

丛毛单胞菌在环境污染物降解方面的研究进展

赵燕 薛林贵* 李琳 张红光

(兰州交通大学 化学与生物工程学院 甘肃 兰州 730070)

摘要: 环境污染物的微生物降解是环保领域研究的一个热点。研究发现, 丛毛单胞菌对多种污染物有很好的降解效果。综述目前已分离的一些丛毛单胞菌对不同污染物的降解特性、代谢途径, 并分析了影响其降解效果的各种因素, 介绍应用现状并对前景进行展望。

关键词: 环境污染物, 微生物降解, 丛毛单胞菌

Advance in environmental pollutants degradation of *Comamonas*

ZHAO Yan XUE Lin-Gui* LI Lin ZHANG Hong-Guang

(College of Chemical and Biological Engineering, Lanzhou Jiaotong University,
Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: Microbial degradation of environmental pollutants is a hot research field in environmental protection. *Comamonas* are able to degradate most environmental pollutants excellently. This paper reviews the degradation characteristics and metabolic pathway of some isolated *Comamonas* for different pollutants, and analyzes the influence of various conditions to the *Comamonas*. At last, the present situation and potential applications of *Comamonas* for degradation of environmental pollutants are introduced.

Keywords: Environmental pollutants, Microbial degradation, *Comamonas*

基金项目: 甘肃省科技支撑计划项目(No. 2009GS03453, 090NKCA079); 铁道部科技研究开发计划课题(No. 2010Z001-E); 教育部长江学者和创新团队发展计划项目(No. IRT0966)

*通讯作者: Tel: 86-931-4938619; 信箱: xuelg@mail.lzjtu.cn

收稿日期: 2012-02-06; 接受日期: 2012-04-05

随着工农业生产的不断发展,各种各样的污染物(如苯酚、喹啉类等)被排放到环境中,对人类和动物的生存造成了一定的危害,影响了生态环境和生态平衡。因此,环境污染物的降解一直是环保领域研究的热点。近年来,多种微生物被发现对环境污染物具有降解作用^[1-5],微生物降解以其高效、二次污染少、处理成本低等优点而成为国内外学者研究的重点,研究人员对其降解特性和降解途径作了大量研究。其中,丛毛单胞菌属菌株被发现对多种环境污染物有较好的降解作用,具有一定的实际应用价值。鉴于此,本文综述了已分离的一些丛毛单胞菌对污染物的降解特性、代谢途径,分析了如 pH、温度等环境因素对丛毛单胞菌分解环境污染物的影响,对其今

后的研究及应用前景进行了展望。

1 从毛单胞菌属微生物及其对污染物降解特性

丛毛单胞菌属于 1985 年由 De Vos 等^[6]建立,目前归于该属的种包括土生丛毛单胞菌、睾丸酮丛毛单胞菌、食酸丛毛单胞菌、水生丛毛单胞菌等^[7]。这一类细菌对于酚类、喹啉类等污染物的降解很早就被研究人员发现,其中睾丸酮丛毛单胞菌的报道较为多见^[13-20]。由于遗传背景的差异性,不同的丛毛单胞菌可降解的污染物及降解特性都有所不同。在此,将目前分离出的一些丛毛单胞菌的污染物降解特性作简单对比,见表 1。

表 1 一些丛毛单胞菌的污染物降解特性 Table 1 The Pollutants degradation characteristics of some <i>Comamonas</i>			
菌株类型 Strain type	来源 Original place	降解底物 Degradation substrate	降解产物 Degradation product
<i>Comamonas</i> sp. UVS ^[8]	纺织厂土壤	纺织染料 DR5B	7-苯甲酰氨基-3-二氮烯基-4-羟基萘-2-磺酸
<i>Comamonas</i> sp. CNB1 ^[9]	活性污泥	对氯硝基苯	/
<i>Comamonas</i> sp. VS-MH2 ^[10]	染料污染土壤	偶氮染料	/
<i>Comamonas</i> sp. E6 ^[11]	土壤	对苯二酸酯	原儿茶酸
<i>Comamonas</i> sp. ^[12]	土壤	PHB	/
<i>Comamonas testosterone</i> YW-1 ^[13]	活性污泥	氯嘧磺隆	/
<i>Comamonas testosterone</i> A3 ^[14]	硝基苯类化合物 废水处理系统	3,5-二硝基苯甲酸	/
<i>Comamonas testosteroni</i> KF-1 ^[15]	/	3,4-磺苯基丁酸盐	CO ₂ 、H ₂ O、SO ₄ ²⁻
<i>Comamonas testosteroni</i> KH122-3s ^[16]	/	3-羟基苯甲酸酯或 4-羟基苯甲酸酯	3,4-二羟基苯甲酸酯
<i>Comamonas testosteroni</i> Pb50 ^[17]	反应器	苯酚	/
<i>Comamonas testosteroni</i> Q10 ^[18]	活性污泥	3-甲基喹啉	3-甲基-2,5,6-三羟基吡啶
<i>Comamonas testosteroni</i> TA441 ^[19]	/	苯酚	/
<i>Comamonas testosterone</i> A ₁ ^[20]	土壤	甲基叔丁基醚	/
<i>Comamonas acidovorans</i> AN3 ^[21]	活性污泥	苯胺	/
<i>Comamonas aquatica</i> LNL ₃ ^[22]	湖水	氨氮	亚硝酸盐氮或氮气
<i>Comamonas denitrificans</i> sp. ^[23]	活性污泥	亚硝酸	/

注: /: 文章未说明。
Note: /: No explanations in the reference.

2 丛毛单胞菌降解污染物的代谢途径

污染物的微生物降解可以在不同的条件下发生,不同的微生物代谢途径也各不相同,从而使污染物的微生物降解特性和代谢途径呈现多样性。微生物降解污染物的过程中,可能会出现多种中间代谢产物;在生物细胞中,所有生化反应都是由酶催化完成的,因此,研究者一般都是通过测定降解过程中产物的类型,分析细胞中所含的酶来推测微生物降解污染物的代谢途径。

Schleheck 等^[15]发现 *Comamonas testosteroni* KF-1 在降解 3,4-磺苯基丁酸盐的过程中,有两种中间代谢产物,一种是 4-磺基乙酰苯,另一种是 4-邻磺基苯酚,而在 *Comamonas testosteroni* KF-1 培养液的粗提物中检测到 4-磺基苯乙酰加氧酶、4-磺基邻苯二酚双加氧酶等酶类,在酶试验中发现这些酶的活性与辅酶有着密切的关系,从而推测 3,4-磺苯基丁酸盐的降解是在辅酶及各种氧化

酶的作用下完成的。

刘志培等^[24]通过测定 *Comamonas acidovorans* AN3 在苯胺为唯一碳、氮源生长的情况下,其完整细胞具有的酶活性,发现含有苯胺双加氧酶、邻苯二酚 2,3-双加氧酶、2-羟基己二烯半醛酸脱氢酶、4-草酰巴豆酸脱羧酶和 4-羟基-2-酮戊酸醛缩酶等,并研究了相关酶的反应动力学,推测出 *Comamonas acidovorans* AN3 降解苯胺的代谢途径,如图 1 所示。

崔明超等^[18]发现 *Comamonas testosteroni* Q10 降解 3-甲基喹啉(3-MQL)的代谢产物主要包括 1 个 3-MQL 单羟基化合物、1 个保留时间不同但质谱图大致相同的 3-MQL 双羟基化合物、1 个 3-MQL 三羟基化合物以及 2 个含氮的开环产物[3-甲基-5-羟基-6-(3-羧基-3-丙氧基)-氢-2-吡啶酮和 3-甲基-2,5,6-三羟基吡啶]。根据上述鉴定的代谢产物,提出了 3-MQL 降解的一种可能途径如图 2 所示。

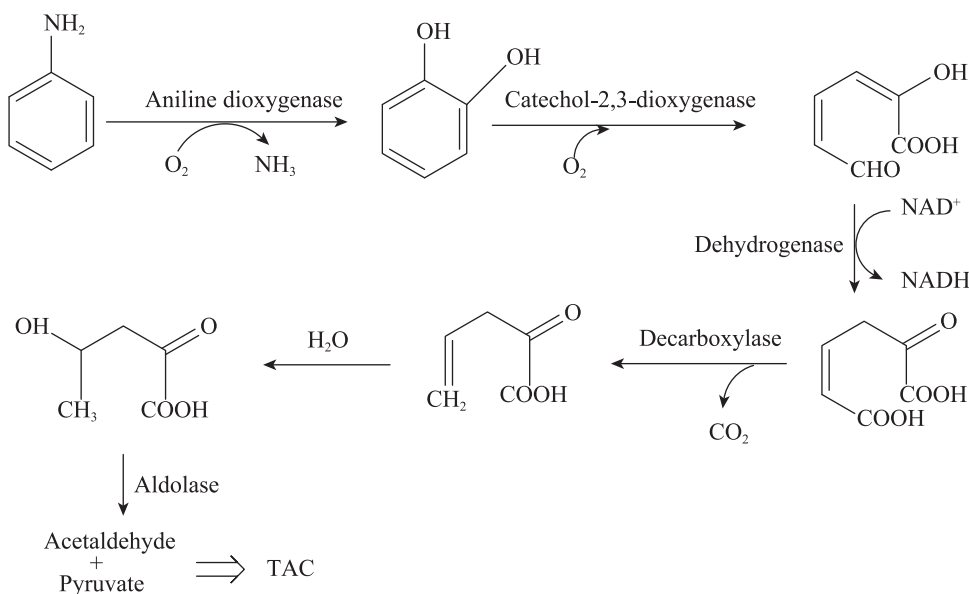


图 1 *Comamonas acidovorans* AN3 降解苯胺的代谢途径

Fig. 1 Metabolic pathways of aniline degradation by *Comamonas acidovorans* AN3

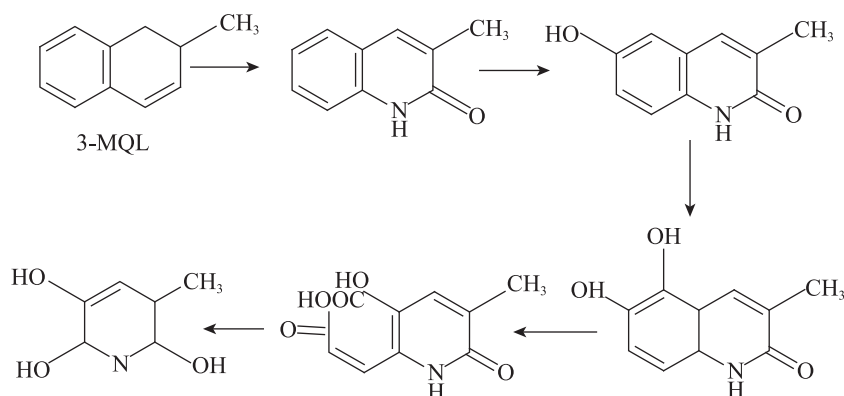


图2 *Comamonas testosteroni* Q10 降解 3-MQL 的一种可能途径

Fig. 2 One possible metabolic pathways of 3-MQL degradation by *Comamonas testosteroni* Q10

有些丛毛单胞菌能降解不同的底物, 研究发现 *Comamonas testosteroni* TA441 对苯酚及多种类固醇物质具有降解作用, 该菌细胞内具有调控多种酶的基因, 随着底物的变化, 不同的酶发挥了各自的作用, 代谢途径也发生了变化^[19,25-27]。

微生物的代谢是复杂的, 且易受环境因素的影响。因此, 对于丛毛单胞菌降解污染物的代谢途径, 还需要研究者做大量的工作去探索。

3 丛毛单胞菌降解污染物的影响因素

不同丛毛单胞菌对于不同环境因素的反应并不一致, 总的来说, 影响丛毛单胞菌生长、降解污染物的主要因素有: 温度、pH、底物浓度、外加碳氮源、溶氧浓度及重金属离子。

3.1 温度

温度是影响微生物生存的重要环境条件之一。温度过低或过高时, 微生物的生长及酶的活性都会受到抑制, 从而使污染物的降解速率下降。丛毛单胞菌降解污染物的适宜温度普遍在 25 °C–35 °C 之间。*Comamonas* sp. 在 29 °C–35 °C 间培养时, PHB 的降解效果最好且基本一样, 当温度低于 15 °C 或高于 40 °C 时, PHB 的降解率明显降低^[12]。固定化 *Comamonas aquatica* LNL₃ 降解氨氮的最适温度为 30 °C, 升温至 35 °C 时, 氨

氧化速率下降^[28]。甲基叔丁基醚降解菌株 *Comamonas testosteroni* A₁ 在 25 °C 时降解率最高, 35 °C、15 °C 及 5 °C 时降解率明显下降^[20]。*Comamonas* sp. CNB1 菌株的细胞生长和对氯硝基苯降解受温度变化的影响显著, 在 28 °C 左右达到最高生长水平和最高底物降解率, 高于或低于此温度时细胞生长和对氯硝基苯的降解都受到明显影响^[9]。

3.2 pH

丛毛单胞菌能耐受的 pH 范围较为广泛, 对于不同的降解物, 其最适的 pH 也不同, 而最适生长 pH 和最适污染物降解 pH 也不完全相同。如 pH 值在 6.0–10.0 之间 *Comamonas testosteroni* ZD 4-1 均能生长降解苯酚, pH 在 10.0 时生长最好, 而 pH 在 7.0、8.0、9.0、10.0 时的苯酚降解效果基本一样^[29]。*Comamonas* sp. UVS 在 pH 为 12.0 时仍能生长并降解染料 DR5B, pH 在 6.5 时降解效果最好。*Comamonas acidovorans* AN3 降解苯胺的最适 pH 为 7.0, 与最适生长 pH 一致, pH 低于 7.0 或高于 7.0 时, 苯胺降解率明显下降^[21]。丛毛单胞菌降解污染物的适宜 pH 普遍在 5.0–9.0 之间^[9]。

3.3 底物浓度

底物浓度过低或过高都可能抑制丛毛单胞菌的生长并干扰其代谢, 从而使降解效率受到影

响, 适宜的底物浓度是丛毛单胞菌发挥其活性的关键之一。

Comamonas sp. VS-MH2 对 20–100 mg/L 的由活性红 120、活性黑 5、活性黄 145、活性紫 5 组成的工业合成染料降解率可达到 90% 以上, 当合成染料浓度高于 100 mg/L, 降解率明显下降, 120 mg/L 时的降解率只有 65%。可见, *Comamonas* sp. VS-MH2 对底物浓度有严格要求^[10]。PHB 降解菌株 *Comamonas* sp. 在 PHB 浓度为 200 mg/L 左右时, PHB 解聚酶活性最高, PHB 降解率也最高; PHB 低于 100 mg/L 时, 相比高于 230 mg/L 的浓度, PHB 解聚酶活性及 PHB 的降解率下降更快, 说明其更易受低浓度 PHB 的影响^[12]。

在实际应用中, 当底物浓度较低或较高时可先进行预处理后再进行生物处理, 或者选择能耐受更低或更高底物浓度的微生物进行污染物治理。

3.4 外加碳源、氮源

不同外加碳源及氮源对降解效果的影响也不同。*Comamonas* sp. VS-MH2 在以酵母膏为氮源时, 合成染料的降解率达到 93.5%; 而以硝酸铵为氮源时, 只有 39%^[10]。张杏青等^[20]发现在 *Comamonas testosterone* A₁ 降解甲基叔丁基醚 (MTBE) 过程中, 添加一定浓度的乙醇对 MTBE 降解具有一定的促进作用, 而添加甲苯的培养液中 MTBE 降解效率稍有下降, 可能因为乙醇的添加给生物提供了足够的碳源, 使生物量得到积累, 从而促进了 MTBE 的去除; 甲苯对微生物具有一定的毒害作用, 抑制了酶的活性, 使微生物产量下降, 从而制约了溶液中 MTBE 的有效降解。

外加碳源、氮源既可以促进污染物的降解, 也可以抑制污染物的降解, 合适的外加碳源、氮源对污染物的微生物降解有着一定的促进作用。

3.5 溶氧浓度(DO)

不同的丛毛单胞菌对溶氧的需求不同, 而其生长和降解污染物所需的溶氧浓度也不完全一

致。*Comamonas* sp. UVS 在振荡培养条件下的生长速率高于在静置条件下培养的生长速率, 但在静置条件下活性蓝 HERD 的降解达 98% 以上, 而振荡培养下活性蓝 HERD 却没有降解, 该结果说明 *Comamonas* sp. UVS 生长所需的溶氧浓度要高于其降解染料所需的溶氧浓度^[8]。

李正魁等^[28]发现, 溶解氧浓度对固定化氨氧化细菌 *Comamonas aquatica* LNL3 的氨氮去除率和亚硝化率有重要影响。DO < 4.03 mg/L 时, 氨氮去除率和亚硝化率较低, DO = 4.03 mg/L 时, 氨氮去除率和亚硝化率达到最大值, 分别为 91.17% 和 94.66%, 继续增大曝气量提高溶解氧浓度, 氨氮去除率和亚硝化率增加甚微, 4.03 mg/L 为其最适溶氧浓度。

Comamonas testosteroni Q10 在静置培养的条件下, 喹啉的降解速度很慢, 12 h 对 100 mg/L 喹啉的降解率为 77%, 对培养液进行振荡时降解速率显著增加, 在 7 h 内即可完全去除; 振荡速度在 60、90、120、150 r/min 的条件下, 喹啉降解速率没有显著变化, 表明较小振荡速度所提供的氧, 已足以被菌 Q10 利用来对喹啉进行降解^[30]。

3.6 重金属离子

刘志培等^[21]研究了 Hg²⁺ 等 9 种重金属离子对 *Comamonas acidovorans* AN3 的影响, 发现所试浓度的重金属离子对 AN3 菌株的细胞生长和苯胺的降解均具有抑制作用, 其中 Hg²⁺ 和 Ag⁺ 最明显, 它们完全抑制了菌的生长, Co²⁺、Ni²⁺ 和 Cu²⁺ 抑制作用也很显著; 其他重金属离子的抑制作用相差无几。

Umesh 等^[31]发现 Mg²⁺、Ca²⁺、Cd²⁺、Zn²⁺ 和 Cu²⁺ 对 *Comamonas* sp. UVS 的生长没有影响, 1 g/L 的 Mg²⁺ 缩短了纺织染料活性蓝 HERD 的降解时间, 5 g/L 的 Mg²⁺ 延长了染料的降解时间; 所试浓度的 Ca²⁺ 对染料的降解没有影响; 0.02 g/L 的 Cd²⁺ 和 0.02 g/L 的 Zn²⁺ 延长了染料降解的时间,

0.03 g/L 的 Cd^{2+} 和 0.03 g/L 的 Zn^{2+} 抑制了染料的降解, 而 0.02 g/L 的 Cu^{2+} 就可以抑制染料的降解。

由此可见, 重金属离子对丛毛单胞菌的生长及污染物的降解影响不同, 这与重金属离子的类型、浓度有一定的关系。一般而言, 丛毛单胞菌更易受高浓度重金属离子的影响。

综上所述, 丛毛单胞菌对污染物的降解明显受到不同环境因素的影响。在研究和实际应用过程中, 应该严格考察不同因素的影响, 尽可能优化条件, 使丛毛单胞菌能够发挥最好的降解效果。

4 丛毛单胞菌在环境治理中的应用

4.1 废水处理

Song 等^[32]构建了实验室规模的颗粒活性炭固定床反应器, 用其处理含 200 mg/L 2-羟基萘磺酸的皮革厂废水, 发现接种菌株 *Comamonas testosteroni* 或 *Arthrobacter globiformis* 的反应器在 130 d 时完全降解了 200 mg/L 的 2-羟基萘磺酸。Pathak 等^[10]利用菌株 *Comamonas* sp. VS-MH2 处理含活性红 120、活性黑 5、活性黄 145、活性紫 5 的印染厂的合成染料废水, 30 h 内可完全降解 100 mg/L 的合成染料。李正魁等^[33]利用共聚物 Poly (HEA)-Poly (HEMA) 固定氨氧化菌株 *Comamonas aquatic* LNL₃ 结合实验室构建的流化床反应器处理 70–100 mg/L 的氨氮合成废水, 在适宜的温度、pH 等条件下, 氨氮去除率可达到 79%–95%, 亚硝化率可达到 90% 以上。

4.2 污染土壤的修复

各种污染物的排放以及化学肥料、农药的使用使土壤受到了严重的污染。生物修复是治理受污染土壤的一个有效方法, 通常通过向受污染土壤中引入相应的微生物来降解污染物。

Zuzana 等^[34]研究了 *Comamonas testosteroni* CCM 7350 对含五氯苯酚的黑钙土、冲积土、岩层土的修复作用, 发现 *Comamonas testosteroni*

CCM 7350 对不同土壤中的五氯苯酚均有降解作用。

刘磊等^[35]利用从污水处理厂分离的一株降解氯代硝基苯的丛毛单胞菌菌株 *Comamonas* sp. CNB-1 进行了室内培养瓶及室外盆栽条件下受污染土壤的生物修复实验, 结果表明, 菌株 CNB-1 有效地在土壤中定植和存活, 其细胞数量与污染物浓度具有显著的相关性, 并能够在 2 d 时间内完全清除培养瓶土壤中 2 mg/kg 的氯代硝基苯; 对室外盆栽土壤中的微生物群落检测结果表明, 存在污染物氯代硝基苯时可以明显检测到加入的菌株 CNB-1 的特征性条带, 加入菌株 CNB-1 对土壤中原来微生物群落的影响不大。

Wang 等^[36]利用菌株 *Comamonas* sp. strain KD7 与三叶草对二恶英污染的土壤进行生物修复实验, 发现相比未种植三叶草的土壤, 种植三叶草的土壤 *Comamonas* sp. strain KD7 二恶英降解率更高; 三叶草提高了 *Comamonas* sp. strain KD7 在二恶英污染土壤中的适应、生存及降解二恶英的能力, 该结果提高了 *Comamonas* sp. strain KD7 实际应用的可能性。

虽然丛毛单胞菌在环境污染物降解方面具有一定应用价值, 并且已有相关报道, 但在同时受多种污染物污染的环境中的应用考察相对较少; 另一方面, 丛毛单胞菌与其他环境污染物降解菌株能否共存并降解相应的污染物也有待于进一步研究探讨。

5 结语

目前, 对于丛毛单胞菌的应用研究主要基于实验室阶段, 对其今后的研究有以下几点建议: (1) 深入研究其降解污染物的特性及代谢途径, 为其实际应用提供理论指导; (2) 高效丛毛单胞菌的分离筛选方法的建立, 特别是耐受高浓度或低浓度污染物菌株的筛选; (3) 高效菌株的构建,

可采取固定化、基因工程改造等手段来构建选择性高、耐受性强、降解率高的菌株。

丛毛单胞菌属菌株分布广泛, 不仅对有机污染物具有降解作用, 对无机污染物也有降解作用。目前已有多株具有降解特性的丛毛单胞菌属菌株得到分离, 其在环境治理中具有很大的应用前景。

参 考 文 献

- [1] Yoshimoto T, Nagai F, Fujimoto J, et al. Degradation of estrogens by *Rhodococcus zopfii* and *Rhodococcus equi* isolates from activated sludge in wastewater treatment plants[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(9): 5283–5289.
- [2] 戚文珍, 吴宏海, 古小敏, 等. 菲高效降解菌的降解特性及其受蒙脱石的影响研究[J]. 生态环境学报, 2010, 19(9): 2177–2181.
- [3] Marsheck WJ, Kraychy S, Muir RD. Microbial degradation of sterols[J]. Applied Microbiology, 1972, 23(1): 72–77.
- [4] Fujii K, Satomi M, Morita N, et al. *Novosphingobium tardaugens* sp. nov., an oestradiol-degrading bacterium isolated from activated sludge of a sewage treatment plant in Tokyo[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2003, 53(1): 47–52.
- [5] Zhang TD, Xiong GM, Maser E. Characterization of the steroid degrading bacterium S19-1 from the Baltic Sea at Kiel, Germany[J]. Chemico-Biological Interactions, 2011, 191(1/3): 83–88.
- [6] De Vos P, Kersters K, Falsen E, et al. *Comamonas* Davis and Park 1962 gen. nov., nom. rev. emend., and *Comamonas terrigena* Hugh 1962 sp. nov., nom. rev.[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1985, 35(4): 443–453.
- [7] Chou JH, Sheu SY, Lin KY, et al. *Comamonas odontotermitis* sp. nov., isolated from the gut of the termite *Odontotermes formosanus*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2007, 57(4): 887–891.
- [8] Jadhav UU, Dawkar VV, Ghodake GS, et al. Biodegradation of Direct Red 5B, a textile dye by newly isolated *Comamonas* sp. UVS[J]. Journal of Hazardous Materials, 2008, 158(2/3): 507–516.
- [9] 吴建峰, 沈锡辉, 周宇光, 等. 一株降解对氯硝基苯的 *Comamonas* sp. CNB1的分离鉴定及其降解特性[J]. 微生物学报, 2004, 44(1): 8–11.
- [10] Pathak H, Patel S, Rathod M, et al. *In vitro* studies on degradation of synthetic dye mixture by *Comamonas* sp. VS-MH2 and evaluation of its efficacy using simulated microcosm[J]. Bioresource Technology, 2011, 102(22): 10391–10400.
- [11] Sasoh M, Masai E, Ishibashi S, et al. Characterization of the terephthalate degradation genes of *Comamonas* sp. strain E6[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72(3): 1825–1832.
- [12] Jendrossek D, Knoke I, Habibian RB, et al. Degradation of poly(3-hydroxybutyrate), PHB, by bacteria and purification of a novel PHB depolymerase from *Comamonas* sp.[J]. Journal of Environmental Polymer Degradation, 1993, 1(1): 53–63.
- [13] 丁伟, 杨薇, 白赫, 等. 长残留除草剂氯嘧磺隆降解菌的筛选、鉴定和降解特性[J]. 作物杂质, 2007, (4): 88–90.
- [14] 李蒙英, 张迹, 陆鹏, 等. 3,5-二硝基苯甲酸降解菌 A3的分离及降解特性[J]. 中国环境科学, 2007, 27(1): 106–110.
- [15] Schleheck D, von Netzer F, Fleischmann T, et al. The missing link in linear alkylbenzenesulfonate surfactant degradation: 4-sulfoacetophenone as a transient intermediate in the degradation of 3-(4-Sulfophenyl) butyrate by *Comamonas testosteroni* KF-1[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(1): 196–202.
- [16] Hiromot T, Matsue H, Yoshida M, et al. Characterization of MobR, the 3-Hydroxybenzoate-responsive Transcriptional Regulator for the 3-Hydroxybenzoate Hydroxylase Gene of *Comamonas testosteroni* KH122-3s[J]. Journal of Molecular Biology, 2006, 364(5): 863–877.
- [17] Páca J, Páca J, Kostečková A, et al. Continuous aerobic phenol degradation by defined mixed

- immobilized culture in packed bed reactors[J]. *Folia Microbiologica*, 2005, 50(4): 301–308.
- [18] 崔明超, 吴颖娟, 陈繁忠. 3-甲基喹啉的微生物降解[J]. *江苏环境科技*, 2005, 18(2): 7–8.
- [19] Arai H, Ohishi T, Chang MY, et al. Arrangement and regulation of the genes for meta-pathway enzymes required for degradation of phenol in *Comamonas testosteroni* TA441[J]. *Microbiology*, 2000, 146(7): 1707–1715.
- [20] 张杏青, 朱妙军, 胡勤海, 等. 甲基叔丁基醚 (MTBE)降解菌株的分离鉴定及降解动力学研究[J]. *环境科学*, 2009, 30(6): 1785–1790.
- [21] 刘志培, 杨慧芳, 周培瑾. 苯胺降解菌的分离和特性研究[J]. *环境科学学报*, 1999, 19(2): 174–179.
- [22] 李正魁, 张晓姣, 赖鼎东, 等. 水生丛毛单胞菌属菌株及其在废水生物脱氮中的应用: CN, 101348772[P]. 2009-01-21.
- [23] Gumaelius L, Magnusson G, Pettersson B, et al. *Comamonas denitrificans* sp. nov., an efficient denitrifying bacterium isolated from activated sludge[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2001, 51(3): 999–1006.
- [24] 刘志培, 杨慧芳, 周培瑾. 食酸丛毛单胞菌 AN3 菌株降解苯胺代谢途径的研究[J]. *微生物学报*, 1999, 39(5): 448–453.
- [25] Horinouchi M, Kurita T, Hayashi T, et al. Steroid degradation genes in *Comamonas testosteroni* TA441: Isolation of genes encoding a $\Delta 4(5)$ -isomerase and 3α - and 3β -dehydrogenases and evidence for a 100 kb steroid degradation gene hot spot[J]. *Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology*, 2010, 122(4): 253–263.
- [26] Horinouchi M, Yamamoto T, Taguchi K, et al. Meta-cleavage enzyme gene *tesB* is necessary for testosterone degradation in *Comamonas testosteroni* TA441[J]. *Microbiology*, 2001, 147(12): 3367–3375.
- [27] Horinouchi M, Hayashi T, Yamamoto T, et al. A new bacterial steroid degradation gene cluster in *Comamonas testosteroni* TA441 which consists of aromatic-compound degradation genes for Seco-Steroids and 3-Ketosteroid dehydrogenated genes[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(8): 4421–4430.
- [28] 李正魁, 杨竹攸, 赖鼎东, 等. 影响固定化纯种氨氧化细菌 *Comamonas aquatica* LNL₃短程硝化过程因素动力学分析[J]. *核技术*, 2009, 32(4): 292–297.
- [29] Chen YX, Liu H, Chen HL. Characterization of phenol biodegradation by *Comamonas testosteroni* ZD4-1 and *Pseudomonas aeruginosa* ZD4-3[J]. *Biomedical and Environmental Sciences*, 2003, 16: 163–172.
- [30] 崔明超. 睾酮酮丛毛单胞菌降解喹啉的影响因素分析[J]. *广州大学学报: 自然科学版*, 2005, 4(5): 403–406.
- [31] Jadhav UU, Dawkar VV, Kagalkar AN, et al. Effect of metals on decolorization of Reactive blue HERD by *Comamonas* sp. UVS[J]. *Water, Air, and Soil Pollution*, 2011, 216(1/4): 621–631.
- [32] Song Z, Edwards SR, Burns RG. Treatment of naphthalene-2-sulfonic acid from tannery wastewater by a granular activated carbon fixed bed inoculated with bacterial isolates *Arthrobacter globiformis* and *Comamonas testosteroni*[J]. *Water Research*, 2006, 40(3): 495–506.
- [33] 李正魁, 石鲁娜, 杨竹攸, 等. 纯种氨氧化细菌 *Comamonas aquatica* LNL₃ 的固定化及短程硝化性能研究[J]. *环境科学*, 2009, 30(10): 2952–2957.
- [34] Zuzana S, Katarína D, Livia T. Biodegradation and ecotoxicity of soil contaminated by pentachlorophenol applying bioaugmentation and addition of sorbents[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnolog*, 2009, 25(2): 243–252.
- [35] 刘磊, 刘志培, 吴建峰, 等. 氯代硝基苯降解菌 *Comamonas* sp. strain CNB-1对污染土壤生物修复作用的研究[J]. *环境科学学报*, 2007, 27(4): 615–621.
- [36] Wang YX, Oyaizu H. Enhanced remediation of dioxins-spiked soil by a plant-microbe system using a dibenzofuran-degrading *Comamonas* sp. and *Trifolium repens* L[J]. *Chemosphere*, 2011, 85(7): 1109–1114.