

# 郑浩

出生年月：1985 年 2 月    电子邮箱：zhenghao@utexas.edu



## 教育背景

2015 – 至今	美国德克萨斯州大学奥斯汀分校, Nancy Moran 院士实验室	博士后
2012 – 2015	德国马克思普朗克研究院陆地微生物所, Andreas Brune 教授实验室	博士
2010 – 2012	日本东京工业大学生命理工学部, 本郷裕一教授实验室	工学硕士
2009 – 2012	清华大学化工系, 邢新会教授实验室	工学硕士
2005 – 2009	清华大学化工系, 化学工程与工业生物工程专业	工学学士

## 研究方向

蜜蜂具有特异的肠道菌群及特定的结构分布, 共生菌群在营养代谢, 毒性食物降解方面具有重要作用。本人现主要致力于蜜蜂肠道微生物群落对宿主健康, 激素水平调控, 抵抗病原微生物等方面的机理研究。未来的研究方向包括: (1) 中国分布有世界最多样的熊蜂及特有的中华蜜蜂种群, 解析其肠道菌群生态结构对了解种群进化、生态平衡及农业传粉具有重要意义; (2) 本人现已掌握无菌蜂肠道体系技术及对肠道菌的纯培养基因编辑技术, 未来利用工程手段对肠道菌群进行定向改造, 优化蜜蜂的抗病虫害能力, 免疫能力以及指导蜜蜂行为表现等; (3) 蜜蜂与人类肠道菌群具有殖入特异及与宿主互利共生等诸多共性。但与人相比, 蜜蜂肠道菌具有结构简单、易操作等优点。未来将蜜蜂肠道开发为新的“宿主-肠道菌”模式体系来研究菌群与宿主在代谢, 免疫, 神经调控等方面的互作机理, 对人类肠道菌群平衡及健康具有指导意义。

未来会在昆虫肠道菌群分析上与美国Moran院士, 德国马普所Brune教授、日本理研菌种保藏中心大熊盛业主任及东京工业大学本郷裕一教授建立长期合作。在菌群工程改造方面与清华大学邢新会教授建立合作关系。

## 发表文章

1. **Zheng H\***, Powell JE, Steele MI, Dietrich C, Moran NA. Honeybee gut microbiota promotes host growth via bacterial metabolism and hormonal signaling. **Proc Natl Acad Sci** (\***通讯作者**; minor revision; 影响因子9.4)
2. **Zheng H\***, Nishida A, Kwong W, Koch H, Engel P, Steele MI, Moran NA (2016) Metabolism of toxic sugars by strains of the bee gut symbiont *Gilliamella apicola*. **mBio** 7:e01326-16 (\***独立通讯作者**; 影响因子6.9)
3. **Zheng H**, Dietrich C, Brune A, (2016) Restriction-modification systems as mobile genetic elements in the evolution of an intracellular symbiont. **Mol Biol Evol** 33:721–725 (影响因子13.7)
4. **Zheng H**, Dietrich C, Radek R, Brune A (2016) *Endomicrobium proavitum*, the first isolate of *Endomicrobia* class. nov. (phylum *Elusimicrobia*) – an ultramicrobacterium with an unusual cell cycle that fixes nitrogen with a Group IV nitrogenase. **Environ Microbiol** 18:191–204 (**F1000**推荐文章; **Highlighted article** by Moriya Ohkuma, head of Japan Collection of Microorganisms; 2016年1月刊封面; 影响因子6.2)
5. **Zheng H**, Brune A (2015) Complete genome sequence of *Endomicrobium proavitum*, a free-living relative of the intracellular symbionts of termite gut flagellates (phylum *Elusimicrobia*). **Genome Announc** 3:e00679-15
6. **Zheng H**, Dietrich C, Thompson CL, Brune A (2015) Population structure of *Endomicrobia* in single host cells of termite gut flagellates (*Trichonympha* spp.). **Microbes Environ** 30:92–98 (**M&E年度科研文章奖**; 影响因子2.1)
7. **Zheng H**, Bodington D, Zhang C, Tanji Y, Miyanaga K, Hongoh Y, Xing XH (2013) Comprehensive phylogenetic diversity of [FeFe]-hydrogenase genes in termite gut microbiota. **Microbes Environ** 28: 491–494 (影响因子2.1)
8. **Zheng H**, Zhang C, Lu Y, Jiang PX, Xing XH (2012) Alteration of anaerobic metabolism in *Escherichia coli* for enhanced hydrogen production by heterologous expression of hydrogenase genes originating from the *Synechocystis* sp. **Biochem Eng J** 60:81–86 (影响因子2.5)
9. Liu Z, Lv FX, **Zheng H**, Zhang C, Wei F, Xing XH (2012) Enhanced hydrogen production in a UASB reactor by retaining microbial consortium onto carbon nanotubes (CNTs). **Int J Hydrogen Energ** 37:10619–10626 (影响因子3.2)
10. Feng Q, Wang YX, Wang TM, **Zheng H**, Chu LB, Zhang C, Chen HZ, Kong XQ, Xing XH (2012) Effects of packing rates of cubic-shaped polyurethane foam carriers on the microbial community and the removal of organics and nitrogen in moving bed biofilm reactors. **Bioresour Technol** 117:201–207 (影响因子4.9)
11. Yan ST, **Zheng H**, Li A, Zhang X, Xing XH, Chu LB, Ding GJ, Sun XL, Jurcik B (2009) Systematic analysis of biochemical performance and the microbial community of an activated sludge process using ozone-treated sludge for sludge reduction. **Bioresour Technol** 100:5002–5009 (影响因子4.9)
12. Yan ST, Li A, **Zheng H**, Luo MF, Xing XH (2009) Effects of ionic surfactants on bacterial luciferase and  $\alpha$ -amylase. **Chinese J Chem Eng** 17:829–834 (影响因子1.2)

## 获得荣誉

- 德国马普研究所博士奖学金, 三年45万元人民币
- 日本文部省奖学金, 一年16万元人民币
- 清华大学一等奖学金 (5000 元, 2011 年), 二等奖学金 (2007、2010 年, 共 3500 元)