

环境水体微囊藻毒素微生物降解技术研究进展 *

孔 赞 徐向阳 朱 亮 ** 徐 京 林海转

(浙江大学环境工程系, 杭州 310058)

摘要 湖库水体富营养化及其产生的藻毒素污染已对生态环境和人类健康构成极大威胁, 而目前常规水污染控制技术存在一定的局限性, 因此水环境中藻毒素处理新工艺亟待研发。鉴于环境水体中的微囊藻毒素可被微生物降解为无毒或低毒的中间产物, 本文综述了微囊藻毒素的降解菌株、生物降解过程影响因素与机理、降解产物及其结构特性等, 总结了目前微囊藻毒素降解菌株在水环境修复中的应用, 并对今后微生物降解微囊藻毒素的研究方向进行了展望, 以期为解决我国日益严峻的湖库水体藻毒素污染和饮用水安全问题提供技术思路。

关键词 微囊藻毒素 微生物降解 降解机理 富营养化 饮用水安全

文章编号 1001-9332(2011)06-1646-07 **中图分类号** X17 **文献标识码** A

Microbial degradation of microcystins in water environment: A review. KONG Yun, XU Xiang-yang, ZHU Liang, XU Jing, LIN Hai-zhuan (*Department of Environmental Engineering, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China*). -*Chin. J. Appl. Ecol.*, 2011, 22(6): 1646–1652.

Abstract: Lake and reservoir's eutrophication and its produced microcystins (MCs) have enormous threats to ecological environment and human health. Because the conventional water pollution control techniques have definite limitations, it's quite urgent to develop new technique to remove the MCs from water environment. MCs can be effectively degraded by specific microbes, and its intermediate and terminal products are non-toxic or low-toxic. This paper summarized the MCs-degrading microbial strains, biodegradation processes, mechanisms, and affecting factors, degraded products and their structural characteristics, and the applications of MCs-degrading microbial strains in water environment restoration. The further research directions were also proposed. It was hoped that this review could provide technical ideas for restoring MCs-polluted lakes and reservoirs and ensuring drinking water safety in China.

Key words: microcystins; microbial degradation; degradation mechanism; eutrophication; drinking water safety.

随着我国工农业的快速发展, 大量含氮含磷的工业废水、生活污水以及农业面源污水排入江河湖海, 导致环境水体富营养化严重^[1-2]。2009年《中国环境状况公告》^[3]指出, 我国26个国控重点湖泊(水库)中, 太湖、巢湖和滇池因富营养化均为劣V类水质, 长江、黄河中下游多数水库及湖泊水体均检测出微囊藻毒素(microcystins, MCs)。日益严峻的环境水体有机与氮磷污染、富营养化与藻毒素污染等问题, 已直接影响到城镇饮用水安全和人类健康。

已有研究表明, 导致水体富营养化的主要藻种

为微囊藻属、鱼腥藻属、颤藻属、束丝藻属和节球藻属等, 其在代谢过程中或藻体破裂后会分泌多种藻毒素, 这其中以微囊藻毒素危害最为严重^[4-8]。目前, 国内外学者对环境水体中藻毒素的降解与去除进行了多方面研究^[9], 主要以化学方法(光降解、光催化氧化、臭氧氧化等)为主, 但因其存在运行成本高、易产生二次污染等问题, 难以实际应用。为此, 利用微生物降解藻毒素是未来环境水体修复的研究重点之一^[10]。本文综述了微囊藻毒素的降解菌株、生物降解过程影响因素与机理、降解产物及其结构特性等, 总结了有关微囊藻毒素降解菌株在水环境修复中的应用, 并对今后微生物降解微囊藻毒素的研究方向进行了展望, 以期为开发湖库水体微囊藻毒素污染修复和饮用水安全保障的微生物新技术及新

* 国家科技支撑计划项目(2006BAJ08B01)、国家水体污染防治与治理科技重大专项(2008ZX07316)和浙江省教育厅科研项目(Y200909172)资助。

** 通讯作者. E-mail: felix79cn@zju.edu.cn

2010-11-01 收稿, 2011-03-22 接受。

工艺提供理论依据。

1 藻毒素的种类、结构及性质

藻毒素主要来源于水华藻类,分为肝毒素、神经毒素和脂多糖毒素三大类(表1),其中肝毒素又分为微囊藻毒素(microcystin)和节球藻毒素(nodularin)。目前,在造成水体污染的藻毒素中报道最多的就是微囊藻毒素,它是一类环状七肽肝毒素(图1),基本结构为环状(D-丙氨酸-L-X-赤-β-甲基-D-异天冬氨酸-L-Y-Adda-D-异谷氨酸-N-甲基脱氢丙氨酸)。其中,X、Y为两种可变的L氨基酸;Adda则为一种特殊的氨基酸,其结构为3-氨基-9-甲氧基-2,6,8-三甲基-10-苯-4,6-二烯酸,可能是藻毒素的毒性基团。

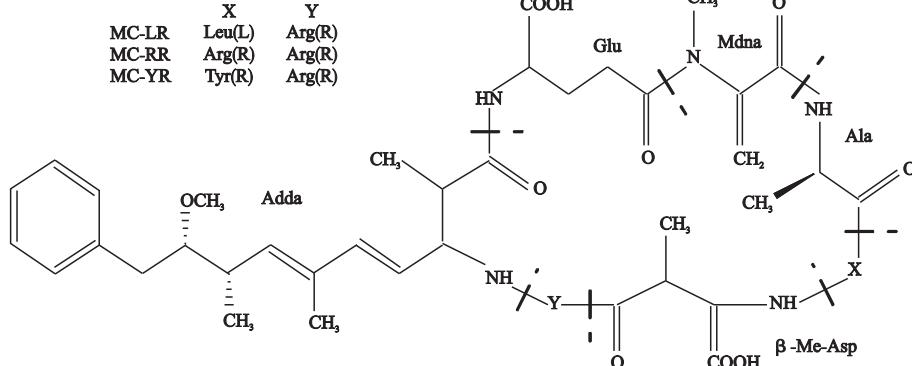


图1 微囊藻毒素化学结构通式

Fig. 1 Chemical structure of MCs.

表1 藻毒素分类、毒性及产毒藻属^[10]

Table 1 Classification and toxicity of cyanobacterial toxins and produce toxic algae^[10]

藻毒素种类 Toxin category		产毒藻株 Originated algae	主要靶器官 Target organ	半致死量 LD_{50} ($\mu\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)
肝毒素 Hepatotoxic	微囊藻毒素 Microcystins	微囊藻毒素-LR Microcystin-LR 微囊藻毒素-YR Microcystin-YR 微囊藻毒素-RR Microcystin-RR 微囊藻毒素-LA Microcystin-LA	微囊藻、鱼腥藻、颤藻、念珠藻等 <i>Microcystis</i> , <i>Anabaena</i> , <i>Oscillatoria</i> , <i>Nostoc</i>	50 70 600 50
	节球藻毒素 Nodularin	LD-Asp ¹ 节球藻毒素 LD-Asp ¹ -nodularin (6Z)-Adda ³ 节球藻毒素 (6Z)-Adda ³ -nodularin	节球藻 <i>Nodularia</i>	75 >2000
	柱孢藻毒素 Cylindrospermopsin	柱孢藻毒素 Cylindrospermopsin 贝类毒素 Saxitoxin 类毒素-a Anatoxin-a		2000 10 200 ~ 500 20
	神经毒素 Neurotoxin		颤藻等 <i>Oscillatoria</i>	
	脂多糖类毒素 Anatoxin		鱼腥藻、束丝藻、颤藻等 <i>Anabaena</i> , <i>Aphanizomenon</i> , <i>Oscillatoria</i>	
		类毒素-a(s) Anatoxin-a(s)		

构成环状七肽的7个氨基酸,其中5个是非蛋白氨基酸,2个(2、4点位)是蛋白质氨基酸。由于X、Y的不同及Masp和Adda的甲基化或去甲基化产生的差异,可以形成多种不同的微囊藻毒素异构体。目前,已从不同微囊藻菌株中分离、鉴定了60多种微囊藻毒素结构,已知存在的最普遍、含量相对较多、毒性较大的主要是MC-LR、MC-RR、MC-YR等。

2 藻毒素微生物降解

2.1 藻毒素降解菌株及影响因素

2.1.1 藻毒素降解菌株 目前,已报道的多数藻毒素降解菌株均从富营养化湖泊水体或底泥中分离筛选获得,其可将化学性质稳定的MCs分子中Adda基团的不饱和双键打断,进而将其降解或矿化。从微

生物种属关系来看,已发现的降解藻毒素微生物分属鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、伯克氏菌属(*Burkholderia*)等(表2)。

Kiyomi等^[11]从日本Tsukui湖和Sagami湖中共分离得到11株降解微囊藻毒素菌株,其中*Sphingomonas* sp. B9具有高效降解藻毒素活性,24 h内可将MC-LR和MC-RR完全降解;Valeria等^[12]从阿根廷San Roque水库分离得到一株鞘氨醇单胞菌*Sphingomonas* sp. CBA4,可在36 h内彻底将初始质量浓度为200 μg·L⁻¹的MC-RR降解,该菌对MC-LR也有较高降解能力;Wang等^[13]对从中国滇池分离到一株藻毒素降解菌株*Sphingopyxis* sp. USTB-05进行研究,发现该菌株在36 h内可将初始浓度为42.3 mg·L⁻¹的MC-RR完全降解,且降解中间产物和终产物在200~300 nm扫描范围内具有相同峰形,说明在MC-LR生物降解过程中产生了完整的Adda基团,这一结果为揭示MCs降解机理提供了重要证据;以MC-LR作为唯一碳源分离得到的高效降解藻毒素菌株*Burkholderia* sp.是最早报道的能够降解藻毒素的伯克氏菌属^[14],15 d内能够将MC-LR彻底降解;Mazur-Marzec等^[15]从波罗的海南部Gdansk海湾水体和沉积物中分离到32株菌,发现其中15株菌的生长均受节球藻毒素(nodularin, NOD)抑制,但该海湾沉积物中的天然微生物菌群可在5~7 d内将NOD彻底降解。

2.1.2 藻毒素降解影响因素 由于环状结构和间隔双键的存在,MCs具有良好的热稳定性、抗pH变化

等特性,故在自然环境中主要依靠微生物作用去除。与传统的物化方法相比,微生物降解MCs具有一定技术优势,但微生物对环境条件要求较为苛刻,易受温度、pH值、溶解氧、藻毒素初始浓度等因素影响。

1) 温度 众所周知,温度的变化直接影响微生物的代谢、呼吸活性等,进而影响其对藻毒素的降解效率。Ho等^[20]研究表明,藻毒素最适降解温度在22℃~30℃,而4℃下MCs降解酶活性几乎丧失;也有研究报道,肝毒素在25℃~30℃最易降解^[23]。

2) pH值 微生物的生命活动受体系pH值的影响较大,体系pH值变化改变细胞质膜上的电荷,从而影响微生物细胞的代谢功能。杨静东等^[24]研究发现,在接近实际水体的中性和弱碱性环境中,菌株JSM004对MCs的降解活性最强,而过低或过高的pH值都不利于藻毒素降解菌株正常生长与活性表达。

3) 溶解氧 研究表明,藻毒素降解多发生在好氧环境,如吕锡武等^[25]采用好氧和缺氧两组序批式反应器处理藻毒素,发现好氧反应器处理24 h后藻毒素MC-LR、MC-RR和MC-YR的去除率分别为93.6%、92.7%和90.6%,而缺氧反应器对3种藻毒素的去除率仅为14.6%、5.2%和2.4%。Chen等^[26]对藻毒素在厌氧环境下的生物降解潜力进行了研究,发现初始浓度为5 mg·L⁻¹的MC-LR可在2 d内完全降解。可见,藻毒素在好氧和厌氧环境下均可被微生物降解,相比而言,其在好氧条件下更容易被去除。

表2 藻毒素降解菌株

Table 2 Bacteria implicated in the degradation of microcystin toxins

高效菌株 Effective strain	来源 Source	基因编号 Gene No.	藻毒素种类 Toxin category	藻毒素去除率 Toxin removal efficiency	参考文献 Reference
<i>Sphingomonas</i> sp. B9	日本 Japan		MC-RR	>90%	[11]
<i>Sphingomonas</i> sp. CBA4	阿根廷 Argentina	AY920497	MC-RR		[12]
<i>Sphingopyxis</i> sp. USTB-05	中国 China		MC-RR	100%	[13]
<i>Burkholderia</i> sp.	巴西 Brazil	DQ459360	MC-LR		[14]
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	日本 Japan		MC-LR	95.5%	[16]
<i>Sphingomonas</i> sp. Y2	日本 Japan	AB084247	MC-LR, MC-RR, MC-YR	83%	[17]
<i>Sphingomonas</i> sp. ACM-3962		AF411068			[18]
<i>Sphingomonas</i> sp. MD-1		AB114202			[19]
<i>Sphingomonas</i> sp. LH21		DQ112243	MC-LR, MC-RR	98%	[20]
<i>Arthrobacter</i> sp. F7			MC-LR	100%	
<i>Brevibacterium</i> sp. F3			MC-LR	100%	[21]
<i>Rhodococcus</i> sp. C3			MC-LR	96%~99%	
<i>Stenotrophomonas</i> sp. EMS	中国 China	FJ712028	MC-LR, MC-RR		[22]

4) 藻毒素初始浓度 Ho 等^[20] 研究了菌株 *Sphingomonas* sp. LH21 降解 MC-LR 过程特性,发现藻毒素 MC-LR 降解速率与降解菌株 *Sphingomonas* sp. LH21 初始浓度及藻毒素浓度呈正相关;而 Lazaro 等^[27] 从密得湖分离得到 3 株降解藻毒素菌株 *Morganella morganii* (LAAFP-C25216), *Pseudomonas* sp. (C25459) 和 *Pseudomonas* sp. (*Sphingomonas*-C25358),其对初始浓度为 $20 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ 的藻毒素降解速率分别为 4.75、4.73 和 $4.67 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$. 可见,藻毒素降解受其初始浓度影响较大,初始浓度越低越易被微生物降解.

5) 其他因素 Smith 等^[23] 对澳大利亚曾发生过富营养化的饮用水源水中的肝毒素 (cylindrospermopsin, CYN) 研究发现,当水体中有铜离子存在时 MCs 的降解效率明显降低,表明铜离子抑制 MCs 降解菌的酶活性;Chen 等^[26] 发现葡萄糖和低浓度氨氮对藻毒素厌氧生物降解无影响,而硝酸盐的存在抑制了藻毒素的降解;Lazaro 等^[27] 研究发现,乙酸盐存在时藻毒素的降解受到抑制.

2.2 藻毒素降解酶与降解机理

Jones 等^[28] 最早于 1994 提出藻毒素生物降解是由两种不同菌属的微生物协同完成的:一种是能利用 MC-LR 作为碳源和能源来维持自身生长,如部分伯克氏菌属^[14] 可利用 MC-LR 作为碳源维持自身生长;另外一种则能够共代谢低浓度 MC-LR.

为进一步揭示藻毒素生物降解机理, Cousins 等^[29] 研究发现 MCs 经生物降解后其 Adda 侧链的共价双键被破坏,表明 Adda 侧链是生物降解攻击的靶位,正是由于其结构的变化导致 MC-LR 毒性降低. Bourne 等^[18,30] 以鞘氨醇单胞菌 (*Sphingomonas* sp. ACM-3962) 为研究对象,考察其降解 MC-LR 过程作用机制,并推测出有关藻毒素降解途径(图 2),该途径至少包含 3 种水解酶 (Mlr A、Mlr B 和 Mlr C);其中,微囊藻毒素酶是催化降解 MC-LR 反应的第一种酶(由 Mlr A 编码),首先打开藻毒素分子中连接 Adda 与精氨酸的肽键,使环状结构变成线型的 MC-LR;肽环被打开后,直线型的 MC-LR 被第 2 种酶(由 Mlr B 编码)降解,肽链上丙氨酸与亮氨酸之间的肽键被断裂,分裂成四肽;第 3 种酶(由 Mlr C 编码)则负责将四肽化合物降解成更小的多肽和氨基酸.

此后,多数学者均支持 Bourne 等^[18,30] 的观点,认为 Mlr A、Mlr B 和 Mlr C 是藻毒素降解过程中的关键酶. 如 Satio 等^[19] 从日本某湖分离到 2 株藻毒

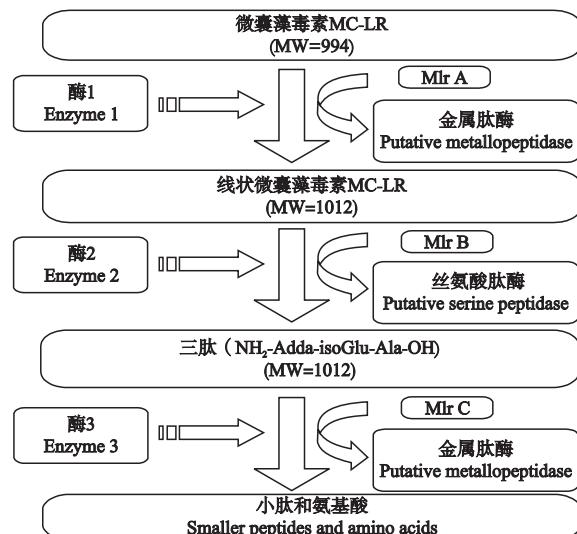


图 2 微囊藻毒素(MC-LR)降解途径^[18]

Fig. 2 Degradative pathway of microcystin LR (MC-LR)^[18].

素降解菌株 *Sphingomonas* sp. MD-1 和 *Sphingomonas* sp. Y2,发现其 Mlr A 基因与菌株 *Sphingomonas* sp. MJ-PV 中的 Mlr A 基因同源性分别为 98% 和 84%,且 Mlr A 基因仅存在于藻毒素降解菌株中;Ho 等^[20] 通过 PCR 技术,证实降解 MC-LR 和 MC-RR 的菌株 *Sphingomonas* sp. LH21 具有 Mlr A、Mlr B、Mlr C 和 Mlr D 4 种基因,且 Mlr B、Mlr C 和 Mlr D 基因序列与 *Sphingomonas* sp. ACM-3962 菌株的基因序列同源性分别达 92%、89% 和 88%;Chen 等^[22] 对从中国太湖分离得到的藻毒素降解菌株 *Stenotrophomonas* sp. EMS 进行 PCR 分析,确定了该菌株也含有 Mlr A 基因序列. 综上,研究者普遍认为 Mlr A 是降解藻毒素为线性多肽 MCs 的关键酶,该酶活性表达直接关系到藻毒素降解或矿化程度.

然而,2009 年 Manage 等^[21] 运用全基因组基因测序等方法鉴定了 10 株藻毒素降解菌,分属节球菌属、短杆菌属、红球菌属等,研究发现上述菌株均不含 Mlr A 基因序列. 周洁等^[31] 通过对食酸戴尔福特菌 (*Delftia acidovorans*) 降解 MC-RR 的 3 种产物进行紫外扫描发现,其降解产物的 Adda 基团和共轭双键结构仍保持完整. 上述结果与 Bourne 等^[18] 提出的降解途径存在较大的差异,因此有关微生物降解藻毒素的机理研究有待进一步开展.

2.3 藻毒素降解产物分析

近年来,国内外学者对藻毒素降解产物及产物毒性进行了大量研究^[15,26,30,32]. Mazur-Marzec 等^[15] 应用 LC/MS/MS 分析了节球藻毒素的降解产物,发现 7 种降解产物,分别为线性 NOD-Arg、[D-Asp]

NOD、NOD-Cit、四肽(分子量分别为530、673、687)以及Adda基团3种,其中5种产物为新物质;Chen等^[26]首次发现在缺氧条件下藻毒素降解产物中有Adda基团的生成,并对好氧和缺氧条件下MC-LR的降解产物进行了比较分析,发现2种情况下降解产物中均有Adda基团生成,但其生成速率不同,在缺氧条件下Adda基团的生成速率较大。

在降解产物的毒性分析方面,Bourne等^[30]发现*Sphingomonas* sp. ACM-3962菌株降解藻毒素遵循Arg-Adda键断裂的途径,生成线型MC-LR($\text{NH}_2\text{-Adda-Glu(iso)-Mdha-Ala-Leu-\beta-MeAsp-Arg-OH}$)和四肽($\text{NH}_2\text{-Adda-Glu(iso)-Mdha-Ala-OH}$)等中间产物;利用小白鼠进行生物毒性试验发现,降解产物对小白鼠的半致死量为 $250 \mu\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$,毒性远低于MC-LR(半致死量为 $50 \mu\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$);Susumu等^[32]应用LC/MS、蛋白酶抑制等方法对菌株*Sphingomonas* sp. B-9降解MC-LR的产物进行分析,发现菌株*Sphingomonas* sp. B-9降解MC-LR过程由Arg-Adda、Ala-Leu等肽键水解酶完成,降解产物主要为线型MC-LR($\text{H-Adda-Glu-Mdha-Ala-Leu-MeAsp-Arg-OH}$)和四肽($\text{H-Adda-Glu-Mdha-Ala-OH}$),该结论与Bourne等^[30]报道的菌株*Sphingomonas* sp. ACM-3962降解藻毒素中间产物相一致。

从目前的研究来看,藻毒素经微生物降解后中间产物和终产物为氨基酸或小肽链等物质,均为低毒或无毒物质^[30,32]。但有关产物分析的研究仍有待开展,以为藻毒素微生物降解途径的探析提供分析依据。

3 藻毒素降解菌株在水环境修复中的应用

随着我国水体富营养化程度加剧,湖库水华和海洋赤潮频发,藻毒素污染对水生生态系统、人类健康的威胁日益增大。世界卫生组织(WHO)制定的《饮用水水质准则》^[33]和我国实施的《生活饮用水卫生标准》(GB 5749—2006)^[34]将MC-LR列入饮用水评价指标,设定标准限值为 $1.0 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ 。然而,目前有关物化与生物处理工艺处理污染水体的研究与工程应用主要集中于有机物、氮磷、藻类等的去除^[35-37],而针对藻毒素去除的研究则主要是采用物理或化学方法,但絮凝、活性炭吸附等方法去除率不高;加氯消毒会产生有毒副产物;利用光催化、臭氧降解藻毒素因其工艺复杂、费用较高而难以实际应用;而微生物技术作为未来饮用水处理的主流技术之一,尤其是对于常规水处理工艺难以去除的有害

物质,有其独特的优势。

闫海等^[38]从滇池底泥中筛选出5株降解MC-LR和MC-RR菌,其中菌株D可在3 d内可将初始浓度分别为 $38.7 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $60.1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的MC-LR和MC-RR全部降解,降解速率分别高达12.9和 $20.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 。朱光灿等^[39]研究了三阶、单阶气水顺流和单阶气水逆流生物膜反应器对微囊藻毒素的去除性能,发现水力停留时间(HRT)为2 h时三阶生物膜反应器的去除率最高,对藻类、MC-LR和MC-RR的去除率分别达90%、86.7%和81.7%。Ho等^[40]在实验室条件下研究了生物砂滤对藻毒素的去除,MC-LR和MC-RR初始浓度均为 $20 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,4 d后藻毒素彻底去除,同时在砂滤池内检测到降解藻毒素的Mlr A基因,率先证实藻毒素去除是通过微生物降解途径而非物理吸附;Bourne等^[41]将初始浓度 $1 \times 10^6 \text{ 个} \cdot \text{mL}^{-1}$ 鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas* sp. MJ-PV)接种于生物砂滤反应器内,发现系统运行2 d后MC-LR去除率即达80%以上;Chen等^[42]发现太湖水样和底泥均可不同程度地降解MCs,且底泥对MCs的降解较表层水体要快,进一步证实大型浅水湖泊中MCs去除以微生物降解为主;Ji等^[43]通过人工富集功能微生物的方法去除藻类和藻毒素,水力停留时间(HRT)为6~7 d时叶绿素a去除率达62.8%(初始浓度为 $3.76 \sim 266 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$),MC-LR和MC-RR的平均去除率分别为40.5%和67.0%。

多数研究表明,筛选获得的微生物菌株均具有较高的藻毒素降解能力,但有关原位生物修复环境水体MCs污染的工艺研究未见相关报道。鉴于微囊藻毒素稳定的环状结构、环境浓度低毒性高等特点,光降解、光催化氧化及臭氧氧化等物化法对MCs的去除存在一定的局限性,为此微生物降解藻毒素技术是一种环境水体修复的优先选择工艺。

4 研究展望

环境水体富营养化与藻毒素污染是目前日益严重的世界性环境问题,如何控制和消除这一现象、修复和改善水环境质量是世界各国共同面临的难题。利用微生物降解技术修复微囊藻毒素污染的环境水体具有高效、低成本、无二次污染等特点,应用潜力巨大。目前,有关藻毒素生物降解的研究取得了一定进展,但多数仍停留在实验室研究阶段,取得的理论成果有待完善,并与实际应用之间存在较大差距。为此,今后有关微囊藻毒素微生物降解的研究建议在

以下几个方面开展:

1) 微囊藻的产毒机制除受到产毒基因、毒素合成酶基因等调控外,还受到自然环境条件的影响.为此,开展环境因素对藻类生长、藻毒素释放的影响研究可为 MCs 防治提供思路.

2) 目前,有关微囊藻毒素微生物降解的研究主要以 MC-LR 为主.但环境水体中藻毒素种类繁多、结构复杂,有必要进一步分离筛选不同结构微囊藻毒素的降解菌株,研究其生理生化特性;并在分子水平和蛋白组水平上揭示典型微囊藻毒素的生物降解机制,结合定点突变育种、关键酶基因修饰等技术构建高效多功能的微囊藻毒素降解菌.

3) 针对饮用水源水藻毒素污染严重等问题,亟需研发新型多功能微生物固定化技术,构建功能微生物高效稳定持留的氮磷去除和藻毒素生物降解新工艺,为解决我国日益严峻的湖库水体富营养化与藻毒素污染、饮用水安全问题提供技术支持.

参考文献

- [1] Davis JR, Koop K. Eutrophication in Australian rivers, reservoirs and estuaries—A southern hemisphere perspective on the science and its implications. *Hydrobiologia*, 2006, **559**: 23–76
- [2] Gao G, Qin BQ, Sommaruga R, et al. The bacterioplankton of Lake Taihu, China: Abundance, biomass, and production. *Hydrobiologia*, 2007, **581**: 177–188
- [3] State Environmental Protection Administration of China (国家环境保护总局). The State of Environment in China in 2009 (2010-06-03) [2010-10-05]. <http://jcs.mep.gov.cn/hjzl/zkgb/> (in Chinese)
- [4] Su J-Q (苏建强), Zheng T-L (郑天凌), Hu Z (胡忠), et al. Effects of marine bacteria on the growth and toxin production of red-tide algae under different pH and salinities. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2003, **14**(7): 1161–1164 (in Chinese)
- [5] Figueiredo DR, Azeiteiro UM, Esteves SM, et al. Microcystin-producing blooms—A serious global public health issue. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2004, **59**: 151–163
- [6] Ni W-M (倪婉敏), Zhang H-J (张杭君), Zhang J-Y (张建英), et al. Apoptosis of grass carp (*Ctenopharyngodon idellus*) lymphocytes induced by the combination of microcystins and disinfection by-products in drinking water. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2009, **20**(1): 228–232 (in Chinese)
- [7] Oberholster PJ, Botha AM, Ashton PJ. The influence of a toxic cyanobacterial bloom and water hydrology on algal populations and macroinvertebrate abundance in the upper littoral zone of Lake Krugersdrift, South Africa. *Ecotoxicology*, 2009, **18**: 34–46
- [8] Falconer IR. An overview of problems caused by toxic blue green algae (cyanobacteria) in drinking and recreational water. *Environmental Toxicology*, 1999, **14**: 5–12
- [9] Svrcek C, Smith DW. Cyanobacteria toxins and the current state of knowledge on water treatment options: A review. *Environmental Engineering Science*, 2004, **3**: 155–185
- [10] Bettina CH, Stefan JH, Daniel RD. Cyanobacterial toxins: Removal during drinking water treatment, and human risk assessment. *Environmental Health Perspectives*, 2000, **108**: 113–122
- [11] Kiyomi T, Miki A, Yojiro A, et al. Degradation of microcystins using immobilized microorganism isolated in an eutrophic lake. *Chemosphere*, 2006, **65**: 117–124
- [12] Valeria AM, Ricardo EJ, Stephan P, et al. Degradation of microcystin-RR by *Sphingomonas* sp. CBA4 isolated from San Roque reservoir (Cordoba-Argentina). *Bio-degradation*, 2006, **17**: 447–455
- [13] Wang JF, Wu PF, Chen J, et al. Biodegradation of microcystin-RR by a new isolated *Sphingopyxis* sp. USTB-05. *Chinese Journal of Chemical Engineering*, 2010, **18**: 108–112
- [14] Lemes GA, Kersanach R, Pinto LS, et al. Biodegradation of microcystins by aquatic *Burkholderia* sp. from a South Brazilian coastal lagoon. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2008, **69**: 358–365
- [15] Mazur-Marzec H, Toruńska A, Błońska MJ, et al. Biodegradation of nodularin and effects of the toxin on bacterial isolates from the Gulf of Gdańsk. *Water Research*, 2009, **43**: 2801–2810
- [16] Takenaka S, Watanabe MF. Microcystin-LR degradation by *Pseudomonas aeruginosa* alkaline protease. *Chemosphere*, 1997, **34**: 749–757
- [17] Park HD, Sasaki Y, Maruyama T, et al. Degradation of cyanobacterial hepatotoxin microcystin by a new bacterium isolated from a hypertrophic lake. *Environmental Toxicology*, 2001, **16**: 337–343
- [18] Bourne DG, Riddles P, Jones GJ, et al. Characterisation of a gene cluster involved in bacterial degradation of the cyanobacterial toxin microcystin LR. *Environmental Toxicology*, 2001, **16**: 523–534
- [19] Satio T, Okano K, Park HD, et al. Detection and sequencing of the microcystin LR degrading gene, mlrA, from new bacteria isolated from Japanese lakes. *FEMS Microbiology Letters*, 2003, **229**: 271–276
- [20] Ho L, Hoefel D, Saint CP, et al. Isolation and identification of a novel microcystin-degrading bacterium from a biological sand filter. *Water Research*, 2007, **41**: 4685–4695
- [21] Manage PM, Edwards C, Singh BK, et al. Isolation and identification of novel microcystin-degrading bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**: 6924–6928
- [22] Chen J, Hu LB, Zhou W, et al. Degradation of microcystin-LR and RR by a *Stenotrophomonas* sp. strain EMS isolated from Lake Taihu, China. *International Journal of Molecular Sciences*, 2010, **11**: 896–911

- [23] Smith MJ, Shaw GR, Eaglesham GK, et al. Elucidating the factors influencing the biodegradation of cylindrospermopsin in drinking water sources. *Environmental Toxicology*, 2008, **23**: 413–421
- [24] Yang J-D (杨静东), Yin Y-F (尹玉芬), Hu L-B (胡梁斌), et al. Biodegradation of microcystins by indigenous mixed bacterial population JSM004. *Journal of Agro-Environment Science* (农业环境科学学报), 2009, **28**(8): 1669–1675 (in Chinese)
- [25] Lü X-W (吕锡武), Ydmei L, Ding G-J (丁国际). Degradation of *Microcystis viridis* and microcynins with biological reactors. *China Environmental Science* (中国环境科学), 1999, **19**(2): 138–140 (in Chinese)
- [26] Chen XG, Yang X, Yang LL, et al. An effective pathway for the removal of microcystin LR via anoxic biodegradation in lake sediments. *Water Research*, 2010, **44**: 1884–1892
- [27] Lazaro E, Jacimaria RB. Biodegradation studies and sequencing of microcystin-LR degrading bacteria isolated from a drinking water biofilter and a fresh water lake. *Toxicon*, 2010, **55**: 1434–1442
- [28] Jones GJ, Bourne DG, Blakeley RL, et al. Degradation of the cyanohacterial hepatotoxin microcystin by aquatic bacteria. *Natural Toxins*, 1994, **2**: 228–235
- [29] Cousins IT, Bealing DJ, James HA, et al. Biodegradation of microcystin-LR by indigenous mixed bacterial populations. *Water Research*, 1996, **30**: 481–485
- [30] Bourne DG, Jones GJ, Blakeley RL, et al. Enzymatic pathway for the bacterial degradation of the cyanobacterial cyclic peptide toxin microcystin LR. *Applied Environmental Microbiology*, 1996, **62**: 4086–4094
- [31] Zhou J (周洁), Yan H (闫海), He H-S (何宏胜), et al. Activity of *Delftia acidovorans* for the biodegradation of microcystsins. *Science Technology and Engineering* (科学技术与工程), 2006, **6**(2): 166–170 (in Chinese)
- [32] Susumu I, Hajime K, Masayoshi M, et al. Bacterial degradation of microcystsins and nodularin. *Chemical Research in Toxicology*, 2005, **18**: 591–598
- [33] WHO. Guidelines for Drinking Water Quality. 3rd Ed. Geneva: World Health Organization, 2004
- [34] State Environmental Protection Administration of China (国家环境保护总局), State General Administration for Quality Supervision and Inspection and Quarantine (国家质量监督检验检疫总局). *Environmental Quality Standards for Surface Water* (GB 5749–2006). Beijing: China Standards Press, 2006 (in Chinese)
- [35] Li XY, Chu HP. Membrane bioreactor for the drinking water treatment of polluted surface water supplies. *Water Research*, 2003, **37**: 4781–4791
- [36] Tian JY, Liang H, Li X, et al. Membrane coagulation bioreactor (MCBR) for drinking water treatment. *Water Research*, 2008, **42**: 3910–3920
- [37] Tian JY, Chen ZL, Nan J, et al. Integrative membrane coagulation adsorption bioreactor (MCABR) for enhanced organic matter removal in drinking water treatment. *Journal of Membrane Science*, 2010, **352**: 205–212
- [38] Yan H (闫海), Deng Y-M (邓义敏), Zou H (邹华), et al. Isolation and activity of bacteria for the biodegradation of microcystsins. *Environmental Science* (环境科学), 2004, **25**(6): 49–53 (in Chinese)
- [39] Zhu G-C (朱光灿), Lü X-W (吕锡武). Degradation character of microcystin in biofilm reactors with different flow patterns. *China Environmental Science* (中国环境科学), 2003, **23**(3): 267–271 (in Chinese)
- [40] Ho L, Meyn T, Keegan A, et al. Bacterial degradation of microcystin toxins within a biologically active sand filter. *Water Research*, 2006, **40**: 768–774
- [41] Bourne DG, Blakeley RL, Riddles P, et al. Biodegradation of the cyanobacterial toxin microcystin LR in natural water and biologically active slow sand filters. *Water Research*, 2006, **40**: 1294–1302
- [42] Chen W, Song LR, Peng L, et al. Reduction in microcystin concentrations in large and shallow lakes: Water and sediment-interface contributions. *Water Research*, 2008, **42**: 763–773
- [43] Ji RP, Lu XW, Li XN, et al. Biological degradation of algae and microcystsins by microbial enrichment on artificial media. *Ecological Engineering*, 2009, **35**: 1584–1588

作者简介 孔 赞,男,1983年生,博士研究生。主要从事环境污染生物修复研究. E-mail: ky020241@yahoo.com.cn

责任编辑 肖 红