2026, 66(10): 4791-4807
CSTR: 32112.14.j.AMS.20260221
DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20260221

微生物学报
Acta Microbiologica Sinica
http://journals.im.ac.cn/actamicrocn

Review 综述

微藻-细菌系统去除水环境中抗生素的研究进展

邹翔丞，李焱，梁腾飞，柳莹，皮永蕊*

烟台大学 海洋学院，山东 烟台

邹翔丞, 李焱, 梁腾飞, 柳莹, 皮永蕊. 微藻-细菌系统去除水环境中抗生素的研究进展[J]. 微生物学报, 2026, 66(10): 4791-4807.
ZOU Xiangcheng, LI Yan, LIANG Tengfei, LIU Ying, PI Yongrui. Research progress in the removal of antibiotics in water environment by microalgae-bacteria systems[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2026, 66(10): 4791-4807.

摘　要：抗生素污染是当前全球面临的严重环境问题之一，对生态系统和人类健康构成了潜在威胁。微藻-细菌系统由于其高效、去除能力强、设计简单、易于操作、经济成本低等优点，已被广泛应用在去除抗生素的研究中。本文总结了微藻-细菌系统在去除抗生素方面的研究进展。首先，介绍了抗生素污染的现状和对生态环境的影响。其次，探讨了细菌和微藻相互作用的机制，包括营养物质的交换、信号传导和基因转移；分析了微藻-细菌系统在抗生素降解中的应用情况，包括对不同类型抗生素的降解效果和降解途径。最后，探讨菌藻在抗生素胁迫下的响应，包括短期和长期的生理代谢适应性的变化，分析了微藻-细菌系统去除抗生素性能的关键因素。

关键词：抗生素污染；微藻-细菌系统；相互作用；抗生素胁迫

Research progress in the removal of antibiotics in water environment by microalgae-bacteria systems

ZOU Xiangcheng, LI Yan, LIANG Tengfei, LIU Ying, PI Yongrui*

School of Ocean, Yantai University, Yantai, Shandong, China

Abstract: Antibiotics in water environments, one of the major global environmental problems, pose serious ecological and health risks, necessitating efficient removal strategies. Microalgae-bacteria systems have recently emerged as a promising approach for antibiotic removal due to their high efficiency, strong removal capacity, simple design, easy operation, and low costs. This review systematically summarizes recent advances in the removal of antibiotics by microalgae-bacteria

资助项目：山东省自然科学基金(ZR2024MD098, ZR2022QD018)
This work was supported by the Shandong Provincial Natural Science Foundation (ZR2024MD098, ZR2022QD018).
*Corresponding author. E-mail: yrpi@ytu.edu.cn
Received: 2026-03-15; Accepted: 2026-05-13; Published online: 2026-05-29

systems. First, it introduces the current status of antibiotic pollution and its effects on the environment. Second, it elaborates on the interaction mechanisms between microalgae and bacteria, which include nutrient exchange, signal transduction, and gene transfer. Then, it analyzes the application of microalgae-bacteria systems in the degradation of antibiotics, involving the degradation effects and pathways for different types of antibiotics. Finally, this paper discusses the responses of bacteria and microalgae under antibiotic stress, including the changes in short-term and long-term physiological metabolic adaptation, and analyzes the key factors influencing the antibiotic removal performance of microalgae-bacteria systems.

Keywords: antibiotic pollution; microalgae-bacteria systems; interaction; antibiotic stress

抗生素作为一类典型的新兴污染物，具有广泛使用和难降解的特性，在水环境中检出频率升高并呈现积累趋势。2011−2015 年全球抗生素消费量呈显著增长趋势[1]，导致其在地表水、地下水以及近岸海域普遍存在，对水生生态系统及人类健康构成潜在风险。抗生素不仅具有直接的毒性，还可以通过选择压力促进抗生素抗性基因(antibiotic resistant genes, ARGs)以及耐药细菌的扩散，进一步加剧环境与公共健康问题[2]。

现有的抗生素去除技术主要包括物理、化学及生物方法[3]，如吸附、高级氧化工艺(advanced oxidation processes, AOPs)[4]、纳米材料[5]和光催化[6]等。然而，吸附、高级氧化等方法虽具有较高去除效率，但通常存在运行成本高、二次污染风险大及难以实现完全矿化等问题[7]；传统生物处理工艺则受限于抗生素的生物毒性及其复杂结构，去除效率有限[8]，并且可能成为 ARGs 传播的重要载体。因此，开发兼具高效率、低能耗及环境友好的抗生素去除技术具有重要意义。

自然水体中微藻与细菌共生的现象普遍存在，它们通过物质交换与代谢互补形成稳定的共生关系[9]，基于微藻-细菌系统的污染物去除技术也逐渐受到关注。该体系中微藻通过光合作用提供氧气及有机碳源，驱动细菌的好氧降解与共代谢过程，同时降低外部曝气需求，从而在提升污染物去除效率的同时降低能耗[10]。此外，菌藻互作还可通过调控微环境结构、促进胞外聚合物(extracellular polymeric substances, EPS)形成及群落代谢网络的优化进一步强化抗生素的吸附、转化与矿化过程[11]。

基于此，本文围绕微藻-细菌系统在抗生素去除中的研究进展，重点综述菌藻相互作用机制以及对抗生素转化路径的调控作用，分析抗生素胁迫下体系响应特征及关键影响因素，以期为相关工艺优化与工程应用提供理论依据。

1 水环境中抗生素的来源及污染现状

1.1 水环境中抗生素的来源

抗生素作为典型的新兴污染物，因其生物活性强、难以完全降解的特性而在水环境中广泛存在[12]。其主要来源包括医疗废水、制药工业废水[13]、畜牧养殖、水产养殖排放以及生活污水等[14]。然而，抗生素在生物体内难以完全代谢，研究显示约 30%−90% 的抗生素会通过粪便、尿液等形式排出并进入环境介质中[15]。

在各类环境介质中，水环境通常是抗生素残留的重要汇集地与迁移通道。畜牧养殖及水产养殖废水、医院污水与制药废水，以及生活污水等排放源中的抗生素，可通过管网排放、地表径流或渗透作用进入河流、湖泊、地下水乃至近岸海域等天然水体，导致水环境中抗生素污染的持续输入与累积[16]，如图 1 所示。

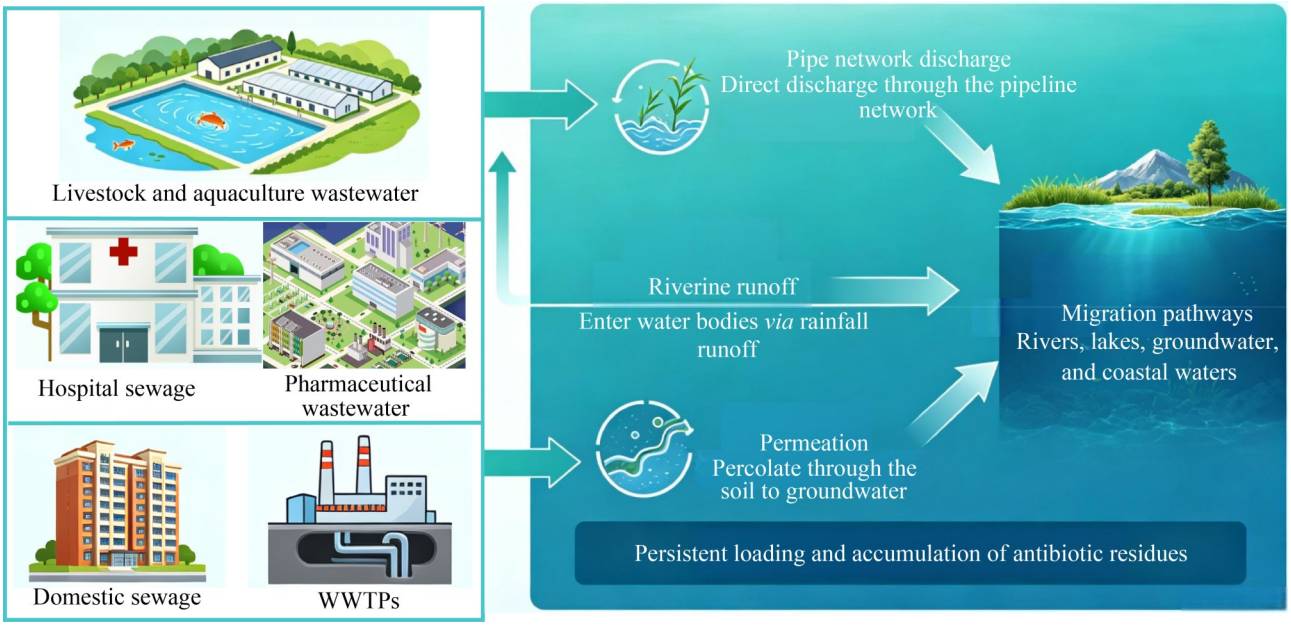


图1 水环境中抗生素的来源[17]

Figure 1 Sources of antibiotics in water environment[17]. WWTPs: Wastewater treatment plants.

1.2 抗生素污染现状

地表水样品中抗生素的检出浓度在雨季通常低于旱季[18]，造成这种情况的原因可能是雨水的稀释能显著降低河流中包括抗生素在内的污染物水平[19]。此外，温度也可能是影响河水中抗生素消散与转化的重要因素[20]。从类型组成来看，地表水中磺胺类与喹诺酮类抗生素的浓度普遍高于四环素类和大环内酯类，其中磺胺类通常是我国地表水中占比最高的抗生素类别，其次为喹诺酮类[21]。

海洋系统既是海洋产品与多种生态服务的重要来源，同时也被认为是陆源污染物向外海转移与汇集的重要“污染库”[15]。现有研究表明，我国不同典型近岸海域均已检出多类抗生素，但其污染程度和主导类型受流域输入强度、水动力条件、沿岸城市化水平及养殖活动影响而存在明显区域差异[17]。以北方海域为例，渤海湾及邻近海域已普遍检出磺胺类、喹诺酮类、四环素类和大环内酯类等抗生素，部分研究显示四环素类浓度较高，反映出陆源排污、养殖活动及较弱海水交换共同作用下的污染物累积特征[22]。珠江口作为典型的大型河口，其中的抗生素在河流入海过程中广泛存在，并表现出由河口向外海逐渐降低的空间规律，说明河流径流输送及河海混合稀释是其分布的重要控制因素[23]。东南沿海的九龙江河口-厦门湾区域同样检测到多类抗生素残留，其分布特征表明下游流域输入、城市污水排放及湾内较受限的水动力条件共同促进了污染物在近岸区域的滞留与累积[24]。总体来看，半封闭或相对封闭的近岸海域通常具有 4 个共同特征：(1)水交换能力较弱、环境容量有限，污染物不易快速扩散；(2)受河流输入、生活污水与水产养殖排放等多种污染源共同影响；(3)抗生素浓度常表现为近岸高、外海低的空间规律；(4)沉积物和近岸生物体中更容易形成抗生素残留，带来生态风险[21-25]。

2 细菌和微藻之间的相互作用

细菌和微藻在水环境中广泛存在，二者在

长期共进化过程中形成了紧密的生态耦合关系，自然环境中藻类和细菌相互作用的方式有 3 种(图 2)，分别是营养交换、信号转导、水平基因转移(horizontal gene transfer, HGT)[26]。这些相互作用不仅影响微藻-细菌系统的结构稳定性与功能表达，也可能通过改变群落代谢网络、胞外聚合物组成、生物膜形成及氧化还原微环境等途径进一步影响抗生素的吸附-转化-矿化过程与去除效果。

2.1 营养交换

在微藻-细菌系统中，微藻通过光合作用将 CO_2 固定为有机碳并释放为溶解性有机碳(dissolved organic carbon, DOC)到周围环境中，这些 DOC 可作为细菌的碳源和能量，促进细菌在抗生素共代谢中的降解能力[27]。例如，光合微藻释放的 DOC 可作为细菌的共代谢底物，增强细菌降解抗生素的酶促活性，使复杂抗生素分子更容易发生生物降解与转化[28]。此外，DOC 的释放为细菌提供了额外的电子供体，使其能够更高效地参与诸如酮类和含氮类抗生素分子的生物降解反应[29]。与此同时，细菌在分解抗生素以及复杂化合物时释放出的无机营养盐(如 NH_4^+和 PO_4^{3-})可被微藻重新吸收并用于新的光合作用循环，这种互补的营养交换机制将

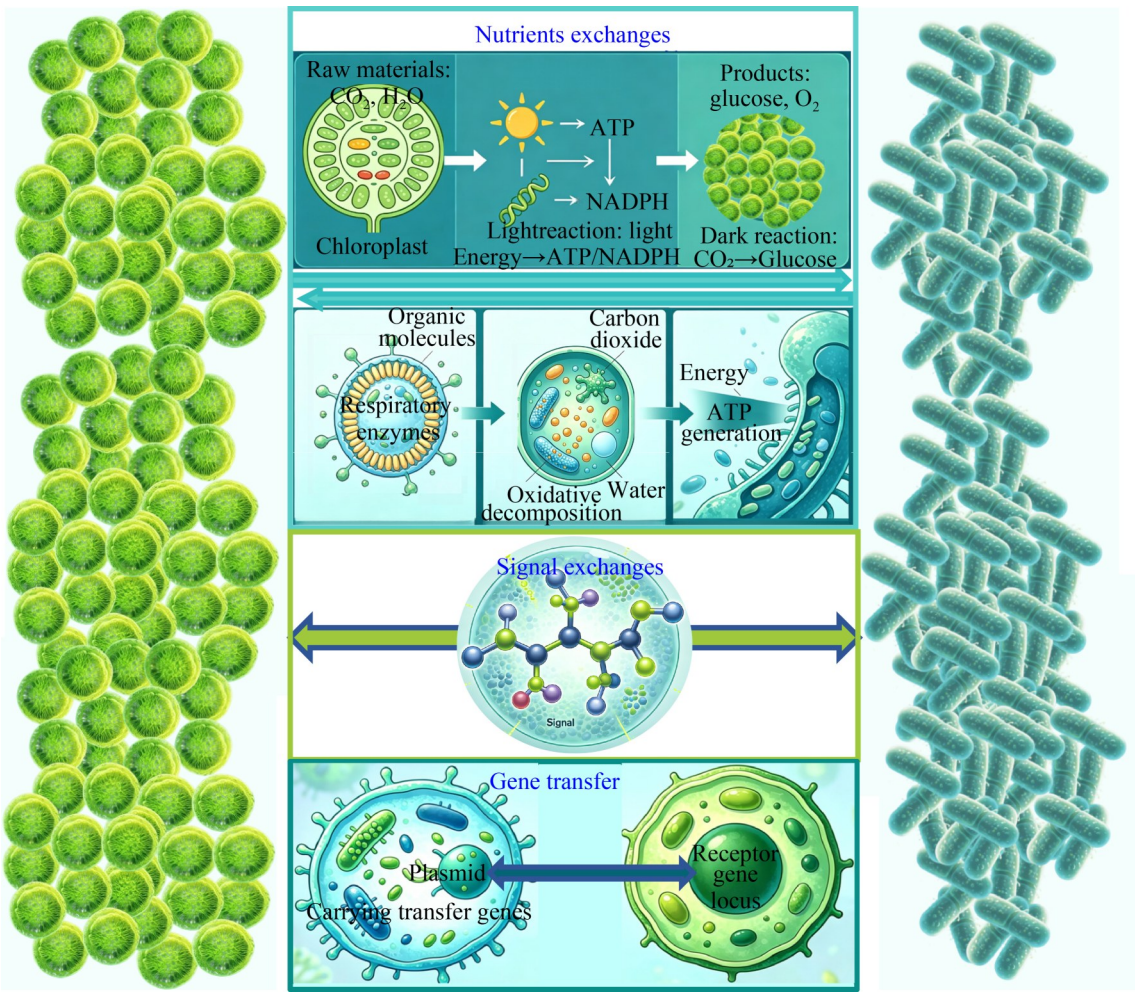


图2 细菌和微藻之间的相互作用[26]

Figure 2 Interactions between bacteria and microalgae[26].

细菌的输出产物重新输入到光合作用中，支持微藻的生长以及光降解能力。研究发现，当共培养体系中的 DOC 浓度增加时细菌表达的降解酶如多功能氧化酶和过氧化物酶的活性也随之提高，形成一个正反馈循环，提高了抗生素整体的处理效率[30]。然而，细菌与微藻之间并非总是表现为这种正向的协同关系，在营养物质或者碳源受限的条件下细菌更可能优先生长并与微藻竞争 DOC，从而抑制微藻生长，表现为竞争或者偏利的关系，这种现象其实在实际体系中更为普遍[31]。因此，只有在碳源充足且代谢互补的情况下微藻-细菌系统才能形成稳定的互利关系，否则更可能表现为竞争或者抑制状态[32]。

在氮循环方面，许多微藻不能直接利用大气中的 N_2，需要将其转化为可吸收的无机氮形式，这一过程常依赖固氮细菌参与[33]。例如，瓦恩兰德固氮菌(*Azotobacter vinelandii*)是一种存在于土壤中的固氮菌，在有氧的条件下能够固定大气中的 N_2，因此被认为是与产氧光合生物共培养的理想菌株[34]。除共代谢途径外，营养交换还会影响微藻表面的抗生素吸附能力。EPS 主要由多糖(polysaccharides, PS)和蛋白质(protein, PN)组成，已经有研究表明微藻细胞壁成分(如多糖和脂多糖)的变化能够改变其多环芳烃类和大环内酯类抗生素的吸附亲和力，从而为后续的降解过程提供初步去除效果[35]。向微藻培养基中补充从细菌收集的 EPS 之后，斜生四链藻(*Tetradesmus obliquus*)IS2 与小空星藻属(*Coelastrella* sp.)IS3 的生长速率分别提高了 29% 和 63%，表明 EPS 在促进聚生体形成与微生物生长方面也具有显著作用[36]。

2.2 信号转导

群体感应(quorum sensing, QS)是细菌通过分泌信号分子[如高丝氨酸内酯(acyl homoserine lactones, AHLs)]响应细胞种群密度变化的重要通讯机制。QS 可以调节细菌群落行为、基因表达和代谢活动，与微藻-细菌系统中的协同代谢密切相关，影响抗生素降解与微生物生态结构的稳定性。然而，QS 不仅起协同作用，还可能介导竞争或抑制效应，其生态功能具有明显的双重性，这种双重性已在复杂微生物群落中得到证实[37]。QS 信号可以通过调控 EPS 分泌及相关附着基因表达在某些条件下改变微生物定殖能力，增强细菌对空间和营养的竞争优势，进而对微藻产生抑制作用[38]。农杆菌属(*Agrobacterium*)和短波单胞菌属(*Brevundimonas*)通过分泌 AHLs，可使微藻的比生长率分别提高 39% 和 31%；同时，AHLs 分泌会导致微藻细胞内 PS 含量增加 28%−56%，蛋白质增加 24%−33%[39]。然而，在高密度或资源受限条件下，QS 信号可能促进细菌群体快速扩张并占据优势生态位，从而抑制微藻生长或改变其代谢路径。此外，QS 系统有利于群体结构的建立并调节多种生态功能，不仅能影响微生物群体行为与生态过程，还可能改变藻类与细菌的生理特性及代谢功能，进而对抗生素的去除过程产生影响[40]。因此，QS 在微藻-细菌系统中既可能促进互利关系的建立，也可能在特定条件下加剧竞争或抑制效应，其作用结果取决于物种组合及环境因子[41]。除 AHLs 外，细菌与微藻还可通过分泌其他群体感应分子(quorum sensing molecules, QSM)进行种间交流，活性污泥产生的 QSM 可促进小球藻属(*Chlorella sp.*)脂质含量增加[42]。在大型藻类方面，石莼附生细菌产生的 AHLs 或 AHLs 调控的基因产物可促进石莼游动孢子萌发与胚芽生长[43]。

2.3 基因转移

HGT 又称侧向基因转移，是指微生物之间的遗传物质在非繁殖方式下的交换机制，其作用同样具有明显的“双重性”。在长期协同进化中，微藻谱系中出现了多种 HGT 的案例，其中多数基因来源于细菌，部分原因可能与细菌具有更高的代谢多样性及更强的环境适应能力有关[44]。HGT 事件可以增强细菌与微藻间耐抗性基因以及降解功能基因的交流，促进群落对复

杂抗生素污染物的适应以及降解能力。极端嗜热红藻(*Cyanidioschyzon merolae*)生活在高温、有毒且富含金属的酸性环境中，通过水平基因转移至少获得 75 个来自极端环境中的细菌和古细菌的基因，从而显著增强代谢能力并适应极端生态位[45]。此外，HGT 有助于微藻获得新的代谢途径以提高环境适应性。在硅藻中，鸟氨酸-尿素循环中的一类关键酶可使微藻-细菌系统从长期氮限制中恢复，而编码该酶的基因被认为来源于细菌的水平转移[46]。然而，HGT 也是 ARGs 传播的主要途径之一，这可能会增强某些细菌的竞争优势，甚至对微藻产生抑制作用，影响体系稳定性[47]。因此，HGT 在微藻-细菌系统中既能够促进代谢协同与污染物降解，也可能通过增强竞争带来潜在生态风险，其对抗生素去除的影响具有复杂性和双重性。

3 微藻-细菌系统去除抗生素的应用

近年来，基于微藻-细菌系统的抗生素处理技术在水环境污染控制领域受到广泛关注。相较于传统单一微生物处理工艺，微藻-细菌系统兼具光合供氧、协同代谢、结构稳定性高及能耗低等优势，表现出良好的应用潜力，已有大量围绕各种微藻-细菌系统在提升抗生素去除效果方面的研究，如表 1 所示。从表 1 中可以看出，不同类型抗生素的去除效率存在明显差异。在含抗生素的猪舍废水中，目标抗生素包括青霉素、土霉素、多西环素、麻保沙星、恩诺沙星、达诺氟沙星、磺胺嘧啶(sulfadiazine, SDZ)等的去除效率在微藻-细菌系统光生物反应器中显著高于紫色光合细菌光生物反应器，最高可达到 95%[48]。此外，克拉霉素在单一的小球藻系统中去除率为 78%，而在微藻-细菌系统中去除率增加到 100%，再一次印证了微藻-细菌系统在抗生素去除方面的优势[49]。除了细菌之外，微藻-细菌系统中的真菌也是其不可忽视的组成部分。细菌-微藻-真菌多元共生体在处理猪废水时对多种抗生素表现出较高的去除效率，同时具有良好的抗冲击负荷能力和系统稳定性[50]。这些差异可能与菌藻的代谢互补性、DOC 释放能力、EPS 分泌量及 QS 调控能力密切相关。高代谢活性细菌与强光合活性微藻的组合通常在整体去除效率上表现得更好，而 EPS 分泌能力强的组合在吸附和初步去除环节具有显著优势。通过差异分析有助于理解菌藻协作机制，为选择高效菌藻组合优化抗生素去除提供参考。基于此原理，一系列新兴的抗生素处理技术逐渐成为研究热点。

3.1 寡营养条件下的微藻-细菌协作机制研究

在实验室或相对简化的微藻-细菌系统中，研究人员主要关注微藻与细菌的互作关系，以及它们各自对抗生素的去除贡献。在该体系中，微藻通过光合作用释放 DOC 和 O_2，细菌利用这些底物参与共代谢，增强抗生素的生物降解；同时，微藻分泌的 EPS 可吸附抗生素，为后续生物降解或光降解提供条件。该方向主要强调机制层面，探讨生物降解、生物吸附、光降解的相对作用，以及 QS 和 HGT 等对协同降解的调控。因此，寡营养条件下的微藻-细菌协作研究主要关注生物吸附、生物富集、生物降解和光降解等过程的相对贡献，以及 DOC 释放、EPS 分泌、抗氧化酶响应和群落互作对抗生素转化的调控作用。已有研究表明，微藻-细菌协作体系对不同磺胺类抗生素的去除能力存在明显差异。斜生栅藻(*Scenedesmus obliquus*)-细菌体系对磺胺嘧啶和磺胺甲噁唑(sulfamethoxazole, SMX)的最大去除率分别为 5.85% 和 40.84%，二者去除效率的差异可能与抗生素分子亲脂性、细胞结合能力以及可生物降解性差异有关[57]。在实验室简化体系中，抗生素自身分子结构及其与藻菌细胞表面的相互作用是影响去除效果的重要因素。共代谢底物的补充也可显著影响

表1 微藻-细菌系统涉及的生物类型及抗生素去除效果

Table 1 The types of organisms involved in microalgal-bacteria system and the removal effect of antibiotics

Biological type	Antibiotic type	Remove efficiency/%
Chlorella-activated sludge	Penicillin	89.00[48]
	Oxytetracycline	93.00[48]
	Doxycycline	95.00[48]
	Marbofloxacin	71.00[48]
	Enrofloxacin	82.00[48]
	Danofloxacin	48.00[48]
	Sulfadiazine	44.00[48]
Chlorella activated sludge	Clarithromycin	100.00[49]
Chlorella-bacteria-fungi	Tetracycline hydrochloride	96.00±1.40[50]
	Oxytetracycline hydrochloride	91.10±7.90[50]
	Ciprofloxacin	48.70±5.10[50]
	Norfloxacin	34.60±2.90[50]
	Sulfadiazine	61.00±5.50[50]
	Sulfadimidine	63.70±5.60[50]
	Sulfamethoxazole	54.30±4.90[50]
Haematococcus pluvialis-activated sludge	Sulfamethoxazole	94.42−97.08[51]
	Tetracycline	69.75−89.73[51]
	Erythromycin	94.41−98.15[51]
Microbial and algal granular sludge	Chloramphenicol	74.00[52]
Scenedesmus obliquus-activated sludge	Sulfadiazine	5.85±0.81[53]
	Sulfamethoxazole	40.84±6.00[53]
Microalgae bacterial particles	Tetracycline	98.00[54]
Chlorella vulgaris-anaerobic digestion concentrate	Sulfamethoxazole	95.00[55]
Chlorella vulgaris-degrading bacteria	Ciprofloxacin hydrochloride	94.6±0.6 (10 mg/L)[56]
		69.6±4.5 (20 mg/L)[56]
		60.4±0.8 (40 mg/L)[56]
		68.2±1.7 (80 mg/L)[56]

微藻-细菌体系的协作去除过程。以葡萄糖和乙酸钠作为外源共代谢底物，进一步研究其对微藻-细菌联合体系去除 SDZ 和 SMX 的影响，结果表明葡萄糖和乙酸钠均可通过促进藻菌生物量增长、改变胞内生化组成和调节细菌群落结构提高体系对磺胺类抗生素的去除效果，其中葡萄糖处理下体系的最大比生长速率高于乙酸钠处理组[58]。外源可利用碳源能够调控藻菌共代谢过程，从而影响磺胺类抗生素的转化效率。此外，通过悬浮式微藻-细菌系统和固定式微藻-细菌系统去除厌氧消化浓缩液(anaerobic digestion concentrate, ADC)中的磺胺甲噁唑，去除效率分别为 85% 和 95%，表明通过固定化微藻可以提高微藻-细菌系统对 ADC 中抗生素的去除效果[55]。本课题组开展了菌藻系统降解盐酸环丙沙星(ciprofloxacin hydrochloride, CIP)的研究，以普通小球藻-细菌系统(microalgae-bacteria system, MBS)为核心，对比纯小球藻(pure microalgae, PM)和纯细菌(pure bacteria, PB)体系处理 CIP 废水的效果，发现 MBS 在初始 CIP 浓

度 10 mg/L 时去除率达(94.6±0.6)%，随 CIP 浓度升至 80 mg/L，其生物降解速率从 0.42 d^{-1} 降至 0.13 d^{-1}、半衰期从 1.66 d 增至 5.23 d；约氏不动杆菌(*Acinetobacter johnsonii*)是 CIP 降解的主要细菌，细菌的存在促进了小球藻生长，过氧化物酶(peroxidase, POD)和超氧化物歧化酶(superoxide dismutase, SOD)为缓解胞内氧化应激的核心酶，且基于化学计量学的细胞生长方程显示细菌摩尔产率系数约为小球藻的 2 倍[56]。MBS 体系通过促进微生物代谢、提升光合色素浓度实现 CIP 高效去除，为 CIP 污染废水的可持续处理提供了机制支撑和实践参考[56]。

3.2 富营养条件下的工程水处理体系研究

在大型反应器或工厂规模废水处理装置中，微藻-细菌系统通常处于较高营养水平，其研究重点在于抗生素去除效率、群落演化以及反应器参数对体系性能的影响。与实验室简化体系不同，营养盐及碳/氮/磷的调控主要用于批次实验机制研究，而非工程应用条件。因此，该方向更强调体系整体去除效率与运行稳定性。例如，菌藻生物反应器通过利用细菌和藻类的协同作用，有效去除废水中的抗生素、化学需氧量(chemical oxygen demand，COD)、总氮和总磷等污染物，实现对废水的有效处理。在传统的生物膜反应器中加入雨生红球藻，结果显示 SMX、四环素(tetracycline, TET)和红霉素(erythromycin, ERY)去除效果得到提升，其中 TET 的抗生素去除率从 69.75% 增加到 89.73%[51]。光序批式反应器结合菌藻污泥颗粒对氯霉素的去除率达到 74%，证明了菌藻颗粒污泥对抗生素具有优秀的抗毒性和去除性能[52]。

微藻与细菌形成的系统之所以能在抗生素去除中表现出较高效率，主要得益于几方面原因。首先，微藻可以通过光合作用不断提供氧气，这样既可在一定程度上降低曝气设备的运行强度或时间，从而减少能源消耗，也强化了好氧降解过程。其次，微藻-细菌之间的协同代谢作用拓宽了抗生素的转化路径，包括微藻提供 DOC 促进细菌共代谢降解、菌藻富集 EPS 增强抗生素吸附，以及氧化还原条件的改善推动光驱动转化等多种机制的综合作用。此外，胞外聚合物与生物膜结构提升了对抗生素的富集和缓慢释放效果；多样的反应器形式与颗粒化技术则增强了整个系统的稳定性和抗冲击能力。简化体系主要用于解析机制、提升菌藻生长与代谢能力，而工程体系则侧重于去除效率和运行参数优化。明确区分两类体系可使读者更清晰地理解不同实验条件下微藻-细菌系统对抗生素去除的作用及机制，同时为设计高效废水处理系统提供理论依据。

4 在抗生素胁迫下微藻-细菌系统的响应

当暴露于含抗生素的环境中时，微藻-细菌系统对抗生素胁迫会表现出短期和长期两类响应。短期响应主要体现为细胞层面的生理与代谢调节，包括蛋白质与脂类生物合成改变、核酸合成受扰、光合作用受抑以及氧化应激被诱导等原生质反应。长期暴露则更可能导致微生物群落结构重塑，并伴随 ARGs 丰度上升。

4.1 短期生理和酶学响应

微藻 EPS 在抗生素胁迫下常发生应激性积累[59]，而 EPS 的增加会增强微藻与菌群的附着与聚集，保证共生体系的结构稳定性。同时，微藻通过光合作用持续供应氧气，为细菌提供稳定的氧化还原环境，维持体系整体代谢稳态。细菌则利用微藻释放的 DOC 作为底物参与共代谢，同时产生抗氧化酶以清除活性氧(reactive oxygen species, ROS)，从而缓解氧化损伤[60]。这种微藻-细菌的协作机制使得体系在抗生素诱导的氧化胁迫下依旧保持较高的代谢活性，避免 ROS 过量导致细胞损伤。与单一微藻或单一细菌体系相比，共生体系表现出显著的耐受性

优势：微藻提供氧气和可利用底物，细菌通过活化抗氧化酶系统清除 ROS，从而保护微藻光合作用系统并维持代谢功能[61]。具体实验表明，在含 SDZ 的培养条件下，当 *Chlorella* sp. 的初始生物量提高至 0.25 g/L 时 SDZ 的去除率从 53% 提升至 89%，且较高初始藻体浓度可显著提高微藻的超氧化物歧化酶活性，以应对 SDZ 胁迫，这是其提高抗生素去除效率的重要原因[62]。在阿莫西林存在的条件下，增加共代谢碳源乙酸钠，微藻-细菌系统 EPS 中的蛋白质含量提升 42%−65%，PN/PS 比值显著上升[63]。此外，在抗生素 ERY 和罗红霉素(roxithromycin, ROX)联合胁迫的情况下，观察到蛋白核小球藻(*Chlorella pyrenoidosa*)细胞的 SOD 与氯霉素乙酰基转移酶活性变化显著，且高浓度抗生素处理组的抗氧化酶响应更明显，这表明抗氧化酶系统对应激的调节对于抗生素耐受和去除具有关键意义[64]。此外，细菌在抗生素刺激下还可表达大量应激相关蛋白质，激活 SOS 反应(由 ROS 引发的诱导型 DNA 修复系统)，可修复受损的基因组来促进细胞存活，保证了在 DNA 严重受损的情况下也可以继续复制。ROS 包括超氧化物(O_2^-)、过氧化氢(H_2O_2)和羟基自由基(OH·)，通常由连续的单电子还原所产生。Kohanski 等[65]使用喹诺酮类、内酰胺类和氨基糖苷类等杀菌药物，证明了大肠埃希氏菌(*Escherichia coli*)在抗生素胁迫下可能在三羧酸循环相关过程中产生大量 ROS。同样地，在藻类植物中抗生素会阻断光合作用电子传递，导致电子积累并产生 ROS[66]。低水平 ROS 可能触发适应性反应并促进耐受性形成，而过量 ROS 则可能引发细胞损伤乃至凋亡。SOS 反应可通过 DNA 修复应对抗生素胁迫带来的遗传损伤。研究表明，β-内酰胺类抗生素类可在金黄色葡萄球菌中诱导 SOS 反应，其特征为 RecA 和 LexA 蛋白的激活，这是 SOS 反应的 2 个主要调节因子[67]。除了 β-内酰胺类药物外，其他抗生素如氟喹诺酮类[68]、利福霉素[69]和甲氧苄啶[70]均已被证明可诱导 LexA 裂解和 SOS 反应。与此同时，抗生素胁迫引发的氧化应激通常会促进抗氧化防御系统增强，使 SOD、谷胱甘肽还原酶等抗氧化酶表达上调，从而在清除自由基、缓解氧化损伤方面发挥关键作用。

综上所述，在抗生素胁迫下，微藻-细菌系统的抗氧化响应表现为多层次协作：微藻通过光合作用持续提供氧气，缓解细菌氧化应激并维持稳定的代谢活性；细菌则通过自身抗氧化酶系统清除 ROS，降低微藻电子传递链压力；与此同时，微藻分泌的 EPS 在局部缓冲毒性、保护胞内结构方面发挥作用；此外，微藻提供的 DOC 进一步增强了细菌的抗氧化能力。这种微藻与细菌的协同抗氧化机制使共生体系在抗生素胁迫下表现出更高的耐受性，并维持较高的抗生素去除效率，相比单一微藻或细菌体系表现出显著的优越性。

4.2 微藻-细菌系统对抗生素胁迫的长期响应

在持续抗生素胁迫下，微藻-细菌系统中耐受性更强但初始丰度较低的物种可能逐渐占据优势。已有研究指出，抗生素可诱导微生物群落结构重塑，并促进耐药菌、降解菌以及 ARGs 的扩散，从而影响体系稳定性及相关代谢功能[71]。其中，假单胞菌门(*Pseudomonadota*)和拟杆菌门(*Bacteroidota*)的部分菌株具有抗生素降解能力，能够直接参与抗生素降解；假单胞菌属主要通过耐药性维持体系稳定，间接支持微藻-细菌协同代谢[72]。菌藻体系中的物种组成及其相对比例会影响菌藻互作关系、群落稳定性和废水处理性能[73]，而抗生素胁迫下的群落结构重塑可进一步促进耐受菌或降解功能菌的富集，从而影响抗生素去除效率及 ARGs 的扩散[72,74]。具体而言，在结合产酸发酵与微藻培养处理海水养殖废水的实验中，在 SMX 的胁迫下发酵单元中浮霉菌门(*Planctomycetota*)逐渐被假单胞菌门(*Pseudomonadota*)和拟杆菌门(*Bacteroidota*)取

代，表明了它们是抗生素胁迫下的优势菌门；同时，这两类菌群在水解与产酸阶段也发挥着重要作用，有助于促进厌氧发酵过程，为微藻生长提供更多可利用营养[74]。进一步研究显示，群落结构变化在属的水平上更为显著。在微藻-细菌污泥系统中处理含 SDZ 的废水时，通过调节微藻与活性污泥的接种比例可实现高达 99.8% 的 SDZ 去除效率，同时微藻接种显著调控了微生物群落结构，促进罗丹杆菌属(*Rhodanobacter*)和独岛杆菌属(*Dokdonella*)等菌属的丰度增加，这些菌属的富集与 SDZ 协同降解密切相关，并且处理后 *sul1* 和 *sul2* 抗性基因的相对丰度显著降低至约 22.9%，表明群落重塑不仅提升了抗生素去除效率，还帮助控制了 ARGs 的扩散[74]。另有研究指出，假单胞菌属可以产生具有抗菌活性的酶，如 β-内酰胺酶[75]，能够破坏抗生素结合蛋白，从而使抗生素失去活性。优势属在体系中的相对丰度提升有助于提高抗生素废水中污染物的去除效率，并维持微藻-细菌系统的功能稳定[61]。

除群落结构重塑外，ARGs 丰度升高是微藻-细菌系统在抗生素胁迫下的另一典型长期响应。ARGs 可在环境中的细菌之间及不同环境介质之间传播扩散，并在宿主体内不断复制，使微生物获得抵御抗生素的能力，最终导致抗生素疗效降低甚至失效。其主要机制如图 3 所示，包括：(1)依靠细胞膜阻止抗生素进入细胞；(2)通过外排泵将抗生素排出细菌体外；(3)突变修饰抗生素结合位点，使抗生素在细胞内无法产生作用；(4)通过共价修饰使抗生素失活，例如由乙酰转移酶催化作用于氨基糖苷类抗生素，或者由 β-内酰胺酶催化作用于 β-内酰胺抗生素，

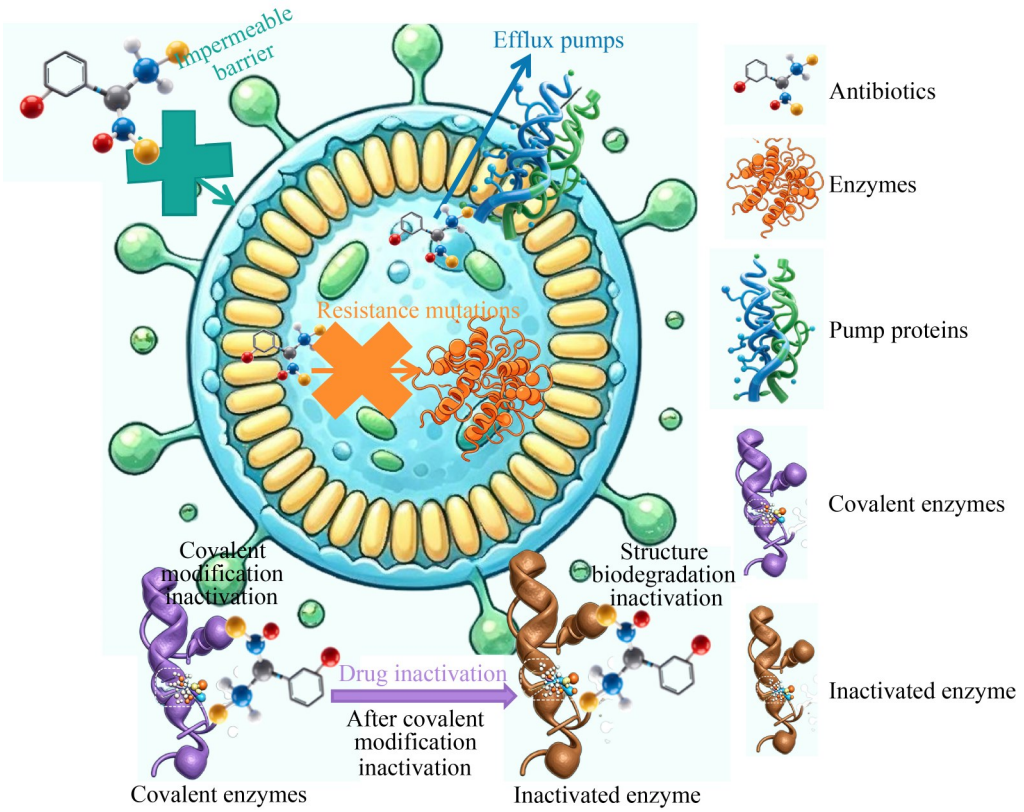


图3　抗生素抵御机制[76]

Figure 3　Antibiotic resistance mechanism[76].

使抗生素降解失活[76]。

污水处理厂被认为是环境中最常见的 ARGs 来源之一[77]，da Silva Rodrigues 等[78]在利用微藻-细菌系统降解污水处理厂废水中的 SMX 时发现，培养 7 d 后磺胺类抗性基因(*sul1*)的数量从 1.00×10^5 copies/μL 增加至 3.91×10^5 copies/μL。同样地，在微藻-细菌系统处理海水养殖废水中磺胺甲噁唑的研究中，实验组 ARG 数量为对照组的 6.9 倍；培养 20 d 后磺胺类药物抗性基因比例提高 11.9%。结果表明，SMX 的加入促进了发酵菌产生磺胺类药物耐药性[74]。在考察 50 μg/L 头孢氨苄和红霉素对微藻-菌群产生的影响实验中，培养后期 β-内酰胺耐药细菌占总细菌的比例略有升高(约 9%)[79]。值得注意的是，与单一的藻类系统或者活性污泥法相比，微藻-细菌系统出水中 ARGs 的总体丰度通常更低。在好氧颗粒污泥和藻菌颗粒体系处理链霉素、阿奇霉素和万古霉素的过程中，与好氧颗粒污泥样品相比，藻菌颗粒体系样品中的大多数 ARG 呈显著下降趋势[80]，表明了微藻-细菌系统在削减环境 ARGs、阻断其传播方面具有较大潜力。

在抗生素胁迫下，微藻-细菌系统的短期生理响应与长期群落响应协同作用，共同决定了抗生素的去除效率。短期响应中，微藻 EPS 的积累、ROS 调控及抗氧化酶活性上调，不仅缓解了氧化胁迫，还维持了光合作用和共代谢活性。长期响应中，优势菌群的富集、群落重塑及 ARGs 丰度的变化优化了微藻-细菌协作网络，提高了 DOC 利用效率和抗生素降解能力。这些胁迫响应不仅是现象性的变化，更对抗生素去除具有直接作用：EPS 富集提升抗生素吸附并缓冲毒性，使体系结构稳定；ROS 与抗氧化酶上调保持代谢活性；群落重塑优化协同代谢网络；ARGs 调控和耐药菌富集维持体系稳定。这些机制协同作用，使共生体系在抗生素存在下表现出高去除效率和良好的耐受性，相比单一微藻或细菌体系优势显著。综上所述，短期生理响应为体系提供即时保护，而长期群落重塑和 ARGs 调控则保证抗生素持续去除能力。将这 2 类响应结合起来分析有助于理解微藻-细菌系统在抗生素胁迫下的高效降解机制，并为工程应用提供理论支撑。

5 影响微藻-细菌系统去除抗生素性能的关键因素

在微藻-细菌系统中，抗生素的去除并非单一过程，而是由微藻细胞表面及 EPS 上的吸附与络合、微藻细胞的富集与转化、生物降解以及光驱动的协同转化等多路径耦合完成。不同的运行条件不仅影响单一微生物代谢活性，还通过调控菌藻之间的物质交换、微环境构建及群落结构演替，进而改变抗生素的去除路径及 ARGs 传播风险。因此，环境因子的作用需结合菌藻互作机制及抗生素转化过程进行系统分析。

在现有研究中，微藻-细菌系统对抗生素的去除主要基于两类研究场景：一类为实验室规模的科学研究，另一类则为面向实际废水处理的工程应用。前者通常以模拟废水或人工配水为研究对象，通过调节光照、营养盐比例(C/N/P)、接种比例等条件探究菌藻互作机制及其对抗生素降解路径的影响；后者则以实际污水(如养殖废水、生活污水或制药废水)为处理对象，其运行条件受进水水质、水力条件及系统稳定性等因素制约，调节空间相对有限。因此，不同研究场景下影响微藻-细菌系统抗生素去除性能的关键因素及其作用机制存在明显差异，有必要分别进行分析。

5.1 光照条件

光照不仅是微藻光合作用的重要驱动因素，更是调控菌藻代谢耦合与抗生素转化路径分配的核心因子。在适宜的光照条件下，微藻通过光合作用释放 O_2 和 DOC，分别作为电子受体与共代谢底物，促进好氧细菌对抗生素的生物降解及共代谢转化，这一过程直接强化了生物降

解路径。在生物膜反应器中，通过优化光照条件加入雨生红球藻后微藻光合作用增强，溶解性有机碳和氧气供应增加，从而促进细菌共代谢降解 SMX 和 TET[51]。同时，光照还可诱导体系产生一定水平的 ROS，参与抗生素的光化学转化过程，实现生物-光化学协同去除。然而，过强的光照会导致 ROS 过量积累，引发氧化应激响应，抑制微藻光系统活性，并可能促进耐受菌富集，从而影响体系稳定性及抗生素去除效率[81]。此外，光照通过影响微藻光合作用速率，还可调控菌藻之间的营养交换强度，从而间接影响群落结构与代谢网络[81-82]。因此，光照在菌藻体系中的 3 种作用分别是供氧、供碳及 ROS 的调控，是区别于单一细菌或微藻系统的重要调控因子[81]。

5.2 pH 与溶解氧

在微藻-细菌系统中，pH 的变化不仅会改变抗生素的电离状态、疏水性与膜通透性，影响其在生物相与水相之间的分配、吸附与富集过程，还会直接影响微藻光合作用、细菌代谢所需的酶活性，进而调控菌藻之间的碳氧交换效率[81-82]。适宜 pH 可提高微藻光合作用效率，增强氧气和 DOC 供应，为细菌提供更多代谢底物，促进抗生素的降解；pH 越偏离最优范围(偏酸/偏碱)，就会降低微藻光合效率和细菌降解酶活性，从而降低抗生素去除效率[81-82]。

溶解氧(dissolved oxygen, DO)在菌藻体系中具有更复杂的调控机制，这是由于 DO 是好氧细菌降解代谢所必需的电子受体，不仅影响了与好氧降解有关的酶促反应和共代谢速率，还影响了微藻的光合作用效率及氧气供应动态，从而间接影响抗生素降解途径。在有氧条件下(高 DO)，微藻的光合作用明显增强，细菌共代谢效率提高，体系对抗生素及常规污染物的整体去除效率显著高于低氧条件[82]，说明 DO 是影响协同去除效果的重要运行参数。在微藻-细菌系统中，微藻通过光合作用持续供氧使体系形成从表层富氧到内部缺氧的梯度结构，从而实现好氧降解与缺氧反应的空间耦合，这种结构不仅提高了抗生素的去除效率，还可能影响抗性基因的传播路径[81]。

5.3 水力停留时间/固体停留时间

水力停留时间(hydraulic retention time, HRT)决定了污染物与生物体系的接触时间，延长 HRT 可增加抗生素与微藻-细菌系统的接触时间，使微藻光合作用产生的氧气和 DOC 更充分地供给好氧细菌，从而促进细菌共代谢降解路径的持续进行。然而，对于部分结构稳定，难以生物降解的抗生素，仅依赖 HRT 提高瞬时去除率，并不足以保证矿化与风险降低。

固体停留时间(solids retention time, SRT)决定了系统中具备更强降解能力但生长较慢的功能菌群或者耐受性藻株是否能够长期存在。延长 SRT 或采用颗粒化结构以提高有效停留与生物量维持，通常更有利于实现更深度的转化。在较长 SRT 条件下，污染物有足够长的时间被持续转化，保证菌藻协同代谢充分发挥，提升了体系的长期处理能力。在 *Scenedesmus obliquus* FACHB-12 细菌共生体系中优化运行条件显著提高了对 CIP 的去除效率[83]。在 40 mg/L CIP 条件下，共生体系对 CIP 的去除率高达(96.1±0.07)%[83]，体系稳定性和抗冲击能力显著增强[84]。同时，SRT 也是调控 ARGs 风险的重要参数。过短的 SRT 可能会导致抗性细菌随污泥流失，而过长的 SRT 则可能促进耐药菌及 ARGs 在系统中的积累。因此，在菌藻共生体系中需要通过优化 SRT 实现“高效降解-低 ARGs 风险”之间的平衡。

5.4 营养盐

营养盐及 C/N/P 比例在实验室研究中常被作为重要调控参数，通过调控菌藻之间的物质交换过程对抗生素去除路径具有重要影响。在微藻-细菌系统中，微藻通过光合作用提供有机碳，而细菌通过矿化作用释放无机氮、磷，实现营养互补机制。抗生素的去除通常与体系的

营养限制状态密切相关：在低有机碳或氮源不足的条件下，细菌共代谢潜力下降，细菌更倾向于利用抗生素作为辅助碳源进行共代谢降解，从而强化抗生素去除路径；适度的营养补充能提升微藻生物量与酶促转化效率，增强供氧与DOC释放；然而，过量的营养盐也可能带来出水营养盐升高、藻类过度繁殖或系统失衡，同时增加氮磷负荷，并可能促进耐受菌群富集，从而间接影响ARGs传播。通过优化营养盐条件，菌藻颗粒污泥系统处理对废水中氯霉素的去除率达到74%，同时EPS含量增加，体系稳定性明显增强[52]。因此，营养盐在微藻-细菌系统中的作用不仅体现在代谢水平，还通过影响营养交换、群落结构以及抗生素转化路径之间的耦合关系，对系统性能产生综合影响[85]。

然而，在实际污水处理系统中有些营养盐本身就是去除主要的目标污染物，其浓度通常由进水水质决定，而非人为调控变量。因此，与实验室研究不同，工程应用中更关注的是在既定营养盐负荷条件下，微藻-细菌系统如何通过调节群落结构、优化代谢路径及维持系统稳定性实现抗生素与常规污染物的协同去除。过量营养盐可能导致藻类过度繁殖或系统失衡，而营养不足则可能限制微生物代谢活性，从而影响抗生素降解效率。因此，在工程应用中营养盐的作用更体现为对体系运行状态及微生物互作关系的间接调控，而非直接优化抗生素去除的控制手段[86]。

6 总结与展望

本文针对当前抗生素污染背景下微藻-细菌系统降解抗生素的研究进展进行了系统综述。微藻和细菌之间的互利共生关系能够有效提升抗生素的降解效率，微藻通过光合作用提供有机碳源与溶解氧，为细菌生长及其降解代谢提供底物与能量支持；细菌则可利用微藻释放的有机物并参与抗生素的生物转化与矿化过程。同时，藻菌互作还可能通过改变体系微环境、增强富集以及促进关键酶系表达等途径提高抗生素的吸收与转化速率，从而加速整体降解过程。然而，目前的研究仍存在一定局限性。(1)不同类型的抗生素和微藻-细菌系统的相互作用仍需进一步研究；(2)微藻-细菌系统中微生物的代谢途径和降解机制还需要更深入的了解；(3)实际应用中还需要考虑微藻-细菌系统的稳定性和环境适应性等问题。

未来研究可从以下方向展开：(1)比较不同微藻-细菌组合对各种类型抗生素的降解能力，筛选出具有高效降解能力的共生组合；(2)结合宏基因组、转录组、代谢组等多组学手段及同位素示踪等技术，解析关键功能菌/藻、核心代谢通路与限速环节，为优化微藻-细菌系统提供理论基础；(3)还需要开展实际环境条件下的应用研究，系统评估共生系统在不同环境条件下的稳定性和降解效果；(4)结合基因编辑和合成生物学等技术，构建具有特定降解能力的工程共生系统，为抗生素污染的治理提供新的思路和方法。

作者贡献声明

邹翔丞：负责统筹全文文献调研，初稿前言及全文的汇总和绘图，以及评审专家回复初稿；李焱：负责论文1−3部分初稿的写作；梁腾飞：负责论文4−6部分初稿的写作；柳莹：负责全文及给审稿专家回复的复审；皮永蕊：统筹全文的框架、定稿、投稿过程，支付版面费。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

[1] Jackson C, Hsia Y, Bielicki JA, Ellis S, Stephens P, Wong ICK, Sharland M. Estimating global trends in total and childhood antibiotic consumption, 2011–2015[J]. BMJ Global Health, 2019, 4(1): e001241.

[2] Wu MH, Que CJ, Xu G, Sun YF, Ma J, Xu H, Sun R, Tang L. Occurrence, fate and interrelation of selected antibiotics in sewage treatment plants and their receiving

surface water[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2016, 132: 132-139.
[3] Li X, Cheng ZW, Dang CY, Zhang M, Zheng Y, Xia Y. Metagenomic and viromic data mining reveals viral threats in biologically treated domestic wastewater[J]. Environmental Science and Ecotechnology, 2021, 7: 100105.
[4] Fiorentino A, Esteban B, Garrido-Cardenas JA, Kowalska K, Rizzo L, Aguera A, Pérez JAS. Effect of solar photo-fenton process in raceway pond reactors at neutral pH on antibiotic resistance determinants in secondary treated urban wastewater[J]. Journal of Hazardous Materials, 2019, 378: 120737.
[5] Wang XD, Yin RL, Zeng LX, Zhu MS. A review of graphene-based nanomaterials for removal of antibiotics from aqueous environments[J]. Environmental Pollution, 2019, 253: 100-110.
[6] Lee KM, Lai CW, Ngai KS, Juan JC. Recent developments of zinc oxide based photocatalyst in water treatment technology: a review[J]. Water Research, 2016, 88: 428-448.
[7] Rambabu K, Banat F, Pham QM, Ho SH, Ren NQ, Show PL. Biological remediation of acid mine drainage: review of past trends and current outlook[J]. Environmental Science and Ecotechnology, 2020, 2: 100024.
[8] Xiao ZH, Meng H, Li SN, Ning WH, Song YL, Han JL, Chang JS, Wang Y, Ho SH. Insights into the removal of antibiotics from livestock and aquaculture wastewater by algae-bacteria symbiosis systems[J]. Environmental Research, 2024, 257: 119326.
[9] Fayaz T, Renuka N, Ratha SK. Antibiotic occurrence, environmental risks, and their removal from aquatic environments using microalgae: advances and future perspectives[J]. Chemosphere, 2024, 349: 140822.
[10] McCorquodale-Bauer K, Flores Orozco D, Grosshans R, Zvomuya F, Cicek N. Reduction of antimicrobial resistance genes in wastewater through phytoremediation[J]. Frontiers in Synthetic Biology, 2025, 2: 1513580.
[11] Guo GJ, Wang ZF, Lu C, Xu WY, Lu B, Zhao YJ. Removal of antibiotics by four microalgae-based systems for swine wastewater treatment under different phytohormone treatment[J]. Bioresource Technology, 2024, 400: 130668.
[12] Eguchi K, Nagase H, Ozawa M, Endoh YS, Goto K, Hirata K, Miyamoto K, Yoshimura H. Evaluation of antimicrobial agents for veterinary use in the ecotoxicity test using microalgae[J]. Chemosphere, 2004, 57(11): 1733-1738.
[13] Du J, Zhao HX, Liu SS, Xie HJ, Wang Y, Chen JW. Antibiotics in the coastal water of the South Yellow Sea in China: occurrence, distribution and ecological risks[J]. Science of the Total Environment, 2017, 595: 521-527.
[14] Kümmerer K. Antibiotics in the aquatic environment: a review, part I[J]. Chemosphere, 2009, 75(4): 417-434.
[15] Zhang RJ, Tang JH, Li J, Cheng ZN, Chaemfa C, Liu DY, Zheng Q, Song MK, Luo CL, Zhang G. Occurrence and risks of antibiotics in the coastal aquatic environment of the Yellow Sea, North China[J]. Science of the Total Environment, 2013, 450/451: 197-204.
[16] 齐亚兵, 张思敬, 孟晓荣, 刘文, 杨清翠, 曹莉. 抗生素废水处理技术现状及研究进展[J]. 应用化工, 2021, 50(9): 2587-2593, 2597.
Qi YB, Zhang SJ, Meng XR, Liu W, Yang QC, Cao L. The present situation and research progress of antibiotic wastewater treatment technology[J]. Applied Chemical Industry, 2021, 50(9): 2587-2593, 2597 (in Chinese).
[17] Zheng DS, Yin GY, Liu M, Chen C, Jiang YH, Hou LJ, Zheng YL. A systematic review of antibiotics and antibiotic resistance genes in estuarine and coastal environments[J]. Science of the Total Environment, 2021, 777: 146009
[18] Xu WH, Zhang G, Zou SC, Li XD, Liu YC. Determination of selected antibiotics in the Victoria Harbour and the Pearl River, South China using high-performance liquid chromatography-electrospray ionization tandem mass spectrometry[J]. Environmental Pollution, 2007, 145(3): 672-679.
[19] Yang JF, Ying GG, Zhao JL, Tao R, Su HC, Liu YS. Spatial and seasonal distribution of selected antibiotics in surface waters of the Pearl Rivers, China[J]. Journal of Environmental Science and Health, Part B, 2011, 46(3): 272-280.
[20] Kim SC, Carlson K. Temporal and spatial trends in the occurrence of human and veterinary antibiotics in aqueous and river sediment matrices[J]. Environmental Science & Technology, 2007, 41(1): 50-57.
[21] Zhang C, Chen YY, Chen SL, Guan XC, Zhong Y, Yang QY. Occurrence, risk assessment, and *in vitro* and *in vivo* toxicity of antibiotics in surface water in China[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2023, 255: 114817.
[22] Tian L, Xu XF, Zhang ZL, Ding YZ, Zhang KQ, Zhi SL. A comprehensive contamination investigation of Bohai Bay seawater: antibiotics occurrence, distribution, ecological risks and their interactive factors[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2023, 20(2): 1599.
[23] Xu WH, Yan W, Li XD, Zou YD, Chen XX, Huang WX, Miao L, Zhang RJ, Zhang G, Zou SC. Antibiotics in riverine runoff of the Pearl River Delta and Pearl River Estuary, China: concentrations, mass loading and ecological risks[J]. Environmental Pollution, 2013, 182: 402-407.
[24] Zheng SL, Qiu XY, Chen B, Yu XG, Liu ZH, Zhong GP, Li HY, Chen M, Sun GD, Huang H, Yu WW, Freestone D. Antibiotics pollution in Jiulong River Estuary: source, distribution and bacterial resistance[J]. Chemosphere, 2011, 84(11): 1677-1685.
[25] Liu D, Xu YY, Junaid M, Zhu YG, Wang J. Distribution, transfer, ecological and human health risks of antibiotics in bay ecosystems[J]. Environment International, 2022, 158: 106949
[26] Kouzuma A, Watanabe K. Exploring the potential of algae/bacteria interactions[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2015, 33: 125-129.
[27] You XQ, Chen Q, Kong LR, Feng YM, Hu JR, Liu ST, Sun WL. Antibiotic stress-induced hormesis in phytoplankton and bacteria through their mutual

cooperation[J]. Science Advances, 2025, 11: 7921.
[28] Zhao K, Si TT, Liu SH, Liu GL, Li DH, Li FX. Co-metabolism of microorganisms: a study revealing the mechanism of antibiotic removal, progress of biodegradation transformation pathways[J]. Science of the Total Environment, 2024, 954: 176561.
[29] Satiro J, Dos Santos Neto AG, Marinho T, Marihno T, Sales M, Marinho I, Kato MT, Simoes R, Albuquerque A, Florencio. The role of the microalgae-bacteria consortium in biomass formation and its application in wastewater treatment systems: a comprehensive review[J]. Applied Sciences, 2024, 14(14): 6083.
[30] Vo TP, Danaee S, Chaiwong C, Pham BT, Poddar N, Kim M, Kuzhiumparambil U, Songsomboon C, Pernice M, Ngo HH, Ralph PJ, Vo PHN. Microalgae-bacteria consortia for organic pollutants remediation from wastewater: a critical review[J]. Journal of Environmental Chemical Engineering, 2024, 12(6): 114213.
[31] Wyatt KH, Seballos RC, Shoemaker MN, Brown, SP, Chandra S, Kuehn KA, Rober AR, Sadro S. Resource constraints highlight complex microbial interactionsduring lake biofilm development[J]. Journal of Ecology, 2019, 107(6): 2737-2746.
[32] Awdhesh Kumar Mishra R, Kodiveri Muthukaliannan G. Role of microalgal metabolites in controlling quorum-sensing-regulated biofilm[J]. Archives of Microbiology, 2022, 204(3): 163.
[33] Ogwuche AA, Jabbi ES, Bangura SK, Eheneden I, Bako M. Omics amplification of microalgae-bacteria consortium wonders in nutrients and antibiotics removal from wastewater[J]. European Journal of Ecology, Biology and Agriculture, 2026, 3(2): 53-75.
[34] Villa JA, Ray EE, Barney BM. *Azotobacter vinelandii* siderophore can provide nitrogen to support the culture of the green algae *Neochloris oleoabundans* and *Scenedesmus* sp. BA032[J]. FEMS Microbiology Letters, 2014, 351(1): 70-77.
[35] Zhou YY, Zhou YH, Chen SQ, Guo NN, Xiang P, Lin ST, Bai Y, Hu XL, Zhang Z. Evaluating the role of algae in algal-bacterial granular sludge: nutrient removal, microbial community and granular characteristics[J]. Bioresource Technology, 2022, 365: 128165.
[36] Perera IA, Abinandan S, Subashchandrabose SR, Venkateswarlu K, Cole N, Naidu R, Megharaj M. Extracellular polymeric substances drive symbiotic interactions in bacterial-microalgal consortia[J]. Microbial Ecology, 2022, 83(3): 596-607.
[37] Guckes KR, Yount TA, Steingard CH, Miyashiro TI. Quorum sensing inhibits interference competition among bacterial symbionts within a host[J]. Current Biology, 2023, 33(19): 4244-4251.
[38] Zhou J, Lyu YH, Richlen ML, Anderson DM, Cai ZH. Quorum sensing is a language of chemical signals and plays an ecological role in algal-bacterial interactions[J]. Critical Reviews in Plant Sciences, 2016, 35(2): 8-35.
[39] Zhang B, Sun WX, Su YR, Ren Q, Ji ZJ, Zhang AL. Utilization of *N*-acyl homoserine lactone-secreting bacteria in algal environment to increase biomass accumulation of *Chlorella*[J]. BioEnergy Research, 2022, 15(4): 2111-2121.
[40] Paul C, Pohnert G. Interactions of the algicidal bacterium *Kordia algicida* with diatoms: regulated protease excretion for specific algal lysis[J]. PLoS One, 2011, 6(6): e21032.
[41] Deng YQ, Ma J, Xu LJ, Li YX, Zhao H, Han JF, Tao J, Li XF, Zhu SY, Qin ED, Qin CF. Generation and characterization of a protective mouse monoclonal antibody against human enterovirus 71[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(18): 7663-7671.
[42] Zhang CF, Li QC, Fu L, Zhou DD, Crittenden JC. Quorum sensing molecules in activated sludge could trigger microalgae lipid synthesis[J]. Bioresource Technology, 2018, 263: 576-582.
[43] Twigg MS, Tait K, Williams P, Atkinson S, Cámara M. Interference with the germination and growth of *Ulva* zoospores by quorum-sensing molecules from *Ulva*-associated epiphytic bacteria[J]. Environmental Microbiology, 2014, 16(2): 445-453.
[44] Keeling PJ. Functional and ecological impacts of horizontal gene transfer in eukaryotes[J]. Current Opinion in Genetics & Development, 2009, 19(6): 613-619.
[45] Schönknecht G, Chen WH, Ternes CM, Barbier GG, Shrestha RP, Stanke M, Bräutigam A, Baker BJ, Banfield JF, Garavito RM, Carr K, Wilkerson C, Rensing SA, Gagneul D, Dickenson NE, Oesterhelt C, Lercher MJ, Weber APM. Gene transfer from bacteria and Archaea facilitated evolution of an extremophilic eukaryote[J]. Science, 2013, 339(6124): 1207-1210.
[46] Allen AE, Dupont CL, Oborník M, Horák A, Nunes-Nesi A, McCrow JP, Zheng H, Johnson DA, Hu HH, Fernie AR, Bowler C. Evolution and metabolic significance of the urea cycle in photosynthetic diatoms[J]. Nature, 2011, 473(7346): 203-207.
[47] You ZQ, Wang C, Yang XB, Liu ZK, Guan YQ, Mu JD, Shi HJ, Zhao Z. Effects of eutrophication on the horizontal transfer of antibiotic resistance genes in microalgal-bacterial symbiotic systems[J]. Environmental Research, 2024, 251: 118692.
[48] López-Serna R, García D, Bolado S, Jiménez JJ, Lai FY, Golovko O, Gago-Ferrero P, Ahrens L, Wiberg K, Muñoz R. Photobioreactors based on microalgae-bacteria and purple phototrophic bacteria consortia: a promising technology to reduce the load of veterinary drugs from piggery wastewater[J]. Science of the Total Environment, 2019, 692: 259-266.
[49] Prosenc F, Piechocka J, Škufca D, Heath E, Griessler Bulc T, Istenič D, Buttiglieri G. Microalgae-based removal of contaminants of emerging concern: mechanisms in *Chlorella vulgaris* and mixed algal-bacterial cultures[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 418: 126284.
[50] Liu J, Wang ZF, Zhao CZ, Lu B, Zhao YJ. Phytohormone gibberellins treatment enhances multiple antibiotics removal efficiency of different bacteria-microalgae-fungi symbionts[J]. Bioresource Technology, 2024, 394:

130182.
[51] Aydin S, Ünlü İD, Arabacı DN, Duru ÖA. Evaluating the effect of microalga *Haematococcus pluvialis* bioaugmentation on aerobic membrane bioreactor in terms of performance, membrane fouling and microbial community structure[J]. Science of the Total Environment, 2022, 807: 149908.
[52] 徐超, 王启中, 王宗平. 菌藻颗粒污泥对氯霉素废水的去除效率及机理研究[J]. 水处理技术, 2023, 49(7): 45-49.
Xu C, Wang QZ, Wang ZP. Using algae-bacteria granular sludge to effectively treat chloramphenicol wastewater: performance and mechanism[J]. Technology of Water Treatment, 2023, 49(7): 45-49 (in Chinese).
[53] Wang YQ, Chen PP, Yu XF, Zhang JY. Algae-bacteria symbiotic constructed wetlands for antibiotic wastewater purification and biological response[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 1044009.
[54] Wang SL, Ji B, Zhang M, Ma YQ, Gu J, Liu Y. Defensive responses of microalgal-bacterial granules to tetracycline in municipal wastewater treatment[J]. Bioresource Technology, 2020, 312: 123605.
[55] Xie BH, Tang XB, Ng HY, Deng SH, Shi XQ, Song WL, Huang SJ, Li GB, Liang H. Biological sulfamethoxazole degradation along with anaerobically digested centrate treatment by immobilized microalgal-bacterial consortium: performance, mechanism and shifts in bacterial and microalgal communities[J]. Chemical Engineering Journal, 2020, 388: 124217.
[56] Pi YR, Li Y, Jia WP, Tang YZ. Enhancing removal performance of ciprofloxacin hydrochloride by *Chlorella vulgaris*-bacteria consortium: insights of microbial responses and stoichiometry[J]. Journal of Hazardous Materials, 2025, 494: 138780.
[57] Wang Y, Li JH, Lei Y, Li XQ, Nagarajan D, Lee DJ, Chang JS. Bioremediation of sulfonamides by a microalgae-bacteria consortium—analysis of pollutants removal efficiency, cellular composition, and bacterial community[J]. Bioresource Technology, 2022, 351: 126964.
[58] Wang Y, Li JH, Lei Y, Cui R, Liang AP, Li XQ, Kit Leong Y, Chang JS. Enhanced sulfonamides removal *via* microalgae-bacteria consortium *via* co-substrate supplementation[J]. Bioresource Technology, 2022, 358: 127431.
[59] Han XM, Wang ZW, Chen M, Zhang XR, Tang CY, Wu ZC. Acute responses of microorganisms from membrane bioreactors in the presence of NaOCl: protective mechanisms of extracellular polymeric substances[J]. Environmental Science & Technology, 2017, 51(6): 3233-3241.
[60] Li SN, Li X, Chang HX, Zhong NB, Ren NQ, Ho SH. Comprehensive insights into antibiotic resistance gene migration in microalgal-bacterial consortia: mechanisms, factors, and perspectives[J]. Science of the Total Environment, 2023, 901: 166029.
[61] Abate R, Oon YL, Oon YS, Bi YH, Mi WJ, Song GF, Gao YH. Diverse interactions between bacteria and microalgae: a review for enhancing harmful algal bloom mitigation and biomass processing efficiency[J]. Heliyon, 2024, 10(17): e36503.
[62] Ma YF, Lin SP, Guo T, Guo CC, Li YT, Hou YH, Gao YC, Dong RJ, Liu S. Exploring the influence of sulfadiazine-induced stress on antibiotic removal and transformation pathway using microalgae *Chlorella* sp.[J]. Environmental Research, 2024, 256: 119225.
[63] Zhang CJ, Zhang QF, Dong SS, Zhou DD. Could co-substrate sodium acetate simultaneously promote *Chlorella* to degrade amoxicillin and produce bioresources [J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 417: 126147.
[64] Guan T, Wu JZ, Tang GX, Wu FF, Gao W, Ren SH, Li W. Insights into the interactions of microalgae and combined macrolide antibiotics: removal efficiency, physiological-biochemical responses and transcriptomic analysis[J]. Plants, 2026, 15(7): 1128.
[65] Kohanski MA, Dwyer DJ, Hayete B, Lawrence CA, Collins JJ. A common mechanism of cellular death induced by bactericidal antibiotics[J]. Cell, 2007, 130(5): 797-810.
[66] Mao YF, Yu Y, Ma ZX, Li H, Yu WW, Cao L, He Q. Azithromycin induces dual effects on microalgae: roles of photosynthetic damage and oxidative stress[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2021, 222: 112496.
[67] Maiques E, Úbeda C, Campoy S, Salvador N, Lasa I, Novick RP, Barbé J, Penadés JR. β-lactam antibiotics induce the SOS response and horizontal transfer of virulence factors in *Staphylococcus aureus*[J]. Journal of Bacteriology, 2006, 188(7): 2726-2729.
[68] Cirz RT, Jones MB, Gingles NA, Minogue TD, Jarrahi B, Peterson SN, Romesberg FE. Complete and SOS-mediated response of *Staphylococcus aureus* to the antibiotic ciprofloxacin[J]. Journal of Bacteriology, 2007, 189(2): 531-539.
[69] Cirz RT, Chin JK, Andes DR, de Crécy-Lagard V, Craig WA, Romesberg FE. Inhibition of mutation and combating the evolution of antibiotic resistance[J]. PLoS Biology, 2005, 3(6): e176.
[70] Lewin CS, Amyes SGB. The role of the SOS response in bacteria exposed to zidovudine or trimethoprim[J]. Journal of Medical Microbiology, 1991, 34(6): 329-332.
[71] Yan RF, Wang YB, Li JH, Wang XH, Wang YK. Determination of the lower limits of antibiotic biodegradation and the fate of antibiotic resistant genes in activated sludge: both nitrifying bacteria and heterotrophic bacteria matter[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 425: 127764.
[72] Gong WJ, Guo L, Huang CX, Xie BH, Jiang MM, Zhao YZ, Zhang HT, Wu YX, Liang H. A systematic review of antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) in mariculture wastewater: antibiotics removal by microalgal-bacterial symbiotic system (MBSS), ARGs characterization on the metagenomic[J]. Science of the Total Environment, 2024, 930: 172601.
[73] HMu RM, Jia YT, Ma GX, Liu LR, Hao KX, Qi F, Shao YY. Advances in the use of microalgal-bacterial consortia for wastewater treatment: Community structures,

interactions, economic resource reclamation, and study techniques[J]. Water environment research, 2021, 93(8): 1217-1230.
[74] Lin SP, Pan MM, Ma YF, Chen ZH, Lyu T, Dong RJ, Ruan R, Liu S. Microalgae-mediated shaping of bacterial communities enhances antibiotic removal and antibiotic resistance control[J]. Bioresource Technology, 2026, 441: 133577.
[75] Mandsberg LF, Ciofu O, Kirkby N, Christiansen LE, Poulsen HE, Høiby N. Antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa* strains with increased mutation frequency due to inactivation of the DNA oxidative repair system[J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2009, 53(6): 2483-2491.
[76] Allen HK, Donato J, Wang HH, Cloud-Hansen KA, Davies J, Handelsman J. Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments[J]. Nature Reviews Microbiology, 2010, 8(4): 251-259.
[77] Karkman A, Do TT, Walsh F, Virta MPJ. Antibiotic-resistance genes in waste water[J]. Trends in Microbiology, 2018, 26(3): 220-228.
[78] Da Silva Rodrigues DA, da Cunha CCRF, Freitas MG, de Barros ALC, e Castro PBN, Pereira AR, de Queiroz Silva S, da Fonseca Santiago A, de Cássia Franco Afonso RJ. Biodegradation of sulfamethoxazole by microalgae-bacteria consortium in wastewater treatment plant effluents[J]. Science of the Total Environment, 2020, 749: 141441.
[79] Da Silva Rodrigues DA, da Cunha CCRF, do Espirito Santo DR, de Barros ALC, Pereira AR, de Queiroz Silva S, da Fonseca Santiago A, de Cássia Franco Afonso RJ. Removal of cephalexin and erythromycin antibiotics, and their resistance genes, by microalgae-bacteria consortium from wastewater treatment plant secondary effluents[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, 28(47): 67822-67832.
[80] Liu L, Yu X, Wu DZ, Su JQ. Antibiotic resistance gene profile in aerobic granular reactor under antibiotic stress: can eukaryotic microalgae act as inhibiting factor [J]. Environmental Pollution, 2022, 304: 119221.
[81] Leng LJ, Wei L, Xiong Q, Xu SY, Li WT, Lv S, Lu Q, Wan LP, Wen ZY, Zhou WG. Use of microalgae based technology for the removal of antibiotics from wastewater: a review[J]. Chemosphere, 2020, 238: 124680.
[82] Eheneden I, Wang RC, Zhao JF. Antibiotic removal by microalgae-bacteria consortium: metabolic pathways and microbial responses[J]. Science of the Total Environment, 2023, 891: 164489.
[83] Wang Y, Ning WB, Han MN, Gao CF, Guo WQ, Chang JS, Ho SH. Algae-mediated bioremediation of ciprofloxacin through a symbiotic microalgae-bacteria consortium[J]. Algal Research, 2023, 71: 103062.
[84] Zhang B, Li W, Guo Y, Zhang ZQ, Shi WX, Cui FY, Lens PNL, Tay JH. Microalgal-bacterial consortia: from interspecies interactions to biotechnological applications[J]. Renewable and Sustainable Energy Reviews, 2020, 118: 109563.
[85] Xiong Q, Hu LX, Liu YS, Zhao JL, He LY, Ying GG. Microalgae-based technology for antibiotics removal: from mechanisms to application of innovational hybrid systems[J]. Environment International, 2021, 155: 106594.
[86] Li N, Zhao EY, Zhang ZG, Yin W, Wang BT, Xiao XL. De-clustered nonbonding oxygen state inhibits oxygen dimerization for highly activated and stable anionic redox in sodium-based layered cathodes[J]. Chemical Engineering Journal, 2023, 466: 143145.