鸭绿江流域中温聚乳酸降解细菌（*Raoultella ornithinolytica*）的分离鉴定及其降解效能研究

王玉俊[1,2*]，张元译[1]，赵乐辉[3]，安文仲[1]，吕英伟[4]，游　俊[1]，马一凝[1]，孟思琦[1]

（1. 辽东学院 理学院，辽宁 丹东　118003；2. 辽东学院 鸭绿江流域研究院，辽宁 丹东　118001；
3. 辽东学院 基础实验教学中心，辽宁 丹东　118003；4. 朝阳工程技术学校，辽宁 朝阳　122000）

摘　要　聚乳酸（Polylactic Acid，PLA）被认为是替代传统石油来源塑料极具潜力的生物降解材料。理论上 PLA 可完全生物降解，但在实际应用中仍存在因降解缓慢而造成环境污染的可能性，这与自然环境中 PLA 降解微生物的分布较少直接相关。本研究从鸭绿江流域土壤中分离、鉴定出一株 PLA 降解菌株解鸟氨酸拉乌尔菌（*Raoultella ornithinolytica*）LD-PLA-01，并对其降解能力进行系统评估。该菌株在中温条件下（30 ℃）30 d 内可使 PLA 薄膜失重 14.61%。经扫描电子显微镜（SEM）、水接触角（WCA）测量仪、傅里叶变换红外光谱仪（ATR-FTIR）检测该菌株降解后的 PLA 膜发现，膜表面出现了凹陷和裂痕，膜表面的酯键（C-O）被水解，导致膜表面亲水性增大。并在 PLA 的降解产物中检测到乳酸单体及其低聚物。菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 在 PLA 降解方面具有潜在的应用价值，未来可应用于 PLA 废弃物的生物处理。

关键词　聚乳酸；鸭绿江流域；解鸟氨酸拉乌尔菌（*Raoultella ornithinolytica*）；生物降解；降解率

中图分类号　Q939.9　　**文献标识码**　A　　**文章编号**　1005－7021（2026）04－0064－12

doi：10.3969/j.issn.1005－7021.2026.04.006

Study on Isolation, Identification and Degradation Efficiency of Mesophilic Polylactic Acid-Degrading Bacteria (*Raoultella ornithinolytica*) in the Yalu River Basin

WANG Yu-jun[1,2*], ZHANG Yuan-yi[1], ZHAO Le-hui[3],
AN Wen-zhong[1], LV Ying-wei[4], YOU Jun[1], MA Yi-ning[1], MENG Si-qi[1]

(1. *College of Science, Liaodong University, Dandong* 118003; 2. *Yalu River Basin Research Institute of Liaodong University, Dandong* 118001;
3. *Basic Experimental Teaching Center, Liaodong University, Dandong* 118003;
4. *Chaoyang Engineering Technical Vocational School, Chaoyang* 122000)

Abstract　Polylactic acid (PLA) is widely recognized as one of the most promising biodegradable polymers for replacing conventional petroleum-based plastics. Although PLA is theoretically fully biodegradable, its practical environmental performance is often compromised by slow degradation rates, which may result in secondary pollution. This limitation is largely attributable to the low abundance and restricted distribution of efficient PLA-degrading microorganisms in natural ecosystems. In this study, a PLA-degrading bacterial strain designated as *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01was screened, isolated, and identified from soils samples collected in the Yalu River Basin. The PLA degradation performance of this strain was systematically evaluated. Under mesophilic conditions (30 ℃), strain LD-PLA-01 achieved a mass loss of 14.61% in PLA films within 30 days. Scanning electron microscope (SEM), water contact angle (WCA), and Fourier transform infrared (FTIR) spectroscopy analyses of the degraded PLA films re-

基金项目：辽宁省科技计划联合计划项目（2024-BSLH-082）；辽东学院博士科研启动基金项目（2024BS060）

作者简介：王玉俊　男，讲师，博士。主要研究方向为塑料生物降解。E-mail：wangyujun2011@163.com

* 通讯作者。

收稿日期：2026-03-05

vealed pronounced surface erosion, including depressions and cracks. FTIR spectra indicated hydrolytic cleavage of ester bonds (C-O) on the polymer surface, which was accompanied by a marked increase in surface hydrophilicity. Furthermore, lactic acid monomers and low-molecular-weight oligomers were detected among the degradation products. These results demonstrate that *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 strain exhibits considerable potential for PLA biodegradation and may serve as a promising candidate for the biological treatment and environmental management of PLA-based plastic waste.

Keywords polylactic acid; Yalu River Basin; *Raoultella ornithinolytica*; biodegradation; degradation rate

聚乳酸(Polylactic Acid, PLA)作为可生物降解塑料,已被广泛应用于包装、农业地膜、医疗耗材等领域。据 Research Nester 统计数据显示,2024 年全球 PLA 产能已达 43.5 万 t,因其生物可降解性,PLA 的应用正逐步拓展至水产养殖网具[1]、内河航运包装[2]等新兴领域。然而,PLA 在自然环境中的降解效率受生境严重制约。土壤或高温堆肥条件下,PLA 可在 1 至 2 年内完全降解。而在低温、低营养的淡水生态系统中,PLA 降解周期可延长至 5 至 10 年[3]。未完全降解的 PLA 微塑料易在水体、沉积物中富集,不仅影响水生生物摄食与繁殖,还可能通过食物链累积对流域生态安全构成潜在威胁[4]。聚乳酸(PLA)虽被视为环境友好的可降解塑料,但其在自然条件下的降解速率仍相对缓慢,尤其在中温环境中高效降解菌株较为缺乏。目前,已有研究通过微生物筛选技术从不同环境中分离到 PLA 降解细菌,但其降解能力普遍有限。例如,Li 等[5]通过菌株筛选技术,从厨余垃圾与 PLA 薄膜的共堆肥系统中分离出一株 PLA 降解细菌解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus myloliquefaciens*)ML274,其对 PLA 薄膜的降解率仅为 3.18%。Wang 等[6]从垃圾填埋场土壤中筛选分离出 PLA 降解细菌沙福芽孢杆菌(*Bacillus safensis*)PLA1006,其与 PLA 薄膜共孵育 30 d 后,膜失重率约为 8%。Wang 等[7]从农业土壤中分离鉴定出能够在无机盐培养基(MSM)中 30 ℃条件下高效降解商业聚乳酸/聚对苯二甲酸-已二酸丁二醇酯(PLA/PBAT)的共混薄膜的菌株罗伦特隐球菌(*Papiliotrema laurentii*)S2P4P,培养 30 d 可实现约 14% 的膜重量损失。这些研究显示,现有菌株在中温条件下对 PLA 的降解效能仍不够理想,尤其对于纯 PLA 材料的降解能力有待进一步提高。近年来,塑料制品的使用量逐年增加,在中国淡水流域中已检测到微塑料的残留,主要分布于中下游航运码头、农业集中区附近水域[8]。鸭绿江作为中朝界江与东北亚重要淡水生态廊道,流经长白山源头溪流、辽东丘陵中游江段及河口湿地等多样生境,流域内水温常年维持在 0~30 ℃,pH 呈中性至弱碱性(7.0~8.1),且沉积物中富含动植物残体分解产生的有机质,为微生物生长提供了独特的生存环境[9]。随着鸭绿江流域周边城市环保产业升级,PLA 等可降解塑料正在逐步替代石油基塑料,但针对该流域 PLA 等生物基塑料降解微生物的研究相对较少[10]。现有 PLA 降解菌株筛选研究多集中于土壤、海洋或高温工业环境,已分离的菌株(如芽孢杆菌属 *Bacillus*、罗尔斯通氏菌属 *Ralstonia* 菌株等)在淡水低温环境下降解活性显著下降,无法适配鸭绿江流域的生态条件[11-13]。同时,鸭绿江流域独特的环境与气候特征,可能孕育着具有“中温适应性”和“高效降解性”的本土 PLA 降解细菌,这类菌株的挖掘不仅能丰富淡水 PLA 降解菌资源库,还可为该流域 PLA 污染的生物修复提供菌种资源支撑[14]。拉乌尔菌属(*Raoultella*)菌株因兼具广谱有机污染物降解能力与较强的环境适应能力,近年来在难降解有机污染物生物修复领域受到广泛关注。现有研究表明,*Raoultella* 菌株可高效降解邻苯二甲酸酯、石油烃、抗生素等多种环境污染物,同时对聚酯类塑料具有一定的降解潜力。Li 等[15]报道了菌株 *Raoultella* sp. 在 28 ℃条件下 60 d 对聚乙烯(PE)塑料的降解率为 4.2%,并能增加 PE 薄膜的表面粗糙度,降低其疏水性。Yuan 等[16]分离获得 1 株菌株 *Raoultella* sp. DY2415,并证实其可在中温条件下降解聚苯乙烯(PS)。但目前针对该属菌株对 PLA 的降解能力、降解特性与降解效能的系统性研究仍较为匮乏,尚未见淡水河流环境来源的 *Raoultella* 菌株降解 PLA 的相关报道。本研究采集鸭绿江流域源头至河口不同生境(上游农业区、中游城镇生活区、下游自然保

护区)的土壤样本,通过富集培养、分离纯化和PLA降解能力检测,筛选出能适应鸭绿江中温淡水环境的高效PLA降解细菌,明确其分类地位与降解特性。本研究丰富了淡水PLA降解菌的多样性研究,揭示了鸭绿江流域微生物资源的独特性,为后续研发针对PLA污染的生物修复技术提供科学依据,对保障鸭绿江流域生态安全、推动生物降解材料的环境友好应用具有重要的理论与实践意义。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 样品采集 在鸭绿江流域选取20个代表性采样点(分别为上游农业区、中游城镇生活区、下游自然保护区),使用无菌取土器采集土壤样品(深0~30 cm),每个位点采集3份平行土壤样品(每份100 g)。主要采样点具体位置、生境类型等信息见表1。

表1 主要采样点位置信息

Table 1 Primary sampling site location information

采样点	地理坐标(经纬度)	采样点	地理坐标(经纬度)
宽甸满族自治县永甸镇农业排水口附近	40.33°N,124.50°E 40.55°N,124.83°E	丹东市元宝区鸭绿江风景名胜区	40.13°N,124.40°E 40.14°N,124.40°E
宽甸满族自治县长甸镇稻田周边	40.48°N,124.83°E 40.33°N,124.82°E	丹东市振兴区帽盔山公园	40.11°N,124.38°E 40.09°N,124.35°E
宽甸满族自治县鸭绿江岸边	40.42°N,124.83°E 40.43°N,124.83°E	东港市城市垃圾卫生填埋场	40.03°N,124.09°E 40.03°N,124.10°E
凤城市凤凰城区垃圾处理厂	40.41°N,123.86°E 40.42°N,123.86°E	东港市长山镇鸭绿江口国家级自然保护区湿地	40.82°N,124.06°E 40.83°N,124.10°E
丹东市振安区鸭绿江浮桥	40.14°N,124.42°E 40.15°N,124.43°E	东港市孤山镇鸭绿江口国家级自然保护区湿地	39.88°N,123.63°E 39.90°N,123.60°E

1.1.2 供试材料 PLA颗粒:REVODE 101,平均分子量1.3×10^5 Da,购自浙江海正生物材料公司。PLA薄膜:称取PLA颗粒2 g,加入氯仿至完全溶解,倒入培养皿,室温通风挥干氯仿,制成厚度0.1 mm的薄膜,裁剪为1.5 cm×1.5 cm备用。

1.1.3 培养基与溶液的配制 ① 无机盐培养基(g/L):KH_2PO_4 4.54,$Na_2HPO_4\cdot12H_2O$ 11.94,NH_4Cl 1.0,$MgSO_4$ 0.5。② LB培养基(g/L):胰蛋白胨10.0,酵母提取物5.0,NaCl 10.0,pH 6.8~7.2。③ PLA降解菌富集培养基(液体):PLA粉末0.5 g,无机盐培养基100 mL。④ PLA降解菌筛选培养基(固体):称取0.2 g PLA完全溶解于氯仿中,加入100 mL无机盐培养基,通风3 h去除氯仿后,添加1.5%琼脂,灭菌后倒平板,保存备用。⑤ 蛋白酶检测培养基:酪蛋白0.2 g,琼脂2.0 g,蒸馏水100 mL,pH 7.0~7.2。⑥ 脂肪酶检测培养基:三丁酸甘油酯0.2 g,罗丹明B 0.1 mg,琼脂2.0 g,蒸馏水100 mL,pH 7.0~7.2。⑦ 脂肪酶检测试剂:30.0 mg硝基苯酚棕榈酸酯(p-NPP)溶解于10 mL异丙醇,加入20 mmol/L磷酸盐缓冲液(pH 7.0)定容至100 mL,用作脂肪酶活性检测底物溶液。

1.1.4 主要试剂与仪器设备 细菌基因组DNA快速提取试剂盒(B518225,上海生工生物工程股份有限公司);Ex taq酶(RR001A,宝日医生物技术有限公司)。电子分析天平(LC-FA2004,上海力辰仪器科技有限公司);恒温摇床(TY-70B,天津市泰斯特仪器有限公司);聚合酶链式反应仪(Polymerase chain reaction,PCR)(C1000,伯乐生命医学产品有限公司);基因测序仪(MiSeq,因美纳科学器材有限公司);扫描电子显微镜(SU8010,株式会社日立制作所);水接触角测量仪(DSA100,克吕士科学仪器有限公司);液相质谱联用仪(Q-TOF 6545,安捷伦科技有限公司);傅里叶变换红外光谱仪(VERTEX-70,布鲁克科技有限公司)。

1.2 方法

1.2.1 PLA降解菌株的分离筛选与纯化培养 取10 g各采样点的土壤样品,加入无菌生理盐水振荡制成悬液,接种至PLA降解菌富集培养基中,30 ℃、180 r/min恒温培养10 d,进行富集培养。取1 mL富集培养菌液,用无菌生理盐水梯度稀释至10^{-3}、10^{-4}、10^{-5},每个浓度梯度取0.1 mL均匀涂布于PLA降解菌筛选培养基平板,30 ℃

恒温培养 7 d。观察平板上菌落的生长情况,将周围具有透明圈的菌落标记为降解 PLA 的候选菌株[17]。将初筛得到的候选菌株在蛋白酶、脂肪酶检测培养基平板上划线培养,30 ℃培养 48 h,观察水解透明区形成情况,分析 PLA 降解菌株的蛋白酶/脂肪酶分泌情况。并将菌株接种至含有 PLA 薄膜的无机盐培养基中,30 ℃、150 r/min 培养 30 d,每 6 d 取样一次,计算 PLA 降解率。降解率(%)=[(M_1 − M_0)/M_1]×100%。式中,M_1 为 PLA 降解前重量;M_0 为 PLA 降解后重量。

1.2.2 PLA 降解菌株的生理生化特征与分子生物学鉴定 以 PLA 降解菌株基因组 DNA 为模板,使用引物 27F/1492R 进行 16S rDNA 基因的 PCR 扩增。PCR 扩增产物送至上海生工生物有限公司进行测序,利用美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)数据库(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)基本局部比对搜索工具(Basic Local Alignment Search Tool, BLAST)进行同源性比对,采用分子进化遗传学分析(Molecular Evolutionary Genetics Analysis, MEGA)的邻接法(Neighbor-Joining)构建系统发育树[18]。参照《伯杰氏细菌鉴定手册》(第 9 版),进行菌株的生理生化鉴定[19]。

1.2.3 PLA 降解菌株的基因组测序与功能注释 基因组 DNA 经提取纯化与质量检测后,参照 Illumina 测序标准流程构建测序文库。将基因组 DNA 片段化处理,连接测序接头后进行 PCR 扩增富集,文库质控合格后,采用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行双末端测序,获得原始测序数据,并对原始数据进行过滤以去除低质量 reads 及接头序列[20]。使用 Prokka v1.14.6 软件预测基因组中的编码序列(Coding Sequence, CDS),同时预测 tRNA(tRNAscan-SE v2.0)、rRNA(RNAmmer v1.2)及重复序列(RepeatMasker v4.1.2)[21]。

1.2.4 降解后 PLA 薄膜的扫描电子显微镜、水接触角、傅里叶变换红外光谱表征及降解产物的 MS 检测 将裁剪好的 PLA 薄膜放入装有 100 mL 无机盐培养基中,接种 10 mL PLA 降解菌菌悬液。设“未接种菌株培养基 + PLA 薄膜”为空白对照,30 ℃、150 r/min 恒温培养,30 d 后取出 PLA 薄膜样品。薄膜表面喷金后,使用扫描电子显微镜(SEM)观察,放大倍数为 1 000 ×,对比降解组与对照组的差异[22]。PLA 薄膜平整固定在水接触角(WCA)测量仪的样品台上,用微量进样器在薄膜表面滴加 2 μL 超纯水。每个薄膜样品选取 3 个不同测定点,用 Krüss Advance 软件计算 WCA[23]。使用傅里叶变换红外光谱仪(ATR-FT-IR)对 PLA 薄膜进行表面分析,分辨率为 4.0 cm^{-1},频率范围为 4 000 cm^{-1} ~400 cm^{-1}。使用液相质谱联用仪(LC/MS)对培养液进行成分分析,离子源为 ESI,正离子扫描模式,毛细管电压为 3.5 kV,锥孔电压为 20 kV,射频透镜电压为 0.5 V,源温度为 120 ℃。

1.2.5 pH 和温度对菌株所产酯酶酶活力的影响 采用对硝基苯基乙酸酯(p-NPP)比色法测定酯酶酶活力[24]。反应体系 2 mL:1.0 mL 缓冲液、0.5 mL p-NPP 底物溶液、0.5 mL PLA 降解菌液。将上述溶液混匀后在设定温度下孵育 10 min,于 405 nm 波长处测定吸光度值。在上述反应体系下,每分钟催化生成 1 μmoL 对硝基苯酚(p-NP)所需的酶量为 1 个活力单位(U)。以不含酶的缓冲液作为对照。设置 pH 为 6.0、7.0、8.0、9.0、10.0,反应温度为 30 ℃,按照酯酶酶活力测定方法,以各 pH 条件下的酶活力相对值(以最高酶活力为 100%)为指标,绘制 pH-酶活力变化柱形图。分别设置 25、30、35、40、45、50 ℃,共 6 个温度梯度。固定反应 pH 值为最适 pH,按照酯酶酶活力测定方法,以各温度下的酯酶酶活力相对值(最高酶活力为 100%)为指标,绘制温度-酯酶酶活力变化柱形图。

1.2.6 数据分析 实验数据均以“平均值 ± 标准差($\bar{\chi}$ ± SD)”表示,采用 SPSS 26.0 软件进行统计分析,通过单因素方差分析(ANOVA)检验数据的差异显著性(P < 0.05 为差异显著);使用 Origin 2024 软件绘制作图,使用 Mega11 软件构建系统发育进化树。

2 结果与分析

2.1 PLA 降解菌株的分离筛选与菌种鉴定

从鸭绿江流域不同采样点采集的 60 份土壤样品中,通过富集培养和选择性平板分离,获得 1 株能够在 PLA 筛选培养基上生长的菌株 LD-PLA-01。在以 PLA 为唯一碳源的固体培养基中培养 7 d 后,形成明显的水解透明区(图 1A),表

明该菌株具有利用 PLA 的能力。其 SEM 照片(图 1B)显示,细胞呈短杆状,大小约 1.2 ~1.8 μm × 0.5 ~0.8 μm,表面光滑,无荚膜结构。通过特异性底物平板检测,发现菌株 LD-PLA-01 在酪蛋白平板上形成明显的蛋白水解透明区,表明其能分泌蛋白酶(图 1C);在三丁酸甘油酯平板上形成的水解透明区,表明其具备产脂肪酶的能力(图 1D)。

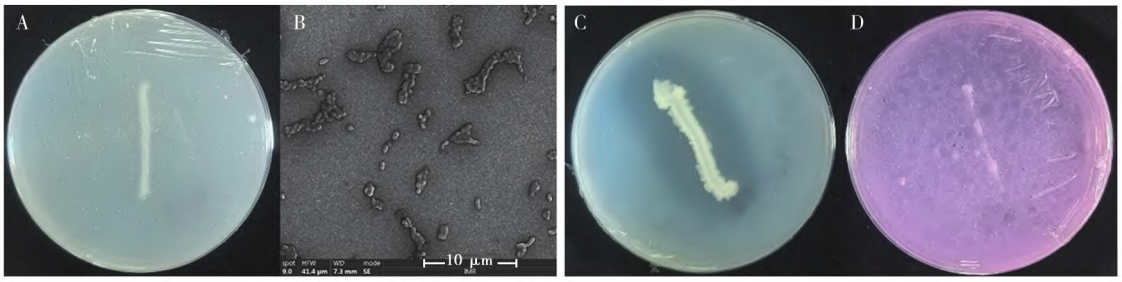


图 1 PLA 降解菌株的胞外水解酶酶活力鉴定与显微形态观察

Fig. 1 Identification of extracellular hydrolytic enzyme activity and microscopic morphological observation of PLA-degrading strains

A:降解菌株在 PLA 平板上的水解透明区; B:降解菌株的 SEM 显微形态; C:降解菌株在酪蛋白平板上的蛋白酶水解透明区; D:降解菌株在三丁酸甘油酯平板上的脂肪酶水解透明区

A: Clear zone formed by degrading strains on PLA plates; B: Scanning electron microscopic morphology of degrading strains; C: Clearzone formed by protease hydrolysis on casein plates; D: Clear zone formed by lipase hydrolysis on triglyceride plates

形态学分析结果表明,菌株 LD-PLA-01 为革兰阴性短杆菌,无芽孢,无鞭毛,菌落圆形、湿润、灰白色、边缘整齐。生理生化特性鉴定结果显示(表 2),菌株能够利用葡萄糖、蔗糖、山梨醇、阿拉伯糖、鼠李糖等糖类物质和鸟氨酸、组氨酸、明胶等氮类物质,这些特征与 *Raoultella ornithinolytica* 菌株的典型特性(形态学特征、生理生化指标)一致[25]。

表 2 菌株 LD-PLA-01 对不同碳源与氮源的利用情况

Table 2 Utilization of different carbon and nitrogen sources by LD-PLA-01

碳源	利用情况	氮源	利用情况
葡萄糖	+	明胶	+
蔗糖	+	赖氨酸	+
山梨醇	+	鸟氨酸	+
甘露醇	+	精氨酸	-
L-鼠李糖	+	组氨酸	+
L-阿拉伯糖	+	尿素	+

注:+表示在含该碳源/氮源培养基上生长良好;-表示不生长

通过 16S rRNA 基因序列分析进一步确定菌株 LD-PLA-01 的分类地位。16S rDNA 序列测定后,在 NCBI 数据库中进行 BLAST 比对,结果显示与 *Raoultella ornithinolytica* 菌株序列相似度达 98%。构建基于 16S rRNA 基因序列的系统发育树(图 2),菌株 LD-PLA-01 与 *Raoultella ornithinolytica* Ro24724 的亲缘性较近。该菌株与肺炎克雷伯杆菌(*Klebsiella pneumoniae*)种明显分开,表明 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 代表了一个独特的生态型,可能是在鸭绿江流域特定环境条件下进化形成的。进而验证了从鸭绿江流域土壤中筛选到 *R. ornithinolytica* 的生态合理性,与该流域优势菌门变形菌门(Proteobacteria)分布相符[26]。

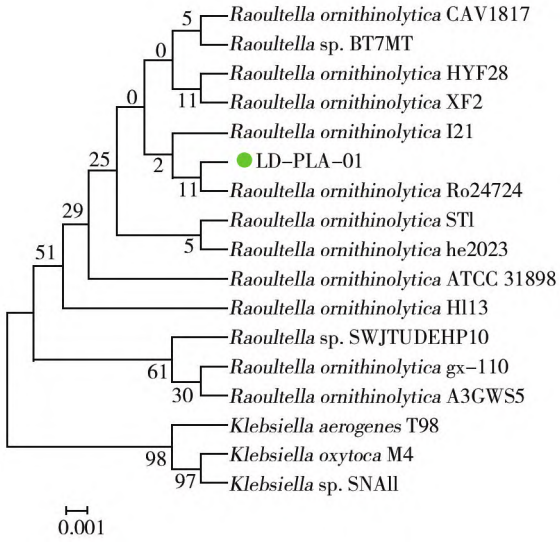


图 2 PLA 降解菌株 *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01 的系统发育进化树

Fig. 2 Phylogenetic evolutionary tree of PLA-degrading strains *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01

2.2 PLA 降解菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的全基因组特征与功能解析

2.2.1 菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的全基因组基本特征分析 对菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 进行全基因组测序,获得大小为 5.54 Mb 的完整基因组。菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的全基因组特征圈(图 3)显示了其染色体的基本结构,从内到外依次为 GC 含量、GC 偏移、tRNA/rRNA 分布、正向编码基因和反向编码基因。GC 含量为 55.4%,共编码 5 287 个蛋白质编码基因、73 个 tRNA 和 2 个 rRNA。基因组特征与已报道的 *Raoultella ornithinolytica* 菌株基本一致,如 *R. ornithinolytica* S12 菌株(5.52 Mb)[27],但 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 基因组相对较大,可能是由于存在质粒或基因重复。基因组注释显示其不存在耐药基因,表明菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 不含碳青霉烯耐药基因等临床风险基因,为实际环境应用的安全性提供参考。

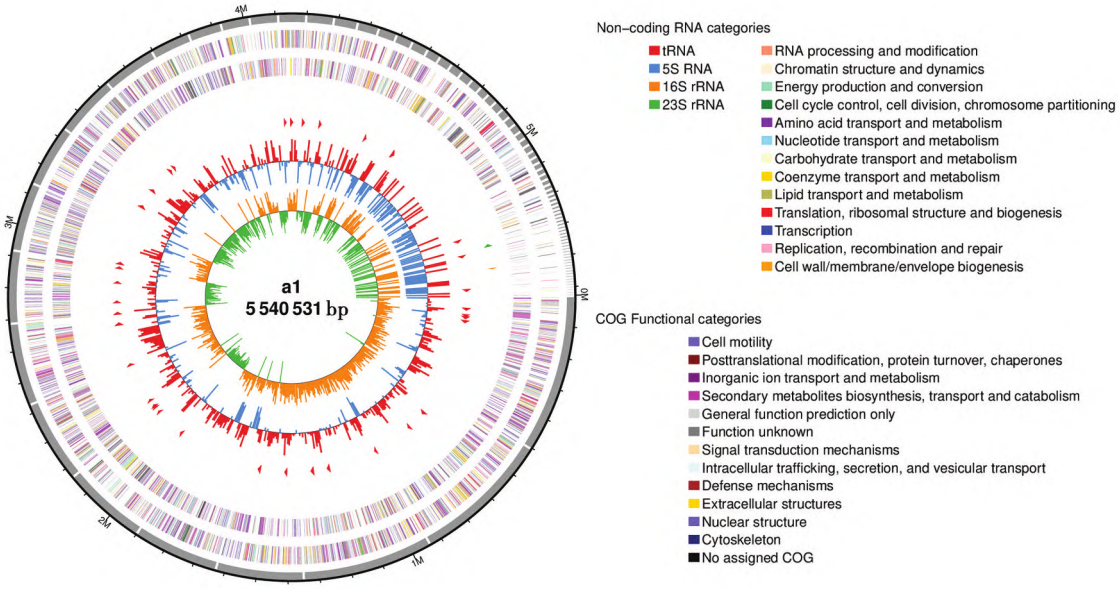


图 3 *Raoultella ornithinolytica* 全基因组特征圈

Fig. 3 The whole-genome characteristic map of *Raoultella ornithinolytica*

2.2.2 菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的 PLA 降解相关功能基因注释与分析 通过生物信息学分析,发现菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 含有多个与聚酯类物质降解相关功能基因,其可能具有降解 PLA 的功能(表 3)。值得注意的是,在基因组中含有一个完整的酯酶基因(*LipB*),该基因在其他 *Raoultella* 菌株中未见报道,推测是通过水平转移获得,这可能是 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 适应鸭绿江环境并具有 PLA 降解能力的关键因素。菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 中的 *LipB* 基因与 *Pseudomonas aeruginosa* 编码脂肪酶的基因有 67.6% 的相似度,表明该酶可能是潜在的 PLA 降解相关酶。

表 3 菌株 *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01 基因组中潜在的 PLA 降解酶基因

Table 3 Potential genes of PLA-degrading enzymes in the genome of *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01

基因	功能预测	相似度/%	菌株	参考文献
PcdGH	漆酶,具有降解邻苯二甲酸酯(PAEs)能力	98.0	*Raoultella ornithinolytica* XF201	[28]
LipB	酯酶,具有降解聚对苯二甲酸乙二醇酯(PET)能力	67.6	*Pseudomonas aeruginosa*	[29-30]
AlkB1	漆酶,具有降解低密度聚乙烯(LDPE)能力	40.4	*Pseudomonas aeruginosa*	[31]
Laccase	漆酶,具有降解 LDPE 能力	32.8	*Rhodococcus ruber*	[32]
EstA	酯酶,具有降解 PET 能力	30.9	*Pseudomonas* sp.	[29]

2.3 菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 的降解性能分析

2.3.1 菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 膜的降解分析 菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的 PLA 降解曲线如图 4 所示。在 30 ℃条件下,随着降解菌株孵育时间的增长,PLA 膜的失重率逐渐增加,30 d 时 PLA 薄膜的降解率达 14.6%。表明 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 是一株中温型 PLA 降解菌,与鸭绿江流域夏季水温(25 ~ 30 ℃)相重叠,说明其降解特性与流域自然条件相契合,可利用 PLA 作为碳源生长代谢。相较于已知的聚乙烯降解菌株 *Raoultella ornithinolytica* J-MPs-SAs(60 d 聚乙烯降解率 4.20%)[33],菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 的降解效率更高且周期更短,是该流域 PLA 废弃物的原位生物修复的理想菌株资源。

2.3.2 PLA 薄膜降解后的 SEM 和 WCA 表征分析 通过 SEM 检测 PLA 薄膜在菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解前后的表面形貌变化结果显示,未降解的 PLA 薄膜表面光滑平整(图 5A),而降解后的 PLA 薄膜表面出现大量的孔洞、裂痕和凹凸不平的结构(图 5B),表明菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 薄膜有明显的降解作用。菌株可附着在 PLA 膜表面,其分泌的水解酶导致薄膜发生水解[17]。WCA 分析 PLA 薄膜降解前后表面性质的变化结果显示,未降解 PLA 薄膜的水接触角为(67.2 ± 2.3)°(图 5C),呈现较强的疏水性;而经菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解 30 d 后,水接触角降至(44.5 ± 3.1)°(图 5D),表明 PLA 表面疏水性显著降低($P < 0.05$),亲水性增强。这是由于 PLA 分子链被水解断裂,产生了更多的亲水性末端羧基和羟基,从而改善了材料表面的亲水性表明菌株分泌的酶提高了 PLA 表面的亲水性,使菌株更容易附着在 PLA 膜表面[34]。

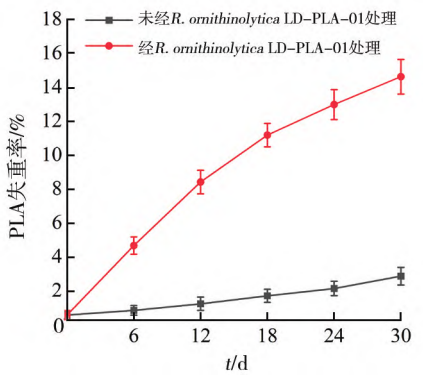


图 4 菌株 *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 薄膜的降解曲线

Fig. 4 Degradation curve of PLA film by strain *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01

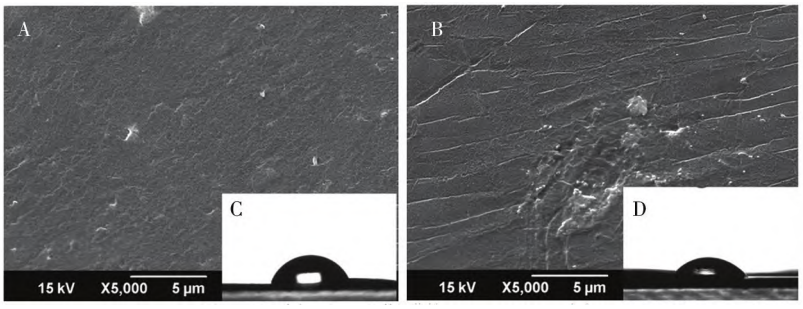


图 5 PLA 薄膜降解后的 SEM 和 WCA 表征

Fig. 5 SEM and WCA characterization of the degraded PLA films

A、C: 未经菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 处理 PLA 薄膜的 SEM 和 WCA 表征;B、D: 经过菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 处理 PLA 薄膜的 SEM 和 WCA 表征

A, C: SEM and WCA characterization of untreated PLA films without strain of *R. ornithinolytica* LD-PLA-01; B, D: SEM and WCA characterization of PLA films treated with strain of *R. ornithinolytica* LD-PLA-01

2.3.3 PLA 薄膜降解后的 ATR-FTIR 分析 空白对照组与菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解组样品的 ATR-FTIR 光谱图对比结果显示(图 6),空白对照样品的光谱图中出现 PLA 的典型特征官能团吸收峰,峰形尖锐、强度稳定,无明显偏移和衰减。2 996 cm^{-1}处对应次甲基(-CH-)中的 C-H 伸缩振动吸收峰,是 PLA 分子链中烷基的特征峰;1 745 cm^{-1}处对应酯羰基(C = O)的伸缩振

动吸收峰,是 PLA 最具特征性吸收峰,其强度直接反映 PLA 的含量;1 450 cm^{-1}和 1 383 cm^{-1}处分别对应甲基(-CH_3)的反对称弯曲振动和对称弯曲振动;1 182 cm^{-1}和 1 078 cm^{-1}处为酯键中 C-O 的伸缩振动吸收峰,对应 PLA 分子链中的酯键连接结构。864 cm^{-1}和 754 cm^{-1}处分别对应 C-C 骨架振动和-CO 伸缩振动吸收峰。与空白对照相比,菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解 30 d 后的样品光谱发生显著变化。1 745 cm^{-1}处酯羰基(C=O)伸缩振动吸收峰强度较空白对照降低 37.7%,表明 PLA 分子中的酯键发生断裂;1 182 cm^{-1}和 1 078 cm^{-1}处 C-O 酯键吸收峰强度分别降低 33.3% 和 34.3%,进一步证实 PLA 分子链因酯键断裂而发生降解,上述表征变化表明 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 可通过分泌胞外酶催化酯键的水解,实现对 PLA 的降解。

2.3.4 菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解 PLA 产物组成的液相质谱分析 液相质谱联用仪(LC/MS)检测结果显示,空白对照体系的色谱图中无对应乳酸的特征峰(图 7A),表明空白体系中无乳酸生成,PLA 未发生降解。*R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解体系中,在 m/z 为 91 处时出现了乳酸单体特征峰。同时,在 m/z 为 163、235、307 处分别检测到特征峰代表了为乳酸二聚体及更高聚合度的 PLA 降解中间产物,表明该菌株可将 PLA 降解至乳酸单体及其寡聚体(图 7B)。

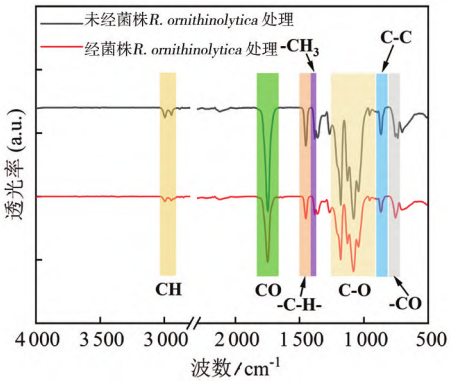


图 6 PLA 膜的傅里叶红外光谱表征

Fig. 6 Fourier transform infrared spectroscopy characterization of PLA films

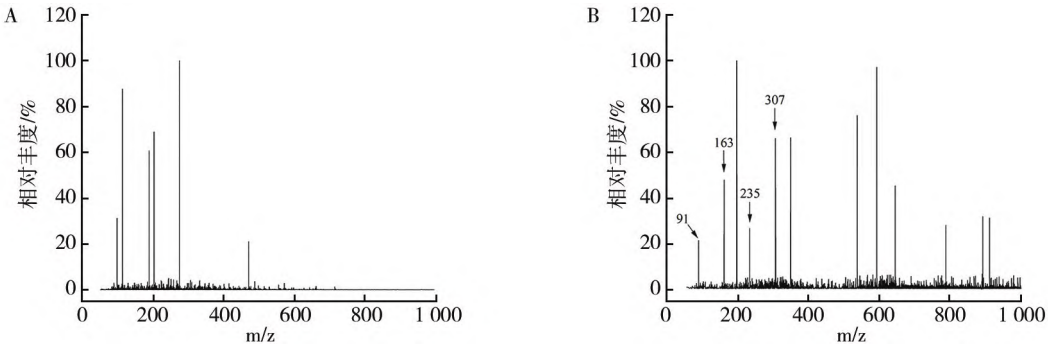


图 7 PLA 膜降解产物组成的质谱检测

Fig. 7 Mass spectrometry detection of PLA films degradation products

A:未经菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 处理 PLA 膜的降解产物;B:经菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 处理 PLA 膜的降解产物

A: Degradation products of PLA films without strain *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 treatment; B: Degradation products of PLA films treated with strain of *R. ornithinolytica* LD-PLA-01

2.4 pH 和温度对菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 所产酯酶酶活力的影响

pH 对菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 所产酯酶酶活力的影响曲线显示(图 8A),该酯酶酶活力的 pH 适应范围较广,在 pH 7.0~9.0 区间均保持较高的酶活力(相对酶活力≥80%)。当 pH 为 8.0 时,酯酶酶活力达到峰值,相对酶活力为 100%;当 pH 低于 6.0 时,酶活力显著下降($P<0.05$),pH 5.0 时,相对酶活力仅为(32.6±2.1)%。温度对酯酶酶活力的影响曲线显示(图 8B),酯酶酶活力随温度升高呈先上升后下降的趋势。在 25~45 ℃范围内,酶活力随温度升高显著上升($P<0.05$),45 ℃时达到最高值,相对酶活力为 100%;当温度超过 45 ℃后,酶活力有所下降,50 ℃时相对酶活力为(75.5±3.1)%。

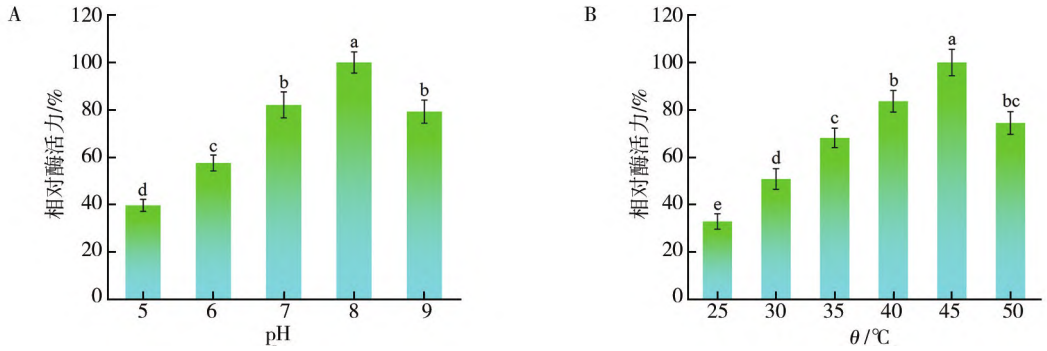


图 8 pH 和温度对菌株 *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01 所产酯酶酶活力的影响

Fig. 8 The influence of pH and temperature on crude enzyme activity from *Raoultella ornithinolytica* LD-PLA-01

A:pH 对酯酶酶活力的影响;B:温度对酯酶酶活力的影响;不同小写字母表示各处理间差异性显著($P<0.05$),相同字母表示差异性不显著

A: The effect of pH on enzyme activity; B: The effect of temperature on enzyme activity; Different lowercase letters indicate significant differences between treatments ($P<0.05$), while the same letter indicates no significant difference

3 讨 论

3.1 鸭绿江流域 PLA 降解菌株筛选与流域环境污染的适配性

从“塑料环境”微生态角度分析,淡水环境中 γ-变形菌门(γ-Proteobacteria)是塑料表面定殖的优势菌门[3],而 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 作为 γ-变形菌门成员,其在 PLA 表面的高效定殖能力与这一规律相符。塑料环境微生物群落的早期定殖阶段主要由快速生长的菌株主导[3],且塑料表面形成的生物膜是水生生态系统中基因交换的焦点区域,显著促进降解功能基因和耐药基因的水平转移[35]。基因组分析表明,PLA 降解菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 基因组中存在一个独特的酯酶基因(*LipB*),该基因与 PET 降解菌株 *Pseudomonas aeruginosa* 产生的脂肪酶相关基因相似度达 67.6%[29],且该基因在其他已报道的 *Raoultella* 菌株中较为罕见。这可能是通过基因水平转移获得[27],与“塑料环境是水平基因转移热点区域”的研究结论[35]一致,表明菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的 PLA 降解功能可能源于塑料环境微生态中的基因交流。同时,基因组中还检测到 *PcdGH*(漆酶基因)、*AlkB1*(漆酶基因)及 *EstA*(酯酶基因)等聚酯降解相关基因[28-29],这些基因的协同表达为菌株高效降解 PLA 提供了遗传支撑。此外,菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 基因组中未检测到耐药基因,这为其在环境中的安全应用消除了潜在风险,避免了“塑料环境微生物含有耐药基因”的生态隐患[36]。

PLA 在淡水生态系统中的降解效率低下是制约其环境友好应用的关键问题,而自然环境中适应淡水低温/中温条件的 PLA 降解菌资源匮乏是核心瓶颈[3,14]。此前 PLA 降解菌的筛选研究多集中于高温堆肥或海洋环境,已报道的芽孢杆菌属(*Bacillus*)、罗尔斯通氏菌属(*Ralstonia*)等菌株在淡水低温环境下降解活性显著降低[11-13],无法适配鸭绿江流域的生态条件[10]。从降解效率对比来看,本研究分离到的菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 的降解速率(0.5%/d)显著高于鞘氨醇单胞菌 *Sphingobacterium* sp. S2(0.146%/d)、铜绿假单胞菌 *P. aeruginosa* S3(0.16%/d)和镰刀菌 *Fusarium* LT-1(0.263%/d)[37-38]。菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 在中温淡水环境中的高效降解效能(30 d 失重率 14.6%),进一步凸显了土著菌株对特定生态的适应性优势,这与淡水塑料环境微生物群落对原生环境的长期适应性进化规律一致[39]。pH 与温度对酯酶酶活力的影响实验表明,菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 分泌的酯酶在 pH 7.0~9.0 区间保持 80% 以上的相对酶活力(最适 pH 8.0),在 30 ℃时酶活力为最适温度的 50%。鸭绿江流域水体 pH 为 7.0~8.0[9],与酯酶的适宜 pH 范围高度重叠,且菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 在 30 ℃(中温)条件下的降解效率仍能达到较高水平。说明菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 通过代谢调控实现了酶活力与生长代谢 pH 和温度的重叠,这

是其在自然环境中发挥降解功能的重要保障,相较于高温降解菌株更适合在鸭绿江流域开展原位修复。

3.2 基于酯酶家族与碳循环整合的 PLA 降解分子机制与生理基础

SEM、WCA、ATR-FTIR 和 LC/MS 检测分析,从多角度揭示了 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 的机制降解。菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 分泌的水解酶可侵蚀 PLA 薄膜表面,形成孔洞与裂痕,这一过程直接导致 PLA 薄膜的物理结构破坏与失重[17];降解后 PLA 薄膜的水接触角从 67.2°降至 44.5°,表面疏水性显著降低、亲水性增强。这是由于酶分子的活性中心与 PLA 分子链中的酯键形成氢键或疏水互作,降低酯键水解的活化能,促使 C-O 共价键(酯键)断裂[34]。酶解作用使 PLA 膜表面亲水性增强,促进降解菌的附着,进一步提升降解效率,这与 PLA 降解菌的典型作用模式一致[40]。在菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 对 PLA 的降解过程中,膜表面改性速率与酶解速率一致,这一特性可能源于细胞附着与其酯酶分泌的协同作用。结合检测结果推导菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 降解 PLA 的路径:该菌株首先分泌酯酶或脂肪酶,特异性催化 PLA 分子链中的酯键水解,将大分子 PLA 分解为低聚体;随后,低聚体进一步被酶解,最终生成乳酸单体;乳酸作为可代谢小分子有机酸,可被菌株吸收利用,为自身生长提供碳源和能量,并最终将其矿化为 CO_2 和 H_2O[41]。这进一步证实了菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的 PLA 降解能力,使其在低营养的淡水生态系统中仍能保持降解活性,与淡水寡营养环境中功能微生物的碳源利用规律一致。从碳代谢路径来看,*R. ornithinolytica* LD-PLA-01 将 PLA 降解为乳酸后,可通过琥珀酸代谢途径整合至微生物碳循环。淡水微生物的碳代谢途径具有高度灵活性,可根据碳源类型切换代谢途径[42],*R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的碳代谢特征恰好体现了这一灵活性,使其在以 PLA 为唯一碳源的环境中仍能生长代谢。

本研究从鸭绿江流域上游农业区、中游城镇生活区、下游自然保护区的土壤样品中,经富集培养与选择性筛选,获得一株具有 PLA 降解能力的 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 菌株,30 d 内 PLA 薄膜失重率达 14.6%。该菌株水解 PLA 导致其出现孔洞与裂痕,且亲水性增强。菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 分泌的胞外酶能够使 PLA 链上的 C-O 共价键(酯键)断裂,使羟基(-OH)和羧基(-COOH)暴露。生物信息学分析发现该菌株基因组中包含一个独特的酯酶基因(*LipB*),与已知聚酯水解酶相似度达 67.6%,推测该酶是潜在的 PLA 降解酶。本研究初步明确了菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 的 PLA 降解功能,并分析了其产生的胞外酶对 PLA 的潜在降解机制,为淡水环境 PLA 污染治理提供了菌种资源与理论依据。后续可进一步优化菌株发酵条件,提升酶产量,开展酯酶基因的异源表达与改造以提高酶活力,推动菌株 *R. ornithinolytica* LD-PLA-01 在环境治理中的产业化应用。

参考文献:

[1] Pagnotta L. Sustainable netting materials for marine and agricultural applications: A perspective on polymeric and composite developments[J]. Polymers, 2025, 17(11): 1454.

[2] 张骞, 李冰, 智怿擎. 可降解泡沫塑料生产技术及其在物流包装领域的应用[J]. 合成树脂及塑料, 2023, 40(2): 68-71.

[3] 邵琳颖, 郗悦玮, 翁云宣. 可降解聚乳酸复合材料研究进展[J]. 中国塑料, 2022, 36(6): 155-164.

[4] 孙文潇, 杨帆, 侯梦宗, 等. 环境中的微塑料污染及降解[J]. 中国塑料, 2023, 37(11): 117-126.

[5] Li S, Xu S, Zhang L, et al. Demonstrating the key role of *Bacillus* in poly lactic acid film degradation through statistical analysis and strain screening[J]. Environmental Pollution, 2024, 363: 125229.

[6] Wang Y, Hu T, Zhang W, et al. Biodegradation of polylactic acid by a mesophilic bacteria *Bacillus safensis*[J]. Chemosphere, 2023, 318: 137991.

[7] Wang Q, Zou X, Kang S, et al. Degradation of polylactic acid/polybutylene adipate-co-terephthalate blend by *Papiliotrema laurentii* S2P4P isolated from agricultural soils[J]. Polymer Degradation and Stability, 2024, 227: 110855.

[8] Zhao H, Zhou Y, Han Y, et al. Pollution status of microplastics in the freshwater environment of China: A mini review[J]. Emerging Contaminants and Environmental Health, 2022, 1: 5.

[9] 边学武, 王文玉, 张桂香. 鸭绿江中上游水域水质理化特征分析[J]. 中国卫生工程学, 2010, 9(5): 373-377.

[10] Gan M, Zhang Y, Shi P, et al. Occurrence, potential sources,

and ecological risk assessment of microplastics in the inland river basins in Northern China[J]. Marine Pollution Bulletin, 2024, 205: 116656.

[11] Mu L, Ding J, Wang Y, et al. Anaerobic biodegradation of PLA at mesophilic and thermophilic temperatures: Methanation potential and associated microbial community[J]. Environmental Technology, 2025, 46(15): 2932-2944.

[12] Cho I, Cho K-S. Correlations among polylactic acid biodegradation, bacterial communities, and predicted functional genes under mesophilic and thermophilic composts[J]. Polymer Degradation and Stability, 2026, 246: 111921.

[13] Ruggero F, Roosa S, Onderwater R, et al. Characterization of bacterial communities responsible for bioplastics degradation during the thermophilic and the maturation phases of composting[J]. Journal of Material Cycles and Waste Management, 2023, 25(6): 3270-3285.

[14] Pang R, Wang X, Zhang L, et al. Genome-centric metagenomics insights into the plastisphere-driven natural degradation characteristics and mechanism of biodegradable plastics in aquatic environments[J]. Environmental Science Technology, 2024, 58(42): 18915-18927.

[15] Li S, Li F, Bao Y, et al. Polyethylene and sulfa antibiotic remediation in soil using a multifunctional degrading bacterium [J]. Science of the Total Environment, 2024, 930: 172619.

[16] Yuan Y, Su T, Zheng Y, et al. Bacterial co-cultivation for the degradation of polystyrene plastics[J]. Engineering Microbiology, 2025, 5(4): 100232.

[17] Kim MY, Kim C, Moon J, et al. Polymer film-based screening and isolation of polylactic acid (PLA)-degrading microorganisms[J]. Journal of Microbiology Biotechnology, 2017, 27(2): 342-349.

[18] Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. Molecular Biology Evolution, 2021, 38(7): 3022-3027.

[19] Holt JG, Krieg NR, Sneath PHA, et al. Bergey's Manual of determinate bacteriology (Ninth edition)[M]. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 1994.

[20] Dunham TJ, Sherman TJ, Reed KJ, et al. Optimized library preparation, sequencing, and data analysis protocols for the generation of orbivirus consensus sequences[J]. BMC Genomics, 2026, 27(1): 48.

[21] Karimi E, Geslain E, Belcour A, et al. Robustness analysis of metabolic predictions in algal microbial communities based on different annotation pipelines[J]. PeerJ, 2021, 9: e11344.

[22] Wu J, Xiao M, Quezada-Renteria JA, et al. Sample preparation matters: Scanning electron microscopic characterization of polymeric membranes[J]. Journal of Membrane Science Letters, 2024, 4(1): 100073.

[23] Löβlein SM, Merz R, Müller DW, et al. An in-depth evaluation of sample and measurement induced influences on static contact angle measurements[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 19389.

[24] Nolasco-Soria H, Alvarez-González CA, Tovar-Ramírez D, et al. Optimization of classical lipase activity assays for fish digestive tract samples[J]. Fishes, 2024, 9(7): 261.

[25] Al-Hulu SM, Al-Charrakh AH, Al-Saadi MA. Isolation and characterization of *Raoultella ornithinolytica* from clinical specimens in Hilla city, Iraq[J]. Medical Journal of Babylon, 2009, 7(4): 42-47.

[26] 宋宇, 高明, 曲贵伟, 等. 鸭绿江入海口湿地土壤细菌群落结构和组装机制[J]. 水生态学杂志, 2025, 46(5): 214-222.

[27] Bao W, Zhou Y, Jiang J, et al. Complete genome sequence of *Raoultella ornithinolytica* strain S12, a lignin-degrading bacterium isolated from forest soil[J]. Genome Announcements, 2015, 3(2): e00104-15.

[28] Feng N, Zhang F, Xie Y, et al. Genome mining-guided activation of two silenced tandem genes in *Raoultella ornithinolytica* XF201 for complete biodegradation of phthalate acid esters[J]. Science of The Total Environment, 2023, 864: 161013.

[29] León-Zayas R, Roberts C, Vague M, et al. Draft genome sequences of five environmental bacterial isolates that degrade polyethylene terephthalate plastic[J]. Microbiology Resource Announcements, 2019, 8(25): e00237-19.

[30] Wu X, You P, Su E, et al. *In vivo* functional expression of a screened *P. aeruginosa* chaperone-dependent lipase in *E. coli* [J]. BMC Biotechnology, 2012, 12(1): 58.

[31] Jeon HJ, Kim MN. Comparison of the functional characterization between alkane monooxygenases for low-molecular-weight polyethylene biodegradation[J]. International Biodeterioration Biodegradation, 2016, 114: 202-208.

[32] Santo M, Weitsman R, Sivan A. The role of the copper-binding enzyme-laccase-in the biodegradation of polyethylene by the actinomycete *Rhodococcus ruber*[J]. International Biodeterioration Biodegradation, 2013, 84: 204-210.

[33] Yuan Y, Liu P, Zheng Y, et al. Unique *Raoultella* species isolated from petroleum contaminated soil degrades polystyrene and polyethylene[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2023, 263: 115232.

[34] He S, Jia M, Xiang Y, et al. Biofilm on microplastics in aqueous environment: Physicochemical properties and environmental implications[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 424: 127286.

[35] Arias-Andres M, Klümper U, Rojas-Jimenez K, et al. Microplastic pollution increases gene exchange in aquatic ecosystems [J]. Environmental Pollution, 2018, 237: 253-261.

[36] Rossi F, Santonicola S, Colavita G. Enrichment of antibiotic resistance genes on plastic waste in aquatic ecosystems, aquatic animals, and fishery products[J]. Antibiotics, 2025, 14(11): 1106.

[37] Satti SM, Shah AA, Marsh TL, et al. Biodegradation of poly(lactic acid) in soil microcosms at ambient temperature: Evaluation of natural attenuation, bio-augmentation and bio-stimulation[J]. Journal of Polymers the Environment, 2018, 26(9): 3848-3857.

[38] 庄昕怡, 楼晟豪, 李彤, 等. 一株降解聚乳酸微生物的筛选及特性研究[J]. 工业微生物, 2025, 55(1): 1-3.

[39] Li C, Wang L, Ji S, et al. The ecology of the plastisphere: Microbial composition, function, assembly, and network in the freshwater and seawater ecosystems[J]. Water Research, 2021, 202: 117428.

[40] Raza ZA, Khatoon R, Banat IM. Altering the hydrophobic/hydrophilic nature of bioplastic surfaces for biomedical applications[M]. Singapore: Springer, 2021: 431-466.

[41] Liu L, Hua Y, Sun J, et al. Carbon cycling in wetlands under the shadow of microplastics: Challenges and prospects[J]. Toxics, 2025, 13(3): 143.

[42] Yin Q, He K, Collins G, et al. Microbial strategies driving low concentration substrate degradation for sustainable remediation solutions[J]. Clean Water, 2024, 7(1): 52.