

阿特拉津降解菌株的分离、鉴定和 工业废水生物处理试验

郑柳柳 袁 博 朱希坤* 蔡宝立*

(南开大学微生物学系 生物活性材料教育部重点实验室 天津 300071)

摘 要: 用液体无机盐培养基富集培养法和无机盐平板直接分离法, 从生产阿特拉津的农药厂的废水和污泥混合物中分离到 13 个能以阿特拉津为唯一氮源生长的细菌菌株。通过 16S rRNA 基因序列分析, 11 个菌株被鉴定为 *Arthrobacter* spp., 2 个菌株被鉴定为 *Pseudomonas* spp.。对阿特拉津降解活力最高的 *Arthrobacter* sp. AD30 和 *Pseudomonas* sp. AD39 的降解基因组成和降解特性进行了详细研究。降解基因的 PCR 扩增表明, AD30 和 AD39 都含有 *trzN-atzBC* 基因, 能将有毒的阿特拉津降解成无毒的氰尿酸。降解实验表明, 向阿特拉津浓度为 200 mg/L 的无机盐培养基中分别接种等量的 AD30、AD39 和这两个菌株的混合菌液, 30°C 振荡培养 48 h 以后, 阿特拉津去除率分别为 92.5%、97.9% 和 99.6%, 表明混合菌的降解效果好于单菌。用 AD30 和 AD39 的混合菌液接种阿特拉津浓度为 176 mg/L 的工业废水, 30°C 振荡培养 72 h 以后, 99.1% 的阿特拉津被去除, 表明混合菌株在阿特拉津工业废水的生物处理中有很好的应用潜力。

关键词: 阿特拉津, 生物降解, *Arthrobacter* sp. AD30, *Pseudomonas* sp. AD39, 废水处理

Isolation and Characterization of Atrazine-degrading Strains and Biotreatment Experiment of Industrial Wastewater

ZHENG Liu-Liu YUAN Bo ZHU Xi-Kun* CAI Bao-Li*

(Key Laboratory of Bioactive Materials, Ministry of Education, Department of Microbiology,
Nankai University, Tianjin 300071, China)

Abstract: By using enrichment culture in liquid minimal medium or direct culture on minimal medium plates, thirteen bacterial strains (AD27-AD39) capable of utilizing atrazine as a sole nitrogen source for growth were isolated from a mixture of industrial wastewater and sludge from an atrazine manufacturing plant. Based on 16S rRNA gene sequencing, eleven strains were identified as *Arthrobacter* spp. and two strains were identified as *Pseudomonas* spp.. We further studied in detail the composition of atrazine-degrading genes and degradation characteristics of *Arthrobacter* sp. AD30 and *Pseudomonas* sp. AD39 that have high degradative activity. From PCR assays, it was indicated that both AD30 and AD39 strains contained atrazine-degrading genes *trzN* and *atzBC* and was capable of degrading toxic atrazine to nontoxic cyanuric acid. The biodegradation experiments showed that the percentage of atrazine removal were 92.5%,

were 92.5%, 97.9% and 99.6% respectively after AD30, AD39 or the mixture of the two strains were inoculated and incubated at 30°C for 48 hours in minimal media containing 200 mg/L atrazine, indicating that atrazine degradation by the mixed bacteria was more effective than the single strain. In addition, after industrial wastewater containing 176 mg/L atrazine was inoculated with the mixed bacteria and incubated at 30°C with shaking for 72 hours atrazine were removed by 99.1%, implicating that the mixed bacteria are good candidate for biotreatment of atrazine-containing industrial wastewater.

Keywords: Atrazine, Biodegradation, *Arthrobacter* sp. AD30, *Pseudomonas* sp. AD39, Wastewater, Biotreatment

阿特拉津(Atrazine)是一种三嗪类除草剂, 商品名莠去津, 主要用于玉米、高粱和甘蔗地的杂草防除。研究表明, 阿特拉津是一种内分泌干扰剂, 它能干扰激素的调节功能, 引起人和两栖动物的生殖缺陷, 诱发肿瘤和癌症, 其生态毒理风险不容忽视^[1-3]。近 50 年来, 阿特拉津的大量生产和广泛使用造成了世界范围的污染, 在污染严重的地区, 土壤、地下水和表面水中的阿特拉津浓度分别达到 1100 $\mu\text{g/L}$ 、1500 $\mu\text{g/L}$ 和 16 $\mu\text{g/L}$ ^[4]。为了修复被阿特拉津污染的环境, 自 1985 年以来研究人员从污染位点和工业废水中分离到大量降解阿特拉津的细菌菌株^[4-15]。这些菌株虽然来自革兰氏阳性和阴性细菌的 10 多个属, 但它们的降解基因具有高度保守性, 核苷酸序列的类似性在 99%~100%之间^[3,8,16]。根据降解基因的组成, 可以将降解阿特拉津的细菌分成 3 种类型: 第 1 种类型含有降解基因 $atzABCDEF$, 能将阿特拉津完全降解; 第 2 种类型含有降解基因 $atzABC-trzD$, 也能将阿特拉津完全降解; 第 3 种类型含有降解基因 $trzN-atzBC$, 能将有毒的阿特拉津降解成无毒的氰尿酸^[13]。到目前为止, 研究最深入的两个阿特拉津降解菌株分别是 *Pseudomonas* sp. ADP 和 *Arthrobacter aurescens* TC1, 前者的降解基因 $atzABCDEF$ 位于质粒pADP-1 中^[17], 后者的降解基因 $trzN-atzBC$ 位于质粒pTC-1 中^[18]。为了研究阿特拉津生物降解的多样性和为污染环境的生物修复提供更多的菌种选择, 有必要分离更多的降解菌株并对其降解机理进行分子水平的分析。为此, 本研究从生产阿特拉津的农药厂的废水和污泥混合物中分离到 13 个降解阿特拉津的菌株, 并对其中 2 个高效降解菌株的降解基因组成和降解特性进行了研究。

1 材料与方法

1.1 培养基和培养条件

标准阿特拉津液体培养基(简称atz培养基, g/L):

KH_2PO_4 0.9, $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$ 6.5, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.2, 1 mL微量元素溶液^[19], 蔗糖 3 (碳源), 阿特拉津 0.2 (氮源, 配成 10 g/L甲醇储液, 高压灭菌之前加入)。培养条件: 30°C, 150 r/min振荡培养。

1.2 菌株分离

方法 1: 用 250 mL 三角瓶, 装 50 mL 的 atz 培养基(阿特拉津浓度为 100 mg/L), 接种从生产阿特拉津的农药厂采集的 5 mL 废水和污泥混合物, 振荡培养 5 d; 取 5 mL 培养液接种到 50 mL 新培养基中, 阿特拉津浓度增加到 200 mg/L; 再重复上述培养 3 次, 每次阿特拉津浓度增加 100 mg/L; 将菌液分别稀释到 10^{-3} 、 10^{-4} 和 10^{-5} , 各取 0.1 mL涂在阿特拉津浓度为 500 mg/L 的平板上, 30°C 培养 5 d, 长出的菌落在阿特拉津平板上划线纯化 2 次, 得到纯培养菌株。

方法 2: 50 mL阿特拉津工业废水和污泥混合物在摇床中振荡混匀 1 h, 然后分别稀释到 10^{-1} 、 10^{-2} 和 10^{-3} , 各取 0.1 mL涂在阿特拉津平板上, 分离纯培养菌株, 步骤同方法 1。

1.3 阿特拉津降解菌株的 16S rRNA 基因鉴定

提取菌株的总 DNA 作为模板, 用 PCR 方法扩增 16S rDNA 序列, 引物为 27F: 5'-AGAGTTTGA TCMTGGCTCAG-3'和 1492R: 5'-CGGYTACCTG TTACGACTT-3', PCR 反应条件见文献[10]。扩增的 16S rDNA 用 DNA 纯化试剂盒(北京鼎国公司)纯化, 然后与 pMD18-T 载体(TaKaRa 公司)连接, 转化大肠杆菌 DH5 α , 送到上海生工测序, 得到的序列与 GenBank 数据库中的类似序列进行 Blast 比对, 从而确定其分类地位(鉴定到属)。

1.4 阿特拉津降解基因的 PCR 检测

用 PCR 方法检测分离菌株的阿特拉津降解基因 $atzABCDEF$ 和 $trzN$, PCR 引物和 PCR 反应条件见文献[15]。

1.5 阿特拉津测定

用二氯甲烷萃取含有阿特拉津的培养液, 再用 0.22 μm 的滤膜过滤, 然后用气相色谱仪检测。色谱柱为 HP-5, 30 m \times 0.2 mm \times 0.25 μm 。检测条件: 程序升温 90 $^{\circ}\text{C}$ 1 min(30 $^{\circ}\text{C}/\text{min}$), 240 $^{\circ}\text{C}$ 3 min(5 $^{\circ}\text{C}/\text{min}$), 250 $^{\circ}\text{C}$ 2 min; 进样口温度 250 $^{\circ}\text{C}$, 检测器温度 290 $^{\circ}\text{C}$, 氮气流速 10 mL/min, 氢气流速 2 mL/min, 空气流速 60 mL/min^[10]。

1.6 阿特拉津降解特性试验

分别用不同阿特拉津浓度、不同盐(NaCl)浓度和不同温度在 atz 培养基中培养 AD30 和 AD39 菌株, 定期取样, 测定阿特拉津残留量, 了解其降解特性; 用 AD30 和 AD39 菌株的混合菌, 以及这 2 个菌株的单一菌接种 atz 培养基, 定期取样, 测定阿特拉津残留量, 比较混合菌和单一菌的降解能力。

1.7 工业废水的生物处理

取自农药厂的工业废水含盐量较高, 阿特拉津

含量不够稳定, 试验之前用 20%~30% 的水稀释废水, 使盐浓度降低到 2.5% 以下, 加入阿特拉津, 使浓度达到 176 mg/L, 调节 pH 至 7.2 左右, 取 50 mL 废水装入 250 mL 三角瓶中, 加入适量碳源(0.5 g/L 蔗糖)和磷酸盐(0.45 g/L KH_2PO_4 , 3.25 g/L $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$), 然后接种 5% 的 AD30 和 AD39 菌株的混合菌液, 30 $^{\circ}\text{C}$ 振荡培养 72 h, 测定阿特拉津残留量。

2 结果与讨论

2.1 阿特拉津降解菌株的分离

从农药厂的阿特拉津工业废水和污泥的混合物中, 用富集培养法和直接平板分离法一共分离到 13 个能以阿特拉津为唯一氮源、蔗糖为碳源生长的菌株。通过 16S rDNA 序列分析, 11 个菌株被鉴定为 *Arthrobacter* spp., 2 个菌株被鉴定为 *Pseudomonas* spp.。分离菌株的 16S rDNA 序列的比对结果和 GenBank 登录号见表 1。

表 1 阿特拉津降解菌株基于 16S rDNA 序列的分类鉴定
Table 1 Identification based on 16S rDNA sequences of atrazine-degrading strains

分离菌株 Strains isolated	16S rDNA GenBank No.	相似菌株 Related strains	16S rDNA GenBank No.	16S rDNA 相似性 Identity of 16S rDNA
AD27	EU710551	<i>Arthrobacter</i> sp. P2	DQ288888	1470/1484 (99%)
AD28	EU661379	<i>Arthrobacter</i> sp. J3.36	DQ157996	1482/1485 (99%)
AD29	EU672427	<i>Arthrobacter</i> sp. J3.41	DQ157999	1482/1485 (99%)
AD30	FJ161693	<i>Arthrobacter</i> sp. AD26	EU621846	1154/1154 (100%)
AD31	EU672426	<i>Arthrobacter</i> sp. J3.45	DQ158000	1483/1486 (99%)
AD32	EU672428	<i>Arthrobacter</i> sp. 68b	AJ879122	1475/1481 (99%)
AD33	EU636656	<i>Arthrobacter</i> sp. 68m	AJ853464	1474/1479 (99%)
AD34	EU636658	<i>A. nitroguaiacolicus</i> CCM4924T	AJ512504	1459/1473 (99%)
AD35	EU636657	<i>Pseudomonas nitroreducens</i> 0802	AF494091	1490/1502 (99%)
AD36	EU710553	<i>Arthrobacter</i> sp. 68b	AJ879122	1476/1481 (99%)
AD37	EU672425	<i>Arthrobacter</i> sp. SSL02	EU373310	1488/1492 (99%)
AD38	EU710554	<i>Arthrobacter</i> sp. FR3	AM113709	1438/1438 (100%)
AD39	EU636659	<i>P. mendocina</i> PC7	DQ178223	1475/1480 (99%)

2.2 *Arthrobacter* sp. AD30 和 *Pseudomonas* sp. AD39 的阿特拉津降解基因分析

用 PCR 方法对 2 个阿特拉津降解活力最高的菌株 *Arthrobacter* sp. AD30 和 *Pseudomonas* sp. AD39 的降解基因进行了检测, 结果表明, 它们都含有 *trzN* 和 *atzBC* 基因(图 1), 不含有 *atzA* 以及 *atzDEF* 基因。这 2 个菌株的降解基因组成和阿特拉津降解途径与 *Arthrobacter aureoscens* TC1 类似, 它们都是

在 *trzN* 和 *atzBC* 基因编码的酶的催化下将有毒的阿特拉津降解成无毒的氰尿酸^[9]。以前一般认为, 只有 *Arthrobacter* 和 *Nocardioideis* 等属的革兰氏阳性阿特拉津降解菌具有降解基因 *trzN-atzBC*, 但 2007 年 Devers 等^[13] 发现革兰氏阴性细菌也可能具有这种基因组成, 如 *Sinorhizobium* sp. NEA-B 和 *Polaromonas* sp. NEA-C, 表明这种基因组成在细菌中普遍存在。本研究证明革兰氏阴性细菌 *Pseudomonas* sp. AD39

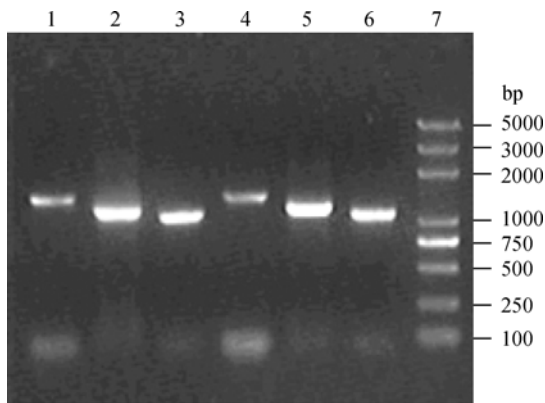


图1 AD30和AD39菌株 *trzN*、*atzB*、*atzC* 基因的PCR扩增

Fig. 1 PCR detection of *trzN*、*atzB* and *atzC* genes of strains AD30 and AD39

Note: 1: AD30 *trzN*; 2: AD30 *atzB*; 3: AD30 *atzC*; 4: AD39 *trzN*; 5: AD39 *atzB*; 6: AD39 *atzC*; 7: DNA marker.

具有这种基因组成, 进一步证明 Devers 等的推论是正确的。

基因测序结果表明, AD30 的 *trzN* 基因与 TC1 菌株 *trzN* 基因类似性为 98%, 前者的第 200、280、349、392 和 919 位碱基分别是 T、A、C、C、T, 编码的氨基酸分别为 Phe、Thr、Gln、Pro 和 Leu, 后者上述位置的碱基分别是 A、G、G、T、A, 编码的氨基酸分别为 Tyr、Ala、Glu、Leu 和 Met。AD39 的 *trzN* 基因与 TC1 菌株 *trzN* 基因类似性为 99%, 基因序列的第 200、349 和 895 位碱基, AD39 是 T、C 和 T, 编码的氨基酸分别为 Phe、Gln 和 Ser, TC1 菌株则是 A、G 和 C, 编码的氨基酸分别为 Tyr、Glu 和 Pro。AD30 的 *atzB*、*atzC* 基因和 AD39 的 *atzC* 基因与 TC1 菌株相应基因的序列完全相同。AD39 的 *atzB* 基因与 TC1 菌株的 *atzB* 基因只有一个碱基不同, 在基因序列的第 47 位碱基, AD39 为 G, 编码的氨基酸为 Val, TC1 为 A, 编码的氨基酸为 Ile。AD30 和 AD39 上述降解基因的变异是否对酶的性质和活性有影响, 有待通过基因的表达和酶学性质分析加以证明。AD30 的 *trzN-atzBC* 基因的 GenBank 注册号分别是 FJ161691、FJ161693 和 FJ161695。AD39 的 *trzN-atzBC* 基因的 GenBank 注册号分别是 FJ161692、FJ161694 和 FJ161696。

2.3 *Arthrobacter* sp. AD30 和 *Pseudomonas* sp. AD39 的阿特拉津降解特性

2.3.1 阿特拉津浓度对阿特拉津降解的影响: 在液体 atz 培养基中加入不同浓度的阿特拉津, 使其终

浓度(mg/L)分别为 200、250、500、750、1000 和 1500, 按 1%接种量分别接入 AD30 和 AD39 菌液, 于 30°C 振荡培养 48 h 后取样, 检测阿特拉津的残留量, 结果见图 2。从图 2 可见, AD39 对阿特拉津有很好的降解能力, 阿特拉津浓度对其降解率的影响较小, 在浓度为 200 mg/L~750 mg/L 之间时, 降解率都达到 99%以上, 当浓度为 1500 mg/L 时阿特拉津降解率仍能达到 95.2%, 说明该菌株能够耐受较高浓度的阿特拉津。而 AD30 对阿特拉津浓度则比较敏感, 在 200 mg/L 浓度下该菌株具有较好的降解率 (96.7%), 当阿特拉津浓度在 250 mg/L~1500 mg/L 之间时降解率逐渐下降, 而在浓度为 1500 mg/L 时, 菌株基本不能生长。

2.3.2 温度对阿特拉津降解的影响: 使用液体 atz 培养基, 按 1%接种量分别接入 AD30 和 AD39 菌液, 在 16°C、20°C、25°C、30°C 和 37°C 振荡培养 48 h 后取样, 检测阿特拉津的残留量, 结果见图 3。从图 3 可见, AD30 在 16°C~30°C 条件下能较好地降解阿特拉津, 30°C 时最好, 37°C 时降解率很低, 表明该菌株不能耐受较高温度, 这与其它 *Arthrobacter* 菌株类似^[7]。AD39 在 20°C~37°C 条件下都有很好的降解率, 以 30°C 最好。从对温度的适应性来看, AD39 好于 AD30。

2.3.3 盐浓度对阿特拉津降解的影响: 在液体 atz 培养基中加入不同数量的 NaCl, 使其浓度分别为 0%、0.5%、1%、2%、3%和 4%, 按 1%接种量分别接入 AD30 和 AD39 菌液, 培养 48 h 后测定阿特拉

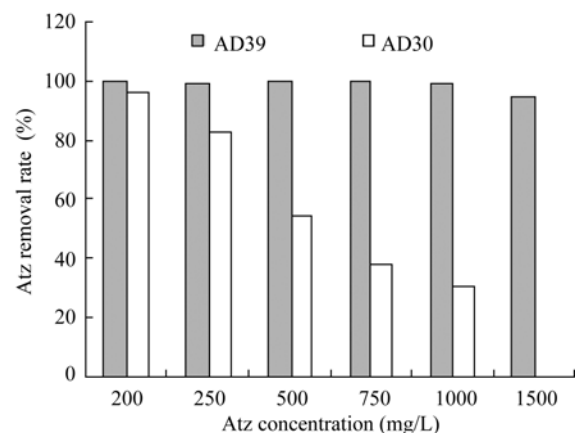


图2 阿特拉津浓度对 AD30 和 AD39 菌株阿特拉津降解的影响

Fig. 2 Effect of atrazine concentration on atrazine biodegradation of strains AD30 and AD39

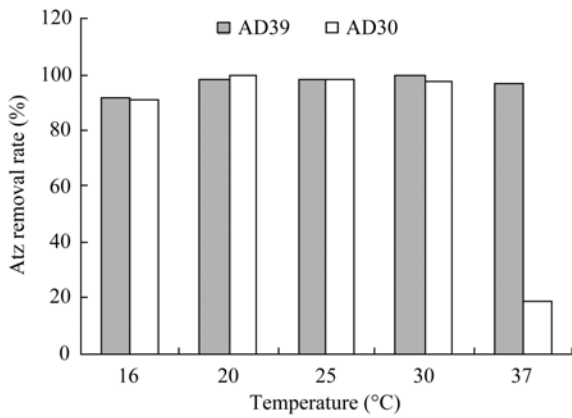


图3 温度对AD30和AD39菌株阿特拉津降解的影响
Fig. 3 Effect of temperature on atrazine biodegradation of strains AD30 and AD39

津残留量, 结果见图4。从图4可见, AD39在0~4%盐浓度范围内对阿特拉津均有很好的降解性, 其中盐浓度在3%以下时的降解率在99%以上, 表明该菌株具有很好的耐盐性, 是含盐较高的阿特拉津工业废水生物处理的优良候选菌株。这一结果与Shapir等^[20]的研究类似, 他们证明*Pseudomonas* sp. ADP菌株具有很好的耐盐性, 在3%盐浓度下细菌能正常生长和降解阿特拉津, 其机理是该菌株能产生海藻糖作为主要的渗压剂。而AD30菌株对盐比较敏感, 随着盐浓度的升高, 阿特拉津降解率逐渐下降, 当盐浓度为4%时菌株基本不能生长, 阿特拉津降解率为零。

2.3.4 AD30、AD39和混合菌株的阿特拉津降解能力比较: 虽然在底物浓度、温度和盐浓度的适应范围方面AD39菌株好于AD30菌株, 但考虑到AD39

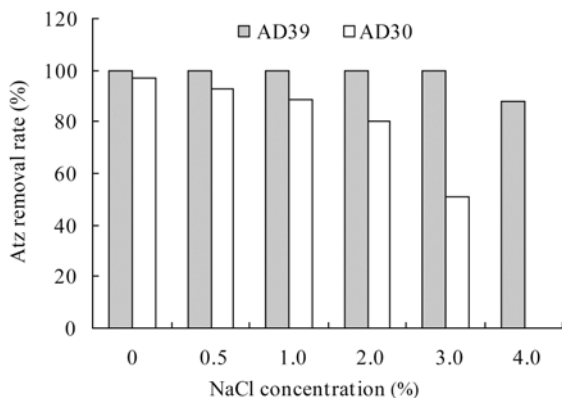


图4 NaCl浓度对AD30、AD39菌株阿特拉津降解的影响
Fig. 4 Effect of NaCl concentration on atrazine biodegradation of strains AD30 and AD39

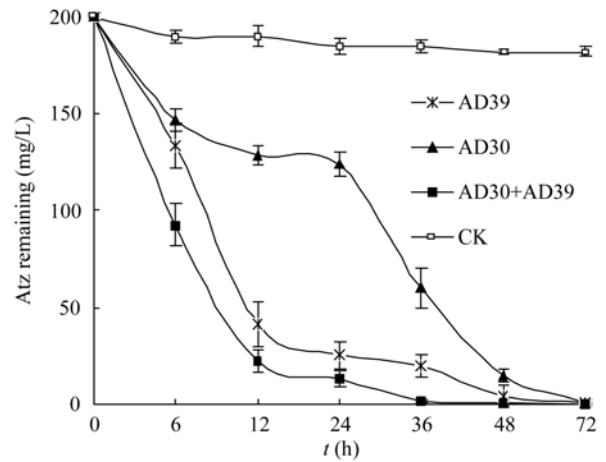


图5 AD30、AD39和混合菌株的阿特拉津降解曲线
Fig. 5 Curves of atrazine biodegradation of strains AD30, AD39 and mixed strains

是革兰氏阴性细菌, AD30是革兰氏阳性细菌, 它们可能在适应环境和降解性方面还有其它不同性质, 而且推测它们在一起培养时有可能发生阿特拉津降解的互补和加强作用, 所以我们试验了这2个菌株单独培养和混合培养时对阿特拉津的降解情况。结果表明, 在标准的液体阿特拉津培养基中培养48h以后, AD30和AD39的阿特拉津降解率分别是92.5%和97.9%, 混合菌株的降解率则达到99.6%, 明显好于单一菌株, 确实发生了加强降解的作用(图5), 但其机制目前还不清楚。在另外一项实验中, 我们证明*Arthrobacter* sp. AD26和*Pseudomonas* sp. ADP混合培养时会发生阿特拉津降解的互补和加强作用, 前者降解蔗糖后产生葡萄糖和果糖, 为后者提供可以利用的碳源, 后者将前者降解的最终产物氰尿酸进一步降解成 CO_2 和 NH_3 ^[21]。这表明将不同来源和具有不同性质的菌株混合起来进行废水处理和污染土壤的生物修复, 是一种良好的策略。

2.4 混合菌株用于阿特拉津工业废水处理试验

目前农药厂的阿特拉津废水处理大多采用物理(超声沉降)和化学(双氧水氧化)联合作用法, 其缺点是成本较高, 而且排放废水中阿特拉津的浓度仍然偏高, 有时会超过5 mg/L的国家标准(GB21523-2008)^[22]。我们用AD30和AD39的混合菌液接种阿特拉津浓度为176 mg/L的工业废水, 30°C振荡培养72h以后, 99.1%的阿特拉津被去除, 最终阿特拉津的残留量为1.6 mg/L(图6), 大大低于国家阿特拉津废水排放标准, 表明由这两个菌株组成的混合菌在阿特拉津工业废水处理中有很好的应用潜力。

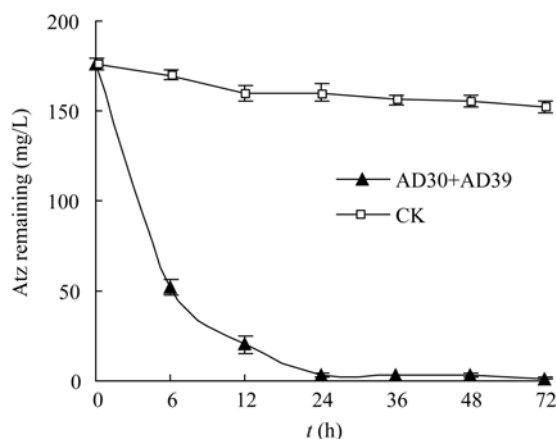


图6 AD30和AD39混合菌株处理阿特拉津工业废水
Fig. 6 Biotreatment of atrazine wastewater by strains AD30 and AD39

参考文献

- [1] Gammon DW, Aldous CN, Carr WC, *et al.* A risk assessment of atrazine use in California: human health and ecological aspects. *Pest Manag Sci*, 2005, **61**(4): 331–355.
- [2] 万年升, 顾继东, 段舜山. 阿特拉津生态毒性与生物降解的研究. *环境科学学报*, 2006, **26**(4): 552–560.
- [3] Shapir N, Mongodin EF, Sadowsky MJ, *et al.* Evolution of catabolic pathways: genomic insights into microbial *s*-triazine metabolism. *J Bacteriol*, 2007, **189**(3): 674–682.
- [4] Struthers JK, Jayachandran K, Moorman TB. Biodegradation of atrazine by *Agrobacterium radiobacter* J14a and use of this strain in bioremediation of contaminated soil. *Appl Environ Microbiol*, 1998, **64**(9): 3368–3375.
- [5] Giardi MT, Giardina MC, Filacchioni G. Chemical and biological degradation of primary metabolism of atrazine by a *Nocardia* strain. *Agri Biol Chem*, 1985, **49**(6): 1551–1558.
- [6] Mandelbaum RT, Allan DL, Wackett LP. Isolation and characterization of a *Pseudomonas* sp. that mineralizes the *s*-triazine herbicide atrazine. *Appl Environ Microbiol*, 1995, **61**(4): 1451–1457.
- [7] 蔡宝立, 黄今勇, 石建党, 等. 阿特拉津降解菌株的分离和鉴定. *微生物学通报*, 2001, **28**(2): 22–26.
- [8] Rousseaux S, Hartmann A, Soulas G. Isolation and characterisation of new Gram-negative and Gram-positive atrazine degrading bacteria from different French soils. *FEMS Microbiol Ecol*, 2001, **36**(2-3): 211–222.
- [9] Strong LC, Rosendahl C, Johnson G, *et al.* *Arthrobacter aurescens* TC1 metabolizes diverse *s*-triazine ring compounds. *Appl Environ Microbiol*, 2002, **68**(12): 5973–5980.
- [10] Cai B, Han Y, Liu B, *et al.* Isolation and characterization of an atrazine-degrading bacterium from industrial wastewater in China. *Lett Appl Microbiol*, 2003, **36**(5): 272–276.
- [11] 温雪松, 李颖, 李婧, 等. 降解除草剂阿特拉津的藤黄微球菌 AD3 菌株的分离、鉴定和降解特性研究. *环境科学学报*, 2005, **25**(8): 1066–1070.
- [12] 代先祝, 蒋建东, 顾立锋, 等. 阿特拉津降解菌 SA1 的分离鉴定及其降解特性研究. *微生物学报*, 2007, **47**(3): 544–547.
- [13] Devers M, Azhari NE, Kolic NU, *et al.* Detection and organization of atrazine-degrading genetic potential of seventeen bacterial isolates belonging to divergent taxa indicate a recent common origin of their catabolic functions. *FEMS Microbiol Lett*, 2007, **273**(1): 78–86.
- [14] Marecik R, Kroliczak P, Czaczyk K, *et al.* Atrazine degradation by aerobic microorganisms isolated from the rhizosphere of sweet flag (*Acorus calamus* L.). *Biodegradation*, 2008, **19**(2): 293–301.
- [15] Li Q, Li Y, Zhu X, *et al.* Isolation and characterization of atrazine-degrading *Arthrobacter* sp. AD26 and use of this strain in bioremediation of contaminated soil. *J Environ Sci*, 2008, **20**(10): 1226–1230.
- [16] De Souza ML, Seffernick J, Martinez B, *et al.* The atrazine catabolism genes *atzABC* are widespread and highly conserved. *J Bacteriol*, 1998, **180**(7): 1951–1954.
- [17] Martinez B, Tomkins J, Wackett LP, *et al.* Complete nucleotide sequence and organization of the atrazine catabolic plasmid pADP-1 from *Pseudomonas* sp. strain ADP. *J Bacteriol*, 2001, **183**(19): 5684–5697.
- [18] Mongodin EF, Shapir N, Daugherty SC, *et al.* Secrets of soil survival revealed by the genome sequence of *Arthrobacter aurescens* TC1. *PLoS Genet*, 2006, **2**(12): 2094–2106.
- [19] 蔡宝立, 王淑芳, 黄今勇, 等. 黄杆菌 ND3 菌株的分离和降解萘的研究. *环境化学*, 1998, **17**(5): 434–438.
- [20] Shapir N, Mandelbaum RT, Gottlieb H. Atrazine degradation in saline wastewater by *Pseudomonas* sp. strain ADP. *J Ind Microbiol Biotech*, 1998, **20**(3-4): 153–159.
- [21] 朱希坤, 李清艳, 蔡宝立. 节杆菌 AD26 的分离鉴定及其与假单胞菌 ADP 对阿特拉津的联合降解. *农业环境科学学报*, 2009, **28**(3): 627–632.
- [22] 国家环境保护部, 国家质量监督检验检疫总局. 环境类农药工业水污染物排放标准(GB21523-2008). 北京: 中国环境科学出版社, 2008.