DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2018.04.001

有机磷农药污染土壤的微生物降解研究进展^①

张娜娜 1,2 ,姜 博 1,2 ,邢 奕 1,2* ,连路宁 1,2 ,陈亚婷 1,2

(1 北京科技大学能源与环境工程学院,北京 100083; 2 北京市工业典型污染物资源化处理重点实验室,北京 100083)

摘要:有机磷农药是目前我国使用量最大的农药之一,严重污染环境和生态系统,并通过食物链在生物体内富集,进而危害人类健康。微生物降解技术具有降解效率高、代谢途径多、无二次污染的优势,是目前清除环境中有机磷农药的主要手段,能有效降低有机磷农药的危害。目前有机磷农药的降解微生物主要是通过实验室纯培养方法获得,与自然生态环境中存在的降解功能性微生物信息差异较大,而利用不可培养方法识别功能性微生物的技术具有广阔的应用前景。本文从有机磷农药的使用情况及引发的环境问题出发,概述了有机磷农药在土壤中的迁移转化途径,稳定同位素探测技术和磁性纳米材料等不可培养方法对有机磷农药降解功能性微生物的识别,微生物降解有机磷农药污染土壤的功能基因、降解途径及降解机理;探讨了植物—微生物联合修复在有机磷农药污染土壤修复中的作用,并分析了环境因子及农药自身性质对有机磷农药降解的影响;最后,讨论了微生物降解技术存在的问题及今后研究方向。

关键词:有机磷农药;微生物降解;不可培养微生物;功能基因;降解途径

中图分类号: S154 文献标识码: A

有机磷农药(organophosphorus pesticides, OPs) 作为一种广谱杀虫/除草剂,被广泛应用于农业中, 以杀除有害病虫,确保农作物正常生长。由于 OPs 具有品种丰富、价格低廉和易被生物降解的优点,在 有机氯农药开始限制并禁止使用(1970年)后,作为其 优势农药替代品迅速发展[1],成为我国需求量最多的 农药之一。据中国农药工业协会统计,2015年,我 国农药总用量为 30 万 t,其中 OPs 用量为 7.05 万 t(折百量),占我国农药总用量的 20% 以上。然 而农药利用率普遍偏低,仅为 35% 左右,剩余农药 残留在土壤、植物以及大气中[2],对环境和生态系统 存在潜在的毒害作用。土层中残留的 OPs 会随着大 气降水或灌溉水下渗,污染地下水[3];OPs 易吸附于 土壤颗粒上,破坏土壤结构和功能,进而影响农产品 质量[4];同时 OPs 污染会刺激土壤微生物群落结 构[5],使耐受农药的菌群替代敏感种成为优势种群, 微生物种类减少,严重时导致物种灭绝,生物多样性 降低[6]。研究表明,大部分 OPs 属于高毒性,可通 过皮肤接触、呼吸吸入、食用食物等途径进入人体, 抑制体内胆碱酯酶的活性,造成生物体中毒[7]。据统 计,由于环境中 OPs 的暴露,每年约有 300 万人 中毒,20 万人死亡^[8]。土壤 OPs 污染防治已成为目前全球面临的严重问题。

针对 OPs 污染土壤的环境问题,目前的主要修复技术包括物理、化学及生物方法。而微生物在环境中分布广泛,具有降解效率高、代谢途径多、无二次污染的特点,成为目前降解 OPs 的主要手段^[9]。大量研究证明,自然界中存在多种微生物可利用 OPs 作为碳源和能源,将其降解为小分子低毒或无毒物质,最终转化为 CO₂、水和矿物质,实现无害化处理^[10]。1971 年,首次有研究表明,微生物可降解 OPs,由于杀虫剂二嗪农的生物降解,有害病虫褐飞虱的控制效率有所下降^[11]。此后通过富集、驯化、分离的纯培养方法,筛选出多种能够降解 OPs 的微生物,包括细菌、真菌、放线菌和藻类等^[12],并对农药的降解途径以及代谢方式进行了研究。微生物降解 OPs 作为一种高效清除农药污染的环境生物技术已成为研究热点。

近年来,利用新型分子生物学技术识别功能降解微生物取得了显著进展,在此基础上,本文对通过不可培养方法识别环境中 OPs 降解功能性微生物的技术进行论述,揭示其在 OPs 污染土壤中微生物降

基金项目:中央高校基本科研业务费专项资金项目(FRF-TP-16-063A1)资助。

^{*} 通讯作者(Xingyi@ustb.edu.cn)

解的应用前景。同时概述了 OPs 在土壤中的迁移转化过程、微生物降解途径、降解功能基因、降解过程中的限制因素以及植物-微生物联合修复 OPs 污染土壤的作用,为有效降低或清除环境中 OPs 残留提供科学依据。本文也批判性地综述了微生物降解 OPs 存在的问题,并对今后主要研究方向进行了讨论。

1 OPs 在土壤中的迁移转化

OPs 在环境中的迁移转化是一个复杂的过程,了解 OPs 在土壤中的迁移行为是评价其安全性的重要依据。一般来说,农药在地下水系统中的迁移转化过程包括:通过土壤表面蒸发进入大气;经径流进入地表水或受淋溶进入地下水,污染地下水;以及植物根系吸收、土壤吸附、微生物的降解等[13],如图 1 所示。OPs 在土层中的迁移与其本身吸附、降解、挥发性能相关,另外土壤有机碳含量、含水量、黏粒含量、pH 等因素也会影响农药的迁移能力[14]。调研结果表明,国内外研究 OPs 在土壤中的迁移转化方法有土柱淋溶法[15]、土壤薄层层析法[16]、同位素示踪法[17]等。



图 1 OPs 在土壤中的迁移转化

Fig. 1 Migration and transformation of OPs in soil

为了综合各种环境因素的影响,通过构建模型的方法来表征农药在土壤中的运移规律已成为国内外的研究热点。杨大文等[18]建立了非饱和土壤中农药运移的数值模型,并利用灭幼脲 III 号土柱淋溶试验得到验证,分析出农药在土壤中迁移转化的主要影响因素是土壤吸附和农药的降解。另外,基于过程模拟的根区水质模型(RZWQM)也被广泛应用,可以对农药在"植物-土壤-地下水"农田系统中的运移和归宿进行模拟预测[19],但研究发现该模型对大孔土壤

适用,而真实的土壤孔隙具有复杂的结构性,包括大孔、小孔、微孔和死孔^[20]。模拟土壤优先流的结构化土壤中农药的输送模型也取得相当大的进展^[13],Kjar 等^[21]评估土壤优先流和颗粒促进运输模式对农药草甘膦和二甲戊乐灵的浸出影响,发现两种模式均可增强该杀虫剂的浸出性能。另外,Niu 等^[22]对中国可耕地土壤中 DDT 的迁移转化途径进行评估,开发了基于多元回归分析的方程来预测土壤中 DDT 的浓度。

2 OPs 污染土壤微生物修复的特性

2.1 基于富集—驯化—培养方法的 OPs 降解微生物 的筛选

筛选能够降解 OPs 微生物的途径主要有两种:在长期受 OPs 污染的土壤、污泥、水体等环境下采样,在以 OPs 为唯一碳源或氮源的培养基中经富集-驯化的纯培养方法,分离出能够降解 OPs 的微生物,再以此为基础,通过细胞工程、基因工程等技术获得高效降解菌种^[23]。其中,通过原生质融合、基因重组等技术分离筛选出高效降解菌成为研究的热点。另一种是通过人为向环境中施加农药,定向培育出能够降解 OPs 的优良菌种,经再次施药,测定降解速率,验证优良菌种是否培育完全,之后将高效菌株分离出来^[24-25],此方法也是基于利用纯培养筛选菌株的原理。

目前,国内外已筛选出多种具有高效降解特性的 微生物,包括细菌、真菌、放线菌和藻类。其中分离出 的微生物大部分属于细菌,涵盖假单胞菌属 (Pseudomonas)、芽孢杆菌属(Bacillus)、黄杆菌属 (Flavobactrum)、苍白杆菌属(Ochrobactrum)、邻单胞菌 属(Plesiomonas)、不动杆菌属(Acinetobacter)等,而真 菌在农药降解方面的报道相对较少。研究表明,与细菌 相比,在自然条件下真菌具有较强的生存能力及降解 能力,同时真菌具有生物量丰富、遗传特性稳定的特 点^[26],因此,筛选出对 OPs 具有广谱降解特性的真菌 是治理农药污染土壤的有效途径。解顺昌等[27]从土壤 中分离出一株新型的能够降解甲基对硫磷的真菌 JMUPMD-2,经鉴定为米曲霉(Aspergillus oryzae),并 研究其对甲基对硫磷的耐受性 结果显示耐受浓度显著 高于国标最高排放标准 对治理甲基对硫磷的污染具有 良好的应用前景。付文祥[28]筛选出一株能高效降解敌 敌畏的菌株,鉴定为木霉 FM10 (Trichoderma sp. FM10),对敌敌畏的降解率高达 86.7%。Tian 等[29]分离 出一株以敌百虫为唯一碳源和磷源的真菌 鉴定为曲霉

菌,并进一步研究其降解途径。表 1 列出 6 种环境中 污染水平较高的 OPs 降解微生物种类。

表 1 6 种污染水平较高的 OPs 及其降解微生物种类

				and contamination level
1 abic 1	Wilciooigamsins acgrad	mig six typical Of a	o with migh toxicity	and contamination icver

OPs	降解微生物种类	参考文献	OPs	降解微生物种类	参考文献
甲胺磷	假单胞菌属	[30]	久效磷	芽孢杆菌属	[44]
	不动杆菌属	[31]		节杆菌属	[44]
	芽孢杆菌属	[32]		副球菌属	[45]
	黄杆菌属	[33]	敌敌畏	假单胞菌属	[46]
	生丝微菌属	[34]		黄杆菌属	[47]
	青霉属	[35]		苍白杆菌属	[48]
	曲霉属	[36]		甲基杆菌属	[49]
甲基对硫磷	假单胞菌属	[37]		木霉属	[28]
	芽孢杆菌属	[38]	氧乐果	假单胞菌属	[50]
	苍白杆菌属	[39]		芽孢杆菌属	[51]
	邻单胞菌属	[40]		曲霉属	[52-53]
	农杆菌属	[41]	对硫磷	假单胞菌属	[54]
	酵母菌属	[42]		不动杆菌属	[55]
	曲霉属	[27]		曲霉属	[56]
久效磷	假单胞菌属	[43]			

2.2 基于不可培养方法的 OPs 降解功能微生物 的筛选

常规的实验室纯培养方法分离出的微生物只是 群落系统发育中的一部分,与自然生态环境中存在的 降解功能性微生物信息差异较大。事实上,生态环境 中有 99% 以上的微生物是活的不可培养微生物,现 阶段这些微生物的功能尚未得到很好的表征[57]。近年 来,越来越多的新型分子生物学技术被用于揭示环境 污染物与其功能微生物的作用关系。稳定同位素探测 技术(stable-isotope probing, SIP)将非培养的微生物与 特异性稳定同位素标记底物的代谢过程相联系,已应 用于鉴定和表征降解环境中农药的功能微生物[58-59]。 其原理为:利用稳定性同位素(13C 或 15N)标记营养物 质,由于微生物的自身代谢使这些标记物被同化吸收 进入体内,通过提取、分离、纯化、鉴定微生物体内 核酸(DNA、RNA)或磷脂脂肪酸(PLFA)等生物标志 物,从而揭示微生物功能^[60-61]。2000 年英国 J. Colin Murrell 课题组最早采用 ¹³C-甲醇培养森林土壤 ,通过 密度梯度离心方法首次成功获得 13C-DNA,发现甲基 营养微生物以及酸性细菌具有同化甲醇的能力[62]。此 后 Cupples 和 Sims^[63] 将 DNA-稳定同位素探针 (DNA-SIP)技术用于原位土壤中除草剂 2,4-二氯苯 氧乙酸(2,4-D)降解功能微生物的研究,揭开了不依赖 于纯培养技术发掘环境中功能微生物的序幕。Tong 等[64]利用 13C-五氯苯酚培养稻田土壤,利用密度梯 度离心法分离 DNA,通过末端限制性片段长度多样性 (TRFLP)和高通量测序(PCR)识别出稻田土壤中五氯苯酚厌氧降解的功能微生物是 β-变形菌门的 *Dechloromonas* 属。

2014 年, Zhang 等[65]开发了一种新型磁性纳米 材料介导(magnetic nanoparticl e-mediated isolation, MMI)识别不可培养微生物的技术,并应用于苯酚污 染的原位活性污泥中,分离出不可培养的降解功能微 生物,其原理为:利用磁性纳米颗粒(magnetic nanoparticles, MNPs)将复杂生态系统中的微生物细 胞功能化,使其具有磁性作用;当提供污染物苯酚作 为唯一碳源时,具有降解特性的功能化微生物进行细 胞代谢在体系中分裂,分裂产生的细胞表面不再有磁 性材料包被;通过外加磁场,可以将活性降解功能微 生物从复杂体系中分离出来。该方法克服了 DNA-SIP 方法不能获得活体功能微生物的弊端,开拓了利 用磁性纳米材料分离环境中不可培养微生物的研究 领域。2016年, Wang 等[66]将该技术应用于原油污染 土壤中功能性烷烃降解菌的分离和表征。目前还未有 应用于识别农药降解功能微生物的相关报道,但是基 于该技术对环境污染物降解功能菌筛选的原理,在分 离和表征 OPs 污染土壤中原位降解活体功能微生 物领域具有潜在的应用前景。

2.3 降解 OPs 的功能基因

一般 OPs 由 3 个磷脂键组成,磷脂键的水解可以使 OPs 毒性降低。而有机磷降解酶可破坏磷脂键,起到 OPs 的去毒效果。目前国内外已对编码 OPs 降

解酶的基因展开大量研究,并从不同生物体中分离出多种降解基因,如表2所示。第一个有机磷降解基因(opd)在 Pseudomonas.diminuta 中发现,并显示位于质粒上,之后对该基因进行广泛研究。Cui 等[67]从 Plesiomonas sp. 克隆出的甲基对硫磷水解酶基因(mpd)与来自 P.diminuta 的opd 基因不具有同源性,是一种新型有机磷水解酶基因,可将甲基对硫磷水解为对硝基酚。另外,Islam 等[68]在降解毒死蜱的短乳杆菌 WCP902 中分离并克隆了编码有机磷水解酶基因 opdB,使之在大肠杆菌中得到表达,研究表明,pH 6.0、35 时该基因编码的水解酶表现出降解 OPs

的最佳活性。Chino-Flores 等^[69]将来自肠杆菌属 Cons002 的 opdE 基因在大肠杆菌中克隆并表达,该基因由 753 pb 组成,编码 25 kDa 的蛋白质,并与其他有机磷降解基因没有同源性,具有广谱性,可以同时水解甲基对硫磷、对硫磷和磷酸盐等。伍宁丰课题组^[70]从筛选的假产碱假单胞菌(Pseudomonas pseudoalcaligenes)中发现 OPs 降解酶——OPHC2的活性,克隆该酶的基因(ophc2)与同类基因最高有46.4%的同源性,是一种新的 OPs 降解酶基因,同时该基因具有降解安全、工序简单的优点,在基因工程中具有良好的应用前景。

表 2 国内外分离的 OPs 降解酶基因 Table 2 Segregated OPs-degrading genes in the world

基因	有机体	编码酶	基因片段长度	参考文献
opd	假单胞菌	对硫磷水解酶	1 098 bp	[71]
mpd	邻单胞菌	甲基对硫磷水解酶	2 191 bp	[67]
opdB	短乳杆菌 WCP902	毒死蜱水解酶	825 bp	[68]
opdB	假单胞菌 BF1-3	毒死蜱水解酶	1 024 bp	[72]
hocA	假单胞菌 C11	磷酸三酯酶	501 bp	[73]
ophc2	假单胞菌	甲基对硫磷水解酶	975 bp	[70]
opdE	肠杆菌 Cons002	有机磷水解酶	753 bp	[69]
opdA	枯草芽孢杆菌 KPA-1	磷酸酯水解酶	1 155 bp	[74]

2.4 OPs 污染土壤微生物降解途径及机理

微生物作用于 OPs 的方式有两种:一是微生物通过酶促反应直接作用于 OPs,包括 3 个步骤:首先 OPs 吸附在微生物细胞表面;然后农药透过细胞膜进入微生物细胞内;最后微生物本身的降解酶与进入细胞内的农药发生酶促反应,使 OPs 分解。另一

种是微生物通过自身活动结合环境中其他物质间接分解 OPs^[75],包括 3 种方式:矿化作用、共代谢作用和中间协同代谢。酶促反应的主要机制是脱氢、氧化、还原、合成等,参与的降解酶一般包括水解酶、裂解酶、氧化还原酶和转移酶等,其主要作用形式如表 3 所示^[24]。

表 3 OPs 微生物降解酶类型及作用机制
Table 3 Microbial degradation enzymes and degradation mechanism of OPs

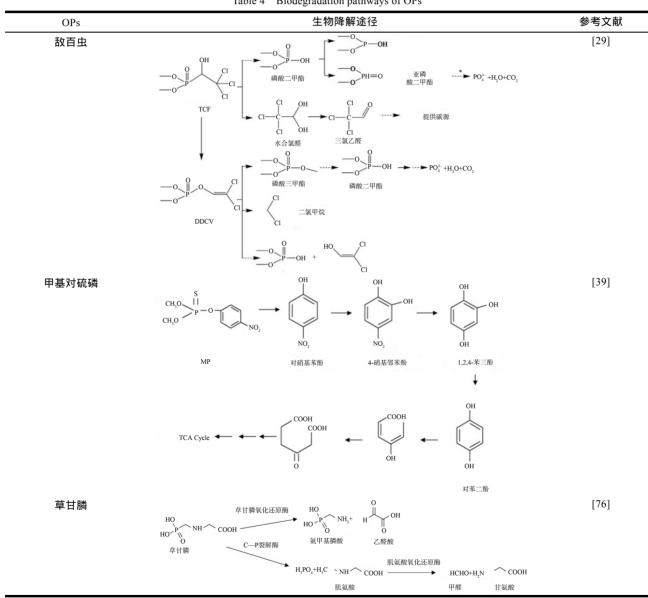
酶的种类	作用机制	作用位点
水解酶	脱烷氧基	P-O-烷基
	脱芳氧基	P-O-芳基
	脱氨基等	O=P-NH ₂
C-P 键裂解酶	C-P 键断裂,矿化有机磷的主要途径	C-P
氧化还原酶	实现羟基化	烷基
	苯环开环	苯环
	硝基还原成氨基	-NO ₂
转移酶(磷酸变位酶)	C-P 键化合物分子内重排形成磷酸酯、磷酸烯醇式丙酮酸	C-P

许多微生物对 OPs 的降解途径已被研究证明, Tian 等^[29]通过分析曲霉菌 *Aspergillus sydowii* PA F-2 降解敌百虫(trichlorfon, TCF)的中间产物,提出 了敌百虫的生物降解途径。敌百虫在碱性条件下会水 解为毒性更强的敌敌畏(dichlorvos,DDCV),接种 PA F-2 后, TCF 经 P-C 键裂解水解为磷酸二甲酯 (dimethyl hydrogen phosphate)和水合氯醛(2.2.2-三氯-1.1-乙二醇),其中磷酸二甲酯为主要代谢中间体,然后脱氧形成中亚磷酸二甲酯(dimethyl hydrogen phosphite),继而被代谢为 PO³⁻、H₂O 和 CO₂,该菌可以以 TCF

作为唯一碳源和磷源。而 DDCV 在降解过程中以磷酸 三 甲酯 (trimethyl orthophosphate) 和 二 氯 甲烷 (dichloromethane)作为主要代谢中间体,过程如表 4 所示。甲基对硫磷(methyl parathion, MP)的代谢途径也被清楚阐明。Qiu 等^[39]从土壤中分离出一株苍白杆菌 Ochrobactrum sp.B2 能迅速矿化 MP,经水解、羟基化、氧化脱硝基、双氧酶作用形成对硝基苯酚 (PNP)、4-硝基邻苯酚(4-NC)、1,2,4-苯三酚(BT)、对苯二酚(HQ)4 种主要代谢物,该菌可以将 MP 完全

降解(表 4)。王军华等^[76]提出草甘膦(glyphosate)的主要降解途径包括 2 条:一种是通过 C-N 键断裂生成氨甲基膦酸(AMAP)和乙醛酸;或者通过 C-P 键断裂生成肌氨酸,为微生物提供磷源。一般 1 株降解菌只进行一种代谢途径,但研究发现,一种菌株如GPK3 可同时存在这 2 种降解方式,在该菌株降解草甘膦的中间产物中同时检测到 AMAP 和少量肌氨酸,表明该微生物主要进行 AMAP 降解途径,同时还可裂解草甘膦的 C-P 键^[77]。

表 4 OPs 的生物降解途径 Table 4 Biodegradation pathways of OPs



2.5 OPs 污染土壤的微生物原位修复

目前,微生物修复 OPs 污染土壤还处于实验室或小规模田间试验阶段,用于原位修复 OPs 污染土壤的报道很少。李顺鹏等[78]从活性污泥中分离出甲

基对硫磷降解菌,并利用该菌株进行小区试验和田间试验,探究其降解效果,结果表明,小区试验中接种菌株的稻米中甲基对硫磷含量比对照组降低了81.88%~100%,而田间应用试验中,喷洒降解菌的

稻米中基本检测不出甲基对硫磷农药的残留。这项研究表明利用微生物可有效消除土壤中的农药残留。之后 Yang 等^[79]分离出能够降解毒死蜱的菌株,接种于土壤后发现毒死蜱的降解效率明显提高。

但这种生物投菌的方法具有局限性,原因在干, 大部分微生物对环境较为敏感,直接在受污染的环 境中投加微生物菌株,其适应环境的能力远不及土 著微生物,因此无法发挥作用。而根据环境条件, 将筛选出的具有降解功能的微生物按合适的比例混 合,配制成微生物菌剂再投加到环境中的方法在一 定程度上可避免上述问题,在净化环境污染方面得 到广泛应用[80]。研究表明,从毒死蜱污染土壤中筛 选出的菌株处理后制成 DSP 菌剂,施加到大棚和 露地土壤中,可以促进毒死蜱的降解,与对照相比, 毒死蜱的半衰期分别缩短了 12.0%(P=0.05)和 37.1% (P≤0.05)[81]。此外,利用混合微生物菌群来修复有机 物污染土壤的技术已得到研究,刘一凡等[82]通过模拟 污染土壤体系,研究添加嗜热菌和多环芳烃特异性 降解菌的混合微生物对污染体系中菲、芘的去除效 果,研究表明,在原位土壤中接种这两种优势微生 物培养 18 d,菲、芘的去除率分别为 87.6%、92.5%, 与对照组相比显著提高了菲、芘的降解率,降低了 菲、芘的半衰期。

2.6 OPs 污染土壤的植物-功能微生物联合修复

目前,将分离出的微生物与其他工艺联合修复 OPs 污染土壤已成为一种颇为有效的方法。而植物-功能微生物的联合修复技术是今后关注的重要领域 之一,这种修复技术利用土壤-植物-功能微生物的共存关系,分别发挥植物和微生物两者的优势来提高污染土壤 OPs 的去除效率^[83]。目前,植物-微生物联

合修复包括两种类型:一种是植物-专性降解菌联合修复;另一种是植物-菌根真菌联合修复。前者是通过向污染土壤中接种外来具有专性降解特性的降解菌株,与种植的植物共同去除污染物。后者是利用土壤中与植物根共生的营养体,促进有机污染物的降解和转化^[84]。

近年来,植物-功能微生物联合技术修复有机物 污染土壤已取得较好的成果,而在修复 OPs 污染土 壤方面尚待进一步研究。表 5 列出了近几年国内外 对有机物污染土壤的植物-功能微生物联合修复研 究。林璀^[85]将分离的专性降解菌株 DSP-A 分别联合 高丹草、紫花苜蓿、多花黑麦草,进行毒死蜱污染土 壤的生物修复,结果表明,植物-微生物联合修复的 效果优于单一植物及单一微生物的修复效果,与 DSP-A 联合修复效果最好的是高丹草,该组合可降 解 96.44% 的毒死蜱。朱治强[86]在 Cd-DDT 复合污 染土壤中,利用超积累植物东南景天和低积累植物南 瓜混作,并接种 DDT 降解菌株 DDT-1,结果表明 东南景天和南瓜地上部 DDT 含量分别降低 19.3%~ 39.2%、38.2%~44.5%,且这项联合修复技术可在修 复复合污染土壤的同时保证产品质量和产量。Gao 等[87]研究发现菲、芴污染土壤种植黑麦草后,与其 共生的从枝菌根菌可以将多环芳烃污染物吸收并运 输到植物中,降低土壤中污染物浓度。而某些农药如 久效磷对植物的根际微生物有一定的刺激作用,可对 植物的生长产生有益的作用^[88]。Jabeen 等^[89]利用黑 麦草和对毒死蜱具有降解特性的内生根瘤菌 HN3 联合修复毒死蜱污染土壤,研究发现 HN3 可促进黑 麦草根际细菌的定植,有助于去除土壤中毒死蜱及其 有毒代谢物,修复污染土壤。

表 5 国内外污染土壤的植物-微生物联合修复研究
Table 5 Combined plant and microorganism on OPs contaminated soil

Tuest to come man plant and more gamen on or o communication					
植物	微生物	污染物	修复效果	参考文献	
高丹草、紫花苜蓿、多花黑麦草 DSP-A		毒死蜱	高丹草>多花黑麦草>紫花苜蓿	[85]	
东南景天/南瓜混作	DDT-1	Cd-DDT 复合污染	东南景天和南瓜地上部 DDT 含量均明显降低	[86]	
黑麦草	丛枝菌根菌	菲、芴	黑麦草根系富集大量污染物	[87]	
黑麦草	内生根瘤菌 HN3	毒死蜱	植物吸收内生细菌从而降解毒死蜱	[89]	
紫花苜蓿	木霉菌、根瘤菌	PAHs	紫花苜蓿-根瘤菌联合修复降解率达 60% 以上	[90]	
燕麦	根际促生菌、从枝菌根菌	石油	改善植物生长状况	[91]	

3 OPs 污染土壤微生物降解的限制因素

3.1 环境因素

微生物对污染土壤中 OPs 的降解主要受土壤 pH、温度、含水量、有机质含量、根系分泌物等环

境因素的限制。大多数微生物在一定的 pH 和温度下表现出较好的降解特性,方华 $^{[81]}$ 在研究中也发现分离株 DSP 对毒死蜱的降解速率随温度的升高而升高,在 pH 7.0、35 时降解效果最好。研究发现,微生物一般适合生长在中性或弱碱性环境中。水分是

微生物生长所必需的,土壤含水量在影响微生物活性的同时会影响农药的生物利用度^[92],含水量过高或过低均会影响微生物正常生长。有机质是土壤的重要组成成分,提供微生物生长所需的碳源。研究表明,土壤含水量和有机质含量增加可提高微生物的活性,使 OPs 降解速率加快^[93]。根系分泌物可为根际微生物提供营养物质,使根际微生物的活动增强,因而加快对土壤污染物 OPs 的降解^[94]。

3.2 农药本身因素

OPs 本身的化学结构、物理化学性质也是微生物降解的限制因素^[95]。农药的化学结构影响其溶解性、分子排列和空间结构、化学官能团、分子间的吸引和排斥等特征,并因此影响农药能否被微生物所摄取^[96]。OPs 具有相似的结构,但取代基上的卤素、苯环、氮、氢等均会限制微生物的降解。Ramu 和Seetharaman^[54]分离出的假单胞菌 *Pseudomonas sp.* Is-6 对甲胺磷的降解效率达 92%,对乐果、对硫磷、甲基对硫磷、毒死蜱和马拉硫磷等也具有一定的降解特性。农药的物理化学性质如水溶性、挥发性、吸附性等也会对微生物的降解产生影响。

由于 OPs 的疏水性会影响微生物降解的效率, 因此,改进污染物的生物可利用性已成为微生物修复 OPs 的关键。而具有亲水、亲油特性的表面活性剂 可增强有机污染物的溶解性,提高其生物可利用性, 目前主要集中在修复土壤中的 PAHs、PCBs、石油, 农药方面的研究多是针对有机氯农药^[97]。Ahmad 等[98]发现在生物表面活性剂存在下,菲的生物降解 更加明显。杨慧娟等^[99]研究了 AGP0810、AGP1214 等 3 种生物表面活性剂对土壤中 DDT 等有机氯农 药、氯氰菊酯、乙草胺的去除效果,结果表明,这3 种表面活性剂均起到增溶的作用,并且 AGP0810 与 皂角苷复配表面活性剂对六六六的去除率最高达 82.70%,对乙草胺的去除率最高达 98.62%,显著优 于单一表面活性剂。陈苏等[100]研究表面活性剂和 DDT 降解菌株联合作用对 DDT 污染土壤修复效 果,研究显示,表面活性剂-菌株联合处理可显著提 高 DDT 的降解效率,处理 1 个月后 DDT 的降解 率最高可达 63.53%。

4 存在问题及展望

近年来, OPs 在环境中的残留带来的环境问题 日益严重,高效、低污染、低成本的微生物降解技术 取得良好发展,成为当今去除环境中农药污染颇为有 效的途径。结合国内外研究现状,本文针对目前研究 存在的问题,提出了今后的研究方向:

- 1) 目前对 OPs 的研究多集中在农药母体,对中间代谢产物研究不够充分。某些品种的 OPs 母体毒性不高,但中间产物具有高毒性,应深入研究微生物降解 OPs 的机理和代谢途径。
- 2) 现阶段的研究获取降解菌株的手段单一,主要是在实验室通过纯培养方法获得,但生态环境中超过 99% 的功能性微生物是不可培养的。利用新型分子生物学技术——SIP 方法、磁性纳米材料,结合宏基因组学、基因工程、高通量测序等筛选环境中不可培养的高效降解 OPs 的优势菌群,完善高效降解菌的资源库,具有良好的应用前景。
- 3) OPs 污染土壤原位微生物修复技术具有局限性,但作为一种绿色、环保、节能的修复技术具有巨大的发展前景,因此深入研究原位微生物修复的影响因素、作用机制,综合分析农药在微生物体内迁移、转化、代谢的机理是未来一个科学研究的方向。
- 4) 加强对微生物菌剂作用机理的研究,探索在不同环境下的作用对象。农业实际应用中可能存在多种 OPs 同时使用的情况,因此应考虑几种农药同时存在的污染情况,可利用微生物混合培养技术,研究混合菌系之间协同或抑制机理,筛选出最佳的微生物组合,充分利用微生物的优势特性。
- 5) 进一步筛选能够高富集 OPs 的植物和高降解 OPs 的微生物,在联合修复过程中同时施以生化强化措施,并对其影响机理进行研究^[101],建立一套适合 OPs 污染土壤植物-功能微生物联合修复的安全性体系,提高修复效率。

随着研究的深入, OPs 污染土壤的微生物降解技术将会得到进一步完善,为解决环境中农药残留提供技术支持,成为一种环境友好和经济有效的修复途径。

致谢:感谢王志强、闫伯俊、岳会芳在成文过程中给予的帮助。

参考文献:

- [1] 高仙灵, 卢慧星, 李国婧, 等. 有机磷生物修复研究进展[J]. 中国生物工程杂志, 2007, 27(3): 127-131
- [2] 王维. 关于有机磷农药的微生物降解技术研究探讨[J]. 化工管理, 2016(12): 130
- [3] 吴文铸, 单正军. 特丁硫磷在环境中的迁移性研究[J]. 农药学学报, 2011, 13(2): 174-179
- [4] 张辉, 刘广民, 姜桂兰, 等. 农药在土壤环境中迁移转 化规律研究的现状与展望[J]. 世界地质, 2000, 19(2): 199-204
- [5] Yadav M, Shukla A K, Srivastva N, et al. Utilization of microbial community potential for removal of chlorpyrifos:

- A review[J]. Critical Reviews in Biotechnology, 2016, 36(4): 727–742.
- [6] 胡晓, 张敏. 有机磷农药对土壤微生物群落的影响[J]. 西南农业学报, 2008, 21(2): 384-389
- [7] 俞发荣, 李登楼. 有机磷农药对人类健康的影响及农药 残留检测方法研究进展[J]. 生态科学, 2015, 34(3): 197– 203
- [8] Sogorb M A, Vilanova E, Carrera V. Future applications of phosphotriesterases in the prophylaxis and treatment of organophosporus insecticide and nerve agent poisonings[J]. Toxicology letters, 2004, 151(1): 219–233
- [9] 张六六,夏森玉,丁亚欣,等.有机磷农药高效降解微生物的筛选与鉴定[J].安徽农业科学,2015,43(36):212-215,253
- [10] 刘建利. 微生物降解有机磷农药污染的研究进展[J]. 生物学杂志, 2010, 27(4); 79-82
- [11] Sethunathan N. Biodegradation of diazinon in paddy fields as a cause of its inefficiency for controlling brown planthoppers in rice fields[J]. PANS Pest Articles & News Summaries, 1971, 17(1): 18–19
- [12] 石成春, 郭养浩, 刘用凯. 环境微生物降解有机磷农药研究进展[J]. 上海环境科学, 2003, 22(12): 863-867
- [13] Köhne J M, Köhne S, Šimůnek J . A review of model applications for structured soils_ b) Pesticide transport[J]. Journal of Contaminant Hydrology, 2009, 104: 36–60
- [14] 孙玉川,王永啟,梁作兵,等.有机氯农药在岩溶区上覆土壤中的垂直迁移特征及对地下水的影响[J]. 环境科学, 2015, 36(5): 1605–1614
- [15] 赵兴敏,王春玲,董德明,等.重金属和有机氯农药在 沈阳郊区农田土壤中的吸附和迁移[J].环境科学学报, 2010,30(9):1880–1887
- [16] 安凤春, 莫汉宏, 杨克武, 等. 农药在土壤中迁移的研究方法[J]. 环境化学, 1994, 13(3): 214-217
- [17] Wang S, Miltner A, Nowak K M. Identification of degradation routes of metamitron in soil microcosms using C-13-isotope labeling[J]. Environmental Pollution, 2017, 220(B): 927–935
- [18] 杨大文,杨诗秀,莫汉宏.农药在土壤中迁移及其影响 因素的初步研究[J].土壤学报,1992,29(4):383-391
- [19] Malone R W, Ahuja L R, Ma L W, et al. Application of the Root Zone Water Quality Model (RZWQM) to pesticide fate and transport: An overview[J]. Pest Management Science, 2004, 60(3): 205–221
- [20] 黄国强, 李凌, 李鑫钢. 农药在土壤中迁移转化及模型方法研究进展[J]. 农业环境保护, 2002, 21(4): 375–377
- [21] Kjar J, Ernsten V, Jacobsen O H, et al. Transport modes and pathways of the strongly sorbing pesticides glyphosate and pendimethal in through structured drained soils[J]. Chemosphere, 2011, 84(4): 471–479
- [22] Niu L, Xu C, Zhu S, et al. Enantiomer signature and carbon isotope evidence for the migration and transformation of DDTs in arable soils across China[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 38475
- [23] Lei J, Wei S, Ren L, et al. Hydrolysis mechanism of carbendazim hydrolase from the strain *Microbacterium* sp

- djl-6F[J]. Journal of Environmental Sciences. 2017, 54: 171-177
- [24] 吴红萍, 郑服丛. 微生物降解有机磷农药研究进展[J]. 广东农业科学, 2008(1): 48-52
- [25] 梁伊丽, 曾富华, 卢向阳. 有机磷农药的微生物降解研究进展[J]. 微生物学杂志, 2004, 24(6): 51-55
- [26] 王继雯, 甄静, 谢宝恩, 等. 高效降解有机磷农药真菌的分离鉴定及其特性研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(27): 265-271
- [27] 解顺昌, 倪辉, 蔡薇, 等. 一株甲基对硫磷降解菌——米曲霉 JMUPMD-2 的分离与鉴定[J]. 微生物学通报, 2011, 38(7): 1007–1013
- [28] 付文祥. 有机磷农药降解菌木霉 FM10 的生长条件研究[J]. 生物磁学, 2005, 5(3): 29-31
- [29] Tian J, Dong Q, Yu C, et al. Biodegradation of the organophosphate trichlorfon and its major degradation products by a novel Aspergillus sydowii PA F-2[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2016, 64(21): 4280–4287
- [30] 侯乐,侯颖. 甲胺磷降解菌的分离与降解特性研究[J]. 环境保护与循环经济,2011,31(5):50-54
- [31] 郑永良, 刘德立, 高强, 等. 甲胺磷农药降解菌 HS-A32 的分离鉴定及降解特性[J]. 应用与环境生物学报, 2006, 12(3): 399-403
- [32] 刘文海, 邓先余, 向言词, 等. 一株甲胺磷高效降解菌——巨大芽孢杆菌(*Bacillus megaterium*)的分离及其分子鉴定 [J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(2): 170–175
- [33] Wang L, Wang G, Li S, et al. *Luteibacter jiangsuensis* sp. nov.: A methamidophos-degrading bacterium isolated from a methamidophos-manufacturing factory[J]. Current Microbiology, 2011, 62(1): 289–295
- [34] Wang L, Wen Y, Guo X, et al. Degradation of methamidophos by *Hyphomicrobium* species MAP-1 and the biochemical degradation pathway[J]. Biodegradation, 2010, 21(4): 513–523
- [35] Zhao R, Bao H, Liu Y. Isolation and characterization of penicillium oxalicum ZHJ6 for biodegradation of methamidophos[J]. Agricultural Sciences in China, 2010, 9(5): 695-703
- [36] 刘玉焕, 钟英长. 甲胺磷降解真菌的研究[J]. 中国环境 科学, 1999, 19(2): 172-175
- [37] 史延华, 任磊, 贾阳, 等. 施氏假单胞菌 YC-YH1 对甲基对硫磷的降解及其代谢产物检测[J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(11): 2097-2104
- [38] 高强, 邓灵福, 郑永良, 等. 甲基对硫磷降解菌的分离 鉴定及降解特性研究[J]. 安全与环境学报, 2007, 7(3): 22-25
- [39] Qiu X H, Bai W Q, Zhong Q Z, et al. Isolation and characterization of a bacterial strain of the genus Ochrobactrum with methyl parathion mineralizing activity[J]. Journal of Applied Microbiology, 2006, 101(5): 986–994
- [40] 刘智, 孙建春, 李顺鹏. 甲基对硫磷降解菌 DLL-1 的分离、鉴定及降解性研究[J]. 应用与环境生物学报, 1999, 10(5): 147-150

- [41] Wang S, Zhang C, Yan Y. Biodegradation of methyl parathion and p-nitrophenol by a newly isolated *Agrobacterium* sp. strain Yw12[J]. Biodegradation, 2012, 23(1): 107–116
- [42] 张霞, 张书泰, 谢顺昌, 等. 一株甲基对硫磷降解菌-布朗克假丝酵母 JMUPMD-1 的分离与鉴定[J]. 激光生物学报, 2014, 23(2): 183–188
- [43] Singh S, Singh D K. Utilization of monocrotophos as phosphorus source by *Pseudomonas aeruginosa* F10B and *Clavibacter michiganense* subsp. insidiosum SBL 11[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2003, 49(2): 101–109
- [44] Bhadbhade B J, Sarnaik S S, Kanekar P P. Biomineralization of an organophosphorus pesticide, monocrotophos, by soil bacteria[J]. Journal of Applied Microbiology, 2002, 93(2): 224–234
- [45] 贾开志, 李晓慧, 何健, 等. 久效磷降解菌的分离及其酶促降解特性研究[J]. 环境科学, 2007, 28(4): 908–912
- [46] 杨瑞红,宋彬,芦云,等. 梨园土壤中敌敌畏降解菌的 分离及其降解效能比较[J]. 北方园艺,2014(20):164-168
- [47] Ning J Y, Gang G, Bai Z H, et al. In situ enhanced bioremediation of dichlorvos by a phyllosphere *Flavobacterium* strain[J]. Frontiers of Environmental Science & Engineering, 2012, 6(2): 231–237
- [48] Zhang X H, Zhang G S, Zhang Z H, et al. Isolation and characterization of a dichlorvos-degrading strain DDV-1 of *Ochrobactrum* sp.[J]. Pedosphere, 2006, 16(1): 64–71
- [49] 蔡颖慧, 张惠文, 苏振成, 等. 敌敌畏降解菌的分离鉴定及降解特性研究[J]. 生物技术, 2009, 19(2): 59-62
- [50] 王立东, 阮长青, 王晶, 等. 氧化乐果降解菌假单胞菌 L-3 发酵条件优化的研究[J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2008, 20(1): 15-19
- [51] 杨小蓉. 农田生态系统有机磷农药氧乐果降解菌的生态学研究[D]. 成都: 四川师范大学, 2002
- [52] 徐升. 黑曲霉 B_1 降解有机磷农药氧乐果的特性研究[D]. 福州: 福州大学, 2004
- [53] 颜世雷, 陶玉贵, 潘军, 等. 氧化乐果降解菌的分离与初步鉴定[J]. 中国土壤与肥料, 2007(6): 78-80
- [54] Ramu S, Seetharaman B. Biodegradation of acephate and methamidophos by a soil bacterium *Pseudomonas* aeruginosa strain Is-6[J]. Journal of Environmental Science and Health Part B-Pesticides Food Contaminants and Agricultural Wastes, 2014, 49(1): 23–34
- [55] 姜彬慧, 史艳芳, 李志明, 等. 一株对硫磷降解菌的诱变复壮研究[J]. 安全与环境学报, 2008, 8(6): 9-13
- [56] 刘玉焕, 钟英长. 对硫磷真菌降解酶的分离纯化和性质[J]. 菌物系统, 2000, 19(3): 377-382
- [57] Pham V H T, Kim J. Cultivation of unculturable soil bacteria[J]. Trends in Biotechnology, 2012, 30(9): 475–484
- [58] Jiang L, Song M, Luo C, et al. Novel phenanthrenedegrading bacteria identified by DNA-stable isotope probing[J]. Plos One, 2015, 10: e01308466

- [59] 郑燕, 贾仲君. 基于核酸 DNA/RNA 同位素示踪技术的 水稻土甲烷氧化微生物研究[J]. 土壤学报, 2016, 53(2): 490-501
- [60] 柳伟强, 李晓霞, 赵晓瑜, 等. 稳定同位素标记核酸法 在非培养微生物代谢功能研究中的应用[J]. 生命的化学, 2005, 25(2): 156–159
- [61] 葛源, 贺纪正, 郑袁明, 等. 稳定性同位素探测技术在 微生物生态学研究中的应用[J]. 生态学报, 2006, 26(5): 1574-1582
- [62] Radajewski S, Ineson P, Parekh N R, et al. Stable-isotope probing as a tool in microbial ecology[J]. Nature, 2000, 403(6770): 646–649
- [63] Cupples A M, Sims G K. Identification of in situ 2,4-dichlorophenoxyacetic acid-degrading soil microorganisms using DNA-stable isotope probing[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(1): 232–238
- [64] Tong H, Liu C, Li F, et al. The key microorganisms for anaerobic degradation of pentachlorophenol in paddy soil as revealed by stable isotope probing[J]. Journal of Hazardous Materials, 2015, 298: 252–260
- [65] Zhang D Y, Berry J P, Zhu D, et al. Magnetic nanoparticle-mediated isolation of functional bacteria in a complex microbial community[J]. ISME Journal, 2015, 9(3): 603–614
- [66] Wang X, Zhao X, Li H, et al. Separating and characterizing functional alkane degraders from crude-oil-contaminated sites via magnetic nanoparticle-mediated isolation[J]. Research in Microbiology, 2016, 167(9-10SI): 731–744
- [67] Cui Z L, Li S P, Fu G P. Isolation of methyl parathion-degrading strain M6 and cloning of the methyl parathion hydrolase gene[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67(10): 4922–4925
- [68] Islam S M A, Math R K, Cho K M, et al.

 Organophosphorus hydrolase (OpdB) of *lactobacillus*brevis WCP902 from kimchi is able to degrade organophosphorus pesticides[J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2010, 58(9): 5380–5386
- [69] Chino-Flores C, Dantan-Gonzalez E, Vazquez-Ramos A, et al. Isolation of the opdE gene that encodes for a new hydrolase of *Enterobacter sp.* capable of degrading organophosphorus pesticides[J]. Biodegradation, 2012, 23(3): 387–397
- [70] 邓敏捷, 伍宁丰, 梁果义, 等. 一种新的有机磷降解酶 基因 *ophc2* 的克隆与表达[J]. 科学通报, 2004, 49(11): 1068-1072
- [71] Serdar C M, Murdock D C, Rohde M F. Parathion hydrolase gene from *Pseudomonas diminuta* MG: Subcloning, complete nucleotide sequence, and expression of mature portion of the enzymes in *Escherichia coli*[J]. Nature Biotechnology, 1989, 7(11): 1151–1155
- [72] Barman D N, Haque M A, Islam S M A, et al. Cloning and expression of *oph*B gene encoding organophosphorus hydrolase from endophytic *Pseudomonas* sp. BF1-3 degrades organophosphorus pesticide chlorpyrifos[J].

- Ecotoxicology and Environmental Safety, 2014, 108: 135–141
- [73] Irene Horne T D S J. Cloning and expression of the phosphotriesterase gene hocA from Pseudomonas monteilli C11[J]. Microbiology, 2002, 148: 2687–2695
- [74] Acharya K P, Shilpkar P, Shah M C, et al. Biodegradation of Insecticide monocrotophos by *Bacillus subtilis* KPA-1, isolated from agriculture soils[J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2015, 175(4): 1789–1804
- [75] Pan X, Xu T, Xu H, et al. Characterization and genome functional analysis of the DDT-degrading bacterium *Ochrobactrum* sp. DDT-2[J]. Science of the Total Environment. 2017, 592: 593–599
- [76] 王军华, 王易芬, 陈蕾蕾, 等. 除草剂草甘膦微生物降解技术研究进展[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(4): 8-12
- [77] Sviridov A V, Shushkova T V, Zelenkova N F, et al. Distribution of glyphosate and methylphosphonate catabolism systems in soil bacteria *Ochrobactrum anthropi* and *Achromobacter* sp.[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2012, 93(2): 787–796
- [78] 李顺鹏, 沈标, 魏社林, 等. 甲基对硫磷降解菌的生态 效应及应用[J]. 土壤学报, 1996, 33(4): 380-384
- [79] Yang C, Liu Na, Guo X, et al. Cloning of mpd gene from a chlorpyrifos-degrading bacterium and use of this strain in bioremediation of contaminated soil[J]. FEMS Microbiology Letters, 2006, 265: 118–125
- [80] 文娅, 赵国柱, 周传斌, 等. 生态工程领域微生物菌剂研究进展[J]. 生态学报, 2011, 31(20): 6287-6294
- [81] 方华. 毒死蜱在大棚土壤和蔬菜中的残留特征、土壤生态效应及其控制途径[D]. 杭州: 浙江大学, 2007
- [82] 刘一凡, 宗良纲, 史艳芙, 等. 混合菌群强化去除泥浆体系中菲、芘的效果及影响因素[J]. 土壤, 2016, 48(5): 964-970
- [83] 王梦姣, 杨国鹏, 乔帅, 等. 植物-根际微生物协同修复有机物污染土壤的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(1): 5-8
- [84] 汪志荣, 马传鑫, 李燕妮, 等. 植物和微生物修复石油 污染土壤的研究进展[J]. 土壤, 2014, 46(2): 193-203
- [85] 林璀. 植物-微生物联合修复毒死蜱污染的土壤[D]. 福州: 福建农林大学, 2009
- [86] 朱治强. Cd-DDT 复合污染土壤的植物与微生物联合修复及机理[D]. 杭州: 浙江大学, 2012
- [87] Gao Y, Cheng Z, Ling W, et al. Arbuscular mycorrhizal fungal hyphae contribute to the uptake of polycyclic aromatic hydrocarbons by plant roots[J]. Bioresource Technology. 2010, 101(18): 6895–6901
- [88] Jain R, Garg V, Saxena J. Effect of an organophosphate pesticide, monocrotophos, on phosphate-solubilizing

- efficiency of soil fungal isolates[J]. Applied Biochemistry and Biotechnology. 2015, 175(2): 813–824
- [89] Jabeen H, Iqbal S, Ahmad F, et al. Enhanced remediation of chlorpyrifos by ryegrass (*Lolium multiflorum*) and a chlorpyrifos degrading bacterial endophyte *Mezorhizobium* sp. HN3[J]. International Journal of Phytoremediation. 2016, 18(2): 126–133
- [90] 周妍, 滕应, 姚伦芳, 等. 植物-微生物联合对土壤不同 粒径组分中 PAHs 的修复作用[J]. 土壤, 2015, 47(4): 711-718
- [91] Xun F, Xie B, Liu S, et al. Effect of plant growth-promoting bacteria (PGPR) and arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) inoculation on oats in saline-alkali soil contaminated by petroleum to enhance phytoremediation[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, 22(1): 598–608
- [92] Odukkathil G, Vasudevan N. Toxicity and bioremediation of pesticides in agricultural soil[J]. Reviews in Environmental Science and Biotechnology, 2013, 12(4SI): 421–444
- [93] 毛应明. 有机磷农药在土壤中的降解转化过程及影响因子研究[D]. 南京: 南京理工大学, 2004
- [94] 李晓亮,秦智伟,候利园,等.土壤环境因素对残留农药降解的影响[J].东北农业大学学报,2009,40(4):132-135
- [95] Siripattanakul-Ratpukdi S, Vangnai A S, Sangthean P, et al. Profenofos insecticide degradation by novel microbial consortium and isolates enriched from contaminated chili farm soil[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, 22(1): 311–319
- [96] 郑永良, 陈舒丽, 刘德立. 土壤中降解农药微生物的类别及降解特性[J]. 黄冈师范学院学报, 2005, 25(3): 34-39
- [97] 刘千钧, 陈迪, 邓玉, 等. 污染土壤修复中表面活性剂的应用研究进展[J]. 土壤通报, 2017, 48(1): 243-249
- [98] Ahmad Z, Arshad M, Asghar H N, et al. Isolation, screening and functional characterization of biosurfactant producing bacteria isolated from crude oil contaminated site[J]. International Journal of Agriculture and Biology, 2016, 18(3): 542–548
- [99] 杨慧娟, 张琢, 顾华, 等. 3 种生物表面活性剂去除土壤中 农 残 的 研 究 [J]. 环境科学与技术, 2015, 38(10):
- [100] 陈苏, 单岳, 晁雷, 等. 表面活性剂-微生物联合修复滴滴涕污染土壤的研究[J]. 生态环境学报, 2016, 25(9): 1522-1527
- [101] 倪妮, 宋洋, 王芳, 等. 多环芳烃污染土壤生物联合强化修复研究进展[J]. 土壤学报, 2016, 53(3): 561-571

Microbial Degradation of Organophosphorus Pesticide Contaminated Soils

ZHANG Nana^{1,2}, JIANG Bo^{1,2}, XING Yi^{1,2*}, LIAN Luning^{1,2}, CHEN Yating^{1,2}

(1 School of Energy and Environmental Engineering, University of Science and Technology Beijing, Beijing 100083, China; 2 Beijing Key Laboratory of Resource-oriented Treatment of Industrial Pollutants, Beijing 100083, China)

Abstract: Organophosphorus pesticides(OPs) are widely used in agriculture, which have caused serious environmental pollution and ecological damage. In addition, OPs can accumulate in the organisms through food chain, leading to severe threat to human health. Microbial degradation serves as an efficient tool for remediation of OPs contaminated soils without secondary pollution. At present, the cultivable method is most commonly used for screening OPs-degrading microorganisms, while most microorganisms are uncultivable in the natural ecological environment. Identification of functional microbes with the novel uncultivable technology is becoming a promising technology. This paper, based on the use of OPs and the environmental problems, summarized the migration and transformation patterns of OPs in soils and the identification of the uncultivable functional microbes using the recently developed Stable Isotope Probing (SIP) and magnetic nanoparticle technology, discussed the functional genes for OPs degradation and the degradation pathways as well as the combination of plants and microbes in remediation of OPs-contaminated soils, introduced the limiting environmental factors influencing OPs degradation, including pH, temperature, organic matter content, etc., and finally, put forward the challenges and prospectives of microbial degradation of OPs.

Key words: Organophosphorus pesticides; Microbial degradation; Uncultivable microorganisms; Functional gene; Degradation pathways