

## 沈阳生态所在除草剂降解机制研究方面取得进展

发布时间: 2022-07-25 | 【大 中 小】

磺酰脲类除草剂氯嘧磺隆在全球农业生产中大量使用，导致其在农田土壤和灌溉水体中长残留，对敏感作物和其他非靶标生物如微生物、藻类等造成药害，引起严重的环境问题。通过微生物降解实现对氯嘧磺隆污染环境的生物修复是一种可行且有前景的策略，但现有研究多集中于降解菌的筛选，鲜见关于降解基因和降解酶的报道，其降解过程的分子机制更有待深入阐明。

中国科学院沈阳应用生态研究所微生物资源与生态组团队在该领域持续进行创新性研究。前期获得了一株氯嘧磺隆高效降解菌，经鉴定为新种新属，命名为“成刚菌属嗜甲基短杆菌 *Chenggangzhangella methylocysteaceae* CHL1”。对该菌进行全基因组测序，基于数据库的注释，预测与氯嘧磺隆降解相关的基因，并通过基因敲除、基因回补以及异源表达等技术进行降解功能的分析验证。

研究发现，菌株CHL1的基因组由一条环状染色体组成，无质粒，长度为5,542,510 bp，G+C含量为68.17mol%。通过将数据库的注释信息与已报道的磺酰脲类除草剂降解基因序列进行比对分析，菌株CHL1中的3个基因 *su1E*、*pnbA*、*gst* 被预测参与氯嘧磺隆的降解过程。为验证预测基因的降解功能，分别对菌株CHL1中的3个基因 *su1E*、*pnbA*、*gst* 进行基因敲除和基因回补试验。结果表明，与野生型菌株CHL1相比，敲除菌株CHL1  $\Delta$  *su1E*、CHL1  $\Delta$  *pnbA*、CHL1  $\Delta$  *gst* 降解氯嘧磺隆的能力分别降低19.5%、10.4%、10.8%。而回补菌株CHL1  $\Delta$  *su1E* [pEG-*su1E*]、CHL1  $\Delta$  *pnbA* [pEG-*pnbA*]、CHL1  $\Delta$  *gst* [pEG-*gst*] 降解氯嘧磺隆的能力则与野生型菌株CHL1相比无明显差异。为分析基因所表达酶的降解机制，将菌株CHL1中的3个基因 *su1E*、*pnbA*、*gst* 分别克隆并在大肠杆菌系统中表达。结果表明，谷胱甘肽-S-转移酶GST催化氯嘧磺隆的磺酰脲桥断裂，酯酶PnbA和Su1E均能使氯嘧磺隆苯环侧链去酯化。本研究不仅初步解析了菌株CHL1降解氯嘧磺隆的分子机制，还可为磺酰脲类除草剂污染环境的生物修复提供新途径。



该成果以“Whole Genome Sequencing of a Chlorimuron-Ethyl-Degrading Strain: *Chenggangzhangella methanolivorans* CHL1 and Its Degrading Enzymes”为题为于2022年发表在 *Microbiology Spectrum* (<https://journals.asm.org/doi/10.1128/spectrum.01822-22>) (2区, IF=9.043)。博士研究生于志雄为第一作者,徐明恺研究员、张惠文研究员为共同通讯作者,该研究得到了中国科学院战略性先导科技专项(A类)黑土专项、沈阳市科技局重大科技成果转化(双百项目)、国家自然科学基金、辽宁省博士科研启动资金项目的资助。

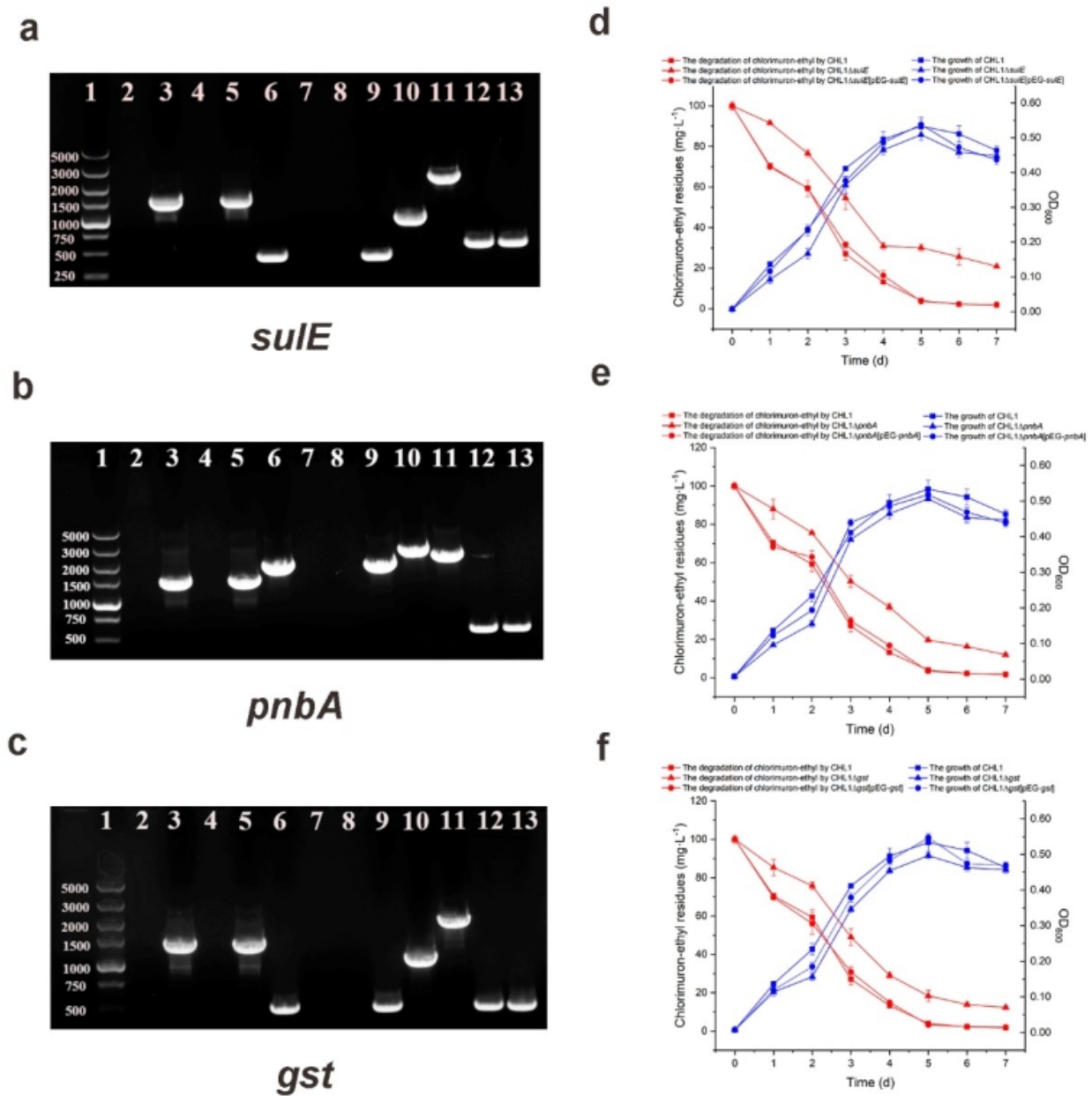


图1. 菌株CHL1突变株的PCR验证和氯嘧磺隆的降解能力

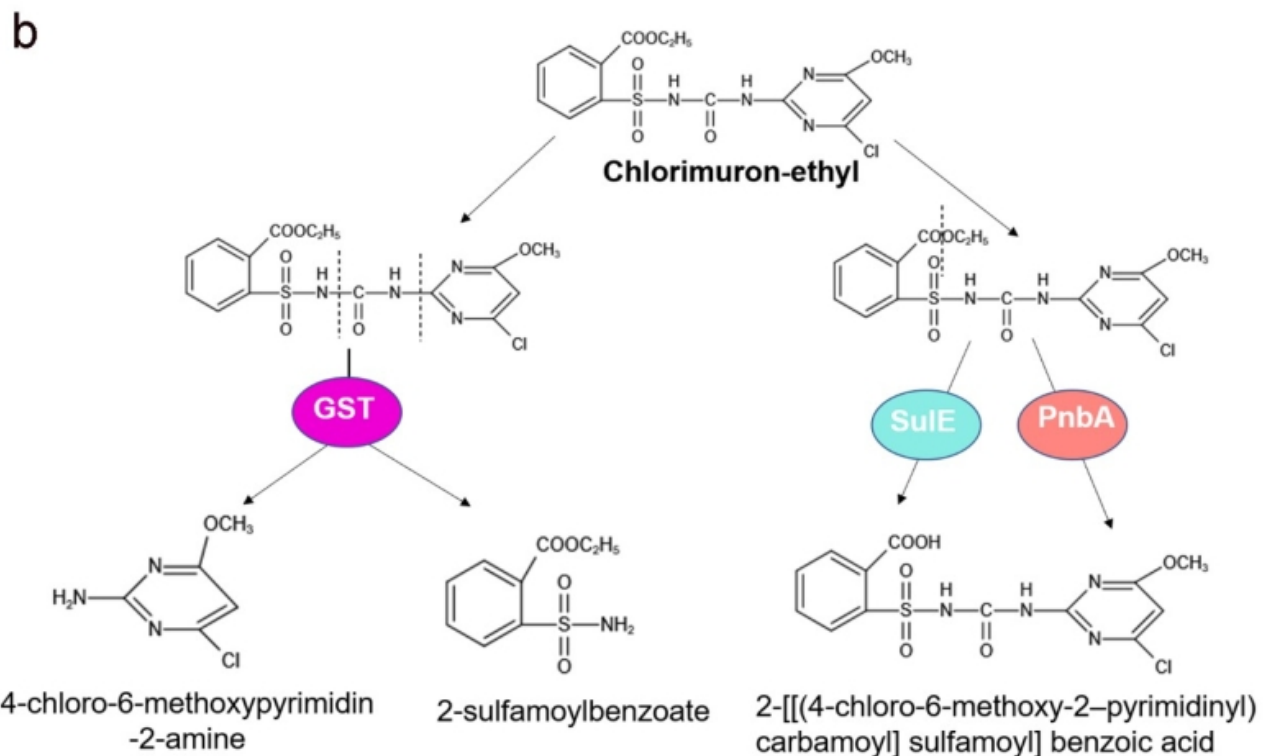
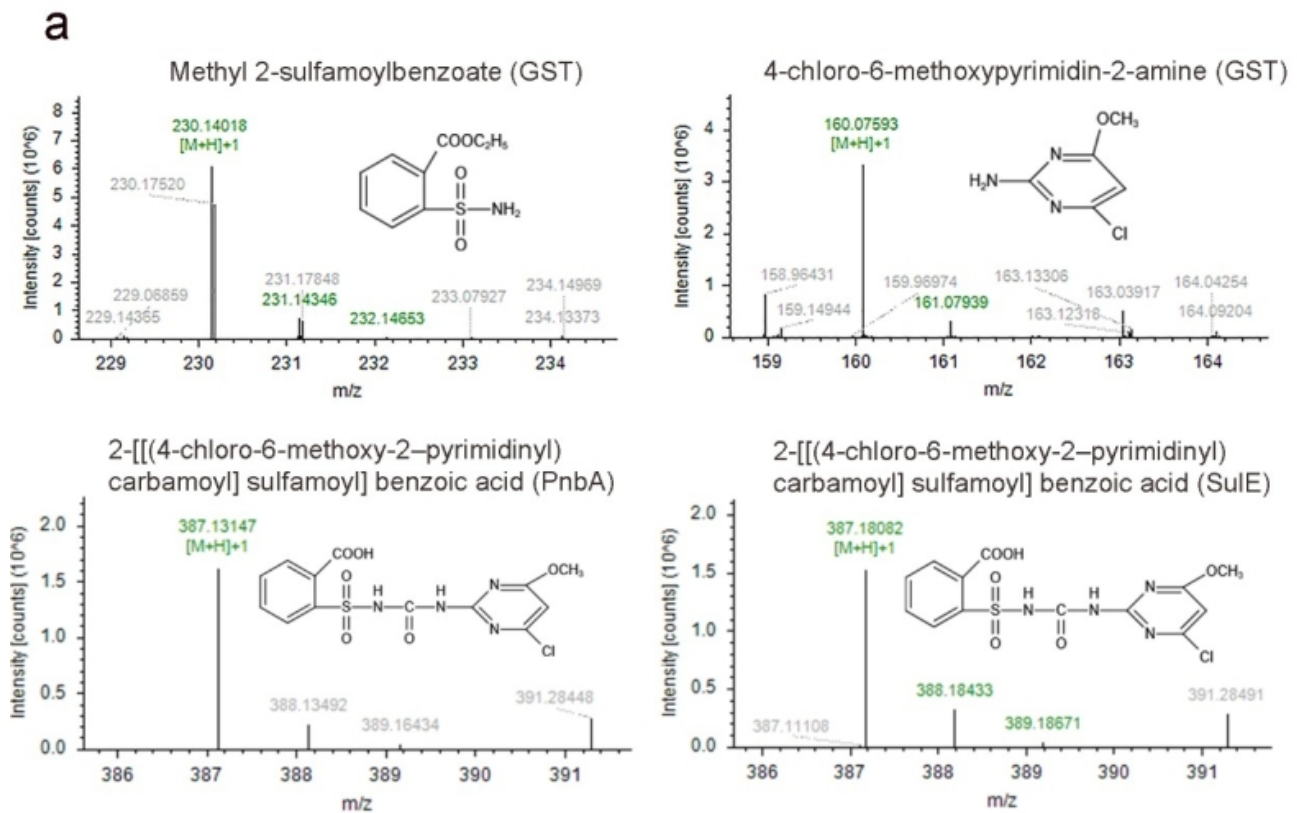


图2. SuIE、PnbA和GST对氯嘧磺隆的降解产物和降解途径



地址：沈阳市沈河区文化路72号 邮编：110016

网管信箱：webmaster@iae.ac.cn

(mailto:webmaster@iae.ac.cn)



\

