

水体砷污染微生物修复的研究进展

郭 盾，张艮林，金 军
(云南大学工程技术研究院，云南 昆明 650091)

摘要：介绍了细菌、真菌以及菌藻共生体等相关微生物对水体砷污染的生物修复研究。对水体砷污染的微生物修复技术未来进一步的研究重点进行了简单的讨论。

关键词：砷污染；微生物修复；细菌；真菌；菌藻共生体

中图分类号：X172

文献标志码：A

Progress in Research of Microbial Remediation of Arsenic-polluted Water

Guo Dun, Zhang Genlin, Jin Jun

(Research Institute of Engineering and Technology, Yunnan University, Kunming 650091, China)

Abstract: In this paper, researches of microbial remediation of arsenic-polluted water by application of bacteria, fungi and algal-bacterial symbiosis are introduced. Further study focus on the techniques of microbial remediation of arsenic-polluted water in the future is discussed.

Keywords: Arsenic Pollution; Microbial Remediation; Bacteria; Fungi; Algal-bacterial Symbiosis

CLC number: X172

近年来，随着全球经济和工业的快速发展，世界上很多国家都出现了严重的水污染问题，特别是水体重金属污染。据有关报道，在澳大利亚、美国、加拿大、阿根廷、孟加拉国等国家都出现了严重的环境砷污染问题^[1]。另外，据调查报告显示，我国的新疆、内蒙古、甘肃、云南、湖南、河南和山东等地都是砷污染高危地区，砷含量超过10 μg/L的地区总面积估计在58万km²左右，近2000万人生活在砷污染高危地区^[2]。如果长期过量接触砷，会对人体健康造成严重损害，导致慢性或急性中毒以至于癌症^[3]。随着人们生态环保意识的增强和污染的进一步加重，对砷污染的治理已经成为全球普遍关注的热点问题。

在水体中，砷通常以无机的As(Ⅲ)和As

(Ⅴ)的两种价态存在，并且As(Ⅲ)和As(Ⅴ)之间以氧化还原的方式发生价态间的相互转变，二者之间保持着动态平衡^[4-5]；另外，水体中还存在着少量的有机砷，主要包括一甲基砷酸(盐)(MMAA或MMA)和二甲基砷酸(盐)(DMAA或DMA)等^[6]。水体中As(Ⅲ)的毒性是As(Ⅴ)的60多倍，并且附着能力强，移动性弱，而相比于无机砷，有机砷的生物毒性要低得多，因此三价砷的有效脱除是水体砷污染控制的重点^[7]。传统的水体砷污染处理方法如物理法和化学法等大多存在流程复杂、运行费用高、容易产生大量废渣和造成二次污染等弊端，而生物法作为一种新的砷污染修复技术具有高效、低投入、无二次污染等优势受到人们普遍的关注。微生物作为自然界最大的一类生物群体，可以通过

收稿日期：2015-08-15

基金项目：国家自然科学基金（51468065）；云南省国际河流与跨境生态安全重点实验室开放基金项目（2012KF010）；
云南省教育厅科学研究基金（2014J005）资助

作者简介：郭 盾（1989—），男，硕士研究生。研究方向：水污染治理。E-mail：yuhen_love@126.com

生物吸附和富集、氧化还原等作用来影响水体中重金属的毒性^[8-9], 所以可以利用微生物来修复或治理水体的重金属污染。微生物对于水体砷污染的修复治理是一个包括物理、化学和生物学的复杂过程。

文章主要从微生物对砷的生物累积和生物转化两个方面综述了用于水体砷污染生物修复的细菌、真菌以及菌藻共生体等微生物，并对水体砷污染的微生物修复技术未来进一步的研究重点进行了简单的讨论。

1 细菌对水体砷污染的修复

1.1 细菌对砷的生物累积

细菌作为已知微生物中种类较多的一类,

普遍个体较小, 环境适应能力强, 与重金属具有很强的亲合性, 能富集砷等重金属, 是重金属污染生物修复的一大类重要生物材料。细菌对砷的生物累积主要是通过细胞壁以及胞外聚合物(EPS)对砷的吸附, 同时还包括细胞本身的新陈代谢作用过程中砷在细胞体内的富集^[10]。利用细菌的生物累积, 水体的砷污染可以得到一定程度的修复。目前报道的可以对砷进行生物积累的细菌有: 芽孢杆菌、假单胞菌、变形菌、硫单胞菌、根瘤菌等。Zouboulis and Giri^[11-12]撰文介绍了细菌对环境中砷污染的生物修复情况。部分文献报道的细菌对砷的生物积累研究结果^[13-19]见表1。

表1 具有砷生物累积能力的细菌

砷形态	细菌	砷生物累积
As(III)	蜡状芽孢杆菌(<i>Bacillus cereus</i>)	pH 为 7.5, 在 6 g·L ⁻¹ 的生物吸附剂作用 90 min 后, 对 1 mg·L ⁻¹ 的 As(III) 的吸附率达到 85.24%
As(III) MMA(V)	氧化亚铁硫杆菌(<i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i> BY-3)	在 As(III) 和 MMA(V) 混合体系中, 对 MMA(V) 的生物吸附强于 As(III), 红外分析得出吸附与细菌的-OH、-NH 基团有关
As(III) As(V)	变形菌(<i>proteobacterium</i>), 厚壁菌(<i>Firmicutes</i>), 库克菌(<i>Kocuria genera</i>)	TEM 和 EDAX 分析证明砷的累积存在于细胞内部以及细胞壁上
As(V)	海单胞菌(<i>Marinomonas communis</i>)	在含砷 5 mg·L ⁻¹ 的培养基中的砷累积量为 2 290 μg·g ⁻¹
As(III) As(V)	硫酸盐还原菌(<i>sulphate-reducing bacteria</i>)	pH 为 6.9, 生物吸附剂用量 2 g·L ⁻¹ , 初始砷浓度为 1 mg·L ⁻¹ 条件下对 As(III) 和 As(V) 的去除率分别为 55%、77%
As(III)	根瘤菌(<i>Rhizobium</i>)	在含砷 200 mg·L ⁻¹ 的溶液中, 砷的细胞内累积和生物吸附分别为 60.6 和 62.4 mg·kg ⁻¹
As(III) As(V)	假单胞菌(<i>Pseudomonad</i>)	用 X 射线吸收光谱检测发现, 65%、30% 的砷分别以 As(III)、As(V) 的形式存在于细胞内, 5% 的砷则以 As-S 键的形式存在于细胞内

从表1中可以看出, 不同的细菌种类以及不同的砷的形态, 砷的生物累积量差别很大。可能的原因: 一是不同种类的细菌细胞壁及胞外分泌物对砷吸附能力的大小差异; 二是砷在不同种类细菌细胞内部代谢过程的不同; 三是不同学者在不同的条件下研究, 因而报道的生物积累量差异较大。

1.2 细菌对砷的生物转化

细菌对砷的生物转化主要是通过氧化/还原、甲基化/去甲基化等化学作用改变砷的形态

从而影响其生物有效性^[20], 以达到降低环境中的砷毒害、修复水体砷污染的目的。

第一株As(III)氧化菌发现于1918年, 由Green et al从畜牧废水中分离得到。此后, 人们相继从含砷的土壤、矿区、湖泊等地区分离出了具有砷氧化功能的细菌。宋卫锋等^[21]从一处自然保护区采集的土壤样品中分离出了具有砷氧化功能的产碱杆菌和土壤杆菌2种菌株。Fan et al^[22]从中国山阴县砷污染严重地区的沉积物中分离筛选得到了3株同属于变形菌属的砷氧化菌和砷还原菌。

Jones et al^[23]通过研究锰氧化物(δ -MnO₂)和砷氧化菌(*Agrobacterium tumefaciens*, *Pseudomonas fluorescens*)对As(III)氧化过程中的相互作用,结果发现在 δ -MnO₂和氧化菌的共同作用下,As(III)会很快的氧化为As(V),但砷氧化菌的存在会抑制 δ -MnO₂对砷的吸附。

目前研究发现能够氧化As(III)的菌株主要有两大类:化能无机自养型和化能有机异养型。现在研究比较多的化能自养型As(III)氧化菌主要有根瘤菌(*Rhizobium* sp.NT-26)和硫单胞菌(*Thiomonas* sp.3As)。异养型As(III)氧化菌主要有:粪产碱杆菌(*Alcaligenes faecalis*)、土壤杆菌(*Agrobacterium albertimagni*)、嗜热度栖热菌(*Thermus thermophiles* HB8)、恶臭假单胞菌(*Pseudomonas putida*)等^[24],这些菌之所以能够氧化As(III),是因为它们含有的As(III)氧化酶能催化氧化As(III)。

研究表明,在一定条件下,水体中的无机砷还可以被细菌等微生物通过甲基化作用转化为一些毒性比较低的有机胂,如一甲基胂酸(MMAA)、二甲基胂酸(DMAA)和三甲基胂氧化物(TMAO),并且在还原剂存在下这3种有机胂会形成甲基胂(MMA、DMA和TMA)^[25]。由于甲基胂沸

点较低,很容易挥发到大气中,且毒性比较低,有助于降低水体的砷含量^[26]。现在已经发现的能够将无机砷还原为具有挥发性As的细菌种类较多,如甲烷杆菌(*Methanobacterium*)、假单胞菌(*Pseudomonas* sp.)、黄杆菌(*Flavobacterium* sp.)、变形杆菌(*Proteus* sp.)、大肠杆菌(*Escherichia coli*)、无色杆菌(*Achromobacter* sp.)、气单孢菌(*Aeromonas* sp.)、脱硫弧菌(*Desulfovibrio*)等^[24]。

2 真菌对水体砷污染的修复

2.1 真菌对砷的生物累积

真菌是一类重要的环境生物资源,比较容易生长、产量高、较容易进行基因操作和改造。此外,真菌已较为成熟的应用于大规模工业化生产,并常常作为工业生产的废物,因而易大量廉价地获得这些生物修复材料,同时可以减轻这些行业处理废弃物的负担,做到废物的有效利用。这些特点使真菌生物制剂在水体砷等重金属生物修复领域获得较为广泛的研究。目前,专家学者研究比较多的砷污染修复的真菌主要有:曲霉菌、木霉菌、烟曲霉、白曲霉、酵母菌等。根据目前研究,许多真菌已被成功分离并发现具有生物累积能力,见表2^[27-36]。

表2 具有砷生物累积能力的真菌

砷形态	真菌	砷生物累积
As(III)	黑曲霉(<i>Aspergillus niger</i>)	在铁氧化物包覆条件下根据托马斯模型计算得到的对As(III)和As(V)的生物吸附量分别为1 070和700 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$
As(V)		菌体用FeCl ₃ 处理过后,30 min后对As(III)的吸附率为100%,90 min后对As(V)的吸附率为77%
As(III)	红茶菌(<i>tea fungal</i>)	
As(V)		
FeAsS	白腐菌(<i>Trametes versicolor</i>)	在无机盐培养基中25 °C培养8 d后,对FeAsS的累积达到284 nmol·mg ⁻¹
As(III)	烟曲霉(<i>Aspergillus fumigatus</i>)	原水样含As(III)和As(V)分别为1.3和0.9 mg/L,用FeCl ₃ 处理过后的菌体分别处理135和150 min后达到10 $\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ 以下;pH为5时,35 °C时最大生物吸附量为175 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$
As(V)		
As(III)	粗毛纤孔菌(<i>Inonotus hispidus</i>)	温度为20 °C,pH分别为6和2时,处理20 min后,大型真菌对As(III)、As(V)的生物吸附量分别达到51.9和59.6 mg·L ⁻¹
As(V)		
As(V)	甲基化的酵母菌(<i>methylated yeast</i>)	当酵母菌的甲基化程度到0.94时,对As(V)的生物吸附量达到0.55 mmol·g ⁻¹
As(III)	黄青霉(<i>P. chrysogenum</i>)	用表面活性剂或是阳离子电解液改性后对砷的生物累积量为33.3~56.1 mg·g ⁻¹
As(V)		
As(III)	白曲霉(<i>Aspergillus candidus</i>)	在As(III)和As(V)的浓度均为50 mg·L ⁻¹ 条件下,3 d后的去除能力分别大约为11 mg·g ⁻¹ 、24 mg·g ⁻¹
As(V)		
As(III)	产紫青霉(<i>Penicillium purpurogenum</i>)	非竞争条件下对As(III)的生物累积量为35.6 mg·g ⁻¹ ,竞争条件下为3.4 mg·g ⁻¹

由表2可以看到*Aspergillus niger*、*Inonotus hispidus*、*P. chrysogenum*、*Aspergillus candidus*等真菌对砷的生物累积有比较强的作用, 这有利于砷污染微生物修复的产业化应用。

2.2 真菌对砷的生物转化

目前已经报道的具有砷氧化性的真菌并不多, 但却发现了不少可以使砷甲基化的真菌微生物, 这些真菌可以使无机砷转变为有机砷并挥发到大气中, 从而降低砷污染水体的毒性。目前已发现具有挥发As功能的真菌有: 青霉(*Penicillium* sp.)、曲霉(*Aspergillus*)、镰刀霉(*Fusarium*)、短帚霉(*Sxopulariopsis*)、土生假丝酵母(*Candida humicola*)和木霉(*Trichoderma* spp)等^[37~43]。Su et al^[43]在研究木霉菌(*Trichoderma asperellum* SM-12F1), 青霉菌(*Penicillium janthinellum* SM-12F4)和镰刀霉菌(*Fusarium oxysporum* CZ-8F1) 3种砷抗性真菌对砷的生物累积及生物转化特性时, 发现青霉菌和木霉菌对As(V)具有较强的迁移累积作用, 而镰刀霉菌不仅能将As(V)迁移累积到细胞内部, 还可以通过还原和甲基化过程将As(V)转化为有机砷挥发到大气中, 15天的As挥发量可以达到403.06 μg。Urik et al^[44]通过研究不同真菌如棒曲霉(*Aspergillus clavatu*), 黑曲霉(*A. niger*), 绿木霉(*Trichoderma viride*)和光孢青霉(*Penicillium glabrum*)的砷的生物挥发性, 发现在含砷培养基中培养30 d后, 丝状真菌对5 mg/L含砷培养基中(M_{As} 为0.25 mg) As的挥发量能达到0.01~0.067 mg, 对20 mg/L含砷培养基中(M_{As} 为1.0 mg)砷的挥发量能达到0.093~0.262 mg, 最高挥发率达到25%以上。

虽然已经发现了许多具有砷生物累积与生物转化能力的真菌, 但是这些研究大多都是在最佳的实验室条件下完成的, 利用真菌来进行砷污染水体的修复以及产业化应用方面仍然面临巨大的挑战。

3 菌藻共生体对水体砷污染的生物修复

菌藻共生体对砷污染的生物修复是藻类和细菌的共同作用。藻类在利用硝酸盐和磷酸盐的同时可能通过氮、磷途径吸收环境中的砷, 使砷大

量积累在藻体中^[45], 另外菌藻共生体中, 藻类和细菌表面有很多功能基团, 如-OH、-PO₄³⁻、-CONH-、-NH₂、-SH-等。这些功能基团可以与砷共价结合, 砷先与藻类和细菌表面上最强的功能团结合, 然后与较弱的功能团结合, 将砷吸附到菌藻共生体表面, 然后再慢慢渗入细胞内原生质中^[46]。

菌藻共生体对砷污染水体的生物修复在国内外的研究并不多, 还属于一个比较新的领域。目前已经报道的有廖敏等^[46]利用菌藻共生体去除废水中的砷, 研究发现以小球藻为主的菌藻共生体累积砷达到7.47 g/kg干重, 16 h后, 废水的除砷率超过80%。王亚等^[47]在带菌盐藻对不同形态砷的富集和转化研究中发现无菌盐藻的耐砷性比较强, 但是单独的除砷能力不强, 除砷率不到20%。但盐藻附着上芽胞杆菌(Bacillus solisalsi)后, 除砷的能力有较大幅度的增强, 对25~100 μmol/L含As(III)溶液能吸收0.99~2.79 g/kg的砷, 25~500 μmol/L含As(V)溶液能吸收1.22~3.46 g/kg的砷, 25~100 μmol/L As(III)和As(V)胁迫下砷去除率均在54.3%以上。并且带菌盐藻还可以通过As(III)氧化、As(V)还原、As(III)甲基化和排出胞外等途径降低砷的毒害。

菌藻共生体是一种廉价易得的材料, 其对水体砷污染有较强的修复能力, 并且同时还可以去除水体中的氮磷等营养物, 是净化营养化水体的一个有效途径, 因此其在砷等重金属污染水体的生物修复中有着广阔的应用前景。

4 结语与展望

虽然目前微生物对水体砷等重金属的生物修复已经进行了大量的研究, 但依然存在很多问题, 并且还没有大规模的产业化应用, 随着未来科学技术的进步和人类环保意识的增强, 应该在相关技术上做更多的科研投入, 尽早使微生物修复技术成熟完善。今后在微生物除砷方面, 还应该在如下几个方面做进一步的研究。

(1) 更深层次的研究微生物修复砷污染方面的机理, 特别是微生物对As的生物积累和生物

转化之间的相互作用关系。

(2) 继续寻找砷生物修复效果好、环境适应能力强的微生物，建立优势菌资源库，为将来的微生物修复产业化应用做准备。

(3) 运用基因工程技术，对微生物基因进行改造，得到具有强累积砷等重金属能力和适应极端条件的超级菌。

(4) 将微生物吸附技术和脱附重金属离子的再生工艺有机的结合，以达到重金属污染防治和资源回收利用的双重目的。

参考文献

- [1]Mandal B K, Suzuki K T. Arsenic round the world: a review[J]. *Talanta*, 2002, 58(1):201–235.
- [2]Rodríguez-lado L, Sun G, Berg M, et al. Groundwater arsenic contamination throughout China[J]. *Science*, 2013, 341(6148):866–868.
- [3]Tseng C H. Metabolism of inorganic arsenic and non-cancerous health hazards associated with chronic exposure in humans[J]. *Journal of Environmental Biology*, 2007, 28(2 suppl):349–357.
- [4]Qin J, Rosen B P, Zhang Y, et al. Arsenic detoxification and evolution of trimethylarsine gas by a microbial arsenite S-adenosylmethionine methyltransferase[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(7):2075–2080.
- [5]Smit E, Smith J, Naidu R. Distribution and nature of arsenic along former railway corridors of South Australia[J]. *Science of The Total Environment*, 2006, 363(1–3):175–182.
- [6]Goh K H, Lim T T. Arsenic fractionation in a fine soil fraction and influence of various anions on its mobility in the subsurface environment[J]. *Applied Geochemistry*, 2005, 20(2):229–239.
- [7]Pongratz R. Arsenic speciation in environmental samples of contaminated soil[J]. *Science of The Total Environment*, 1998, 224(1–3):133–141.
- [8]Huang P M, Schnitzer M. Interactions of soil minerals with natural organics and microbes[R]. Proceedings of a symposium sponsored by Divisions S-9, S-2, and S-3 of the Soil Science Society of America in Washington DC, 1983.
- [9]王建龙, 陈 灿. 生物吸附法去除重金属离子的研究进展[J]. *环境科学学报*, 2010 (4): 673–701.
- [10]Páez-espino D, Tamames J, De Lorenzo V, et al. Microbial responses to environmental arsenic[J]. *Biometals*, 2009, 22(1):117–130.
- [11]Zouboulis A I, Katsoyannidis I A. Recent advances in the bioremediation of arsenic-contaminated groundwater[J]. *Environment International*, 2005, 31(2):213–219.
- [12]Giri A K, Patel R K, Mahapatra S S. Artificial neural network (ANN) approach for modelling of arsenic (III) biosorption from aqueous solution by living cells of *Bacillus cereus* biomass[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2011, 178:15–25.
- [13]Yan L, Yin H, Zhang S, et al. Biosorption of inorganic and organic arsenic from aqueous solution by Acidithiobacillus ferrooxidans BY-3[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2010, 178(1–3):209–217.
- [14]Banerjee S, Datta S, Chattyopadhyay D, et al. Arsenic accumulating and transforming bacteria isolated from contaminated soil for potential use in bioremediation[J]. *Journal of Environmental Science and Health, Part A*, 2011, 46(14):1736–1747.
- [15]Takeuchi M, Kawahata H, Gupta L P, et al. Arsenic resistance and removal by marine and non-marine bacteria[J]. *Journal of Biotechnology*, 2007, 127(3):434–442.
- [16]Techu D, Tivchev G, Laing M, et al. Bioremoval of arsenic species from contaminated waters by sulphate-reducing bacteria[J]. *Water Research*, 2008, 42(19):4885–4893.
- [17]Mohd Bahari Z, Ali Hamood Altowayti W, Ibrahim Z, et al. Biosorption of As (III) by non-living biomass of an arsenic-hypertolerant *Bacillus cereus* strain SZ2 isolated from a gold mining environment: equilibrium and kinetic study[J]. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 2013, 171(8):2247–2261.
- [18]Carrasco J A, Armario P, Pajuelo E, et al. Isolation and characterisation of symbiotically effective *Rhizobium* resistant to arsenic and heavy metals after the toxic spill at the Aznalcóllar pyrite mine[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(6):1131–1140.
- [19]Patel P C, Goulen F, Boothman C, et al. Arsenate detoxification in a Pseudomonas hypertolerant to arsenic[J]. *Archives of Microbiology*, 2007, 187(3):171–183.
- [20]夏立江, 华 珞, 李向东. 重金属污染生物修复机制及研究进展[J]. *核农学报*, 1998, 12(1): 59–64.
- [21]宋卫锋, 罗丽丽, 林梓河, 等. 广东鼎湖山土壤中砷氧化菌的分离与鉴定[J]. *安徽农业科学*, 2011, 39(5): 2715–2717.
- [22]Fan H, Su C, Wang Y, et al. Sedimentary arsenite-oxidizing and arsenate-reducing bacteria associated with high arsenic groundwater from Shanyin, Northwestern China[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2008, 105(2):529–539.
- [23]Jones L C, Lafferty B J, Sparks D L. Additive and competitive effects of bacteria and Mn oxides on arsenite oxidation kinetics[J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 46(12):6548–6555.
- [24]吴 佳, 谢明吉, 杨 倩, 等. 砷污染微生物修复的进展研究[J]. *环境科学*, 2011, 32(3): 817–824.
- [25]Bentley R, Chasteen T G. Microbial methylation of metalloids: arsenic, antimony, and bismuth[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2002, 66(2):250–271.
- [26]Pantsar-Kallio M, Korpela A. Analysis of gaseous arsenic species and stability studies of arsine and trimethylarsine by gas chromatography-mass spectrometry[J]. *Analytica Chimica Acta*, 2000, 410(1–2):65–70.
- [27]Pokhrel D, Viraraghavan T. Arsenic removal in an iron oxide-coated fungal biomass column: analysis of breakthrough curves[J]. *Bioresource Technology*, 2008, 99(6):2067–2071.
- [28]Murugesan G S, Sathishkumar M, Swaminathan K. Arsenic removal from groundwater by pretreated waste tea fungal biomass[J]. *Bioresource Technology*, 2006, 97(3):483–487.
- [29]Adeyemi A O. Bioaccumulation of arsenic by fungi[J]. *American Journal of Environmental Sciences*, 2009, 5(3):364–370.
- [30]Sathishkumar M, Murugesan G S, Ayyasamy P M, et al. Bioremediation of arsenic contaminated groundwater by modified mycelial pellets of *Aspergillus fumigatus*[J]. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 2004, 72(3):617–624.
- [31]Maheswari S, Murugesan A G. Biosorption of arsenic (III) ion from aqueous solution using *Aspergillus fumigatus* isolated from arsenic contaminated

- site[J]. Desalination and Water Treatment, 2009, 11:294–301.
- [32]Sari A, Tuzen M. Biosorption of As (III) and As (V) from aqueous solution by macrofungus (*Inonotus hispidus*) biomass: Equilibrium and kinetic studies[J]. Journal of Hazardous Materials, 2009, 164(2–3):1372–1378.
- [33]Seki H, Suzuki A, Maruyama H. Biosorption of chromium (VI) and arsenic (V) onto methylated yeast biomass[J]. Journal of Colloid and Interface Science, 2005, 281(2):261–266.
- [34]Loukidou M X, Matis K A, Zouboulis A I, et al. Removal of As (V) from wastewaters by chemically modified fungal biomass[J]. Water Research, 2003, 37(18):4544–4552.
- [35]Vala A K. Tolerance and removal of arsenic by a facultative marine fungus *Aspergillus candidus*[J]. Bioresource Technology, 2010, 101(7):2565–2567.
- [36]Say R, Yilmaz N, Denizli A. Biosorption of cadmium, lead, mercury, and arsenic ions by the fungus *Penicillium purpurogenum*[J]. Separation Science and Technology, 2003, 38(9):2039–2053.
- [37]Visoottiviseth P, Panviroj N. Selection of fungi capable of removing toxic arsenic compounds from liquid medium[J]. Sci. Asia, 2001, 27:83–92.
- [38]Černanský S, Kolencík M, Sevc J, et al. Fungal volatilization of trivalent and pentavalent arsenic under laboratory conditions[J]. Bioresource Technology, 2009, 100(2):1037–1040.
- [39]Granchinho S C R, Franz C M, Polishchuk E, et al. Transformation of arsenic (V) by the fungus *Fusarium oxysporum melonis* isolated from the alga *Fucus gardneri*[J]. Applied Organometallic Chemistry, 2002, 16:721–726.
- [40]Solozhenkin P M, Nebera V P, Medvedeva-Lyalikova N N. Transformation of arsenic and tellurium in solution by fungi[J]. Process Metallurgy, 1999, 9:779–787.
- [41]Cox D P, Alexander M. Effect of phosphate and other anions on trimethylarsine formation by *Candida humicola*[J]. Appl Microbiol, 1973, 25:408–413.
- [42]Zeng X B, Su S M, Jiang X L, et al. Capability of pentavalent arsenic bioaccumulation and biovolatilization of three fungal strains under laboratory conditions[J]. CLEAN–Soil, Air, Water, 2010, 38(3):238–241.
- [43]Su S M, Zeng X B, Bai L Y, et al. Bioaccumulation and biovolatilisation of pentavalent arsenic by *Penicillium janthinellum*, *Fusarium oxysporum* and *Trichoderma asperellum* under laboratory conditions[J]. Current Microbiology, 2010, 61(4):261–266.
- [44]Uršík M, Čerňanský S, Ševc J, et al. Biovolatilization of arsenic by different fungal strains[J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2007, 186(1):337–342.
- [45]Howard A G, Comber S D W, Kifle D, et al. Arsenic speciation and seasonal changes in nutrient availability and micro-plankton abundance in Southampton Water, U.K.[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 1995, 40(4):435–450.
- [46]廖敏, 王锐. 菌藻共生体去除废水中砷初探[J]. 环境污染与防治, 1997, 19(2): 11–12.
- [47]王亚, 张春华, 王淑, 等. 带菌盐藻对不同形态砷的富集和转化研究[J]. 环境科学, 2013, 34(11): 4257–4265.

(上接第32页)

(3) 基于省级水效率估算结果, 不同效率的省份应选择不同的发展结构, 采用不同的节水措施或治理手段, 发挥在新丝路经济带中的重要作用。

参考文献

- [1]张洁.中国周边安全形势评估报告(2015):“一带一路”与周边战略[M].北京:社会科学文献出版社, 2015.
- [2]UN Water. Water, a shared responsibility: the United Nations world water development report 2[R]. UNESCO: World Water Assessment Programme, UN-WATER/WWAP/2006/3, 2006.
- [3]管理要.“一带一路”思路下对经济转型模式的思考[J].企业改革与管理, 2014, 23:14–15.
- [4]庞昌伟.能源合作:“丝绸之路经济带”战略的突破口[J].新疆师范大学学报:哲学社会科学版, 2014(02):11–18.
- [5]Abudureyimu A, Han Q. Clean energy development of silk road economic belt in Xinjiang[J]. Applied Mechanics and Materials, 2014, 521:846–849.
- [6]任秀芳, 张仲伍, 史雅洁, 等. 2001–2010年“新丝绸之路”经济带中国段城市经济时空演变[J]. 中国沙漠, 2015(01):248–252.
- [7]Mackerras C. Xinjiang in China's foreign relations: part of a new silk road or central Asian zone of conflict?[J]. East Asia, 2015, 32(1):25–42.
- [8]张军, 吴桂英, 张吉鹏. 中国省际物质资本存量估算:1952–2000[J]. 经济研究, 2004(10):35–44.
- [9]Reinhard S, Knox L C A, Thijssen G J. Environmental efficiency with multiple environmentally detrimental variables; estimated with SFA and DEA[J]. European Journal of Operational Research, 2000, 121(2):287–303.
- [10]Lin B, Long H. A stochastic frontier analysis of energy efficiency of China's chemical industry[J]. Journal of Cleaner Production, 2015, 87:235–244.
- [11]谭雪, 杨喆, 黄泉泉, 等. 用水和排水视角下中国环境效率分析[J]. 干旱区资源与环境, 2015(4):131–136.