安徽农业大学学报, 2026, 53(4): 652-662
Journal of Anhui Agricultural University [DOI] 10.13610/j.cnki.1672-352x.20260918.001

余 丽，吴 悦，门万江，等. 水生植物耦合微生物去除抗生素的协同机制与应用进展[J]. 安徽农业大学学报, 2026, 53(4): 652-662.
Yu Li, Wu Yue, Men Wanjiang, et al. Synergistic mechanisms and application progress in antibiotic removal by aquatic plant–microorganism coupled systems[J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2026, 53(4): 652-662.

# 水生植物耦合微生物去除抗生素的协同机制与应用进展

余 丽[1,2,3]，吴 悦[1,2]，门万江[1,2]，杨厚云[1,2]，周戎星[1,2]，黄显怀[1,2*]，
张 琦[1,2]，孔九雨[1,2]，张子路[1,2]，华诗焓[1,2]，屠悦悦[1,2]

(1. 安徽建筑大学环境与能源工程学院，安徽 合肥 230601；2. 安徽省环境污染控制与资源化重点实验室，安徽 合肥 230601；3. 河海大学水灾害防御全国重点实验室，江苏 南京 210098)

**摘 要:**【意义】抗生素作为新兴污染物在水环境中被频繁检出，其低浓度、复合型及长期存在对生态系统和人体健康构成潜在风险，亟需开发高效、稳定且生态安全的去除技术。【进展】传统物理、化学及单一植物或生物处理技术在实际应用中存在运行成本高、稳定性不足或难以兼顾抗性风险控制等局限。水生植物-微生物互作体系通过植物吸收富集、根际滞留及微生物代谢转化的协同作用，为水体抗生素污染治理提供了可持续的解决方案。本文结合水体抗生素污染现状，系统综述了水生植物-微生物复合体系的构成及其协同去除抗生素的作用机制，并总结了该体系在湖泊、水库、河道修复等场景中对不同种类抗生素的去除效能与应用特征。【展望】现有研究表明，该体系对低浓度、长期暴露的抗生素污染具有良好的削减能力与运行稳定性，可为抗生素污染水体的生态修复与工程化应用提供技术支撑与实践参考。

**关键词:** 抗生素去除；水生植物；微生物；协同机制；生态修复
**中图分类号:** X17；X173 **文献标志码:** A **文章编号:** 1672–352X (2026)04–0652–11

## Synergistic mechanisms and application progress in antibiotic removal by aquatic plant–microorganism coupled systems

Yu Li[1,2,3], Wu Yue[1,2], Men Wanjiang[1,2], Yang Houyun[1,2], Zhou Rongxing[1,2], Huang Xianhuai[1,2], Zhang Qi[1,2], Kong Jiuyu[1,2], Zhang Zilu[1,2], Hua Shihan[1,2], Tu Yueyue[1,2]

(1. School of Environment and Energy Engineering, Anhui Jianzhu University, Hefei 230601, China; 2. Anhui Provincial Key Laboratory of Environmental Pollution Control and Resource Reuse, Hefei 230601, China; 3. State Key Laboratory of Water Disaster Prevention, Hohai University, Nanjing 210098, China)

**Abstract: [Significance]** Antibiotics, as emerging contaminants, are frequently detected in aquatic environments. Their low concentrations, complex mixtures, and persistent presence pose potential risks to ecosystems and human health. There is an urgent need to develop removal technologies that are efficient, stable, and ecologically safe. **[Progress]** Conventional physical, chemical, and single plant- or microbial-based treatment methods have limitations in practical applications, such as high operational costs, insufficient stability, or inadequate control of resistance risks. In contrast, aquatic plant–microorganism coupled systems provide a sustainable solution for remediating antibiotic-contaminated water bodies through the synergistic actions of plant uptake and accumulation, rhizosphere retention, and microbial metabolic transformation. Based on the current status of antibiotic pollution in aquatic environments, this review systematically summarizes the composition of aquatic plant–microorganism coupled systems and their synergistic mechanisms for antibiotic removal. Furthermore, it reviews the removal efficiency and

**收稿日期:** 2026-03-24；**录用日期:** 2026-05-13；**网络出版日期:** 2026-09-20
**基金项目:** 水灾害防御全国重点实验室“一带一路”水与可持续发展科技基金面上项目（2023491411）；国家自然科学基金青年科学基金项目（41601203，52409001）；国家重点研发计划项目（2023YFC3205705）；产学研项目（HYB20250192）；科技创新平台重大科技项目（S202305a12020039）；安徽省大学生创新创业训练项目（S202510878097，S202510878088）；安徽建筑大学大学生创新创业训练项目（J202510878238）
**作者简介:** 余 丽，博士，副教授， E-mail：yxy514@ahjzu.edu.cn
* **通信作者:** 黄显怀，博士，教授，博士生导师，E-mail：huangxh@ahjzu.edu.cn

application characteristics of these systems for different types of antibiotics across various scenarios, including lakes, reservoirs, and rivers. **[Prospect]** Numerous studies have demonstrated that these systems exhibit promising removal capacity and operational stability under long-term exposure to low concentration antibiotics, providing technical support and practical guidance for optimizing and engineering ecological remediation technologies for antibiotic-contaminated water bodies.

**Keywords:** antibiotic removal; aquatic plants; microorganisms; synergistic mechanism; ecological remediation

抗生素是一类具有抑菌或杀菌作用的生物活性物质，广泛用于临床治疗、畜禽养殖、水产养殖及农业生产等领域[1]。随着生产和使用规模不断扩大，抗生素在水环境中的残留问题日益突出[2-3]。研究显示，30%～90%的抗生素以原形或活性代谢物的形式随尿液和粪便排出[4]，后经生活污水、农业径流及养殖尾水等途径汇入天然水体，在河流、湖泊和地下水中普遍存在且频繁检出[3]。目前，环境中检出的抗生素主要包括磺胺类、四环素类、喹诺酮类和大环内酯类[1,5]，它们在不同水体中的残留水平有所差异。总体上，地表水中抗生素浓度多处于 0.1～1 000 ng·L$^{-1}$ [6]，地下水中则多为 0.02～612 ng·L$^{-1}$ [7]；而在排污输入较强或人类活动干扰较明显的区域，其浓度显著升高[8]。长江流域江苏段、黄河干流及海河流域地表水中均检出了磺胺类（如磺胺甲噁唑）、喹诺酮类（如氧氟沙星、环丙沙星、诺氟沙星）、四环素类（如四环素、土霉素）及大环内酯类（如红霉素、罗红霉素、克拉霉素）等多类抗生素[7-9]；太湖、巢湖、洪湖、洞庭湖和南四湖等湖泊中也检测到磺胺甲噁唑、土霉素和诺氟沙星等抗生素[10-11]；部分地区地下水中亦有喹诺酮类、四环素类和磺胺类抗生素残留[12]。可见，抗生素污染已成为我国水体面临的重要环境问题[13]。

抗生素进入环境后，不仅可在水体中持续残留，还可在水体-沉积物体系间发生迁移、分配与再释放[14]。沉积物既是污染物的重要汇，也是潜在的二次污染源[15]；因此，抗生素在两相体系中的累积与交换会延长其环境暴露时间[1]，并加剧潜在生态风险。已有研究指出，即使环境中抗生素浓度较低，长期低剂量暴露仍可能干扰藻类、浮游动物和鱼类等水生生物的生理活动[16-17]，并改变微生物群落结构[18]；更重要的是，持续存在的抗生素可对微生物群落施加选择压力，促进耐药菌和抗生素抗性基因（Antibiotic Resistance Genes，ARGs）的富集与传播[19]，增加生态风险和环境健康隐患。因此，水体中抗生素去除已成为水环境治理亟需解决的难题。

在抗生素污染治理领域，吸附、高级氧化及传统生物处理等方法已被广泛研究并应用于水体中抗生素的去除[20-22]。尽管上述技术在实验或工程条件下可实现一定的去除效果，但在实际水体低浓度、多组分共存及环境条件波动等复杂背景下，其处理效能与运行稳定性仍存在局限[23]。此外，部分高强度处理技术能耗较高或运行成本较大，难以在大尺度自然水体中长期应用[20]。因此，依托自然生态过程、运行条件相对温和的修复方式逐渐受到关注。水生植物-微生物复合体系可在根际微域形成相对稳定的微环境：植物通过吸附、富集及体内转运等过程参与抗生素的去除，降低其生物有效性[24]；微生物则主要通过代谢或共代谢作用实现抗生素的结构转化[25]。二者在根际微域通过物质交换和功能互补形成协同作用[26]，使该体系在长期低浓度抗生素暴露下表现出良好的削减能力和环境适应性。目前，该技术已在人工湿地、生态浮床及河湖原位修复等实践中逐步得到应用[27]。

尽管已有研究从植物吸收、微生物转化及工程运行等角度探讨了抗生素的去除过程，但现有成果多集中于单一机制或特定应用场景，缺乏对水生植物-微生物复合系统结构特征、相互作用及应用效果的系统梳理[20,22,25]。基于此，本文综述了水体抗生素污染现状、水生植物-微生物复合体系的组成特征、作用机制及其应用进展，并对未来研究方向进行展望，以期为水环境中抗生素去除的相关研究与工程实践提供理论依据。

## 1　水体中抗生素的污染现状及危害

### 1.1　水体中抗生素的污染现状

抗生素作为一类新兴的污染物，已在多种水体环境中被广泛检出，其环境残留问题逐渐引起关注[28-30]。抗生素进入水环境的途径主要包括点源排放和面源输入两类[28,31]。其中，城镇污水处理厂出水以及制药和相关工业排污口是抗生素的重要点源[32]；农业径流、畜禽养殖废水渗滤及水产养殖排水等则构成其主要的面源输入途径[29,33]。此外，过期或剩余药物的不规范处置可经生活污水排入水体，增加了抗生素的环境输入负荷[32]。

目前，我国水体中已检测出近 80 种抗生素，主要包括磺胺类、四环素类、喹诺酮类和大环内酯类[29,34-35]。地表水、地下水及近岸海域均有不同程

度检出[36]，且不同水体类型间抗生素污染水平差异显著[30]。我国河流和湖泊中多数抗生素浓度低于 100 ng·L$^{-1}$，但在部分流域和湖泊中可达数百 ng·L$^{-1}$，甚至达到 μg·L$^{-1}$ 量级[37]。Xi 等[38]在洪泽湖流域城乡河网的野外监测中发现，河流水体中抗生素总浓度最高为 85.87 ng·L$^{-1}$，检出种类以喹诺酮类和四环素类为主。与地表水相比，地下水中抗生素浓度总体较低，但在浅层地下水中仍可普遍检出，部分地区检出率较高[39]。受农业活动和污水渗漏影响，局部地下水中抗生素浓度可超过 1 000 ng·L$^{-1}$，我国浅层地下水也呈现相似特征[40]。此外，近海及海岸带水体中抗生素浓度整体低于河流，但在河口及水产养殖区显著升高[41]。总体而言，河流和近岸水体是抗生素污染的高风险区域[34]；湖泊因水体交换周期长存在累积效应；地下水虽浓度较低但污染范围广泛，其潜在生态风险亦需进一步关注[42]。

抗生素进入水体后，可随水相迁移扩散，并在水体与沉积物之间迁移和分配，其环境行为受水动力条件、水化学特征及抗生素自身理化性质等多种因素共同影响[43]。部分抗生素分子含有羧基、氨基等可电离官能团，易与沉积物中的有机质或矿物颗粒发生相互作用，并通过吸附作用在底泥中蓄积，使沉积物成为抗生素的重要汇[44]。在环境转化过程中，抗生素可发生水解、光解等非生物转化反应，其转化速率受光照条件、pH 及水体透明度等因素影响[45]；同时，抗生素也可在微生物作用下发生生物降解，但其在自然水体中的降解过程通常较为缓慢[46]，且可能生成具有一定生物活性的中间产物[47]。尽管部分抗生素在环境中具有一定的可降解性，但在持续排放和反复输入的背景下，仍可在水环境中长期检出，并通过水体-沉积物间的动态交换产生累积效应，延长其环境滞留时间并增加潜在生态风险[43]。

### 1.2 危害

水体中抗生素的持续存在可能对水生态系统的结构与功能产生多重影响[17,48]。在特定浓度和暴露时间下，部分抗生素可对多类水生生物（如藻类、浮游动物、底栖无脊椎动物及鱼类）产生急性或慢性毒性效应，主要表现为生长受抑、繁殖能力下降、生理代谢异常及行为改变[48-50]。这些效应通过影响个体适应性，进而改变水生生物群落组成并影响生态系统稳定性[48]。

相较于生态毒性效应，抗生素在水环境中的风险还体现在对微生物群落结构和功能的影响[17,48]。水体中残留的抗生素会形成选择压力，促使耐药菌富集，并推动 ARGs 在群落间传播[17,48]。因此，水环境不仅是抗生素残留的重要受纳体，也是 ARGs 扩散和传播的重要载体，从而增加了耐药性在环境中的滞留时间和扩散范围[51]。

此外，抗生素残留还会对人体健康造成直接威胁。部分抗生素在水体中具有一定稳定性，难以完全降解，若经饮用水等途径进入人体，可能干扰肠道微生物平衡，并诱发过敏反应或产生潜在慢性毒性[52]。长期低剂量暴露虽不易察觉，但其健康影响具有累积性，且难以依靠自然代谢过程消除[17]。

除生态毒性、耐药性传播及人体健康风险外，抗生素污染还通过损害生态功能和增加治理成本等途径造成潜在经济负担。尽管目前针对水体抗生素污染直接经济损失的定量评估仍相对有限，但其间接影响不容忽视。抗生素可对藻类、浮游动物、底栖无脊椎动物和鱼类等水生生物的生长、繁殖及生理代谢产生不利影响，进而削弱水生态系统服务功能，影响渔业养殖、水资源利用和景观水体维护[48-50]。同时，抗生素的持久性残留及其诱导的耐药性风险也会增加后续监测、风险评估和污染治理的投入[17,48,51]。因此，加强水体抗生素污染的控制与去除具有重要现实意义。

## 2 水生植物与微生物耦合去除抗生素优势

### 2.1 传统抗生素污染修复技术的局限性

针对水体中抗生素污染问题，近年来已研发出多种修复与去除技术，主要包括物理法、化学法及传统生物法等[53]。物理法（如吸附、膜分离等）具有操作简单、去除效率较高等特点，但往往存在运行成本高、材料再生困难及易产生二次污染等问题[54]；化学法（如高级氧化、臭氧氧化、芬顿/类芬顿、光催化、电化学氧化及电絮凝等）虽可实现抗生素的快速降解，但在实际应用中常面临能耗较高、反应条件苛刻及可能生成具有生态毒性的副产物等局限[55]。传统生物法的去除效果受工艺参数、水质条件及环境因素显著影响，在处理低浓度但组分复杂的混合抗生素废水时，其稳定性和适用性仍存在局限[53,56]。总体而言，现有技术虽在一定程度上实现了抗生素的去除，但在实际水环境应用中仍面临诸多挑战。一方面，环境中抗生素多以低浓度、长期暴露和多组分共存的形式存在[56]，增加了去除过程的复杂性；另一方面，部分技术难以同步控制抗生素抗性基因和耐药菌的传播风险，且部分工艺在降解过程中会改变抗生素的赋存形态与转化路径，并形成需进一步评估生态风险中间产物[55]。因此，

开发兼具高效性、稳定性和生态安全性的抗生素污染控制技术，仍是当前水环境治理研究的重要方向。

### 2.2　水生植物−微生物耦合修复体系的原理与优势

水生植物-微生物修复体系是一种基于生态过程的污染控制技术，其核心在于构建由水生植物、植物根系及其附着微生物共同组成的复合生态单元，通过多路径协同实现污染物的去除[57]。在该体系中，一方面，水生植物不仅可通过吸收、富集等方式直接参与抗生素的去除[58]，还可通过根系分泌物为微生物提供碳源和能量，促进根际微生物的生长与代谢活性[59]；植物根系为微生物提供了良好的附着界面和相对稳定的微环境，有利于形成结构复杂、功能多样的微生物群落[60]。另一方面，根际微生物通过多种代谢途径参与抗生素的转化与降解[57,61]，并可通过促进植物生长、增强体系耐受性，有效提升系统整体稳定性[61]。此外，植物-微生物相互作用能够调控根际微域的氧化还原状态和营养物质分布，进一步增强抗生素去除过程的持续性[60]。

相较于单一修复技术，水生植物-微生物复合体系在低浓度复合抗生素污染治理中表现出较好的应用潜力。该体系主要依托自然生态过程运行，外部能量与化学试剂投入较少，运行成本较低，且环境友好性较强[62]。同时，植物与微生物之间的协同作用不仅能够提升抗生素去除过程的稳定性，对抗生素抗性基因及耐药菌也具有一定的控制能力[62-63]。因此，水生植物-微生物修复体系为水体抗生素污染的生态治理提供了较具可持续性的技术路径。

## 3　水生植物-微生物复合体系的组成与特征

### 3.1　水生植物：结构支撑与根际微环境构建

在水生植物-微生物复合体系中，水生植物是构建稳定生态单元的基础组成部分[57,64]。现有研究常用的水生植物主要包括挺水植物和沉水植物两类[65]。例如，芦苇、香蒲、美人蕉等挺水植物及狐尾藻等沉水植物已广泛应用于抗生素污染水体修复研究[62,64-66]。不同类型植物在根系形态、空间分布方式及附着生物膜发育特征方面存在差异，因此在复合体系中发挥的结构支撑和界面调控作用亦不相同[65]。在生理特性方面，水生植物在生长过程中通过根系泌氧和蒸腾作用改善根际微环境的氧化还原条件，促进多种微生物代谢过程的协同进行[67-68]。在抗生素胁迫条件下，部分水生植物可通过根系吸收或表面吸附参与污染物的去除，并表现出一定的耐受能力[58,66,69]。挺水植物、沉水植物和漂浮植物由于根系结构、微生物附着界面及与水体接触方式不同，在抗生素吸附、生物膜协同去除及胁迫响应方面表现出明显差异。因此，功能植物的选择除考虑生长特性与根系结构外，还需兼顾水生植物对抗生素的吸收能力和胁迫适应能力[58]。

### 3.2　微生物：群落结构与代谢降解

微生物是水生植物耦合体系中实现抗生素转化与降解的关键功能单元，其中植物根际微生物发挥着尤为重要的作用[61,70]。根际微生物群落通常由周围水体、基质（或沉积物）中的微生物库与植物选择作用共同塑造，在植物定植和生长过程中逐渐在根表及根际微域富集，形成相对稳定群落结构[71]。根际微域可富集多种具有抗生素降解潜力的功能菌群，如假单胞菌属、芽孢杆菌属、鞘脂单胞菌属等[71]。这些菌群在根际微域长期共存，构成具有一定功能潜力和适应能力的复合微生物群落[70-71]，并与水生植物协同作用以提高抗生素去除效率，维持体系运行的稳定性[61,70-71]。除影响群落组成外，根际微生物还是抗生素代谢转化和生物降解的重要功能主体[57]。不同功能菌群可通过氧化、还原、水解及共代谢等途径参与抗生素分子结构的转化[13]，降低其生物活性和环境风险。植物根系分泌物提供的碳源和能量有助于增强微生物代谢活性，并促进具有抗生素转化潜力的功能菌群富集[72]，从而提升体系对抗生素的持续去除能力。

### 3.3　根际微域：界面环境调控与物质转化

根际微域是水生植物-微生物复合体系中由植物根系与微生物协同构建的功能界面[68]。植物根系活动可在根际微域形成明显的氧浓度梯度、pH 波动及营养物质分布差异，从而形成高度异质的微环境[60]。在生长过程中，植物根系持续释放糖类、有机酸、氨基酸等分泌物，这些物质在根际微域累积并参与微环境的形成，为微生物的定植和群落演替提供必要的物质基础[68,73]。同时，根系分泌物的组成和释放强度在一定程度上调控根际微生物的群落结构，使该区域成为微生物高度聚集且结构相对稳定的界面单元[60,68]。根际微域通过整合植物根系活动与微生物空间分布，将植物与微生物群落耦合为统一的生态功能系统，是水生植物-微生物体系中物质交换与能量流动最为活跃的关键区域[68]。该界面的稳定存在有助于增强抗生素在界面处的富集，并促进其后续的微生物转化过程。

## 4　水生植物-微生物复合体系去除抗生素机制

### 4.1　水生植物的吸收、转运与代谢

水生植物通过组织吸收、体内转运和代谢转化

参与抗生素的有效去除[58]。水生植物发达的根系结构能够扩大与抗生素的接触界面，促进其在根际微域的截留与富集，为后续吸收和转运创造条件[72]；其吸收效率受分子大小、疏水性、电荷特征以及植物种类和生理状态等因素共同影响[74]。Hijosa-Valsero 等[75]比较了不同类型人工湿地对城市污水中抗生素的去除效果，发现种植水生植物的人工湿地对红霉素、磺胺甲噁唑等抗生素的去除效果优于无植物系统。此外，抗生素在植物体内的迁移富集并非仅局限于根系，其在茎、叶等组织中的分布与转运过程同样对抗生素的降解起重要作用[58,74]。茎叶表面附着的生物膜还可作为微生物作用界面，进一步促进抗生素的生物转化与去除[58,66]。除吸收与转运外，植物体内的酶促转化过程同样影响抗生素的环境归趋[58]。过氧化物酶、漆酶等植物酶可通过氧化反应或官能团修饰改变抗生素分子结构，从而降低其生物活性和环境毒性[76]。与此同时，植物根系形成的根际环境能够富集大量微生物，这些微生物通过代谢活动和酶促反应对抗生素进行生物降解或转化[61,72]；植物根系在生长过程中持续释放糖类、有机酸和氨基酸等分泌物[59]，为微生物提供碳源和能量，并调控根际微生物群落结构，促进微生物生长及代谢活动，进一步增强抗生素的去除效率[77]。尽管植物对抗生素的完全矿化能力有限，但通过吸收、转运与代谢转化等一系列过程[62,66,74]，水生植物仍可在一定程度上降低抗生素在水体中的生物有效性，并为后续微生物降解提供有利条件[58,78]。

### 4.2 微生物的代谢转化与生物降解

微生物是抗生素降解的主导力量，其通过代谢降解、共代谢及群落结构调节等途径促进抗生素结构转化，该生化过程是耦合体系中实现抗生素去除的核心环节[78]。在该体系中，抗生素的微生物降解主要发生于植物根际及其附着生物膜内；该区域通常具有较高的微生物丰度和代谢活性，有利于抗生素的生物转化[72]。Wang 等[61]在人工湿地系统中发现，变形菌门和放线菌门为主要功能类群，这些菌群可通过氧化、脱羧和羟基化等反应参与多类抗生素的降解。此外，植物根系分泌物的持续释放会促进根际微生物群落不断演替，并逐渐富集具有抗生素转化潜力的功能菌群[71]。Tong 等[79]通过模拟根系分泌物输入，发现根系分泌物可作为外源碳源和能源，调节抗生素胁迫下微生物群落的结构与功能响应，改变根际微生物对抗生素的适应及转化过程。

微生物可通过代谢或共代谢作用参与抗生素的转化与降解。在一定条件下，部分抗生素被微生物摄取后，可发生官能团修饰、侧链断裂或结构重排，形成转化产物[61,78]。该过程主要表现为抗生素分子结构的改变，属于代谢转化。在此基础上，抗生素还可在多种微生物及其酶系的共同作用下进一步分解，从而降低环境残留水平；当分解过程持续推进并趋于小分子化甚至矿化时，则称为生物降解。水解酶、氧化酶和还原酶等可作用于抗生素分子的特定化学键或官能团，引起结构修饰、活性基团转化或部分断裂，从而改变其理化性质和生物活性。由于不同微生物类群在酶系组成、反应路径及降解能力方面存在差异，抗生素在环境中的去除通常依赖多类微生物的连续作用及功能互补[78]。

此外，微生物群落结构变化及 ARGs 动态也会影响体系的抗生素去除效果。湿地植物、基质类型、湿地构型及水力条件等环境因子，均可通过调节微生物群落组成和功能菌群分布，进一步影响抗生素去除过程及 ARGs 富集水平[61]。Man 等[71]发现，磺胺类抗生素输入会降低系统微生物多样性，并抑制与硫循环、氮循环相关的功能菌群；而水生植物的存在可改变细菌群落结构，提高根际微生物对磺胺胁迫的耐受能力，从而增强根际群落稳定性。另有研究发现，种植湿地植物后，根际及近根际微域中耐药基因的相对丰度低于无植物系统[77]；同时，溶解氧和溶解性有机碳还可通过影响抗生素浓度、微生物群落及整合子丰度，共同调节 ARGs 分布[74]。与单一微生物修复体系相比，水生植物-微生物耦合体系的群落结构更复杂，功能多样性更高，在环境波动和抗生素胁迫条件下更易维持稳定的去除能力。

### 4.3 水生植物与微生物的协同作用

在复杂的水环境中，水生植物与微生物之间形成了物质交换、信号互作与代谢互补的协同网络，从而提高了抗生素去除效率和系统稳定性[79]。一方面，水生植物通过调控根际微域促进微生物代谢，以增强抗生素的生物降解或转化能力[74]。水生植物根系持续释放低分子有机碳源，为微生物代谢活动提供必要的能量支持，强化共代谢作用[74,80]；同时通过调节根际 pH、氧化还原电位及微生物群落结构，影响抗生素的生物可利用性与转化途径。植物对抗生素的吸附与固定作用降低了其生物有效性与毒性水平，减轻了根际微生物的暴露水平，为微生物的长期代谢转化提供了稳定的环境基础[71]。另一方面，微生物通过缓解污染胁迫、改善根际营养与生长条件，间接维持植物的吸收与转化能力[81]。微生物对抗生素的持续转化降低了其在根际微域的累

积程度，减轻了抗生素对植物根系的毒性效应，有利于维持根系结构与吸收功能的稳定[71,82]；部分根际微生物还可通过改善养分供给、产生促生代谢物及调节植物激素相关过程，促进根系生长并增强植物对环境胁迫的耐受性[82]。水生植物与微生物之间的双向促进关系，使复合体系在抗生素持续输入条件下仍能维持相对稳定的去除能力[71]。水生植物-微生物协同去除抗生素机制见图 1。

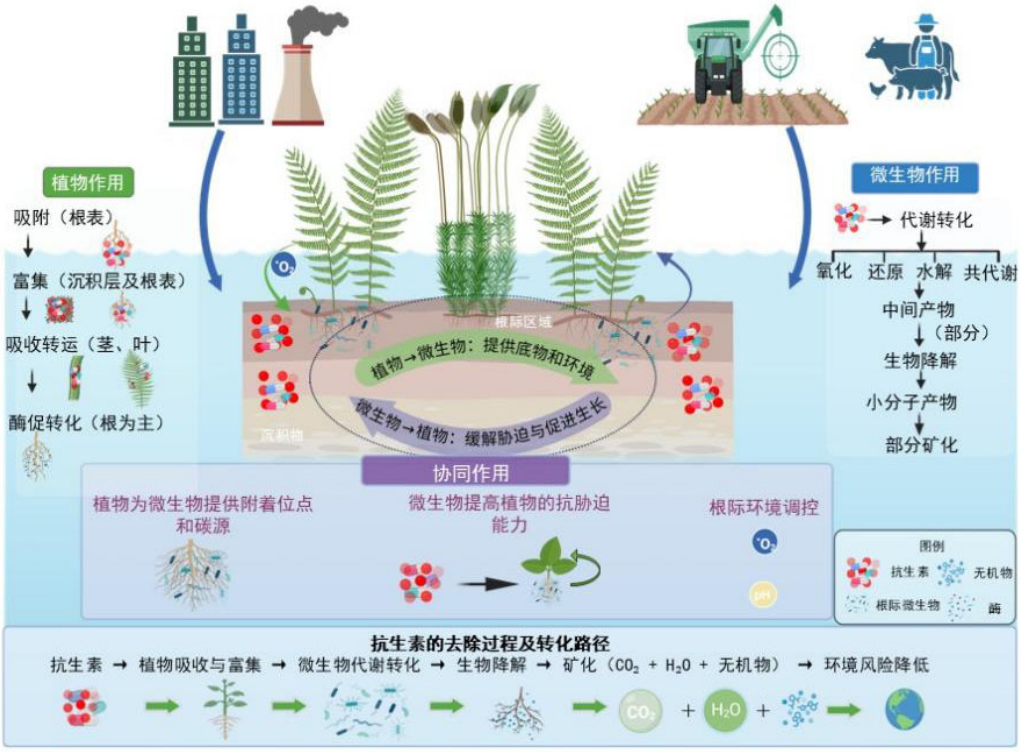



**图 1　水生植物-微生物协同去除抗生素机制**

Figure 1　Mechanisms of antibiotic removal by aquatic plant–microbe synergistic systems

在协同作用的初始阶段，水生植物通过根系的拦截、吸附和富集作用，使抗生素在根际微域内形成空间上的相对富集[81,83]，这有利于增强抗生素在根际微域内的截留，并提高微生物对抗生素的生物可利用性[74]。根部是抗生素富集及进入植物体内的主要部位，但去除过程并不局限于根部。对于沉水植物及部分漂浮植物而言，茎、叶直接与水体接触，也参与抗生素的吸附和富集过程；茎叶表面附着的生物膜还可促进抗生素的进一步转化与去除。与此同时，植物根系持续释放的分泌物为微生物提供了稳定的碳源[80]，促进了功能微生物类群的富集及其代谢活性的提升[83]。

在协同作用的关键阶段，根际微生物在植物调控下形成的特殊微环境中发挥主要降解功能[75,83]。植物根系活动形成的氧浓度梯度、pH 波动及营养物质分布差异，为不同类型微生物提供了共存空间[83]。在此过程中，微生物群落结构与代谢功能的调整不仅有利于抗生素分子的逐步转化，也改变了根际微域内抗生素的选择压力，进而影响耐药菌及 ARGs 的富集与传播[71,79]。不同微生物通过代谢降解和共代谢作用对抗生素分子结构进行逐步修饰，促进复杂抗生素分子的降解[73]。微生物降解过程持续消耗根际微域中的抗生素，维持复合体系内部浓度梯度，从而促进植物对抗生素持续吸收与转运[81,83]。

在协同作用的后期阶段，微生物对抗生素的转化和降解可有效降低其生物有效性和毒性，减轻抗生素对植物生理过程的抑制作用，保障植物生长和根系功能的稳定发挥[81]。植物生长状态的维持又反过来支撑根际微环境和微生物群落结构的长期稳定，使复合体系在低浓度、多种抗生素长期存在的条件下仍能保持相对稳定的去除性能[71,83]。此外，水生植物-微生物协同作用还通过调控根际微生物群落结构，间接影响抗生素耐药菌及 ARGs 的环境行为[71]。

## 5　水生植物协同微生物去除抗生素的效果及应用场景

### 5.1　对不同类别抗生素的去除效能

水生植物-微生物复合体系已被广泛用于水环境中多类抗生素的去除，包括磺胺类、四环素类、

氟喹诺酮类及大环内酯类等常见抗生素。不同体系中植物类型、微生物组成及固定化载体等方面存在差异，但其主要作用界面多集中于植物根际微域或附着生物膜，通过吸附富集与微生物转化的协同作用实现抗生素去除[84]。然而，该体系对不同类别抗生素的去除效能存在显著差异，其去除途径受抗生素理化性质及体系构型的共同影响[85]。

磺胺类抗生素在植物-微生物复合体系中的去除率通常表现为中等至较高水平，不同研究结果有所差异，常见范围约为 30%～80%。其中，磺胺甲噁唑（Sulfamethoxazole，SMX）在部分植物-微生物体系中的去除率约为 50%～70%，而在优化的人工湿地系统中可进一步提高。其去除机制以根际微生物降解为主，并伴随植物吸收和基质吸附等过程[86-88]。四环素类抗生素由于分子中含有多羟基和络合位点，在含碎石、生物炭等多孔填料的复合体系中更易被吸附固定，整体去除效率相对较高，去除率通常可达 70%～90%[85,89]。相比之下，氟喹诺酮类抗生素结构较为稳定，其去除过程以吸附固定为主，整体去除率多为 30%～70%，其中环丙沙星、诺氟沙星的去除率约为 45%～70%[90]。对于大环内酯类抗生素，植物配置可显著影响其在复合体系中的去除效果。已有研究表明，人工湿地对部分大环内酯类抗生素具有较好的削减效果，且植物配置可进一步提高其去除水平；该过程通常涉及基质吸附、植物吸收及微生物转化等多种机制[85]。此外，采用复合植物配置并结合多孔载体及功能微生物群落的体系，在处理混合抗生素时通常表现出较好的综合削减能力，但不同种类抗生素的去除差异明显，整体或部分组分的去除率常可达 60%以上[91]（表 1）。

**表 1 水生植物协同微生物去除抗生素案例**

Table 1 Examples of antibiotic removal by aquatic plant–microorganism synergistic systems

| 水生植物 | 植物类型 | 微生物 | 固定化载体 | 去除的抗生素类别 | 主要去除效果 |
|---|---|---|---|---|---|
| 芦苇、香蒲 | 挺水植物 | 根际反硝化菌、异养菌群 | 砾石、人工基质 | 磺胺类 | 磺胺类抗生素去除率为 40%～75%，以微生物代谢降解和共代谢作用为主[86-88] |
| 黄菖蒲 | 湿生植物 | 假单胞菌属、芽孢杆菌属 | 生物膜载体 | 磺胺类 | 磺胺甲噁唑去除率为 50%～70%，植物主要通过根际微域调控微生物发挥作用[86] |
| 芦苇 | 挺水植物 | 根际复合微生物 | 碎石填料 | 四环素类 | 四环素类抗生素去除率为 70%～90%，吸附与微生物转化协同作用显著[89] |
| 凤眼莲 | 漂浮植物 | 生物膜附着微生物 | 悬挂根系 | 氟喹诺酮类 | 氟喹诺酮类抗生素去除率多为 30%～70%，以吸附固定为主[90] |
| 浮萍 | 漂浮植物 | 根际异养菌 | 多孔纤维材料 | 氟喹诺酮类 | 环丙沙星、诺氟沙星去除率为 45%～70%[90] |
| 狐尾藻 | 沉水植物 | 固定化复合菌群 | 生物填料 | 大环内酯类 | 大环内酯类抗生素去除率为 50%～75%，多机制协同参与[85] |
| 复合植物 | 挺水+漂浮 | 多功能复合菌群 | 生物炭/聚氨酯 | 混合抗生素（磺胺类+四环素类+喹诺酮类） | 多类抗生素总体去除率可达约 60%以上[91] |

### 5.2 具体应用场景

水生植物-微生物复合体系具有运行稳定、生态干扰较小及对低浓度抗生素持续削减能力较强等特点，近年来已在多类型水环境修复场景中得到研究与示范应用，包括人工湿地系统、生态浮床系统、河道综合修复系统、沉水植物修复系统、养殖尾水处理系统以及农业面源缓冲带和景观水体生态修复等[57,92-100]。如表 2 所示，在不同应用场景中，该体系主要通过植物根际、生物膜及其附着微生物，发挥植物吸附富集与微生物降解转化的协同效应，实现水体中抗生素的长期削减。在市政污水、养殖尾水和工业废水处理中，该类体系不仅可降低抗生素在水体中的残留，还能同步改善氨氮、总氮和总磷等常规水质指标，缓解水体富营养化风险[92-93,97]。在湖泊、水库及河流等自然水体修复中，生态浮床和多类型植物组合系统可在低扰动条件下发挥持续削减作用，有助于改善水质和维持生态稳定性[94-95,98]；在河道修复和农业面源缓冲带中，多类型植物构建的生态界面对抗生素随径流进入受纳水体起到拦截和滞留作用[96,99]。景观水体生态修复系统通常采用挺水、沉水及浮叶植物的复合配置，通过根际微域和附着生物膜共同构建多样化微生物生境，在城市景观湖泊、公园水体等环境中实现低强度、持续性的污染物削减，并有助于维持水体生态功能的相对稳

定[94,100]。总体来看，植物-微生物复合体系在不同类型水体中表现出较好的适应性和应用前景，可为抗生素长期控制与水体生态修复协同推进提供生态技术支撑。

**表 2　水生植物协同微生物去除抗生素的主要应用场景及作用特征**

Table 2　Main application scenarios and functional characteristics of antibiotic removal by aquatic plant–microbe synergistic systems

| 应用场景 | 水生植物类型 | 作用区域 | 去除机制 | 适用水体类型 |
|---|---|---|---|---|
| 人工湿地系统 | 挺水植物（芦苇、香蒲、黄菖蒲等） | 根际微域、基质表面生物膜 | 植物根系吸附与富集抗生素，根际微生物通过共代谢与酶促反应实现持续降解 | 市政污水、养殖废水、工业废水[92-93] |
| 生态浮床系统 | 漂浮植物（凤眼莲、蕹菜等） | 悬挂根系及其附着生物膜 | 根系对抗生素产生截留和吸附作用，根表附着生物膜及其微生物群落进一步促进抗生素的转化与去除 | 湖泊、水库等富营养化水体[94-95] |
| 河道综合修复系统 | 挺水+沉水植物 | 根际微域、河床表面生物膜 | 多类型植物构建稳定微生物群落，通过长期生物膜作用实现抗生素削减 | 城市河道、乡村河流[96] |
| 沉水植物修复系统 | 沉水植物（轮叶黑藻、苦草、伊乐藻等） | 叶片和茎表面附着生物膜 | 沉水植物茎叶直接与水体接触，通过表面吸附富集抗生素，并依托附着好氧生物膜和根际微生物作用促进其持续转化 | 湖泊、缓流水体、清水型水体[57,97] |
| 养殖尾水处理系统 | 挺水或沉水植物组合 | 根际微域及附着微生物 | 植物提供碳源，促进微生物共代谢降解抗生素并协同去除营养盐 | 水产养殖尾水、循环水系统[92,97] |
| 农业面源缓冲带系统 | 挺水植物、湿生植物 | 根际微域、土壤-水界面 | 植物根际与土壤-水界面对径流携带的抗生素发挥拦截、吸附和缓释作用，并在界面微生物参与下实现缓慢转化与削减 | 农田排水沟渠、水陆交错带[99] |
| 景观水体生态修复系统 | 挺水+沉水+浮叶植物 | 根际微域、生物膜 | 多植物类型协同构建多样微生物生境，低强度、长期削减抗生素 | 城市景观湖泊、公园水体[94,100] |

## 6　总结与展望

本文系统梳理了水生植物-微生物复合体系在抗生素污染水体治理中的研究进展，重点分析了水生植物与微生物去除抗生素的作用特征及协同机制。该体系在低浓度、多类型抗生素长期存在条件下具有一定的削减能力和运行稳定性，但植物与微生物的互作过程及根际微域关键调控环节仍缺乏清晰认识。为进一步提升水生植物-微生物联合体系在抗生素污染水体修复中的效能，相关研究仍需深入开展。

（1）水生植物根际微域可富集具有抗生素转化潜力的微生物，但其在修复体系中的定植稳定性、功能表达条件及协同作用机制仍缺乏深入研究。未来应在明确根际微生物群落结构特征的基础上，重点关注关键功能菌群在复杂水环境中的持续功能发挥。

（2）现有研究多关注根系分泌物对根际微环境和微生物活性的调节作用，但不同分泌组分在抗生素转化过程中的具体贡献仍不明确。未来可通过分级分离与定量表征，系统分析各组分对抗生素环境行为及微生物功能表达的影响。

（3）水生植物-微生物复合体系研究有必要由经验性应用向过程可调控、因子可优化方向转变。通过系统评估植物配置、运行条件及关键环境因子对抗生素削减效果的影响，可为制定针对性调控策略及生态修复工程应用提供依据。

## 参考文献：


[1] Maghsodia N Z, Sanati A M, Mashifana T, et al. Occurrence and distribution of antibiotics in the water, sediment, and biota of freshwater and marine environments: a review[J]. Antibiotics, 2022, 11(11): 1461.

[2] Yang Q L, Gao Y, Ke J, et al. Antibiotics: an overview on the environmental occurrence, toxicity, degradation, and removal methods[J]. Bioengineered, 2021, 12(1): 7376-7416.

[3] Ehalt Macedo H, Lehner B, Nicell J A, et al. Antibiotics in the global river system arising from human consumption[J]. PNAS Nexus, 2025, 4(4): pgaf096.

[4] Zhou X Q, Cuasquer G J P, Li Z F, et al. Occurrence of typical antibiotics, representative antibiotic-resistant bacteria, and genes in fresh and stored source-separated human urine[J]. Environ Int, 2021, 146: 106280.

[5] 葛林科, 任红蕾, 鲁建江, 等. 我国环境中新兴污染物抗生素及其抗性基因的分布特征[J]. 环境化学, 2015, 34(5): 875-883.

[6] Yan F, An L L, Xu X, et al. A review of antibiotics in surface water and their removal by advanced electrocoagulation technologies[J]. Sci Total Environ, 2024, 906: 167737.

[7] 屈森虎, 汪斌, 何玉洁, 等. 中国地表水中抗生素的分布特征与生态风险[J]. 生物工程学报, 2024, 40(7): 2120-2135.
[8] 仝瑶, 宋寒, 朱盈蕊, 等. 中国典型抗生素污染特征、测试方法及生态风险评估综述[J]. 环境保护前沿, 2026, 16(2): 260-275.
[9] Su Z X, Wang K, Yang F C, et al. Antibiotic pollution of the Yellow River in China and its relationship with dissolved organic matter: Distribution and Source identification[J]. Water Res, 2023, 235: 119867.
[10] Zhou Q Q, Liu G J, Arif M, et al. Occurrence and risk assessment of antibiotics in the surface water of Chaohu Lake and its tributaries in China[J]. Sci Total Environ, 2022, 807: 151040.
[11] 江春雨, 吴兵党, 胡晓晖, 等. 长江流域地表水中抗生素的分布特征、驱动因素及生态健康风险评估[J]. 环境工程技术学报, 2025, 15(6): 1873-1884.
[12] Wang D Q, Li M, Liao C C, et al. The occurrence characteristics and ecological risks of antibiotics in surface water and groundwater of the Huixian wetland[J]. Toxics, 2025, 13(6): 460.
[13] Liu C, Tan L, Zhang L M, et al. A review of the distribution of antibiotics in water in different regions of China and current antibiotic degradation pathways[J]. Front Environ Sci, 2021, 9: 692298.
[14] Harrower J, Mcnaughtan M, Hunter C, et al. Chemical fate and partitioning behavior of antibiotics in the aquatic environment: a review[J]. Environ Toxicol Chem, 2021, 40(12): 3275-3298.
[15] Peqini A, Heyde B J, Brahushi F, et al. Integrated analysis of the occurrence and in situ sediment–water partitioning of selected pharmaceuticals in a riverine system[J]. Environ Sci Eur, 2025, 37: 212.
[16] Berisha N L, Panovska A P, Hajrulai-Musliu Z. Antibiotic resistance and aquatic systems: importance in public health[J]. Water, 2024, 16(17): 2362.
[17] Okoye C O, Nyaruaba R, Ita R E, et al. Antibiotic resistance in the aquatic environment: Analytical techniques and interactive impact of emerging contaminants[J]. Environ Toxicol Pharmacol, 2022, 96: 103995.
[18] Yuan X, Lv Z Q, Zhang Z Y, et al. A review of antibiotics, antibiotic resistant bacteria, and resistance genes in aquaculture: occurrence, contamination, and transmission[J]. Toxics, 2023, 11(5): 420.
[19] Joakim Larsson D G, Flach C F. Antibiotic resistance in the environment[J]. Nat Rev Microbiol, 2022, 20(5): 257-269.
[20] Ahmed M B, Zhou J L, Ngo H H, et al. Adsorptive removal of antibiotics from water and wastewater: Progress and challenges[J]. Sci Total Environ, 2015, 532: 112-126.
[21] Akbari M Z, Xu Y F, Lu Z K, et al. Review of antibiotics treatment by advance oxidation processes[J]. Environ Adv, 2021, 5: 100111.
[22] de Ilurdoz M S, Sadhwani J J, Reboso J V. Antibiotic removal processes from water & wastewater for the protection of the aquatic environment: A review[J]. J Water Process Eng, 2022, 45: 102474.
[23] 张静, 张晓岚, 蔡佳男, 等. 抗生素在给水厂中的去除及其对水质的影响研究综述[J]. 净水技术, 2022, 41(1): 23-30.
[24] Dordio A V, Carvalho A J P. Organic xenobiotics removal in constructed wetlands, with emphasis on the importance of the support matrix[J]. J Hazard Mater, 2013, 252: 272-292.
[25] Zhang D Q, Gersberg R M, NG W J, et al. Removal of pharmaceuticals and personal care products in aquatic plant-based systems: a review[J]. Environ Pollut, 2014, 184: 620-639.
[26] Faulwetter J L, Gagnon V, Sundberg C, et al. Microbial processes influencing performance of treatment wetlands: a review[J]. Ecol Eng, 2009, 35(6): 987-1004.
[27] Zhang X C, Li X R, Zhang Q R, et al. New insight into the biological treatment by activated sludge: The role of adsorption process[J]. Bioresour Technol, 2014, 153: 160-164.
[28] Grenni P, Ancona V, Barra Caracciolo A. Ecological effects of antibiotics on natural ecosystems: a review[J]. Microchem J, 2018, 136: 25-39.
[29] Kümmerer K. Antibiotics in the aquatic environment-A review-Part I[J]. Chemosphere, 2009, 75(4): 417-434.
[30] Michael I, Rizzo L, Mcardell C S, et al. Urban wastewater treatment plants as hotspots for the release of antibiotics in the environment: a review[J]. Water Res, 2013, 47(3): 957-995.
[31] Sarmah A K, Meyer M T, Boxall A B A. A global perspective on the use, sales, exposure pathways, occurrence, fate and effects of veterinary antibiotics (VAs) in the environment[J]. Chemosphere, 2006, 65(5): 725-759.
[32] Joakim Larsson D G. Pollution from drug manufacturing: review and perspectives[J]. Phil Trans R Soc B, 2014, 369(1656): 20130571.
[33] Kemper N. Veterinary antibiotics in the aquatic and terrestrial environment[J]. Ecol Indic, 2008, 8(1): 1-13.
[34] Li N, Cai Y X, Chen H L, et al. Spatio-temporal distribution and risk assessment of antibiotic in the aquatic environment in China nationwide, a review[J]. Sustainability, 2023, 15(1): 386.
[35] Lyu J, Yang L S, Zhang L, et al. Antibiotics in soil and water in China–a systematic review and source analysis[J]. Environ Pollut, 2020, 266: 115147.
[36] Zhang R J, Zhang G, Zheng Q, et al. Occurrence and risks of antibiotics in the Laizhou Bay, China: Impacts of river discharge[J]. Ecotoxicol Environ Saf, 2012, 80: 208-215.
[37] Li Z, LI M, Zhang Z Y, et al. Antibiotics in aquatic environments of China: a review and meta-analysis[J]. Ecotoxicol Environ Saf, 2020, 199: 110668.
[38] Xi S S, He R, Jiang R S, et al. Occurrence and drivers of antibiotics in the rural-urban river network: a case study of Hongze Lake basin, China[J]. Glob Nest J, 2025, 27(5): 1-8.
[39] Chen L, Lang H, Liu F, et al. Presence of antibiotics in shallow groundwater in the northern and southwestern regions of China[J]. Groundwater, 2018, 56(3): 451-457.
[40] Xiao W Y, Zhao X B, Teng Y G, et al. Review on biogeochemical characteristics of typical antibiotics in groundwater in China[J]. Sustainability, 2023, 15(8): 6985.
[41] Xie H J, Du J, Chen J W. Concerted efforts are needed to control and mitigate antibiotic pollution in coastal waters of China[J]. Antibiotics, 2020, 9(2): 88.
[42] Wang N, Shen W T, Zhang S H, et al. Occurrence and distribution of antibiotics in coastal water of the Taizhou Bay, China: impacts of industrial activities and marine aqua-

culture[J]. Environ Sci Pollut Res, 2022, 29(54): 81670-81684.
[43] Li F F, Wen D H, Bao Y Y, et al. Insights into the distribution, partitioning and influencing factors of antibiotics concentration and ecological risk in typical bays of the East China Sea[J]. Chemosphere, 2022, 288: 132566.
[44] Puhlmann N, Olsson O, Kümmerer K. Transformation products of sulfonamides in aquatic systems: Lessons learned from available environmental fate and behaviour data[J]. Sci Total Environ, 2022, 830: 154744.
[45] Joseph N K, Azimov A M, Iztleuov G M, et al. Role of the aquatic environment in enhancing and inhibiting phototransformation of pharmaceutically active compounds[J]. Emerg Contam, 2024, 10(4): 100371.
[46] Kumar M, Jaiswal S, Sodhi K K, et al. Antibiotics bioremediation: Perspectives on its ecotoxicity and resistance[J]. Environ Int, 2019, 124: 448-461.
[47] Löffler P, Escher B I, Baduel C, et al. Antimicrobial transformation products in the aquatic environment: global occurrence, ecotoxicological risks, and potential of antibiotic resistance[J]. Environ Sci Technol, 2023, 57(26): 9474-9494.
[48] Kovalakova P, Cizmas L, Mcdonald T J, et al. Occurrence and toxicity of antibiotics in the aquatic environment: a review[J]. Chemosphere, 2020, 251: 126351.
[49] Yang C, Song G, Lim W. A review of the toxicity in fish exposed to antibiotics[J]. Comp Biochem Physiol Part C Toxicol Pharmacol, 2020, 237: 108840.
[50] Bojarski B, Kot B, Witeska M. Antibacterials in aquatic environment and their toxicity to fish[J]. Pharmaceuticals, 2020, 13(8): 189.
[51] Nappier S P, Liguori K, Ichida A M, et al. Antibiotic resistance in recreational waters: state of the science[J]. Int J Environ Res Public Health, 2020, 17(21): 8034.
[52] Lyu J, Chen Y Y, Zhang L. Antibiotics in drinking water and health risks: China, 2017[J]. China CDC Week, 2020, 2(23): 413-417.
[53] Huang A R, Yan M T, Lin J J, et al. A review of processes for removing antibiotics from breeding wastewater[J]. Int J Environ Res Public Health, 2021, 18(9): 4909.
[54] Nasrollahi N, Vatanpour V, Khataee A. Removal of antibiotics from wastewaters by membrane technology: Limitations, successes, and future improvements[J]. Sci Total Environ, 2022, 838: 156010.
[55] Zhang Q, Zheng D, Bai B, et al. Insight into antibiotic removal by advanced oxidation processes (AOPs): Performance, mechanism, degradation pathways, and ecotoxicity assessment[J]. Chem Eng J, 2024, 500: 157134.
[56] Lu Z Y, Liu G G, Xie H W, et al. Advances and solutions in biological treatment for antibiotic wastewater with resistance genes: a review[J]. J Environ Manag, 2024, 368: 122115.
[57] Lv M Y, Zhang D Q, Niu X J, et al. Insights into the fate of antibiotics in constructed wetland systems: Removal performance and mechanisms[J]. J Environ Manag, 2022, 321: 116028.
[58] McCorquodale-Bauer K, Grosshans R, Zvomuya F, et al. Critical review of phytoremediation for the removal of antibiotics and antibiotic resistance genes in wastewater[J]. Sci Total Environ, 2023, 870: 161876.
[59] Ma L, Yang L L, Liu W, et al. Effects of root exudates on rhizosphere bacteria and nutrient removal in pond-ditch circulation systems (PDCSs) for rural wastewater treatment[J]. Sci Total Environ, 2021, 785: 147282.
[60] Sun H S, Zhou Y, Jiang C C. Regulating denitrification in constructed wetlands: the synergistic role of radial oxygen loss and root exudates[J]. Water, 2024, 16(24): 3706.
[61] Wang J W, Long Y N, Yu G L, et al. A review on microorganisms in constructed wetlands for typical pollutant removal: species, function, and diversity[J]. Front Microbiol, 2022, 13: 845725.
[62] Chowdhury K F, Hall R J, Mcnally A, et al. Phytoremediation as a tool to remove drivers of antimicrobial resistance in the aquatic environment[J]. Rev Environ Contam Toxicol, 2023, 261: 16.
[63] Chen P P, Yu X F, Zhang J Y, et al. New and traditional methods for antibiotic resistance genes removal: Constructed wetland technology and photocatalysis technology[J]. Front Microbiol, 2023, 13: 1110793.
[64] Karungamye P N. Potential of Canna indica in constructed wetlands for wastewater treatment: a review[J]. Conservation, 2022, 2(3): 499-513.
[65] Opitz J, Alte M, Bauer M, et al. The role of macrophytes in constructed surface-flow wetlands for mine water treatment: a review[J]. Mine Water Environ, 2021, 40(3): 587-605.
[66] Park Y J, Son J G. Phytotoxicity and accumulation of antibiotics in water lettuce (*Pistia stratiotes*) and parrot feather (*Myriophyllum aquaticum*) plants under hydroponic culture conditions[J]. Appl Sci, 2022, 12(2): 630.
[67] Maranho L T, Gomes M P. Morphophysiological adaptations of aquatic macrophytes in wetland-based sewage treatment systems: strategies for resilience and efficiency under environmental stress[J]. Plants, 2024, 13(20): 2870.
[68] Stottmeister U, Wießner A, Kuschk P, et al. Effects of plants and microorganisms in constructed wetlands for wastewater treatment[J]. Biotechnol Adv, 2003, 22(1/2): 93-117.
[69] Adesanya T, Zvomuya F, Farenhorst A. Phytoextraction of ciprofloxacin and sulfamethoxaxole by cattail and switchgrass[J]. Chemosphere, 2021, 279: 130534.
[70] Wang Y Q, Bai J H, Zhang L, et al. Advances in studies on the plant rhizosphere microorganisms in wetlands: a visualization analysis based on CiteSpace[J]. Chemosphere, 2023, 317: 137860.
[71] Man Y, Wang J X, Tam N F, et al. Responses of rhizosphere and bulk substrate microbiome to wastewater-borne sulfonamides in constructed wetlands with different plant species[J]. Sci Total Environ, 2020, 706: 135955.
[72] Wang J X, Man Y, Ruan W F, et al. The effect of rhizosphere and the plant species on the degradation of sulfonamides in model constructed wetlands treating synthetic domestic wastewater[J]. Chemosphere, 2022, 288: 132487.
[73] Shi Y H, Zhang X, Zhao M, et al. The status of research on the root exudates of submerged plants and their effects on aquatic organisms[J]. Water, 2024, 16(13): 1920.
[74] Nybom I, Bucheli T D, Garland G. Antibiotics uptake from soil and translocation in the plants–meta- analysis[J]. Chimia, 2024, 78(4): 209-214.
[75] Hijosa-Valsero M, Fink G, Schlüsener M P, et al. Removal of antibiotics from urban wastewater by constructed wetland optimization[J]. Chemosphere, 2011, 83(5): 713-719.
[76] Morsi R, Bilal M, Iqbal H M N, et al. Laccases and peroxidases: The smart, greener and futuristic biocatalytic

tools to mitigate recalcitrant emerging pollutants[J]. Sci Total Environ, 2020, 714: 136572.
[77] Huang X F, Luo Y, Liu Z L, et al. Influence of two-stage combinations of constructed wetlands on the removal of antibiotics, antibiotic resistance genes and nutrients from goose wastewater[J]. Int J Environ Res Public Health, 2019, 16(20): 4030.
[78] Zhao K, Si T T, Liu S H, et al. Co-metabolism of microorganisms: a study revealing the mechanism of antibiotic removal, progress of biodegradation transformation pathways[J]. Sci Total Environ, 2024, 954: 176561.
[79] Tong X N, Wang X Z, He X J, et al. Effects of antibiotics on microbial community structure and microbial functions in constructed wetlands treated with artificial root exudates[J]. Environ Sci: Processes Impacts, 2020, 22(1): 217-226.
[80] Chen Z J, Tian Y H, Zhang Y, et al. Effects of root organic exudates on rhizosphere microbes and nutrient removal in the constructed wetlands[J]. Ecol Eng, 2016, 92: 243-250.
[81] Saeed Q, Wang X K, Haider F U, et al. Rhizosphere bacteria in plant growth promotion, biocontrol, and bioremediation of contaminated sites: a comprehensive review of effects and mechanisms[J]. Int J Mol Sci, 2021, 22(19): 10529.
[82] Xu J M, Liu X H, Lv Y, et al. Response of *Cyperus involucratus* to sulfamethoxazole and ofloxacin-contaminated environments: Growth physiology, transportation, and microbial community[J]. Ecotoxicol Environ Saf, 2020, 206: 111332.
[83] Zhou T, Yu Z Y, Zhang L, et al. Removal of sulfonamides from water by wetland plants: Performance, microbial response and mechanism[J]. Sci Total Environ, 2024, 916: 170181.
[84] Ravikumar Y, Yun J H, Zhang G Y, et al. A review on constructed wetlands-based removal of pharmaceutical contaminants derived from non-point source pollution[J]. Environ Technol Innov, 2022, 26: 102504.
[85] Bai S Y, Wang X, Zhang Y, et al. Constructed wetlands as nature-based solutions for the removal of antibiotics: performance, microbial response, and emergence of antimicrobial resistance (AMR)[J]. Sustainability, 2022, 14(22): 14989.
[86] 胡劲召, 张璇, 王永强, 等. 磺胺甲恶唑胁迫下人工湿地植物与根际微生物的响应[J]. 环境工程技术学报, 2022, 12(5): 1474-1483.
[87] Chen J J, Gao M C, Zhao Y G, et al. Nitrogen and sulfamethoxazole removal in a partially saturated vertical flow constructed wetland treating synthetic mariculture wastewater[J]. Bioresour Technol, 2022, 358: 127401.
[88] Zhang S, Lu Y X, Zhang J J, et al. Constructed wetland revealed efficient sulfamethoxazole removal but enhanced the spread of antibiotic resistance genes[J]. Molecules, 2020, 25(4): 834.
[89] Liu L, Liu Y H, Wang Z, et al. Behavior of tetracycline and sulfamethazine with corresponding resistance genes from swine wastewater in pilot-scale constructed wetlands[J]. J Hazard Mater, 2014, 278: 304-310.
[90] Ali Shah S W, Rehman M U, Tauseef M, et al. Ciprofloxacin removal from aqueous media using floating treatment wetlands supported by immobilized bacteria[J]. Sustainability, 2022, 14(21): 14216.
[91] Alsalihy S T H, Ahmed A N, Salih G H A, et al. Removal of pharmaceutical and personal care products (PhPCPs) using different low-cost materials as substrates in the vertical, horizontal, and hybrid flow systems of constructed wetland–A review[J]. Environ Technol Innov, 2024, 35: 103647.
[92] Tang Z P, Wood J, Smith D, et al. A review on constructed treatment wetlands for removal of pollutants in the agricultural runoff[J]. Sustainability, 2021, 13(24): 13578.
[93] Lin Z Y, Li M J, Yan P H, et al. Constructed wetlands for wastewater treatment and reuse: Two decades of experience from China[J]. Environ Res, 2025, 279: 121781.
[94] Wang W H, Wang Y, Sun L Q, et al. Research and application status of ecological floating bed in eutrophic landscape water restoration[J]. Sci Total Environ, 2020, 704: 135434.
[95] He X L, Zhao X H, Zhang W S, et al. Developing a novel alum sludge-based floating treatment wetland for natural water restoration[J]. Water, 2022, 14(15): 2433.
[96] Patel V, Sharma S, Desai C, et al. Synergistic removal of emerging contaminants using bacterial augmented floating treatment bed system (FTBs) of Typha latifolia and Canna indica for rejuvenation of polluted river water[J]. Front Microbiol, 2025, 16: 1512992.
[97] Ge Z H, Ma Z H, Zou J M, et al. Purification of aquaculture wastewater by macrophytes and biofilm systems: Efficient removal of trace antibiotics and enrichment of antibiotic resistance genes[J]. Sci Total Environ, 2023, 901: 165943.
[98] Chang B L, Xu Y C, Zhang Z, et al. Purification effect of water eutrophication using the mosaic system of submerged–emerged plants and growth response[J]. Plants, 2024, 13(4): 560.
[99] Liu Z P. Water quality evaluation and guarantee treatment of outdoor landscape water[J]. Desalin Water Treat, 2021, 242: 195-202.
[100] Li J Y, Zheng B H, Chen X, et al. The use of constructed wetland for mitigating nitrogen and phosphorus from agricultural runoff: a review[J]. Water, 2021, 13(4): 476.