

地下水地表水相互作用下的微囊藻毒素去除

苏绎同¹, 陈雅柔¹, Renee Richer¹, 储子仪¹, 顾传辉^{1,2*}

¹ 昆山杜克大学自然与应用科学部 江苏昆山

² 昆山杜克大学环境研究中心 江苏昆山

【摘要】微囊藻毒素 (MCs) 是一类由蓝藻产生的高毒性化合物, 对水域与陆域生态系统均构成风险。河岸缓冲带被广泛认为能削减陆源污染物, 但其对河源微囊藻毒素的削减能力仍缺乏研究。本文结合现场监测、实验室土柱试验与微生物群落分析, 评估在动态河-地下水交换条件下, 河岸带对 MCs 的去除能力。位于长江口一条感潮河的现场数据揭示了河-地下水双向的交换与河水中的 MC 侵入河岸带。土柱实验显示, 相比保守性氯离子, MC 的质量回收率减少约 90%, 拟合得到的一阶降解速率常数为 1.02–1.15 d⁻¹。微生物测序发现河岸土壤中富集了潜在的 MC 降解菌属 (如 *Sphingomonas* 与 *Novosphingomonas*)。结果显示河岸带是被忽视的河源 MC 生物地球化学过滤器。理解 MC 在河岸体系中的归趋可为流域层面的蓝藻毒素治理提供基于自然的解决方案。

【关键词】微囊藻毒素; 地下水地表水相互作用; 河岸带; 生物降解

【基金项目】昆山市政府科研基金 (24KKSGR026)

【收稿日期】2025 年 11 月 9 日 **【出刊日期】**2025 年 12 月 18 日 **【DOI】**10.12208/j.aes.20250022

Microcystin removal under groundwater–surface water interactions

Yitong Su¹, Yajou Chen¹, Renee Richer¹, Ziyi Chu¹, Chuanhui Gu^{1,2*}

¹Department of Natural and Applied Sciences, Duke Kunshan University, Kunshan, Jiangsu

²Duke Kunshan Environmental Research Center, Kunshan, Jiangsu

【Abstract】Microcystins (MCs) are highly toxic cyanobacterial metabolites that pose risks to both aquatic and terrestrial ecosystems. Riparian buffers are widely recognized for attenuating land-derived pollutants, yet their capacity to reduce river-borne microcystins remains underexplored. Integrating field monitoring, laboratory soil-column experiments, and microbial community analyses, we evaluated MC removal in riparian zones under dynamic river–groundwater exchange. Field data from a tidal river near the Yangtze River Estuary reveal bidirectional river–groundwater exchange and intrusion of riverine MC into the riparian corridor. Column experiments showed that, relative to conservative chloride, MC mass recovery decreased by ~90%, with fitted first-order decay rate constants of 1.02–1.15 d⁻¹. Amplicon sequencing indicated enrichment of putative MC-degrading taxa in riparian soils (e.g., *Sphingomonas*, *Novosphingomonas*). These results identify riparian zones as an overlooked biogeochemical filter for river-borne MC. Understanding MC fate within riparian systems can inform nature-based solutions for watershed-scale cyanotoxin management.

【Keywords】Microcystins; Groundwater–surface water interactions; Riparian zone; Biodegradation

1 引言

微囊藻毒素 (MCs) 是某些蓝藻 (如 *Microcystis*、*Anabaena*、*Planktothrix*) 产生的肝毒素, 常与富营养

化和有害藻华相关^[1]。富营养化驱动的藻华在衰亡期 (细胞裂解) 会导致 MC 释放^[2]。MC 因其广泛出现与高毒性被视为全球水生态系统中的关键污染物

*通讯作者: 顾传辉 (1975-) 男, 研究员, 研究方向: 生态水文学, 污染生态学。

[3]。其化学稳定性使其在水体或沉积物中长期存在, 即便藻华结束仍可造成持久污染[4], 在严重富营养化地区尤为受关注[5,6]。美国与欧洲的大多数地表水体均检测到 MCs, 在河口与海洋环境中亦有报道[8,9]。中国主要流域(长三角、淮河流域等)也有 MC 污染记录[10,11], 多与富营养化密切相关[12]。

为去除 MC, 亟需自然本底解决方案(NBS)。浮床植物系统可通过“植物-微生物”协同吸附/降解 MCs[13]; 人工湿地也可在一周内高效降解 MC-LR (>99%) [14]。与人工湿地类似、具氧化-还原波动特征的河岸缓冲带或可作为 MC 削减的 NBS, 尤其在富营养化水域[15]。传统上, 河岸带通过物理吸附与生物降解拦截陆源硝酸盐与磷酸盐等污染物[16-19]; 近期研究显示河岸带还能滞留与转化农药、兽药与 PFAS 等[20-23]。然而, 对河水来源的 MC 在河岸带中的削减潜力仍研究不足。

MC 在土壤与沉积物中的去除途径包括光化降解/光催化、微生物降解与吸附等[24-26]。在多种水体中, 微生物降解被视为 MC 去除的关键自然机制[27-29]。例如, 伊利湖研究表明峰值藻华条件下 18 小时可降解 99.98% 的 MC, 而无菌对照中 MC-LR 稳定不变[30]。太湖分离的本地菌株可在 1-4 小时内完全降解 1-50 $\mu\text{g/L}$ 的 MC-LR[31]; 也有研究报道厌氧条件下可降解 MC-LR 与 MC-RR 的新菌株[32]。尽管多种 MC 降解菌已被鉴定, 但其在河岸土壤中的分布与功能尚不清楚[33,34]。功能基因 *mlrA* 的丰度可用于表征降解潜力: 该基因编码的 *microcystinase A* 可切割 MC 的环状结构、降低毒性[27,34,35]。

水文过程可能是控制地表水 MC 归趋的关键因子[36]。既有研究多在相对静态的农田土/湖泊沉积物中开展, 对水动力学的关注有限。半日潮驱动的河岸廊道中, 河-地下水水位振荡与双向水力梯度普遍存在[37,38]。在此环境中, MC 经历强烈的水文与氧化还原梯度控制; 河岸过滤通过瞬时滞留、对黏土/氧化物的吸附及 *mlr* 途径细菌的生物降解共同削减溶质, 并受潮汐调控。

为填补上述空白, 本文结合现场监测、可控柱试、微生物群落与 qPCR, 评估潮汐河岸系统中 MC 的输移与去除。我们的假设是: 潮汐河流的河岸缓冲带作为双向过滤器, 通过吸附与微生物降解共同去除 MC。具体研究目标为: (1) 表征现场水文交换与 MC 源头; (2) 在模拟入渗阶段的流通式土柱

中量化 MC 滞留与降解速率; (3) 识别潜在 MC 降解菌并量化 *mlrA* 基因丰度。核心问题包括: 潮汐驱动的河-地下水交换如何影响 MC 在河岸带中的输移转化? 河岸土在模拟潮汐入渗条件下在多大程度上保留与降解 MC? 如何通过群落与 *mlrA* 丰度评估河岸土对 MC 的降解能力? 本研究通过耦合水文、地球化学与微生物信息, 推进对河源 MC 在河岸过滤与治理中的认知。

2 材料与方法

2.1 现场监测与采样

研究区位于江苏太仓七浦塘 (31°36'22.7"N, 121°13'26.0"E), 属长三角潮汐河流(平均潮差小潮约 1.5 m, 大潮约 2.75 m), 河-地下水相互作用强。区域城市化与营养盐负荷高, *Microcystis* 藻华频发。河岸植被呈明显地带性: 上部次生阔叶林(朴树、构树、女贞、水杉等)→灌草混生带(十大功劳、蔷薇等灌木与白头翁、艾蒿、麦冬等草本)→近水挺水植物群落(芦苇、再力花)。该区 MC 负荷高、水文动态强, 是研究河岸缓冲能力的理想“天然实验室”。

选择潮差较大的 2024 年 5 月 21-22 日开展基线采样。为区分河岸地下水中的 MC 是否来自河水而非原位产生, 沿一条垂直河岸的剖面(河水与 3 口监测井 W1、W2、W3), 按 4 小时间隔连续采集 24 小时水样。地下水由地表下 2 m 用蠕动泵取样, 现地 0.45 μm 注射器滤膜过滤。土壤按距河流距离分近(3 m)、中(7 m)、远(10 m)三组; 每一距离在 10-15 m 横向范围内取 3 个独立土芯(避免重叠), 分别处理保存。待分析样品置 50 mL 无菌离心管, 沉积物-25 °C, 水样-80 °C 冷冻。用于柱试的土样按 0-20、20-40、40-60 cm 分层保存; 部分土样用于理化性质分析。

2.2 水力监测

采用 HOB0 压力式水位计(U20L, Onset, USA)连续监测河道与 W2 井水位, 间隔 30 min。以“河水位-地下水位”的水头差表征水力方向: 正值表示河水向河岸入渗, 负值表示地下水向河道排泄。

2.3 现场水样 MC 的 ELISA 测定

采用竞争性 ELISA (ABRAXIS MCs-ADDA SAES, GSD, USA)测定水样 MC, 总量由 450 nm 吸光度拟合标准曲线计算。ELISA 具灵敏、快速与成本低等优势。

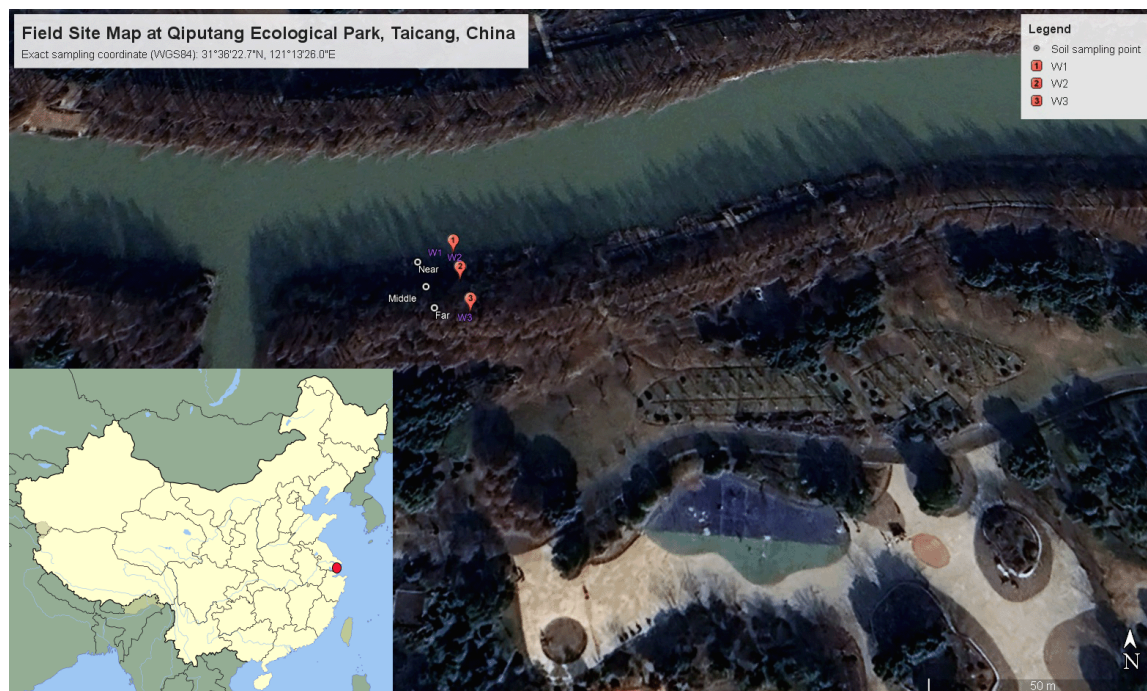


图1 研究区与采样布局 (31°36'22.7"N, 121°13'26.0"E), 示意图包含河岸线、河岸带土壤采样横断面(近、中、远)及与河道垂直布设的监测井(W1、W2、W3)。白色圆点表示各距离处的独立重复土芯($n=3$)。插图为区域位置图, 示七浦塘河段(Qiputang River), 为中国长江口的一条支流

2.4 柱状试验

为研究 MC 在原位土介质中的输移模式, 搭建流通式土柱模拟地下水在土体中的运动。相较静态批量试验, 柱试更能反映随时间变化的输移-反应过程, 包括平流、弥散、吸附与生物降解。该装置模拟稳定向下的渗流, 代表河岸入渗阶段的状况; 虽未呈现完整的往返流, 但可在与入渗相关的平流条件下隔离“一阶去除”过程。

柱体为有机玻璃, 内径 8.6 cm, 高 90 cm; 顶部进水口, 底部与距底 30 cm 处设取样口; 底部铺 200 目尼龙网防堵。现场土采用手钻取至 60 cm, 按 0–20、20–40、40–60 cm 分层组合装填。另设一根石英砂对照柱, 以考察土壤质地与有机质对 MC 去除的影响。装填后所有柱顶均覆 2 cm 石英砂, 以保证流态均匀。

装置完成后, 以去离子水自上而下连续冲洗 48 h (控制流量 1 mL/min), 去除气泡与可溶盐并建立初始平衡, 以电导 (EC) 稳定为准。以氯离子 (Cl^-) 为保守示踪剂; EC- Cl^- 关系由标准曲线拟合。

砂柱与土柱 2 注入 0.005 mol/L NaCl + 2 $\mu\text{g/L}$ MC; 土柱 3 与 4 注入 0.003 mol/L NaCl + 4 $\mu\text{g/L}$ MC。

MC 溶液由 MC-LR 固体 ($\geq 95\%$) 配制。两种 NaCl 浓度用于维持相近离子强度。每柱注入体积 1.22 L (约 2 倍孔隙体积), 确保溶质贯通。流量 1 mL/min, 模拟河岸达西速度 ($\sim 0.8\text{--}1.2 \text{ m d}^{-1}$)。注入期间, 每 3 h 于中部与底部口采集流出水; 注入结束后以同流量去离子水继续冲洗, 直至浓度稳定。样品以 0.45 μm 膜过滤后测 Cl^- 与 MC, 获得突破曲线 (BTC)。

2.5 数据处理

以 BTC 的零阶矩与注入总质量之比定义突破率 θ (%), 其中 $C(t)$ 为时刻 t 的流出浓度, Q 为体积流量, M_{in} 为注入溶质量。积分用梯形法近似。突破率接近 100% 表示几乎无滞留, 较低值表明不可逆吸附或降解。

$$\theta = \frac{\int_0^t C(t) Q dt}{M_{in}} \times 100\% \quad (1)$$

采用矩分析估计 MC 的一阶降解速率常数。首先计算 MC 的一阶矩即平均停留时间 t_{MC} :

$$t_{MC} = \frac{\int_0^t t \cdot C(t) dt}{\int_0^t C(t) dt} \quad (2)$$

假定一阶动力学, 累积回收率随传输距离呈指

数衰减:

$$R(x) = R_0 \cdot e^{-\lambda t_{MC}} \quad (3)$$

其中 $R(x)$ 为距入口 x 处的累积回收质量百分比(%), R_0 为入口理论回收率, λ 为一阶降解常数。

线性吸附下, 滞后系数 R_d 与分配系数 K_d 的关系为

$$R_d = 1 + \frac{\rho_b K_d}{a} \quad (4)$$

若降解与吸附并存, 可用平均到达时间之比以及半衰期综合表征。

2.6 微生物群落分析与 mlrA 基因 qPCR

取 0.3 g 土样, 采用商业试剂盒提取 DNA。16S rRNA V4 区扩增后 Illumina MiSeq 测序。使用

DADA2 去噪, SILVA v138 分类注释。据文献选取九类常见 MC 降解菌属(*Sphingomonas*、*Sphingopyxis*、*Bacillus*、*Stenotrophomonas*、*Novosphingobium*、*Acinetobacter*、*Arthrobacter*、*Paucibacter*、*Pseudomonas*) 分析相对丰度。qPCR 采用含 mlrA 的质粒构建标准曲线 ($10^7 - 10^2$), 使用 TaqMan 探针体系与标准化热循环程序。

3 结果与讨论

3.1 河源 MC 向河岸带侵入的现场证据

河-井(W2)之间的水头差在潮汐周期内在正/负值间动态波动, 表明河水与地下水双向交换。涨潮期水力梯度趋于正值(河水向河岸入渗); 落潮期梯度转为负值(地下水向河道回排)(图 2a)。

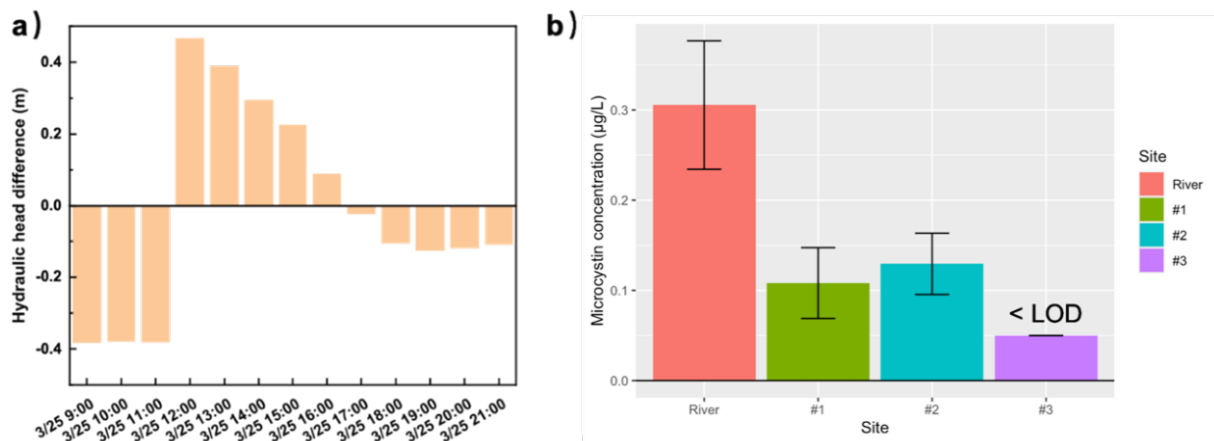


图2 (a) 潮汐河流与河岸地下水的水头差(测于 2024 年 3 月 25 日); (b) 河水与地下水井(#1、#2、#3, 按其距河远近)中的 MC 浓度, 水力梯度为负表示河水向河岸含水层入渗的时段, 尤其在大潮期间

河水中的 MC 浓度最高(约 $0.314 \mu\text{g/L}$); 地下水中总体较低, 最高约 $0.129 \mu\text{g/L}$ (图 2b)。少数地下水样低于 ELISA 检出限($\text{LOD}=0.1 \mu\text{g/L}$)。结果表明潮汐河流为河岸地下水提供 MC 来源, 高水位事件驱动的河水入渗可能将河源 MC 带入河岸带; MC 产生蓝藻在地下环境中通常缺位(缺光), 指向由水文驱动的横向迁移。

3.2 Cl^- 与 MC 的突破曲线

各柱中部与底部的 BTC 显示, 保守示踪剂 Cl^- 快速突破, 中/底部峰值几乎一致, 说明系统平流主导、滞留可忽略(图 3); Cl^- 略不对称的 BTC 提示快慢相交换造成的物理非平衡。相较之下, MC 的突破略延迟且曲线更宽。砂柱中部 MC 与 Cl^- 峰几

乎重叠, 底部仅轻微延迟, 表明吸附很小; 原位土柱中 MC 相对 Cl^- 有温和滞后, 但缺少显著“羽体展宽或拖尾”, 提示吸附作用有限。

3.3 滞留与降解分析

由 BTC 计算突破率。 Cl^- 在砂/土柱中均快速且近乎完全突破($\approx 100\%$), 验证其保守性; Cl^- 浓度 $> 100\%$ 的情形可能与前期淋洗未完全去除土体本底盐分有关。MC 在砂柱中突破率接近 100% , 而土柱 2、3、4 仅为 11.24% 、 8.56% 、 9.05% , 显示在土介质中存在强滞留。

进一步的滞留因子 R 与分配系数 K_d 表明: 砂柱与土柱 2、3、4 的 R 分别为 1.025 、 1.115 、 1.104 、 1.087 ; 对应 K_d 为 0.0068 、 0.031 、 0.028 、 0.023 mL/g 。

砂柱 K_d 很小, 显示 MC 对石英砂吸附几乎可以忽略。与文献相比, 本研究土柱的 K_d 落于较低值区域 (0.023–0.031 mL/g), 提示 MC-LR 对本研究区河岸土壤的吸附非常弱。原因包括土体结构与有机质

差异; 同时, 流通柱的非平衡条件 (停留时间短、平流-弥散显著) 也可能使表观吸附低于静态批量实验测试的吸附值。

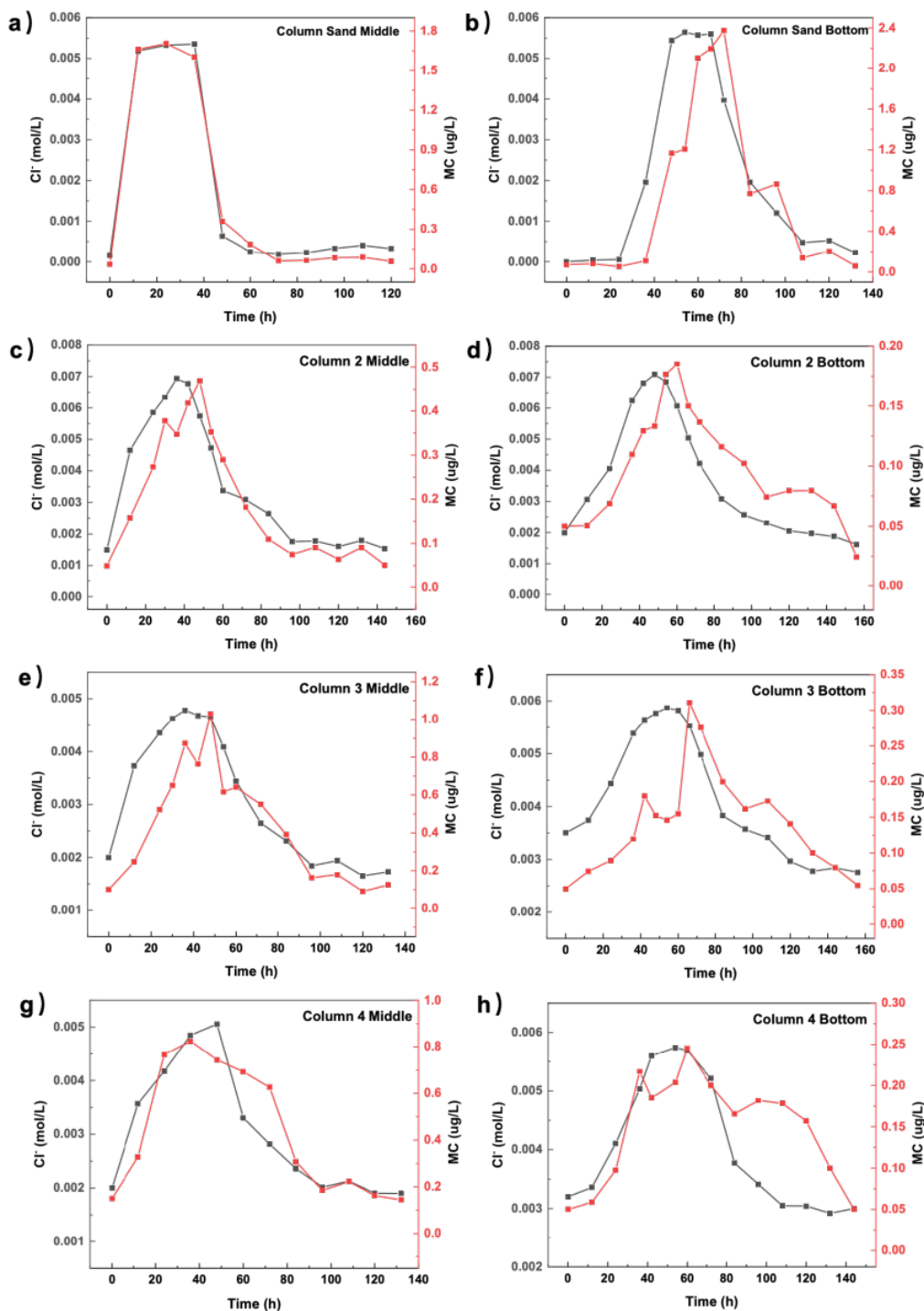


图3 MC 与 Cl^- 的突破曲线: (a) 1号柱(砂)中部; (b) 1号柱(砂)底部; (c) 2号柱中部; (d) 2号柱底部; (e) 3号柱中部; (f) 3号柱底部; (g) 4号柱中部; (h) 4号柱底部

为估计一阶降解常数 λ , 分析随柱深的质量回收衰减。MC 回收率随深度呈指数下降, 符合稳态一阶模型。土柱 2、3、4 底部的 MC 质量回收率分别为 8.722%、4.719%、4.740%, 仍有少量 MC 贯通迁移。拟合得到的 λ 分别为 1.150、1.037、1.024 d^{-1} , 对应小于一天的半衰期, 说明微生物降解是主导且快速的去除途径, 吸附仅为次要途径。

3.4 微生物群落与 mlrA 基因

筛查九类 MC 降解菌属中, 有七类在样品中检出, 总相对丰度约 0.9%(图 4a)。其中 *Sphingomonas* (平均 0.38%)、*Pseudomonas* (约 0.33%) 最为常见, 并广泛报道具 MC 降解能力。值得注意的是, *Pseudomonas* 在近河土壤更丰 (0.4%), 而 *Sphingomonas* 相对较低 (0.25%), 指向沿河岸距离的优势菌属更替。*Novosphingobium* 平均丰度 <0.1%, 可能贡献较小, 但其亦可携带 mlrA 并具降解能力。

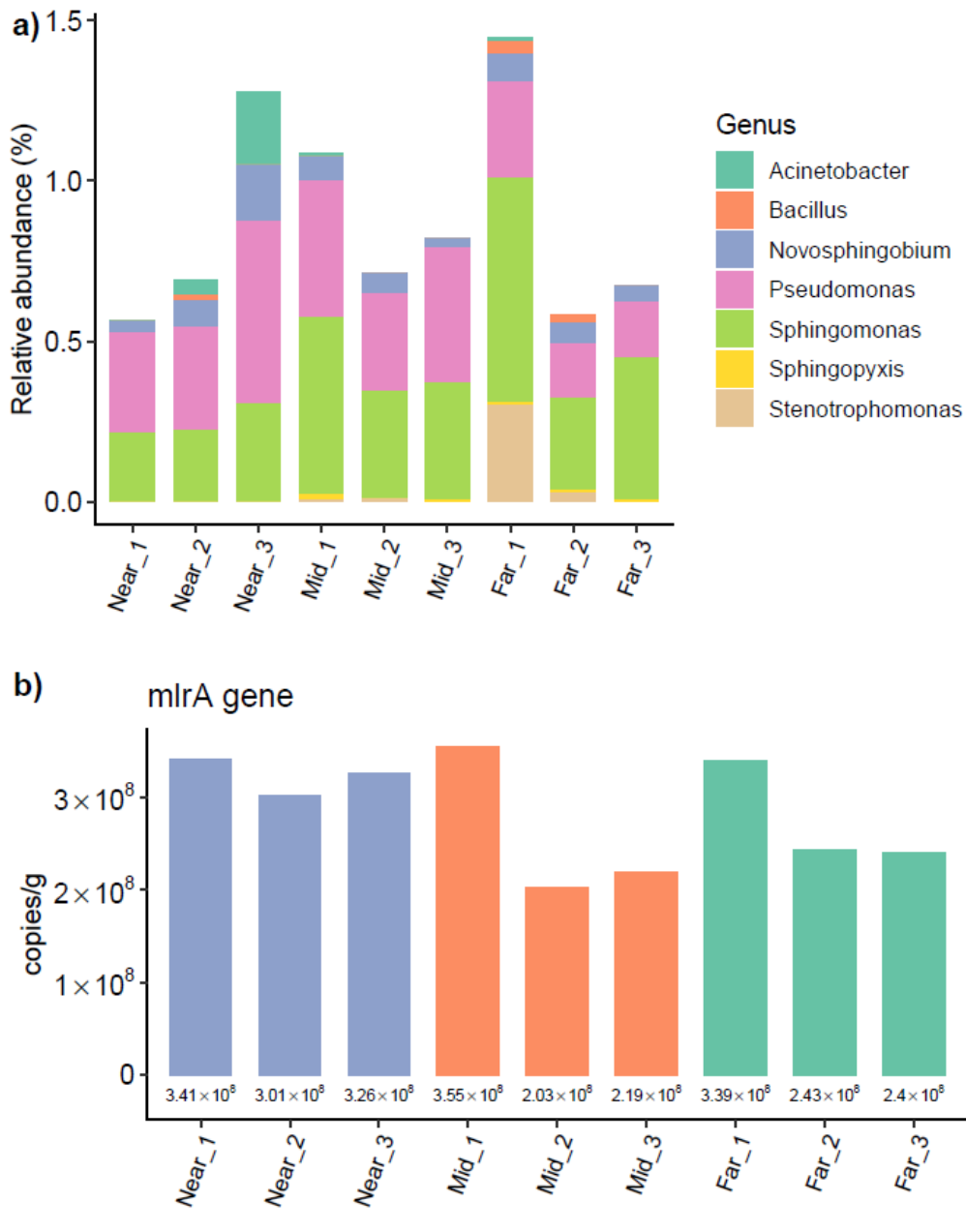


图4 近(3 m)、中(7 m)和远(10 m)距离的现场土壤中主要 MC 降解类群及 mlrA 基因的丰度(每个距离 $n=3$ 个土芯)。(a) 三个采样位置的优势 MC 降解类群相对丰度(每个位置均为三重复); (b) 相同位置的 mlrA 基因丰度, 以每克土壤拷贝数表示(均为三重复)

分类学证据不足以确认 MC 降解功能, 因此以 qPCR 定量 *mlrA*。各样点 *mlrA* 拷贝数为 $2.03 \times 10^8 - 3.55 \times 10^8 \text{ copies} \cdot \text{g}^{-1}$, 平均 2.85×10^8 (图 4b)。总体在不同距离差异不显著, 空间分布与降解菌属相对丰度整体一致。近河样品中出现“*mlrA* 多、降解菌属相对丰度低”的现象, 可能因为: 并非所有降解菌都携带 *mlrA* (如 *Acinetobacter*、*Pseudomonas* 可经其他途径降解 MC 而无 *mlrA*); 亦可能存在未被常规“降解菌清单”覆盖但携带 *mlrA* 的非模式类群。总体而言, 分类学与功能基因共同提示: 河岸带沿线的潜在降解能力相近, 但群落组成存在空间差异。需要强调, 本研究揭示的是“潜在能力”, 并不直接证明在位活性; 未来可通过 RT-qPCR、转录组等确认活跃降解过程。

4 结论与启示

本研究从机制上证明河岸缓冲带是河源 MC 的有效生物地球化学过滤器。在土柱与微生物证据的共同支持下, MC 相对 Cl^- 仅表现出轻微滞后(吸附弱; $K_d \leq 0.031 \text{ mL} \cdot \text{g}^{-1}$), 而一阶降解速率常数 $1.02 - 1.15 \text{ d}^{-1}$ 与短半衰期表明微生物降解是主导且不可逆的去除途径。河岸土壤中广布的 *Sphingomonas*、*Pseudomonas*、*Novosphingobium* 等进一步支撑了 MC 降解的微生物学基础。

对水资源管理, 本研究启示了保护/增强富含有机质、微生物活跃的河岸带, 是控制蓝藻毒素的成本有效的自然方案; 在有闸河流中, 适度调节水位过程、促进侧向入渗, 可增加 MC-水-土界面接触、提升去除。需要注意, MC 本身对河岸生态可能有毒害效应(抑制微生物活性、干扰植被等); 未来应全面评估生态风险与可持续性。此外, 河岸系统差异(氧化还原、矿物组成、有机质、潮汐制式等)对可推广性构成挑战, 亟需多点对比与可控中尺度试验。

参考文献

- [1] Hautala H, Lamminmäki U, Spoof L, et al. Quantitative PCR detection and improved sample preparation of microcystin-producing *Anabaena*, *Microcystis* and *Planktothrix*. *Ecotoxicology and Environmental Safety*. 2013;87:49–56.
- [2] Welker M, Von Döhren H. Cyanobacterial peptides — Nature's own combinatorial biosynthesis. *FEMS Microbiol Rev*. 2006;30:530–63.
- [3] Cao L, Huang F, Massey IY, et al. Effects of Microcystin-LR on the Microstructure and Inflammation-Related Factors of Jejunum in Mice. *Toxins*. 2019;11:482.
- [4] Schmidt J, Wilhelm S, Boyer G. The Fate of Microcystins in the Environment and Challenges for Monitoring. *Toxins*. 2014;6:3354–87.
- [5] Chen J, Xie P, Li L, et al. First Identification of the Hepatotoxic Microcystins in the Serum of a Chronically Exposed Human Population Together with Indication of Hepatocellular Damage. *Toxicological Sciences*. 2009;108:81–9.
- [6] Greer B, Meneely JP, Elliott CT. Uptake and accumulation of Microcystin-LR based on exposure through drinking water: An animal model assessing the human health risk. *Sci Rep*. 2018;8:4913.
- [7] Funari E, Testai E. Human Health Risk Assessment Related to Cyanotoxins Exposure. *Critical Reviews in Toxicology*. 2008;38:97–125.
- [8] Philips EJ, Badylak S, Milbrandt EC, et al. Fate of a toxic *Microcystis aeruginosa* bloom introduced into a subtropical estuary from a flow-managed canal and management implications. *Journal of Environmental Management*. 2025;375:124362.
- [9] Yousaf M, Wang J, Rehman A, et al. Microcystins in transitional and marine ecosystems: Source categories, distribution patterns, and ecological impacts. *Marine Pollution Bulletin*. 2025;220:118432.
- [10] Zhang J, Lu Q, Ding Q, et al. A Novel and Native Microcystin-Degrading Bacterium of *Sphingopyxis* sp. Isolated from Lake Taihu. *IJERPH*. 2017;14:1187.
- [11] Svirčev Z, Lalić D, Bojadžija Savić G, et al. Global geographical and historical overview of cyanotoxin distribution and cyanobacterial poisonings. *Arch Toxicol*. 2019;93:2429–81.
- [12] Corbel S, Mougin C, Bouaïcha N. Cyanobacterial toxins: Modes of actions, fate in aquatic and soil ecosystems, phytotoxicity and bioaccumulation in agricultural crops. *Chemosphere*. 2014;96:1–15.
- [13] Zhang S, Sha Y, Tang Y, et al. Laboratory-Simulated

- Inhibitory Effects of the Floating-Bed Plants on *Microcystis aeruginosa* and Their Microbial Communities' Responses to Microcystins. *Microorganisms*. 2024;12:2035.
- [14] Thyssen LA, Martinez I Quer A, Arias CA, et al. Constructed wetland mesocosms improve the biodegradation of microcystin-LR and cylindrospermopsin by indigenous bacterial consortia. *Harmful Algae*. 2024;131:102549.
- [15] Wu X, Wang C, Tian C, et al. Evaluation of the potential of anoxic biodegradation of intracellular and dissolved microcystins in lake sediments. *Journal of Hazardous Materials*. 2015;286:395–401.
- [16] Cui G, Su X, Zheng S, et al. Hydrological and biogeochemical processes controlling riparian groundwater quantity and quality during riverbank filtration. *Environmental Pollution*. 2024;350:124020.
- [17] González E, Felipe-Lucia MR, Bourgeois B, et al. Integrative conservation of riparian zones. *Biological Conservation*. 2017;211:20–9.
- [18] Wang J, Chen J, Jin Z, et al. Simultaneous removal of phosphate and ammonium nitrogen from agricultural runoff by amending soil in lakeside zone of Karst area, Southern China. *Agriculture, Ecosystems & Environment*. 2020;289:106745.
- [19] Zhao H, Zheng J, Zhu Y, et al. Risk Assessment of Nonpoint Source Pollution in the Huaihe River Basin. *Water*. 2022;14:3505.
- [20] Satkowski LE, Goyne KW, Anderson SH, et al. Imidacloprid Sorption and Transport in Cropland, Grass Buffer, and Riparian Buffer Soils. *Vadose Zone Journal*. 2018;17:1–12.
- [21] Aguiar TR, Bortolozo FR, Hansel FA, et al. Riparian buffer zones as pesticide filters of no-till crops. *Environ Sci Pollut Res*. 2015;22:10618–26.
- [22] Lin C, Lerch RN, Goyne KW, et al. Reducing Herbicides and Veterinary Antibiotics Losses from Agroecosystems Using Vegetative Buffers. *J environ qual*. 2011;40:791–9.
- [23] Li P, McGarr JT, Moeini F, et al. Sensitivity Analysis and Uncertainty Quantification of PFAS Fate and Transport in Heterogeneous Riparian Sediments. *ACS Earth Space Chem*. 2024;8:1560–73.
- [24] Tsuji Kiyomi, Naito Shoji, Kondo Fumio, et al. Stability of microcystins from cyanobacteria: effect of light on decomposition and isomerization. *Environ Sci Technol*. 1994;28:173–7.
- [25] Wang L, Yi Z, Zhang P, et al. Comprehensive strategies for microcystin degradation: A review of the physical, chemical, and biological methods and genetic engineering. *Journal of Environmental Management*. 2024;365:121707.
- [26] Tang S, Zhang L, Zhu H, et al. Coupling physiochemical adsorption with biodegradation for enhanced removal of microcystin-LR in water. *Science of The Total Environment*. 2024;937:173370.
- [27] Giaramida L, Manage PM, Edwards C, et al. Bacterial communities' response to microcystins exposure and nutrient availability: Linking degradation capacity to community structure. *International Biodeterioration & Biodegradation*. 2013;84:111–7.
- [28] Dziga D, Wasylewski M, Wladyka B, et al. Microbial Degradation of Microcystins. *Chem Res Toxicol*. 2013;26:841–52.
- [29] Giaramida L, Manage PM, Edwards C, et al. Bacterial communities' response to microcystins exposure and nutrient availability: Linking degradation capacity to community structure. *International Biodeterioration & Biodegradation*. 2013;84:111–7.
- [30] Chaffin JD, Westrick JA, Furr E, et al. Quantification of microcystin production and biodegradation rates in the western basin of Lake Erie. *Limnology & Oceanography*. 2022;67:1470–83.
- [31] Ding Q, Liu K, Xu K, et al. Further Understanding of Degradation Pathways of Microcystin-LR by an Indigenous *Sphingopyxis* sp. in Environmentally Relevant Pollution Concentrations. *Toxins*. 2018;10:536.
- [32] Chen X, Yang X, Yang L, et al. An effective pathway for the removal of microcystin LR via anoxic biodegradation in lake sediments. *Water Research*. 2010;44:1884–92.
- [33] Shao K, Zhang L, Wang Y, et al. The responses of the taxa composition of particle-attached bacterial community to the decomposition of *Microcystis* blooms. *Science of The Total*

- Environment*. 2014;488–489:236–42.
- [34] Bourne DG, Jones GJ, Blakeley RL, et al. Enzymatic pathway for the bacterial degradation of the cyanobacterial cyclic peptide toxin microcystin LR. *Appl Environ Microbiol*. 1996;62:4086–94.
- [35] Dexter J, McCormick AJ, Fu P, et al. Microcystinase – a review of the natural occurrence, heterologous expression, and biotechnological application of MlrA. *Water Research*. 2021;189:116646.
- [36] Zhou Y, Wang Q, Xiao G, et al. Effects of the catastrophic 2020 Yangtze River seasonal floods on microcystins and environmental conditions in Three Gorges Reservoir Area, China. *Front Microbiol*. 2024;15:1380668.
- [37] Xie L, Hagar J, Rediske RR, et al. The influence of environmental conditions and hydrologic connectivity on cyanobacteria assemblages in two drowned river mouth lakes. *Journal of Great Lakes Research*. 2011;37:470–9.
- [38] Munusamy T, Hu Y-L, Lee J-F. Adsorption and photodegradation of microcystin-LR onto sediments collected from reservoirs and rivers in Taiwan: a laboratory study to investigate the fate, transfer, and degradation of microcystin-LR. *Environ Sci Pollut Res*. 2012;19:2390–9.
- 版权声明:** ©2025 作者与开放获取期刊研究中心(OAJRC)所有。本文章按照知识共享署名许可条款发表。
<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

**OPEN ACCESS**