南京农业大学学报 2026,49(5):1089-1100
Journal of Nanjing Agricultural University
http://nauxb.njau.edu.cn
DOI:10.7685/jnau.202604039

陈旭文,刘梦蛟,张术旺,等. 基于合成微生物组的土壤新污染物生物修复研究进展[J]. 南京农业大学学报,2026,49(5):1089-1100.
Chen X W,Liu M J,Zhang S W,et al. Research progress on synthetic microbiome-based bioremediation of emerging contaminants in soil[J]. Journal of Nanjing Agricultural University,2026,49(5):1089-1100.

特约综述

基于合成微生物组的土壤新污染物生物修复研究进展

陈旭文*,刘梦蛟,张术旺,丁恒,李文杰,高彦征

(南京农业大学土壤有机污染控制与修复研究所,江苏 南京 211800)

摘要:土壤是新污染物在环境中的重要汇。持久性有机污染物、内分泌干扰物、抗生素、抗生素抗性基因以及微塑料等新污染物可通过污水灌溉、污泥和有机肥施用、农药化肥投入以及大气沉降等途径进入土壤环境,并对土壤生态功能和农产品安全造成威胁。传统的生物修复方法存在单菌代谢能力有限、外源菌定殖不稳定和中间产物积累等问题。基于合成微生物组的修复技术可根据污染物类型和降解过程,筛选功能菌株,并构建具有互补作用的合成菌群;同时结合多组学分析和模型辅助设计技术,使其对新污染物生物修复更具针对性。本文围绕功能菌筛选、合成菌群构建、多组学表征和模型辅助设计等内容,综述了合成微生物组在土壤新污染物生物修复中的进展,并结合实际案例,阐述了合成微生物组在重点管控新污染物修复中的作用效能,并归纳代谢分工、中间产物继续转化、营养互补和底物接触改善等主要作用机制。目前,已有研究主要关注合成微生物组的构建方法及一般环境应用,但针对土壤新污染物修复过程中菌群设计、污染物降解机制以及生态应用风险的总结仍然不足。因此,本文围绕土壤新污染物生物修复需求,系统梳理了合成微生物组的构建方法、技术支撑和应用进展。其中,重点总结了功能菌挖掘、合成菌群设计、多组学技术以及模型辅助优化在抗生素、微塑料、邻苯二甲酸酯和除草剂等典型新污染物去除中的应用,并总结其作用关键点、作用机制以及生态应用限制。未来需进一步优化菌群组成,加强植物在实际土壤中与根际微生物互作研究,并结合降解产物风险、土著微生物群落变化和土壤生态功能变化开展研究,以促进合成微生物组在实际土壤污染修复中的应用。

关键词:合成微生物组;土壤;新污染物;生物修复;合成菌群
中图分类号:S153;X53　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1000-2030(2026)05-1089-12

Research progress on synthetic microbiome-based bioremediation of emerging contaminants in soil

CHEN Xuwen*,LIU Mengjiao,ZHANG Shuwang,DING Heng,LI Wenjie,GAO Yanzheng

(Institute of Organic Contaminant Control and Soil Remediation,Nanjing Agricultural University,Nanjing 211800,China)

Abstract:Soil serves as an important sink for emerging contaminants in the environment. Emerging contaminants,including persistent organic pollutants, endocrine-disrupting chemicals, antibiotics, antibiotic resistance genes, and microplastics, can enter soil environments through various pathways,such as wastewater irrigation,sludge and organic fertilizer application,agricultural pesticide and fertilizer inputs,and atmospheric deposition,thereby posing threats to soil ecological functions and agricultural product safety. Traditional bioremediation approaches are limited by the restricted metabolic capabilities of individual strains,unstable colonization of introduced microorganisms,and accumulation of intermediate metabolites. Synthetic microbiome-based remediation technologies can select functional microorganisms according to pollutant types and degradation processes and construct synthetic consortia with complementary functions. Meanwhile, integration with multi-omics analyses and model-assisted design technologies enables more targeted bioremediation of emerging contaminants. This review focuses on functional microorganism screening,synthetic consortium construction,multi-omics characterization,and model-assisted design,and summarizes the advances of synthetic microbiomes in the bioremediation of emerging contaminants in soil. Based on representative cases,the remediation performance of synthetic microbiomes toward priority emerging contaminants is discussed, and the major mechanisms, including metabolic division of labor, further transformation of intermediate metabolites, nutrient complementation, and enhanced substrate accessibility, are summarized. Currently, existing studies have mainly focused on synthetic microbiome construction strategies and their general environmental applications;however, comprehensive summaries of microbial consortium design, pollutant degradation mechanisms, and ecological

收稿日期:2026-04-29
基金项目:国家自然科学基金项目(42307031,U22A20590,42430703);国家重点研发计划项目(2023YFC3708101)
作者简介:陈旭文,副教授,主要从事生物毒素污染风险与控制研究,E-mail:chenxuwen@njau.edu.cn。*通信作者。

application risks during soil emerging contaminant remediation remain insufficient. Therefore, this review systematically summarizes the construction strategies, technical support, and application progress of synthetic microbiomes for soil emerging contaminant remediation. In particular, the applications of functional microorganism discovery, synthetic consortium design, multi-omics technologies, and model-assisted optimization in the removal of typical emerging contaminants, including antibiotics, microplastics, phthalate esters, and herbicides, are highlighted. The key functional roles, underlying mechanisms, and ecological limitations associated with these applications are also summarized. Future research should further optimize consortium composition, strengthen investigations of plant-rhizosphere microbiome interactions under realistic soil conditions, and incorporate assessments of degradation product risks, alterations in indigenous microbial communities, and changes in soil ecological functions, thereby promoting the practical application of synthetic microbiomes in soil pollution remediation.

Keywords: synthetic microbiome; soil; emerging contaminants; bioremediation; synthetic microbial consortia

新污染物指具有生物毒性、环境持久性和生物累积性等特征的化学物质,来源广泛,产生于原料生产、产品加工、农业与医疗、居民消费、废弃物处置以及污水排放等多个环节。新污染物在环境中的行为复杂,对生态系统和人体健康存在潜在风险。根据国务院办公厅印发的《新污染物治理行动方案》以及生态环境部相关解读,目前国际上重点关注的新污染物包括持久性有机污染物、内分泌干扰物、抗生素和微塑料四大类。这些新污染物具有环境持久性、生物累积性和内分泌干扰效应以及致癌、致畸等生物毒性[1]。环境中新污染物可通过多种途径进入土壤介质,如灌溉水输入、粪肥与污泥施用以及大气沉降等[2-3]。不同新污染物在来源、结构特征和环境行为上存在明显差异,因此对土壤生态和人体健康的影响也不同。以邻苯二甲酸酯类(phthalic acid esters, PAE)为例,其可在塑料制品生产、使用和处置过程中释放进入土壤环境,检测浓度可达 1 533 $mg \cdot kg^{-1}$。此外,抗生素也是农田土壤中较常检出的新污染物,有研究在天津有机蔬菜基地中检出多种兽用抗生素,其中土霉素最高浓度可达 2 683 $\mu g \cdot kg^{-1}$[4-6]。农田土壤是关联环境安全与人体健康的重要介质,其污染状况直接影响农产品的质量安全与人体健康[7]。目前,新污染物监测体系和风险评价标准仍不完善,且其生态效应、健康风险尚未被完全了解,并缺乏相应的环境治理措施。

针对土壤环境中新污染物的污染修复问题,主要修复技术有物理修复、化学修复和生物修复[8]。传统的生物修复主要包括植物修复[9]、微生物修复[10]和动物修复[11]三大类,在此基础上也可进行联用。物理修复通常通过吸附、萃取、热处理等方式降低污染物浓度。化学修复则利用氧化、还原或催化等过程去除污染物。物理、化学修复速度较快且高效,但大多数价格昂贵,对土壤功能、结构破坏严重,存在二次污染风险。而生物修复环境友好,成本低且土壤扰动小。生物修复主要依靠植物、微生物或土壤动物的生命活动降解、转化或固定污染物,相比高温处理、强氧化剂处理等方法,对土壤扰动较小,能耗也相对较低[12]。例如,具有邻苯二甲酸二(2-乙基己基)酯[di(2-ethylhexyl) phthalate, DEHP]降解能力的促生菌 *Bacillus* sp. DRL1,可用于水稻辅助修复体系,在初始 DEHP 浓度为 300 $mg \cdot kg^{-1}$的污染土壤中,30 d 内可去除土壤中 83.9%的 DEHP,同时使水稻中 DEHP 含量较未接菌处理降低 7.7%[13]。但传统生物修复主要依赖天然植物、微生物或其联合体系,功能可调控性有限[14],当面对结构复杂、降解步骤较多或多种污染物共存的土壤体系时,仍可能受到单菌降解能力不足、外源菌定殖不稳定和修复效果波动等因素限制。因此,结合污染物特性和土壤环境条件,筛选功能菌株并构建具有互补作用的合成菌群,是利用合成微生物组技术提升土壤新污染物修复效率的重要策略。

合成微生物组技术的兴起为土壤新污染物修复提供了区别于传统生物修复的新思路。传统生物修复依赖天然菌株、植物或土壤动物本身已有的降解能力,而合成微生物组学更强调根据污染物类型和降解过程中的关键限制因素,对功能菌株、代谢通路和菌群结构进行有目的地设计与调控。其技术体系分为 2 个层面:一是借助基因编辑、代谢工程、人工基因回路、生物传感器和底盘细胞改造等合成生物学工具,对单个功能成员进行强化;二是在群落层面通过合成菌群构建、菌株间相互作用解析和模型辅助设计,优化不同功能成员之间的组合关系[15]。对于某些目标污染物,合成生物学工具可用于强化功能成员的关键降解能力,例如异源表达关键降解酶,调节功能基因表达,或使工程菌在目标污染物存在时启动相应降解功能,从而提高其对特定污染物的处理效率;对于结构复杂、降解步骤较多或多种污染物共存的情形,可通过合成菌群实现不同成员之间的功能分工,使母体污染物降解,中间产物继续转化,营养供给和环境适应等过程相互衔接。近年来,研究者通过改造工程菌实现对四环素等抗生素的感知与降解,并通过 CRISPR-Cas 系统定向削减抗生素抗性基因。在合成菌群方面,对四溴双酚 A(tetrabromobisphenol A, TBBPA)、邻苯二

甲酸酯类（phthalic acid esters，PAE）、低密度聚乙烯（low-density polyethylene，LDPE）以及多环芳烃等污染物的研究表明，人工组合菌群可通过代谢互补、交叉供养或改善底物接触等方式提高修复效果[16]。与此同时，宏基因组、宏转录组、宏蛋白组和代谢组等多组学技术，为识别降解相关功能基因、关键酶和代谢通路提供了依据。此外，应用稳定同位素探针、单细胞分选等方法也有助于从复杂土壤群落中寻找真正参与污染物转化的功能微生物。近年来，人工智能和代谢模型的引入则进一步提高了降解酶筛选、代谢通路预测和菌群组合优化的效率，但目前更多仍处于辅助预测和方案优化阶段，尚不能替代实际土壤验证。总体来看，合成微生物组学的核心价值不只是提高某一菌株的降解能力，而是将功能元件设计、菌株组合、多组学解析和模型预测结合起来，推动土壤新污染物修复由依赖天然降解潜力向面向污染物特征的系统设计转变。

本文围绕土壤中新污染物的主要类型，梳理了合成微生物组在生物修复中的关键技术、应用进展、作用机制及主要挑战，重点讨论了功能菌筛选、合成菌群构建、多组学解析和模型辅助设计等内容，并指出了该领域研究优势和所面临的挑战。

1　合成微生物组的关键技术方法

1.1　合成微生物组的构建技术

合成微生物组用于土壤新污染物修复时，通常需要从污染物类型出发，依次完成功能菌筛选、合成菌群构建、多组学解析与模型辅助设计，并结合修复效果进行安全评价，相关内容见图 1。合成微生物组的构建主要包括功能菌改造和菌群组装 2 个环节。功能菌改造通常借助底盘细胞选择、基因编辑、遗传回路和生物安全模块等合成生物学工具，提高单株菌株的降解能力或环境适应性。菌群组装则通过 top-down 富集、bottom-up 重构、菌株互作分析和模型辅助优化等方法，将不同功能菌株组合起来，使其在污染物转化、中间产物继续降解、营养供给和环境适应等过程中形成互补[17]。而且，不同工具在修复体系中的作用环节并不相同。

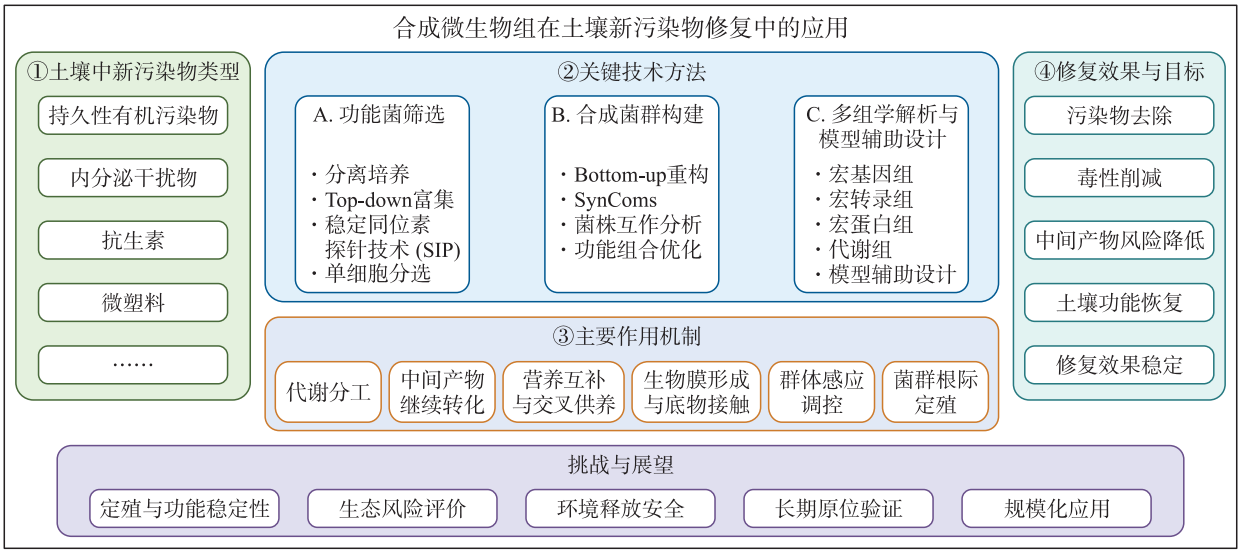

图 1　合成微生物组在土壤新污染物修复中的应用

Fig. 1　Application of synthetic microbiomes in the remediation of emerging contaminants in soil

在构建合成微生物组时，底盘细胞工程、遗传回路、生物传感器以及基因编辑主要用于改造单株菌株，使之具备特定污染物降解能力或环境适应能力，为后续合成菌群设计提供可组合的功能模块。Mu 等[18]以 *Escherichia coli* 作为底盘细胞，将来源于 *Bacteroides fragilis* 的四环素降解酶基因 *tetX* 克隆并重组表达于 *E. coli* 中，构建了能够感知并降解四环素的工程菌。此外，该研究通过遗传调控优化 *tetX* 表达，并利用毒素–抗毒素系统设计 kill-switch 候选模块，提高了工程菌应用的安全性。除此之外，基因编辑技术可定向识别并切割 DNA 序列，可用于改造功能菌以提高代谢能力以及降低抗生素抗性基因的传播风险。Li 等[19]利用 CRISPR-Cas9 构建 VADER 系统，实现了抗生素抗性基因的定向去除，其中 *Pseudomonas aeruginosa* 中 RP4 质粒 *bla* 基因去除率达 93.01%，并在 10 mL 接合体系中实现 *tetA* 的完全去除。

top-down 与 bottom-up 是合成微生物组构建中的 2 种重要策略,核心区别在于功能菌群的获取方式及菌群设计过程不同。top-down 策略以天然微生物群落作为起点,定向富集驯化具有目标功能的微生物,可保留自然群落中的互作关系,适用于污染降解机制不明确或可培养微生物资源有限的情况。但群落组成一般较为复杂,功能菌的筛选与体系调控存在困难。相比之下,bottom-up 策略将具有明确功能特征的微生物菌株作为基础,根据功能需求组合构建人工菌群,可调控性较强,但同时会受到可培养菌株资源以及菌株互作关系认知的限制。因此,将 2 种策略结合,可发挥各自优势,实现从自然群落发现功能规律到人工菌群的精准设计。Wu 等[20]针对 TBBPA 降解微生物组构建,首先采用 top-down 策略对天然微生物群落进行富集,并结合群落分析、关键类群筛选和菌株分离等方法,获得与 TBBPA 降解相关的关键菌株资源;其次,基于这些功能菌株的代谢特征和互作关系,利用 bottom-up 策略重新组合构建了由 4 株菌组成的合成菌群 SynCon2,其 36 h 内对 TBBPA 的降解率约为 90%;最后通过土壤微宇宙试验,将其在灭菌土和非灭菌土中 TBBPA 7 d 降解率分别提高至 20%和 40%。结果表明,合成菌群可通过功能分工和代谢互补提高污染物降解效率。

目前,土壤新污染物污染情况复杂,采用传统筛选方法获得的菌株很难实现高效降解目的。人工智能计算与模型辅助设计正逐步成为合成微生物组支撑土壤中新污染物生物修复的重要技术方向。与传统研究模式相比,这类方法在复杂土壤环境和多组学方法广泛应用的背景下,能更加高效地识别潜在降解元件,解析微生物群落互作关系,有助于构建合成菌群。例如,基因组尺度代谢模型(genome-scale metabolic model,GEM)可基于微生物基因组信息重构代谢网络,预测菌株代谢能力以及菌群成员之间潜在的互作关系,辅助筛选优化合成菌群成员[21]。除此之外,机器学习模型可通过基因序列、蛋白质结构特征及已注释的功能信息预测潜在降解酶和功能基因,为功能菌筛选和合成菌群的设计提供理论依据[22]。从目前研究进展来看,该方向在土壤新污染物修复领域的作用更多体现在辅助预测、预筛选以及方案优化方面,距离成熟、系统的原位应用仍有很大差距[23]。

1.2 合成微生物组构建与机制解析中的多组学表征技术

合成微生物组解析与表征技术是分析土壤新污染物生物修复机制的关键手段,除了宏基因组、宏转录组、宏蛋白组和代谢组这四大经典组学技术,还有用于分析群落组成的 16S/ITS 扩增子测序技术,以及用于识别真实参与污染物降解关键功能类群的稳定同位素探针(SIP)技术。此外,近些年还出现一些新的技术,如单细胞组学和空间组学,主要用于解释土壤微生物的个体功能及空间互作。

16S rRNA/ITS 扩增子测序可揭示土壤中新污染物胁迫下微生物多样性及优势类群的变化,提供群落组成信息[24]。但扩增子测序主要基于标记基因扩增,难以解析功能基因及代谢通路[25]。因此需结合宏基因组测序识别污染物降解相关功能。

宏基因组测序能够弥补扩增子测序在功能解析方面的不足,是合成微生物组前期设计中常用的功能识别手段[26]。宏基因组学能够在无需分离培养的条件下解析土壤微生物群落的组成特征、功能基因库及潜在代谢通路,获得群落基因组信息,有助于分析新污染物在土壤中的生物降解过程,识别与污染物降解转化相关的关键菌群和功能基因,目前已被广泛应用于新污染物降解机制研究。Zhu 等[27]利用宏基因组测序探究了参与 DEHP 降解的微生物以及相关基因,发现 DEHP 在土壤中的降解主要通过苯甲酸途径进行,且相对于真菌及古菌,细菌对 DEHP 的存在反应更灵敏,其中好氧条件下以放线菌目(Actinomycetales)成员为主要潜在降解类群,厌氧条件下则涉及 *Gemmatimonadetes*、*Proteobacteria*、*Acidobacteria* 和 *Bacteroidetes* 等类群。功能基因方面,DEHP 刺激富集的潜在降解基因主要包括酯酶、羧酸酯酶、脂肪酶、细胞色素 P450 酶和漆酶等的相关基因。这些可为后续筛选 DEHP 降解菌株、构建塑化剂降解合成微生物组提供候选类群和功能基因依据。

宏转录组测序可表征微生物群落在新污染物降解过程中的功能响应。与宏基因组相比,宏转录组能反映降解基因和相关通路的活跃状态,识别关键功能基因。Olabemiwo 等[28]利用两阶段富集法筛选微塑料降解菌群,并通过宏转录组测序鉴定出 LDPE 条件下 10 个已知塑料降解酶基因和 182 个潜在新型塑料降解酶基因上调,作为微塑料降解合成微生物组的菌株选择参考。而针对复合污染土壤修复,可将植物、根际微生物及外源微生物作为整体进行宏转录组分析[29]。此类研究表明,宏转录组不仅可识别降解相关基因,还可评价外源菌进入根际后与植物和土著微生物之间的协同作用。

宏蛋白组可直接检测实际表达的功能蛋白和关键酶,代谢组可从小分子代谢物层面反映污染物转化和土壤代谢变化,判断菌株及功能在修复中的作用。Chen 等[30]以邻苯二甲酸二丁酯(dibutyl phthalate,DBP)污染黑土为对象,结合宏蛋白组学、代谢组学发现,DBP 污染加快了土壤微生物对葡萄糖的消耗,并上调了孔蛋白及单糖 ABC 转运系统中周质溶质结合蛋白的表达,同时 ATP、NADPH 生成及部分脱氢酶表达也上调。这说明宏蛋白组和代谢组的联合分析能够把污染胁迫下的蛋白表达变化和能量代谢结合起来,在构建合成微生物组时,可辅助判断具体进行碳源摄取、污染物转化的模块。代谢组学还可用于识别污染胁迫下的差异代谢物和受影响通路,为合成微生物组的成员筛选和修复效果评价提供参考[31]。

要进一步明确复杂群落中哪些微生物真正参与污染物降解,还可结合稳定同位素探针(SIP)技术。Wei 等[32]利用 DNA-SIP 和宏基因组测序识别出 15 个 DEHP 活性降解操作分类单元(OTU),并解析出 6 条 DEHP 降解路径。这类研究能够把具体降解菌与降解途径联系起来,对从原位土壤群落中筛选功能菌、构建合成微生物组具有参考价值。

除此之外,单细胞技术是更前沿的发展方向。单细胞技术主要是在单个细胞水平上对微生物进行识别、分选和分析。与宏基因组、宏转录组等群体水平分析不同,单细胞技术可以尽量把功能对应到具体微生物细胞上,尤其适合用于寻找土壤中低丰度、难培养但可能具有重要降解功能的微生物。对于合成微生物组构建而言,这类技术可为前期功能菌筛选提供更准确的对象,减少后续人工菌群构建中的盲目性。Li 等[33]提出了稳定同位素探针、拉曼激活单细胞分选和基因组指导培养相结合的 RACS-SIP-GDC 策略,对活性甲苯降解菌进行原位识别和定向培养,获得了具有完整甲苯代谢通路的苯、甲苯、乙苯和二甲苯(BTEX)降解菌 *Pigmentiphaga* sp. L8B2。此方法把稳定同位素标记、单细胞拉曼分选和基因组指导培养结合起来,既可识别真正参与污染物利用的微生物,又能指导目标菌株的培养。因此,单细胞分选可作为合成微生物组构建前的功能菌挖掘手段,为后续菌株选择、成员组合和代谢功能分析提供基础。

空间组学更关注样品中的空间位置信息。它不是简单地把土壤样品混合后检测,而是尽量保留微生物、基因、蛋白或代谢物在原位环境中的分布情况。由于土壤内部存在明显异质性,根际、团聚体内部和污染物富集区的微环境并不相同,因此空间信息有助于判断功能菌是否能在目标区域定殖,以及不同菌株之间是否可能形成协同作用[34]。但空间组学在土壤新污染物研究中的直接应用目前仍相对有限,缺乏可作为典型例证的成熟原始研究。

多组学技术可识别土壤受新污染物胁迫而响应的关键菌群、功能基因、酶以及代谢通路,为人工智能计算和模型辅助设计提供数据基础[35]。模型辅助设计则推动利用土壤天然生物群落修复向利用合成微生物组修复的转变。微生物组建模、代谢互作分析和群落功能模拟等手段,可用于分析菌株之间的协作关系,帮助筛选关键功能菌及具有潜力的菌株组合,提高修复的针对性和效率。该技术在除草剂、石油烃等污染物中的研究较多,修复效果显著,体现了其在新污染物治理中具有较高的应用潜力。如 SuperCC 代谢建模流程可记录微生物组内部代谢相互作用,并能够模拟不同微生物组的性能,构建具有较强修复能力的合成微生物组[36]。除此之外,计算机辅助设计已逐渐进入降解酶筛选、代谢通路分析和工程菌株优化等关键流程,如机器学习工具 XenoBug 可预测细菌降解酶,代谢模型和数学建模可识别关键通路[22]。有研究在大肠杆菌中构建了将 1,2,3-三氯丙烷转化为甘油的人工合成途径,并预测了最佳酶比例,以实现甘油产量最大且代谢产物毒性最小[37]。此外,基因组尺度代谢模型也可用于污染物降解菌的功能预测,如预测了反硝化细菌 *Thauera* sp. MZ1T 在不同条件下的生长表现及对芳香族污染物的降解潜力[38-39]。

综上,合成微生物组用于土壤新污染物修复时,可借助宏基因组、宏转录组、宏蛋白组和代谢组等技术识别功能基因、表达蛋白和代谢变化;SIP 和单细胞分选技术定位参与污染物转化的关键微生物;模型辅助设计和机器学习手段用于降解酶预测、菌群组合优化和修复方案筛选。表 1 汇总了近些年相关技术在土壤修复中的代表性应用,主要涉及塑化剂、微塑料、石油烃类污染物和除草剂等,重点关注功能菌筛选、降解菌识别、机制解析和菌群效果评价。

2　合成微生物组在土壤新污染物修复中的作用效能

2.1　去除抗生素及抗生素抗性基因

抗生素及抗性基因(antibiotic resistance genes,ARG)是土壤新污染物的重要组成部分,农业活动是其进

表 1 合成微生物组相关技术在土壤新污染物生物修复研究中的应用概况

Table 1 Applications of synthetic microbiome-related technologies in the bioremediation of emerging contaminants in soil

技术类别 Technical category	污染物 Contaminant	研究体系 Study system	主要发现 Main findings	参考文献 References
机器学习/酶预测	多类污染物	宏基因组数据	XenoBug 可预测细菌污染物降解酶,为污染物降解酶筛选和功能元件挖掘提供计算工具	[22]
宏基因组	DEHP	土壤	DEHP 在土壤中的降解主要通过苯甲酸途径进行;细菌较真菌和古菌响应更敏感,潜在降解基因主要包括酯酶等	[27]
宏转录组	LDPE 微塑料	农业土壤富集菌群	鉴定出 10 个已知塑料降解酶基因和 182 个潜在新型塑料降解酶基因上调	[28]
宏转录组	复合污染土壤	植物-根际菌-外源菌体系	从整体上解析植物、根际微生物和外源接种微生物之间的互作关系	[29]
宏蛋白组/代谢组	DBP	黑土	DBP 污染上调孔蛋白及周质单糖 ABC 转运体溶质结合蛋白表达,同时 ATP、NADPH 生成及部分脱氢酶表达升高,提示糖类摄取与能量代谢增强	[30]
代谢组/微生物组联合	DBP	土壤暴露体系	共发现 172 种差异代谢物,其中 100 种上调,72 种下调,影响 43 条代谢通路,可用于评价污染胁迫下土壤微生物代谢响应	[31]
SIP(stable isotope probing)	DEHP	农田土壤/蚯蚓辅助体系	识别出 15 种活性 DEHP 降解菌,并解析出 6 条降解路径	[32]
单细胞分选	BTEX/甲苯降解菌	石油污染土壤	利用 RACS-SIP-GDC 原位识别并定向培养活性降解菌,获得 *Pigmentiphaga* sp. L8B2,后续基因组分析显示其具有近完整甲苯代谢通路	[33]
模型辅助设计	莠去津	*Paenarthrobacter aurescens* TC1	构建基因组尺度代谢模型 iRZ1179,用于预测菌株生长及莠去津降解相关营养条件;葡萄糖和磷酸盐补充被预测并验证可促进莠去津消耗	[39]
微生物组建模	除草剂	天然微生物组/合成微生物组	构建 SuperCC 代谢建模流程,可记录微生物组内部代谢相互作用,并模拟不同微生物组表现	[35]
全基因组测序	LDPE	土壤 LDPE 降解体系	构建 GAM 合成菌群,具有 LDPE 降解、生物膜形成和产生生物表面活性剂等功能;60 d 重量损失提高至 5.70%~7.88%,LDPE 半衰期由 1 731~2 482 d 缩短至 504~705 d	[40]
16S rRNA 基因测序	6 种 PAE	培养基+土壤	合成菌群可同步降解混合 PAEs;土壤中 6 d 内完全降解 DMP、DEP、BBP 和 DBP,2 周内降解 70.84% DEHP 和 66.24% DOP	[41]
16S rRNA 基因测序	DBP、DEHP	SC-5 合成菌群+玉米根际土壤	构建 5 株细菌组成的 SC-5,液体培养中 DBP 和 DEHP 去除率达 98.1%~100%;玉米根际土壤中 DEHP 第 50 天去除率达 92%	[42]
16S rRNA 基因测序、宏基因组	多种除草剂	土壤微宇宙	构建除草剂降解 SynCom,48 h 内对多种除草剂实现 60%以上降解;黑土微宇宙中 35 d 降解效率达 60%~99%,并维持菌群丰度在 $10\ CFU\cdot g^{-1}$ 以上	[43]

入土壤的重要途径[44]。土壤抗生素残留通常处于 $ng\cdot g^{-1}$ 水平,不同地区、土地利用方式导致地区间差异较大,最高可达 2 683 $ng\cdot g^{-1}$[5]。相比于抗生素残留,ARG 具有更高的持续性和传播能力,施用粪肥后土壤中 ARG 绝对丰度可达 $10^6\sim10^{10}\ copies\cdot g^{-1}$,明显高于未施粪肥土壤[45]。因此,抗生素残留与 ARG 的去除,是土壤新污染物生物修复的重要部分。在抗生素去除层面,合成微生物组相关应用仍处于起步阶段。Wu 等[46]从四环素污染土壤中分离功能菌,并构建了由 *Raoultella* sp. XY-1 和 *Pandoraea* sp. XY-2 组成的四环素降解菌群。该菌群在培养基中 12 d 内可降解 81.72%的四环素;用于实验室土壤修复时,在 30 ℃、初始四环素浓度约 35 $mg\cdot kg^{-1}$ 的条件下,65 d 内四环素浓度下降 43.72%。但该研究也显示,进入土壤后只有 *Raoultella* sp. XY-1 成功增殖,*Pandoraea* sp. XY-2 未被检出,说明人工组合菌群在土壤中的定殖和协同作用仍不稳定。相比于抗生素残留,ARG 更直接关系抗性传播风险。目前,同时面向抗生素降解和 ARG 控制的土壤合成微生物组研究仍较少,后续还需重点评估菌群的定殖能力、功能稳定性和生态安全性。ARG 直接关系环境抗性风险,合成微生物组在其去除方面的研究也取得了重要进展。有前沿研究已开始尝试将成簇规律间隔短回文重复序列及其相关蛋白系统(CRISPR-Cas)等可编程系统用于 ARG 的定向清除。Li 等[19]基于 CRISPR-Cas 免疫机制构建了 VADER 系统,为抗性基因的定向削减提供了合成生物学工具。该研究虽不是典型的多菌株合成菌群修复案例,但可为合成微生物组修复体系中的抗性风险控制提供参考。

2.2　清除微塑料

目前,合成微生物组在土壤微塑料修复中的应用较少,真正针对土壤体系中的原始研究相对有限。较为有代表性的是 Muangchinda 等[40] 构建的人工合成菌群 GAM,该菌群由 *Gordonia sihwensis* LS1、*Amycolatopsis thermoflava* 3B14 和 *Mesorhizobium* sp. 1B3 组成,具有 LDPE 降解、生物膜形成和产生生物表面活性剂等功能。与单菌体系相比,GAM 菌群表现出更高的 LDPE 降解速率(0.000 7 d^{-1}),高于单菌体系(0.000 5~0.000 6 d^{-1})。在土壤微宇宙中,GAM 处理 60 d 后,LDPE 质量损失提高到 5.70%~7.88%,明显高于未接种对照(1.66%~2.37%),且 LDPE 半衰期从 1 731~2 482 d 缩至 504~705 d,这说明功能互补的合成菌群能够在一定程度上促进土壤中 LDPE 的降解,但其在真实土壤中的定殖稳定性、成员互作关系和长期降解效果仍需要进一步验证。

2.3　消除持久性有机污染物及疏水性难降解有机污染物

近年来,合成微生物组在土壤中 POPs 降解方面已取得诸多进展,尤其是人工功能菌群的构建。Wu 等[20] 使用 top-down 富集与 bottom-up 重构的方法,构建合成微生物菌群并探讨了其对 TBBPA 的降解效能。首先从沉积物样品中富集获得多个 TBBPA 降解微生物组,其中 M3 组表现出较高降解活性,M3-3 微生物组对 TBBPA 的降解率最高,可达 91.6%。随后基于关键功能菌及其互作关系组装获得合成菌群 SynCon1、SynCon2 等。研究发现,单菌体系整体降解能力有限,在筛选的 25 株菌中仅 7 株表现出一定 TBBPA 降解能力,且多数降解率低于 10%。相比之下,在低浓度 *L*-丙氨酸条件下,SynCon2 在 36 h 内对 TBBPA 的降解率约为 90%,明显高于单菌、SynCon1 以及全部关键菌的简单组合。土壤微宇宙试验表明,接种合成菌群 SynCon2 后,灭菌土中 TBBPA 在 7 d 时的降解率由 6%提高至 20%以上,非灭菌土中则高达 40%,表明人工简化和重组的合成菌群可在土壤微宇宙中提高 TBBPA 的去除效果。类似的,也有研究构建了兼具固氮和芘降解功能的合成菌群,并将其用于污染土壤修复,研究发现该体系能够同时促进芘(pyrene)去除及相关功能基因富集,相比于自然降解,固氮型合成微生物群落(SynCom)在 2 类土壤中均同步提高了芘降解与固氮功能,其中红壤中芘降解率由 41.8%提高至 50.0%,水稻土由 79.2%提高至 84.9%,表明固氮型合成菌群可在一定程度上促进土壤中芘降解,并同步增强固氮相关功能[47]。

2.4　其他污染物的降解

除前述几类污染物外,合成微生物组在其他新兴污染物处理中的应用,目前较多集中在邻苯二甲酸酯类增塑剂及少数农药残留。就现有研究而言,与土壤场景联系最紧密的仍然是邻苯二甲酸酯。邻苯二甲酸酯类污染物组成复杂、代谢中间产物较多,适合通过功能互补的合成菌群协同降解。Liu 等[41] 构建了由功能互补菌株组成的合成细菌菌群,实现了 6 种优先控制邻苯二甲酸酯类污染物(PAE)在无机盐培养基和土壤中的同步高效降解。由于单一菌株通常仅具备部分 PAE 降解能力,功能互补的菌群能够覆盖更多 PAE 降解步骤,从而实现多种 PAE 的同步去除。在含有 6 种混合 PAE 的培养基中,合成菌群在 48 h 内完全降解了 4 种短链 PAE,并在 72 h 内降解了 DEHP(100%)和邻苯二甲酸二正辛酯(dioctyl phthalate,DOP)(62.5%)。在含有 6 种混合 PAE 的土壤中,合成菌群在 6 d 内完全降解了邻苯二甲酸二甲酯(dimethyl phthalate,DMP)、邻苯二甲酸二乙酯(diethyl phthalate,DEP)、邻苯二甲酸丁基苄酯(benzyl butyl phthalate,BBP)和 DBP,并在 2 周内使 DEHP 和 DOP 的降解率分别达到 70.84%和 66.24%,显示出合成菌群在混合 PAE 污染土壤修复中的应用潜力。在此基础上,Lü 等[42] 进一步构建了 5 株细菌组成的合成菌群 SC-5,在 200 mg·L^{-1}条件下液体培养基中对 DBP 和 DEHP 的去除率达到 98.1%~100%,玉米根际土壤中 DEHP 去除率在第 50 天可达 92%,高于未接种根际土壤(82%)和接种后非根际土壤(76%),证实该菌群能够重新定殖玉米根际,从而显著促进根际土壤中 DEHP 的去除。Wei 等[48] 构建的 SynCom-4 则进一步表明,根际环境能够放大合成菌群的修复作用:该体系可完成 DEHP 降解,并在 50 d 的土壤试验中使根际 DEHP 降解率由 71.7%提高到 78.0%,非根际土则由 65.2%提高到 68.7%。这些研究表明,合成菌群在 PAEs 污染土壤,尤其是根际土壤修复中具有一定应用潜力[49]。

此外,合成微生物组在土壤中除草剂、生物毒素残留等方面的应用也有报道。如 Zhang 等[43] 构建了 SynCom,发现其在土壤微宇宙中表现出较强应用潜力,该体系在 48 h 内可对多种除草剂实现 60%以上降解,在黑土微宇宙试验中,35 d 时除草剂的降解效率高达 99%,并能将菌群丰度稳定维持在 10^4 CFU·g^{-1}以上。总体来看,合成微生物组在 PAEs 和部分农药残留修复中已有较明确的原始研究支撑,但相关研究仍主要集中在室内培养、盆栽或土壤微宇宙尺度,距离复杂土壤环境中的长期稳定应用仍有一定距离。

3 合成微生物组修复土壤新污染物的作用机制

合成微生物组与传统生物修复相比其优势主要体现在代谢链条的衔接和成员间互补。对于降解步骤较多、容易积累中间产物的新污染物,单一菌株往往难以同时完成母体化合物转化和下游中间产物继续降解,而合成菌群可通过不同成员之间的代谢分工,使污染物降解过程更加连续。这一过程也对应图 1 中的“主要作用机制”。此机制在 TBBPA 和 PAE 降解中均有体现。在 TBBPA 降解过程中,脱溴是关键步骤之一,同时中间产物分析表明其可能经过氧化 β-断裂和硝化 β-断裂等途径发生转化,而 SynCon2 中不同菌株携带不同的芳香化合物降解相关基因,可共同参与 TBBPA 及其下游芳香中间产物的转化,*L*-氨基酸也可作为共代谢底物促进这一过程。这说明对于 TBBPA 降解机制尚不完全清楚的污染物,合成菌群的作用不仅是提高降解率,还是通过不同菌的配合补足单菌在复杂代谢过程中的不足[20]。PAE 在合成菌群作用下的降解同样需要多个反应步骤。DBP、DEHP 等先通过水解和脱酯化形成相应单酯,并进一步转化为邻苯二甲酸;部分长链 PAE 还可通过 β-氧化形成短链 PAE 化合物。随后,邻苯二甲酸可继续进入原儿茶酸途径,或经苯甲酸、儿茶酚等中间产物进一步代谢。其中,部分菌株如 *Glutamicibacter* sp. ZJUTW 主要降解母体 PAE,另一部分如 *Cupriavidus* sp. LH1 则更擅长利用邻苯二甲酸和原儿茶酸等中间产物,减少中间产物积累,使降解过程更连续。SC-5 合成菌群的研究也表明,不同成员对母体 PAE、中间产物和代谢产物的利用能力存在差异,PAE 去除效率的提高并不只是来自某一个高效菌株,而是来自菌株之间的协同代谢[41-42]。总体来看,合成菌群可通过成员间的代谢分工,依次完成母体污染物转化、中间产物继续降解及最终矿化。PAE 和 TBBPA 的典型协同降解过程如图 2 所示。

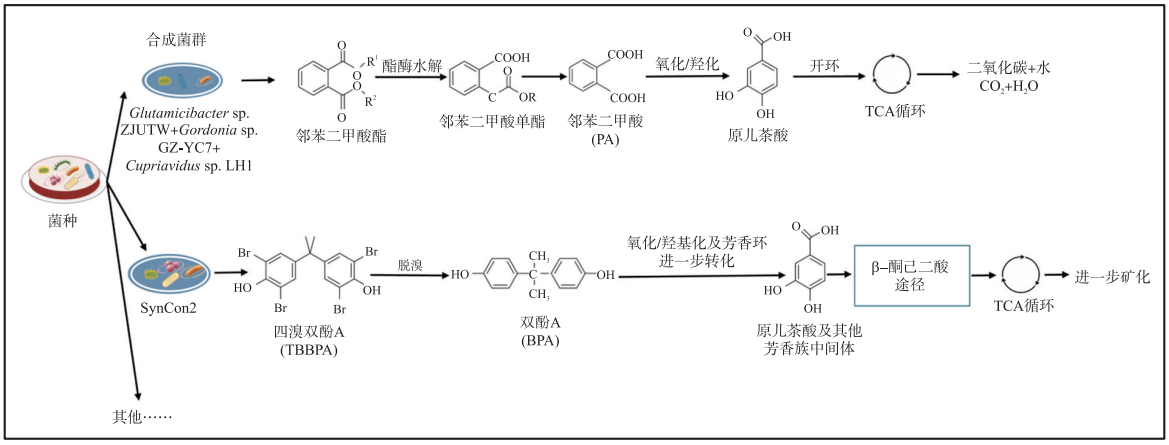

图 2 合成微生物组降解新污染物的机制

Fig. 2 Emerging contaminant degradation mechanisms by synthetic microbiomes

对于芘等多环芳烃(polycyclic aromatic hydrocarbons,PAH),合成菌群的作用还与营养限制的缓解有关。PAH 污染土壤中常存在碳源过剩而氮源不足的问题,氮限制会抑制降解菌的生长和代谢活性。以 *Azotobacter chroococcum* HN 和 *Paracoccus aminovorans* HPD-2 构建的合成微生物组体系为例,固氮菌可通过固氮作用向芘降解菌提供氮源,尤其是以 NH_4^+ 以及氨基酸、肽类等含氮物质的形式缓解氮限制;同时双方可通过芘降解下游中间产物进行交叉供养,在氮限制条件下维持降解菌活性。与单菌相比,这类双菌或多菌体系的优势不只是提高降解率,更在于把污染物降解与氮素供给两功能连接。组学分析表明,共培养条件下,*A. chroococcum* HN 中氮固定、芳香化合物降解、蛋白输出和三羧酸循环(TCA)等过程增强,*P. aminovorans* HPD-2 中群体感应、芳香化合物降解和 ATP 结合盒(ABC)转运体等过程增强,说明该体系的作用并不只是单纯供氮,还涉及代谢物交换、细胞间交流和功能互补。因此,营养互补和交叉供养是合成微生物组促进 PAH 等难降解有机污染物去除的重要机制,尤其适用于解释贫瘠土壤或氮限制条件下合成菌群修复效果的提高[47,50]。

除代谢分工和营养互补外,合成菌群能否与污染物充分接触,也会影响修复效果。LDPE 结构稳定且疏水性强,微生物降解受限于菌体与塑料的附着接触。Muangchinda 等[40]构建的 GAM 合成菌群菌株间在 LDPE 降解功能上表现出一定互补性,其生物膜形成有利于菌体定殖,生物表面活性剂可改善菌体与疏水性塑料基质的接触条件。具体而言,*G. sihwensis* LS1 参与聚合物氧化,*A. thermoflava* 3B14 与生物膜形成关

系密切,*Mesorhizobium* sp. 1B3 则通过酯酶、脂肪酶等发挥作用,共同促进 LDPE 表面侵蚀和聚合物链降解。

此外,群体感应(QS)也可参与菌株的功能调控。微生物可通过酰基高丝氨酸内酯(AHL)等信号分子进行细胞间交流,如调控降解相关基因表达、促进胞外聚合物产生和生物膜形成、改变细胞表面疏水性等。在 *Pseudomonas aeruginosa* CGMCC1.860 中,*rhl* 群体感应系统的破坏会降低芳香族化合物降解能力和下调儿茶酚 2,3-双加氧酶相关基因 *nahH* 的表达[51-52]。针对双酚 A 降解菌 *Sphingomonas* sp. YK5 的研究也发现,该菌主要产生 N-辛酰高丝氨酸内酯(C8-HSL)信号分子,AHL 系统缺失后,*bisdA* 等降解相关基因表达下降,双酚 A 降解能力受到影响[53]。上述研究主要揭示 QS 对单个功能菌降解性能的调控,有研究显示 QS 可调控微生物群体的行为,并可能影响微生物群落的功能表现,但目前关于 QS 介导的菌群间信号交流在污染物降解过程中的作用仍缺乏深入研究。尤其是在土壤合成微生物组体系中,QS 如何影响不同成员之间的互作关系以及修复效率有待进一步探究。

4　合成微生物组在土壤新污染物修复中的优势、局限性与挑战

4.1　合成微生物组在土壤新污染物修复中的优势

与传统主要依赖天然菌株筛选或原位微生物群落自然降解的修复方式相比,合成微生物组的优势首先体现在可根据污染物降解过程进行功能分工。土壤中新污染物种类复杂,许多污染物的降解并不是由单一反应完成,而是涉及母体化合物转化、中间产物继续降解、营养供给、抗胁迫和环境适应等多个环节。单一菌株往往难以同时承担这些功能,而合成菌群可根据不同成员的代谢特点进行组合,使各成员分别参与污染物初始转化、中间产物利用、营养补充或辅助定殖等过程。例如:在 PAE 降解中,不同菌株可分别降解短链或长链 PAE,并继续利用邻苯二甲酸、原儿茶酸等中间产物,从而减少中间产物积累;在芘降解体系中,固氮菌可为降解菌提供可利用氮源,缓解氮限制对降解菌生长和代谢活性的抑制。这种基于功能分工的组合方式,使合成菌群在处理结构复杂、降解步骤较多或多种污染物共存的土壤体系时,比单菌修复更具有针对性。

合成微生物组有助于提高修复体系在复杂土壤环境中的适应性。土壤是一个复杂体系,污染物的生物有效性、土壤营养条件、水分、pH 值和氧化还原状态均会影响功能菌的存活和作用。与单菌相比,合成菌群可通过交叉供养、代谢互补、生物膜形成和根际定殖等方式维持降解相关功能稳定。但合成菌群并不必然比单菌更稳定,实际效果仍取决于菌株之间关系、适应土壤环境的能力,以及是否会受到土著微生物竞争抑制[54]。因此,合成微生物组的优势并非靠菌株数量实现,而应体现在合理筛选菌群组成、明确功能分工以及维持菌群协同作用上。

此外,合成微生物组具有较强的可设计性。多组学技术可用于识别污染物降解相关类群、功能基因、蛋白和代谢通路,为功能菌筛选和机制解析提供依据;稳定同位素探针、单细胞分选等方法则有助于从复杂土壤群落中识别真正参与污染物转化的活性微生物;人工智能和代谢模型可用于预测菌株间互作关系、筛选可能的功能组合,并优化营养条件或菌群比例,使后续试验设计更有针对性;基因编辑、遗传回路和生物安全模块等合成生物学工具也可作为辅助技术,用于强化某一功能成员的降解能力、响应能力。

4.2　合成微生物组在土壤新污染物修复中的局限性与挑战

合成微生物组为土壤新污染物修复提供了新的思路,但其在实际土壤中的应用仍面临挑战。首先,合成菌群在土壤中的定殖和功能维持不稳定,受土著微生物竞争、营养限制、污染物毒性等多种因素影响[55]。部分研究在实验室体系下修复效率较高,但在实际土壤中的复杂环境下出现菌株无法存活、菌群比例变化或协同关系减弱等问题,导致修复效果远低于预期[56]。对于工程菌,外源通路和调控元件可能增加菌株代谢负担,导致功能逐渐下降[57]。因此,构建合成菌群不仅要关注短期降解率,还需评价其在不同土壤类型、污染水平和施用方式下的长期稳定性。

其次,合成微生物组对土著微生物和土壤生态过程的影响需要评估。外源菌群可能与土著微生物竞争与协作,导致原有微生物群落结构、功能基因组成和代谢网络改变[58]。同时,新污染物降解过程中生成的中间产物和最终产物,其环境行为和生态风险需进一步评估[59]。因此,后续研究不应只关注污染物去除率,还应关注降解产物毒性、土著微生物群落变化、功能基因组成及土壤养分循环过程,从而评估土壤修复效果。

再次,多组学和模型辅助设计虽然有助于提高功能菌、功能基因和代谢通路的筛选效率,但结果仍需进一步验证。多组学数据通常反映了合成菌的潜在功能或可能参与的过程,不等同于实际降解过程[60]。不同组学数据反映的层面和时间尺度不同,也使数据整合和结果解释更加困难[61]。因此,不能仅凭某一类组学数据判断某个菌株或某条通路一定在发挥作用,还需要结合其他方法验证。类似的,模型预测更适合定位于前期筛选和方案优化,不能替代实际土壤体系中的效果。

最后,合成微生物组的实际应用还受到成本、生物安全和管理规范等因素限制[62]。合成菌群的筛选、构建、培养和施用需要较高的成本;工程化菌株的实地施用还涉及水平基因转移等生态健康风险问题,相关监管要求也极为严格。因此,未来研究不仅要追求污染物降解效率,还应重视菌群来源、生物安全、环境归宿和进行长期监测[63]。

5 结论与展望

合成微生物组为土壤新污染物的生物修复提供了新的思路。与依赖天然菌株修复方式相比,合成微生物组更强调结合污染物类型、降解途径和土壤环境条件,借助多组学分析和模型辅助,进行设计和优化。合成菌群在部分新污染物去除中表现出一定的优势,但目前多数研究仍停留在室内培养和模拟土壤体系阶段,在复杂土壤环境中的稳定性和长期修复效果仍需进一步验证。未来研究方向需关注:1)加强实际土壤环境中的长期验证,在不同土壤类型、污染浓度和施用方式下持续观察合成菌群的定殖能力、降解效果及其对土著微生物的影响。2)优化合成菌群的内部协同作用和功能分工,应结合污染物转化、中间产物降解、营养条件限制和环境适应性等因素筛选和组合功能菌株。3)结合多组学分析、同位素示踪、代谢产物鉴定,验证关键菌株及代谢通路在实际土壤污染物转化中的作用。4)重视生态安全和应用可行性,综合评价污染物去除效果、中间产物毒性、作物安全、土壤生态功能及外源菌群环境归宿,确保修复过程具有较好的安全性和可控性。

参考文献 References:

[1] 刘沛,黄慧敏,余涛,等. 我国新污染物污染现状、问题及治理对策[J]. 环境监控与预警,2022,14(5):27-30,70.
Liu P,Huang H M,Yu T,et al. Present situation,problems and treatment countermeasures of emerging pollutants in China[J]. Environmental Monitoring and Forewarning,2022,14(5):27-30,70(in Chinese with English abstract).

[2] Bayabil H K,Teshome F T,Li Y C. Emerging contaminants in soil and water[J]. Frontiers in Environmental Science,2022,10:873499.

[3] Uwamungu J Y,Wang Y B,Shi G X,et al. Microplastic contamination in soil agro-ecosystems:a review[J]. Environmental Advances,2022,9:100273.

[4] 郭冬梅,吴瑛. 南疆棉田土壤中邻苯二甲酸酯(PAEs)的测定[J]. 干旱环境监测,2011,25(2):76-79.
Guo D M,Wu Y. Detemination of phthalic acid esters of soil in south of Xinjiang cotton fields[J]. Arid Environmental Monitoring,2011,25(2):76-79(in Chinese with English abstract).

[5] Hu X G,Zhou Q X,Luo Y. Occurrence and source analysis of typical veterinary antibiotics in manure,soil,vegetables and groundwater from organic vegetable bases,northern China[J]. Environmental Pollution,2010,158(9):2992-2998.

[6] Lü H X,Mo C H,Zhao H M,et al. Soil contamination and sources of phthalates and its health risk in China:a review[J]. Environmental Research,2018,164:417-429.

[7] Maddela N R,Ramakrishnan B,Kakarla D,et al. Major contaminants of emerging concern in soils:a perspective on potential health risks[J]. RSC Advances,2022,12(20):12396-12415.

[8] Bala S,Garg D,Thirumalesh B V,et al. Recent strategies for bioremediation of emerging pollutants:a review for a green and sustainable environment[J]. Toxics,2022,10(8):484.

[9] Limmer M,Burken J. Phytovolatilization of organic contaminants[J]. Environmental Science & Technology,2016,50(13):6632-6643.

[10] Ma J,Yan G X,Ma W F,et al. Isolation and characterization of oil-degrading microorganisms for bench-scale evaluations of autochthonous bioaugmentation for soil remediation[J]. Water,Air & Soil Pollution,2015,226(8):272.

[11] Suthar S. Nutrient changes and biodynamics of epigeic earthworm *Perionyx excavatus*(Perrier)during recycling of some agriculture wastes[J]. Bioresource Technology,2007,98(8):1608-1614.

[12] Ibrahim A,Oginga B,Zhang Y A,et al. Bioremediation of soils with emerging organic contaminants using immobilized microorganisms[J]. Environmental Technology & Innovation,2025,40:104345.

[13] Liu A R,Wang W J,Chen X C,et al. Rice-associated with *Bacillus* sp. DRL1 enhanced remediation of DEHP-contaminated soil and reduced the risk of secondary pollution through promotion of plant growth,degradation of DEHP in soil and modulation of rhizosphere bacterial community[J]. Journal of Hazardous Materials,2022,440:129822.

[14] Mawarda P C, Le Roux X, van Elsas J D, et al. Deliberate introduction of invisible invaders: a critical appraisal of the impact of microbial inoculants on soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, 148: 107874.

[15] McCarty N S, Ledesma-Amaro R. Synthetic biology tools to engineer microbial communities for biotechnology[J]. Trends in Biotechnology, 2019, 37(2): 181-197.

[16] Chen C, Li K Y, Lin X Y, et al. Engineering natural microbial communities: harnessing synthetic communities for bioremediation[J]. Current Opinion in Microbiology, 2025, 87: 102652.

[17] Lawson C E, Harcombe W R, Hatzenpichler R, et al. Common principles and best practices for engineering microbiomes[J]. Nature Reviews Microbiology, 2019, 17(12): 725-741.

[18] Mu Z P, Zou Z N, Yang Y, et al. A genetically engineered *Escherichia coli* that senses and degrades tetracycline antibiotic residue[J]. Synthetic and Systems Biotechnology, 2018, 3(3): 196-203.

[19] Li X, Bao N, Yan Z, et al. Degradation of antibiotic resistance genes by VADER with CRISPR-Cas immunity[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2023, 89(4): e00053-e00023.

[20] Wu T, Guo S Z, Zhang Y, et al. The engineering of TBBPA-degrading synthetic microbiomes with integrated strategies[J]. npj Biofilms and Microbiomes, 2025, 11: 139.

[21] Du H, Li M, Liu Y. Towards applications of genome-scale metabolic model-based approaches in designing synthetic microbial communities[J]. Quantitative Biology, 2023, 11(1): 15-30.

[22] Malwe A S, Longwani U, Sharma V K. XenoBug: machine learning-based tool to predict pollutant-degrading enzymes from environmental metagenomes[J]. NAR Genomics and Bioinformatics, 2025, 7(2): lqaf037.

[23] Alidoosti F, Giyahchi M, Moien S, et al. Unlocking the potential of soil microbial communities for bioremediation of emerging organic contaminants: omics-based approaches[J]. Microbial Cell Factories, 2024, 23(1): 210.

[24] Knight R, Vrbanac A, Taylor B C, et al. Best practices for analysing microbiomes[J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, 16(7): 410-422.

[25] Poretsky R, Rodriguez R L M, Luo C W, et al. Strengths and limitations of 16S rRNA gene amplicon sequencing in revealing temporal microbial community dynamics[J]. PLoS One, 2014, 9(4): e93827.

[26] Quince C, Walker A W, Simpson J T, et al. Shotgun metagenomics, from sampling to analysis[J]. Nature Biotechnology, 2017, 35(9): 833-844.

[27] Zhu F X, Doyle E, Zhu C Y, et al. Metagenomic analysis exploring microbial assemblages and functional genes potentially involved in di(2-ethylhexyl)phthalate degradation in soil[J]. Science of the Total Environment, 2020, 715: 137037.

[28] Olabemiwo F A, Huang Y T, Thompson M, et al. Metatranscriptome profile of agricultural microbial communities enriched for plastitrophy[J]. mLife, 2025, 4(4): 465-469.

[29] Tartaglia M, Sciarrillo R, Zuzolo D, et al. Exploring an enhanced rhizospheric phenomenon for pluricontaminated soil remediation: insights from tripartite metatranscriptome analyses[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 428: 128246.

[30] Chen W J, Wang Z G, Xu W H, et al. Dibutyl phthalate contamination accelerates the uptake and metabolism of sugars by microbes in black soil [J]. Environmental Pollution, 2020, 262: 114332.

[31] Wu C C, Ma Y J, Wang D, et al. Microbiology combined with metabonomics revealing the response of soil microorganisms and their metabolic functions exposed to phthalic acid esters[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022, 233: 113338.

[32] Wei T, Zhen Z, Luo S W, et al. Earthworm-assisted shift and enrichment of the active di(2-ethylhexyl)phthalate degraders in farmland soils by DNA-stable isotope probing[J]. Journal of Hazardous Materials, 2025, 498: 139916.

[33] Li J B, Zhang D Y, Luo C L, et al. *In situ* discrimination and cultivation of active degraders in soils by genome-directed cultivation assisted by SIP-Raman-activated cell sorting[J]. Environmental Science & Technology, 2023, 57(44): 17087-17098.

[34] Jansson J K, Hofmockel K S. The soil microbiome: from metagenomics to metaphenomics[J]. Current Opinion in Microbiology, 2018, 43: 162-168.

[35] Jansson J K, Baker E S. A multi-omic future for microbiome studies[J]. Nature Microbiology, 2016, 1: 16049.

[36] Ruan Z P, Chen K, Cao W M, et al. Engineering natural microbiomes toward enhanced bioremediation by microbiome modeling[J]. Nature Communications, 2024, 15: 4694.

[37] Kurumbang N P, Dvorak P, Bendl J, et al. Computer-assisted engineering of the synthetic pathway for biodegradation of a toxic persistent pollutant[J]. ACS Synthetic Biology, 2014, 3(3): 172-181.

[38] Tec-Campos D, Tibocha-Bonilla J D, Jiang C, et al. A genome-scale metabolic model for the denitrifying bacterium *Thauera* sp. MZ1T accurately predicts degradation of pollutants and production of polymers[J]. PLoS Computational Biology, 2025, 21(1): e1012736.

[39] Ofaim S, Zarecki R, Porob S, et al. Genome-scale reconstruction of *Paenarthrobacter aurescens* TC1 metabolic model towards the study of atrazine bioremediation[J]. Scientific Reports, 2020, 10: 13019.

[40] Muangchinda C, Naloka K, Pinyakong O. Enhanced soil biodegradation of low-density polyethylene(LDPE)by a synthetic bacterial consortium: performance, mechanisms, and community dynamics[J]. Science of the Total Environment, 2025, 996: 180131.

[41] Liu T F, Ning L X, Mei C Y, et al. Synthetic bacterial consortia enhanced the degradation of mixed priority phthalate ester pollutants[J]. Environmental Research, 2023, 235: 116666.

[42] Lü H X, Huang Y H, Li Q F, et al. Degradation efficiency for phthalates and cooperative mechanism in synthetic bacterial consortium and its bioaugmentation for soil remediation[J]. Environmental Pollution, 2025, 378: 126481.

[43] Zhang Y X, Gilbert J A, Liu X, et al. SynCom-mediated herbicide degradation activates microbial carbon metabolism in soils[J]. iMeta, 2025,

4(5):e70058.
[44] Xiao R H, Huang D L, Du L, et al. Antibiotic resistance in soil-plant systems: a review of the source, dissemination, influence factors, and potential exposure risks[J]. Science of the Total Environment, 2023, 869: 161855.
[45] He Y, Yuan Q B, Mathieu J, et al. Antibiotic resistance genes from livestock waste: occurrence, dissemination, and treatment[J]. npj Clean Water, 2020, 3: 4.
[46] Wu X L, Gu Y C, Wu X Y, et al. Construction of a tetracycline degrading bacterial consortium and its application evaluation in laboratory-scale soil remediation[J]. Microorganisms, 2020, 8(2): 292.
[47] Wang X, Xu Y F, Teng Y, et al. A nitrogen-fixing synthetic microbial community as soil bioengineer: simultaneously boosting pyrene degradation and diazotrophy in soils[J]. Chemical Engineering Journal, 2025, 526: 171015.
[48] Wei J L, Huang Y H, Li J H, et al. Simplified synthetic community reveals the enrichment of phthalate-degrading bacteria in maize rhizosphere enhancing phthalate degradation[J]. Journal of Environmental Chemical Engineering, 2025, 13(5): 117495.
[49] Vorholt J A, Vogel C, Carlström C I, et al. Establishing causality: opportunities of synthetic communities for plant microbiome research[J]. Cell Host & Microbe, 2017, 22(2): 142-155.
[50] Wang X, Teng Y, Wang X M, et al. Nitrogen transfer and cross-feeding between *Azotobacter chroococcum* and *Paracoccus aminovorans* promotes pyrene degradation[J]. The ISME Journal, 2023, 17(12): 2169-2181.
[51] Chen A N, Huang Y L. Acyl homoserine lactone based quorum sensing affects phenanthrene removal by *Novosphingobium pentaromativorans* US6-1 through altering cell surface properties[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2020, 147: 104841.
[52] Yong Y C, Zhong J J. Regulation of aromatics biodegradation by rhl quorum sensing system through induction of catechol meta-cleavage pathway [J]. Bioresource Technology, 2013, 136: 761-765.
[53] Gao C, Zeng Y H, Li C Y, et al. Bisphenol A biodegradation by *Sphingonomas* sp. YK5 is regulated by acyl-homoserine lactone signaling molecules[J]. Science of the Total Environment, 2022, 802: 149898.
[54] Ke J, Wang B, Yoshikuni Y. Microbiome engineering: synthetic biology of plant-associated microbiomes in sustainable agriculture[J]. Trends in Biotechnology, 2021, 39(3): 244-261.
[55] Li M, Hu J, Wei Z, et al. Synthetic microbial communities: sandbox and blueprint for soil health enhancement[J]. iMeta, 2024, 3(1): e172.
[56] Jones E M, Marken J P, Silver P A. Synthetic microbiology in sustainability applications[J]. Nature Reviews Microbiology, 2024, 22(6): 345-359.
[57] Brophy J A N, Voigt C A. Principles of genetic circuit design[J]. Nature Methods, 2014, 11(5): 508-520.
[58] Johns N I, Blazejewski T, Gomes A L, et al. Principles for designing synthetic microbial communities[J]. Current Opinion in Microbiology, 2016, 31: 146-153.
[59] Escher B I, Fenner K. Recent advances in environmental risk assessment of transformation products[J]. Environmental Science & Technology, 2011, 45(9): 3835-3847.
[60] Prosser J I. Dispersing misconceptions and identifying opportunities for the use of 'omics' in soil microbial ecology[J]. Nature Reviews Microbiology, 2015, 13(7): 439-446.
[61] Bharti R, Grimm D G. Current challenges and best-practice protocols for microbiome analysis[J]. Briefings in Bioinformatics, 2021, 22(1): 178-193.
[62] Lea-Smith D J, Hassard F, Coulon F, et al. Engineering biology applications for environmental solutions: potential and challenges[J]. Nature Communications, 2025, 16: 3538.
[63] George D R, Danciu M, Davenport P W, et al. A bumpy road ahead for genetic biocontainment[J]. Nature Communications, 2024, 15: 650.

责任编辑:刘怡辰

陈旭文,南京农业大学副教授、硕士生导师,环境科学与工程领域研究人员。2022 年毕业于南京农业大学,获工学博士学位,主要从事生物毒素污染风险与控制研究工作。围绕生物毒素等有毒有机污染物,重点开展污染物绿色消减与界面调控、环境行为与土壤微生态响应、农业暴露与生物效应等方面的研究。主持了国家自然科学基金(青年基金、面上项目等)、中国博士后科学基金特别资助、国家重点研发计划子课题等国家级科研项目。相关研究成果发表于 *Water Research*、*Applied Catalysis B: Environment and Energy* 和《中国环境科学》等国内外学术期刊,迄今已发表学术论文 30 余篇。入选江苏省"卓越博士后"人才计划。任 *Agricultural Ecology and Environment* 和《土壤学报》青年编委。