

异菌脲在果蔬上的残留消解动态规律及其微生物降解研究进展

潘 虎^{1,2}, 达娃卓玛¹, 代艳娜¹, 王威武², 李 涛², 吴娜娜³, 张晓明⁴, 田 云²

(1. 西藏自治区农牧科学院农业质量标准与检测研究所, 拉萨 850032; 2. 湖南农业大学生物科学技术学院, 长沙 410128; 3. 湖南农业大学东方科技学院, 长沙 410128; 4. 湖南省烟草公司常德市公司, 湖南 常德 415000)

摘要: 异菌脲是一种高效广谱的二甲酰亚胺类杀菌剂, 对多种果蔬真菌性病害具有较好的防治效果, 该药使用范围较为广泛。异菌脲对水生动物具有较高毒性, 对植物、鸟类具有中等毒性, 可抑制人体干细胞的生长、影响男性精子质量和造成DNA的损伤, 甚至可能致癌, 已被加拿大、欧盟列为高风险农药品种。本文对果蔬中异菌脲的残留消解动态规律及其微生物降解研究进行了概述, 以期对异菌脲的污染防控提供详细的研究资料。

关键词: 异菌脲; 残留; 消解动态规律; 微生物降解; 果蔬

中图分类号: S481.8

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2023)01-0102-06

Research Progress on Residues and Dissipation Dynamics of Iprodione in Fruits and Vegetables and Its Microbial Degradation

PAN Hu^{1,2}, DAWA Zhuoma¹, DAI Yanna¹, WANG Weiwu², LI Tao², WU Nana³, ZHANG Xiaoming⁴, TIAN Yun²

(1. Institute of Agricultural Product Quality Standard and Testing Research, Tibet Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Lhasa 850032; 2. College of Bioscience and Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128; 3. Orient Science and Technology College, Hunan Agricultural University, Changsha 410128; 4. Changde City Company of Hunan Tobacco Company, Changde 415000, China)

Abstract: Iprodione is a kind of high efficient and broad-spectrum diformimide fungicide, which has good control effect on many kinds of fruits and vegetables fungal diseases. However, iprodione is highly toxic to aquatic animals, moderately toxic to plants and birds, it can inhibit the growth of human stem cells, affect the quality of male sperm, cause DNA damage, and may even cause cancer. Iprodione has been listed as a high risk pesticide in Canada and European Union. In this paper, the residues and dissipation dynamics of iprodione in fruits and vegetables and its microbial degradation were summarized in order to provide detailed information for the prevention and control of iprodione contamination.

Key words: Iprodione; Residues; Degradation dynamics principles; Microbial Degradation; Fruits and vegetables

异菌脲(Iprodione, $C_{13}H_{13}N_3O_3Cl_2$)又名扑海因, 是法国罗纳-普朗克农化公司在20世纪70年代研发的一种高效广谱的二甲酰亚胺类(DCs)触杀型杀菌剂, 可有效抑制真菌孢子萌发及菌丝生长, 兼具保护和治疗作用^[1]。异菌脲作为有效的杀真菌剂, 在世界范围内被广泛应用, 2015年异菌脲在全世界范围内的销售额为1.65亿美元, 占

二甲酰亚胺类杀菌剂份额的64.7%^[2]。目前, 异菌脲主要用于防治葡萄、草莓、蔬菜的灰霉病、早疫病、黑斑病、落叶病、轮纹病等; 也可用于草莓、香蕉、苹果、柑橘、梨等水果贮存期防腐保鲜处理^[3-4], 可有效控制已对苯并咪唑类和麦角甾醇抑制类药剂产生抗性的真菌性病害^[5]。异菌脲对水生动物具有较高毒性, 对植物、鸟类具有中等毒性^[6-7], 具有植物细胞遗传毒性, 导致染色体改变和细胞死亡^[8], 可抑制人体干细胞的生长、影响男性精子质量和造成DNA的损伤^[9], 可导致人体内分泌紊乱、神经系统功能失调、降低体内荷尔蒙分泌, 甚至可能致癌^[10]。异菌脲在环境中积累后可抑制环境中其他微生物的生长, 对环境微生物

收稿日期: 2020-04-07

基金项目: 西藏自治区自然科学基金[XZ2019ZRG-79(Z)]; 国家农产品质量安全风险评估专项(GJFP2019007); 国家自然科学基金(32060025)

作者简介: 潘 虎(1986-), 男, 副研究员, 在读博士, 主要从事农产品质量安全研究工作。

群落结构造成明显影响,可导致环境微生物多样性下降和土壤肥力缺失等^[11]。同时,异菌脲在环境中易降解生成少量的3,5-二氯苯胺,3,5-二氯苯胺是一种持久性有机污染物,具有较强的肾毒性和致癌作用,加剧了异菌脲的污染毒力^[12]。

2016年加拿大有害生物管理局(PMRA)建议取消异菌脲的所有用途,并已开始拟禁用异菌脲^[13],同时下调异菌脲最大残留限量值(葡萄中MRL为10 mg/kg,土豆、其他农产品中MRL为0.07 mg/kg)^[14];2018年欧盟委员会决定不再批准异菌脲的续展登记,并撤销之前所有含有异菌脲成分的杀菌剂或杀线虫剂产品的登记,异菌脲属于高风险农药品种。加拿大、美国、日本和欧盟都制定了较为严格的水果、蔬菜和粮食中异菌脲的最大残留限量值(0.01~25 mg/kg)^[15-16],并对其残留量进行持续风险监测。我国新制定的《GB 2763-2019 食品中农药最大残留限量》规定异菌脲在蔬菜、水果和谷物中的最大残留限量值分别为0.2~10、5~30、0.1~10 mg/kg^[17]。我国针对异菌脲

的最大残留限量标准较加拿大、欧盟等宽泛,这将间接加剧异菌脲在我国的质量安全隐患。本文对果蔬中异菌脲的残留消解动态规律及微生物降解研究进行了详细的分析总结,以为异菌脲的污染防控提供基础研究数据。

1 异菌脲在果蔬上的残留消解动态规律

近年来,果蔬种植过程中异菌脲的市场需求量不断增加,但大面积和连续使用致使其在农产品中残留量过高,不仅对环境造成污染,而且会造成果蔬中异菌脲残留量升高,通过生物富集作用给人们身体健康带来较大隐患^[18-19]。果蔬中异菌脲的残留消解动态研究不仅为制定最大残留限量标准(MRL)提供了参考,同时也为农药的合理使用提供了研究基础,是一项重要而又紧迫的研究工作,具有重要实际应用价值。

目前,国内外已开展了部分果蔬中异菌脲残留消解动态研究(表1),宋国春等^[20]研究结果表

表1 异菌脲在果蔬上的残留消解动态规律

品种	原始沉积量(mg/kg)	降解动态方程	相对系数	半衰期(d)	检测方法
苹果 ^[20]	3.54	$C_t=2.4704 e^{-0.0537t}$	-0.9668	12.91	GC-ECD
	3.01	$C_t=2.1349 e^{-0.0405t}$	-0.9645	17.11	
梨 ^[21]	0.69	$C_t=0.586 e^{-0.059t}$	0.9944	12.00	GC-ECD
	0.79	$C_t=0.555 e^{-0.060t}$	0.9267	12.00	
葡萄 ^[2]	0.75	$C_t=2.3873 e^{-0.0784t}$	0.9818	8.84	LC-MS/MS
	1.025	$C_t=2.6649 e^{-0.0736t}$	0.9774	9.41	
杨梅 ^[22]	2.43	$C_t=2.9046 e^{-0.07529t}$	-0.96346	9.20	GC-ECD
	3.93	$C_t=4.259 e^{-0.05t}$	-0.9683	13.86	
番茄 ^[23]	0.303	$C_t=0.4616 e^{-0.1664t}$	-0.9071	4.20	GC-ECD
	0.35	$C_t=0.3456 e^{-0.2194t}$	-0.9914	3.20	
番茄 ^[24]	1.356	$C_t=1.11 e^{-0.06t}$	0.9471	10.60	GC-MS
青菜 ^[15]	12.71	$C_t=15.389 e^{-0.3088t}$	-0.9798	2.24	GC-ECD
	33.15	$C_t=38.25 e^{-0.2825t}$	-0.9837	2.45	
大白菜 ^[5]	0.75	$C_t=0.7263 e^{-0.186t}$	-0.9467	3.70	GC-MS/MS

明,异菌脲在苹果中消解较慢,半衰期为12.91~17.11 d;曹彦卫等^[21]研究了异菌脲在梨中的降解动态规律,结果表明异菌脲在梨上的消解过程符合一级动力学,半衰期为12 d,异菌脲在梨上的安全间隔期为7 d;Loutfy N等^[2]研究了尼罗河三角洲地区葡萄中异菌脲的残留降解动态,异菌脲在葡萄果实中的降解符合一级动力学消解模式,半衰期为8.8~9.4 d;颜丽菊等^[22]研究了异菌脲在杨梅果实上的残留降解动态,异菌脲在“东魁杨梅”和“临海早大梅”果实中的降解符合一级动力学消

解模式,半衰期分别为9.2 d和13.86 d,异菌脲在杨梅果实中降解速度较慢。

陈莉等^[23]评价了异菌脲悬浮剂在番茄上使用后的残留动态规律,异菌脲在番茄中的降解较快,降解规律符合一级动力学,半衰期为3.2~4.2 d;Zhu X D等^[24]也研究了番茄中异菌脲的残留降解动态,异菌脲在番茄中的降解符合一级动力学消解模式,半衰期为10.6 d,与陈莉等^[23]的报道有较大差异,可能是由异菌脲的原始沉积量差异导致;沈超群等^[25]研究了异菌脲在大棚青菜中的降

解动态,结果表明500 g/L异菌脲在大棚青菜中的消解半衰期为2.24~2.44 d,建议异菌脲在大棚青菜上的安全间隔期为7 d;邵燕等^[4]研究了异菌脲在大白菜中的消解动态,500 g/hm²的50%异菌脲可湿性粉剂在大白菜中消解较快,半衰期小于3.7 d,施药7 d后异菌脲消解95%以上,消解过程符合一级动力学。上述研究表明果蔬上异菌脲的残留基本符合一级动力学消解规律,但异菌脲在水果上的半衰期较蔬菜明显增长,其原因有待进一步探讨。果蔬品种、异菌脲的原始沉积量是影响异菌脲消解半衰期的重要因素,其次,异菌脲在果蔬不同部位、不同种植地点和不同季节的残留消解规律也有所差异^[26-27]。需要不断地开展不同环境条件下、不同果蔬中异菌脲的残留消解规律研究,为完善异菌脲在果蔬上安全间隔期及最大残留限量的制定提供基础研究数据。

2 异菌脲的微生物降解研究

异菌脲的降解方式主要有自然水解反应、光化学降解和微生物降解^[28]。微生物个体微小、比表面积大,且繁殖快,适应能力强、易培养^[29],一些长期处在有异菌脲残留环境中的微生物,不仅对其形成了一定的抗性,也逐渐产生了一定分解异菌脲的能力。因此,以微生物降解为基础的生物修复因具有高效、安全、无二次污染以及生态恢复性好等优点,成为消除环境中异菌脲残留的重要途径^[30-31]。

目前,国内外有关异菌脲降解菌株的研究报道较少,1995年Athiel等^[32]从法国快速降解异菌脲的土壤中首次分离出一株异菌脲降解菌株 *Arthrobacter* sp. MA6,培养7 d后将无机盐培养液中9.90 mg/L的异菌脲降解至1.32 mg/L;1997年Mercadier等^[33]从施用异菌脲的土壤中分离到3株细

菌,分别鉴定为 *Pseudomonas fluorescens*、*P. sp.* 和 *P. paucimobilis*,它们联合降解8.25 mg/L的异菌脲需要20~24 h;2006年Claudia Z等^[34]分离到 *Zygosaccharomyces rouxii* DBVPG 6399,培养9 d后能够完全降解1 mg/L的异菌脲;2016年曹礼等^[35]从土壤中筛选到一株可以以异菌脲为唯一碳源的菌株 *Arthrobacter* sp. CQH,它可以在112 h完全降解100 mg/L的异菌脲;2017年Campos M等^[36]从酸性土壤中分离到 *Arthrobacter* sp. C1 和 *Achromobacter* sp. C2,该复合菌系能够在10 d内完全降解60 mmol/L的异菌脲;2017年杨正中等^[37]从农药厂废水处理系统的活性污泥中分离到一株异菌脲降解菌 *Microbacterium* sp. YJN-G,该菌株在24 h内能够降解100 mg/L的异菌脲;2018年李艳^[38]从三七种植土壤中分离得到 *Bacillus* sp.KMS-1,该菌可以在7 d内降解41.4%的异菌脲;2018年Yang Z等^[10]从葡萄园种植土壤分离得到 *Paenarthrobacter* sp. YJN-5,该菌株能够在80 h内降解95%的初始浓度为1.5 mmol/L的异菌脲,并从该菌株中鉴定到一个约1400 bp的降解异菌脲的水解酶基因 *ipaH* (表2)。上述研究主要以细菌为主,对异菌脲的降解特性以及条件存在差异,且应用适配性不强,影响了其推广应用。考虑到微生物资源的生物量极其巨大,仍需不断从各种环境中挖掘异菌脲降解能力强的微生物资源,从而推动微生物修复技术在异菌脲残留消除中的应用进程。

现有研究表明异菌脲的微生物降解途径主要有2种路径(图1),途径I主要存在于细菌中,途径II只发现存在于鲁氏酵母DBVPG 6399中,细菌和真菌降解异菌脲的途径不尽相同,且细菌降解异菌脲效果较好。但有关微生物降解异菌脲的分子机制尚不清楚,仅在 *Paenarthrobacter* sp. YJN-5 中筛选到一个约1400 bp的异菌脲酰胺酶降解

表2 异菌脲降解菌株的基本特性

样品来源	分离菌株种属	异菌脲原始浓度	降解效率	降解时间	降解途径	降解基因
土壤 ^[32]	<i>Arthrobacter</i> sp. MA6	9.90 mg/L	86.7%	7 d	途径I	未开展
土壤 ^[33]	<i>Pseudomonas fluorescens</i> , <i>Pseudomonas</i> sp., <i>P. paucimobilis</i>	8.25 mg/L	100%	20~24 h	途径I	未开展
土壤 ^[34]	<i>Zygosaccharomyces rouxii</i> DBVPG 6399	1 mg/L	100%	9 d	途径II	未开展
农田土壤 ^[35]	<i>Arthrobacter</i> sp.CQH	100 mg/L	100%	112 h	途径I	未开展
活性污泥 ^[37]	<i>Microbacterium</i> sp.YJN-G	100 mg/L	100%	24 h	途径I	未开展
酸性土壤 ^[36]	<i>Arthrobacter</i> sp. C1, <i>Achromobacter</i> sp. C2	60 mmol/L	100%	10 d	途径I	未开展
三七种植土壤 ^[38]	<i>Bacillus</i> sp.KMS-1	25 mg/L	41.4%	7 d	途径I	未开展
葡萄园种植土壤 ^[10]	<i>Paenarthrobacter</i> sp. YJN-5	1.5 mmol/L	95.0%	80 h	途径I	<i>ipaH</i>

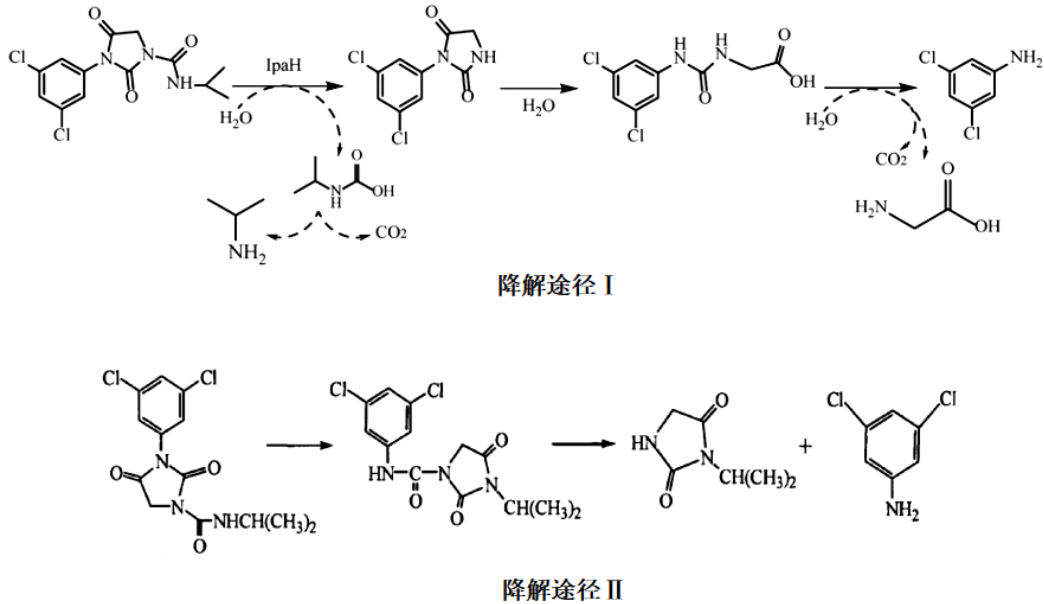


图1 异菌脲的微生物降解途径

基因 *ipaH*, 该基因编码一个胞内酰胺水解酶, 该酶也仅能够将异菌脲降解为 N-(3,5-二氯苯基)-2,4-二氧代咪唑烷(即降解途径 I 的第一步), 降解途径 I 的其余降解步骤有关的分子基础研究尚未见报道, 亟须开展异菌脲高效降解微生物的筛选及其分子机制研究, 以期对环境中的异菌脲的污染防治提供技术支撑。

3 展 望

目前, 异菌脲的研究主要集中在真菌病害防治效果^[39-40]、残留检测技术^[41]及生物毒害机理^[42]等方面, 有关异菌脲在不同果蔬上的残留消解动态规律报道有限, 国内外仅针对苹果、梨、葡萄、白菜等少数果蔬开展了相关研究。异菌脲是高风险农药品种, 亟须开展多种大宗果蔬品种中异菌脲的残留降解动态规律探讨, 开展果蔬中异菌脲的持续风险监测及环境暴露评估等工作, 制定合理的膳食摄入水平及异菌脲使用安全间隔期, 指导农业生产者合理、合规地使用异菌脲, 保障果蔬等农产品质量安全。同时, 针对微生物降解异菌脲的具体分子机制尚不清楚等问题, 亟须筛选能够高效降解异菌脲的优异菌株, 开展高效降解菌株的异菌脲代谢途径的分析、异菌脲降解基因的筛选及降解酶特性的分析等工作, 解析不同降解菌株中异菌脲的降解分子机制, 丰富异菌脲降解候选基因库。最后, 结合合成生物学^[43]和酶的定向选育^[44]等先进技术, 构建功能强大的异菌脲高效降解基因工程菌, 筛选能够高效降解异菌脲的

突变体酶, 人为干预环境中异菌脲的降解过程。

为弥补西藏地区异菌脲研究的不足, 本课题组对西藏地区日光温室大棚种植的各类果蔬开展了长期的异菌脲残留监测分析, 及时发现果蔬质量安全问题, 确保西藏地区果蔬中异菌脲残留不超标。同时, 从西藏蔬菜种植大棚等特殊环境中筛选到苍白杆菌属 (*Ochrobactrum* sp. A1-1)、固氮螺菌属 (*Azospirillum* sp. A1-3) 和卡斯特兰尼氏菌属 (*Castellaniella* sp. A1-7) 等异菌脲高效降解菌株, 目前正在开展上述菌株的异菌脲代谢途径分析及降解基因筛选等工作, 以期推动西藏地区有关异菌脲的各项研究工作, 保障高原地区农业种植土壤环境及农产品质量安全。

参考文献:

- [1] Wang X, Xu G, Wang F, et al. Iprodione residues and dissipation rates in tobacco leaves and soil[J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 2012, 89(4): 877-881.
- [2] Loutfy N, Malhat F, Kamel E, et al. Residual pattern and dietary intake of iprodione on grapes under egyptian field conditions: a prelude to risk assessment profile [J]. Human and Ecological Risk Assessment, 2015, 21(1): 265-279.
- [3] Morales J, Manso J A, Cid A, et al. Stability study of iprodione in alkaline media in the presence of humic acids[J]. Chemosphere, 2013, 92: 1536-1541.
- [4] 代玉立, 甘林, 阮宏椿, 等. 福建省玉米小斑病菌对异菌脲和吡唑醚菌酯的敏感性及其田间防效[J]. 农药学报, 2017, 19(4): 434-440.
- [5] 邵燕, 王良贵, 韦祥庆. 异菌脲在大白菜和土壤中的残留消解动态[J]. 浙江农业科学, 2017, 58(8): 1425-1428.
- [6] Eevers N, White J C, Vangronsveld J, et al. Bio- and phytoreme-

- diation of pesticide-contaminated environments: a review[J]. *Advances in Botanical Research*, 2017, 83: 277-320.
- [7] Carneiro L S, Martínez L C, Gonçalves W G, et al. The fungicide iprodione affects midgut cells of non-target honey bee *Apis mellifera* workers[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, 189: e109991.
- [8] Bernardes P M, Andrade-Vieira L F, Aragão F B, et al. Toxicological effects of comercial formulations of fungicides based on procymidone and iprodione in seedlings and root tip cells of *Allium cepa*. [J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2019, 26(20): 21013-21021.
- [9] Grabke A, Fernandez O D, Amiri A, et al. Characterization of iprodione resistance in *Botrytis cinerea* from strawberry and blackberry[J]. *Phytopathology*, 2014, 104(4): 396-402.
- [10] Yang Z G, Jiang W K, Wang X H, et al. An amidase gene *ipaH* is responsible for the initial degradation step of iprodione in strain *Paenarthrobacter* sp. YJN-5[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2018, 84(19): e01150-18.
- [11] Verdenelli R A, Lamarque A L, Meriles J M. Short-term effects of combined iprodione and vermicompost applications on soil microbial community structure[J]. *Science of the Total Environment*, 2012, 414: 210-219.
- [12] Lindh C H, Littorin M, Amilon A, et al. Analysis of 3, 5-dichloroaniline as a biomarker of vinclozolin and iprodione in human urine using liquid chromatography/triple quadrupole mass spectrometry[J]. *Rapid Communications in Mass Spectrometry*, 2007, 21(4): 536-542.
- [13] 来 祺. 二甲酰亚胺类杀菌剂代谢产物-3, 5-二氯苯胺的降解行为与生态毒性效应[D]. 南京: 南京农业大学, 2020.
- [14] Health Canada. Maximum residue limits for pesticides [DB/OL]. [2020-02-01] <http://pr-rp.hc-sc.gc.ca/mrl-irm/index-eng.php>.
- [15] Codex Alimentarius Commission. Codex maximum residue limits for pesticides and extraneous maximum residue limits up to and including its 39th session [DB/OL]. [2020-01-03] <http://www.fao.org/fao-who-codexalimentarius/codex-texts/dbs/pestres/en/>.
- [16] Regulation (EC) No. 396/2005. Pesticide EU-MRLs database [DB/OL]. [2020-01-15] http://ec.europa.eu/sanco_pesticides.
- [17] 中华人民共和国国家卫生健康委员会, 中华人民共和国农业农村部, 国家市场监督管理总局. (GB 2763-2019) 食品中农药最大残留限量[S]. 北京: 中国农业出版社, 2020.
- [18] 关秋艳, 方 菁, 王垠芸, 等. 云南省元谋县村民尿液中异菌脲残留影响因素分析[J]. *中国预防医学杂志*, 2017, 18(9): 647-650.
- [19] Turgut C, Omek H, Cutright T J. Determination of pesticide residues in Turkey's table grapes: the effect of integrated pest management, organic farming, and conventional farming[J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2011, 173(1-4): 315-323.
- [20] 宋国春, 于建奎, 张君亭, 等. 异菌脲在苹果和土壤中的残留降解动态研究[J]. *农药*, 2004, 43(4): 184-185, 180.
- [21] 曹彦卫, 武丽芬, 王秀芬, 等. 异菌脲在梨和土壤中的残留降解动态研究[J]. *河北林业科技*, 2012(4): 4-5.
- [22] 颜丽菊, 蒋 蕊, 李学斌, 等. 异菌脲在杨梅果实中的残留降解动态研究[J]. *中国农学通报*, 2017, 33(9): 150-153.
- [23] 陈 莉, 戴荣彩, 陈家梅, 等. 扑海因悬浮剂在番茄和土壤中的残留动态研究[J]. *农业环境科学学报*, 2005(S1): 311-314.
- [24] Zhu X D, Jia C D, Duan L F, et al. Residue behavior and dietary intake risk assessment of three fungicides in tomatoes (*Lycopersicon esculentum* Mill.) under greenhouse conditions[J]. *Regulatory Toxicology and Pharmacology*, 2016, 81: 284-287.
- [25] 沈群超, 陆 宏, 周 利, 等. 异菌脲在大棚青菜上的降解动态及最终残留研究[J]. *江苏农业科学*, 2008(2): 245-247.
- [26] Angioni A, Porcu L, Dedola F. Determination of famoxadone, fenamidone, fenhexamide and iprodione residues in greenhouse tomatoes[J]. *Pest Management Science*, 2012, 68(4): 543-547.
- [27] Oulkar D P, Shinde R, Khan Z, et al. Improved analysis of captan, tetrahydrophthalimide, captafol, folpet, phthalimide, and iprodione in fruits and vegetables by liquid chromatography tandem mass spectrometry[J]. *Food Chemistry*, 2019, 301: 125216.
- [28] 杨正中. 异菌脲降解菌的分离鉴定、降解特性及降解途径研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2016.
- [29] 巩彧玄, 高星爱, 王 鑫, 等. 分离、筛选和鉴定猪场污水污染物降解微生物及应用效果分析[J]. *东北农业科学*, 2020, 45(1): 99-103.
- [30] Cao L, Shi W H, Shu R D, et al. Isolation and characterization of a bacterium able to degrade high concentrations of iprodione [J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2018, 64: 49-56.
- [31] 许 超, 曲勤凤, 顾文佳, 等. 新型可降解高效氯氟菊酯微生物菌株的筛选、鉴定及条件优化[J]. *东北农业科学*, 2016, 41(2): 70-73.
- [32] Athiel P, Alfizarmecadier C, Vega D, et al. Degradation of iprodione by a soil *Arthrobacter*-like strain[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1995, 61(9): 3216-3220.
- [33] Mercadier C, Vega D, Bastide J. Iprodione degradation by isolated soil microorganisms[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1997, 23(3): 207-215.
- [34] Claudia Z, Gianluigi C, Laura C, et al. Biodegradation of the fungicide iprodione by *Zygosaccharomyces rouxii* strain DBVPG 6399 [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2006, 54: 4734-4739.
- [35] 曹 礼, 舒润东, 石文红, 等. 一株降解异菌脲菌株的鉴定及响应面分析法优化其培养条件[J]. *食品工业科技*, 2017, 38(6): 168-173, 178.
- [36] Campos M, Karas P S, Perruchon C, et al. Novel insights into the metabolic pathway of iprodione by soil bacteria[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, 24: 152-163.
- [37] 杨正中, 吴 广, 金 文, 等. 异菌脲降解菌 YJN-G 的分离、鉴定及降解特性[J]. *应用与环境生物学报*, 2017, 23(1): 164-168.
- [38] 李 艳. 三七种植区土壤农药残留特征及微生物修复研究[D]. 贵阳: 贵州大学, 2018.
- [39] 范子耀. 马铃薯早疫病菌 (*Alternaria alternata*) 对异菌脲和咯菌腈的抗性风险及分子机制研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2012.
- [40] Baggio J S, Peres N A, Amorim L. Sensitivity of *Botrytis cinerea* isolates from conventional and organic strawberry fields in Brazil to azoxystrobin, iprodione, pyrimethanil, and thiophanate-

- methyl[J]. Plant Disease, 2018, 102(9): 1803–1810.
- [41] Varela-Martínez D A, González-Curbelo M Á, González-Sálamo J, et al. Analysis of multiclass pesticides in dried fruits using QuEChERS–gas chromatography tandem mass spectrometry[J]. Food Chemistry, 2019, 297: 124961.
- [42] Pisani C, Voisin S, Arafah K, et al. Ex vivo assessment of testicular toxicity induced by carbendazim and iprodione, alone or in a mixture[J]. Alternatives to Animal Experimentation, 2016, 33(4): 393–413.
- [43] Liu H H, Wang C, Lu X Y, et al. Improved production of arachidonic acid by combined pathway engineering and synthetic enzyme fusion in *Yarrowia lipolytica*[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2019, 67(35): 9851–9857.
- [44] Zhou H Y, Yong J, Gao H, et al. Mannanase Man 23 mutant library construction basing on a novel cell-free protein expression system[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2017, 97(7): 2199–2204.
- (责任编辑:王丝语)
-
- (上接第 53 页)蛋白合成的影响[J]. 中国饲料, 2020(2): 60–64.
- [6] Ripple W J, Smith P, Haberl H, et al. Ruminants, climate change and climate policy[J]. Nature Climate Change, 2014, 4(1): 2–5.
- [7] Huws S A, Creevey C J, Oyama L B, et al. Addressing global ruminant agricultural challenges through understanding the rumen microbiome: past, present, and future[J]. Frontiers in Microbiology, 2018(9): 2161–2194.
- [8] 王根林, 毛鑫智, George H D, 等. DNA 分析发现我国湖羊和小尾寒羊存在 *Booroola(FecB)* 多胎基因[J]. 南京农业大学学报, 2003(1): 104–106.
- [9] 闫秋良, 张云影, 宋玉贵, 等. 杜寒羊杂交效果研究报告[J]. 东北农业科学, 2018, 43(4): 32–35.
- [10] Joshua C M, Tryon A W, Juan J L. High-throughput methods re-define the rumen microbiome and its relationship with nutrition and metabolism[J]. Bioinformatics and Biology Insights, 2014, 8: 109–125.
- [11] Jami E, Israel A, Kotsera, et al. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood[J]. The ISME Journal, 2013, 7(6): 1069–1079.
- [12] Prendiville R, Lewis E, Pierce K M, et al. Comparative grazing behavior of lactating Holstein-Friesian, Jersey, and Jersey x Holstein-Friesian dairy cows and its association with intake capacity and production efficiency[J]. Journal of Dairy Science, 2010, 93(2): 764–774.
- [13] Yang G, Zhang S, Li Z, et al. Comparison between the gut microbiota in different gastrointestinal segments of Large-tail Han and Small-tail Han sheep breeds with high-throughput sequencing[J]. Indian Journal of Microbiology, 2020, 60(4): 436–450.
- [14] 李晓斌, 赵国栋, 刘 振, 等. 3~6 月龄伊犁马肠道微生物群落多样性的研究[J]. 动物营养学报, 2017, 29(5): 1535–1544.
- [15] Gu S, Chen D, Zhang J N, et al. Bacterial community mapping of the mouse gastrointestinal tract[J]. PLoS ONE, 2013, 8(10): e74957.
- [16] 司景磊, 黄 叶, 陈奎蓉, 等. 基于 16S rRNA 测序揭示杜洛克猪早期体重与肠道微生物的关系[J]. 中国畜牧兽医, 2021, 48(1): 190–199.
- [17] Costa M C, Arroyo L G, Allen V E, et al. Comparison of the fecal microbiota of healthy horses and horses with colitis by high throughput sequencing of the V3–V5 region of the 16S rRNA gene[J]. PLoS ONE, 2012, 7(7): 1–11.
- [18] Liu X F, Fan H L, Ding X B, et al. Analysis of the gut microbiota by high-throughput sequencing of the V5–V6 regions of the 16S rRNA gene in donkey[J]. Current Microbiology, 2014, 68(5): 657–662.
- [19] Stephens W Z, Adam R B, Keaton S. The composition of the zebrafish intestinal microbial community varies across development[J]. The ISME Journal, 2015, 10: 644–654.
- [20] Choi J H, Kim G B, Cha C J. Spatial heterogeneity and stability of bacterial community in the gastrointestinal tracts of broiler chickens[J]. Poultry Science, 2014, 93(8): 1942–1950.
- [21] Jing H, Li Y, Le H, et al. Characterizing the bacterial microbiota in different gastrointestinal tract segments of the Bactrian camel[J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 654.
- [22] Mao S Y, Zhang M L, Liu J H, et al. Characterising the bacterial microbiota across the gastrointestinal tracts of dairy cattle: membership and potential function[J]. Scientific Reports, 2015, 5: 16116.
- [23] Elie J, Itzhak M. Composition and similarity of bovine rumen microbiota across individual animals[J]. PLoS ONE, 2012, 7(3): e33306.
- [24] Ruth E L, Fredrik B, Peter T, et al. Obesity alters gut microbial ecology[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005, 102(31): 11070–11075.
- [25] Ruth E L, Peter J T, Samuel K, et al. Microbiome ecology: human gut microbes associated with obesity[J]. Nature, 2006, 444: 1022–1023.
- [26] Turnbaugh P J, Ruth E L, Mahowald M A, et al. An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest[J]. Nature, 2006, 444(7122): 1027–1031.
- [27] Kittelmann S, Cesar S, Patiño P, et al. Two different bacterial community types are linked with the low-methane emission trait in sheep[J]. PLoS ONE, 2014, 9(7): e103171.
- [28] Honglada T, Wuttichai M, Tsthaporn L, et al. Comparative analysis of microbial profiles in cow rumen fed with different dietary fiber by tagged 16S rRNA gene pyrosequencing[J]. Current Microbiology, 2013, 67(2): 130–137.
- (责任编辑:刘洪霞)