

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2023.23.013

苦草改善底泥氧化还原特性及微生物群落结构研究

李鹤男^{1,2}, 孙永利², 黄 鹏², 李鹏峰², 冯玉杰¹

(1. 天津大学 环境科学与工程学院, 天津 300072; 2. 中国市政工程华北设计研究总院有限公司, 天津 300074)

摘 要: 选取氧化还原电位(ORP)作为黑臭水体及底泥性状的重要评判指标,针对苦草(*Vallisneria natans*)修复水体及底泥的效果开展了研究,并对苦草根系区域底泥中的微生物进行了高通量测序分析。结合水体的COD、氮、磷及底泥的TOC、TN等指标的检测结果发现,苦草对水体及底泥中的ORP提升效果明显,其中水体的ORP提高了约24%,表层底泥的ORP提高了52%;苦草对底泥中的微生物群落结构改善明显,微生物群落结构丰富度增加,另外,有利于底泥中物质能量转换的微生物占比明显增加,如*Bacillus*、*Steroidobacteraceae*、*Thiobacillus*、*Clostridium*等。

关键词: 苦草; 黑臭水体; 底泥; 氧化还原电位; 微生物群落结构

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2023)23-0091-07

Vallisneria natans for Improvement of Oxidation Reduction Characteristics and Microbial Community Structure of Sediment

LI He-nan^{1,2}, SUN Yong-li², HUANG Peng², LI Peng-feng², FENG Yu-jie¹

(1. School of Environmental Science & Engineering, Tianjin University, Tianjin 300072, China;

2. North China Municipal Engineering Design & Research Institute Co. Ltd., Tianjin 300074, China)

Abstract: This paper selected oxidation reduction potential (ORP) as an important evaluation index, investigated the effect of *Vallisneria natans* on the remediation of black and odorous water and sediment, and analyzed the microbial community of the sediment in the root area of *Vallisneria natans* by high-throughput sequencing. The detection results of COD, nitrogen, phosphorus in water and TOC and TN in sediment indicated that the ORP in the water and sediment was significantly improved, among which the ORP in the water was increased by approximately 24% and that in the surface sediment was increased by 52%. *Vallisneria natans* significantly improved the microbial community structure in the sediment, and increased the richness of microbial community. The relative abundance of microorganisms (such as *Bacillus*, *Steroidobacteraceae*, *Thiobacillus* and *Clostridium*) conducive to the material-energy conversion in the sediment increased significantly.

Key words: *Vallisneria natans*; black and odorous water; sediment; oxidation reduction potential (ORP); microbial community structure

基金项目: 中国市政工程华北设计研究总院有限公司自立课题(HJ-2021-32-HJY); 住房和城乡建设部研究开发项目(2020-K-038); 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX07403001)

通信作者: 冯玉杰 E-mail: yujief@hit.edu.cn

河道黑臭的主因是底泥和水体在缺氧乃至厌氧条件下,污染物转化并产生氨氮、硫化氢、挥发性有机酸等恶臭物质以及铁、锰硫化物等黑色物质^[1]。在黑臭底泥治理过程中,植物修复方法因其成本低等优势而逐渐引起关注,植物吸收作用在去除或减少沉积物中有害污染物含量的同时,还可以通过自身一系列复杂的生理生化作用,如光合作用、呼吸作用、根系生长等不断改善水体的底质生态环境,从而达到原位修复水体及底泥的作用^[2-4]。苦草(*Vallisneria spiralis*)作为一种工程应用中常见的沉水植物,目前被广泛应用到水体的治理和修复中。许多学者研究发现,苦草对水体中的氮、磷及藻类具有较好的控制效果^[5-8],对重金属也具有一定的吸收和富集作用^[9],另外针对一些化学有机物也有较好的去除效果^[10]。研究表明,苦草根系沉积物的氧化还原电位(ORP)比未种植水生植物的显著升高,同时 Fe^{2+} 、 Mn^{2+} 、 PO_4^{3-} 和 NH_4^+ 等浓度明显降低,苦草根际氧的释放似乎是这一结果的主要原因,电位及硝化能力检测结果也表明了苦草根系对氧化还原环境的影响^[11]。

研究苦草根系微生物群落有助于更加深入地了解苦草根系对沉积物氧化还原特性(如ORP等)改善的原理。Zhu等人^[12]研究了磺胺类药物作用下苦草及根系微生物的生态毒理学影响及其去除效果,结果表明,苦草可能通过增加水体中的DO、ORP和微生物多样性等显著提高对磺胺类药物的去除效率,糖单菌纲、微球菌纲、鞘杆菌纲、拟杆菌纲、暗色杆菌纲、黄杆菌纲、假单菌纲和粘球菌纲均被认为是耐磺胺类药物菌,有助于阐明抗生素与大型植物-微生物系统之间的联系。Wang等人^[13]研究了西湖种植苦草对沉积物中微生物群落结构的影响,从沉积物微生物生态学的角度分析了人工种植苦草对水生生态系统的影响,结果发现沉水植物对硫酸盐还原菌(SRB)有显著影响,且SRB的增加与*Syntrophobacteraceae*和*Thermodesulfobionaceae*等微生物的增加有关。

笔者针对苦草修复水体及底泥的效果展开研究,监测水体ORP、氮、磷、SS以及底泥中TOC和TN等指标的变化情况,同时分析苦草根系底泥的微生物群落结构变化,以探究苦草对底泥的修复作用机制。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试植物全部为苦草,取自江苏省宿迁市沭阳县新沂河流域。实验前选取健康植株,清洗干净后移栽到供试植物培养水箱中。经过15 d预培养和环境适应之后,选取生长旺盛、状态良好的植株移栽到供试反应器内。苦草初始种植密度为100株/ m^2 。

供试底泥取自天津市某城市内河合流制溢流排口附近。底泥从河道取出后首先去除碎石、塑料等大块杂物,转运至实验室后剔除直径超过0.5 cm的颗粒物。

反应器内上层水体为底泥取样处的河水,其COD、TN、TP浓度分别为30、3、0.15 mg/L,浊度为15 NTU。开始运行后反应器内不再换水,定期用蒸馏水补充蒸发损失。

1.2 实验设计

反应器由厚度为0.8 cm的透明玻璃板材粘合成,如图1(a)所示。反应器内部长×宽×高=60 cm×25 cm×55 cm,有效容积为82.5 L。设置2个平行反应器,实验条件完全相同:每个反应器底泥厚度为15 cm、体积为22.5 L,上覆水体深度为35 cm、体积为52.5 L。反应器内部一端接近水面处固定有潜水泵,保持反应器内表层水体以约0.2 m/s的流速自西向东流动,循环流量约为400 L/h。

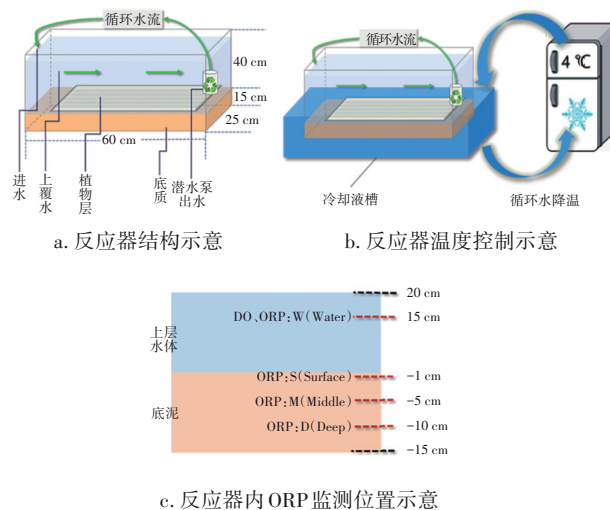


图1 反应器构造及数据监测点位示意

Fig.1 Reactor structure and monitoring points

为使实验更接近实际情况,将反应器置于户外空旷处,运行时间为7月—9月,日平均气温为25~

30℃。为使反应器运行条件更加接近实际水体,将反应器置于自制的冷却水循环系统,以此实现对反应器底部区域的避光和降温。循环水箱为不透明塑料材质,内部长×宽×高=80 cm×45 cm×25 cm,容积为90 L,反应器占37.5 L,冷却循环水体积约为50 L,如图1(b)所示。循环水泵流速约为400 L/h,经避光、冷却后,反应器底部底泥层温度由30℃降至20~25℃,反应器内底部温度相对较低,表层水体温度相对较高,运行状态更加接近实际水体。

1.3 检测方法

底泥及水体的ORP基于Pt电极与参比电极(Ag/Cl)之间的电位差进行实时在线监测^[14-15]。采用数据采集卡、采集驱动及程序构成采集系统,ORP数据采集并自动保存的间隔时间为30 min。分别对深度为1 cm的表层底泥(PS)、深度为5 cm的中层底泥(PM)、深度为10 cm的深层底泥(PD)以及水体(PW)进行ORP监测,监测位置如图1(c)所示。

微生物高通量测序:高通量16S rRNA基因测序由上海美吉生物医药科技有限公司完成,测序数据委托该公司进行初步分析。采用Excel 2003软件和Origin软件对实验数据进行初步处理和制图。

2 结果与讨论

2.1 苦草对水体及底泥的改善效果

2.1.1 水体及底泥ORP的变化

实验共进行了35 d,分别对第5~10天(运行初期)与第30~35天(运行末期)的ORP监测数据进行分析,结果见图2。在实验期间系统内ORP值有明显提升,经计算,水体(PW)和表层底泥(PS)的ORP值分别提高了约24%和52%。在前30 d,PM和PD的ORP值均呈上升趋势,30 d后ORP值上升趋势减缓并逐渐稳定,运行末期PM和PD的ORP平均值较运行初期分别提升了19.8%和12.1%。PM处底泥的ORP值提升最明显,从相对厌氧的-388 mV提高到-311 mV,说明此处底泥不会再发生产生大量厌氧气体(如甲烷、氨气、硫化氢等)的反应;PD处底泥的ORP值从-405 mV提升到-356 mV,此时产生厌氧气体的反应发生的几率和效率也会大幅降低。由此可见,通过种植苦草可以在较短时间内(30 d左右)实现对黑臭底泥的明显改善和ORP值提升,减少厌氧气体的产生和黑臭因素的发生。

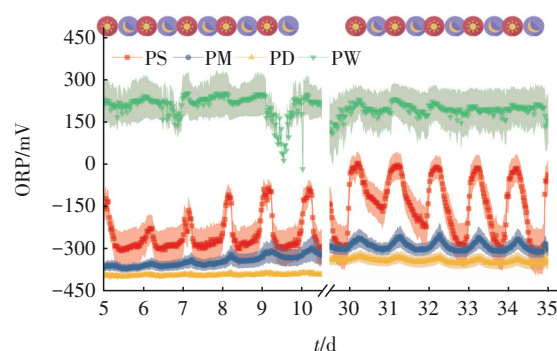


图2 不同深度底泥的ORP变化

Fig.2 Change of sediment ORP at different depths

2.1.2 水体及底泥中污染物的变化

实验运行期间,上层水体的COD浓度和浊度整体呈下降趋势,COD浓度由运行初期的 (12.28 ± 1.2) mg/L降至末期的 (9.99 ± 0.3) mg/L,浊度由初期的 (14.7 ± 2.18) NTU降至 (9.32 ± 0.01) NTU,说明苦草对水体中的COD和浊度有较好的去除和控制作用。水体的TN和TP浓度在运行期间均比较稳定,平均值分别为1.12、0.015 mg/L,不仅达到了“不黑不臭”,更是满足了地表水Ⅳ类标准,说明苦草对水体中氮和磷的控制效果较好。同时,本研究中氨氮和正磷酸盐均未检出。

实验运行第5和30天检测表层底泥和10 cm深度处底泥中的TOC、TN及TP含量。结果显示,经过30 d的运行修复,底泥的TOC、TN和TP含量均呈现出下降趋势。第30天表层和深层底泥的TN含量较第5天分别减少了57%和21%,表层底泥的TN含量较深层底泥低52%;第30天表层和深层底泥的TP含量较第5天分别减少了17%和14%,表层底泥的TP含量较深层底泥低7%;第30天表层底泥的TOC含量较第5天并未出现明显下降,深层底泥的TOC含量较第5天减少了5%,表层底泥的TOC含量比深层底泥高11%。可以看出,在苦草的作用下,表层底泥中的TN和TP去除明显,而深层底泥中TOC的削减更加明显。分析原因可能是,表层底泥中除了苦草对有机碳的吸收利用以外,还要接纳上层水体中动植物及浮游生物的有机残体,空气及降雨中含碳污染物的沉降,所以对表层底泥中TOC的去除效果没有底层底泥明显。

2.2 底泥中微生物群落动态变化特征

2.2.1 细菌群落丰度变化情况

采集运行初期和运行结束后苦草根系底泥样

品(分别记作C和P),并进行细菌群落结构检测分析。结果表明,C和P中分别检测出56 843和50 980条序列,平均序列长度分别为414和419 bp,序列有效覆盖率分别为0.984 7和0.975 9,序列数量和质量满足微生物群落分析要求。运行35 d后,ACE指数由2 639.3提高到3 488.1,Chao1指数和Shannon指数均出现明显提高(分别从2 629.9、5.939提升至3 463.7、6.235),说明底泥的微生物群落丰度得到明显提升。

2.2.2 细菌群落结构变化情况

对细菌测序结果进行门水平分类分析,结果见图3。修复前沉积物中占优势的细菌门主要有*Chloroflexi*(绿弯菌门,39.70%)、*Proteobacteria*(变形菌门,17.64%)、*Firmicutes*(厚壁菌门,14.50%)、*Actinobacteriota*(放线菌门,6.34%)、*Desulfobacterota*(脱硫菌门,4.20%);经沉水植物修复后,沉积物中的细菌群落结构发生了明显变化,丰度较高的细菌门有*Chloroflexi*(15.85%)、*Proteobacteria*(27.19%)、*Firmicutes*(18.92%)、*Actinobacteriota*(8.33%)、*Desulfobacterota*(7.00%),相比修复前,*Firmicutes*、*Proteobacteria*、*Actinobacteriota*、*Desulfobacterota*的相对丰度升高,而*Chloroflexi*的相对丰度明显下降。

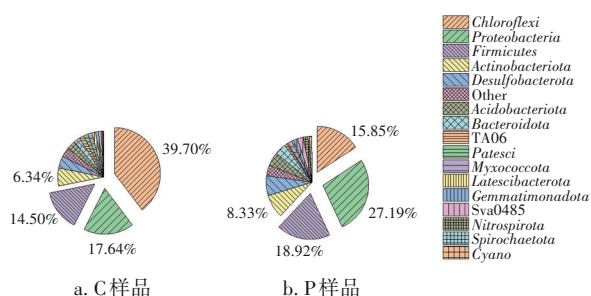


图3 细菌在门水平上的群落结构

Fig.3 Community structure of bacteria at phylum level

*Chloroflexi*在实验前期和后期的沉积物中均占有数量优势。Kragelund等研究表明,*Chloroflexi*是一种特殊的丝状细菌,只在有氧条件下活动,主要消耗碳水化合物(如多糖),同时分泌许多胞外酶,如几丁质酶、葡萄糖醛酸酶和半乳糖苷酶等^[14]。运行后期沉积物中TOC含量下降明显说明有机物被微生物利用了一部分,因此沉积物中*Chloroflexi*相对丰度下降主要与底泥中多糖类有机物被不断消耗吸收有关。有研究表明,底泥中绿弯菌的呼吸代谢会伴随着氧的减少,可能还包括氮的减少^[15]。

*Proteobacteria*无论在底泥还是水生植物叶片根系均有广泛分布,往往占据优势地位,是底泥微生物及植物代谢过程的重要参与者^[13,16]。*Firmicutes*广泛存在于土壤和沉积物中,并且在植物根系微生物群落中也占据一定比例^[17]。*Actinobacteriota*可以像真菌那样将凋亡生物体分解成小分子物质为植物根系提供营养^[18],研究表明植物-微生物相互作用可以使沉积物和土壤的酶活性显著提高^[18],从而更加有利于生物体对底质中碳、氮、磷、钾等营养物质的提取和吸收。

另外,对细菌测序结果进行属水平分类分析,结果如图4所示。可知,修复前沉积物中的优势菌属为*Anaerolineae*(厌氧绳菌,18.30%)、*Clostridium*(梭菌属,0.83%)、*Thiobacillus*(硫杆菌,3.10%)、*Gammaproteobacteria*(γ -变形菌,2.34%)、*Lysobacter*(溶杆菌属,3.08%);经过35 d的沉水植物修复之后,沉积物中的优势菌属为*Thiobacillus*(7.55%)、*Anaerolineae*(5.99%)、*Bacillus*(芽孢杆菌,4.79%)。相比修复前,*Bacillus*、*Steroidobacteraceae*、*Thiobacillus*、*Clostridium*等的相对丰度升高,而*Anaerolineae*、*Lysobacter*、*Gammaproteobacteria*、*Hydrogenophilaceae*等的相对丰度明显下降。

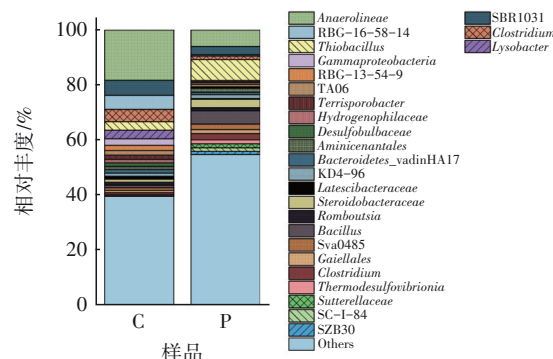


图4 细菌在属水平上的群落结构

Fig.4 Community structure of bacteria at genus level

研究表明,沉水植物及其根际微生物群落可增强*Bacillus*和*Clostridium*的活性,从而增加沉积物中可溶性活性磷^[7],同时*Bacillus*对于沉积物中重金属等污染物具有较好的去除作用^[19]。*Clostridium*属于兼性厌氧菌,可参与碳水化合物的降解和底泥中微生物胞外电子传递过程^[20],在沉积物和废水中,*Clostridium*会产生有机酸,如乳酸和乙酸等,而硫酸盐还原菌则可以利用这些有机酸^[21]。*Bacillus*和*Clostridium*对底泥中污染物均有一定的去除和转化

作用,有利于底质的改善。*Anaerolineae*是沉积物中常见的菌属^[22],广泛参与沉积物和微生物间的物质能量转移^[23],可分解大分子有机物并参与硝酸盐氮还原及其他电子转移过程^[24],有助于减少沉积物中的产甲烷作用^[23]。在本研究中,*Anaerolineae*的相对丰度较高,且随着运行后期沉积物 ORP 的升高,其相对丰度降低。综上可知,在苦草根系作用下,沉积物中的微生物群落结构发生了较明显的变化,经过一段时间的运行,苦草根系周围底泥中的微生物群落丰富度提高明显,尤其有利于底泥中涉及物质能量转换的微生物(如 *Bacillus*、*Steroidobacteraceae*、*Thiobacillus*、*Clostridium* 等)生长繁殖。

2.2.3 古细菌群落丰度和结构变化情况

底泥由于具有一定的厌氧环境,会存在较多的古细菌(如厌氧氨氧化菌、产甲烷菌等),本研究对不同深度底泥的古细菌进行微生物群落结构分析,以考察沉水植物对于底质微生物生态的改善作用。分别于运行初期和运行结束后对表层底泥(分别记作 CM、PM)和深层底泥(分别记作 CD、PD)进行取样,分析古细菌的微生物群落结构变化。运行初期表层底泥(CM)和底层底泥(CD)分别检出了 53 468 和 70 238 条序列,平均序列长度分别为 428.30 和 428.49 bp,序列有效覆盖率分别为 0.998 3 和 0.999 4;运行结束后表层底泥(PM)和底层底泥(PD)分别检测出 72 981 和 69 528 条序列,平均序列长度分别为 427.57 和 429.26 bp,序列有效覆盖率分别为 0.984 7 和 0.975 9,序列数量和质量满足微生物群落分析要求。

运行结束后表层底泥(PM)和底层底泥(PD)的 ACE 指数分别为 390.433 9 和 357.23,可见植物根系比较发达区域的底泥中微生物群落更加丰富。运行初期表层底泥(CM)和底层底泥(CD)的 ACE 指数分别为 361.92 和 355.59,可见在植物充分发挥作用之前,底泥中微生物群落结构差别不大。相比 CM 和 CD,PM 和 PD 的 Chao 指数、Shannon 指数均出现明显升高,说明经过一段时间的运行,在植物根系的作用下,底泥微生物群落丰富度得到了明显提高。植物根系作用最活跃的样品 PM 的微生物群落丰富度明显高于 PD、CD 和 CM,可见植物根系可有效提升底泥的微生物群落丰富度。

对古细菌测序结果进行门水平分类分析,结果如图 5(a)所示。沉积物中占优势的古细菌门主要

为 *Asgardarchaeota*、*Euryarchaeota*、*Halobacterota*、*Thermoplasmata* 和 *Crenarchaeota*,经过 35 d 的沉水植物修复之后,沉积物中古细菌的群落结构发生了明显变化,*Euryarchaeota* 和 *Crenarchaeota* 的相对丰度升高,而 *Halobacterota* 和 *Thermoplasmata* 的相对丰度降低。古细菌群落的功能主要集中在产甲烷(*Euryarchaeota* 和 *Crenarchaeota*)等。

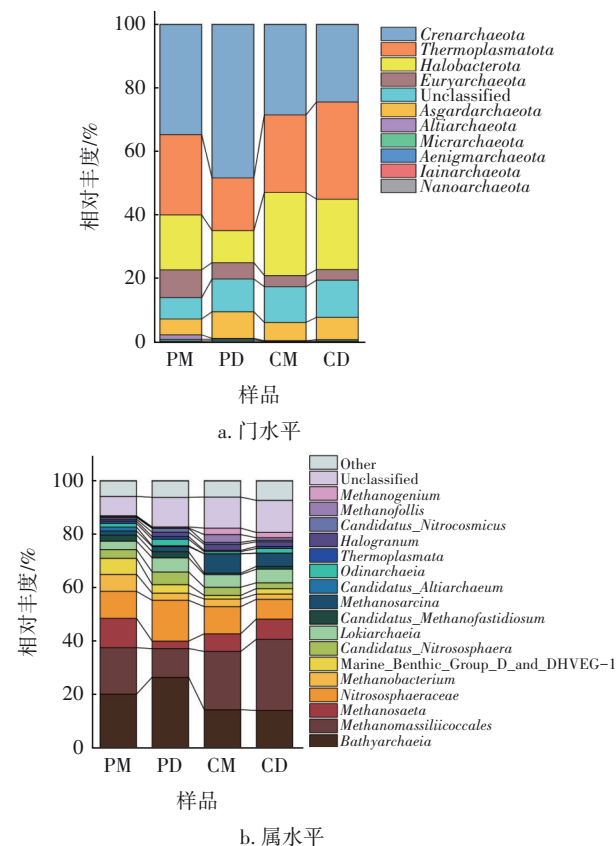


图5 古细菌在门水平和属水平上的群落结构

Fig.5 Community structure of archaea at phylum level and genus level

另外,对古细菌测序结果进行了属水平分类分析,结果见图 5(b)。可知,底泥中占优势的古细菌属主要有 *Bathyarchaeia*、*Methanomassiliicoccales*、*Methanosaeta*、*Nitrososphaeraceae* 和 *Methanobacterium* 等,主要为陈家湾相关古菌和氮循环相关古菌。厌氧氨氧化相关古菌(*Candidatus_Nitrococcus*)、噬盐古菌(*Halogranum*)等也有被发现。在植物根系作用下,厌氧氨氧化相关古菌(*Candidatus_Nitrococcus*)、噬盐古菌(*Halogranum*)和水生细菌(*Bathyarchaeia*)等菌属丰度提高明显,说明植物根系可显著提高底泥中古细菌的物种丰富度。本研究中氮循环相关

细菌的丰度有所提高,有研究表明,植物可以通过根系释放有机碳影响周围土壤中的微生物群落,并与慢生根瘤菌等固氮微生物共生,周围底质中的铵可以促进好氧氨和亚硝酸盐氧化^[25],从而促进底质的氮循环和脱氮作用。

3 结论

① 苦草对水体及底泥的ORP值提升效果明显,其中水体ORP值提升约24%,表层底泥ORP值提高了52%。

② 苦草对底泥中微生物群落结构改善明显,微生物群落结构丰富度增加,同时苦草根系对底泥中古细菌群落结构改善显著。

③ 苦草根系有利于底泥中涉及物质能量转换的微生物生长繁殖,如*Bacillus*、*Steroidobacteraceae*、*Thiobacillus*、*Clostridium*等。

参考文献:

- [1] 俞欣,陈天安. 河道黑臭污染简易评价方法研究[J]. 环境科学与管理, 2015, 40(3): 176-179.
YU Xin, CHEN Tian'an. Study of a rapid assessment method on black-odor river[J]. Environmental Science and Management, 2015, 40(3): 176-179 (in Chinese).
- [2] 李菲菲,褚淑祎,崔灵周,等. 沉水植物生长和腐解对富营养化水体氮磷的影响机制研究进展[J]. 生态科学, 2018, 37(4): 225-230.
LI Feifei, CHU Shuyi, CUI Lingzhou, et al. Research advances on the influence mechanisms of submerged plants growth and decomposition on nitrogen and phosphorus in eutrophic water [J]. Ecological Science, 2018, 37(4): 225-230 (in Chinese).
- [3] 杨天雪,何春光,罗文泊,等. 柳属植物特性及其在污染底泥修复中的应用研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2015, 21(5): 837-841.
YANG Tianxue, HE Chunguang, LUO Wenbo, et al. Progress in study of Salix characteristics and its application in sediment phytoremediation [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2015, 21(5): 837-841 (in Chinese).
- [4] JIANG S, LU H L, ZHANG Q, et al. Effect of enhanced reactive nitrogen availability on plant-sediment mediated degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons in contaminated mangrove sediment [J]. Marine Pollution Bulletin, 2016, 103(1/2): 151-158.
- [5] 黄蓉,杨文斌,程俊杰,等. 菹草和伊乐藻对水-沉积物界面磷迁移转化的影响[J]. 环境科学研究, 2019, 32(7): 1204-1212.
HUANG Rong, YANG Wenbin, CHENG Junjie, et al. Effect of *Potamogeton crispus* L. and *Elodea nuttallii* on phosphorus migration and transformation between water and sediment [J]. Research of Environmental Sciences, 2019, 32(7): 1204-1212 (in Chinese).
- [6] 李启升,胡忠军,李永吉,等. 氮负荷升高对苦草 (*Vallisneria natans*) 和穗花狐尾藻 (*Myriophyllum spicatum*) 生长的影响[J]. 农业环境科学学报, 2019, 38(7): 1589-1596.
LI Qisheng, HU Zhongjun, LI Yongji, et al. Effects of elevated nitrogen loading on the growth of *Vallisneria natans* and *Myriophyllum spicatum* [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2019, 38(7): 1589-1596 (in Chinese).
- [7] YANG Y, CHEN W, YI Z Y, et al. The integrative effect of periphyton biofilm and tape grass (*Vallisneria natans*) on internal loading of shallow eutrophic lakes [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, 25(2): 1773-1783.
- [8] SONG Y Z, WANG J Q, GAO Y X. Nitrogen incorporation by epiphytic algae via *Vallisneria natans* using ¹⁵N tracing in sediment with increasing nutrient availability [J]. Aquatic Microbial Ecology, 2017, 80(1): 93-99.
- [9] QIAN Y, CHENG C L, DROUILLARD K. Bioaccumulation and growth characteristics of *Vallisneria natans* (Lour.) Hara after chronic exposure to metal-contaminated sediments [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2019, 26(20): 20510-20519.
- [10] 何洋,董志成,刘林德,等. 沉积物中多环芳烃的植物修复研究进展[J]. 环境工程, 2018, 36(2): 168-172.
HE Yang, DONG Zhicheng, LIU Linde, et al. Research progress of phytoremediation on contaminated sediments with polycyclic aromatic hydrocarbons [J]. Environmental Engineering, 2018, 36(2): 168-172 (in Chinese).
- [11] SOANA E, NALDI M, BARTOLI M. Effects of increasing organic matter loads on pore water features of vegetated (*Vallisneria spiralis* L.) and plant-free sediments [J]. Ecological Engineering, 2012, 47: 141-145.

- [12] ZHU L, XU H, XIAO W, *et al.* Ecotoxicological effects of sulfonamide on and its removal by the submerged plant *Vallisneria natans* (Lour.) Hara [J]. Water Research, 2020, 170: 115354.
- [13] WANG C, LIU S Y, ZHANG Y, *et al.* Effects of planted versus naturally growing *Vallisneria natans* on the sediment microbial community in West Lake, China [J]. Microbial Ecology, 2017, 74(2): 278–288.
- [14] KRAGELUND C, LEVANTESI C, BORGER A, *et al.* Identity, abundance and ecophysiology of filamentous *Chloroflexi* species present in activated sludge treatment plants[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2007, 59(3): 671–682.
- [15] HUG L A, CASTELLE C J, WRIGHTON K C, *et al.* Community genomic analyses constrain the distribution of metabolic traits across the *Chloroflexi* phylum and indicate roles in sediment carbon cycling [J]. Microbiome, 2013, 1:22.
- [16] JIANG M Q, ZHOU Y P, WANG N, *et al.* Allelopathic effects of harmful algal extracts and exudates on biofilms on leaves of *Vallisneria natans*[J]. Science of the Total Environment, 2019, 655: 823–830.
- [17] MAVRODI O V, JUNG C M, EBERLY J O, *et al.* Rhizosphere microbial communities of *Spartina alterniflora* and *Juncus roemerianus* from restored and natural tidal marshes on Deer Island, Mississippi [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1–12.
- [18] SIEBIELEC S, SIEBIELEC G, SUGIER P, *et al.* Activity and diversity of microorganisms in root zone of plant species spontaneously inhabiting smelter waste piles [J]. Molecules, 2020, 25:5638.
- [19] GUO Y M, LIU Y G, LI H, *et al.* Remediation of Pb-contaminated port sediment by biosurfactant from *Bacillus* sp. G1[J]. Transactions of Nonferrous Metals Society of China, 2017, 27(6): 1385–1393.
- [20] CRISTIANI P, FRANZETTI A, GANDOLFI I, *et al.* Bacterial DGGE fingerprints of biofilms on electrodes of membraneless microbial fuel cells [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2013, 84: 211–219.
- [21] REIMERS C E, ALLEAU Y, BAUER J E, *et al.* Redox effects on the microbial degradation of refractory organic matter in marine sediments [J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2013, 121: 582–598.
- [22] 吴玲. 富营养化太湖沉积物中微生物群落及对环境因子的响应[J]. 应用与环境生物学报, 2019, 25(6): 1470–1476.
WU Ling. Response of microbial community structure in eutrophic Taihu sediments to environmental factors [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2019, 25(6): 1470–1476 (in Chinese).
- [23] LIAO H H, YEN J Y, GUAN Y J, *et al.* Differential responses of stream water and bed sediment microbial communities to watershed degradation [J]. Environment International, 2020, 134: 105198.
- [24] SHRESTHA P M, MALVANKAR N S, WERNER J J, *et al.* Correlation between microbial community and granule conductivity in anaerobic bioreactors for brewery wastewater treatment [J]. Bioresource Technology, 2014, 174: 306–310.
- [25] KUYPERS M M M, MARCHANT H K, KARTAL B. The microbial nitrogen-cycling network [J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, 16(5): 263–276.

作者简介:李鹤男(1988–),女,黑龙江大庆人,博士,高级工程师,主要从事水环境整治及修复研究工作。

E-mail:327314837@163.com

收稿日期:2022-05-06

修回日期:2022-09-10

(编辑:刘贵春)