

三氯乙烷污染环境 中脱卤素杆菌的多样性

周宁一

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

三氯乙烷(1,1,1-Trichloroethane, TCA)是一种易挥发的氯代烃,密度大于水,曾作为金属清洗剂和高效溶剂在工业上广泛应用。近年来三氯乙烷对环境及人类健康的危害引起人们的关注,其自然分解过程较为困难,在环境中的存在具有一定的持久性。由于不合理的排放和意外泄漏等原因,三氯乙烷已成为地下水中最普遍的污染物之一,严重威胁生态系统和人体健康,是美国环保署(EPA)所确定的优先污染物。研究表明,Peptococcaceae科的脱卤素杆菌属(*Dehalobacter*)细菌纯培养物或含有*Dehalobacter*的混合培养物可催化三氯乙烷及1,1,1-二氯乙烷还原脱氯,在其降解过程中起关键作用^[1-3],并可利用含有*Dehalobacter*的菌群对三氯乙烷污染场地进行生物治理^[4],其中*Dehalobacter* 16S rRNA基因的特异性探针被用作生物标记物来评价三氯乙烷污染场地的生物降解潜能^[4-5]。迄今为止,已分离的3株*Dehalobacter*菌株中,仅*D. restrictus* str. TCA1^[1]能降解三氯乙烷。虽然城市污泥^[6]、地下深层土壤和地下水^[7],及产甲烷菌群^[8]对三氯乙烷具有一定生物转化的能力,但未对这些环境进行三氯乙烷降解菌群多样性分析,包括针对*Dehalobacter*的定量分析和多样性分析。

本刊于2013年第8期刊登了靳利蕊、张晓君等的论文“三氯乙烷污染地地下水中*Dehalobacter*属细菌定量与多样性分析”^[9]。作者以三氯乙烷污染环境的地下水为研究对象,以三氯乙烷及其降解产物为目标污染物,测定其污染浓度;并采用分子生态学方法,对该地下水中的*Dehalobacter*进行了定量分析和多样性分析。气相色谱检测结果显示,6个样品中均有1,1,1-二氯乙烷和(或)氯乙烷的检出,推测此6处地下水中三氯乙烷可能存在生物降解。定量PCR结果表明,6个样品中*Dehalobacter*丰度差异较大。共发现了7个不同类型的*Dehalobacter*属的细菌,且*Dehalobacter*属细菌的数量在不同污染程度的地下水中差异较大。16S rRNA基因特异性克隆文库获得的41条序列,按99%的一致性被划分成7个可操作性分类单元(OTU),其中24条序列属于OTU1,该OTU的序列与已知能降解三氯乙烷的*D. sp. str. TCA1*的16S rRNA基因序列一致性为98%。该研究揭示了三氯乙烷污染地地下水中*Dehalobacter*属细菌的多样性,相信读者们会期待作者从该污染环境中分离具有三氯乙烷还原脱氯功能的*Dehalobacter*属菌株或富集三氯乙烷降解菌群。

关键词: 三氯乙烷, 脱卤素杆菌属, 多样性

参考文献

- [1] Sun BL, Griffin BM, Ayala-del-Rio HL, et al. Microbial dehalorespiration with 1,1,1-trichloroethane[J]. *Science*, 2002, 298: 1023-1025.
- [2] Grostern A, Edwards EA. A 1,1,1-trichloroethane degrading anaerobic mixed microbial culture enhances biotransformation of mixtures of chlorinated ethenes and ethanes[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(12): 7849-7856.
- [3] Yang R, Sun BL. Physiological characterization of a microbial consortium that reductively dechlorinates 1,1-dichloroethane to chloroethane[J]. *Journal of University of Science and Technology of China*, 2009, 39: 83-89.
- [4] Duchesneau MN, Workman R, Baddour FR, et al. Combined *Dehalobacter* and *Dehalococcoides* bioaugmentation for bioremediation of 1,1,1-trichloroethane and chlorinated ethenes[C]//Proc. of the 9th International In Situ and On-Site Bioremediation Symposium, Baltimore, Maryland, May 2007. Battelle Press, ISBN 978-1-57477-161-9.
- [5] Postiglione J, Ferry M, Quandt L, et al. Bioremediation of TCE and TCA in groundwater by lactate injection[C]//Proc. of the 5th International Conference on Remediation of Chlorinated and Recalcitrant Compounds Monterey, California, May 2006. Battelle Press, ISBN 1-57477-157-4.
- [6] Chen C, Ballapragada BS, Puhakka JA, et al. Anaerobic transformation of 1,1,1-trichloroethane by municipal digester sludge[J]. *Biodegradation*, 1999, 10: 297-305.
- [7] Klecka GM, Gonsior SJ, Markham DA. Biological transformations of 1,1,1-trichloroethane in subsurface soils and ground water[J]. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 1990, 9(12): 1437-1451.
- [8] de Best JH, Hage A, Doddema HJ, et al. Complete transformation of 1,1,1-trichloroethane to chloroethane by a methanogenic mixed population[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 1999, 51: 277-283.
- [9] 靳利蕊, 张晓君, 李辉, 等. 三氯乙烷污染地地下水中*Dehalobacter*属细菌定量与多样性分析[J]. *微生物学通报*, 2013, 40(8): 1522-1530.

Diversity of *Dehalobacter* spp. in 1,1,1-trichloroethane-contaminated environments

ZHOU Ning-Yi

(The Editorial Board of *Microbiology China*, Beijing 100101, China)

Keywords: 1,1,1-Trichloroethane, *Dehalobacter*, Diversity