Yu Li, Qiuhua Lu, Jing Chen, Songying Ouyang. Structural insights into target DNA recognition and cleavage by the CRISPR-Cas12c1 system. <i>Nucleic Acids Research</i>, 2022, 50(20): 11820-11833. 6. Shumin Xu, Guihao Li, Cui He, Yi Huang, Dan Yu, Huiwen Deng, Zhuyin Tong, Yichong Wang, Christine Dupuy, Bangqin Huang, Zhuo Shen, Jie Xu, Jun Gong. Diversity, community structure, and quantity of eukaryotic phytoplankton revealed using 18S rRNA and plastid 16S rRNA genes and pigment markers: a case study of the Pearl River Estuary. <i>Marine Life Science & Technology</i>. 2023, 5(3): 415-43. 7. Cun Li, Yuan-Qiu He, Lin-Qing Cui, Luciana Albuquerque, Rou-Wen Chen, Li-Juan Long, Xin-Peng Tian. <i>Miltoncostaea marina</i> gen. nov. sp. nov., and <i>Miltoncostaea oceani</i> sp. nov., a novel deep branching phylogenetic lineage within the class Thermoleophilia isolated from marine environments, and proposal of <i>Miltoncostaeaceae</i> fam. nov. and <i>Miltoncostaeales</i> ord. Nov. <i>Systematic and Applied Microbiology</i>, 2021, 44(4): 126216 8. 万逸, 孙云, 刘春胜, 戚鹏, 生物传感器技术检测和诊断病原微生物, 北京:科学出版社, 2020.7 ISBN 978-7-03-054831-3 二、主要知识产权和标准规范 1. 万逸、钟永捷、杨柳, 一种基于生成式对抗网络原理的不可培养微生物筛选系统, 中国, ZL2019 1 1328120.3。 2. 万逸、宋凤阁、葛晓林, 一种基于金结合多肽标签功能化胰蛋白酶微生物诊断传感器, 中国, ZL 2019 1 0656506.0。 3. 万逸、周腾、葛鉴, 一种快速检测微生物的基于星状环糊精的荧光传感器, 中国, ZL2017 1 0298168.9。 4. 原昊、钟永捷、万逸, 荧光光电检测仪器关于预测检测时间的处理方法及系统, 中国, ZL202110045120.3。 5. 叶乃好, 范晓, 吴宇坤, 张晓雯, 徐东, 王依涛, 孙科, 张朋艳, 王乐普, 王巍, 一种筛选跨物种 HGT 的方法, 中国, ZL 2025 1 0103119.X。
主要完成人 (排序、工作单位和贡献)	1. 万逸, 排名 1, 研究员, 海南大学, 项目总体设计和微生物诊断机制研究; 2. 欧阳松应, 排名 2, 教授, 福建师范大学, 微生物诊断技术研究

	究； 3. 叶乃好，排名 3，研究员，中国水产科学研究院黄海水产研究所，微生物资源挖掘研究； 4. 杨治庆，排名 4，副研究员，海南大学，微生物诊断技术研究； 5. 田新朋，排名 5，研究员，中国科学院南海海洋研究所，微生物资源进化研究； 6. 宋凤阁，排名 6，副研究员，海南大学，微生物诊断技术研究； 7. 龚骏，排名 7，教授，中山大学，微生物资源挖掘和进化； 8. 徐东，排名 8，研究员，中国水产科学研究院黄海水产研究所，微生物资源挖掘研究。
主要完成单位 (排序和贡献)	1. 海南大学，项目总体设计和微生物诊断机制研究； 2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所，微生物资源挖掘； 3. 福建师范大学，微生物诊断蛋白改造； 4. 中国科学院南海海洋研究所，微生物资源进化； 5. 中山大学，微生物资源挖掘与进化 6. 海南微氮生物科技股份有限公司，微生物仪器研究和产业化。

说明：涉及国外的人和组织科学技术合作奖可不用公示，其余奖项必须公示至少 7 日。