

# 靠昆虫和细菌能“吃掉”白色污染吗

◎本报记者 张晔 实习生 陈茜

什么？竟然有昆虫把塑料当作美味！对的，你没有看错，科学家发现了很多爱“吃”塑料的昆虫，并对它们解决白色污染寄予厚望。

近日，江苏大学环境与安全工程学院教授孙建中团队系统综述了昆虫及其肠道共生菌在塑料生物降解中的独特作用，并探讨了该领域的研究现状、面临的挑战和发展路径。相关研究成果日前发表于国际昆虫学英文刊物《昆虫科学》。

那么，这些昆虫为何能练就“吃掉”塑料的独门绝技？人们能否利用它们解决白色污染难题？

## 多种生物菌能“吃掉”塑料

孙建中介绍，昆虫是世界上物种最丰富的生物，科学家发现印度古螟、草地贪夜蛾、黄粉虫、蜡蛾等昆虫展现出了消化聚乙烯、聚苯乙烯等常见塑料的能力，而这背后，昆虫肠道共生菌扮演了至关重要的角色。

目前已发现的能够降解塑料的昆虫肠道共生菌包括假单胞菌属、芽孢杆菌属、肠球菌属、克雷伯氏菌属、不动杆菌属等。

“在塑料与昆虫肠道共生菌相遇之前，昆虫的咀嚼或啃食行为已先行一步破坏了塑料的结构，为后续分解创造了有利条件。随后，昆虫肠道共生菌能够分泌一系列生物酶，促使塑料分子中的化学键断裂，将复杂的塑料聚合物转化为更小的、可被肠道共生菌或宿主昆虫代谢的分子。”孙建中说。

昆虫肠道共生菌能够分泌酯酶、脂肪酶、过氧化物酶、漆酶等酶类，特异性地作用于塑料分子的化学键，促进化学键的断裂和转化。例如，漆酶和过氧化物酶能够氧化塑料表面的碳氢键，而酯酶和脂肪酶则参与酯键的水解。一旦塑料被分解，产

生的化合物就可以被用作昆虫肠道共生菌生长的碳源。

此外，除了昆虫肠道共生菌外，在被污染的水体和土壤中存在的一些细菌、真菌、藻类等也能够降解塑料。研究表明，部分真菌和细菌已展现出对聚乙烯、聚苯乙烯、聚氯乙烯及聚丙烯等多种合成塑料的分解能力；藻类在塑料聚合物降解过程中的作用也日益受到科学家的关注。

## 人工制酶提高降解速度

塑料废弃物对环境的污染问题日益严峻，已成为全球关注的焦点。据国外媒体报道，目前全球每年生产超过3.3亿吨塑料，预计到2050年，这一数字将增加两倍。

既然昆虫肠道共生菌能“吃掉”塑料，那么人们是否能对其加以利用，从而大量降解塑料垃圾呢？

针对这一问题，孙建中指出，昆虫肠道共生菌能“吃掉”塑料与大量降解塑料并不能混为一谈。与自然环境中动辄数十年甚至上百年的降解时间相比，虽然昆虫肠道共生菌对塑料的降解速度相对较快，但仍然难以满足实际需求。仅仅依靠昆虫肠道共生菌本身产生的酶作用有限，还需要人工制备酶，以优化塑料降解过程，提高降解速度。

为此，研究人员需要研究不同酶的代谢途径，筛选出可降解塑料的、适合培养的酶。随后，研究人员会通过基因工程对细菌进行改造，使其成为可大量产生这些酶的“工厂”。

此外，还可以对多种可分解塑料的酶进行优化组合，进一步实现塑料垃圾的高效治理。

孙建中表示，未来科学家将继续寻找具有塑料降解能力的昆虫肠道共生菌，同时通过生物工程手段改良塑料降解酶的活性和特异性，使其能更有效地分解不同类型的塑料。



塑料废弃物已成为全球关注的焦点，研究发现昆虫及其肠道共生菌在塑料生物降解中具有独特作用。视觉中国供图

## 产业化降塑要“两条腿走路”

虽然人工制备酶在一定程度上能提高塑料降解速度。但是大批量地人工制备酶还需要攻克发酵工程、基因工程、酶工程等方面的技术难题。“如今，一些酶已经能够做到实验室规模的纯化，但距离产业化生产仍有一段距离。”孙建中说。

“我们不仅要推动塑料降解的产业化进程，还要‘两条腿走路’，探索可生物降解塑料技术，以可生物降解塑料逐步替代传统石油基塑料。”孙建中说。

在生物降解塑料技术方面，研究人员一直在进行探索。

前不久，孙建中团队完成了“基于过程仿生的木质纤维素高值化产品开发”项目的产业化示范验收，成功将农作物秸秆中

的纤维素/半纤维素，通过新型预处理技术，直接发酵转化为高纯度L乳酸。

“L乳酸是环境可降解塑料聚乳酸的重要合成原料。”承担该项目产业化示范任务的中科康源(唐山)生物技术有限公司董事长张东远说，“依托新型预处理技术，我们建成了一条千吨规模的产业化示范生产线，整套生产线技术水平与规模达到国内领先。”

近期，中国科学院深圳先进技术研究院相关团队通过基因编辑微生物孢子，将其嵌入塑料中，制成可降解“活”塑料。该塑料在日常使用中性能稳定，在特定条件下可激活孢子以降解塑料。此外，海南热带海洋学院的研究人员筛选、培养出海洋微塑料降解菌玫瑰色菌，在海洋微塑料生物降解技术上取得重要突破。

孙建中表示，下一步为规范生物降解塑料的生产与处理流程，国家有关部门还要建立健全相关法规与标准体系，为行业提供明确的参照与监督依据，确保生物降解塑料的安全性与环境友好性。

# 新型植物RNA甲基化编辑工具研发成功

科技日报讯(记者吴纯新 通讯员蒋朝常)记者10月6日从华中农业大学获悉，该校棉花遗传改良团队开发出基于CRISPR/dCas13(Rx)的新型植物RNA甲基化编辑工具。研究成果日前发表于《先进科学》杂志。

N6-甲基腺苷(m<sup>6</sup>A)是真核生物mRNA最普遍的内部修饰，可能引起mRNA配对、热动力和折叠性能的改变，从而影响RNA的可变剪接、翻译、细胞定位、稳定性以及与蛋白的相互作用，在调节植物生长发育和抗逆性中起着重要作用。

以往对植物m<sup>6</sup>A功能分析的研究，多数是利用遗传扰动如敲除、超表达方式进行。然而，直接增加或删除m<sup>6</sup>A系统的任何关键组分都会导致植物中m<sup>6</sup>A修饰的总体水平发生变化，产生的影响无法预测。因此，开发新型m<sup>6</sup>A定点编辑工具调节动态可逆的m<sup>6</sup>A修饰，可为理解植物表现遗传调控、改善植物农艺性状提供新的角度。

论文第一作者、华中农业大学博士余露介绍，研究团队将无RNA剪切活性的dCas13(Rx)作为靶向RNA的锚定蛋白，

分别与甲基转移酶GhMTA或去甲基转移酶GhALKBH10结合起来，开发出可编程的m<sup>6</sup>A编辑工具。

基于系列研究，研究团队提出了一个完整m<sup>6</sup>A编辑平台的工作模型，以研究与作物产量、品质和抗逆性相关的特定m<sup>6</sup>A修饰位点的功能。该工作模型首先利用单碱基分辨率的高通量测序技术，确定可能在植物生长、发育或抗逆过程中具有关键生物学功能的特定m<sup>6</sup>A位点；随后，通过m<sup>6</sup>A编辑工具添加或删除特定位点的m<sup>6</sup>A修饰获得编辑突变体；最后，通过多代鉴定

突变体表型，筛选出具有更好农艺性状的理想作物。

此前，华中农业大学金双侠课题组开发了Cas9、Cas12a等工具，能在靶位点进行敲除、敲入、敲高、敲低、SNP点突变等精准修饰，并利用这些工具创制了具有棉籽无棉酚、高油酸、抗虫等优异性状的棉花新种质，为棉花功能基因组研究和分子设计育种提供了完备的工具箱和技术体系。此次研发新型植物RNA甲基化编辑工具是该课题组在基因编辑工具开发和分子育种方面取得的又一进展。

## 对大豆镰刀菌根腐病防治效果达46.08%，具备溶磷、溶钾、固氮能力

# “多面手”细菌：大豆田里防病促长“一肩挑”

◎本报记者 朱虹 李丽云

大豆是世界上重要的经济油料作物，但在其生长过程中极易受各种病害侵袭，严重影响其产量及品质。其中，大豆镰刀菌根腐病是世界范围内大豆生产面临的重要病害之一，在大豆的整个生育期内均可发生。

近日，齐齐哈尔大学生命科学与农林学院植物病理学实验室负责人王芳团队筛选出一种优秀菌株，能够防控病害与促进生长，为大豆镰刀菌根腐病的生物防治提供了新思路。研究成果日前在线发表于《生物技术通报》。



图为农民种植的大豆。大豆镰刀菌根腐病是大豆生产上的主要病害之一，在大豆整个生长期均可发生。刘君凤/视觉中国

## 大豆镰刀菌根腐病发病率高

“大豆镰刀菌根腐病是一种由镰刀菌属真菌引起的土传病害，从大豆苗期至成株期均可能发生。”王芳介绍，这种病害严重时甚至会影响侧根，阻碍大豆结荚、造成籽粒发育不良，导致减产。据统计，大豆镰刀菌根腐病在大豆产区的发病率普遍较高，重病地块发病率可达80%以上，严重影响大豆产业的健康发展。

然而，大豆镰刀菌根腐病的防治面临诸多难点。王芳说，该病害的病原菌种类多样，包括尖孢镰刀菌、禾谷镰刀菌等多种镰刀菌属真菌，且这些病原菌在土壤中腐

生能力强，难以彻底根除。该病害的发生还受多种环境因素影响，如土壤温度、湿度、耕作方式、播种深度等，增加了防治的难度。此外，大量使用化学杀菌剂不仅成本高，还可能破坏土壤生态平衡，导致病原菌产生耐药性，进一步加剧防治的复杂性。

近些年，利用芽孢杆菌等土著微生物的拮抗特性抵御植株病害，已经成为农业病害防治的新策略。

王芳说：“很多生活在植物根部的根际微生物，就像是植物的贴身保镖，不仅能帮植物吸收营养、强健根系，还能在植物面临病菌侵袭或环境压力时挺身而出。”芽孢杆菌就是这些“隐形卫士”的其中一员。

基于此，王芳团队致力于从大豆根区土壤中筛选出具有强拮抗特性的芽孢杆菌。

## 是“抗病卫士”也是“营养专家”

两年前，王芳团队深入齐齐哈尔市、黑河市大豆镰刀菌根腐病病区进行病害样本的调查取样，从染病的大豆根部样品中分离获得46株菌株，最终筛选出5株菌株。

经过一系列试验，团队发现其中一株编号为20-8的菌株展现出对多种镰刀菌的强大拮抗能力，特别是对引发大豆镰刀菌根腐病的主要病原菌——禾谷镰刀菌的抑制效果尤为显著。

通过16S rRNA序列分析、生理生化特性鉴定及形态学观察，团队最终确认这位“抗病卫士”为暹罗芽孢杆菌。实验结果显示，利用菌株20-8的稀释发酵液处理接

种了病原菌的大豆植株，不仅成功将病情指数降低了32.64%，更实现了对大豆镰刀菌根腐病达46.08%的防治效果。

为了进一步探索菌株20-8的抗病机制，研究团队深入研究了不同浓度发酵液对禾谷镰刀菌的影响。团队发现，随着处理时间的延长或发酵液浓度的增加，该菌株对病原菌的抑制效果愈发显著——菌落直径减小、菌丝生长受阻、孢子萌发率降低。一系列现象表明菌株20-8正通过分泌蛋白酶、纤维素酶、葡聚糖酶等拮抗代谢物，以及挥发性化合物，对病原菌实施精准打击，破坏其细胞膜与细胞壁结构，致其功能丧失、胞质泄漏，最终走向凋亡。

值得一提的是，菌株20-8不仅是一位出色的“抗病卫士”，还是“营养专家”，能促进植物生长。它具备溶磷、溶钾、固氮及产铁载体的能力，可通过转变土壤中营养元素的形态，提高植物根际养分的可利用性，为大豆生长提供源源不断的动力。

王芳表示，菌株20-8能够在大豆根际有效定殖，形成生物被膜，占据有利生态位点，在防控大豆镰刀菌根腐病的同时，也为幼苗的苗壮成长创造了有利条件。这一发现不仅揭示了根际微生物在植物健康生长中的关键作用，也为未来开发新型生物农药和植物生长调节剂开辟了新途径。“目前这一研究成果已经进入田间试验阶段。”王芳说。

大豆镰刀菌根腐病的防治是一项复杂而艰巨的任务，但王芳团队相信，生物防治将成为未来大豆病害防控的重要手段之一，为大豆产业的健康发展提供有力保障。

## 研究进展

## 最完整海洋微生物基因数据库出炉

科技日报讯(记者宋迎迎 罗云鹏)记者从近日举办的“千种海洋生物基因组测序项目”暨全球海洋微生物基因库建设及应用成果联合发布会上获悉，华大生命科学研究院联合山东大学、英国东安格利亚大学等机构，构建了迄今为止最完整的海洋微生物基因数据库，并从中发现大量具有应用潜力的基因资源。该研究为开发抗菌肽、新型基因编辑工具、PET塑料降解酶等提供了新思路。相关成果在线发表于国际学术期刊《自然》上。

研究团队介绍，他们通过对已公开的海洋微生物宏基因组数据进行分析和深度挖掘，构建了海洋微生物基因数据库GOMC。这一数据库拥有超4.31万个海洋微生物基因组和24.58亿个基因序列，是已报道海洋基因组数据库Tara Ocean的3倍。其中，2万多个微生物是潜在新发现物种，近1万个微生物为在深海等独特生境中首次发现。目前，该数据库数据已存储于国家基因库生命大数据平台。

论文通讯作者、青岛华大基因研究院院长范广益介绍，研究团队通过对数据库GOMC进行深度挖掘，发现了多项具有应用潜力的基因资源。其中，研究团队鉴定了36个新型CRISPR-Cas9基因编辑系统，并挖掘出一个具有潜在应用价值的新型Cas9编辑系统，为科研人员基因编辑工具使用提供了更多选择。

据了解，作为青岛自贸片区“千种海洋生物基因组测序项目”第一年度重要成果，该项研究将助力海洋微生物的演化、生态学研究和遗传资源开发与利用。

## 稻曲病菌致病机制揭示

科技日报讯(记者洪敬谱 通讯员刘加华)10月6日，记者从安徽农业大学获悉，该校教授陈晓洋团队联合相关单位科研人员共同发现了真菌分泌性漆酶的致病新策略，鉴定到一个水稻免疫相关类受体激酶OsSRF3，为研究植物先天免疫机制和创制新的水稻广谱抗病材料提供了理论依据。相关成果日前发表在国际期刊《自然·通讯》上。

稻曲病是水稻生产中的重要病害之一，不仅造成稻米产量损失，而且稻曲病菌产生的毒素还对动物细胞具有毒性和致畸作用。在我国，稻曲病年均发生面积4500万亩，导致粮食减产超1.5亿公斤。培育抗稻曲病品种被认为是目前最经济有效的防治措施，但现阶段抗稻曲病品种和基因资源严重缺乏。因此，深入解析稻曲病菌与水稻的互作机理，可为培育水稻抗稻曲病品种提供理论依据。陈晓洋团队认为，用稻曲病菌效应蛋白挖掘与之对应的水稻免疫相关蛋白，根据其抗病机制改良作物抗性设计，是当前培育优良抗稻曲病品种的重要途径之一。

研究人员发现，OsSRF3可以调控水稻对稻曲病、稻瘟病、纹枯病和白叶枯病的广谱抗病性。在水稻细胞中，油菜素类固醇受体相关激酶OsBAK1直接磷酸化修饰OsSRF3，促进了OsSRF3蛋白稳定性，进而提高水稻对病原菌的抗病性。在稻曲病菌感染过程中，稻曲病菌分泌具有漆酶活性的蛋白UgsL进入水稻细胞后，与OsSRF3相互作用，UgsL促进OsSRF3蛋白降解，使水稻的抗病性降低，导致发病。

“这项研究成果以稻曲病菌效应蛋白UgsL为分子探针，挖掘出水稻广谱抗病基因水稻免疫相关类受体激酶OsSRF3，为培育抗病品种提供了重要抗性基因资源。”陈晓洋说。

## 油菜素内酯调控棉纤维伸长奥秘解开

科技日报讯(记者马爱平)记者10月6日从中国农业科学院获悉，该院棉花研究所棉花分子遗传改良创新团队揭示了油菜素内酯信号传导过程中下游的关键基因(GhEXL3)调控棉纤维伸长的分子机制，为棉纤维品质遗传改良提供了重要理论依据。相关研究成果日前发表在国际期刊《植物杂志》上。

“棉花是一种重要的天然纤维作物，棉纤维是研究细胞伸长的理想模型。油菜素内酯作为一种植物激素，在调节棉纤维伸长方面发挥着重要作用，但其调控棉纤维伸长的分子机制仍不清楚。”论文通讯作者、中国农业科学院西部农业研究中心研究员杨作仁告诉记者。

该研究揭示，GhEXL3基因是棉花中尚未揭示功能的油菜素内酯信号途径下游基因。在油菜素内酯缺陷型突变体以及油菜素内酯信号通路核心转录因子过量表达的棉花样本中，该基因表现出明显的表达水平差异。进一步研究发现，GhEXL3基因过量表达促进棉花纤维伸长；敲除该基因后，棉纤维缩短。

“研究表明，油菜素内酯通过其信号通路中的核心转录因子，来触发该基因的表达，进而调控棉纤维伸长的分子机制。这为棉花分子遗传改良提供了新思路。”杨作仁说。



图为新疆阿克苏棉田。新研究揭示了GhEXL3基因调控棉纤维伸长的分子机制，为棉纤维品质遗传改良提供了重要理论依据。视觉中国供图