

苦草-附着生物复合系统对水体磺胺降解的贡献评估

龚洁¹, 郝森舰¹, 芦川³, 冯立辉⁴, 邹曦², 朱利明²

(1. 武汉科技大学, 资源与环境工程学院, 湖北武汉 430081;

2. 水利部中国科学院水工程生态研究所, 水利部水工程生态效应与生态重点实验室, 湖北武汉 430079;

3. 中国宝武钢铁集团有限公司武汉钢铁有限责任公司炼铁分厂, 湖北武汉 430080;

4. 中交第二航务工程局有限公司, 湖北武汉 430000)

摘要:磺胺类抗生素(Sulfonamides, SAs)在医药和养殖领域的广泛使用,造成自然水体中残留量不断增加,对水生生态系统造成严重危害。了解苦草-附着生物复合体对磺胺(Sulfonamides, SN)降解效果以及苦草和附着生物对SN降解的贡献,为后期研究附着生物的稳定演替规律和群落结构特征以及应用“沉水植物-附着生物复合系统”治理抗生素污染水体提供理论支撑。选择沉水植物苦草(*Vallisneria spiralis*)作为实验物种,设置P-V-(无附着生物,无苦草)、P+V-(有附着生物,无苦草)、P-V+(无附着生物,有苦草)、P+V+(有附着生物,有苦草)4种处理,开展静态模拟试验,探讨沉水植物-附着生物复合系统对磺胺的降解效果及各自的贡献。结果表明:在降解SN的过程中,P+V+处理组SN浓度由25 mg/L降至5.4 mg/L,去除率为78.4%,降解效果最好;实验13 d苦草的贡献率为94.34%,发挥着主要作用,附着生物的贡献率为5.66%,起到次要作用;丛毛单胞菌科、细胞弧菌科和腐螺旋菌科为P+V+处理组附着生物的优势类群。

关键词:附着生物;磺胺;苦草;复合系统;贡献评估;降解

中图分类号:Q178.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1674-3075(2023)05-0142-07

磺胺类抗生素(Sulfonamides, SAs)是一种广谱抗菌的人工合成抗菌药,主要用于预防和治疗细菌感染性疾病。当前,全球每年的抗生素消费量可达10万~20万t,我国是抗生素生产、使用和销售的大国,每年生产抗生素原料约21万t(谷娇等,2021)。由于现有的污水处理工艺并不能将抗生素完全去除,导致抗生素排放到环境中并在水中经常被检测到。韩国地表水体中SAs平均检出浓度为20 µg/L,德国地下水的抗生素检测中,SAs达到410 ng/L(Juliana et al, 2017)。水体SAs浓度升高,会对水生动物、植物和微生物产生生态毒理学效应,并通过食物链进入人体,破坏人体的免疫系统,引起“三致效应”(Cxx et al, 2019)。因此,如何生态、高效地去除水环境中的SAs越来越引起人们重视。

环境中抗生素的去除方法主要有物理法、化学法、生物法。基于生物法运行成本低、对环境二次污染较小的优点,使用植物修复和微生物修复技术降

解水体中抗生素污染成为主流趋势(Abu-Alsoud & Bottaro, 2020)。其中,植物修复和人工湿地技术早已被广泛应用于抗生素去除。已有研究发现,水生植物大漂(*Pistia stratiotes*)、凤眼莲(*Eichhornia crassipes*)、空心菜(*Ipomoea aquatica*)和水芹(*Oenanthe javanica*)能够去除水体中多种抗生素(Machado & Soares, 2019)。Preiner等(2020)研究表明,由黑麦草(*Lolium perenne*)构建的植物浮床对养殖废水中的SAs去除率可达91.8%~99.5%。此外,在研究人工湿地去除抗生素方面发现,芦苇(*Phragmites australis*)、香蒲(*Typha orientalis*)、香根草(*Vetiveria zizanioides*)和美人蕉(*Canna indica*)对磺胺甲恶唑(SMX)具有较高的去除率(张航俊等, 2021)。目前利用微生物去除SAs多为污水处理厂的活性污泥法,王宇等(2020)研究发现,从活性污泥样品中筛选出嗜冷菌HA-4,在最佳生长条件下对SMX进行192 h的降解,其降解率为34.3%。另有研究发现,采用两相厌氧系统处理磺胺(Sulfonamide, SN)废水,通过Ca(OH)₂调节pH以及降低SO₄²⁻浓度的预处理,仪器稳定运行6个月,SAs的去除率仅为10.8%(陈蕾和ZHOU, 2018)。

为了提高水体中抗生素的去除效果,学者研究了沉水植物-附着生物复合系统的去除效果。Dini-

收稿日期:2022-04-14 修回日期:2023-05-26

基金项目:国家自然科学基金面上项目(51779157);基于生态化学计量学的三峡水库典型支流食物网养分循环及驱动机制研究。

作者简介:龚洁,女,1981年生,副教授,博士,主要研究方向为水生态修复。E-mail: gongjie@wust.edu.cn

通信作者:朱利明。E-mail: aquazhulm@163.com

Andreote等(2015)发现,沉水植物为水体中微生物提供附着基质和栖息场所,形成生物膜,而植物-生物膜-水体交界面释放的 O_2 和有机质等,为微生物生长提供了适宜的微环境。沉水植物与微生物协同作用,可有效抑制水体中抗生素污染。朱利明(2020)研究表明,在SN降解的过程中,光解和沉水植物-附着生物复合系统共同发挥作用。Guo等(2008)使用了活性污泥与藻类共同处理一系列典型的头孢类抗生素,去除率超过90%,且发现将藻类作为预处理手段确实有助于降解效率的提高。当前使用沉水植物-附着生物复合系统去除水体中抗生素的研究还处于起步阶段,主要集中于研究沉水植物-附着生物复合系统对于抗生素的去除效果,尚未有沉水植物-附着生物复合系统对水体磺胺降解的贡献评估以及附着微生物定植演替规律的研究。因此,本文选择水生态修复中常用沉水植物苦草作为实验物种,研究在光解、沉水植物、附着生物以及沉水植物-附着生物复合系统4种不同条件下,SN的降解效果,并通过附着微生物的添加和去除,探究其在沉水植物苦草降解SN过程中的贡献以及附着微生物定植演替规律。

1 材料与方法

1.1 主要试剂和仪器

磺胺纯度 $\geq 99.8\%$,购于国药集团药业有限公司,其分子式为 $C_6H_8N_2O_2S$,25℃下水溶性为7.5 g/L;乙腈及磷酸购自中国伊诺凯公司,为色谱纯;其他化学药品均为分析纯。高效液相色谱为UltiMate3000(赛默飞,荷兰)。

1.2 实验材料

降解实验于2021年4-6月开展。苦草采集于湖北省武汉市东湖(水质基本情况如表1),带回实验室清洗干净,移栽于塑料箱(66 cm×48 cm×41 cm)进行预培养15 d。选取叶长约10 cm的苦草,再次将其表面附着藻类轻轻刷洗清除,移植到6 L的玻璃标本瓶中,以透明玻璃珠作为固定基质(直径为6 mm);每个标本瓶中种植10株苦草,再次进行预培养7 d(图1)。2次预培养的营养液均是以曝气自来水配置的10% Hoagland 营养液(Chang et al, 2019)。接种的附着生物来源于东湖采集的沉水植物和水底石块,将沉水植物和石块用软毛刷刷洗表面,刷洗液定容制备附着生物添加液;将附着生物添加液放置到50 mL离心管中,用磷酸盐缓冲液定容,再用液氮冷冻送检,测定附着微生物种类。

表1 武汉市东湖水质状况

Tab.1 Water quality parameters in East Lake of Wuhan city

水质指标	数值	水质指标	数值
水温/℃	25.00	硝氮/mg·L ⁻¹	0.15
溶解氧/mg·L ⁻¹	15.19	磷酸盐/mg·L ⁻¹	0.0064
pH	6.99	叶绿素/μg·L ⁻¹	0.33
总氮/mg·L ⁻¹	0.37	高锰酸盐/mg·L ⁻¹	3.69
总磷/mg·L ⁻¹	0.05	盐度	0.20
氨氮/mg·L ⁻¹	0.12	电导率/mS·cm ⁻¹	0.30

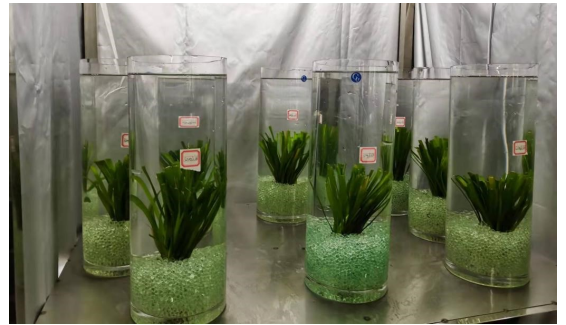


图1 实验装置示意

Fig.1 Schematic diagram of the experimental devices

1.3 苦草无菌苗的制备及验证

选取上述预培养的苦草,采用软牙刷和200 mL 无菌的Milli-Q水于培养皿(直径为15 cm)中对植物表面进行轻轻刷洗,重复5次;然后将苦草放置于大烧杯中,使用100 W的超声处理20 min,重复3次,每次重复更换Milli-Q水。选取最后一次大烧杯中的冲洗液接种到牛肉膏蛋白胨培养基中观察有无菌落产生。

高压灭菌处理后的牛肉膏蛋白胨培养基,经过48 h 预培养之后,无菌落生成(图2-a);接种去除附着生物的冲洗液,进行无菌验证。经过48 h的培养后,牛肉膏蛋白胨培养基上未发现明显菌落(图2-b)。

1.4 实验设计

1.4.1 SN去除实验 设置对照组P-V-(无附着生物,无苦草),和3个处理组P+V-(有附着生物,无苦草)、P-V+(无附着生物,有苦草)、P+V+(有附着生物,有苦草),实验容器为6 L的玻璃标本瓶,每个标本瓶中加入SN浓度为25 mg/L的营养液5 L,每组4个重复。分别种植10株长势相近、叶长约10 cm的无菌苦草于P-V+和P+V+处理组中,以透明玻璃珠作为固定基质(直径为6 mm);分别添加附着生物刷洗液500 mL于P+V-和P+V+处理组中。实验在室内环境中进行,室内温度为(30±2)℃,光照

强度为 4 000 lx,光照比为 12 h:12 h。实验周期为 13 d,每 2 d 测定水体 SN 浓度,并且在实验结束时,记录植物的叶长、根长、相对生长率(RGR)及水体中溶解氧(DO)的变化。

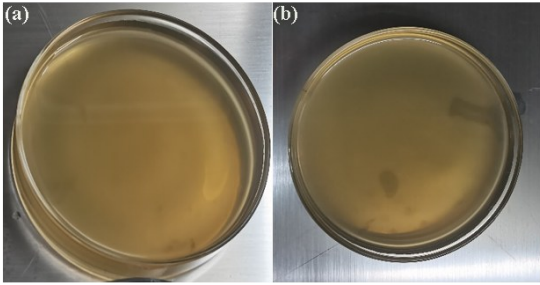


图 2 预培养 48 h 后(a)和接种冲洗液 48 h 后(b)的培养基
Fig.2 Medium after preculture for 48h (a) and after inoculation of rinse solution for 48h(b)

1.4.2 复合系统对 SN 降解的贡献评估 设置 2 个处理组,P-V+(无附着生物,有苦草)和 P+V+(有附着生物,有苦草),每个处理组 4 个重复。实验容器为 6 L 的玻璃标本瓶,每个标本瓶中加入 SN 浓度 25 mg/L 的营养液 5 L,分别种植 10 株长势相近、株长约 10 cm 的无菌苦草于 P-V+和 P+V+处理组中,添加附着生物刷洗液 500 mL 于 P+V+处理组中。实验在室内环境中进行,室内温度为(30±2)℃,光照强度为 4 000 lx,光照比为 12 h:12 h。实验周期为 13 d,每 2 d 测定水体 SN 浓度,每 3 d 超声分离苦草表面的附着微生物,将之放置到 50 mL 离心管中,用磷酸盐缓冲液定容,液氮冷冻送检,用 16S rDNA 高变区测序测定附着微生物种类。

1.5 指标测定

水温、溶解氧(DO)、酸碱度(pH)、盐度(SAL)以及电导率采用 YSI ProPlus 手持式多参数水质分析仪

测定。现场采集水样带到实验室测定总氮(TN)、总磷(TP)、氨氮(NH₄⁺-N)、硝氮(NO₃⁻-N)、磷酸盐、叶绿素和高锰酸盐。附着微生物种类采用 16S rDNA 高变区测序测定。

采用高效液相色谱法(HPLC)对 SN 进行检测,样品经玻璃标本瓶中取出,取 1 mL 过 0.22 μm 水系膜与 1.5 mL 进样瓶中 4 ℃避光保存,待测。色谱条件为:C18 分析柱(150 mm×4.6 mm, 5 μm);流动相:乙腈/磷酸=60:40(0.017 mol/L)混合后置于棕色瓶中,4 ℃冰箱保存;流速:1.0 mL/min;紫外检测波长:259 nm;柱温:40 ℃;自动进样量:10 μL。

相对生长率 R 的计算按照以下公式:

$$R = \frac{W - W_0}{W_0} \times 100\% \quad (1)$$

式中: W 为实验结束后(13 d)的苦草生物量(g), W_0 为实验初始阶段(0 d)的苦草生物量(g)。

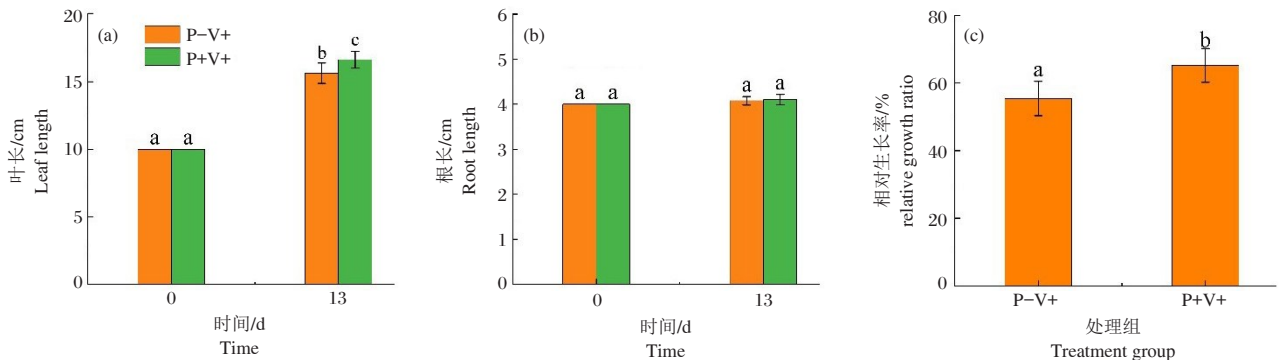
1.6 数据的统计分析

运用 EXCEL 2020 进行数据预处理,数据间的显著性差异采用单因素方差分析,用 SPSS19.0 软件进行分析,在进行方差分析前,对数据进行了方差齐性分析和正态分布分析,若方差齐性,选择 LSD 检验,反之使用 Dunnett's 检验($P < 0.05$)。所有数据以 Mean±SD 表示。所有作图使用 origin9.0 软件。

2 结果与分析

2.1 不同处理条件下苦草及水体指标的变化

在 SN 胁迫下,苦草生物学指标发生明显变化(图 3)。13 d 时,P+V+处理组的叶长显著大于 P-V+处理组($P < 0.05$)。由图 3 可以看出,P+V+处理组的苦草相对生长率显著大于 P-V+处理组($P < 0.05$)。



不同的字母表示两组之间具有显著性差异($P < 0.05$)

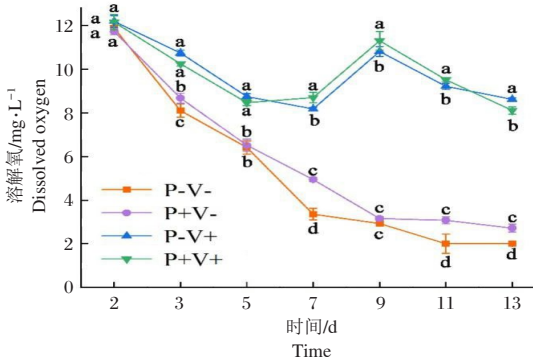
图 3 各处理组苦草的生物学指标变化

Different letters represent significant difference between treatments ($P < 0.05$)

Fig.3 Changes in the biological indices of *Vallisneria natans* in each treatment group

不同处理条件下各处理组DO的变化如图4。与第1天相比,13 d时各处理组DO显著降低($P<0.05$)。7、9、11、13 d时,P+V+和P-V+处理组DO存在着显著性差异($P<0.05$);7、11、13 d时,4个处理组DO存在着显著性差异($P<0.05$)。

在不同处理条件下,各处理组SN浓度发生明显变化(图5)。与第1天相比,13 d时各处理组SN浓度显著降低($P<0.05$)。3、5、13 d时,P+V+和P-V+处理组SN浓度无显著性差异($P>0.05$);7、9、11 d时,4个处理组SN浓度存在显著性差异($P<0.05$)。

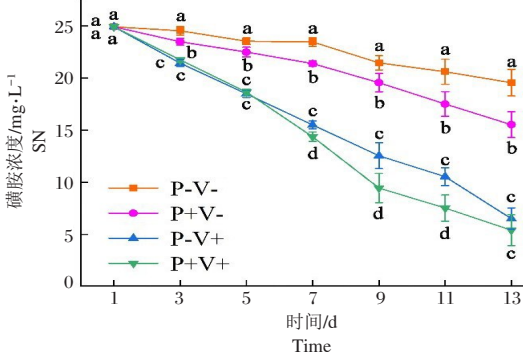


不同的字母表示两组之间具有显著性差异($P<0.05$)

图4 不同处理组水体溶解氧的变化

Different letters represent significant difference between treatments ($P<0.05$)

Fig.4 Variation of dissolved oxygen in different treatment groups



不同的字母表示两组之间具有显著性差异($P<0.05$)

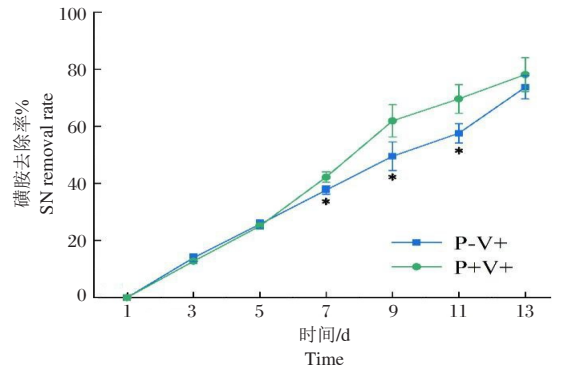
图5 不同处理条件下各处理组SN浓度的变化

Different letters represent significant difference between treatments ($P<0.05$)

Fig.5 SN concentration in the different treatment groups

2.2 复合系统对SN降解的贡献评估

苦草无菌苗及苦草-附着生物复合系统的SN去除率如图6。与第1天相比,13 d时各处理组SN去除率显著提高($P<0.05$)。7、9、11 d时P+V+处理组SN去除率显著大于P-V+处理组($P<0.05$),3、5、13 d时P+V+和P-V+处理组SN去除率无显著性差异($P>0.05$)。



不同的字母表示两组之间具有显著性差异($P<0.05$)

图6 不同处理条件下各处理组SN去除率

Different letters represent significant difference between treatments ($P<0.05$)

Fig.6 Removal rate of SN for different treatment groups

沉水植物和附着生物对SN降解的贡献率如表2。实验前5 d,沉水植物的贡献率为100%;7、9、11、13 d时,沉水植物的贡献率为89.26%、79.96%、82.68%、94.34%,附着生物的贡献率为10.74%、20.04%、17.32%、5.66%。

表2 沉水植物和附着生物对SN降解的贡献率

Tab.2 Contribution of *V. natans* and epiphytes to SN degradation

种类	贡献率/%						
	1 d	3 d	5 d	7 d	9 d	11 d	13 d
沉水植物	100	100	100	89.26	79.96	82.68	94.34
附着生物	0	0	0	10.74	20.04	17.32	5.66

附着生物的主要种类及相对丰度见表3。在整个演替过程中,处理组附着生物种群随着时间推移逐渐变化;0 d时,从毛单胞菌科、黄杆菌科和红环菌科相对丰度较高,为优势类群,而细胞弧菌科和腐螺旋菌科相对丰度较低(表3);在0~12 d时,黄杆菌科、红环菌科和嗜甲基菌科相对丰度逐渐降低;从毛单胞菌科、细胞弧菌科和腐螺旋菌科相对丰度逐渐增高,成为优势类群(图7)。

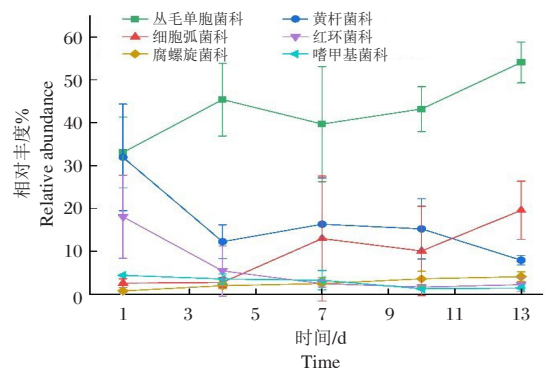


图7 附着微生物相对丰度变化

Fig.7 Relative abundance of epiphytic organisms

表 3 附着生物的主要种类及相对丰度

Tab.3 Primary species and relative abundance of epiphytes with additive solution

附着生物种类	相对丰度/%	
	0 d	12 d
丛毛单胞菌科 Comamonadaceae	31.95	54.18
黄杆菌科 Flavobacteriaceae	31.38	7.92
细胞弧菌科 Cellvibrionaceae	2.44	19.56
红环菌科 Rhodocyclaceae	18.38	2.19
鞘脂单胞菌 Sphingomonadaceae	1.25	3.34
假单胞菌科 Pseudomonadaceae	0.96	1.11
红杆菌科 Rhodobacteraceae	0.93	4.78
噬纤维细菌科 Cytophagaceae	1.10	3.81
腐螺旋菌科 Saprospiraceae	0.76	4.06
红螺菌科 Rhodospirillaceae	3.84	3.03
嗜甲基菌科 Methylophilaceae	4.39	1.43
生丝微菌科 Hyphomicrobiaceae	1.09	2.48
弯曲菌科 Campylobacteraceae	4.37	1.21
甲壳虫科 Chitinophagaceae	0.85	1.01
黄单胞菌科 Xanthomonadaceae	0.76	0.79
草酸杆菌科 Oxalobacteraceae	1.01	1.01
根瘤菌科 Rhizobiaceae	0.52	0.85
冷杉科 Cryomorphaceae	0.47	1.04
柄杆菌科 Caulobacteraceae	0.52	0.54
独角兽科 Solibacteraceae	0.34	0.72

3 讨论

3.1 附着生物对 SN 降解的贡献

本研究发现 SN 胁迫下, 相比较 P-V+ 处理组, P+V+ 处理组的苦草叶长和相对生长率显著增加 ($P < 0.05$) (图 3)。叶片是植物进行光合作用的重要场所, 在受到其胁迫时, 植物体内叶绿素酶活性受影响, 进而抑制或停止植物的光合作用, 影响植物生长 (Yao et al, 2017)。此外, Shahryari 等 (2018) 发现在降解有毒有机物时, 微生物是主要的贡献者之一; 微生物在特定环境下通过新陈代谢产生酶等物质, 直接或者间接修饰改变抗生素的结构从而使其失活。滕应等 (2021) 研究土壤中有有机复合污染物微生物组转化机制与调控原理, 发现在有机物水体中, 附着生物能够在植物的根系部位产生微生物膜进行保护, 在一定程度上降低对植物生长的毒害。因此, 在高浓度 SN 的胁迫下, P+V+ 处理组由于附着生物的存在, 可能会降解部分的 SN, 降低 SN 对于苦草的毒害作用, 从而减少对苦草生长的抑制。

3.2 复合系统对 SN 的降解效果及贡献

本研究发现不同处理条件下, 4 个处理组 DO 存在着显著性差异 ($P < 0.05$), P+V+ 和 P-V+ 处理组 DO 显著大于其余 2 个处理组 ($P < 0.05$) (图 4); 实验结束后相比较其他 3 个处理组, P+V+ 处理组 SN 浓度变化更加显著 ($P < 0.05$) (图 5)。荆玉妹等 (2022) 研究表明, 通过向水体中通入 O_2 增加水体中 DO 饱和度, 可提高水体的自净能力。付融冰等 (2008) 研究了连续流湿地中 DO、氧化还原电位 (ORP) 与植物根系分布的关系, 发现植物根系的释氧作用提高了根区的氧化能力, 使根系表面的 ORP 增加。Wan 等 (2020) 研究发现, 在无菌植物根系中添加降解菌后会减少植物对双酚 A (BPA) 降解效果; 此外在微生物和植物之间还存在相互促进作用, 共同降解污染物。刘太胜等 (2021) 研究发现狐尾藻-附着生物的复合系统相较于单独狐尾藻处理系统, 在处理水中的双酚 A (BPA) 方面具有很好的作用。由以上分析可知, P+V+ 处理组中的苦草由于光合作用不断产生 O_2 , 提升了水体中的 DO, 进而使水体中的 ORP 逐渐增加; 氧化降解 SN 的效果最好。本研究 P-V+ 处理组和 P+V+ 处理组 SN 去除率无显著性差异 ($P > 0.05$) (图 6); 13 d 时, 沉水植物的贡献率为 94.34%, 附着生物的贡献率为 5.66%。施文杰等 (2019) 研究表明, 植物会分泌蛋白质和脂肪酸提供给附着生物作为碳源利用, 减少了有机污染物对微生物的诱导, 进一步降低其对有机污染物的降解能力。另外, 高琦等 (2019) 研究发现, 附着生物的贡献率较低可能跟采集附着生物的环境有关, 采集水体中 SN 浓度很低, 并不利于具有高效 SN 降解能力的微生物群落的富集和生长, 导致对实验水体中 SN 的降解能力较低。Dini-Andreote 等 (2015) 研究发现环境微生物降解有机污染物的过程存在众多影响, 需要筛选出特异性微生物种类降解专门抗生素。本实验接种来自武汉市东湖的附着生物, 由于东湖水质良好 (表 1), 未能通过环境筛选出去除 SN 的特异性微生物, 在本实验初期的前 5 d, 附着生物在 SN 的胁迫下存在着“筛选”的过程; 才会出现 P-V+ 和 P+V+ 处理组 SN 去除率无显著性差异 ($P > 0.05$)。可见在降解 SN 的过程中, 苦草发挥着主要作用, 附着生物起到次要作用。

在 SN 的胁迫下, 丛毛单胞菌科、细胞弧菌科和腐螺旋菌科具有较强耐受性, 逐渐成为优势类群 (图 7)。王乔等 (2020) 研究发现鞣醌丛毛单胞菌促进 PAHs 降解, 使羊草根际细菌丰富度、多样性以及细菌与 PAHs 的相关性发生改变, 并且提高了羊草根际

PAHs的降解潜力。邱广斌等(2013)研究发现弧菌科细菌对江水中的药物残留具有很好的耐受性。本研究对后期研究附着生物的定植演替规律和群落结构特征以及应用“沉水植物-附着生物复合系统”治理抗生素污染水体提供理论支撑。

参考文献

陈蕾, ZHOU George(Zhi), 2018. 污水中抗生素抗菌菌及抗性基因的去技术[J]. 生态环境学报, 27(11): 2163-2169.

付融冰, 朱宜平, 杨海真, 等, 2008. 连续流湿地中DO、ORP状况及与植物根系分布的关系[J]. 环境科学学报, (10): 2036-2041.

高琦, 倪晋仁, 赵先富, 等, 2019. 金沙江典型河段浮游藻类群落结构及影响因素研究[J]. 北京大学学报: 自然科学版, 55(3): 178-186.

谷娇, 韩燕青, 何虎, 等, 2021. 淡水贝类河蚬对沉水植物苦草生长的影响[J]. 生态学杂志, 40(5): 1512-1520.

刘太胜, 姜运林, 蒋宇霞, 等, 2021. 烷基酚和双酚A的生物毒性及藻类降解研究进展[J]. 广东化工, 48(15): 146-148, 126.

荆玉姝, 牟润芝, 姜怡名, 等, 2022. 曝气精确控制实现污水处理厂节能降耗的应用[J]. 环境工程, 40(5): 141-145, 165.

邱广斌, 徐宏亮, 翟如波, 等, 2013. 鸭绿江江水中不同季节弧菌科细菌分布及耐药情况分析[J]. 临床军医杂志, 41(4): 398-399, 401.

施文杰, 王长友, 杨锐, 2019. 诺氟沙星对盐生杜氏藻、新月菱形藻和小球藻的生态毒性效应[J]. 海洋环境科学, 38(1): 1-6.

滕应, 王笑咪, 韩玉娟, 等, 2021. 土壤中有机复合污染物微生物组转化机制与调控原理: 进展与展望[J]. 土壤学报, 58(5): 1084-1093.

王乔, 郑瑞, 孙学婷, 等, 2020. 睾酮酮丛毛单胞菌对羊草根际土壤PAHs降解及细菌群落结构的影响[J]. 生物工程学报, 36(12): 2657-2673.

王宇, 孙嘉蕾, 韩雪, 2020. 嗜冷菌的嗜冷机制及其应用研究进展[J]. 食品研究与开发, 41(12): 196-201.

张航俊, 张晓丽, 阮鑫, 等, 2021. 高效液相色谱-串联质谱法研究猪组织中磺胺间甲氧嘧啶和磺胺二甲嘧啶的消除规律[J]. 食品安全质量检测学报, 12(12): 4838-4844.

朱利明, 2020. 苦草(*Vallisneria natans*(Lour.)Hara)对水体磺胺的去除机理研究[D]. 上海: 上海海洋大学.

Abu-Alsoud G F, Bottaro C S, 2020. Porous thin-film molecularly imprinted polymer device for simultaneous determi-

nation of phenol, alkylphenol and chlorophenol compounds in water - ScienceDirect[J]. Talanta, 223: 121727.

Chang G, Yue B, Gao T, et al, 2019. Phytoremediation of phenol by *Hydrilla verticillata* (L.f.)Royle and associated effects on physiological parameters[J]. Journal of Hazardous Materials, 388: 121569.

Cxh A, Uh A, Sfa B, et al, 2019. Antibiotic microbial resistance (AMR) removal efficiencies by conventional and advanced wastewater treatment processes: A review[J]. Science of The Total Environment, 685: 596-608.

Dini-Andreote F, Stegen J C, Elsas J V, et al, 2015. Disentangling mechanisms that mediate the balance between stochastic and deterministic processes in microbial succession [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 112(11):1326-1332.

Guo W, Mani S A, Liao M J, et al, 2008. The epithelial-mesenchymal transition generates cells with properties of stem cells.[J]. Cell, 133(4):704-715.

Juliana, Polloni-Silva, Ana, et al, 2017. Remediation efficiency of three treatments on water polluted with endocrine disruptors: Assessment by means of in vitro techniques[J]. Chemosphere. DOI:10.1016/j.chemosphere.2017.01.029.

Machado M D, Soares E V, 2019. Impact of erythromycin on a non-target organism: Cellular effects on the freshwater microalga *Pseudokirchneriella subcapitata*[J]. Aquatic Toxicology, 208: 179-186.

Preiner S, Dai Y, Pucher M, et al, 2020. Effects of macrophytes on ecosystem metabolism and net nutrient uptake in a groundwater fed lowland river[J]. Science of The Total Environment, 721: 137620.

Shahryari S, Zahir H S, Ghasem Z, et al, 2018. High phenol degradation capacity of a newly characterized *Acinetobacter* sp. SA01: Bacterial cell viability and membrane impairment in respect to the phenol toxicity[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 164: 455-466.

Wan D, Wang H, Pozdnyako V I P, et al, 2020. Formation and enhanced photodegradation of chlorinated derivatives of bisphenol A in wastewater treatment plant effluent[J]. Water Research, 184: 116002.

Yao L L, Wang Y X, Tong L, et al, 2017. Occurrence and risk assessment of antibiotics in surface water and groundwater from different depths of aquifers: A case study at Jianghan Plain, central China[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 135: 236-242.

Sulfonamide Degradation in Water by the *Vallisneria natans*-epiphyte Complex

GONG Jie¹, HAO Sen-jian¹, LU Chuan³, FENG Li-hui⁴, ZOU Xi², ZHU Li-ming²

(1. School of Resources and Environmental Engineering, Wuhan University of Science and Technology, Wuhan 430081, P.R. China;

2. Key Laboratory of Ecological Impacts of Hydraulic-Projects and Restoration of Aquatic Ecosystem of Ministry of Water Resources, Institute of Hydroecology, Ministry of Water Resources & Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430079, P.R. China;

3. China Bao Wu Stell Group Corporation Limited, Wuhan Iron and Steel Company Limited Ironmaking Branch, Wuhan 430080, P.R. China;

4. CCCC Second Harbor Engineering Company Ltd., Wuhan 430000, P.R. China)

Abstract: Extensive application of sulfonamides (SAs) in the aquaculture industry has increased residual SAs in natural waters and damaged aquatic ecosystems. In this study, the submerged plant *Vallisneria natans* was selected for study and we explored the degradation of sulfonamide (SN) by the *V. natans*-epiphyte complex and analyzed the relative contributions of *V. natans* and epiphytes by adding and removing epiphytes. *V. natans* and the epiphytes for the experiment were collected from East Lake of Wuhan City, and four treatments were set: P-V- (no epiphytes, no *V. natans*), P+V- (epiphytes, no *V. natans*), P-V+ (no epiphytes, *V. natans*) and P+V+ (epiphytes, *V. natans*). The experiment was conducted in glass bottles with 5L of water at a SN concentration of 25 mg/L, with four repetitions of each treatment. Ten *V. natans*, with leaf length of 10 cm were planted in each P-V+ and P+V+ trial. The test duration as 13 d, and the SN concentration and DO of each treatment was determined every two days. Leaf length, root length and the relative growth rate of *V. natans* were recorded at the end of the experiment. SN degradation was most complete in the P+V+ treatment group with a decrease from 25 mg/L to 5.4 mg/L (78.4% removal) and *V. natans* contributed 94.34% to SN degradation, while epiphytes contributed only 5.66%. Comamonadaceae, Cellvibrionaceae and Saprospiraceae were the dominant epiphyte groups in the P+V+ treatment group. These results improve our understanding of SN degradation by the *V. natans*-epiphyte complex, clarify the relative contributions of *V. natans* and epiphytes and provide data on colonization succession and epiphyte community structure, and on the application of submerged macrophyte-epiphyte complexes for removal of antibiotics from aquatic ecosystems.

Key words: epiphytic bacteria; sulfonamide; *Vallisneria natans*; compound system; contribution assessment; degradation