

doi: 10.12452/j.fxcsxb.26050601

强化微塑料生物降解的基因工程菌构建策略与作用机制研究进展

马世琦^{1,2}, 涂晨^{2,3*}, 杨宝云², 张杰^{2,4}, 杨杰², 王丹^{2,3},
刘颖^{2,3}, 李成涛^{1*}, 骆永明^{2,3}

(1. 陕西科技大学 环境科学与工程学院, 陕西 西安710021; 2. 土壤与农业可持续发展全国重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 江苏 南京211135; 3. 中国科学院大学, 北京100049; 4. 南京师范大学 环境学院, 江苏 南京210023)

摘要: 基因工程菌可通过定向改造降解酶、优化表达调控和强化代谢通路, 提高微塑料(MPs)的生物降解效率, 为难降解塑料污染治理提供新的技术思路。该文围绕强化微塑料生物降解的基因工程菌构建策略和作用机制进行综述。梳理了高效降解工程菌的主要构建方法, 包括底盘宿主选择、降解酶挖掘与定向改造、表达与分泌系统优化以及代谢通路重构与产物同化优化。归纳了工程菌在聚对苯二甲酸乙二醇酯(PET)、生物可降解聚酯和聚烯烃类微塑料降解中的研究进展, 并比较了不同塑料类型在酶促解聚和代谢转化过程中的差异。进一步从分子机制层面阐述了工程菌强化降解的关键环节, 包括提高酶与聚合物界面的接触效率、增强对聚合物主链断裂能力、促进低聚物和单体的转运与同化, 以及构建多酶或多菌协同降解体系。并指出未来应加强高效降解元件挖掘、工程菌环境适配性优化、可控释放与生物安全设计以及规模化反应体系构建, 为微塑料生物降解技术发展及污染治理提供理论与技术创新参考。

关键词: 微塑料; 基因工程菌; 生物降解; 酶工程; 降解机制

中图分类号: O629.8 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-4957(2026)07-0001-12

Research Progress on the Construction Strategy and Mechanism of Genetically Engineered Bacteria to Enhance the Biodegradation of Microplastics

MA Shi-qi^{1,2}, TU Chen^{2,3*}, YANG Bao-yun², ZHANG Jie^{2,4}, YANG Jie², WANG Dan^{2,3},
LIU Ying^{2,3}, LI Cheng-tao^{1*}, LUO Yong-ming^{2,3}

(1. School of Environmental Science and Engineering, Shaanxi University of Science and Technology, Xi'an 710021, China; 2. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 4. School of Environment, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

Abstract: Genetically engineered bacteria can improve the biodegradation efficiency of microplastics (MPs) by directional modification of degrading enzymes, optimization of expression regulation and enhancement of metabolic pathways, providing new technical ideas for the treatment of refractory plastic pollution. This paper reviews the construction strategies and underlying mechanisms of genetically engineered bacteria designed to enhance the biodegradation of microplastics. It summarizes the major approaches for developing highly efficient degradation-engineered bacteria, including chassis host selection, mining and directed engineering of degradation enzymes, optimization of expression and secretion system, reconstruction of metabolic pathway, and enhancement of product assimilation. Recent progress in the degradation of polyethylene terephthalate (PET), biodegradable polyesters, and polyolefin MPs by engineered bacteria is summarized, and the differences among plastic

收稿日期: 2026-05-06; 修回日期: 2026-05-24

基金项目: 国家自然科学基金项目(22241602, 42577027, 42530717); 土壤与农业可持续发展全国重点实验室自主部署重大项目(SKLSSA2502)

* 通讯作者: 涂晨, 博士, 副研究员, 研究方向: 土壤微塑料的生物膜强化降解, E-mail: ctu@issas.ac.cn;
李成涛, 博士, 教授, 研究方向: 污染物的生物降解及资源化, E-mail: lichengtao@sust.edu.cn

types in enzymatic depolymerization and metabolic transformation are compared. Furthermore, the key molecular mechanisms underlying engineered-bacteria-enhanced degradation are discussed, including enhanced enzyme-MPs interfacial contact, improved polymer chain cleavage and depolymerization, promoted transport and assimilation of intermediates, and the construction of synergistic multi-enzyme or microbial consortia. Finally, this review highlights future directions, including the discovery of highly efficient degradation components, optimization of environmental adaptability of engineered bacteria, controllable release and biosafety design, and development of scalable reaction systems, providing theoretical and technological insights for the advancement of MP biodegradation and pollution remediation.

Key words: microplastics; genetically engineered bacteria; biodegradation; enzyme engineering; degradation mechanisms

微塑料通常指粒径小于 5 mm 的塑料颗粒,可在自然环境中长期迁移和累积^[1]。由于其分布广泛、环境持久性强并具有潜在生态与健康风险,微塑料污染已成为全球环境治理与人类健康领域的重要问题^[2-3]。微塑料广泛分布于土壤、海洋、淡水、大气以及饮用水和食品中^[4-8],具有难降解、易迁移和可生物富集等特征。其长期积累可能破坏生态系统结构,并通过食物链传递对人类健康构成潜在风险^[9-10]。当前微塑料治理技术主要包括物理法、化学法与生物法。物理法包括筛分、过滤、密度分离、膜分离及后续填埋或热处理等,操作相对简便,但存在能耗高、处理成本高、难以实现原位修复及可能产生二次污染等问题。化学法可通过氧化、光催化、热化学转化等方式促进塑料降解,降解速率相对较快,但反应条件较为苛刻,并可能影响土壤养分与生态功能^[11]。相比之下,生物降解具有条件温和、环境友好、成本低廉、以及在适宜条件下实现塑料矿化等显著优势,被认为是微塑料污染治理的重要发展方向^[12-13]。然而,自然环境中的野生微生物普遍存在降解效率低、底物识别能力弱、代谢通路不完整和中间产物易积累等问题,难以满足实际污染治理需求^[14-16]。

近年来,随着分子生物学、合成生物学和蛋白质工程的发展,构建高效微塑料降解基因工程菌(GEB)逐渐受到关注。基因工程菌是指通过基因导入、敲除、调控或通路重构等方式获得特定功能的细菌^[17],已广泛应用于生物医学、能源化工和环境保护等领域。在微塑料降解研究中,GEB的构建目标并非单纯提高菌体生长能力,而是通过强化降解酶表达、提高酶与聚合物界面的接触效率、促进低聚物和单体同化,并降低中间产物抑制,从而突破野生型降解菌降解效率不足的限制。

基因工程技术可从多个层面提高微塑料降解能力。首先,可借助宏基因组学、转录组学和蛋白质组学等方法识别与塑料解聚、氧化和单体代谢相关的关键酶和功能基因,再将相关基因导入适宜宿主菌中进行异源表达,或对原有降解菌进行基因调控和代谢通路优化^[18]。其次,蛋白质工程可通过定点突变、半理性设计和定向进化等策略改善降解酶的热稳定性、底物亲和力和催化效率。此外,基因编辑工具可用于宿主基因组改造、代谢通路重构和调控元件优化,为构建稳定表达、多功能整合的工程菌底盘提供技术支撑^[19]。

基于此,本文围绕强化微塑料生物降解的基因工程菌构建策略与作用机制进行综述。首先,梳理底盘宿主选择、降解酶挖掘与改造、表达分泌系统优化和代谢通路重构等关键策略;其次,比较工程菌对聚对苯二甲酸乙二醇酯(PET)、生物可降解塑料和聚烯烃塑料等不同类型微塑料的降解效果;进一步分析酶-底物界面作用、聚合物主链断裂、中间产物同化以及多酶或多菌协同等关键机制;最后,总结了当前技术在环境适应性、遗传稳定性、生物安全和规模化应用方面面临的挑战,以期对环境微塑料的生物降解技术研发和应用提供科学依据。

1 基因工程菌的构建方法

构建高效降解塑料的基因工程菌需要从底盘宿主、降解酶、表达分泌系统和代谢通路等多个层面进行协同设计。基因工程技术可通过宿主适配、酶分子改造、表达调控优化和代谢途径整合,提高GEB对PET、聚己二酸-对苯二甲酸丁二醇酯(PBAT)、聚乳酸(PLA),以及聚乙烯(PE)等塑料的高效降解与转化。其核心思路是选择合适的微生物底盘菌株,对关键降解酶进行性能优化,并调控其在宿主中的表达、分泌和定位方式,从而增强工程菌对微塑料的降解效率。

1.1 宿主菌选择与底盘构建

宿主菌选择是工程菌构建的基础，直接影响外源基因表达、蛋白折叠与分泌、底物耐受性以及降解产物的后续代谢。针对不同塑料类型和应用场景，理想的底盘菌株应具备较好的遗传可操作性、蛋白表达或分泌能力、环境适应性、底物和产物耐受性以及代谢通路可塑性^[20-21]。目前，微塑料降解工程菌研究中常用的底盘细胞主要包括大肠杆菌(*Escherichia coli*)、恶臭假单胞菌(*Pseudomonas putida*)、枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)以及部分具有特殊环境适应性的非模式菌株。

大肠杆菌因遗传背景清晰、生长速度快、工具体系成熟，是塑料降解酶异源表达、酶学性质研究和突变体筛选中最常用的模式宿主。PET水解酶(PETase)和单(2-羟乙基)对苯二甲酸降解酶(MHETase)等关键降解酶常被克隆至pET系列等表达载体，并在BL21(DE3)等工程菌株中进行诱导表达^[22-23]。大肠杆菌适用于降解酶的快速克隆、表达和筛选，但其局限性也较明显。一方面，该菌对部分芳香族中间产物的耐受和同化能力有限；另一方面，其蛋白分泌能力较弱，重组蛋白多以胞内或周质形式存在，不利于降解酶直接接触不溶性微塑料底物^[24]。因此，大肠杆菌更适合作为酶发现和酶改造的实验平台。

恶臭假单胞菌具有较强的环境适应性、溶剂和芳香族化合物耐受性，以及较灵活的碳代谢网络，是微塑料降解工程菌构建中具有潜力的底盘菌株^[25-26]。该菌可通过质粒表达或基因组整合方式导入塑料降解酶基因，并在相对复杂的环境条件下维持一定的生长和表达稳定性^[27]。与主要用于重组蛋白表达和突变体筛选的大肠杆菌相比，恶臭假单胞菌更适合用于评估工程菌在塑料降解体系中的底物接触能力、环境耐受性和产物转化能力，尤其是在涉及芳香族中间产物转化的体系中，其代谢适配性具有一定优势。

枯草芽孢杆菌是工业酶生产中常用的革兰氏阳性宿主，突出优势在于蛋白分泌能力较强^[28-29]。对于需要降解酶直接作用于不溶性聚合物表面的体系，胞外分泌能力尤为关键。研究中常通过强启动子驱动目标基因表达，并筛选或改造信号肽以提高分泌效率^[30-31]。此外，使用WB600等蛋白酶缺陷型菌株可减少外源蛋白被胞外蛋白酶降解的风险，从而显著提高胞外酶活性和产量^[32]。因此，枯草芽孢杆菌更适用于构建以胞外酶分泌和直接降解应用为导向的工程菌株。

除上述模式或平台菌株外，一些具有特殊环境适应性的非模式菌株也因其天然降解潜力受到关注。这类菌株可能来源于堆肥、污泥、塑料污染土壤或水体等环境，具有较强的底物耐受性或产物转化能力。然而，其遗传操作工具相对有限，生长条件和表达体系尚不成熟，限制了其作为通用底盘的应用。因此，当前研究更倾向于结合不同宿主优势，将高效降解酶、产物转化通路和环境适应性模块进行跨物种移植或组合优化，以构建功能更完整的微塑料降解工程菌。

1.2 降解酶筛选与酶工程改造

降解酶是基因工程菌发挥微塑料降解功能的核心元件。天然降解酶通常存在催化活性有限、热稳定性差、底物谱较窄和环境耐受性较弱等问题，难以满足复杂环境中微塑料高效降解的需求。酶工程可通过理性设计、半理性设计和定向进化等方法，对关键降解酶进行分子改造，提高其底物亲和力、催化效率和稳定性^[33]。

降解酶的筛选通常依赖环境样品分离、功能基因挖掘和多组学分析等策略。宏基因组学、转录组学和蛋白质组学可用于识别与塑料解聚、氧化和单体代谢相关的候选酶及功能基因。对于PET、PBAT、PLA等含酯键塑料，研究重点多集中于PETase、MHETase、角质酶、脂肪酶、酯酶和蛋白酶等水解酶；对于PE等聚烯烃塑料，则更依赖氧化酶介导的表面氧化、氧化预处理及共代谢过程。获得候选降解酶后，可进一步通过酶工程提高其应用性能。理性设计通常基于晶体结构、分子对接和分子动力学模拟，针对活性中心、底物结合口袋、柔性环区和热稳定相关位点进行定点突变，从而改善酶与聚合物底物的结合和催化过程^[34-36]。半理性设计则结合关键位点饱和突变和高通量筛选，适用于活性位点附近残基的优化；定向进化可通过随机突变和筛选逐代获得活性或稳定性提高的突变体。例如，PETase活性中心附近残基的半理性设计和计算辅助突变，可降低反应能垒、增强热稳定性，并提高其对半结晶PET的降解效率^[37]。FAST-PETase、DuraPETase等改造酶的出现表明，通过调节底物结合区构象、增强蛋白稳定性和优化催化残基周围微环境，可显著提升聚酯水解酶的催化性能^[38-39]。这些代

表性突变体表明,调控底物结合区构象、增强蛋白整体稳定性和优化催化残基周围微环境是提高聚酯水解酶性能的关键途径。此外,微塑料的深度降解往往并非单一酶可完成。因此,在工程菌构建中,可通过多酶共表达、融合蛋白设计或酶级联反应等方式提高整体解聚效率,促进塑料由高分子聚合物向低聚物和单体转化^[40]。

1.3 表达与分泌优化

微塑料降解酶的高效表达与胞外分泌,是决定基因工程菌实际降解效果的关键环节。由于微塑料多为不溶性高分子聚合物,难以进入细胞内部,降解酶通常需要分泌至胞外、定位于细胞表面或富集于底物界面,才能有效接触并作用于聚合物^[41]。因此,强化目的蛋白的转录和翻译效率,并优化其跨膜转运和胞外释放过程,是提升工程菌对微塑料降解能力的重要路径。目前,相关策略主要包括信号肽筛选改造、表达调控元件优化以及分泌途径协同调节。

信号肽是引导新生肽链跨膜转运的重要序列,其效率直接影响降解酶的胞外分泌量^[42]。在大肠杆菌、枯草芽孢杆菌和假单胞菌等宿主中,研究者常通过筛选内源或异源信号肽来提高PETase、角质酶等降解酶的分泌效率。例如,在大肠杆菌中表达大阪堺菌(*Ideonella sakaiensis*)来源PETase时,改造信号肽后可显著提高胞外分泌效率和PET水解活性^[43]。

表达调控元件的优化是提高降解酶产量的基础。密码子优化可根据宿主的密码子偏好调整外源基因序列,减少稀有密码子造成的翻译停滞或表达下降。例如,对PETase基因进行大肠杆菌密码子优化后,可溶性表达量明显提升40%以上^[44]。启动子的选择与改造直接影响目标基因转录强度,组成型启动子和诱导型启动子均被广泛用于降解酶表达。在恶臭假单胞菌中,采用热休克启动子驱动PETase表达,可通过温度诱导实现酶的高效可控表达,同时减轻持续高表达对宿主造成的代谢负担^[45]。此外,核糖体结合位点序列优化可增强核糖体与mRNA的结合效率,使降解酶翻译效率提升2~5倍^[46]。

除单一元件优化外,分泌途径和胞外定位方式的系统改造也十分重要。革兰氏阴性菌存在外膜屏障,胞外分泌能力相对较弱,因此除Sec和Tat途径外,I型、III型、VI型分泌系统以及外膜囊泡途径也被用于外源蛋白分泌或展示。例如,利用大肠杆菌菌毛纤维系统,将PETase与CsgA亚基融合,可使酶固定于细胞表面,并提高其对半结晶PET的水解能力^[47]。此外,通过敲除宿主胞内或胞外蛋白酶、优化能量代谢供给和发酵条件,也有助于提高降解酶的表达分泌总量及稳定性^[48]。总体来看,表达与分泌优化已由单一元件改造转向宿主、调控元件、分泌途径和蛋白稳定性的系统适配,为工程菌高效降解微塑料提供了重要支撑。

1.4 代谢通路重构与产物同化优化

代谢通路重构是实现工程菌从降解微塑料向降解产物利用的关键环节,其核心在于突破低聚物、单体转运与胞内同化之间的代谢瓶颈^[28]。工程菌的构建不仅需要提高聚合物主链的断裂效率,还应确保水解或氧化产物能够被有效跨膜转运,并进一步接入中心碳代谢网络;否则,低聚物或单体的积累可能抑制后续降解过程^[49]。以PET为例,PETase和MHETase可将PET逐步水解为对苯二甲酸(TPA)和乙二醇(EG),但其后续同化过程仍依赖降解菌对TPA和EG的转运与代谢能力^[50]。因此,可通过引入或强化TPA转运蛋白及*tph*相关基因簇,使TPA经原儿茶酸途径进入 β -酮己二酸通路,并最终汇入三羧酸循环^[51]。在恶臭假单胞菌KT2440菌株中,研究人员通过整合EG利用、TPA分解以及PET水解产物转化模块,实现了PET解聚产物向 β -酮己二酸等产物的转化,表明代谢通路重构能够有效促进降解过程与产物同化的耦合^[52]。总体而言,工程菌设计应由单一降解酶表达逐步转向“胞外解聚—跨膜转运—胞内代谢—产物同化”的系统性优化,从而协同提升微塑料降解效率、降解产物利用效率以及细胞生长适应性。

1.5 代表性工程菌株及构建举例

现有研究已构建了针对不同塑料及降解目标的基因工程菌株:PET等聚酯类以PETase、MHETase等的异源表达或胞外分泌为主;PBAT、PLA等生物可降解聚酯通过表达角质酶、脂肪酶等提高解聚能力;PE类聚烯烃依赖氧化相关酶系、预处理和共代谢组合。工程菌株在宿主类型、导入基因、目标塑料、构建策略、降解效果和评价指标等方面存在差异,代表性研究如表1所示。

表1 降解不同微塑料的代表性基因工程菌

Table 1 Representative genetically engineered bacteria for degrading different microplastics

宿主/底盘菌株	目标基因或酶	目标塑料	核心构建策略	降解效果	评价指标/方法	参考文献
大肠杆菌 Nissle 1917	CsgA-PETase、CsgA-CBM3、MHEase	PET	代谢通路重构与产物同化优化	TPA 释放量(12.7±0.2) mmol/L; 10/100 μmol/L PET 7 d 降解率分别为 21.40%/16.09%	HPLC; DSC; SEM; p-NPB	[53]
大肠杆菌	TmFae-PETase 及突变体	PET	降解酶筛选与酶工程改造	50 °C、10 d 释放 MHET 1555.2 μmol/L、TPA 1742.3 μmol/L; L95W 产物释放量约提高 2 倍	HPLC; SEM; FT-IR; XRD; GPC; SDS-PAGE; p-NPB	[54]
<i>Streptomyces</i> sp. SM14/大肠杆菌 BL21(DE3)	SM14est	PCL	降解酶筛选与酶工程改造; 表达与分泌优化	28 °C、1 d 产生 PCL 透明圈, 2~4 d 透明圈增强	透明圈实验; 系统发育分析; 结构预测	[55]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	改造型 <i>ompA</i> 、 <i>lsrB</i>	PET	降解酶筛选与酶工程改造; 代谢通路重构与产物同化优化	24 h 释放总产物(157±2) μmol/L; 192 h 释放(97±1) μmol/L, 以 TPA 为主	HPLC; UHPLC-MS	[56]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	ICCG 角质酶	PET	表达与分泌优化	72 °C、pH 8.0 条件下, 8 h PET 降解率 5.36%	HPLC; SDS-PAGE	[57]
<i>B. thermoamylovorans</i> JQ3	Tfu-0883 突变体 5M	BHET、MHET、PET 相关底物	降解酶筛选与酶工程改造; 表达与分泌优化	5M 酶解 PET 96 h 降解率 96.9%; 工程菌 7 d 产 TPA 110.45 μmol/L; 反应罐中 PET 粉末失重 47.5%	HPLC; SEM; FT-IR; 失重法; p-NPB; SDS-PAGE	[58]
大阪伊德氏杆菌/大肠杆菌	IsPETase 突变体	PET	降解酶筛选与酶工程改造	单点突变体 N233A 的 TPA 产量达野生型 2 倍; 双突变体 N233A/R280A 可同步提升 MHET 与 TPA 产量	HPLC; 晶体结构解析	[59]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	Tfu_0883 突变体	PET	降解酶筛选与酶工程改造	双突变体 Q132A/T101A 在 48 h 释放 TPA(19.3±0.1) mmol/L, 约为野生型 9 倍	荧光法; SEM; 接触角; p-NPB	[60]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	PETase 突变体	PET	降解酶筛选与酶工程改造; 表达与分泌优化	单点突变体 I179F 48 h 释放 TPA 6.38 mmol/L, 约为野生型 2.5 倍; PET 薄膜降解速率提高至 22.5 mg · (μmol/L PETase) ⁻¹ · d ⁻¹	吸光度法; 失重法; SEM	[61]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	TfCut2 突变体	PET	降解酶筛选与酶工程改造	低结晶度 PET 24 h 失重率(73±1.6)%, 优化后达(90±4.5)%; 30 h 降解率约(97±1.8)%	HPLC; 失重法; SDS-PAGE; p-NPB	[62]
<i>Aspergillus oryzae</i> /大肠杆菌 Rosetta (DE3)	FAST-PETase	PET	宿主菌选择与底盘构建; 表达与分泌优化	发酵上清 50 °C 处理 PET 5 d, MHET>1.3 mmol/L	HPLC; FE-SEM; SDS-PAGE; 亲和层析	[63]
<i>Stenotrophomonas pavanii</i>	DuraPETase	PET、PBT、PBAT 及聚酯纤维	表达与分泌优化	工程菌 30 °C、30 d 释放总产物 38.04 μmol/L; 初始菌株产物量为野生型 68.94 倍	HPLC; SEM; 结晶紫染色; SDS-PAGE/MS; p-NPB; 共聚焦显微镜	[64]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	<i>SaalkB</i> 烷烃羟化酶	PE	表达与分泌优化	30 d 后 PE 表面出现沟槽、凹陷和轻度侵蚀; AlkB 蛋白表达上调	SDS-PAGE; AFM	[65]
大肠杆菌 BL21	<i>alkB</i> 烷烃羟化酶	低分子量 PE	表达与分泌优化	37 °C 堆肥 80 d, M _w 1700 PE 碳矿化率为 19.3%	CO ₂ 矿化率; SEM	[66]
大肠杆菌 BL21 Star TM (DE3)	FsCut 角质酶	PBAT、PBS、PCL	表达与分泌优化	37 °C、7 d 释放 TPA 0.518 mmol/L、SA >1.25 mmol/L、6HH >12.0 mmol/L; 工程菌 E11 发酵上清 48 h 释放 1, 4-BDO 约 0.43 mmol/L	HPLC; LC-HRMS; GC-MSD; DSC; p-NPB	[67]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	TfCut-DM 突变体	PBAT	降解酶筛选与酶工程改造; 表达与分泌优化	PBAT 完全分解时间由 48 h 缩短至 36 h; 12 h 内 TPA 产量约为野生型 3 倍	HPLC; MS; 晶体结构解析; SDS-PAGE	[68]
大肠杆菌 BL21 (DE3)	PlaA 解聚酶	PLA	表达与分泌优化	37 °C 下 30 min 内完全降解 PLA05, 90 min 内基本降解 PLA10-PLA20; 90 min 时乳酸释放量为 0.89~1.18 g/L	透明圈实验; TOC; SDS-PAGE; 酶活测定	[69]

2 基因工程菌对不同类型微塑料的降解效果

不同类型微塑料在化学键类型、结晶度、疏水性、环境老化程度和添加剂组成等方面存在差异,因此对工程菌及降解酶的反应也不同。总体来看,含酯键的聚酯类塑料较易通过水解酶实现主链断裂;而PE、聚丙烯(PP)和聚苯乙烯(PS)等聚烯烃类塑料由于碳碳单键主链稳定、疏水性强,缺乏可直接水解的化学键,生物降解难度明显更高。目前,基因工程菌相关研究主要集中于PET、PLA、PBAT及部分聚烯烃类微塑料,其中PET降解体系研究最为系统。

2.1 PET微塑料的降解效果

PET是应用最广泛的合成聚酯之一,也是环境中常见微塑料的重要来源^[15]。PET由TPA和EG通过酯键缩聚而成^[59],其分子结构中同时含有芳香环和酯键,赋予PET良好的力学性能和化学稳定性,但也导致其在自然环境降解缓慢^[70]。因此,通过基因工程改造微生物或降解酶,提高PET微塑料解聚和产物转化效率,是当前塑料生物降解研究的重点方向。

PET生物降解主要依赖角质酶、脂肪酶、酯酶和PET水解酶等解聚酶对酯键的催化断裂^[71-72]。其典型降解过程包括:PET首先被水解生成单(2-羟乙基)对苯二甲酸酯(MHET)、双(2-羟乙基)对苯二甲酸酯(BHET)和TPA等中间产物;随后,MHET可在MHETase作用下进一步水解为TPA和EG,并接入下游代谢途径。在已报道的PET降解微生物中,*Ideonella sakaiensis* 201-F6是最具代表性的菌株之一,其分泌的PETase和MHETase构成了相对明确的PET解聚与产物转化体系^[50]。然而,野生型PETase的热稳定性及其对高结晶度PET的降解能力仍较为有限。因此,研究者通过定点突变、半理性设计和定向进化等策略,获得了热稳定性和催化活性更高的PETase突变体^[34, 44]。

在工程菌构建方面,现有研究主要围绕PETase、MHETase、角质酶和酯酶等关键酶展开,通过异源表达、胞外分泌优化、多酶协同催化和代谢通路重构等策略,提高PET解聚及其水解产物转化效率^[73]。大肠杆菌等模式底盘菌常用于PET降解酶的异源表达、功能验证和突变体筛选;而来源于放线菌门及热适应微生物的角质酶,因具有较好的热稳定性和聚酯水解能力,也成为PET生物降解工程改造中的重要酶源^[74-75]。

2.2 PLA和PBAT微塑料的降解效果

PLA与PBAT是目前备受关注且应用广泛的两类可生物降解塑料^[76]。与传统难降解塑料相比,PLA和PBAT分子结构中存在易被水解的酯键,理论上具有较高的生物降解潜力。然而,在自然环境中,其降解速率仍受结晶度、玻璃化转变温度、疏水性、添加剂组成和微生物活性等因素限制,难以快速完全降解。因此,利用基因工程手段提高降解酶表达、分泌和底物适配性,是提升这类微塑料降解效率的重要策略。

PLA微塑料的酶促降解主要依赖蛋白酶、角质酶、脂肪酶和酯酶等对酯键的水解作用。天然PLA降解菌常存在酶表达水平低、胞外分泌能力弱或环境适应性不足等问题。通过将角质酶、蛋白酶K(Proteinase K)或其他PLA水解酶基因导入大肠杆菌、枯草芽孢杆菌等宿主,可提高降解酶表达量和胞外作用效率。有研究将来源于*Thermobifida fusca*的角质酶(TfCut2)在大肠杆菌中表达,重组酶对PLA薄膜展现出明显水解活性,其性能还可通过定向进化进一步提升^[62]。也有研究报道,在枯草芽孢杆菌中过表达耐热蛋白酶突变体,可提高其对PLA微塑料的降解能力,并促进乳酸等产物进一步转化^[77]。

PBAT微塑料兼具脂肪链与芳香链结构,降解过程通常表现出组分选择性。其脂肪族酯键相对容易被水解,而含芳香环结构的链段和中间产物转化难度较高。研究表明,TfCut等角质酶可介导PBAT水解,并通过结构分析揭示其底物结合和酯键断裂机制^[68]。针对天然酶对芳香族底物亲和力较弱的问题,研究者可通过定点突变扩大底物结合口袋、增强疏水相互作用或改善活性中心附近构象,显著提高其对含芳香族链段的水解效率^[60]。将这类工程化酶基因导入适宜的宿主菌,并优化表达和分泌方式,有助于提升工程菌对PBAT微塑料的降解能力。

PLA和PBAT虽属于生物可降解塑料,但在真实环境中的降解仍受到材料结构、环境条件及微生物功能的共同限制。与PET降解体系相比,PLA和PBAT的生物降解研究更强调底物结构差异性及多酶协同作用。未来可通过组合表达PLA解聚酶、PBAT角质酶及低聚物转化相关酶,或构建功能互补的工

程菌群，实现对多组分生物可降解微塑料的协同降解。此外，还应进一步提升工程菌在复杂环境中的定殖能力、环境耐受性和产物代谢能力，以增强其实际应用中的稳定性和降解效能。

2.3 聚烯烃微塑料的降解效果

PE是产量和使用量较大的塑料之一，主要用于包装材料、一次性制品和农用薄膜等领域。PE主链由稳定的碳碳单键构成，分子量高、疏水性强、结晶度较高，因而难以被微生物直接降解。传统处理方式如焚烧和填埋可能带来二次污染或土地资源占用等问题^[78]。因此，探索PE等聚烯烃类微塑料的生物降解方法具有重要意义，但其降解难度明显高于聚酯类微塑料。

PE主链由稳定的碳-碳单键构成，缺乏可被水解酶直接作用的酯键或酰胺键，因此其生物降解通常依赖前期氧化活化，以促进聚合物链断裂及低分子产物的后续转化。在此过程中，光氧化、热氧化、化学氧化或酶促氧化可首先在PE表面引入羰基、羟基等含氧官能团，降低聚合物链稳定性，并为微生物附着、酶促攻击和后续代谢提供反应位点。目前，工程菌对PE微塑料的降解研究主要围绕氧化酶体系构建、预处理协同强化和共代谢过程优化展开。已有研究表明，烷烃羟化酶、单加氧酶、漆酶和锰过氧化物酶等氧化酶可能参与PE表面氧化及碳链断裂过程^[65-66]。此外，引入双加氧酶等芳香烃降解相关酶，有助于增强工程菌对复杂烃类或氧化产物的共代谢能力^[79]。因此，PE等聚烯烃类微塑料的生物降解仍处于探索阶段，现有工程菌研究更多体现为对PE表面氧化、低分子片段转化或模型底物代谢能力的提升，而非实现高分子PE的快速、完全矿化。对于PP和PS微塑料，由于其疏水性强、主链结构稳定且可利用功能酶资源有限，相关基因工程菌研究仍较少，降解效率普遍较低，仍是未来微塑料生物降解研究中更具挑战性的方向。

3 基因工程菌降解微塑料的分子机制

基因工程菌降解微塑料的关键，在于通过分子生物学和合成生物学手段改造天然微生物降解过程中的限制环节。其作用机制主要包括提高酶与微塑料界面的接触效率、增强聚合物主链断裂能力、促进中间产物转运与同化，以及构建多酶或多菌协同降解体系。上述过程并非相互独立，而是共同影响微塑料由表面侵蚀、分子解聚到产物代谢和最终矿化的连续过程。

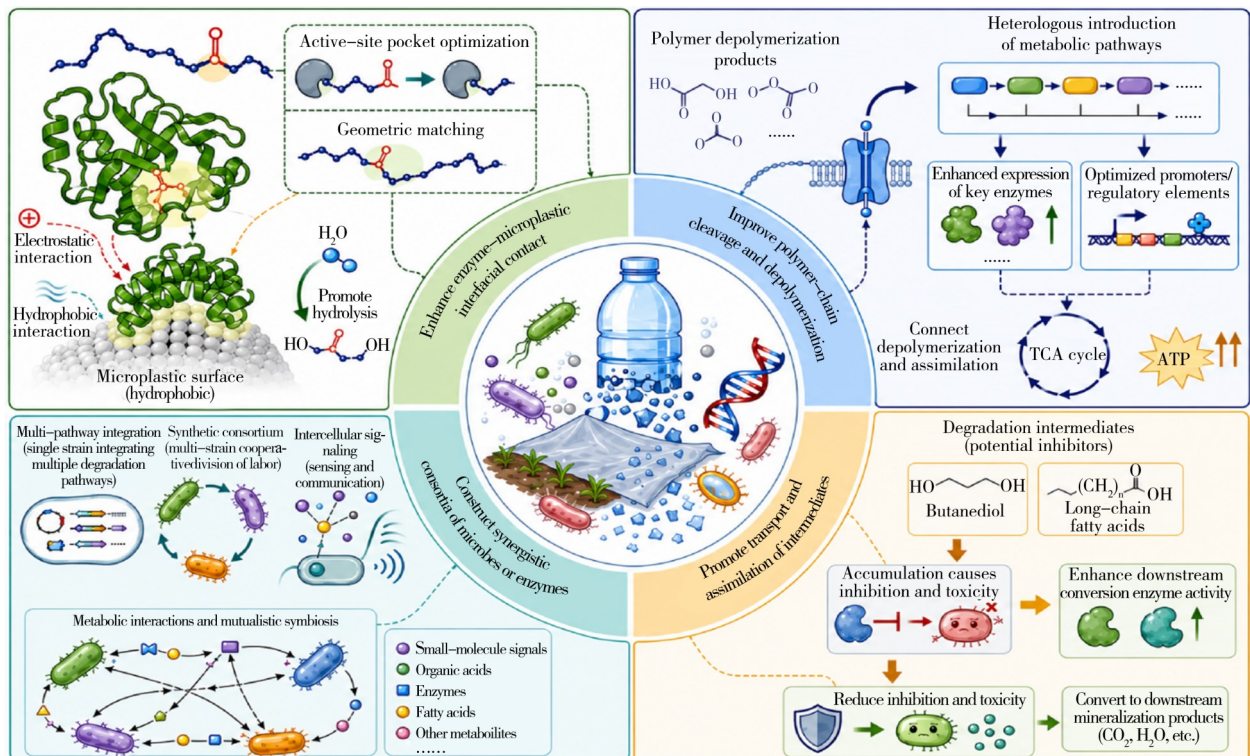


图1 基因工程菌降解微塑料的分子机制

Fig. 1 Molecular mechanism of degradation of microplastics by genetically engineered bacteria

3.1 提高酶-底物界面接触效率

提高降解酶与微塑料底物的接触效率,是微塑料生物降解的重要前提。微塑料多以不溶性固体形式存在,表面疏水性强;而天然菌株分泌的游离酶易扩散和稀释,难以持续富集于底物表面^[33]。相比之下,工程菌可通过增强表面黏附、优化胞外分泌、构建细胞表面展示或融合底物结合模块等方式,将降解酶定向富集于微塑料界面,从而提高酶-底物的接触概率和界面催化效率。在酶分子层面,调控酶表面的疏水残基、电荷分布及底物结合区域,可增强其与聚合物表面的非共价相互作用,促进目标化学键更易进入催化中心。PETase等聚酯水解酶的改造研究表明,优化活性口袋的疏水性、空间构型和局部柔性,有助于改善酶对PET链段的识别、结合与固定,并进一步提高界面催化效率^[80]。

因此,提高酶-底物界面接触效率的本质,是通过增强局部富集、稳定吸附和有效取向,使降解反应从低效的随机碰撞转变为更连续的界面催化过程。这一机制有助于解释为什么微塑料降解效率不仅取决于酶活性本身,也取决于酶、细胞与固体聚合物表面之间的空间组织关系。

3.2 增强聚合物主链断裂能力

聚合物主链断裂是微塑料由固体转化为低聚物和单体的关键步骤,也是工程菌强化降解功能的核心环节^[81]。不同塑料的主链结构差异显著,其断裂机制也不相同^[82]。含酯键塑料主要依赖水解酶催化酯键断裂,而聚烯烃类塑料通常需先经历氧化活化,再进一步发生断链和低分子化。

对于聚酯类微塑料,主链断裂的关键在于酶对酯键的识别和催化。聚合物链段进入催化中心后,亲核攻击可引发酯键断裂,释放低聚物、二聚体或单体。该过程受聚合物结晶度、链段柔性、表面可及性和酶活性口袋结构的共同影响。高结晶度区域链段排列紧密、运动受限,酯键不易暴露;无定形区域链段相对松散,更容易被水解酶识别和攻击。因此,微塑料主链断裂并非均匀发生,而是通常优先从无定形区、缺陷区、裂纹区或老化氧化区开始。对于结构更复杂的共聚酯,不同链段的水解敏感性也存在差异。例如,脂肪族酯链段通常柔性较强、空间位阻较小,更易发生水解;芳香族酯链段则因苯环刚性和疏水性较强,酶促断裂难度较高^[83]。这说明聚合物主链断裂不仅取决于是否存在可水解化学键,还取决于链段构象、局部微环境和酶对不同结构单元的选择性。

对于聚烯烃类微塑料,主链断裂通常以氧化活化为前提。氧化反应可在聚合物表面引入羟基、羰基和羧基等含氧官能团,降低链段疏水性和化学惰性,并形成更易被后续酶促反应或共代谢过程利用的氧化片段。光氧化、热氧化或化学氧化等预处理也可增加表面裂纹和氧化位点,提高工程菌附着及氧化酶作用效率,进一步促进链段断裂^[84]。总体而言,增强聚合物主链断裂能力的机制并不是单纯提高某一种酶的催化活性,而是提高聚合物链段从“惰性固体结构”向“可被酶识别和裂解状态”转变的效率。该过程受到材料结构、表面状态、链段运动性、氧化程度和催化中心适配性的共同调控。

3.3 促进中间产物转运、同化与矿化

微塑料降解并不止于聚合物主链断裂,其深度转化还取决于低聚物和单体能否被持续转运、同化并最终矿化。主链断裂后形成的中间产物若不能及时进入下游代谢途径,可能在反应界面或胞外环境中积累,进而造成产物反馈抑制、细胞毒性增强或局部pH值变化,限制降解过程的持续进行。因此,中间产物的转运和同化能力决定了微塑料降解过程能否由“表面解聚”进一步推进至“代谢利用”和“矿化转化”。在PET降解过程中,PETase作用产生的MHET、BHET和TPA等产物既是解聚反应的结果,也是影响后续反应效率的重要因素。其中,MHET的积累可能降低体系中有效反应通量,而MHETase可进一步将其水解为TPA和EG,从而减少中间产物滞留,并推动反应向终产物生成方向进行^[85]。因此,PETase与MHETase之间并非简单的酶功能叠加,而是通过连续催化关系维持解聚产物流动,降低中间体积对上游反应的抑制作用。部分研究通过提高MHETase热稳定性或构建PETase-MHETase融合蛋白,进一步增强了中间产物的近距离转化效率,体现了级联反应中底物传递和局部浓度调控的重要性^[86]。

中间产物进入细胞后,其进一步转化依赖特定转运系统和胞内代谢通路。以PET解聚产物为例,TPA可经特异性转运蛋白进入细胞,并通过对苯二甲酸降解相关基因簇转化为原儿茶酸,随后进入 β -酮己二酸途径;EG则可经醇脱氢酶和醛脱氢酶连续氧化为乙醇醛、乙醛酸等中间体,并进一步并入乙醛酸循环或三羧酸循环^[87]。对于PLA降解产生的乳酸,可经乳酸脱氢酶转化为丙酮酸后进入中心碳代

谢；而PE、PP等聚烯烃经氧化产生的短链烷醇、醛类和脂肪酸片段，则可通过醇脱氢酶、醛脱氢酶及脂肪酸 β -氧化途径逐步转化为乙酰辅酶A(acetyl-CoA)，最终参与能量代谢和矿化过程。

由此可见，工程菌促进微塑料深度降解的机制在于将胞外解聚反应与胞内碳代谢相连接，使解聚产物从反应终点转变为可被细胞利用的碳源。中间产物的持续消耗不仅能够缓解产物抑制，还可通过维持浓度梯度推动上游解聚反应进行，从而提高微塑料降解过程的连续性和深度转化能力。

3.4 构建多酶与多菌协同降解网络

微塑料在环境中通常呈现多类型、多组分和多老化状态并存的特征，其降解过程涉及界面吸附、主链断裂、中间产物转化和最终同化等多个连续环节。单一酶或单一菌株往往难以独立完成从高分子聚合物到小分子代谢产物的全过程。因此，多酶或多菌协同的核心机制，在于通过功能分工和反应衔接，形成连续的降解网络。在多酶体系中，不同酶通常分别作用于不同限速环节。初始解聚酶负责破坏聚合物主链并释放低聚物；中间产物转化酶进一步降低低聚物聚合度或去除抑制性中间体；同化相关酶则将小分子产物接入中心代谢^[88]。多酶协同的关键并不是简单增加酶的数量，而是缩短中间产物在不同反应步骤之间的扩散距离，减少中间体滞留，并提高整体反应通量。酶之间的空间邻近性、催化速率匹配和底物传递效率，决定了级联反应能否顺利运行。对于混合塑料或共聚物体系，多酶协同还体现在底物结构识别的互补性。不同酶对脂肪族链段、芳香族链段、无定形区、氧化区或低聚物片段的作用偏好不同，因而可在同一底物上形成分阶段、分区域的协同催化。这种机制有助于克服单一酶底物谱窄、反应步骤不连续或中间产物转化不足等问题，使复杂微塑料体系中的多种化学键和结构单元得到更全面处理。

在多菌协同体系中，功能分工是其核心机制。部分菌株可优先附着于微塑料表面并参与初始氧化或解聚，部分菌株则主要利用释放出的低聚物、单体或有机酸，还有部分菌株可进一步消耗代谢副产物或缓解抑制性中间体积聚。通过这种代谢分工，单一菌株的生理负担得以降低，群落整体则形成从聚合物解聚到产物同化的连续代谢网络^[89]。此外，多菌体系中的种间互作还会影响微塑料表面的局部微环境。胞外聚合物可促进生物膜形成并提高细胞在疏水表面的滞留能力；代谢产物共享可维持不同菌株之间的互养关系；局部pH值、氧化还原状态和营养梯度则会影响酶活性与代谢通量。由此，多菌协同网络不仅是多个菌株的简单共存，而是由空间结构、底物传递、代谢互补和环境调控共同形成的动态系统。

总体而言，多酶与多菌协同降解网络的本质，是将微塑料降解过程中分散的反应步骤整合为连续的物质转化过程。多酶体系强调级联催化和底物传递，多菌体系强调代谢分工和群落互作。二者共同突破了单一酶或单一菌株功能有限的问题，是提高复杂微塑料体系降解广谱性、深度转化能力和环境适应性的关键机制。

4 总结与展望

本文综述了基因工程菌强化微塑料生物降解的构建方法、不同类型微塑料的降解效果及其分子机制。现有研究表明，通过宿主菌选择、降解酶筛选与改造、表达分泌优化和代谢通路重构等策略，工程菌可在一定程度上突破野生菌降解效率低、底物识别能力弱和产物转化不充分等限制。总体而言，工程菌对PET、PLA、PBAT等含酯键聚酯类微塑料的降解研究较为深入，降解酶资源和机制认识相对清晰；而PE、PP和PS等聚烯烃或碳链型微塑料由于主链稳定、疏水性强和功能酶资源有限，工程菌降解效率仍然较低。分子机制上，工程菌主要通过提高酶-底物界面接触效率、增强聚合物主链断裂能力、促进中间产物转运与同化，以及构建多酶或多菌协同体系来提升微塑料降解效果。

未来研究应关注以下几个重点方向：第一，开发更适合环境应用的底盘菌株。除大肠杆菌等模式宿主外，应加强对堆肥、污泥、污染土壤和极端环境来源微生物的挖掘与改造，构建兼具环境适应性、遗传稳定性和产物代谢能力的工程底盘。第二，推动人工智能辅助酶设计。结合蛋白质结构预测、分子动力学模拟和机器学习，加速高活性、高稳定性和宽底物谱降解酶的筛选与改造。第三，构建多技术协同降解体系。对于PE、PP和PS等难降解微塑料，可将工程菌与光氧化、热氧化、电化学或催化预处理结合，先引入含氧官能团或降低分子量，再由工程菌完成后续转化。第四，推进可控场景下的

应用验证。相较于开放环境直接释放,堆肥、污水处理、固体废弃物预处理和封闭式生物反应器等可控体系更适合开展工程菌降解技术验证。第五,探索从降解到升级转化的路径。通过设计下游代谢通路,将TPA、EG、乳酸、脂肪酸等降解产物导向高附加值化学品或生物材料合成,从而提高微塑料生物处理技术的经济可行性。

参考文献:

- [1] Thompson R C, Olsen Y, Mitchell R P, Davis A, Rowland S J, John A W G, McGo-nigle D, Russell A E. *Science*, **2004**, 304(5672): 838.
- [2] Tu C, Luo Y M. *J. Ecol. Rural Environ.* (涂晨, 骆永明. 生态与农村环境学报), **2023**, 39(5): 565-567.
- [3] Luo Y M, Shi H H, Tu C, Zhou Q, Ji R, Pan X L, Xu X R, Wu C X, An L H, Sun X X, He D F, Li Y F, Ma Y N, Li L Z. *Chin. Sci. Bull.* (骆永明, 施华宏, 涂晨, 周倩, 季荣, 潘响亮, 徐向荣, 吴辰熙, 安立会, 孙晓霞, 何德富, 李艳芳, 马旖旎, 李连祯. 科学通报), **2021**, 66(13): 1547-1562.
- [4] Ali S S, Elsamahy T, Koutra E, Kornaros M, El-Sheekh M, Abdelkarim E A, Zhu D C, Sun J Z. *Sci. Total Environ.*, **2021**, 771: 144719.
- [5] Wong J K H, Lee K K, Tang K H D, Yap P S. *Sci. Total Environ.*, **2020**, 719: 137512.
- [6] Rios Mendoza L M, Balcer M. *Trends Anal. Chem.*, **2019**, 113: 402-408.
- [7] Wang Z C, Qin Y M, Li W P, Yang W H, Meng Q, Yang J L. *Environ. Chem. Lett.*, **2019**, 17(4): 1821-1830.
- [8] Wainkwa R C, Lee J Y, Kim H J, Jang J. *Environ. Chem. Lett.*, **2021**, 19(6): 4211-4224.
- [9] Luo Y M, Tu C, Pan Y S, Yang J, Hao Z, Liu Y. *Acta Pedol. Sin.* (骆永明, 涂晨, 潘彦硕, 杨杰, 郝征, 刘颖. 土壤学报), **2026**, 63(2): 341-350.
- [10] Yang J, Tu C, Yuan X Z, Luo Y M. *Prog. Chem.* (杨杰, 涂晨, 袁宪正, 骆永明. 化学进展), **2025**, 37(1): 89-102.
- [11] Ding J Y, Liu X Y, Chen X W, Tang L, Gao Y Z. *Earth Sci. Front.* (丁佳妍, 刘翔宇, 陈旭文, 汤磊, 高彦征. 地学前缘), **2025**, 32(3): 248-262.
- [12] Song Q Q, Zhang Y, Ju C P, Zhao T Y, Meng Q X, Cong J. *Environ. Res.*, **2024**, 263(P1): 120046.
- [13] Chang L, Shi Y, Zhu W, Luo D, Bai X, Krause S. *Water Res.*, **2025**, 268(Pt A): 122632.
- [14] Ibrahim N, Rahman A M N A A, Shafiq M D, Lockman Z, Jaafar M, Kameda Y. *Rev. Environ. Contam. Toxicol.*, **2025**, 263(1): 27.
- [15] Geyer R, Jambeck J R, Law K L. *Sci. Adv.*, **2017**, 3(7): e1700782.
- [16] Fantroussi E S, Agathos N S. *Curr. Opin. Microbiol.*, **2005**, 8(3): 268-275.
- [17] Liu Y T, Feng J, Pan H C, Zhang X W, Zhang Y L. *Front. Microbiol.*, **2022**, 13: 997587.
- [18] Dissanayake L, Jayakody L N. *Front. Bioeng. Biotechnol.*, **2021**, 9: 656465.
- [19] Rezaei Z, Dinani A S, Moghimi H. *Metab. Eng. Commun.*, **2024**, 19: e00256.
- [20] González D M, Tagarro C F, De Lucas A, Bordel S, Beneit F S. *Int. J. Mol. Sci.*, **2024**, 25(10): 5536.
- [21] Wang N. *Efficient Expression of Plastic-Degrading Enzyme (PETase) in Bacillus subtilis and Improvement of Its Enzymatic Properties*. Wuxi: Jiangnan University (王南. 塑料降解酶(PETase)在枯草芽孢杆菌中的高效表达及其酶学性质的改良研究. 无锡: 江南大学), **2020**.
- [22] Joo S, Cho I J, Seo H, Son H F, Sagong H Y, Shin T J, Choi S Y, Lee S Y, Kim K J. *Nat. Commun.*, **2018**, 9(1): 382.
- [23] Liu B. *Optimization and Modification of Novel Plastic Hydrolases and Glycosyltransferases by Applied Enzyme Engineering Technology*. Chengdu: Sichuan University (刘兵. 应用酶工程技术优化改造新型塑料水解酶及糖基转移酶. 成都: 四川大学), **2021**.
- [24] Takuma Y, Takuya M, Ryosuke Y, Hiroyas O. *Appl. Biochem. Biotechnol.*, **2024**, 196(8): 5471-5483.
- [25] Nikel P I, de Lorenzo V. *Metab. Eng.*, **2018**, 50: 142-155.
- [26] Kusumawardhani H, Furtwängler B, Blommestijn M, Kaltenydt A, van der Poel J, K-olk J, Hosseini R, de Winde J H. *Appl. Environ. Microbiol.*, **2021**, 87(9): e00041-21.
- [27] Mezzina M P, Manoli M T, Prieto M A, Nikel P I. *Biotechnol. J.*, **2020**, 16(3): e2000165.
- [28] Brandenberg O F, Schubert O T, Kruglyak L. *Microb. Cell Fact.*, **2022**, 21(1): 119.
- [29] Purohit J, Chattopadhyay A, Teli B. *Curr. Genomics*, **2020**, 21(4): 253-270.
- [30] Wang N, Guan F F, Lv X, Han D F, Zhang Y H, Wu N F, Xia X L, Tian J. *Lett. Appl. Microbiol.*, **2020**, 71: 235-241.
- [31] Huang X, Cao L C, Qin Z M, Li S F, Kong W, Liu Y H. *J. Agric. Food Chem.*, **2018**, 66(50): 13217-13227.
- [32] Yang M J, Jung S H, Shin E S, Kim J, Han D Y, Wong S L, Kim H. *J. Microbiol. Biotechnol.*, **2004**, 14(2): 430-434.
- [33] Dhali S L, Parida D, Kumar B, Bala K. *Biotechnol. Sustain. Mater.*, **2024**, 1(1): 11.
- [34] Son H F, Cho I J, Joo S, Seo H, Sagong H Y, Choi S Y, Lee S Y, Kim K J. *ACS Catal.*, **2019**, 9(4): 3519-3526.

- [35] Choi J, Kim H, Ahn Y R, Kim M, Yu S, Kim N, Lim S Y, Park J A, Ha S J, Lim K S, Kim H O. *RSC Adv.*, **2024**, 14(14): 9943–9966.
- [36] Zhu L, Song Y, Chang C C, Ma H M, Yang L, Deng Z X, Deng W, Qu X D. *ChemBioChem*, **2021**, 22(22): 3178–3183.
- [37] Ermis H. *Rev. Environ. Sci. Bio/Technol.*, **2025**, 24(3): 1–11.
- [38] Yang M Y, Fan F F, He L J, Chen J, Wang L Q, Qiu S, Lü C J, Huang J. *Chin. J. Biotechnol.* (杨媚媛, 樊芳芳, 何灵娟, 陈杰, 王林泉, 邱帅, 吕常江, 黄俊. 生物工程学报), **2024**, 40(9): 2812–2830.
- [39] Zhao Z Y, Zhang G Q, Liu K, Li S Y. *Chin. J. Biotechnol.* (赵之怡, 张国强, 刘琨, 李盛英. 生物工程学报), **2023**, 39(5): 1998–2014.
- [40] Knott B C, Erickson E, Allen M D, Gado J E, Graham R, Kearns F L, Pardo I, To-puzlu E, Anderson J J, Austin H P, Dominick G, Johnson C W, Rorrer N A, Szostki-ewicz C J, Copié V, Payne C M, Woodcock H L, Donohoe B S, Beckham G T, Mc-Geehan J E. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **2020**, 117(41): 25476–25485.
- [41] Gan M F, Zhang Y, Shi P, Lu Y Y, Peng C. *Asian J. Ecotoxicol.* (干牧凡, 张妍, 时鹏, 陆媛媛, 彭闯. 生态毒理学报), **2023**, 18(6): 140–155.
- [42] Roland F. *Microb. Cell Fact.*, **2018**, 17(1): 52.
- [43] Qi X H, Yan W L, Cao Z B, Ding M Z, Yuan Y J. *Microorganisms*, **2021**, 10(1): 39.
- [44] Austin H P, Allen M D, Donohoe B S, Rorrer N A, Kearns F L, Silveira R L, Poll-ard B C, Dominick G, Duman R, El Omari K, Mykhaylyk V, Wagner A, Michener W E, Amore A, Skaf M S, Crowley M F, Thorne A W, Johnson C W, Woodcock H L, McGeehan J E, Beckham G T. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **2018**, 115(19): E4350–E4357.
- [45] Dharmasiddhi I P W, Chen J J, Arab B, Lan C, Euler C, Chou C P, Liu Y L. *Processes*, **2025**, 13(2): 375.
- [46] Yao D B, Han X D, Gao H H, Wang B, Fang Z M, Li H, Fang W, Xiao Y Z. *Microb. Cell Fact.*, **2023**, 22(1): 118.
- [47] Zhu B T, Ye Q H, Seo Y, Wei N. *Environ. Sci. Technol. Lett.*, **2022**, 9(7): 650–657.
- [48] Yu H M, Ma Y C. *Chin. J. Biotechnol.* (于慧敏, 马玉超. 生物工程学报), **2010**, 26(9): 1199–1208.
- [49] Gautom T, Dheeman D, Levy C, Butterfield T, Alvarez Gonzalez G, Le Roy P, Caiger L, Fisher K, Johannissen L, Dixon N. *Nat. Commun.*, **2021**, 12: 6244.
- [50] Yoshida S, Hiraga K, Takehana T, Taniguchi I, Yamaji H, Maeda Y, Toyohara K, Mi-yamoto K, Kimura Y, Oda K. *Science*, **2016**, 351(6278): 1196–1199.
- [51] Sasoh M, Masai E, Ishibashi S, Hara H, Kamimura N, Miyauchi K, Fukuda M. *Appl. Environ. Microbiol.*, **2006**, 72(3): 1825–1832.
- [52] Werner A Z, Clare R, Mand T D, Pardo I, Ramirez K J, Haugen S J, Bratti F, Dexter G N, Elmore J R, Huenemann J D, Peabody G L, Johnson C W, Rorrer N A, Salvachúa D, Guss A M, Beckham G T. *Metab. Eng.*, **2021**, 67: 250–261.
- [53] Wang C Y, Long R, Lin X R, Liu W, Zhu L Y, Jiang L. *J. Hazard. Mater.*, **2024**, 472: 134480.
- [54] Mamtimin T, Ouyang X Y, Wu W M, Zhou T Y, Hou X X, Khan A, Liu P, Zhao Y L, Tang H Z, Criddle C S, Han H W, Li X K. *Environ. Sci. Technol.*, **2024**, 58(40): 17717–17731.
- [55] Almeida E L, Carrillo Rincón A F, Jackson S A, Dobson A D W. *Front. Microbiol.*, **2019**, 10: 2187.
- [56] Giménez Dejos J, Vidal P, Romero S, Almendral D, Luengo M, Martínez Sugrañes M, Gonzalez Alfonso J L, Robles Martín A, Plou F J, Bargiela R, Floor M, Ferrer M, Guallar V, Fernandez Lopez L. *iScience*, **2026**, 29(2): 114621.
- [57] Du C. *Microbial Synthesis and Performance Study of Novel Microplastic Degrading Enzymes*. Dalian: Dalian Ocean University (杜灿. 新型微塑料降解酶的微生物合成及性能研究. 大连: 大连海洋大学), **2022**.
- [58] Xu H. *Modification of PET Degrading Enzyme and Its Expression and Application in Chassis Strain Bacillus thermoamylovorans*. Wuxi: Jiangnan University (徐翰. PET塑料降解酶的改造及其在底盘菌 Bacillus thermoamylovorans 中的表达与应用. 无锡: 江南大学), **2024**.
- [59] Chen C Q, Han X, Liu W D, Ma L X, Liu K, Guo R T. *Chin. J. Biotechnol.* (陈纯琪, 韩旭, 刘卫东, 马立新, 刘珂, 郭瑞庭. 生物工程学报), **2021**, 37(9): 3268–3275.
- [60] Silva C, Da S, Silva N, Matamá T, Araújo R, Martins M, Chen S, Chen J, Wu J, Casal M, Cavaco-Paulo A. *Biotechnol. J.*, **2011**, 6(10): 1230–1239.
- [61] Ma Y, Yao M D, Li B Z, Ding M Z, He B, Chen S, Zhou X, Yuan Y J. *Engineering* (马渊, 姚明东, 李炳志, 丁明珠, 何博, 陈思, 周晓, 元英进. 工程), **2018**, 4(6): 309–321.
- [62] Furukawa M, Kawakami N, Tomizawa A, Miyamoto K. *Sci. Rep.*, **2019**, 9(1): 16038.
- [63] Feng S. *Heterologous Expression of PET Plastic Hydrolase and Preliminary Exploration on Degradation of PET Plastic*. Nanchang: Jiangxi Science and Technology Normal University (冯赛. PET塑料水解酶的异源表达及对PET塑料的降解初步探索. 南昌: 江西科技师范大学), **2024**.
- [64] Huang Q S, Chen S Q, Zhao X M, Song L J, Deng Y M, Xu K W, Yan Z F, Wu J. *Sci. Total Environ.*, **2024**, 955: 177129.

- [65] Zhang R L, Gao T R, Chen M J, Xiong S, He X Y, Yong B, Shao H H. *J. Sichuan Norm. Univ.: Nat. Sci.* (张榕麟, 高田蕊, 陈美菊, 熊爽, 何欣怡, 雍彬, 邵欢欢. 四川师范大学学报: 自然科学版), **2023**, 46(6): 794–803.
- [66] Yoon M G, Jeon H J, Kim M N. *J. Bioremediat. Biodegrad.*, **2012**, 3: 145.
- [67] Santos-Beneit F, Chen L M, Bordel S, Frutos de la Flor R, García-Depraect O, Lebrero R, Rodríguez-Vega S, Muñoz R, Aragão Börner R, Börner T. *Microorganisms*, **2023**, 11(2): 328.
- [68] Yang Y, Min J, Xue T, Jiang P C, Liu X, Peng R M, Huang J W, Qu Y Y, Li X, Ma N, Tsai F C, Dai L H, Zhang Q, Liu Y L, Chen C C, Guo R T. *Nat. Commun.*, **2023**, 14(1): 1645.
- [69] Akutsu-Shigeno Y, Teeraphatpornchai T, Teamtison K, Nomura N, Uchiyama H, Na-kahara T, Nakajima-Kambe T. *Appl. Environ. Microbiol.*, **2003**, 69(5): 2498–2504.
- [70] Austin H P, Allen M D, Donohoe B S, Rorrer N A, Kearns F L, Silveira R L, Pollard B C, Dominick G, Duman R, El Omari K, Mykhaylyk V, Wagner A, Michener W E, Amore A, Skaf M S, Crowley M F, Thorne A W, Johnson C W, Woodcock H L, McGeehan J E, Beckham G T. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **2018**, 115(19): E4350–E4357.
- [71] Dong X Y, Wu H. *Genom. Appl. Biol.* (董心雨, 吴昊. 基因组学与应用生物学), **2025**, 44(8): 781–790.
- [72] Dhaka V, Singh S, Anil A G, Sunil Kumar Naik T S, Garg S, Samuel J, Kumar M, Ramamurthy P C, Singh J. *Environ. Chem. Lett.*, **2022**, 20(3): 21–24.
- [73] Anand U, Dey S, Bontempi E, Ducoli S, Vethaak A D, Dey A, Federici S. *Environ. Chem. Lett.*, **2023**, 21(3): 21–24.
- [74] Gambarini V, Pantos O, Kingsbury J M, Weaver L, Handley K M, Lear G. *mSystems*, **2021**, 6(1): e01112–20.
- [75] Benavides Fernández C D, Guzmán Castillo M P, Quijano Pérez S A, Carvajal Rodríguez L V. *SN Appl. Sci.*, **2022**, 4(10): 263.
- [76] Xin X W, Chen C, Wu W Q, Chen Q, Li C T. *J. Agro-Environ. Sci.* (辛熙炜, 陈晨, 吴婉晴, 陈倩, 李成涛. 农业环境科学学报), **2025**, 44(2): 342–352.
- [77] Roth C, Wei R, Oeser T, Then J, Föllner C, Zimmermann W, Sträter N. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, **2014**, 98(18): 7815–7823.
- [78] Zhang L T, Zhang B, Xu W D, Cui Z L, Cao H. *Chin. J. Biotechnol.* (张李婷, 张博, 许维东, 崔中利, 曹慧. 生物工程学报), **2023**, 39(5): 1949–1962.
- [79] Xie Y. *Study on Highly Efficient Petroleum Alkane-degrading Bacteria and Construct-ion of Engineered Bacteria for Crude Oil Degradation*. Xi'an: Northwest University (谢云. 高效石油烷烃降解菌及原油降解基因工程菌构建研究. 西安: 西北大学), **2014**.
- [80] Bell E L, Smithson R, Kilbride S, Foster J, Hardy F J, Ramachandran S, Tedstone A A, Haigh S J, Garforth A A, Day P J R, Levy C, Shaver M P, Green A P. *Nat. Catal.*, **2022**, 5(8): 673–681.
- [81] Gates E, Crook N. *FEMS Microbiol. Rev.*, **2024**, 48(6): fue027.
- [82] Tournier V, Duquesne S, Guillamot F, Cramail H, Taton D, Marty A, André I. *Chem. Rev.*, **2023**, 123(9): 5612–5701.
- [83] Zumstein M T, Rechsteiner D, Roduner N, Perz V, Ribitsch D, Guebitz G M, Kohler H P E, McNeill K, Sander M. *Environ. Sci. Technol.*, **2017**, 51(13): 7476–7485.
- [84] Tribelli P M, Rossi L, Ricardi M M, Gomez-Lozano M, Molin S, Raiger Iustman L J, Lopez N I. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.*, **2018**, 45(1): 15–23.
- [85] Cai Z M, Li M Q, Zhu Z Y, Wang X C, Huang Y Y, Li T M, Gong H, Yan M T. *Microorganisms*, **2023**, 11(7): 1661.
- [86] Liu X M, Chen Z H, Liu X Y, Zhu T, Sun J Y, Li C L, Cui Y L, Wu B. *Chin. J. Catal.* (刘晓萌, 陈泽华, 刘欣悦, 朱彤, 孙璠原, 李春立, 崔颖璐, 吴边. 催化学报), **2025**, 78: 182–191.
- [87] Bao T, Qian Y C, Xin Y P, Collins J J, Lu T. *Nat. Commun.*, **2023**, 14(1): 5712.
- [88] Zhang H B, Zhang L H, Shi Y B, Fan C, Zhu M Z, Jiang H, Xia Y Y, Yang H Q, Shen W, Zhou L, Chen X Z. *J. Hazard. Mater.*, **2025**, 497: 139484.
- [89] Roberts C, Edwards S, Vague M, León-Zayas R, Scheffer H, Chan G, Swartz N A, Mellies J L. *mSphere*, **2020**, 5(6): e01151–20.

(责任编辑: 盛文彦)