

# 污泥微生物菌群在聚苯乙烯与聚丙烯塑料生物降解中的协同代谢机制

周颖<sup>1</sup>, 顾卫华<sup>1\*</sup>, 白建峰<sup>1</sup>, 王瑞雪<sup>1</sup>, 张承龙<sup>1</sup>, 郭耀广<sup>1</sup>, 卢聪<sup>2</sup>, 陈善平<sup>3</sup>

1 上海第二工业大学 资源与环境工程学院, 上海

2 上海东方国际集团环境科技有限公司, 上海

3 上海清宁环境规划设计有限公司, 上海

周颖, 顾卫华, 白建峰, 王瑞雪, 张承龙, 郭耀广, 卢聪, 陈善平. 污泥微生物菌群在聚苯乙烯与聚丙烯塑料生物降解中的协同代谢机制[J]. 微生物学报, 2026, 66(4): 1956-1974.

ZHOU Ying, GU Weihua, BAI Jianfeng, WANG Ruixue, ZHANG Chenglong, GUO Yaoguang, LU Cong, CHEN Shanping. Synergistic metabolic mechanisms of sludge microbial communities in the biodegradation of polystyrene and polypropylene[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(4): 1956-1974.

**摘要:**【目的】获取可降解聚苯乙烯(polystyrene, PS)和聚丙烯微塑料(polypropylene, PP)的微生物菌群, 解析其降解效能与协同机制, 为二者原位生物修复提供资源与理论支撑, 深化对菌群协同降解复杂污染物机制的理解。【方法】从受塑料污染的企业活性污泥中富集可降解 PS 和 PP 的微生物菌群; 通过 60 d 降解实验, 结合质量损失率评估菌群对 2 种微塑料的降解效果; 利用扫描电子显微镜(scanning electron microscope, SEM)、水接触角(water contact angle, WCA)、凝胶渗透色谱(gel permeation chromatography, GPC)等技术表征微塑料的表面结构、疏水性及分子量变化; 借助傅里叶变换红外光谱(fourier transform infrared spectroscopy, FTIR)与气相色谱-质谱联用(GC-MS)分析微塑料的降解产物及代谢途径; 通过宏基因组分析明确菌群的优势类群、核心功能菌及其编码的相关酶, 探究菌群协同降解机制。【结果】富集菌群以芽孢杆菌门和假单胞菌门为优势类群, 芽孢杆菌属启动初始降解, 无色杆菌属参与中间代谢, 形成“启动-代谢”协同网络; 60 d 内无需预处理即可降解 PS 和 PP, 质量损失率分别达(13.4±2.3)%和(23.2±2.4)%; 表征证实微塑料表面被破坏、疏水性降低、分子量下降; FTIR 与 GC-MS 揭示 PS 经苯环羟基化等生成酚类和醛类, 通过芳香族途径进入三羧酸

资助项目: 国家自然科学基金(42571076); 上海市科委地方院校能力提升计划(23010500500); 上海市科学技术委员会基金(23DZ1201503); 上海市浦东新区民生科研项目(PKJ2023-C07, PKJ2024-C02); 贵州省重点科技研发计划 [QKHZC(2024)153]

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (42571076), the Local College Capacity Building Project (23010500500), the Science and Technology Committee Foundation of Shanghai (23DZ1201503), the Shanghai Pudong New Area Livelihood Research Project (PKJ2023-C07, PKJ2024-C02), and the Guizhou Provincial Key Technology Research and Development Program [QKHZC(2024)153].

\*Corresponding author. E-mail: whgu@sspu.edu.cn

Received: 2025-08-21; Accepted: 2025-10-04; Published online: 2025-10-27

循环(TCA 循环), PP 经“羟基化→羧基化→酯化”氧化链, 通过脂肪酸代谢途径; 宏基因组功能注释显示, 芽孢杆菌属与无色杆菌属基因编码的初始降解酶、代谢酶功能互补, 构成高效降解的分子基础。【结论】本研究发现的微生物菌群可高效降解 PS 和 PP, 推测其核心功能菌芽孢杆菌属和无色杆菌属通过“启动-代谢”的协同网络及功能互补的酶系实现对 2 种微塑料的降解, 为源头控制后残留微塑料的治理提供参考, 同时加深了对菌群协同降解复杂污染物机制的认识。

关键词: 聚苯乙烯; 聚丙烯; 微生物菌群; 生物降解; 协同代谢; 宏基因组学

## Synergistic metabolic mechanisms of sludge microbial communities in the biodegradation of polystyrene and polypropylene

ZHOU Ying<sup>1</sup>, GU Weihua<sup>1\*</sup>, BAI Jianfeng<sup>1</sup>, WANG Ruixue<sup>1</sup>, ZHANG Chenglong<sup>1</sup>, GUO Yaoguang<sup>1</sup>, LU Cong<sup>2</sup>, CHEN Shanping<sup>3</sup>

1 School of Resources and Environmental Engineering, Shanghai Polytechnic University, Shanghai, China

2 Orient International Holding Shanghai Environmental Technology Co., Ltd., Shanghai, China

3 Shanghai Qingning Environmental Planning and Design Co., Ltd., Shanghai, China

**Abstract:** [Objective] To obtain microbial communities capable of degrading polystyrene microplastics (PS) and polypropylene microplastics (PP) and analyze their degradation efficiency and synergistic mechanisms, thus providing resources and theoretical support for the *in-situ* bioremediation and enriching our understanding of the mechanisms underlying the synergistic degradation of complex pollutants by microbial communities. [Methods] The microbial communities capable of degrading PS and PP were enriched from plastic-contaminated activated sludge of enterprises. A 60-day degradation experiment was carried out to evaluate the degradation efficiency of the microbial communities on the two microplastics based on the weight loss rate. The surface structures, hydrophobicity, and molecular weight changes of microplastics were characterized by scanning electron microscopy (SEM), water contact angle (WCA), and gel permeation chromatography (GPC). Fourier transform infrared spectroscopy (FTIR) and GC-MS were employed to analyze the degradation products and metabolic pathways of microplastics. The dominant groups, core functional bacteria, and their encoded related enzymes in the microbial communities were clarified through metagenomic analysis, on the basis of which the synergistic degradation mechanisms of the microbial communities were explored. [Results] The enriched microbial communities were dominated by *Bacillota* and *Pseudomonadota*. *Bacillus* initiated the initial degradation and *Achromobacter* participated in the intermediate metabolism, forming an “initiation-metabolism” synergistic network. PS and PP could be degraded without pretreatment within 60 days, with weight loss rates of (13.4±2.3)% and (23.2±2.4)%, respectively. Characterization confirmed that the microplastics during degradation presented damaged surfaces,

reduced hydrophobicity, and decreased molecular weights. FTIR and GC-MS revealed that PS generated phenols and aldehydes through benzene ring hydroxylation and other processes, and entered the tricarboxylic acid cycle through the aromatic degradation pathway; PP were metabolized through the fatty acid degradation pathway *via* the oxidation chain of hydroxylation→carbonylation→esterification. The functional annotation of metagenomic data revealed that the genes encoding primary degradative enzymes and metabolic enzymes from *Bacillus* and *Achromobacter* exhibited complementary functions, forming the molecular basis for efficient degradation. **[Conclusion]** The microbial communities identified in this study efficiently degrade PS and PP. It is hypothesized that their core functional bacteria, *Bacillus* and *Achromobacter*, achieve degradation of both microplastics through a synergistic “initiation-metabolism” network and functionally complementary enzyme systems. This provides insights for managing residual microplastics after source control and deepens our understanding of the mechanisms underlying microbial synergistic degradation of complex pollutants.

**Keywords:** polystyrene; polypropylene; microbial communities; biodegradation; synergistic metabolism; metagenomics

塑料制品已广泛渗透至现代生活的各个领域，塑料产量持续攀升，预计到 2050 年其产量甚至可能超过 8 亿 t<sup>[1]</sup>。塑料具有强疏水性，这一特性使其成为疏水性污染物的理想载体，同时微塑料具有可迁移性，会扩大病原体传播范围，叠加其疏水性带来的污染物富集效应<sup>[2]</sup>。这些特性使得塑料废物成为传播有害污染物、威胁人类健康的重要媒介<sup>[3]</sup>。在外力作用(如紫外线照射)下，塑料会分解成微小颗粒，即微塑料(microplastics, MP, 直径小于 5 mm)。基于其微小的尺寸，微塑料在环境中表现出更高的耐久性，且容易被生物体摄入<sup>[4]</sup>。因此，塑料废物，尤其是微塑料，被视是一种新出现的且近乎永久性的环境污染物<sup>[5]</sup>。

聚苯乙烯(polystyrene, PS)和聚丙烯(polypropylene, PP)是全球应用最为广泛的塑料之一，广泛应用于服装、通信、建筑、交通、食品等多个领域<sup>[6-8]</sup>。二者均为长碳链高分子结构，具有极强的化学稳定性和抗环境降解性<sup>[6,8]</sup>。近年来，在众多塑料降解方式中生物降解技术因其环境友好、可持续等优势而备受关注<sup>[9]</sup>。目前，对塑料降解微生物的研究仍较为有限，大多集中在实验室分离的纯菌株或特定生态系统

的研究<sup>[10]</sup>。研究人员已从土壤、垃圾填埋场、活性污泥、湖泊沉积物、海水、昆虫肠道等环境中分离筛选出多种能够降解 PS 和 PP 的微生物菌株，如从土壤中分离出的酯芳香微杆菌，21 d 后对 PS 的降解率为 13.2%<sup>[11]</sup>；从垃圾填埋场分离出的假单胞菌和赖氨酸芽孢杆菌，30 d 后对 PS 的降解率分别为 2.3% 和 7.0%<sup>[12]</sup>；从超级蠕虫肠道中分离出的铜绿假单胞菌，30 d 后 PS 表面形成生物膜<sup>[13]</sup>；从湖泊沉积物中分离到的蜡状芽孢杆菌，50 d 降解后 PS 的失重率为 10.7%<sup>[14]</sup>；从通迪海岸海水中分离出的热带芽孢杆菌、蜡状芽孢杆菌、嗜酸性寡养单胞菌、假中间布鲁氏菌和在拉梅斯瓦拉姆海岸海水中分离的蜡状芽孢杆菌，28 d 降解后处理组 PP 的失重率分别为(51.5±0.5)%、(47.5±0.5)%、(33.0±1.0)%、(28.5±0.5)%和(35.5±0.5)%<sup>[15]</sup>；从垃圾填埋场分离出的嗜热菌属，90 d 后对 PP 的生物降解效率可达 12.7%–20.3%，且分子量显著增加<sup>[16]</sup>；从红树林沉积物中分离出的芽孢杆菌和红球菌，培养 40 d 后对 PP 的降解率分别为 4.0% 和 6.4%<sup>[17]</sup>。然而，纯微生物培养物在原位应用时存在诸多局限，如环境适应性差、难以存活定殖，功能单一、缺乏协同代谢，遗传稳

定性不足、存在生态风险以及应用成本较高等<sup>[18]</sup>。纯培养物如同“单兵作战”的功能单元,受个体能力边界的限制;而微生物菌群则是一个“协同作战”的生态系统,通过群体协作突破功能极限,相较于纯培养物,微生物菌群的核心优势体现在其系统性协同效应与生态适配能力<sup>[19-20]</sup>。目前,针对 PS 和 PP 的“双降解”菌群研究较少,其协同机制尚不明确。

本研究聚焦于受塑料污染的企业活性污泥,通过富集培养获得可高效降解 PS 和 PP 的微生物菌群,明确微生物菌群的核心功能菌及群落特征。利用多维度手段验证微生物菌群的塑料降解能力揭示菌群对 2 种微塑料的降解路径及协同代谢机制。研究结果不仅有助于深化对微生物菌群驱动的 PS 和 PP 降解过程的理解,为源头控制后残留微塑料的治理提供参考,更期望为废弃塑料生物解聚资源化提供微生物资源与分子机制的理论支撑。

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 土壤与塑料样品

本研究的活性污泥样品采集自中国浙江省宁波市(30°15'N, 121°33'E)一家受各类塑料废弃物污染的塑料生产企业。考虑到该区域长期存在塑料污染暴露史,推测其污泥中可能存在能适应塑料污染环境的微生物。为保证样品的代表性,从 3 个不同点位采集污泥后将其混合均匀,装入无菌容器,于-80 °C避光条件下保存,以备后续实验使用。

实验所用的聚苯乙烯和聚丙烯塑料颗粒(中国石油化工股份有限公司茂名分公司)为 60 目白色球形颗粒,纯度不低于 95%。塑料颗粒使用前经体积分数为 75% 的乙醇超声清洗 3 次(每次 10 min),再用 254 nm、30 W 的紫外灭菌 30 min,确认灭菌前后质量无显著变化,以备后续分析。

### 1.2 培养基

实验所用培养基分为 2 类,其中无机盐培

养基(minimal salt medium, MSM)用于塑料降解菌的筛选及降解实验,营养肉汤培养基(nutrient broth, NB)用于该类菌群的富集培养<sup>[21]</sup>。无机盐培养基(g/L):硫酸铵 1.5,氯化钠 0.5,磷酸二氢钾 1.5,磷酸氢二钾 0.5,七水硫酸镁 0.2, pH 7.0。营养肉汤培养基(g/L):蛋白胨 10.0,牛肉浸出粉 3.0,氯化钠 5.0, pH 7.0。所有化学试剂均购自泰坦科技探索平台,且培养基均经 121 °C灭菌 20 min 冷却后使用。

### 1.3 微生物富集和降解实验

取 1 g 污泥样品,加入 50 mL 无菌去离子水,25 °C、180 r/min 振荡 1 h,静置 20 min,取 1 mL 上清液接种至 50 mL 含 1 g PS 或 PP 的 MSM 中(塑料为唯一碳源和能源),30 °C、140 r/min 培养 7 d。取 1 mL 培养物转接至新鲜 MSM 中,重复富集 3 次,获得稳定的 PS-degradation 和 PP-degradation 菌群<sup>[22]</sup>。将富集菌群接种至 NB 培养基,30 °C、140 r/min 培养至对数期( $OD_{600}=0.7$ ),取 1 mL 菌液分别接种至 50 mL 含 1 g PS 或 PP 的 MSM 中,30 °C、140 r/min 培养 60 d。设置 3 组平行实验,对照组为仅含 1 g 微塑料不含菌群的 MSM。实验期间通过酶标仪[赛默飞世尔科技(中国)有限公司]定期测定  $OD_{600}$  值,监测微生物生长。

### 1.4 宏基因组分析

为研究微生物及其功能基因,选取原始污泥(CK),以及生物降解能力最优的 PS-degradation 菌群和 PP-degradation 菌群,采用 FastPure Stool DNA Isolation Kit (上海美吉生物医药科技有限公司)提取总 DNA,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性,用 Qubit 4.0 定量(浓度 $\geq 50$  ng/ $\mu$ L)。使用超声破碎仪(中国基因科技有限公司)将 DNA 片段化为 350 bp 左右,超声破碎条件为:功率 200 W,工作 3 s,间隔 5 s,循环 30 次;构建 Illumina PE 文库,通过 Illumina NovaSeq<sup>TM</sup> X Plus 平台(上海美吉生物医药科技有限公司)进行宏基因组测序。

基因序列处理方面, 原始测序数据经 Trimmomatic (v0.39) 过滤 [去除接头、低质量 reads ( $Q < 20$ )], 获得高质量 clean reads; 使用 CD-HIT (<http://weizhongli-lab.org/cd-hit/>, v4.7) 对预测基因进行聚类 (90% 一致性、90% 覆盖率), 构建非冗余基因集; 通过 SOAPaligner 软件 (<https://github.com/ShujiaHuang/SOAPaligner>, vsoap2.21 release) 将 clean reads 与非冗余基因集比对, 计算基因丰度; 采用 Diamond (<https://github.com/bbuchfink/diamond>, v2.0.13) 将基因序列与 NR 数据库 (v2023.03) 比对进行物种注释, 与 KEGG 数据库 (v99.0) 比对进行功能注释 (KO 编号、代谢通路); 所有分析在 Majorbio Cloud Platform (<http://www.majorbio.com>) 平台完成。

## 1.5 生物降解潜力研究

培养 60 d 后, 将培养液以 8 000 r/min 离心 10 min 实现固液分离, 收集各组微塑料。回收的塑料颗粒依次经质量体积分数为 2% 的十二烷基硫酸钠溶液 (SDS) 浸泡 2 h、超声清洗 30 min, 再用 75% 乙醇浸泡 1 h, 用无菌去离子水冲洗 3 次, 50 °C 烘干至恒重<sup>[23-24]</sup>。使用精度达 0.000 1 g<sup>[25]</sup> 的分析天平称量降解前后干燥塑料的质量, 以此计算降解程度, 并通过一级动力学模型计算降解速率常数和半衰期<sup>[17]</sup>, 如公式 (1)–(3) 所示。

$$\text{质量损失率} = \frac{(W_0 - W_1)}{W_0} \times 100\% \quad (1)$$

$$\text{速率常数 } K = -\frac{1}{t} \left( \ln \frac{W_1}{W_0} \right) \quad (2)$$

$$\text{半衰期 } t_{1/2} = \ln \frac{2}{K} \quad (3)$$

式中:  $W_0$  为塑料颗粒的初始质量,  $W_1$  为塑料颗粒的残余质量,  $t$  为塑料颗粒发生质量变化或反应所经历的时间,  $K$  为每天塑料吸收的一级速率常数。

## 1.6 PS 和 PP 降解前后的特性分析

### 1.6.1 扫描电子显微镜 (scanning electron microscope, SEM) 分析

取对照组和处理组微塑料样品, 在观察前

于氩气氛围下用溅射镀膜仪 (Quorum Technologies 公司) 镀金, 使用扫描电子显微镜 [日立 (中国) 有限公司] 观察表面形貌, 加速电压 15 kV, 在放大倍数 3 500× 下进行二次电子成像。

### 1.6.2 水接触角 (water contact angle, WCA) 分析

采用接触角测量仪 (成都领度仪器有限公司) 测定静态水接触角 (WCA)。将干燥的微塑料均匀铺展在洁净玻璃载玻片上, 滴加 5  $\mu$ L 去离子水, 30 s 后拍摄图像, 使用 FAMES 软件计算接触角, 每组测定 5 个不同位置, 取平均值<sup>[26]</sup>。

### 1.6.3 凝胶渗透色谱 (gel permeation chromatography, GPC) 分析

精确称取 (10.0  $\pm$  0.1) mg 干燥微塑料, PS 样品溶于 10 mL 色谱纯四氢呋喃 (tetrahydrofuran, THF), PP 样品溶于 10 mL 色谱纯三氯苯 (150 °C), 磁力搅拌 24 h 至完全溶解, 经 0.22  $\mu$ m 有机相滤膜过滤。采用凝胶渗透色谱仪 [安捷伦科技 (中国) 有限公司] 测定分子量: PS 使用 PLgel 5  $\mu$ m MIXED-C 色谱柱 (300 mm  $\times$  7.5 mm), 柱温 35 °C, THF 为流动相 (流速 1.0 mL/min); PP 使用 PLgel 10  $\mu$ m MIXED-B 色谱柱 (300 mm  $\times$  7.5 mm), 柱温 150 °C, 三氯苯为流动相 (流速 1.0 mL/min)。以窄分布聚苯乙烯标准品 (500–200 000 Da) 校准, 计算数均分子量 ( $M_n$ )、重均分子量 ( $M_w$ ) 和尺寸平均分子量 ( $M_z$ )。

## 1.7 富集微生物菌群在 PS 和 PP 生物降解过程中代谢产物分析

取 1 mg 干燥微塑料 100 mg 溴化钾 (KBr) 混合研磨至粉末, 在 10 MPa 压力下压片 30 s, 使用傅里叶变换红外光谱仪 [赛默飞世尔科技 (中国) 有限公司] 扫描, 波数范围 4 000–500  $\text{cm}^{-1}$ , 分辨率 4  $\text{cm}^{-1}$ , 扫描 32 次, 背景扣除空气干扰<sup>[27]</sup>。

取 50 mL 培养液, 25 °C、8 000 r/min 离心 10 min, 收集上清液, 用等体积色谱纯二氯甲烷萃取 3 次, 合并有机相并用无水硫酸钠脱水, 经 0.22  $\mu$ m 有机相滤膜过滤, 35 °C 氮吹浓缩至

1 mL, 取 1  $\mu$ L 进样。采用气相色谱-质谱联用仪(毛细管柱, 30 m $\times$ 0.25 mm $\times$ 0.25  $\mu$ m, 安捷伦公司)检测: 载气为高纯氦气(99.999%), 流速 1.0 mL/min, 分流比 10:1; 进样口温度 280  $^{\circ}$ C, 传输线温度 280  $^{\circ}$ C, 离子源(electron ionization, EI)温度 230  $^{\circ}$ C, 四极杆温度 150  $^{\circ}$ C; 程序升温: 50  $^{\circ}$ C 保持 2 min, 以 10  $^{\circ}$ C/min 升至 280  $^{\circ}$ C, 保持 15 min; 扫描范围  $m/z$  50–500, 溶剂延迟 3 min。通过 NIST 2020 数据库比对鉴定代谢产物, 匹配度 $>$ 80% 视为有效鉴定, 采用面积归一化法计算相对含量<sup>[28]</sup>。

## 2 结果与讨论

### 2.1 微生物群落构建及分类学分析

图 1 呈现了从门到属水平, 污泥样本及培养物中微生物菌群的分类情况<sup>[29]</sup>。在门水平上(图 1A), CK 中芽孢杆菌门占绝对优势(99.5%), 假单胞菌门仅占 0.3%。在 PS-degradation 和 PP-degradation 菌群中芽孢杆菌门仍然是最主要的门类, 但在 PS-degradation 中其相对丰度下降至 59.6%, 在 PP-degradation 中下降至 76.9%。已有研究证实, 芽孢杆菌门因能分泌多种降解酶(如氧化酶、水解酶), 在多种难降解有机污染物的生物降解过程中发挥关键作用<sup>[30]</sup>。假单胞菌门相对丰度显著上升, 且在 PS-degradation 和 PP-degradation 中成为第二丰富的门类, 占比分别为 40.4% 和 23.1%。放线菌门在污泥样本中占比极低, 仅为 0.02%, 经 60 d 降解后, 在 PS-degradation 和 PP-degradation 微生物菌群中占比降至 0.000 5% 和 0.000 1%, 揭示其对 PS 或 PP 环境适应性差。与原始污泥相比, 假单胞菌门丰度增加, 反映其对环境中 PS 和 PP 存在的适应性增强; 而芽孢杆菌门丰度下降, 则暗示着 PS 和 PP 的存在对该菌生长有负面影响。

在科水平上(图 1B), CK 中芽孢杆菌科(98.1%)、类芽孢杆菌科(0.2%)、链球菌科(1.1%)和未分类的有尾噬菌体目科(0.2%)是最丰富的类群。在 3 个微生物菌群中芽孢杆菌科丰度均较

高(均 $>$ 50.0%)。在属水平上(图 1C), 芽孢杆菌属同样占最高丰度。已有研究证实了芽孢杆菌属在塑料降解中的应用, 它可作为多种聚合物的潜在塑料降解菌。Yuan 等<sup>[14]</sup>从湖泊沉积物中分离出蜡状芽孢杆菌, 经 50 d 降解, PS 失重 10.7%, 平均降解速率达 0.967 mg/d; Jeyavani 等<sup>[15]</sup>从塑料污染沿海地区的土壤和水样中分离出热带芽孢杆菌和蜡状芽孢杆菌, 28 d 后对 PP 的降解率分别达(51.5 $\pm$ 0.5)%和(47.5 $\pm$ 0.5)%。此外, 芽孢杆菌属还被用于降解聚乙烯(polyethylene, PE)<sup>[31-32]</sup>、聚对苯二甲酸乙二醇酯(polyethylene terephthalate, PET)<sup>[33]</sup>、聚氯乙烯(polyvinyl chloride, PVC)<sup>[34]</sup>和聚氨酯(polyurethane, PU)<sup>[35]</sup>。值得关注的是, 无色杆菌属作为 PS-degradation 和 PP-degradation 微生物菌群(隶属产碱杆菌科)中的主要属, 在两者中占比分别为 38.8% 和 22.4%, 但在原始污泥样本中几乎不存在。类芽孢杆菌属隶属类芽孢杆菌科, 是 PS-degradation 中第三大丰富属, 占 3.1%, 而在原始污泥样品和 PP-degradation 中仅占 0.1%。类芽孢杆菌属作为一种具有降解碳氢化合物和聚合物的典型属, 虽然尚无研究指出其降解 PS 和 PP, 但已有研究指出该属生物降解聚丁二酸丁二醇酯-对苯二甲酸丁二醇酯 [poly(butylene succinate-co-butylene terephthalate, PBST)]<sup>[36]</sup>、PE<sup>[37-38]</sup>的能力。

综上所述, 本研究以 PS 和 PP 为唯一碳源富集污泥中的降解菌群, 过程中群落结构发生适应性筛选, 而这种经富集形成的稳定功能菌群是保障后续微塑料降解代谢及种间协同作用的基础<sup>[39]</sup>。其中, 假单胞菌门与无色杆菌属等类群的丰度上升, 体现了它们对 PS 或 PP 污染环境的适应性; 芽孢杆菌属作为优势类群, 可能在 PS 与 PP 的降解过程中发挥核心作用, 进而驱动功能基因的表达变化<sup>[40]</sup>。

### 2.2 富集微生物菌群对 PS 和 PP 的生物降解

#### 2.2.1 富集微生物菌群降解塑料的表征

在 60 d 的降解周期内, 以特定时间间隔

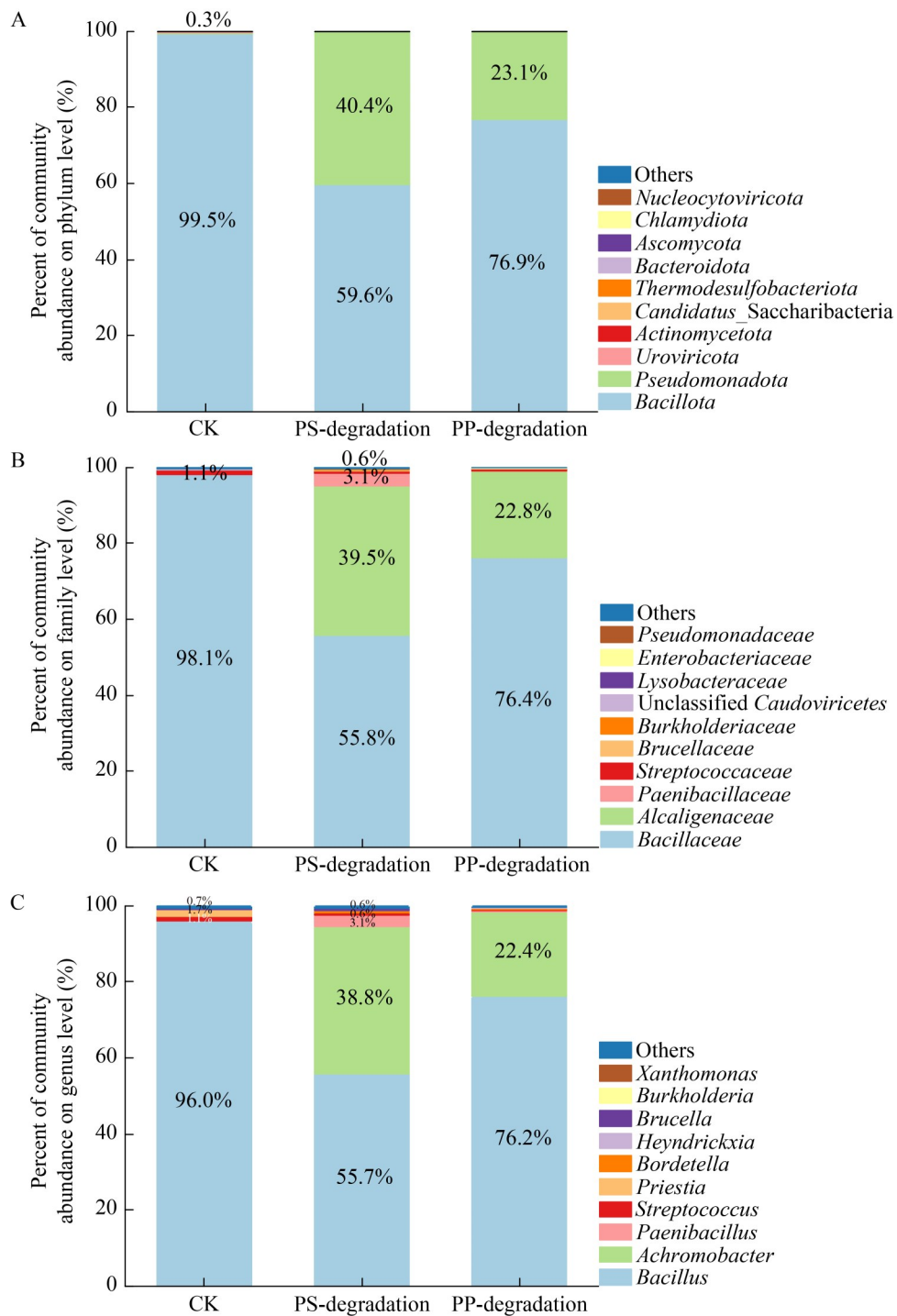
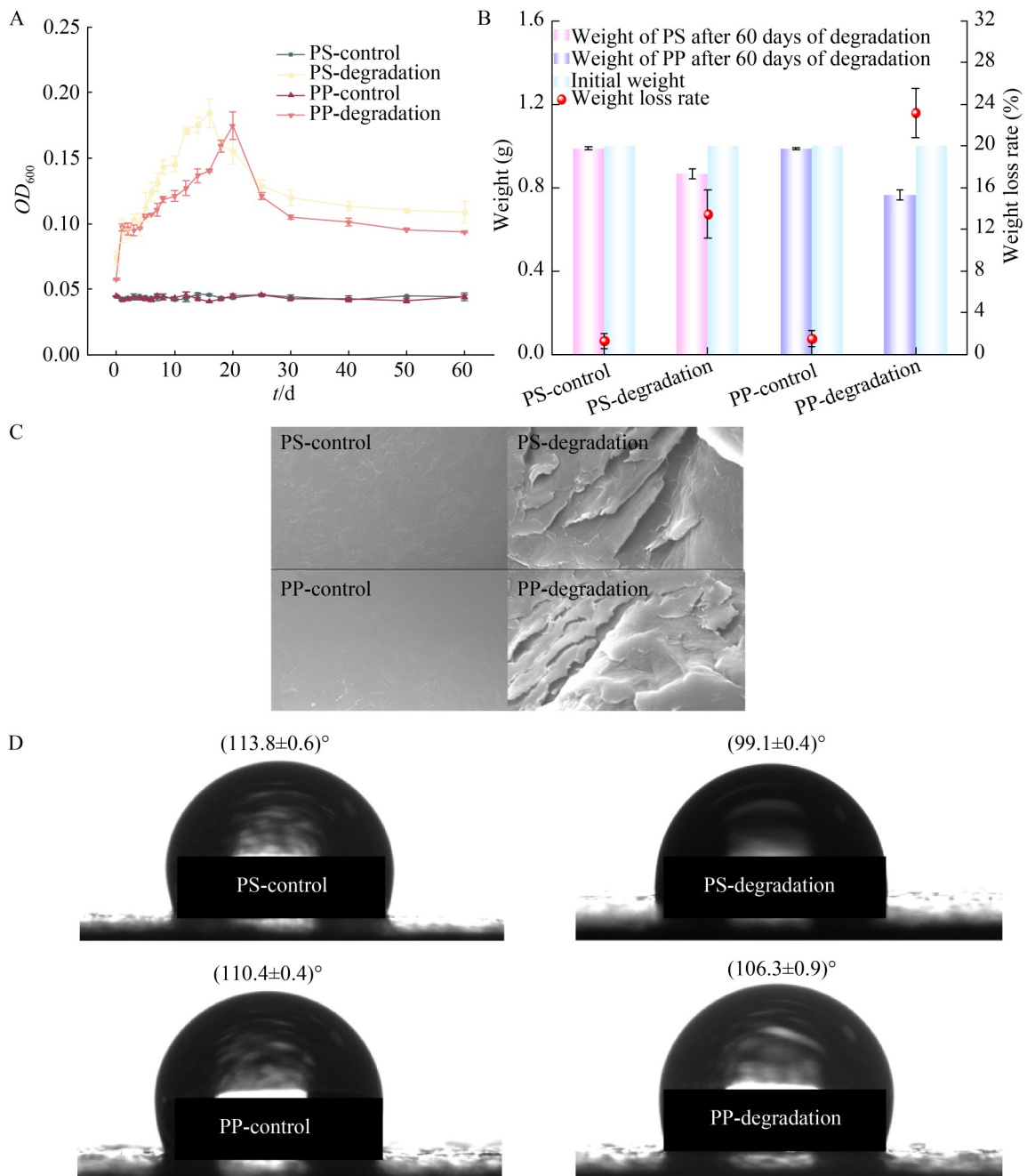


图1 微生物菌群群落结构在PS和PP降解过程中的变化

Figure 1 Changes in microbial community structure during PS and PP degradation processes. A: Phylum level; B: Family level; C: Genus level. CK: Original sludge; PS: PS-degradation microflora; PP: PP-degradation microflora.

(0–8 d 每 1 d、8–20 d 每 2 d、20–30 d 每 5 d、30–60 d 每 10 d)对无机盐培养基中培养物的生长情况进行光谱分析, 得到生长曲线。以 PS 和 PP 为唯一碳源的培养物生长模式具有相似性, 均呈现先大量增殖, 随后下降并趋于稳定的特征。PS 处理组和 PP 处理组菌群的  $OD_{600}$  值均在培养 16–20 d 达到峰值[分别为(0.184±0.012)和

(0.175±0.009)](图 2A)。这一阶段的增长暗示着, 此时期有助于微生物细胞膜与微塑料之间产生相互作用, 进而加快代谢进程, 可能会对微塑料的生物降解产生推动作用<sup>[41]</sup>。在暴露于 PS 的第 16 天和暴露于 PP 的第 20 天后, 培养物的生长出现急剧下滑, 推测这可能是由于营养物质的耗尽, 或者是培养基中存在抑制性产物所造成的。



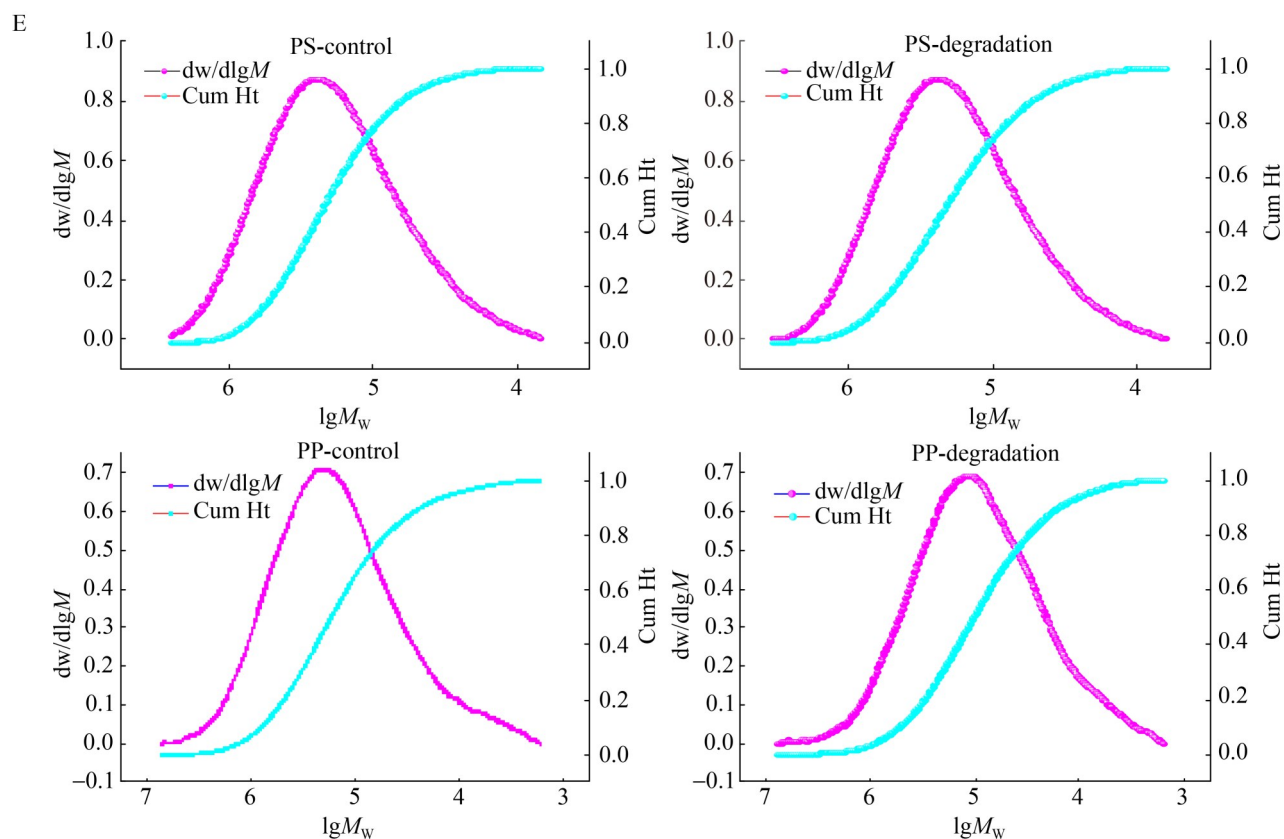


图2 经富集微生物菌群处理60 d前后PS和PP的表征

Figure 2 Characterization of PS and PP before and after 60 days of treatment with enriched microbial communities. A: Growth curves; B: Weight loss; C: Scanning electron microscope images of the plastic surface; D: Water contact angle; E: GPC molecular weight distribution.

质量损失是衡量 PS 和 PP 降解程度的直观指标, 相关结果如图 2B 所示<sup>[42]</sup>。60 d 后, PS 质量损失率为 $(13.4\pm 2.3)\%$ , PP 为 $(23.2\pm 2.4)\%$ , 显著高于对照组。这一结果表明, 富集培养物对 PS 和 PP 具有降解作用。此外, 通过测定 PS 和 PP 的降解速率常数和半衰期发现, PS 的降解速率为 $0.0024\text{ d}^{-1}$ , 半衰期为 288.8 d; 而 PP 的降解速率常数为 $0.0044\text{ d}^{-1}$ , 半衰期则为 157.5 d。这表明 PP 的降解效率比 PS 高, 可能是由于 PP 的化学结构相对简单, 其分子链上的侧基较少, 更容易被微生物分泌的酶攻击和分解。相比之下, PS 的分子结构较为复杂, 含有较多的苯环结构, 这可能增加了其抗降解性,

导致其降解速率较慢, 半衰期较长<sup>[43]</sup>。然而, 微塑料的降解是一个复杂的过程, 受多种因素的影响, 因此还需要进一步优化降解条件, 提高降解效率以实现微塑料污染的有效治理。

SEM 分析结果进一步印证了微生物菌群对 PS 和 PP 的降解作用, 具体体现为表面形态的改变(图 2C)。处理组表面出现明显的生物侵蚀特征, 如不规则裂纹、密集凹坑及片状剥落, 这可能是微生物分泌的降解酶(如酯酶、氧化酶等)断裂聚合物碳链, 加之菌群定殖与代谢活动加剧表面磨损的结果<sup>[44]</sup>; 而对照组表面则保持相对光滑均匀的原始状态, 排除了非生物因素的干扰, 证实微生物菌群对破坏塑料表面物理

完整性的关键作用。这种表面损伤与质量损失相呼应, 表明表面侵蚀是降解的重要起始步骤——它增加了塑料与微生物及酶的接触面积, 为深度降解创造条件, 从微观层面印证了微生物的降解潜力, 也与菌群结构分析呼应, 提示芽孢杆菌属、无色杆菌属等优势菌群可能是引发表面侵蚀的关键类群<sup>[45]</sup>。

PS 的 WCA 从 $(113.8 \pm 0.6)^\circ$ 降至 $(99.1 \pm 0.4)^\circ$ , PP 从 $(110.4 \pm 0.4)^\circ$ 降至 $(106.3 \pm 0.9)^\circ$  (图 2D)。2 种塑料经微生物处理后疏水性均降低, 这可能是由于微生物降解过程中塑料表面被引入羟基、羧基等极性基团, 改变了表面化学特性, 使亲水性增强<sup>[46]</sup>。该结果与质量损失、SEM 观察到的表面侵蚀现象相呼应, 从表面性质变化角度进一步证实了富集微生物菌群对 PS 和 PP 的降解潜力<sup>[47]</sup>。

为验证微生物菌群对塑料的生物降解及解聚效能, 实验对比了处理前后 PS 和 PP 的数均分子量( $M_n$ )、重均分子量( $M_w$ )与尺寸均分子量( $M_z$ ) (表 1)。结果显示, 经微生物菌群作用后, 2 种塑料的上述分子量参数均较对照组显著降低, 与质量损失结果形成呼应, 且 PP 的降解效果更优。结合  $M_w$  分布曲线(图 2E)可见, 处理后的 PS 和 PP 在低分子量区域信号增强, 高分子量区域占比减少, 表明长链聚合物经微生物解聚作用断裂为小分子片段<sup>[16]</sup>。这一变化印证了微生物菌群通过破坏聚合物长链结构、生成低分子量产物实现降解的机制<sup>[48]</sup>, 且与 SEM 观察到的表面侵蚀、水接触角反映的疏水性下降等结果共同构成证据链, 进一步证实了菌群对 PS

和 PP 的降解能力。

## 2.2.2 基于官能团演变与产物鉴定进行 PS 与 PP 生物降解代谢特征分析

为了更全面地分析 PS 和 PP 生物降解过程中的代谢产物, 本研究结合傅里叶变换红外光谱(FTIR) (图 3)和 GC-MS 技术(图 4), 从官能团演变和代谢产物鉴定 2 个维度展开分析。聚合物的生物降解通常始于官能团氧化<sup>[49]</sup>。对于 PS 的红外光谱图, 对照组和处理组均呈现出特征峰, 其中  $2923\text{ cm}^{-1}$  和  $2852\text{ cm}^{-1}$  处的  $\text{CH}_2$  对称及不对称伸缩峰, 与 GC-MS 检测到的十四烷( $\text{C}_{14}\text{H}_{30}$ )、二十烷( $\text{C}_{20}\text{H}_{42}$ )等长链烷烃相印证, 表明 PS 主链或侧链烷烃发生断裂并生成小分子烷烃产物<sup>[50]</sup>;  $697$ 、 $755$ 、 $907$ 、 $1449$ 、 $1493\text{ cm}^{-1}$  显示出的苯环特征峰, 表明苯环骨架未完全断裂, 但存在官能团修饰<sup>[51-52]</sup>。经微生物菌群处理后, PS-degradation 在  $3672\text{ cm}^{-1}$  出现  $-\text{OH}$  宽峰, 说明生物降解过程中产生了羟基; 与对照组相比,  $1374\text{ cm}^{-1}$  的  $-\text{OH}$  弯曲峰强度降低, 暗示羟基可能参与后续氧化反应。这与 GC-MS 检测到的 2,4-二叔丁基苯酚( $\text{C}_{14}\text{H}_{22}\text{O}$ , 保留时间 20.5 min)直接对应, 该物质含酚羟基结构, 证实 PS 在微生物作用下发生羟基化修饰, 且酚类产物可能是羟基进一步转化的前体。FTIR 在  $1600\text{ cm}^{-1}$  附近存在  $-\text{C}=\text{O}$  羰基伸缩吸收, 对应醛、酮类代谢产物<sup>[12]</sup>, 而 GC-MS 中 2,4-二甲苯甲醛( $\text{C}_9\text{H}_{10}\text{O}$ , 保留时间 15.3 min)的醛基( $-\text{CHO}$ )结构为此峰提供了物质基础, 说明 PS 苯环侧链的甲基经微生物脱氢氧化生成醛基。值得注意的是, 在  $1245\text{ cm}^{-1}$  处显示了一个额外的  $-\text{C}-\text{O}$  伸缩峰, 说明存在含

表1 微塑料的分子量参数

Table 1 Molecular weight parameters of microplastics

| Grouping   | Polystyrene (PS) |         |         | Polypropylene (PP) |         |         |
|------------|------------------|---------|---------|--------------------|---------|---------|
|            | $M_n$            | $M_w$   | $M_z$   | $M_n$              | $M_w$   | $M_z$   |
| Control    | 118 720          | 311 465 | 651 336 | 50 226             | 322 539 | 966 247 |
| Experiment | 104 325          | 288 989 | 514 254 | 36 941             | 221 175 | 845 777 |

$M_n$ : Number-average molecular weight;  $M_w$ : Weight-average molecular weight;  $M_z$ : Size-average molecular weight.

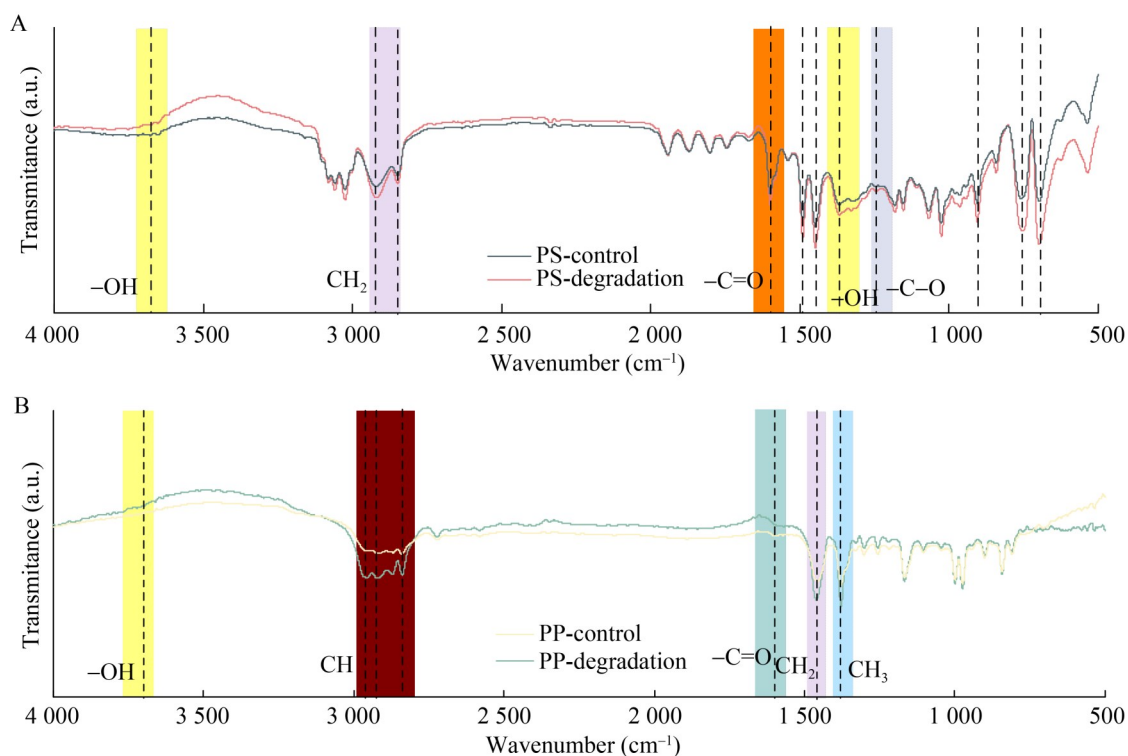


图3 降解前后PS (A)和PP (B)的FTIR

Figure 3 FTIR of PS (A) and PP (B) before and after degradation.

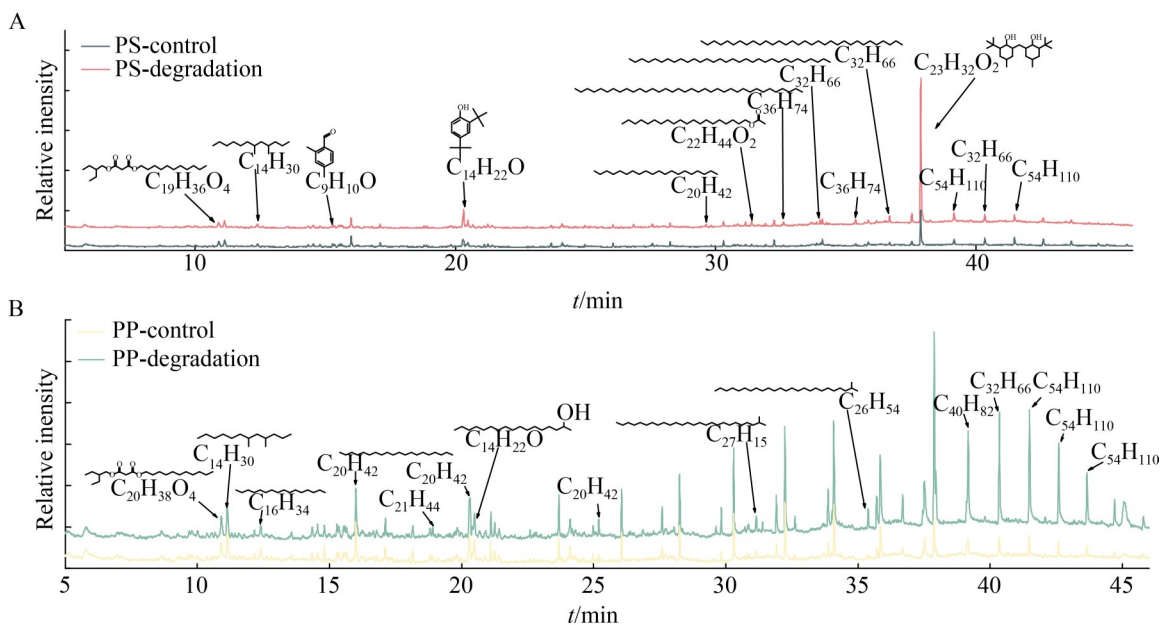


图4 PS (A)和PP (B)降解60 d的降解产物的GC-MS分析

Figure 4 GC-MS analysis of degradation products of PS (A) and PP (B) after 60 days of degradation.

C-O 键的代谢产物(醇、羧酸、酯和醚)<sup>[53]</sup>。检测到的二十烷基乙酸酯(C<sub>22</sub>H<sub>44</sub>O<sub>2</sub>, 保留时间 31.4 min)的酯基(-COO-)直接对应酯类产品, 2,2'-亚甲基双(6-叔丁基-4-甲基苯酚)(C<sub>23</sub>H<sub>32</sub>O<sub>2</sub>, 保留时间 37.9 min)的酚醚结构也对该峰有贡献, 与之前的研究结果一致, 证实了微生物可降解 PS。

FTIR 分析显示, 对照组 PP 在 2 954、2 919、2 838 cm<sup>-1</sup> 存在 CH 烷基伸缩吸收, 在 1 460 cm<sup>-1</sup> 和 1 375 cm<sup>-1</sup> 处的峰则归因于 CH<sub>2</sub> 亚甲基弯曲和 CH<sub>3</sub> 甲基弯曲<sup>[54-55]</sup>。然而, 降解后的 PP 中出现了羟基、羰基等新官能团, 其中 3 732.98 cm<sup>-1</sup> 的羟基(-OH)峰, 表明了微生物通过酶促反应将 PP 分子转化为醇类中间产物, 羰基官能团被认为是酶促反应的基本化学证据, 并且羰基形成被认为是聚烯烃塑料生物降解过程中的基本步骤<sup>[56]</sup>。醇类可进一步与羧酸酯化生成酯, 成为微生物储存或解毒的形式<sup>[57]</sup>; 同时, 1 598 cm<sup>-1</sup> 出现的羰基(-C=O)吸收带, 表明醇经过氧化形成醛或酮, 也暗示醛可能进一步氧化为羧酸后再酯化<sup>[58]</sup>。这与 GC-MS 中检测出的丙二酸癸基 4-甲基戊-2-基酯(C<sub>20</sub>H<sub>38</sub>O<sub>4</sub>, 保留时间 10.9 min)等长链羧酸酯共同构建了“羟基化→羰基化→酯化”的代谢链条, 清晰呈现了微生物对 PP 的氧化修饰与产物转化路径。1994 年 Iwamoto 和 Tokiwa<sup>[59]</sup>、2006 年 Alariqi 等<sup>[60]</sup>在研究 PP 的生物降解时也观察到新基团的形成。总之, 微生物菌群无需经过氧化预处理就能利用 PS 和 PP, 在较长的培养时间内破坏聚合物链, 增强降解效果。

### 2.3 微塑料降解的代谢网络与功能基因的协同演化机制

微生物菌群对 PS 和 PP 的降解效能源于其代谢通路与功能基因的种间协同表达。基于 KEGG 数据库解析(<https://www.kegg.jp/kegg/>)与宏基因组功能预测, 推测两类微塑料虽化学结构迥异, 但可能均通过“初始激活-中间代谢-终

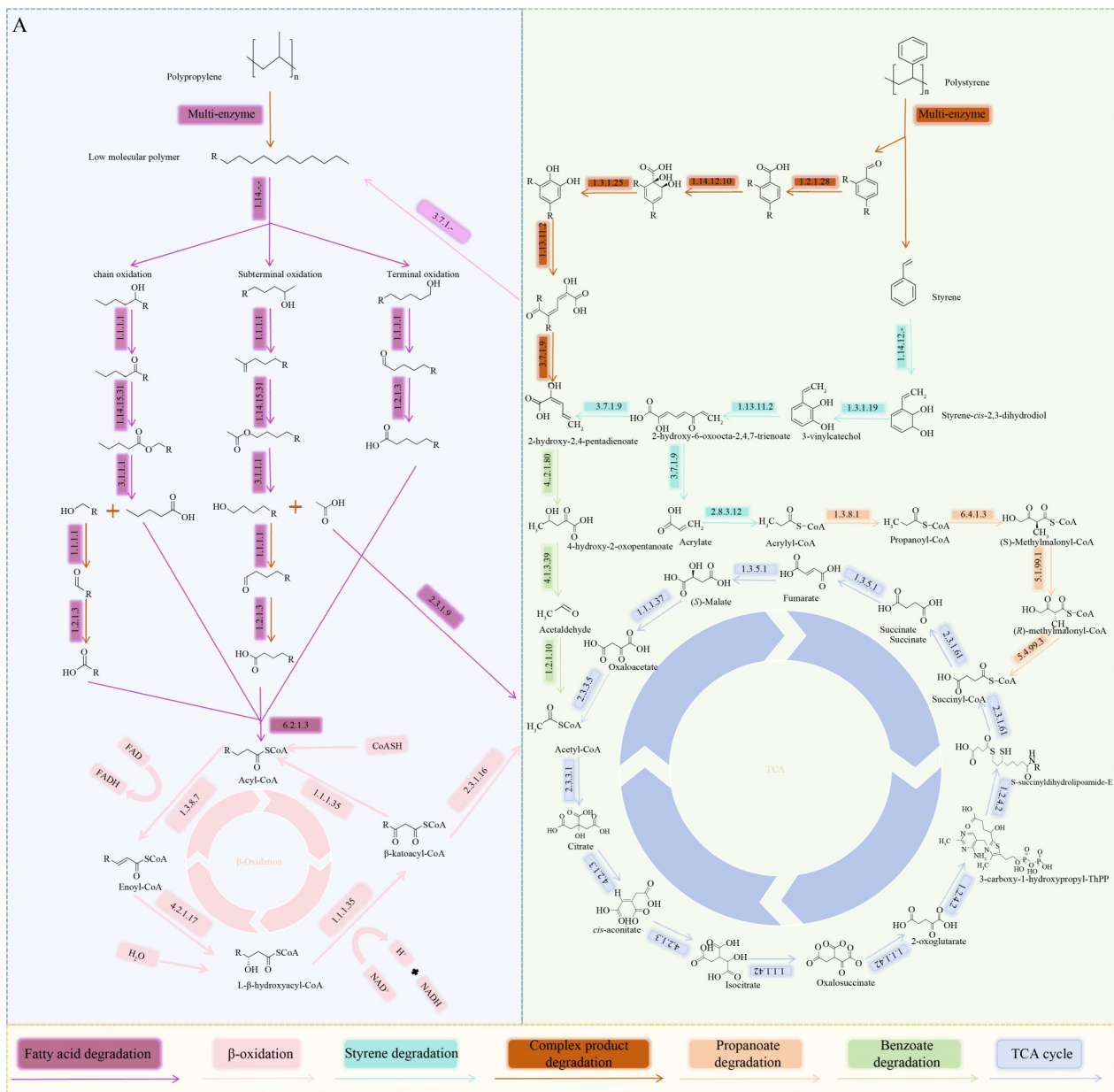
端矿化”的三级代谢网络实现降解, 且核心功能基因呈现高度特化的种间分工。

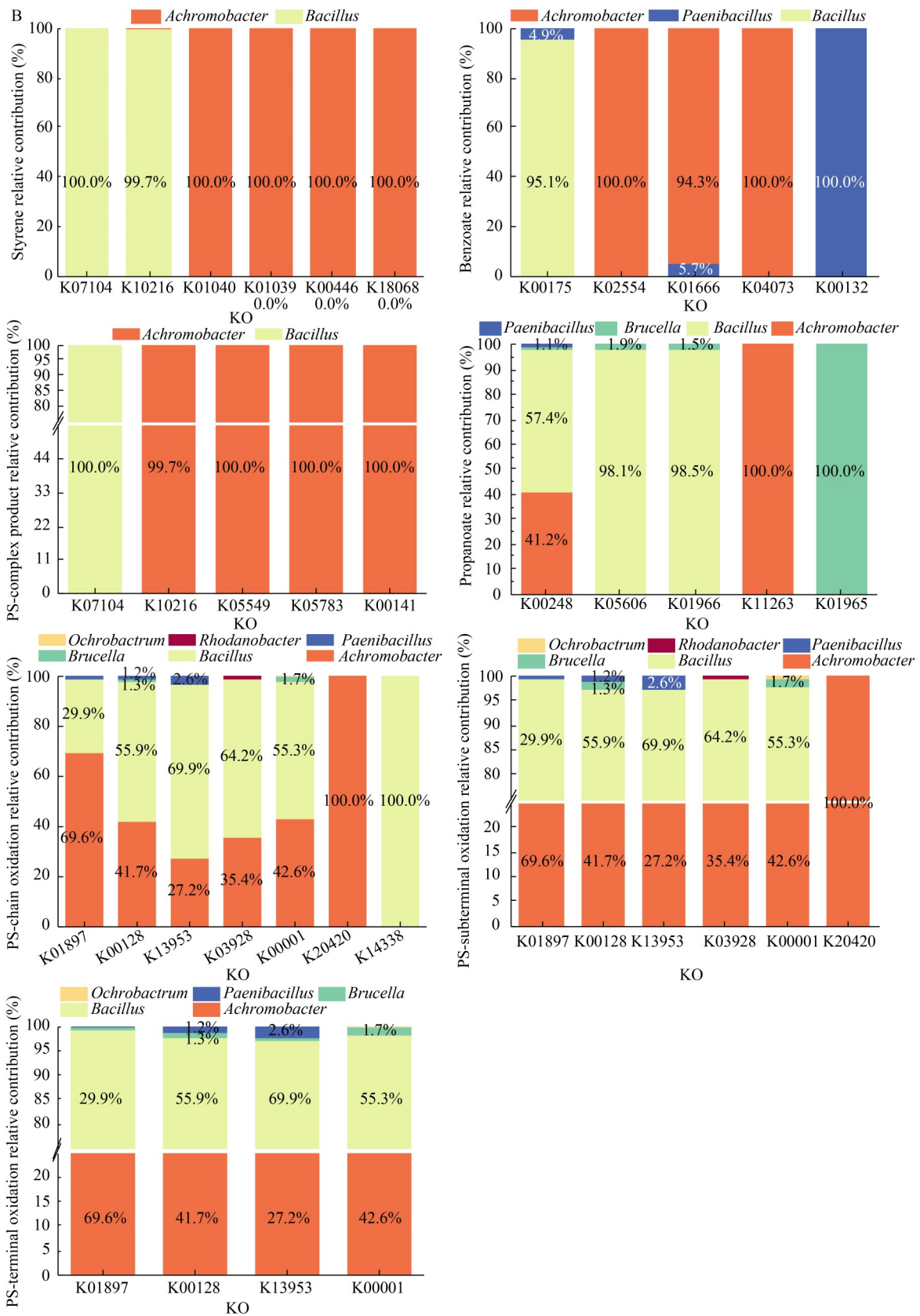
对于 PS, 其芳香环结构的裂解依赖双重代谢分支的协同作用(图 5A、5B): 主路径中结合基因注释结果推测, 苯乙烯单体可能经苯乙烯双加氧酶(EC: 1.14.12.-)催化发生苯环羟基化, 进而可能生成苯乙烯-顺式-2,3-二氢二醇<sup>[61]</sup>, 该关键酶的编码基因主要源自芽孢杆菌属, 与其在菌群中的高丰度(>50%)形成功能适配, 印证其作为芳香族底物初始降解“启动者”的核心地位; 后续代谢中无色杆菌属中预测的顺式-乙二醇脱氢酶(TodD, EC: 1.3.1.19)与邻苯二酚 2,3-双加氧酶(XylE, EC: 1.13.11.2)接力催化, 可能通过开环反应生成 2-羟基粘康酸-半醛<sup>[62]</sup>; 再经布鲁氏杆菌属、无色杆菌属和芽孢杆菌属贡献的 2-羟基粘康酸-半醛水解酶(XylF, EC: 3.7.1.9)等水解酶转化为乙醛、丙烯酸和丙酮酸等中心代谢途径的中间产物<sup>[61]</sup>; 乙醛通过类芽孢杆菌属贡献的乙醛脱氢酶(MhpF, EC: 1.2.1.10)、丙烯酸通过无色杆菌属贡献的谷胱甘肽辅酶 A 转移酶(GctA, EC: 2.8.3.12)、丙酮酸通过类芽孢杆菌属和芽孢杆菌属贡献的丙酮酸脱氢酶(PdhA/PdhB, EC: 1.2.7.11)进一步转化为乙酰辅酶 A<sup>[63]</sup>, 进入 TCA 循环, 参与琥珀酸等生物物质合成及聚羟基脂肪酸酯(polyhydroxyalkanoate, PHA)积累<sup>[64]</sup>。次路径中含醛基的芳香族衍生物在无色杆菌属贡献的苯甲醛脱氢酶(NAD, EC: 1.2.1.28)的作用下, 醛基(-CHO)被氧化为羧基(-COOH), 氧化为羧基化合物, 再由无色杆菌属贡献的苯甲酸盐/甲苯酸盐 1,2-双加氧酶亚基 a (BenA-xylX, EC: 1.14.12.10)介导进一步羟基化, 最终通过苯甲酸降解路径完成矿化<sup>[65]</sup>。宏基因组预测结果初步提示, 此过程可能呈现严格的“芽孢杆菌属启动-无色杆菌属代谢”功能链: 芽孢杆菌属主导苯环开环的初始催化, 无色杆菌属则通过 *xylF*、*gctA* 等基因接力中间产物转化, 类芽孢杆菌属、布鲁氏杆菌属等菌属可能通过少量贡献异构酶与

羧化酶基因弥补代谢缺口。

PP 的降解则遵循“氧化链延伸”策略(图 5A、5C): 长链烷烃经初始解聚后, 低分子聚合物可能在芽孢杆菌属编码的 NADPH-细胞色素 P450 还原酶(CypD\_E, EC: 1.14.14.1)催化下发生末端、亚末端及链中羟化, 促使烷烃链氧化<sup>[66-68]</sup>; 此后, 低分子聚合物开启 3 条氧化分支, 羟化后的烷烃转化为仲醇和伯醇<sup>[69]</sup>, 随后, 无色杆菌属和芽孢杆菌属中预测的醇脱氢酶(EC:

1.1.1.1)将其氧化为醛, 再经氧化还原酶(EC: 1.14.15.31)、羧酸酯酶(Yvak, EC: 3.1.1.1)和醛脱氢酶(ALDH, EC: 1.2.1.3)协同转化为乙酸酯与长链脂肪酸<sup>[70]</sup>。这些产物推测分别经酰基辅酶 A 脱氢酶(Acd, EC: 2.3.1.9)和长链酰基辅酶 A 合成酶(FadD, EC: 6.2.1.3)作用, 最终进入  $\beta$ -氧化循环和 TCA 循环<sup>[68,71]</sup>。功能基因溯源显示, PP 降解的高效性依赖“芽孢杆菌属羟化-无色杆菌属氧化”的协同表达: 芽孢杆菌属提供初





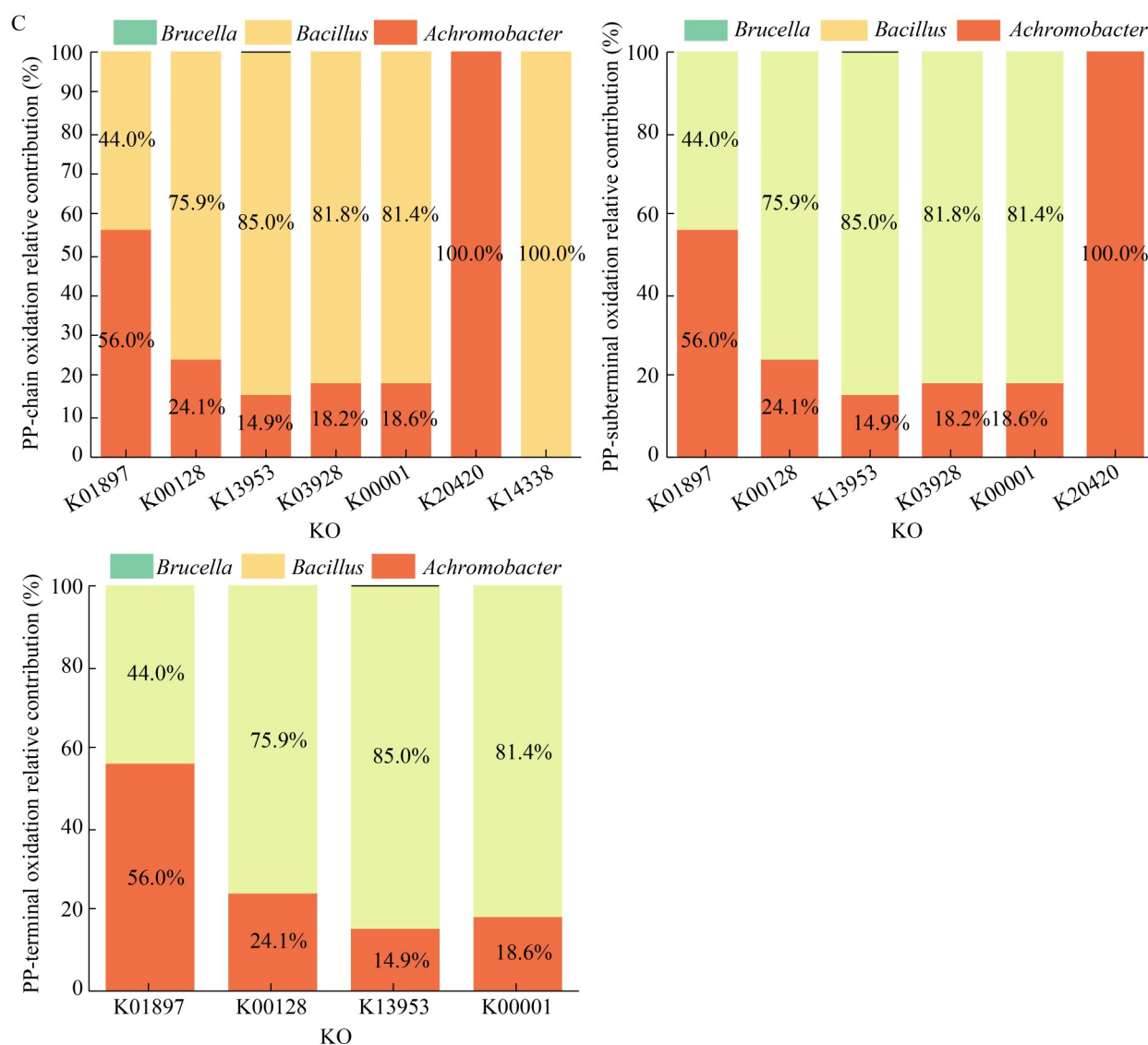


图5 PS和PP生物降解代谢路径及功能基因特征

Figure 5 Proposed metabolic pathways and functional gene characteristics of PS and PP biodegradation. A: PS and PP metabolic pathways; B: Functional gene contribution in the PS metabolic pathway; C: Functional gene contribution in the PP metabolic pathway.

始羟化的关键酶基因，无色杆菌属则通过高丰度的醇/醛脱氢酶基因保障氧化链的连续延伸，二者中共同预测到的酰基辅酶 A 合成酶基因 (FadD, EC: 6.2.1.3) 可能是连接脂肪酸代谢与  $\beta$ -氧化的核心节点。

综上所述，PS 与 PP 的降解机制预测了微生物菌群对复杂底物的适应性演化：PS 的芳香

族结构依赖“启动-接力”式功能链破解苯环稳定性，PP 的烷烃链则通过“羟化-氧化”连续反应实现逐步解聚。两类过程中，芽孢杆菌属与无色杆菌属可能通过功能基因的互补性表达形成核心代谢单元，辅以其他菌属的功能补充，构建了覆盖“解聚-转化-矿化”全流程的协同降解网络，为微生物菌群高效代谢难降解塑料提供了

分子层面的解释。

### 3 结论

与过往研究中多聚焦单一塑料类型降解、降解效率较低, 或依赖复杂预处理与特定环境条件不同, 本研究从长期受塑料污染企业的活性污泥中成功富集出可高效降解聚苯乙烯塑料(PS)和聚丙烯塑料(PP)的微生物菌群。该菌群以芽孢杆菌门和假单胞菌门为优势类群, 其中芽孢杆菌属作为核心功能菌负责启动降解, 无色杆菌属则参与中间代谢过程。实验证实该菌群对PP的降解效率显著高于PS, SEM、WCA和GPC等表征手段证实了其降解效果。由代谢机制研究推测, PS通过苯环羟基化进入芳香族降解途径, 而PP则经由“羟基化→羰基化→酯化”的氧化链完成代谢。本研究不仅揭示了微生物协同降解塑料的分子机制, 更为开发基于活性污泥的微塑料污染生物修复技术提供了重要理论支撑和实践指导。

#### 作者贡献声明

周颖: 调查研究、数据整理、撰写初稿; 顾卫华: 研究方法、审阅与修改、项目管理; 白建峰: 监督指导、资源支持、项目管理; 王瑞雪: 形式化分析; 张承龙: 数据整理; 郭耀广: 软件开发、研究方法; 卢聪: 资源支持; 陈善平: 调查研究。

#### 作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

#### 参考文献

- [1] Baran B. Resource (in) efficiency in the EU: a case of plastic waste[J]. *Ekonomia i Prawo*, 2022, 21(1): 45-62.
- [2] Dong XS, Liu XB, Hou QL, Wang ZH. From natural environment to animal tissues: a review of microplastics (nanoplastics) translocation and hazards studies[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 855: 158686.
- [3] Landrigan PJ, Raps H, Symeonides C, Chiles T, Cropper M, Enck J, Hahn ME, Hixson R, Kumar P, Mustapha A, Park Y, Spring M, Stegeman J, Thompson R, Wang ZY, Wolff M, Yousuf A, Dunlop S. Announcing the minderoo Monaco commission on plastics and human health[J]. *Annals of Global Health*, 2022, 88: 73.
- [4] Shukla S, Pei Y, Li WG, Pei DS. Toxicological research on nano and microplastics in environmental pollution: current advances and future directions[J]. *Aquatic Toxicology*, 2024, 270: 106894.
- [5] Ellis LD, Rorrer NA, Sullivan KP, Otto M, McGeehan JE, Román-Leshkov Y, Wierckx N, Beckham GT. Chemical and biological catalysis for plastics recycling and upcycling[J]. *Nature Catalysis*, 2021, 4(7): 539-556.
- [6] He D, Chen XJ, Zhao W, Zhu ZQ, Qi XJ, Zhou LF, Chen W, Wan CY, Li DW, Zou X, Wu N. Microplastics contamination in the surface water of the Yangtze River from upstream to estuary based on different sampling methods[J]. *Environmental Research*, 2021, 196: 110908.
- [7] Kalaiselvan K, Pandurangan P, Velu R, Robinson J. Occurrence of microplastics in gastrointestinal tracts of planktivorous fish from the Thoothukudi region[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(29): 44723-44731.
- [8] Vibhatabandhu P, Srithongouthai S. Abundance and characteristics of microplastics contaminating the surface water of the inner gulf of Thailand[J]. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2022, 233(2): 50.
- [9] Andler R, Tiso T, Blank L, Andreeßen C, Zampolli J, D'Afonseca V, Guajardo C, Diaz-Barrera A. Current progress on the biodegradation of synthetic plastics: from fundamentals to biotechnological applications[J]. *Reviews in Environmental Science and Bio*, 2022, 21(4): 829-850.
- [10] Wang WF, Ge J, Yu XY, Li H. Environmental fate and impacts of microplastics in soil ecosystems: Progress and perspective[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 708: 134841.
- [11] Zhang TT, Li XY, Rao X, Peng YK, Zhao CL, Xu YB, Li J, Wei J. Biodegradation of polystyrene and polyethylene by *Microbacterium esteraromaticum* SW3 isolated from soil[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2024, 274: 116207.
- [12] Wang WJ, Yao SY, Zhao ZX, Liu ZM, Li QX, Yan H, Liu XL. Degradation and potential metabolism pathway of polystyrene by bacteria from landfill site[J]. *Environmental Pollution*, 2024, 343: 123202.
- [13] Chen MX, Li JP, Zhang L. A novel plastic-degrading bacteria isolated from farmland soil utilizes non-sole carbon sources to enhance the degradation of poly (butylene adipate-co-terephthalate)[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2025, 13(2): 115461.
- [14] Yuan JH, Cao JL, Yu F, Ma J. Microbial degradation of polystyrene microplastics by a novel isolated bacterium in aquatic ecosystem[J]. *Sustainable Chemistry and Pharmacy*, 2022, 30: 100873.
- [15] Jeyavani J, Al-Ghanim KA, Govindarajan M, Nicoletti M, Malafaia G, Vaseeharan B. Bacterial screening in Indian coastal regions for efficient polypropylene

- microplastics biodegradation[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 918: 170499.
- [16] Ru JK, Huo YX, Yang Y. Microbial degradation and valorization of plastic wastes[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 442.
- [17] Auta HS, Emenike CU, Jayanthi B, Fauziah SH. Growth kinetics and biodeterioration of polypropylene microplastics by *Bacillus* sp. and *Rhodococcus* sp. isolated from mangrove sediment[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2018, 127: 15-21.
- [18] Zhang N, Ding MZ, Yuan YJ. Current advances in biodegradation of polyolefins[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(8): 1537.
- [19] Cao ZB, Yan WL, Ding MZ, Yuan YJ. Construction of microbial consortia for microbial degradation of complex compounds[J]. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2022, 10: 1051233.
- [20] Jiménez DJ, Chaparro D, Sierra F, Custer GF, Feuerriegel G, Chuvochina M, Diaz-Garcia L, Mendes LW, Ortega Santiago YP, Rubiano-Labrador C, Salcedo Galan F, Streit WR, Dini-Andreote F, Reyes A, Rosado AS. Engineering the mangrove soil microbiome for selection of polyethylene terephthalate-transforming bacterial consortia[J]. *Trends in Biotechnology*, 2025, 43(1): 162-183.
- [21] Dhanraj ND, Hatha AAM, Jisha MS. Biodegradation of petroleum based and bio-based plastics: approaches to increase the rate of biodegradation[J]. *Archives of Microbiology*, 2022, 204(5): 258.
- [22] Chigwada AD, Ogola HJO, Tekere M. Multivariate analysis of enriched landfill soil consortia provide insight on the community structural perturbation and functioning during low-density polyethylene degradation[J]. *Microbiological Research*, 2023, 274: 127425.
- [23] Maroof L, Khan I, Yoo HS, Kim S, Park HT, Ahmad B, Azam S. Identification and characterization of low density polyethylene-degrading bacteria isolated from soils of waste disposal sites[J]. *Environmental Engineering Research*, 2020: 26(3): 200167.
- [24] Yang Y, Yang J, Wu WM, Zhao J, Song YL, Gao LC, Yang RF, Jiang L. Biodegradation and mineralization of polystyrene by plastic-eating mealworms: part 2. role of gut microorganisms[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49(20): 12087-12093.
- [25] Mohan AJ, Sekhar VC, Bhaskar T, Nampoothiri KM. Microbial assisted high impact polystyrene (HIPS) degradation[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 213: 204-207.
- [26] Peng BQ, Jiang J, Wang HN, Dai FF, Li YS, Zhang L, Yang ZZ. Ambiently stable two-dimensional  $\beta$ -CuI monolayers with self-trapping exciton luminescence[J]. *ACS Materials Letters*, 2025, 7(5): 1845-1851.
- [27] Maleki Rad M, Moghimi H, Azin E. Biodegradation of thermo-oxidative pretreated low-density polyethylene (LDPE) and polyvinyl chloride (PVC) microplastics by *Achromobacter denitrificans* Ebl13[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2022, 181: 113830.
- [28] Jeon JM, Park SJ, Choi TR, Park JH, Yang YH, Yoon JJ. Biodegradation of polyethylene and polypropylene by *Lysinibacillus* species JY0216 isolated from soil grove[J]. *Polymer Degradation and Stability*, 2021, 191: 109662.
- [29] Li NY, Han ZY, Guo NF, Zhou ZQ, Liu Y, Tang QG. Microplastics spatiotemporal distribution and plastic-degrading bacteria identification in the sanitary and non-sanitary municipal solid waste landfills[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 438: 129452.
- [30] Song LY, Wang YQ, Zhao HP, Long DT. Composition of bacterial and archaeal communities during landfill refuse decomposition processes[J]. *Microbiological Research*, 2015, 181: 105-111.
- [31] Jebashalomi V, Emmanuel Charles P, Rajaram R. Microbial degradation of low-density polyethylene (LDPE) and polystyrene using *Bacillus cereus* (OR268710) isolated from plastic-polluted tropical coastal environment[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 924: 171580.
- [32] Skariyachan S, Patil AA, Shankar A, Manjunath M, Bachappanavar N, Kiran S. Enhanced polymer degradation of polyethylene and polypropylene by novel thermophilic consortia of *Brevibacillus* sps. and *Aneurinibacillus* sp. screened from waste management landfills and sewage treatment plants[J]. *Polymer Degradation and Stability*, 2018, 149: 52-68.
- [33] Roberts C, Edwards S, Vague M, León-Zayas R, Scheffer H, Chan G, Swartz NA, Mellies JL. Environmental consortium containing *Pseudomonas* and *Bacillus* species synergistically degrades polyethylene terephthalate plastic[J]. *mSphere*, 2020, 5(6): e01151-20.
- [34] Giacomucci L, Raddadi N, Soccio M, Lotti N, Fava F. Polyvinyl chloride biodegradation by *Pseudomonas citronellolis* and *Bacillus flexus*[J]. *New Biotechnology*, 2019, 52: 35-41.
- [35] Ji JB, Pei J, Ding FH, Zeng CT, Zhou J, Dong WL, Cui ZL, Yan X. Isolation and characterization of polyester polyurethane-degrading bacterium *Bacillus* sp. YXP1[J]. *Environmental Research*, 2024, 249: 118468.
- [36] Shen HY, Yuan Y, Liu C, Yang MH, Xing JM. Rapid degradation of poly(butylene succinate-co-butylene terephthalate)s by microbial communities at high-temperature[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2024, 204: 109230.
- [37] Bardaji DKR, Furlan JPR, Stehling EG. Isolation of a polyethylene degrading *Paenibacillus* sp. from a landfill in Brazil[J]. *Archives of Microbiology*, 2019, 201(5): 699-704.
- [38] Furlan JPR, Lopes R, Stehling EG. Whole-genome sequence-based analysis of the *Paenibacillus aquistagni* strain DK1, a polyethylene-degrading bacterium isolated from landfill[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2021, 37(5): 80.

- [39] Wang Z, Tsementzi D, Williams TC, Juarez DL, Blinebry SK, Garcia NS, Sienkiewicz BK, Konstantinidis KT, Johnson ZI, Hunt DE. Environmental stability impacts the differential sensitivity of marine microbiomes to increases in temperature and acidity[J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(1): 19-28.
- [40] Guo XP, Chen YR, Sun XL, Li CL, Hou LJ, Liu M, Yang Y. Plastic properties affect the composition of prokaryotic and eukaryotic communities and further regulate the ARGs in their surface biofilms[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 839: 156362.
- [41] Zadjelovic V, Erni-Cassola G, Obrador-Viel T, Lester D, Eley Y, Gibson MI, Dorador C, Golyshin PN, Black S, Wellington EMH, Christie-Oleza JA. A mechanistic understanding of polyethylene biodegradation by the marine bacterium *Alcanivorax*[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 436: 129278.
- [42] Miri S, Saini R, Davoodi SM, Pulicharla R, Brar SK, Magdoulis S. Biodegradation of microplastics: better late than never[J]. *Chemosphere*, 2022, 286: 131670.
- [43] Wright RJ, Erni-Cassola G, Zadjelovic V, Latva M, Christie-Oleza JA. Marine plastic debris: a new surface for microbial colonization[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(19): 11657-11672.
- [44] Li K, Jia WQ, Xu LB, Zhang MJ, Huang Y. The plastisphere of biodegradable and conventional microplastics from residues exhibit distinct microbial structure, network and function in plastic-mulching farmland[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 442: 130011.
- [45] Zumstein MT, Schintlmeister A, Nelson TF, Baumgartner R, Wobken D, Wagner M, Kohler HE, McNeill K, Sander M. Biodegradation of synthetic polymers in soils: Tracking carbon into CO<sub>2</sub> and microbial biomass[J]. *Science Advances*, 2018, 4(7): eaas9024.
- [46] Ghatge S, Yang YR, Ahn JH, Hur HG. Biodegradation of polyethylene: a brief review[J]. *Applied Biological Chemistry*, 2020, 63: 27.
- [47] Wu H, Liu Q, Sun WX, Lu YH, Qi YJ, Zhang H. Biodegradability of polyethylene mulch film by *Bacillus paramycooides*[J]. *Chemosphere*, 2023, 311: 136978.
- [48] Yamada-Onodera K, Mukumoto H, Katsuyama Y, Tani Y. Degradation of long-chain alkanes by a polyethylene-degrading fungus, *Penicillium simplicissimum* YK[J]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2002, 30(6): 828-831.
- [49] Miloloža M, Ukić Š, Cvetnić M, Bolanča T, Kučić Grgić D. Optimization of polystyrene biodegradation by *Bacillus cereus* and *Pseudomonas alcaligenes* using full factorial design[J]. *Polymers*, 2022, 14(20): 4299.
- [50] Xiang P, Zhang YF, Zhang T, Wu Q, Zhao CS, Li Q. A novel bacterial combination for efficient degradation of polystyrene microplastics[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 458: 131856.
- [51] Kim HR, Lee HM, Yu HC, Jeon E, Lee S, Li JJ, Kim DH. Biodegradation of polystyrene by *Pseudomonas* sp. isolated from the gut of superworms (larvae of *Zophobas atratus*)[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(11): 6987-6996.
- [52] Sekhar VC, Nampoothiri KM, Mohan AJ, Nair NR, Bhaskar T, Pandey A. Microbial degradation of high impact polystyrene (HIPS), an e-plastic with decabromodiphenyl oxide and antimony trioxide[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2016, 318: 347-354.
- [53] Lou Y, Ekaterina P, Yang SS, Lu BY, Liu BF, Ren NQ, Corvini PF, Xing DF. Biodegradation of polyethylene and polystyrene by greater wax moth larvae (*Galleria mellonella* L.) and the effect of co-diet supplementation on the core gut microbiome[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(5): 2821-2831.
- [54] Huang DF, Xu YB, Lei FD, Yu XQ, Ouyang ZZ, Chen YH, Jia HZ, Guo XT. Degradation of polyethylene plastic in soil and effects on microbial community composition[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 416: 126173.
- [55] Li ZY, Wei R, Gao MX, Ren YR, Yu B, Nie KL, Xu HJ, Liu L. Biodegradation of low-density polyethylene by *Microbulbifer hydrolyticus* IRE-31[J]. *Journal of Environmental Management*, 2020, 263: 110402.
- [56] Singh B, Sharma N. Mechanistic implications of plastic degradation[J]. *Polymer Degradation and Stability*, 2008, 93(3): 561-584.
- [57] Gautam R, Bassi AS, Yanful EK. A review of biodegradation of synthetic plastic and foams[J]. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 2007, 141(1): 85-108.
- [58] Park SY, Kim CG. Biodegradation of micro-polyethylene particles by bacterial colonization of a mixed microbial consortium isolated from a landfill site[J]. *Chemosphere*, 2019, 222: 527-533.
- [59] Iwamoto A, Tokiwa Y. Enzymatic degradation of plastics containing polycaprolactone[J]. *Polymer Degradation and Stability*, 1994, 45(2): 205-213.
- [60] Alariqi SAS, Kumar AP, Rao BSM, Singh RP. Biodegradation of  $\gamma$ -sterilised biomedical polyolefins under composting and fungal culture environments[J]. *Polymer Degradation and Stability*, 2006, 91(5): 1105-1116.
- [61] Oelschlägel M, Zimmerling J, Tischler D. A review: the styrene metabolizing cascade of side-chain oxygenation as biotechnological basis to gain various valuable compounds[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 490.
- [62] Tischler D. Pathways for the degradation of styrene[M]// *Microbial Styrene Degradation*. Cham: Springer International Publishing, 2015: 7-22.
- [63] Jacquin J, Cheng JG, Odobel C, Pandin C, Conan P, Pujopay M, Barbe V, Meistertzheim AL, Ghiglione JF. Microbial ecotoxicology of marine plastic debris: a review on colonization and biodegradation by the "plastisphere"[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 865.
- [64] Ali SS, Elsamahy T, Koutra E, Kornaros M, El-Sheekh M, Abdelkarim EA, Zhu DC, Sun JZ. Degradation of conventional plastic wastes in the environment: a review on current status of knowledge and future perspectives of

- disposal[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 771: 144719.
- [65] Krueger MC, Harms H, Schlosser D. Prospects for microbiological solutions to environmental pollution with plastics[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(21): 8857-8874.
- [66] Daly P, Cai F, Kubicek CP, Jiang SQ, Grujic M, Rahimi MJ, Sheteiwy MS, Giles R, Riaz A, de Vries RP, Akcapinar GB, Wei LH, Druzhinina IS. From lignocellulose to plastics: Knowledge transfer on the degradation approaches by fungi[J]. *Biotechnology Advances*, 2021, 50: 107770.
- [67] Lou Y, Li YR, Lu BY, Liu Q, Yang SS, Liu BF, Ren NQ, Wu WM, Xing DF. Response of the yellow mealworm (*Tenebrio molitor*) gut microbiome to diet shifts during polystyrene and polyethylene biodegradation[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 416: 126222.
- [68] Yeom SJ, Le TK, Yun CH. P450-driven plastic-degrading synthetic bacteria[J]. *Trends in Biotechnology*, 2022, 40(2): 166-179.
- [69] Nie Y, Chi CQ, Fang H, Liang JL, Lu SL, Lai GL, Tang YQ, Wu XL. Diverse alkane hydroxylase genes in microorganisms and environments[J]. *Scientific Reports*, 2014, 4: 4968.
- [70] Priya A, Dutta K, Daverey A. A comprehensive biotechnological and molecular insight into plastic degradation by microbial community[J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2022, 97(2): 381-390.
- [71] Mashek DG, Li LO, Coleman RA. Long-chain acyl-coa synthetases and fatty acid channeling[J]. *Future Lipidology*, 2007, 2(4): 465-476.