

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.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.04.003

除草剂草甘膦微生物降解技术研究进展

王军华,王易芬,陈蕾蕾,周庆新,杜方岭

(山东省农业科学院农产品研究所,山东济南 250100)

摘要:草甘膦是目前世界上使用量最大的除草剂品种之一,造成日益严重的环境污染和生态危害,并随着食物链在哺乳动物体内富集,进而危害人类健康;微生物降解是清除环境中草甘膦的最主要途径,是降低草甘膦危害的一种有效方法。对近几年筛选得到的草甘膦高效降解菌、主要降解途径和降解产物、草甘膦的原位修复研究进行了总结,探讨了微生物降解用于缓解草甘膦造成的环境污染的难题。

关键词:草甘膦;微生物降解;降解途径;原位修复

中图分类号:S482.4;S182 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2016)04-0008-04

草甘膦(glyphosate)是一种高效除草剂,被植物经茎叶吸收后,通过抑制植株 5-烯醇丙酮莽草酸-3-磷酸合成酶(5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase, EPSPS)的活性来干扰 5-烯醇式莽草酸-3-磷酸的合成,从而抑制植株合成芳香性氨基酸,最终导致植物叶片枯黄脱落,死亡^[1-2],可控制世界上绝大多数危害性杂草,成为全世界除草剂使用量最大的种类之一^[3]。

草甘膦由 Monsanto 公司开发应用以来,一直被认为对非靶标生物具有低毒性。对草甘膦及其制剂的研究显示,草甘膦未在任何动物的组织中富集,也未对人类健康产生危害^[3]。然而 40 多年的应用,尤其是 1983 年高抗草甘膦基因研发后^[4],抗草甘膦转基因作物被广泛种植,引起的草甘膦大规模应用,导致其在土壤中大量积累,已经对土壤化学过程和生态系统造成影响,而且给环境带来安全风险,威胁了人类健康^[5]。调查研究发现,土壤中残留的草甘膦会破坏土壤微生物生态,影响微生物数量和土壤酶的活性,尤其会抑制放线菌数量和脲酶的活性^[6-7],而且残留的草甘膦会随地表径流进入地表水,影响水质,造成水生生态的失衡^[8-9]。不仅如此,更有研究发现,草甘膦会影响孕期动物的胚胎发育,导致形态变异^[10-12]。例如,干扰海胆胚胎细胞的细胞周期^[10],增加非洲爪蛙的胚胎和鸡胚变异的可能性^[11]等。同时,Clair 等对小鼠研究发现,高剂量的草甘膦(约 10 000 mg/kg)对小鼠睾丸的支持细胞有急性细胞毒性,诱导细胞坏死和凋亡;而低剂量的草甘膦(1 mg/kg,相当于摄食草甘膦处理的玉米后,人尿液中草甘膦的含量),虽然没有细胞毒性,但是会使睾丸酮的分泌降低 35%,干扰睾丸的内分泌^[12]。Poulsen 等还发现,草甘膦能够穿透人类胎盘障碍进入胎儿室,影响胎儿正常发育^[13]。由此可见,土壤中富集的草甘膦不仅对环境造成影响,破坏生

态平衡,并能通过食物链的富集进入哺乳动物体内,进而威胁人类健康,草甘膦的安全问题应引起人们的足够重视。

1 草甘膦的生物降解菌

土壤中的草甘膦易发生水解、光化学降解、生物降解等,而生物降解是草甘膦降解的最主要途径^[14-15]。在自然环境中,尤其是长期施用草甘膦的土壤中,存在种类繁多的能耐受或降解草甘膦的微生物菌群^[16],这有利于寻找高效降解菌,对缓解草甘膦造成的环境危害具有重要意义。

在纯培养条件下,科学家们一直没能分离出可利用草甘膦的细菌,直至 1983 年,Moore 等筛选出假单胞菌 PG2982,是能利用草甘膦作为唯一磷源的细菌^[17]。同位素标记法研究发现,通过 C—P 键的断裂,PG2982 能将草甘膦代谢成肌氨酸^[18],虽然 PG2982 降解草甘膦延滞期较长,但是为草甘膦降解菌的筛选奠定了基础。此后,陆续分离得到有草甘膦降解活性的假单胞菌^[19-23]、产碱杆菌^[23]、黄杆菌^[24]、节杆菌^[25-26]和根瘤菌^[27],而 Krzysko 等则发现土壤中的真菌也具有降解草甘膦的能力^[28-29]。早期研究的降解菌多是以草甘膦为唯一磷源,随着研究的深入,发现许多微生物也可以利用草甘膦作为碳氮源,节杆菌 GLP-1 的变种^[26]、产黄青霉菌^[30]被发现能利用草甘膦作为唯一氮源,链霉菌^[31]则是将草甘膦作为唯一碳氮源,而青霉 T1^[32]和曲霉 B21^[33]对草甘膦也都表现出明显降解特性,降解率都在 50% 以上,B21 对草甘膦的降解率甚至可达 97%。

近年来,草甘膦的研究也取得许多进展,Sviridov 等分别从甲基膦酸和草甘膦污染的土壤中分离出无色杆菌 MPS12 和苍白杆菌 GPK3,将 MPS12 在含草甘膦的培养基中培养,MPS12A 同样具有降解草甘膦的能力,这 2 株菌都是以草甘膦为唯一磷源进行生长,将草甘膦分别降解成肌氨酸和 AMPA^[34]。Hadi 等在无磷培养基中也筛选出苍白杆菌 GDOS,能将草甘膦降解为 AMPA,GDOS 在含磷培养基中对草甘膦还有降解能力,并且是报道的第一个能在几天内将毫摩尔草甘膦完全降解的纯菌,这对于污染土壤修复和废水治理具有重要意义^[35]。康纪婷等对采自农药厂污水处理池的活性污泥样本进行筛选,共分离 27 株解磷细菌,复筛后发现假单胞菌

收稿日期:2015-03-19

基金项目:国家国际科技合作专项(编号:2013DFR30920)。

作者简介:王军华(1985—),女,博士,助理研究员,主要从事食品微生物基础研究。E-mail:wangjunhua85@126.com。

通信作者:杜方岭,研究员,主要研究方向为农产品加工。E-mail:dufl@saas.ac.cn。

BR13、摩根氏菌 BR57 对草甘膦都有降解作用,降解率均在 50% 以上^[36]。Selvi 等发现的假单胞菌 T5 以草甘膦为唯一磷源,并且在该菌中首次分离了有 C—P 裂解活性的酶^[37]。Moneke 等对不同菌株进行草甘膦降解特性的研究,发现荧光假单胞菌和醋酸杆菌在含 7.2 ~ 25 mg/mL 草甘膦培养基中显著增长,表现出较强的草甘膦降解特性^[38]。Kryuchkova 等从根瘤菌中筛选出 5 株能耐受草甘膦的细菌,进一步筛选出阴沟肠杆菌 K7,该菌以草甘膦为唯一磷源,将其降解为肌氨酸,不仅如此,这类细菌还能侵入向日葵和甜高粱的根部,促进根苗的生长,有益于草甘膦污染土壤的治理和修复^[39]。

由 Fan 等分离出的蜡样芽孢杆菌 CB4 是以草甘膦为唯一碳源,对草甘膦降解率可达 94.5%,是第一个报道的能降解草甘膦的蜡样芽孢杆菌^[40]。其后,Zhan 等分离出的蜡样芽孢杆菌 HYC-7,则是以草甘膦为唯一氮源生长^[41]。而韩丽珍等从长期使用草甘膦的土壤中筛选得到节杆菌 HX-5,

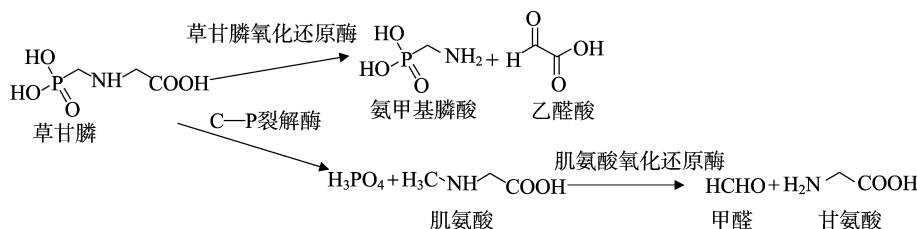


图1 草甘膦主要降解途径

2.1 肌氨酸途径

由 Moore 等筛选出的第 1 株草甘膦降解菌假单胞菌 PG2982,是通过肌氨酸途径降解草甘膦^[17],C—P 键对化学反应和酶促反应有很高的稳定性,在微生物 C—P 裂解酶的作用下,草甘膦 C—P 键断裂,生成肌氨酸,为细菌生长提供磷源。此前,因为 C—P 裂解酶在胞外容易发生不可逆转的失活,这使得草甘膦特异性的 C—P 裂解酶一直是个谜^[49]。最近,Selvi 等从恶臭假单胞菌 T5 中分离出有活性的 C—P 裂解酶,从而揭开了该酶的神秘面纱。这是第 1 个纯化出的草甘膦特异性的 C—P 裂解酶,活性比无细胞萃取液提高 600 多倍,这对于草甘膦降解菌的深入研究有重要意义^[37]。另一方面,生成的肌氨酸在肌氨酸氧化还原酶的作用下,快速代谢生成甲醛和甘氨酸,参与微生物的多个生理循环^[18,50]。

2.2 AMPA 途径

参与氨基甲基膦酸 (AMPA) 途径的酶主要是草甘膦氧化还原酶 (GOX),在该酶作用下,草甘膦 C—N 键断裂,生成氨基甲基膦酸 (AMPA) 和乙醛酸^[48]。截至目前,还没有发现单一微生物能通过该途径完全矿化草甘膦,大部分 AMPA 被微生物分泌出胞外进入环境,或被其他微生物吸收,发生 C—P 键断裂,最终矿化;乙醛酸则作为三羧酸循环的底物,参与微生物正常的代谢途径^[19,24-25,48,51]。最近,Sviridov 等发现磷酸水解酶可能参与了苍白杆菌 GPK3 的 AMPA 降解,并提出一个假设:AMPA 首先在转氨酶的作用下,生成磷酸甲醛,进而作为磷酸水解酶的底物,发生水解,生成甲醛和磷酸 (图 2)^[34],然而到目前为止,磷酸水解酶在 AMPA 代谢途径中的作用也仅限于假设,还没有研究提出直接的证据证明这一假设^[23,52]。

研究还发现,1 株降解菌还可能同时存在 2 种降解方式,例如 GPK3,主要是经过 AMPA 途径降解草甘膦,同时还能检

以草甘膦为唯一碳氮源,降解率达到 74.8%^[42]。叶明等也发现节杆菌 A5 能以草甘膦为碳氮源,72 h 对草甘膦的降解率达 94.2%^[43]。多噬伯克霍尔德氏菌 WS-FJ9 是李冠喜等筛选出的高效解磷细菌,在生物降解农药残留功能的研究中发现,该菌在以草甘膦为唯一碳源、氮源或磷源培养基上均能正常生长,优化发酵条件后,试验条件下该菌对草甘膦的降解率最高可达 72.8%^[44]。汤明强等发现胶红酵母能以草甘膦为唯一碳氮源^[45-46],而吴学华等发现的米曲霉 A-F02,能以草甘膦为碳源,培养 7 d 对草甘膦的降解率为 86.8%^[47]。

2 微生物对草甘膦的降解途径

随着草甘膦降解菌研究的深入,菌株的降解途径也逐渐被阐明,微生物主要通过 2 条途径降解草甘膦,碳磷键 (C—P 键) 断裂生成肌氨酸和碳氮键 (C—N 键) 断裂生成氨基甲基膦酸 (AMPA) (图 1)^[48]。

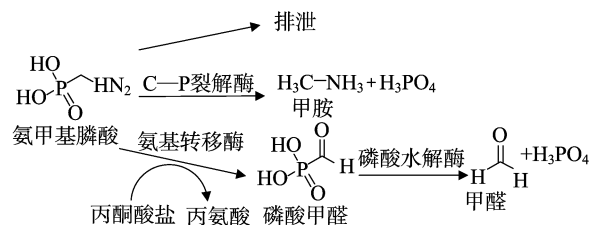


图2 AMPA 代谢途径

测到痕量的肌氨酸^[34],表明 GPK3 也可通过 C—P 键断裂降解草甘膦,相同的现象也出现在假单胞菌 LBr 的降解中^[19]。

而 Dick 等对筛选出的 163 株微生物进行筛选,发现筛选出的 26 株降解菌在磷饥饿的情况下能以草甘膦为唯一磷源将其降解,生成肌氨酸而不是 AMPA^[53]。进一步研究发现,肌氨酸途径在磷缺乏情况下才会发生,而环境中大都存在充足的磷源,能满足微生物的需求,因此草甘膦在环境中主要代谢生成 AMPA^[16],而肌氨酸途径只存在于实验室磷饥饿压力下筛选出来的降解菌中。这些表明,在实验室条件下,经过肌氨酸途径代谢的降解菌,是将草甘膦作为唯一磷源,诱导 C—P 裂解酶生成,而在自然环境下,环境中充足的磷源会负调节裂解酶,降解菌失去裂解草甘膦的能力;同时,不同于实验室培养,恶劣的自然环境也造成筛选菌株的不生长和降解能力的丧失,这都给草甘膦的实际应用提出了难题^[19,26,54]。

可以看出,草甘膦降解菌的降解方式复杂多变,还需进行深入研究,而缺少准确、可靠的酶活性测定方法限制了对酶活性的研究。对草甘膦代谢途径和降解活性的研究,以同位素标记的草甘膦为底物,经代谢后,对降解产物进行 NMR 研究,是研究草甘膦代谢途径的一种有效方法^[19,55],但该方法对设备要求高。或将草甘膦及其代谢产物衍生化^[40,56],衍生

化后经过不同检测手段,如高效液相色谱^[56-57]、气相色谱^[58-61]、薄层色谱^[25,62]、毛细管电泳^[63-64]等,对降解产物及降解途径进行分析,用于鉴别草甘膦氧化还原酶和C—P裂解酶的活性;但试验中发现,发酵液中成分复杂,不同成分发生交叉,影响目标产物的辨识,干扰测定结果的准确性。因此,探寻精确、有效的草甘膦及其代谢产物的分析方法,对于解析草甘膦代谢方式,阐明微生物降解草甘膦的机理具有重要意义。

3 原位修复研究

目前,生物降解草甘膦还局限于实验室研究阶段,用于原位修复草甘膦污染的研究还很少,仅有少数土著微生物降解草甘膦的研究被报道^[65-66]。而在分离的纯菌原位修复研究中,Shushkova 等在被污染土壤中引入人苍白杆菌 GPK3 和无色杆菌 Kg16,结果表明其对草甘膦的降解率比土著微生物菌群提高了数倍^[67-68]。在引入降解菌的 1~2 周内,污染土壤的草甘膦含量、总体毒性水平、对植物的毒性水平已经恢复至正常土壤水平,而草甘膦浓度降低,使得土壤微生物活性恢复,表现为土著微生物的脱氢酶活性和生物量分别提高了 1.2 倍和 1.6 倍^[67]。研究还显示降解能力跟土壤的垂直分布相关,只有土壤表层 0~10 cm 深的草甘膦可以被土著微生物和引入的微生物迅速降解,而 10~30 cm 深的土壤会因为没有降解菌 GPK3,并且土著微生物的数量少而发生草甘膦蓄积,同时草甘膦会随着时间推移渗入土壤深处,雨水加速这一过程,影响草甘膦的降解^[68]。

目前为止,还没有 1 株筛选得到的纯菌成功用于原位修复草甘膦污染的实例,主要原因在于,与其他微生物降解所遇到的难题相同,引入的微生物的生存竞争力不如土著微生物,同时恶劣的环境条件也不利于降解菌生存,使之在生存竞争压力下没有余力修复污染^[54];而且,原位修复研究发现,土壤中充足的磷源抑制微生物对草甘膦的利用,实验室筛选得到的高效降解菌,在实际应用中却无法发挥作用^[19,26]。

4 结语

草甘膦的使用,在造福人类的同时,也带来严重的环境和生态危害,微生物降解低毒、低耗,不会引入新污染,对于农药的治理是一种有效的手段,并且,环境残留的草甘膦主要通过微生物降解,这引导科学家们在草甘膦降解菌的筛选上进行努力,试图找到有效方法,缓解或消除草甘膦带来的环境危害。目前,已经发现多种微生物能以草甘膦为唯一的磷源、碳源或氮源,表现出极高的降解率,但目前的研究还仅仅处于实验室阶段,还没有在原位引入降解菌,成功修复受污染体系的应用实例。而且,在考虑生物修复有效性的同时,外源生物的引入是否会带来二次污染和生态危害,都需要考虑、研究和解决,这给生物修复环境污染的实际应用提出更多挑战。

参考文献:

- [1] 徐杰,蒋世云,傅凤鸣,等. EPSP 合酶的研究进展[J]. 生物技术通报,2014(6):40-50.
- [2] 向文胜,张文吉,王相晶,等. EPSP 合成酶的特性及新抑制剂的

- [3] Williams G M, Kroes R, Munro I C. Safety evaluation and risk assessment of the herbicide Roundup and its active ingredient, glyphosate, for humans[J]. Regulatory Toxicology and Pharmacology, 2000, 31(2):117-165.
- [4] 王慧,闫晓红,徐杰,等. 我国抗草甘膦基因的发发现状[J]. 农业生物技术学报,2014,22(1):109-118.
- [5] 周垂帆,李莹,张晓勇,等. 草甘膦毒性研究进展[J]. 生态环境学报,2013,22(10):1737-1743.
- [6] 刘攀. 草甘膦对土壤微生态的影响及其抗性和降解真菌的研究[D]. 长春:吉林大学,2009.
- [7] 邓晓,李雅琦. 草甘膦对土壤微生物影响的研究[J]. 农药, 2005,44(2):59-62.
- [8] 范瑾煜. 水环境中低浓度草甘膦及制剂对鲫鱼的毒性效应研究[D]. 南京:南京大学,2013.
- [9] Aparicio V C, de Geronimo E, Marino D A, et al. Environmental fate of glyphosate and aminomethylphosphonic acid in surface waters and soil of agricultural basins[J]. Chemosphere, 2013, 93(9):1866-1873.
- [10] Marc J, Mulner-Lorillon O, Boulben S, et al. Pesticide roundup provokes cell division dysfunction at the level of CDK1/cyclin B activation[J]. Chemical Research in Toxicology, 2002, 15(3):326-331.
- [11] Paganelli A, Gnazzo V, Acosta H, et al. Glyphosate-Based herbicides produce teratogenic effects on vertebrates by impairing retinoic acid signaling[J]. Chemical Research in Toxicology, 2010, 23(10):1586-1595.
- [12] Clair E, Mesnage R, Travert C, et al. A glyphosate-based herbicide induces necrosis and apoptosis in mature rat testicular cells *in vitro*, and testosterone decrease at lower levels[J]. Toxicology in Vitro, 2012, 26(2):269-279.
- [13] Poulsen M S, Rytting E, Mose T, et al. Modeling placental transport: Correlation of *in vitro* BeWo cell permeability and *ex vivo* human placental perfusion[J]. Toxicology in Vitro, 2009, 23(7):1380-1386.
- [14] 卢信,赵炳梓,张佳宝,等. 除草剂草甘膦的性质及环境行为综述[J]. 土壤通报,2005,36(5):785-790.
- [15] Araújo A F, Monteiro R R, Abarkeli R B. Effect of glyphosate on the microbial activity of two Brazilian soils[J]. Chemosphere, 2003, 52(5):799-804.
- [16] Forlani G, Mangiagalli A, Nielsen E, et al. Degradation of the phosphonate herbicide glyphosate in soil: evidence for a possible involvement of unculturable microorganisms[J]. Soil Biology & Biochemistry, 1999, 31(7):991-997.
- [17] Moore J K, Braymer H D, Larson A D. Isolation of a *Pseudomonas* sp. which utilizes the phosphonate herbicide glyphosate[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1983, 46(2):316-320.
- [18] Shinabarger D L, Braymer H D. Glyphosate catabolism by *Pseudomonas* sp. strain pg2982[J]. Journal of Bacteriology, 1986, 168(2):702-707.
- [19] Jacob G S, Carbow J R, Hallas L E, et al. Metabolism of glyphosate in *Pseudomonas* sp. strain LBr[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1988, 54(12):2953-2958.
- [20] Weidhase R, Albrecht B, Stock M, et al. Glyphosate utilization by *Pseudomonas* spec. GS[J]. Zentralblatt Fur Mikrobiologie, 1990, 145(6):433-438.

- [21] Zboinska E, Lejczak B, Kafarski P. Organophosphate utilization by the wild - type strain of *Pseudomonas fluorescens* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1992, 58(9): 2993 - 2999.
- [22] Penalozaavazquez A, Mena G L, Herreraestrella L, et al. Cloning and sequencing of the genes involved in glyphosate utilization by *Pseudomonas pseudinallei* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1995, 61(2): 538 - 543.
- [23] Talbot H W, Johnson L M, Munnecke D M. Glyphosate utilization by *Pseudomonas* sp. and *Alcaligenes* sp. isolated from environmental sources [J]. Current Microbiology, 1984, 10(5): 255 - 259.
- [24] Balthazor T M, Hallas L E. Glyphosate - degrading microorganisms from industrial activated - sludge [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1986, 51(2): 432 - 434.
- [25] Pipke R, Amrhein N, Jacob G S, et al. Metabolism of glyphosate in an *Arthrobacter* sp. GLP - 1 [J]. European Journal of Biochemistry, 1987, 165(2): 267 - 273.
- [26] Pipke R A N, Characterization of a mutant of *Arthrobacter* sp. strain GLP - 1 which utilizes the herbicide glyphosate as its sole source of phosphorus and nitrogen [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1988, 54(11): 2868 - 2870.
- [27] Liu C M, Mclean P A, Sookdeo C C, et al. Degradation of the herbicide glyphosate by members of the family rhizobiaceae [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57(6): 1799 - 1804.
- [28] Krzysko L T, Orlik A. The use of glyphosate as the sole source of phosphorus or carbon for the selection of soil - borne fungal strains capable to degrade this herbicide [J]. Chemosphere, 1997, 34(12): 2601 - 2605.
- [29] Romero M C, Reinoso E H, Kiernan A M, et al. Biodegradation of glyphosate by wild yeasts [J]. Revista Mexicana de Micologia, 2004, 19: 45 - 50.
- [30] Klimek M, Lejczak B, Kafarski P, et al. Metabolism of the phosphonate herbicide glyphosate by a non - nitrate - utilizing strain of *Penicillium chrysogenum* [J]. Pest Management Science, 2001, 57(9): 815 - 821.
- [31] Obojska A, Lejczak B, Kubrak M. Degradation of phosphonates by streptomycete isolates [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 1999, 51(6): 872 - 876.
- [32] 潘渠, 杨志荣. 一株降解草甘磷的真菌分离鉴定 [J]. 四川大学学报: 自然科学版, 2001, 38(1): 131 - 133.
- [33] 石成春, 郭养浩, 王大奈, 等. 草甘磷曲霉生物降解的动力学研究 [J]. 中国环境科学, 2005, 25(3): 361 - 365.
- [34] 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.
- [35] Hadi F, Mousavi A, Noghabi K A, et al. New bacterial strain of the genus *Ochrobactrum* with glyphosate - degrading activity [J]. Journal of Environmental Science and Health. Part B, Pesticides, Food Contaminants, and Agricultural Wastes, 2013, 48(3): 208 - 213.
- [36] 康纪婷, 吴翔, 甘炳成, 等. 高效有机磷降解菌 BR13 和 BR57 的分离和鉴定 [J]. 西南农业学报, 2011, 24(2): 566 - 569.
- [37] Selvi A A, Manonmani H K. Purification and characterization of carbon - phosphorus bond - cleavage enzyme from glyphosate degrading *pseudomonas putida* T5 [J]. Preparative Biochemistry & Biotechnology, 2015, 45(4): 380 - 397.
- [38] Moneke A N, Okpala G N, Anyanwu C U. Biodegradation of glyphosate herbicide *in vitro* using bacterial isolates from four rice fields [J]. African Journal of Biotechnology, 2010, 9(26): 4067 - 4074.
- [39] Kryuchkova Y V, Burygin G L, Gogoleva N E, et al. Isolation and characterization of a glyphosate - degrading rhizosphere strain, *Enterobacter cloacae* K7 [J]. Microbiological Research, 2014, 169(1): 99 - 105.
- [40] Fan J, Yang G, Zhao H, et al. Isolation, identification and characterization of a glyphosate - degrading bacterium, *Bacillus cereus* CB4, from soil [J]. Journal of General and Applied Microbiology, 2012, 58(4): 263 - 271.
- [41] Zhan T, Zhang K, Chen Y Y, et al. Improving glyphosate oxidation activity of glycine oxidase from *Bacillus cereus* by directed evolution [J]. PLoS One, 2013, 8(11): e79175.
- [42] 韩丽珍, 刘飞, 赵德刚. 1 株草甘磷降解菌的分离鉴定及特性 [J]. 贵州农业科学, 2012, 40(12): 139 - 142, 145.
- [43] 叶明, 陈九山, 姚晓庆. 一株草甘磷降解菌分离鉴定及其降解特性研究 [J]. 环境科学与技术, 2009, 32(3): 39 - 41.
- [44] 李冠喜, 吴小芹, 叶建仁. 多噬伯克霍尔德氏菌 WS - FJ9 对草甘磷的降解特性 [J]. 生态学报, 2013, 33(21): 6885 - 6894.
- [45] 汤鸣强, 孙丽花. 酵母菌 S - 2 对草甘磷除草剂的降解特性 [J]. 安徽农业科学, 2010, 38(4): 1992 - 1994.
- [46] 汤鸣强, 尤民生. 抗草甘磷酵母菌 ZM - 1 的分离鉴定及其生长降解特性 [J]. 微生物学通报, 2010, 37(9): 1402 - 1409.
- [47] Wu X H, Fu G M, Wan Y, et al. Isolation and identification of glyphosate - degraded strain *Aspergillus oryzae* sp. A - F02 and its degradation characteristics [J]. Plant Diseases and Pests, 2010, 1(5): 54 - 57.
- [48] Kishore G M, Barry G F. Glyphosate tolerant plants: WO92/00377 [P]. 1992 - 01 - 09.
- [49] Kononova S V, Nesmeyanova M A. Phosphonates and their degradation by microorganisms [J]. Biochemistry, 2002, 67(2): 184 - 195.
- [50] Kishore G M, Jacob G S. Degradation of glyphosate by *Pseudomonas* sp. PG2982 via a sarcosine intermediate [J]. Journal of Biological Chemistry, 1987, 262(25): 12164 - 12168.
- [51] Avila L Z, Loo S H, Frost J W. Chemical and mutagenic analysis of aminomethylphosphonate biodegradation [J]. Journal of the American Chemical Society, 1987, 109(22): 6758 - 6764.
- [52] Balthazor T M, Hallas L E. Glyphosate - Degrading microorganisms from industrial activated sludge [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1986, 51(2): 432 - 434.
- [53] Dick R E, Quinn J P. Glyphosate - Degrading isolates from environmental - samples - occurrence and pathways of degradation [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 1995, 43(3): 545 - 550.
- [54] Bazot S, Lebeau T. Simultaneous mineralization of glyphosate and diuron by a consortium of three bacteria as free - and/or immobilized - cells formulations [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2008, 77(6): 1351 - 1358.
- [55] Jacob G S, Schaefer J, Stejskal E O, et al. Solid - state NMR determination of glyphosate metabolism in a *Pseudomonas* sp. [J]. Journal of Biological Chemistry, 1985, 260(10): 5899 - 5905.
- [56] Sviridov A V, Zelenkova N F, Vinokurova N G, et al. New approaches to identification and activity estimation of glyphosate degradation enzymes [J]. Biochemistry, 2011, 76(6): 720 - 725.
- [57] Tomita M, Okuyama T, Watanabe S, et al. High - performance liquid

骆宗强,石春林,江敏. 水稻高温热害预警监测与定量评估研究进展[J]. 江苏农业科学,2016,44(4):12-15.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.04.004

水稻高温热害预警监测与定量评估研究进展

骆宗强^{1,2}, 石春林², 江敏¹

(1. 福建农林大学作物学院, 福建福州 350002; 2. 江苏省农业科学院农业经济与信息研究所, 江苏南京 210014)

摘要:近几十年来,在全球气候变化的大背景下,气候变暖及极端气象灾害对农业生产的影响越来越受到各国科学家的重视。水稻是我国主要的粮食作物之一,随着气温的升高,水稻遭受的高温热害的趋势也越来越严重。本文综述了水稻高温热害的表现、发生规律以及高温热害监测预警、定量评估等方面的研究进展及发展趋势。

关键词:水稻;热害;定量评估;研究进展

中图分类号: S428 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)04-0012-04

水稻是一种喜温作物,具有一定的耐热性。但早在 20 世纪 60 年代一些学者在亚洲和非洲的热带地区就观察到由于高温导致的水稻颖花结实率下降、空壳率增加等现象^[1-2]。Sataka 指出在水稻开花时气温超过 35 ℃ 就会导致高温热害^[3]。2003 年和 2013 年在中国亚热带的长江中下游地区 7 月下旬至 8 月中旬,发生了大范围的持续高温,导致该地区水稻特别是中稻产量受损严重^[4-5]。随着人类活动产生的二氧化碳等温室气体排放增多,全球气候变暖趋势越来越明显,高温对水稻生长和产量的影响已经威胁到我国的粮食生产安全。目前对于水稻高温热害的研究主要集中在高温对水稻生

长发育、产量和发生规律、颖花败育机理、水稻耐热性分子遗传以及高温热害预警监测及风险评估等方面。本文主要综述了水稻高温热害的影响及发生规律、水稻高温热害的监测预警、水稻高温热害的败育模型及定量评估的研究进展,旨在更全面掌握水稻高温热害的研究概况,为水稻高温热害的进一步研究奠定基础。

1 高温热害对水稻生长的影响及发生规律

1.1 高温热害对水稻生长的影响

水稻生长发育的适宜温度一般为 20~30 ℃,当环境温度达到 35 ℃ 时,就容易出现高温热害^[6]。水稻不同生长阶段高温热害的表现形式不同,在营养生长期主要表现为植株分蘖减少、植株矮小,有时甚至叶片出现白斑等^[7-9];抽穗开花期主要表现为花粉发育不良、花粉活力下降、花药开裂异常、柱头着粉率减少、结实率降低^[10-13];在灌浆期,高温将导致叶片温度过高,致使叶片衰老加速,籽粒灌浆加速但有效灌浆期变

收稿日期:2015-03-30

基金项目:公益性行业(气象)科研专项(编号:GYHY201306035);江苏省农业科技自主创新基金[编号:CX(14)2113]。

作者简介:骆宗强(1991—),男,江西抚州人,硕士研究生,主要从事农业气象研究。E-mail:Luozongxiang@163.com。

通信作者:石春林。E-mail:shicll@jaas.ac.cn。

chromatographic determination of glyphosate and (aminomethyl) phosphonic acid in human serum after conversion into p-toluenesulphonyl derivatives[J]. Journal of Chromatography, 1991, 566(1): 239-243.

[58] Roy D N, Konar S K. Development of an analytical method for the determination of glyphosate and (aminomethyl) phosphonic acid residues in soils by nitrogen-selective gas chromatography[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 1989, 37(2): 441-443.

[59] Alferness P L, Iwata Y A. Phosphonic acid in Soil, plant and animal matrixes, and water by capillary gas chromatography with mass-selective detection[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 1994, 42(12): 2751-2759.

[60] Kudzin Z H, Galak D K, Drabowicz J, et al. Novel approach for the simultaneous analysis of glyphosate and its metabolites[J]. Journal of Chromatography, 2002, 947(1): 129-141.

[61] 王彦辉, 李欣, 周小毛, 等. 草甘膦盐在苾麻田的残留及消解动态[J]. 农药学报, 2010, 12(2): 201-206.

[62] Zelenkova N F, Vinokurova N G, Leontievskii A A. Determination of Amine-Containing phosphonic acids and amino acids as dansyl derivatives[J]. Journal of Analytical Chemistry, 2010, 65(11):

1143-1147.

[63] Tomita M, Okuyama T, Nigo Y, et al. Determination of glyphosate and its metabolite, (aminomethyl) phosphonic acid, in serum using capillary electrophoresis[J]. Journal of Chromatography, 1991, 571(1/2): 324-330.

[64] 曹丽伟, 梁丝柳, 谭小芳, 等. 毛细管电泳-激光诱导荧光法测定草甘膦、草胺磷及氨基甲基膦酸[J]. 色谱, 2012, 30(12): 1295-1300.

[65] Veiga F, Zapata J M, Marcos M F, et al. Dynamics of glyphosate and aminomethyl phosphonic acid in a forest soil in Galicia, north-west Spain[J]. Science of the Total Environment, 2001, 271(1/2/3): 135-144.

[66] Sorensen S R, Schultz A, Jacobsen O S, et al. Sorption, desorption and mineralisation of the herbicides glyphosate and MCPA in samples from two Danish soil and subsurface profiles[J]. Environmental Pollution, 2006, 141(1): 184-194.

[67] Ermakova I T, Kiseleva N I, Shushkova T A, et al. Bioremediation of glyphosate-contaminated soils[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2010, 88(2): 585-594.

[68] Shushkova T, Ermakova I, Leontievsky A. Glyphosate bioavailability in soil[J]. Biodegradation, 2010, 21(3): 403-410.