生物工程

混合菌的构建及其对 3,4-二氯苯胺的生物转化

倪金荧,赵 佳,张 跃,卿 青,朱 劼,王利群*

(常州大学 药学院, 江苏 常州 213164)

摘要:从染料废水中分离出以3,4-二氯苯胺(3,4-DCA)为唯一碳源和能源生长的革兰氏阴性菌,筛选其中两株 形态差异较大的菌株 P11-1 和 L13 构建混合菌群,用于 3,4-DCA 的转化实验以削减其毒性。通过优化两株菌配 比构建混合菌群,混合菌群对 3,4-DCA 转化率达 73.33%,明显高于单菌。经菌株形态观察和 16S rDNA 序列分析,确定两株菌均为铜绿假单胞菌。以单因素实验考察混合菌群在 3 d 内对 100 mg/L 3,4-DCA 的转化能力,并 通过正交实验进一步优化转化条件,得出最佳条件组合为:接菌量 3%(体积分数),温度 30 ℃,pH=8.0,摇床转速 190 r/min,在该条件下 3,4-DCA 转化率达 89.26%,其中 pH 对菌群转化能力影响最大。GC-MS 分析菌 群代谢产物主要为 3,4-二氯乙酰苯胺,酶活分析发现 *N*-乙酰基转移酶(NAT)活性较高,即菌群通过乙酰化对 3,4-DCA 进行解毒。

关键词: 3,4-二氯苯胺; 铜绿假单胞菌; 转化; *N*-乙酰基转移酶; 3,4-二氯乙酰苯胺; 生物工程 中图分类号: X703 文献标识码: A 文章编号: 1003-5214 (2022) 05-0915-06

Construction of mixed bacterial strain and its biotransformation of 3,4-dichloroaniline

NI Jinying, ZHAO Jia, ZHANG Yue, QING Qing, ZHU Jie, WANG Liqun^{*} (School of Pharmacy, Changzhou University, Changzhou 213164, Jiangsu, China)

Abstract: Gram-negative bacteria growing on 3,4-dichloroaniline (3,4-DCA) as the only carbon source and energy were isolated from dye wastewater. Two strains with great morphological differences, P11-1 and L13, were screened to construct mixed bacterial strain, which was used to the transformation of 3,4-DCA to reduce the toxicity of 3,4-DCA. By optimizing the proportion of the two strains to construct mixed bacterial strain, the conversion rate of 3,4-DCA reached 73.33%, obviously higher than that of single strain. Both strains were identified as *Pseudomonas aeruginosa* by morphology observation and 16S rDNA sequence analysis. The transformation ability of mixed strain to 100 mg/L 3,4-DCA in 3 d was evaluated by single factor experiment. The transformation conditions were further optimized by orthogonal experiment. The results showed that the best conditions was obtained as follows: inoculum amount 3% (volume fraction), 30 °C, pH=8.0, shaking velocity 190 r/min. Under these conditions, the transformation rate was up to 89.26%. Especially, pH had the greatest effect on the transformation ability of mixed strain. GC-MS result revealed that the main metabolite of mixed strain was 3,4-dichloroacetanilide. Enzyme activity analysis indicated that the mixed strain had higher *N*-acetyltransferase (NAT) activity, that is, it detoxified 3,4-DCA by acetylation.

Key words: 3,4-dichloroaniline; *Pseudomonas aeruginosa*; transformation; *N*-acetyltransferase; 3,4-dichloroacetanilide; biological engineering

3,4-二氯苯胺(3,4-DCA)作为一种卤代芳香族 化合物,是多种精细化工产品的主要中间体,广泛 用于生产染料、药物、杀虫剂等有机产品,因其易 残留于生产废水中,常通过工业和城市废水进入环境中累积^[1-4]。3,4-DCA为剧毒化学品,在土壤和水中具有高持久性和低生物降解性^[5-6],通过食物链影

响野生动物和人类的内分泌系统^[7],因而,从源头上去除废水中的 3,4-DCA 具有重要意义。

在以往的研究中,微生物在清除污染环境中的化 学品残留物及其代谢物方面发挥着重要作用^[8-11]。 WANG 等^[12]发现, 蛋白核微藻能够通过乙酰化和甲 酰化 3,4-DCA 进行解毒, 4.6 mg/L 底物在 7 d 内的 去除率达 75%; TRAVKIN 等^[13]利用荧光假单胞菌 (Pseudomonas fluorescens) 26-K 处理质量浓度为 75 mg/L 的 3,4-DCA, 在不加葡萄糖的条件下, 15 d 内去除率达 40%; 此外, 部分真菌也被报道用于处 理氯代苯胺,如木质素降解菌白腐真菌 (Phanerochaete chrysosporium) 经过 33 d 培养能够 去除 50%的 3,4-DCA^[7]。以上研究中都存在底物去 除率不高的问题,且真菌处理 3,4-DCA 会产生毒性 更强的四氯偶氮苯^[14]。宋彩霞^[15]经过一系列条件优 化,将恶臭假单胞菌(Pseudomonas putida)S1 对 30 mg/L 3,4-DCA 在 3 d 内的去除率提高到 63.82%; LI 等^[16]筛选的类香味菌 (*Myroides odoratimimus*) LWD09, 4 d 内对 100 mg/L 3,4-DCA 的去除率为 80%。这两种菌株对底物的去除率相对较高,但未 对底物去除机制进行探讨,未阐明底物是彻底降解 还是转化为其他物质。

针对以上问题,本研究从染料制造厂生化池废水中筛选出能够以 3,4-DCA 为唯一碳源生长的菌株,经形态学观察和 16S rDNA 序列分析鉴定菌株,通过构建混合菌群以及条件优化提高菌株对底物的去除率。经 GC-MS 分析和相应酶活检测确定菌株代谢的最终产物并探讨其毒性,以期达到高效去除废水中的 3,4-DCA 并解除其毒性的效果。

1 实验部分

1.1 试剂与仪器

K₂HPO₄•3H₂O、(NH₄)₂SO₄、MgSO₄、MnCl₂•4H₂O、 ZnSO₄•7H₂O、FeSO₄•7H₂O、NaCl、二氯甲烷(AR)、 琼脂粉(BR)、甲醇(色谱级),国药集团化学试剂 有限公司;胰蛋白胨、酵母提取物,BR,安琪酵母 股份有限公司;5,5'-二硫双(2-硝基苯甲酸)、盐酸胍 (质量分数98%),天津希恩思生化科技有限公司; 乙酰辅酶 A 钠盐(质量分数93%),上海麦克林生 化科技有限公司。

SPX-250BSH- II 型生化培养箱,上海新苗医疗器械制造有限公司;THZ-072HT 型数控恒温摇床,上海博彩生物科技有限公司;Agilent 1260 高效液相色谱仪、Agilent 5975-7890 气相色谱-质谱联用仪,美国 Agilent 科技公司;RE-52AA 型旋转蒸发仪,上海亚荣生化仪器厂;VCX-500 型超声破碎仪,美

国 Sonics 公司; TGL-21M 型高速冷冻离心机,上海 卢湘仪离心机仪器有限公司; Spark 10M 型多功能 酶标仪,瑞士帝肯集团。

1.2 菌株来源

某分散染料制造厂生化池废水。

1.3 培养基

LB 液体培养基 (g/L): 胰蛋白胨为 10, 酵母 提取物为 5, NaCl 为 10。

LB 固体培养基 (g/L): 胰蛋白胨为 10, 酵母 提取物为 5, NaCl 为 10, 琼脂粉 17。

MSM 培养基 (g/L): NaCl 为 1, K₂HPO₄•3H₂O 为 1, (NH₄)₂SO₄ 为 1, MgSO₄ 为 0.2, 1 mL 缓冲盐溶 液。缓冲盐溶液(g/L):FeSO₄•7H₂O 为 1, MnCl₂•4H₂O 为 1, ZnSO₄•7H₂O 为 1。

1.4 3,4-DCA 转化菌的筛选及纯化

将废水 10 mL 接种于 90 mL 3,4-DCA 质量浓度 为 100 mg/L 的 MSM 培养基中,于 30 ℃,180 r/min 振 荡培养至浑浊,用无菌水梯度稀释后涂布于含 100 mg/L 3,4-DCA 的 LB 固体培养基上,30 ℃培养 2~3 d, 挑取生长良好,形态和颜色不同的单菌落,经划线 分离 3~5 次得到纯培养菌落。

1.5 菌株鉴定

菌株经革兰氏染色后光学显微镜下观察细菌形态,16SrDNA序列由上海生工生物工程公司测定,与GenBank数据库中相应序列进行BLAST比对,用MEGA 5.0构建系统进化树。

1.6 混合菌转化 3,4-DCA 的特性

1.6.1 菌悬液的制备

将纯化后的菌株接种到 LB 液体培养基中,30 ℃、 180 r/min 摇床培养 12 h, 12000 r/min 离心 5 min, 弃上清,生理盐水洗涤 3 次,菌体用于制备在 600 nm 处光密度值(OD₆₀₀)为 1.6 的菌悬液。

1.6.2 3,4-DCA 转化率的测定

按接种量 2% (体积分数,下同)将1mL 菌悬 液转接到 49 mL MSM 培养基(含 100 mg/L 3,4-DCA)中,30 ℃、180 r/min 摇床培养3d,检 测菌液 OD₆₀₀及 3,4-DCA 质量浓度。3,4-DCA 质量 浓度采用高效液相色谱法(HPLC,外标法)测定, 液相色谱柱: C₁₈柱,4.6 mm×250 mm,5 μ m;流动 相 V(甲醇): V(水)=60:40;流量 1.0 mL/min;柱温 37 ℃;检测波长 254 nm;进样量 10 μ L。3,4-DCA 转化率的计算式如下所示:

$$D/\% = \frac{\rho_1 - \rho_2}{\rho_1} \times 100 \tag{(1)}$$

式中:*D*为 3,4-DCA 转化率,%; *ρ*₁为处理前 3,4-DCA 的质量浓度, mg/L; *ρ*₂为处理后 3,4-DCA 的质量浓度, mg/L。

1.6.3 混合菌群的构建

结合菌株形态及转化性能,选取形态及颜色差 异较大的两株菌(可能是功能不同的菌株)构建混 合菌群。按 1.6.1 节分别制备单一菌株的菌悬液,按 1.6.2 节测定混合菌群对 3,4-DCA 的转化率,混合菌 群接种量保持 2%不变,两种菌悬液的体积比分别为 3:1、2:1、1:1、1:2、1:3。

1.6.4 3,4-DCA 转化条件的优化

单因素预实验:以 1.6.2 节中的转化条件(温度 30 ℃、自然 pH、接菌量 2%、摇床转速 180 r/min) 为基础,以 3,4-DCA 转化率为指标,初步考察接菌 量(1%、2%、3%、5%、7%)、转化温度(25、30、 35、40 ℃)、初始 pH(5、6、7、8、9)、摇床转速 (100、150、180、200、250 r/min)对混合菌(P11-1 与 L13 体积比为 1:1)转化 3,4-DCA 的影响。

正交实验:选取单因素实验中的摇床转速、温 度和 pH 3 个因素,每个因素设置 3 个水平(其中: 摇床转速为 190、200、210 r/min;温度为 28、30、 32 ℃; pH 为 7、8、9)。通过 L₉(3⁴)正交实验(表 1)确定混合菌的最佳转化条件组合,结果用 SPSS 软件进行统计分析。

它早	影响因素			
JT 5 -	摇床转速/(r/min)	温度/℃	pН	
1	190	28	7	
2	190	30	8	
3	190	32	9	
4	200	28	8	
5	200	30	9	
6	200	32	7	
7	210	28	9	
8	210	30	7	
9	210	32	8	

表 1 正交实验设计 Table 1 Orthogonal experimental design

1.7 代谢产物的测定

取转化过程中的培养液经 12000 r/min 离心,取 上清液用二氯甲烷按体积比 1:1 萃取两次,萃取液 旋转蒸发后用甲醇(色谱级)溶解,得到的有机物 溶液经高效液相色谱分离后再进行 GC-MS 分析。最 后,将气相色谱中检测到的各物质的保留时间和质 谱图与美国标准质谱数据库(NIST)进行比对,分 析代谢产物的分子结构。

1.8 菌株酶活测定

粗酶液的制备: 取振荡培养 3 d 后的混合菌转 化液 50 mL(OD₆₀₀为 0.91), 于 12000 r/min 离心 5 min, 细胞沉淀用检测缓冲液(25 mmol/L Tris-HCl, pH 7.5) 洗涤并重悬, 400 W 超声破碎 90 次(破碎 3 s, 间 隔 3 s), 4 ℃下 12000 r/min 离心 10 min, 取上清液 为粗酶液。

采用 5,5'-二硫双(2-硝基苯甲酸)(DTNB)测定 游离辅酶 A(CoA)的方法可以测定 *N*-乙酰基转移 酶活性^[17-18]。酶反应体系如下:粗酶液 50 μ L、 3,4-DCA 25 μ L(终浓度 500 μ mol/L)、乙酰辅酶 A 25 μ L(终浓度 400 μ mol/L)于 96 孔板中孵育不同 时间,以100 μ L 6.4 mol/L 盐酸胍溶液终止反应,加 入100 μ L 5 mmol/L DTNB 显色后,于 412 nm 处测 定吸光度,定义每分钟 1 μ mol 底物转化为产物所需 的酶量为一个国际制酶活单位(U)。其他条件相同 的情况下,以检测缓冲液代替酶液作为对照。

游离 CoA 生成量的测定:以不同浓度的 L-半胱 氨酸标准溶液制备标准曲线,根据标准曲线方程计算与 吸光度变化相对应的游离 CoA 生成量。酶活计算公式为: 酶注/(U/L)=n/(t × V) (2)

2 结果与讨论

2.1 3,4-DCA 转化菌的筛选与鉴定

通过 1.4 节分离纯化,筛选得到 5 株 3,4-DCA 转化菌株,并按照 1.6.1 节制备菌悬液,按照 1.6.2 节进行 3,4-DCA 的转化实验,结果见图 1。



图 1 不同菌株对 3,4-DCA 转化的能力 Fig. 1 Transformation ability of different strains to 3,4-DCA

根据图 1 挑选转化能力较强,形态与颜色差异 较大的 L13 与 P11-1 作为实验菌株,进行混合菌群 的构建。两株菌在 LB 固体培养基上 30 ℃培养 48 h 后的形态见图 2。菌落单一,P11-1 呈均一黄色,圆 形隆起,较为湿润;L13 呈蓝绿色,扁平湿润,表 面略褶皱。两株菌革兰氏染色均显阴性,显微镜下 呈长短不一的杆状。

将菌株 16S rDNA 序列与 GenBank 中报道的 16S rDNA 序列进行同源性比对,结果显示与铜绿假 单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)相似度达 99%以 上。采用 MEGA 5.0 软件构建系统进化树(图3),结 合菌落形态,初步鉴定为 *Pseudomonas aeruginosa*。





2.2 混合菌的构建

不同体积比混合菌对 3,4-DCA 的转化能力如图 4 所示。在相同培养条件下,当菌株 L13 与 P11-1 体 积比为 1:1 时,混合菌群对 3,4-DCA 转化率最高, 达到 73.33%。同时,该混合菌群对 3,4-DCA 的转化 率较单一菌株 L13 (1:0)和 P11-1 (0:1)的转化 率分别提高 13.33%和 29.95%,效果显著。混合菌 的生长曲线及转化曲线如图 5 所示。菌株大量生长 和对底物的转化主要发生在前 3 d,后趋于稳定。



图 3 菌株 P11-1、L13 的系统进化树 Fig. 3 Phylogenetic tree of strain P11-1 and L13





2.3 3,4-DCA 转化条件的优化

根据 1.6.4 节单因素预实验结果,当接菌量从 1%提高到 3%时,3,4-DCA 转化率从 64.91%增加到 81.62%;当接菌量进一步提高时,转化率几乎不变;故确定最佳接种量为 3%,不再纳入正交实验考察因素。 3,4-DCA 转化率最高的其他条件分别为:温度 30 ℃、pH 8、摇床转速 200 r/min。据此确定正交实验范围: 温度 28~32 ℃、pH 7~9、摇床转速 190~210 r/min。

正交实验设计及结果如表 2 所示, 方差分析



图 5 混合菌的生长曲线及 3,4-DCA 转化率曲线 Fig. 5 Growth curve of mixed bacteria and transformation rate curve of 3,4-DCA

结果见表 3。根据分析结果,最佳条件组合为: 摇 床转速 190 r/min,温度 30 ℃,pH 8.0,在此条件 下 3,4-DCA 转化率为 89.26%。*R*_{pH}>*R*[₩][₩]>*R*[₩][₩]</sub>,表明 pH 对混合菌转化率影响最大,摇床转速其次,温度影 响最小。提高摇床转速,则氧气的转移速率增加, 从而促进混合菌对底物的利用^[11];pH 和温度过高或 过低都可能影响相应酶的活性。

方差分析(表3)表明,3个因素对转化率均有显著影响(P<0.05),其中pH的F值最大,说明其

对混合菌转化率的影响最大,与直观分析结果一致。

Table 2 Orthogonal experimental design and results						
序号 -	影响因素			3,4-DCA		
	摇床转速/(r/min)	温度/℃	pН	转化率/%		
1	190	28	7	65.08		
2	190	30	8	89.26		
3	190	32	9	79.84		
4	200	28	8	83.17		
5	200	30	9	77.74		
6	200	32	7	65.05		
7	210	28	9	70.43		
8	210	30	7	63.24		
9	210	32	8	82.01		
K_1	78.06	72.90	64.45			
K_2	75.32	76.74	84.82			
K_3	71.89	75.63	76.00			
R	6.17	3.84	20.37			

表 2 正交实验设计及结果 Table 2 Orthogonal experimental design and results

表 3 正交实验方差分析结果 Table 3 Variance analysis of orthogonal test

因素	平方和	df	均方	F	Р
摇床转速	57.277	2	28.639	119.755	0.008
温度	23.595	2	11.798	49.333	0.020
pH	625.335	2	312.668	1307.443	0.001
误差	0.478	2	0.239		

2.4 代谢产物分析

混合菌在最佳转化条件下转化 3,4-DCA 2 d,其 代谢产物的 HPLC 和 GC-MS 分析结果如图 6 和图 7 所示。在混合菌转化底物的过程中,随着底物浓度 的下降,体系中形成并积累了新的化合物,跟踪监 测发现该化合物浓度后续趋于稳定,不再变化。





由图 6 可见, 化合物 I 保留时间为 7.7 min, 经 GC-MS(图 7)分析为残留未转化的 3,4-DCA; 化合物 Ⅱ 保留时间为 9.4 min, 经 GC-MS 分析为形成的新 化合物 3,4-二氯乙酰苯胺(3,4-DCAA),即混合菌 群以 3,4-DCA 为原料,经乙酰化反应生成主要的代 谢产物为 3,4-DCAA。3,4-DCAA 毒性很小,植物能 够在含有 3,4-DCAA 的土壤中生长,而在含有 3,4-DCA 的土壤中无法生长^[17]。很多文献报道乙酰 化是微生物的一种有效解毒机制^[17-20]。



I 一图 6 中化合物 I 的 GC-MS 分析结果; Ⅱ 一图 6 中化合物 Ⅱ 的 GC-MS 分析结果

图 7 3,4-DCA 主要代谢产物 GC-MS 分析 Fig. 7 GC-MS analysis of main metabolites of 3,4-DCA

然而,分析两种化合物的物质的量的变化发现, 仅 85%的 3,4-DCA 转变为 3,4-DCAA。对照实验结 果显示 3,4-DCA 的蒸发损失小于 2%,因此,推测 其余 15%的 3,4-DCA 中的大部分发生了矿化,即被 完全降解为二氧化碳和水^[5,10],但因其中间产物浓度 较低而未被检测出来。

2.5 酶活的测定

N-乙酰基转移酶可催化 3,4-DCA 乙酰化生成 3,4-DCAA,同时乙酰辅酶 A 水解生成 CoA,采用 DTNB 检测 CoA 的生成量(图 8),并通过 CoA 生 成量来测定 N-乙酰基转移酶活性。如图 8 所示,对 照组几乎没有 CoA 的生成,而样品中有明显的 CoA 生成,在 0~5 min 内,CoA 生成量与时间呈正比例 关系,此时酶活为 138 U/L;随后,随着底物浓度的 下降及产物浓度的增加,酶的表观活性呈下降趋势。 此结果进一步证明了混合菌主要通过乙酰化途径转 化 3,4-DCA。MARTINS 等^[17]通过有针对性的基因 阻断实验表明,真菌依赖 N-乙酰基转移酶实现对 3,4-DCA的解毒,而本实验证明细菌中同样存在 N-乙酰基转移酶介导的生物修复系统。



图 8 DTNB 测定乙酰辅酶 A 的水解 Fig. 8 Determination of hydrolysis of acetyl-CoA

3 结论

本研究从染料废水中筛选出能够转化 3,4-DCA 的菌株,并利用其中两株菌构建混合菌群,对混合 菌群转化条件进行了优化,并进一步通过代谢产物 的分析探讨了转化机理,得出以下结论:

(1)通过形态学观察及16S rDNA 序列分析, 初步推断两株菌均为铜绿假单胞菌,混合菌群对 3,4-DCA 转化率明显高于单菌。

(2)混合菌群对 3,4-DCA 具有较强的转化代谢 潜力,3 d 内对 100 mg/L 3,4-DCA 的转化率达到 89.26%。

(3) 混合菌群主要通过乙酰化途径转化 3,4-DCA, 代谢产物为 3,4-DCAA。

与单一菌株相比,混合菌群对 3,4-DCA 的转化 能力更强,但机理尚不明确,且乙酰化产物无法进 一步降解,需后续实验进一步探索。

参考文献:

- ALBERS C N, BANTA G T, HANSEN P E, *et al.* Effect of different humic substances on the fate of diuron and its main metabolite 3,4-dichloroaniline in soil[J]. Environmental Science and Technology, 2008, 42: 8687-8691.
- [2] KUIPER J, HANSTVEIT A. Fate and effects of 3,4-dichloroaniline (DCA) in marine plankton communities in experimental enclosures[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 1984, 8: 34-54.
- [3] BREUGELMANS P, LEORY B, BERS K, et al. Proteomic study of linuron and 3,4-dichloroaniline degradation by Variovorax sp. WDL1: Evidence for the involvement of an aniline dioxygenaserelated multicomponent protein[J]. Research in Microbiology, 2010, 161: 208-218.
- [4] VARJANI S, RAKHOLIYA P, NG H Y, et al. Microbial degradation of dyes: An overview[J]. Bioresource Technology, 2020, 314: 123728.
- [5] YUAN Y, ZHANG P, SCHMIDT B, et al. 3,4-Dichloroaniline revisited:

A study on the fate of the priority pollutant in a sediment-water system derived from a rice growing region in Italy[J]. Science of the Total Environment, 2017, 574: 1012-1020.

- [6] CARVALHO G, MARQUES R, LOPES A R, et al. Biological treatment of propanil and 3,4-dichloroaniline: Kinetic and microbiological characterisation[J]. Water Research, 2010, 44: 4980-4991.
- [7] TASCA A L, FLETCHER A. State of the art of the environmental behavior and removal techniques of the endocrine disruptor 3,4-dichloroaniline[J]. Journal of Environmental Science and Health, Part A, 2018, 53: 260-270.
- [8] ZHANG T(张涛), LIU S J(刘双江), LIU Z P(刘志培). A novel metabolism pathway for the biodegradation of chloroanilines[J]. Microbiology China (微生物学通报), 2007, 47(1): 83-87.
- [9] DENG L(邓林), LIU Y L(刘延岭), WANG Z Y(王忠彦), et al. Screening and identification of a nitrile degrading bacterium strain and its degradability[J]. Fine Chemicals (精细化工), 2004, 21(12): 913-916.
- [10] ZHANG J, SUN J Q, YUAN Q Y, et al. Characterization of the propanil biodegradation pathway in *Sphingomonas* sp. Y57 and cloning of the propanil hydrolase gene prpH[J]. Journal of Hazardous Materials, 2011, 196: 412-419.
- [11] LI H(李恒), WANG D M(王大明), GONG J S(龚劲松), et al. Catalytic properties of resting cells from nitrilase producing microorganism *Pseudomonas putida* XY4[J]. Fine Chemicals (精细 化工), 2014, 31(12): 1466-1470.
- [12] WANG S J, POON K, CAI Z W. Biodegradation and removal of 3,4-dichloroaniline by *Chlorella pyrenoidosa* based on liquid chromatography-electrospray ionization-mass spectrometry[J]. Environ Sci Pollut Res, 2013, 20: 552-557.
- [13] TRAVKIN V V M, SOLYANIKOVA I I P, RIETJENS I I M C M, et al. Degradation of 3,4-dichloro- and 3,4-difluoroaniline by *Pseudomonas fluorescens* 26-K[J]. Journal of Environmental Science and Health, Part B, 2003, 38(2): 121-132.
- [14] XIAO H X, KUCKELKORN J, NÜBER L K, et al. The metabolite 3,4,3',4'-tetrachloroazobenzene (TCAB) exerts a higher ecotoxicity than the parent compounds 3,4-dichloroaniline (3,4-DCA) and propanil[J]. Science of the Total Environment, 2016, 551/552: 304-316.
- [15] SONG C X(宋彩霞). Characteristics and function of S1 in degrading 3,4-dichloroaniline[D]. Chongqing: Southwest University (西南大 学), 2014.
- [16] LI T, DENG X P, WANG J J, et al. Biodegradation of 3,4-dichloroaniline by a novel *Myroides odoratimimus* strain LWD09 with moderate salinity tolerance[J]. Water Air Soil Pollut, 2012, 223: 3271-3279.
- [17] MARTINS M, RODRIGUES-LIMA F, DAIROU J, et al. An acetyltransferase conferring tolerance to toxic aromatic amine chemicals: Molecular and functional studies[J]. The Journal of Biological Chemistry, 2009, 284(28): 18726-18733.
- [18] BROOKE E W, DAVIES S G, MULVANEY A W, et al. An approach to identifying novel substrates of bacterial arylamine *N*-acetyltransferases[J]. Bioorganic & Medicinal Chemistry, 2003, 11: 1227-1234.
- [19] CASTILLO J M, NOGALES R, ROMERO E. Biodegradation of 3,4-dichloroaniline by fungal isolated from the preconditioning phase of winery wastes subjected to vermicomposting[J]. Journal of Hazardous Materials, 2014, 267: 119-127.
- [20] YAO X F, KHAN F, PANDEY R, et al. Degradation of dichloroaniline isomers by a newly isolated strain, Bacillus megaterium IMT21[J]. Microbiology, 2011, 157: 721-726.