

## 2017 年 5 月國際間土壤及地下水污染調查與整治技術最新發展趨勢

成功大學永續環境實驗所、業興環境科技股份有限公司、行政院環境保護署

**主題：**現地生物整治技術-微生物觀點

**摘要：**本文共彙整 20 篇近三年有關地下水污染微生物整治之國際期刊內容，其中包括處理重金屬、油品、含氯有機物、持久性及其它污染物地下水之微生物研究現況。各式地下水污染物以微生物降解的自然衰減法及加強式生物整治為主題，針對含氯有機物污染的研究，微生物方面則強調群體間作用之機制。

### 一、主題架構：

1. 近三年處理重金屬污染地下水之微生物相關文獻；
2. 近三年處理油品污染地下水之微生物相關文獻；
3. 近三年處理含氯有機物及持久性污染物污染地下水之微生物相關文獻；
4. 近三年其它污染物污染地下水之微生物相關文獻。

### 二、探討問題重點：

1. 處理重金屬污染地下水之微生物研究現況；
2. 處理油品污染地下水之微生物研究現況；
3. 處理含氯有機物及持久性污染物污染地下水之微生物研究現況；
4. 其它污染物污染地下水之微生物研究現況。

### 三、重點整理：

#### 3.1 處理重金屬污染地下水之微生物研究現況

Li 等人(2016)提及地下水污染物更擴及砷和硝酸鹽，迄今仍無法使用單一菌種即可有效整治現地地下水中砷和硝酸鹽。該研究發現新型菌株二氧鐵氧化細菌 PXL2 是生物整治硝酸鹽和砷的優良候選微生物，主要是它具有氧化和脫硝的活性，採 Fe(II)厭氧硝酸鹽反應機制，將砷吸附到 Fe(III)氧化物上，並將毒性較高的 As(III)氧化為流動性和毒性較低的 As(V)，如持續優化 PXL2 菌株為具高效能和低成本的處理技術，將有助於整治地下水砷及硝酸鹽污染。

Liu 等人(2016)提及脫硝菌群具有還原硝酸鹽和氧化 Fe(II)的能力，並透過 Box-Behnken 設計和應答曲面法，脫硝反應與 Fe(II)氧化作用透過高通量定序技

術分析微生物多樣性的結果中發現，在地下水厭氧環境中的最佳溫度、pH 和營養鹽中碳/氮比(C/N)比。然而，微生物菌群的種類在不同的溫度、pH 值和 C/N 下有不同的分佈。在一般自然環境中，白念桿菌(class Betaproteobacteria)和菌桿菌(phylum Bacteroidetes)為主要的細菌門，而甲基黃曲霉(genus *Methyloversatilis*)是優勢培養物中主要的菌屬。複雜的微生物群主要是來自於複雜的反應系統，如以異營脫氮和 Fe(II)氧化反應主導的系統，仍能觀察到自營脫硝反應、氫和乙酸鹽的生成反應在整個反應系統中產生。脫氮菌屬(如，genus *Azonexus*)、硝酸鹽利用的 Fe(II)氧化細菌(NDFO)(如 genus *Dechloromonas*)和乙酸鹽生成菌(如醋桿菌)在共同基質存在的環境中不均勻分佈。這些發現有助於了解硝酸鹽地下水整治系統及微生物生態系統。

小結：

近二年重金屬污染地下水整治之研究主要以砷與硝酸鹽為污染議題，利用厭氧硝酸鹽反應機制，透過高通量定序技術觀察有效菌種及菌群生態系統變化，調整有效生物整治參數。

### 3.2 處理油品污染地下水之微生物研究現況

Zheng 等人(2016)指出利用水化學分析法、以 16SrDNA 基因為基礎的聚合酶鏈放大法(PCR)和變性梯度凝膠電泳法(DGGE)，對中國東北部原油管道洩漏的烴類天然生物降解過程中的化學參數、菌落結構和微生物活性進行研究。2010 年 6 月，石油烴(PHs)濃度和主要物理化學特徵，包括土壤之氧化還原勢能 Eh 及 pH 逐漸升高，說明生物降解程度逐漸減少。參與生物降解的電子受體( $\text{SO}_4^{2-}$ )與生物降解程度相同，而生物降解產物( $\text{Fe}^{2+}$ 、 $\text{Mn}^{2+}$  及  $\text{HCO}_3^-$ )則以相反的趨勢反應。依據監測井中的  $\text{Fe}^{2+}$ 、 $\text{Mn}^{2+}$  和  $\text{SO}_4^{2-}$  濃度，說明硫酸鹽還原生物降解是污染場址的主要機制，而非鐵錳還原反應。水化學參數的變化也反應生物降解程度在污染源中心被增強，且鐵錳還原作用比硫酸鹽還原生物降解反應發生時期較早。不同土壤深度的群體多樣性和微生物活動與 PHs 有關，雖然不是簡單的線性關係，但群體多樣性和微生物活動可觀察到隨著土壤 PHs 濃度的增加而增加，且在 PHs 濃度達 20 mg/kg 左右達到最大，顯示當土壤中的 PHs 濃度超過 20 mg/kg 時，微生物將會出現群體繼代。根據 DGGE 的結果顯示，一條序列與在近海油污染環境中發現的屬於 gamma-Proteobacteria 綱下的未培養細菌具有高度相似性，且對石油具有降解功能。

Liu 等人(2016)提及甲基第三丁基醚(MTBE)的廣泛使用是造成地下水污染的主因，更因其氣味問題及具有高毒性而備受關注。MTBE 可藉由厭氧程序降解，顯示生物整治法為有效解決方案之一。然而，負責降解 MTBE 的微生物和機制

仍屬未知，該研究即以鑑別主要負責降解 MTBE 的微生物為主，以新澤西州 Arthur Kill 海峽潮間帶富含 MTBE 的沉積物做為唯一碳源，進行厭氧產生甲烷微生物的培養。利用結合穩定同位素探測(SIP)的 T-RFLP 法、以細菌 16S rRNA 基因為基礎的高通量定序和 clone 資料庫，來分析優勢菌群組成。定序結果發現其中主要組成球菌科的微生物 phylum Firmicutes。SIP 實驗則顯示，細菌群落中連續添加 C-13 標記的 MTBE 與去甲基化中有活性的菌種 *Saccharofermentans acetigenes* 最密切相關。本研究將有助於澈底了解厭氧 MTBE 降解過程，並確定未來可用於監測自然衰減的生物標誌物。

Chiu 等人(2017)提出內生生物整治法(IB)是降低地下水中石油烴的主要機制。該研究評估 IB 對污染物去除率、有效性和機制，並分析地下水中的 IB 效率、優勢菌群、微生物多樣性和生物降解速率。研究結果發現，微生物菌群在高濃度 BTEX(50.9 mg/L)和 MTBE(58.5 mg/L)條件下，生物降解能力高。在微生物多樣分析結果顯示，地下水中檢測到 21 種降解菌種。在化合物的自然衰減率的評估顯示 MTBE 和 BTEX 的一級衰減率分別為  $5.7 \times 10^{-4}$  和  $1.3 \times 10^{-3}$ /天，高衰減率反應 IB 機制在污染物去除中的重要作用。

Posman 等人(2017)指出環境微生物群落的調查對於發現能夠降解有害化合物的物種群至關重要，並可能找到進一步的生物整治策略。該研究的目的是確定煤焦油污染地下水中具有苯降解能力的好氧微生物。利用氣層析質譜儀(GC-MS)分析實驗室規格試驗和監測井中水的苯降解濃度，並使用[C-13]苯的穩定同位素探測(SIP)實驗來標定聚落微生物的 DNA。在 16S rRNA clone 資料庫中發現 Gamma-proteobacteria 和 Beta-proteobacteria 為具活性的苯代謝微生物菌群。並自實驗室中所培養的 9 種分離株中找出 5 種能在苯環境下生長。其中，分離株 *Variovorax* MAK3 在地下水中具有良好苯降解功能。然而，利用定量 PCR 量測未接種的地下水中 16S rRNA 和 RDH 基因的豐富度，結果顯示 *Variovorax* 存在卻未對苯產生反應。該研究將穩定同位素探測(SIP)的分子生物學技術應用於受污染的地下水樣品中的微生物群落，以鑑識具有苯降解能力的群落組成。分離細菌的進一步表現可協助追蹤培養微生物與天然微生物中降解苯的關鍵基因的表現。

Farkas 等人(2017)提出無氧鐵還原細菌通常存在於受芳香烴污染的地下環境的微生物群落中，並常在污染物降解過程中扮演重要的角色。匈牙利 Sikls 是苯、甲苯、乙苯和二甲苯(BTEX)污染區，也是匈牙利最具代表性的石油烴污染地區之一。對污染區的微生物群落的持續監測顯示，與芳香烴污染高度相關的地下環境，存在新興微生物 genus *Geobacter* 群聚和 phylotype *Rhodoferax*。該研究的目的是從最初的環境中強化 *Rhodoferax* 與其他的鐵還原細菌。因此，該研究

使用四種些微不同的淡水介質來增強 Fe(III)還原劑，僅僅是氮源(有機氮、無機氮或氣體頂空氮)的形式不同。儘管 phylotype Rhodoferrax 強化並不成功，但 genus Geobacter 相關細菌則已成功強化，證明不同的氮源導致不同的 genus Geobacter 物種的強化。在強化初始地下水樣品中 benzylsuccinate synthase gene 的多樣性顯示污染物團中心 genus Geobacter 菌群，在甲苯的厭氧降解過程中可能不是主要的角色。

小結：

近二年針對處理油品污染地下水之微生物研究現況，主要使用多種工具來觀察研究降解過程中微生物及污染物之間的變化，包括水化學分析法、GC-MS，及以 16SrDNA 為主的 PCR、DGGE、高通量定序、Clone 資料庫及結合穩定同位素探測(SIP)的 T-RFLP 法，找出最適合運用於油品的降解的微生物與環境條件。

### 3.3 處理含氯有機物及持久性污染物污染地下水之微生物研究現況

Reiss 等人(2016)提及用於消毒飲用水的含氯溶劑污染是全世界嚴重的問題。生物刺激法可以透過增強還原脫氯機制以成功降解環境中含氯溶劑的污染，但卻對其降解途徑所知甚少，有時會造成更嚴重的問題。整個宏基因體基因分析技術能揭開由生物刺激誘導的微生物群落變化的細節。該研究比較污染超級基金場址四氯乙烯的宏基因體基因分析技術應用於生物刺激法整治前後的差異。環境 DNA 自現場注入乳化植物油、營養物及氫氧化物生物整治劑注入前一個月和注入後五個月的地下水來取得未培養的微生物。研究發現，在污染場址整治前，以 Alphaproteobacteria 和 Betaproteobacteria 為主，但在生物刺激後 5 個月則顯著降低，而以土壤桿菌和硫磺菌(genus Geobacter and genus Sulfurospirillum)替代“genus Sideroxydans”和伯克霍爾德桿菌屬(genus Burkholderia)成為最豐富的菌群。生物刺激的結果顯示，具有脫氯、鐵和硫酸鹽還原及硫氧化能力的 Deltaproteobacteria 和 Epsilonproteobacter 菌群數增加，與具有嗜熱和鹵代烷烴呼吸的古細菌相符，為含氯溶劑生物降解的證據。然而，潛在的致病菌增加代表生物整治法可能產生的另一個延伸問題。

Wang 等人(2016)提及為增強地下水中 1,2-二氯乙烷(DCA)的還原脫氯能力，進行基質的灌注可能是必需的。然而，基質經生物降解會導致地下水酸化和硫化物生成，進而抑制進行 DCA 脫氯的細菌，並產生氣味問題。研究中，以乳化物(ES)作為基質時，DCA 還原脫氯過程中，硫酸亞鐵(FS)、脫硫渣(DS)和奈米級零價鐵(nZVI)對酸化和硫化物控制具有有效性，有高達 94%硫化物的去除率，並可促使金屬硫化物的形成，降低硫化氫濃度及隨後的氣味問題。該研究透過定量聚合

酶鏈反應(qPCR)結果證實，在添加 nZVI 和有效的酸化控制，脫鹵球菌(genus Dehalococcoides)可高達  $2.5 \times 10^8$  個基因複製/克土壤，顯示由脫鹵球菌主導的還原脫氯是 DCA 降解的生物機制。研究環境中檢測出超過 22 種細菌，鹼性和酸性條件下之土壤中存在脫氯細菌。

Lien 等人(2016)指出模場試驗研究目的是透過強化生物整治機制來評估三氯乙烯(TCE)污染地下水現場整治的有效性。以洩漏的燃料油作為主要基質作為活化降解 TCE 還原脫氯的主要負責酵素。經利用即時聚合酶鏈反應(RT-PCR)技術來評估 TCE-脫氯細菌(genus Dehalococcoides)的數量變化發現，總石油碳氫化合物(TPH)的自然衰減和 TCE 強化後的生物整治效果，證據如下：(1)沿著地下水流向 TPH 和 TCE 濃度降低；(2)電子受體[溶解氧(DO)、硝酸鹽和硫酸鹽]濃度的消耗；(3)產生溶解性的亞鐵、硫化物、甲烷和二氧化碳；(4)生成 TCE 降解的副產物；(5)鹼度和微生物群落的增加；(6) pH 和氧化還原電位的降低；(7)Dehalococcoides 的增加。依據 PCR、變性梯度凝膠電泳法(DGGE)和核苷酸序列的分析結果顯示，TPH 污染團內包含 32 種可能與 TPH 和 TCE 降解的相關細菌，顯示自然衰減機制可有效地涵蓋 TPH 污染團並去除 TPH。儘管在燃油溢出後可觀察到 TCE 的脫氯降解現象，但是由於燃料油中生物可降解基質的限制，其效果仍不足以控制 TCE 污染團。為提高基質濃度以獲得更高的 TCE 脫氯速率，需要額外的基質補充劑。研究結果顯示位於地下水中的優勢細菌之一的 Dehalococcoides 可做為生物指標，用於評估 TCE 脫氯降解的效果。

Dourado 等人(2015)提及農業生產的除草劑、殺蟲劑和殺真菌劑的高度使用量導致全球土壤污染，且鎳(Ni)在土壤和地下水中具高度流動性，為環境污染最大的問題之一，包括 Ni 在內的高濃度金屬由於誘導活性氧(ROS)而引起氧化壓力，對細胞具有損害脂質、蛋白質和 DNA 等毒性。該研究透過測量超氧化物歧化酶(SOD)、過氧化氫酶(CAT)及穀胱甘肽還原酶(GR)，兩種耐受性伯克霍爾德氏菌(genus Burkholderia)菌株(一種分離自非污染土壤，名為 SNMS32；而另一種則來自污染土壤，名為 SCMS54)和穀胱甘肽 S-轉移酶(GST)活性。該研究還分析金屬存在下的 Ni 累積與細菌生長情況，發現兩種菌株均表現出不同的 Ni 累積趨勢和不同的抗氧化酶反應。來自污染土壤(SCMS54)的菌株表現出較高的 Ni 生物吸附能力，並經長時間 Ni 暴露後，SOD 和 GST 活性增加。透過非變性 PAGE 分析 SOD、CAT 和 GR，顯示每種酶在 SCMS54 菌株中出現額外的共酵素酶，顯示從污染土壤中分離的菌株 SCMS54 具有更高的可塑性，具土壤和地下水生物整治的潛力。

Liu 等人(2015)提及螢光假單胞菌屬(*Pseudomonas fluorescens*)是許多不同環境中的本土細菌，但對不同選擇的表面和地下環境的相關物理化學條件了解甚少。

該研究在表面土壤和地下水監測管道沉澱膠體的農藥壓力潛勢下，並從其最初滅菌的一些物質中分離出 35 種螢光假單胞菌菌株，這些菌株在 599-625 天的實驗室培養期間被定殖(colonized)，經過菌株分離，並以 16S rDNA 基因序列分析，顯示它們具有適應不同環境的共有代謝能力，或者針對底泥有不同特異性的表現。該研究棲地結果與資料庫中具有相同 16S rDNA 序列菌株的來源一致。根據研究所觀察到的螢光假單胞菌群體分佈模式的差異性，對人造生態系統應用選擇物種提供穩定的生物整治的途徑。

小結：

近三年針對處理含氯有機物及持久性污染物污染地下水之微生物研究現況，主要使用宏基因組技術、qPCR、RT-PCR 及測超氧化物歧化酶(SOD)、過氧化氫酶(CAT)及穀胱甘肽還原酶(GR)、非變性 PAGE 分析等來進行研究，以找出最佳脫氯降解的微生物，並點出生物刺激法潛在的致病菌增加為生物整治法的衍生問題。

### **3.4 其它污染物污染地下水之微生物研究現況**

Gavrilescu 等人(2015)提及新興污染物從各種人為來源散佈至各種環境網絡當中的影響。雖然近幾十年來由於具體技術的不斷發展和完善，微量污染物的檢測和分析進展快速，但仍需要對在各環境中新出現的各種未被發現的污染物及生物組織進行鑑定和量化。這些污染物即使在低濃度下也可能在空氣、水、土壤、底泥和生態介質中具有流動性和持續性。關於它們在環境中的宿命與行為模式及對生態和人類健康的威脅的數據仍然缺乏。由於仍未有確定其風險的有效數據，一些新興微污染物的生態毒理學意義仍太多未知。該研究討論在土壤、底泥、地下水、城市廢水、水產養殖廢水及淡水和海洋生態系統中，工業中新興化學品(藥物、內分泌干擾物、激素及毒素等)和生物(細菌及病毒)微污染物相關的宿命、行為之(生物)監測及環境和健康風險，並突顯出其生物去除的新視野。該研究根據每種新興污染物的攝取、作用方式和整治結果，證實為新型和具有成本效益的處理技術推動研究和創新的迫切需求。該研究還討論用於評估毒性對人類健康的影響，以及預測在環境中微生物可及性和衰退的創新工具。另外，考慮以即時模式進行環境監測之(生物)感測器的發展，需要開發多種同時有效能夠降解內分泌干擾物和其他微量污染物特定的微生物或酶。這些結果將建立知識庫，並開發解決方案，以填補全球面臨的重大創新空白。

Hoss 等人(2015)提及在地下水污染生物整治中使用膠態氧化鐵(FeOx)，其釋放於環境的量越來越多，需要針對其生態毒理學風險進行評估。因此，該研究進行了 microcosm 實驗，以研究鐵水合膠體對原始淡水底泥的細菌和小型動物群落

的影響。將鐵水鎂石膠體的作用與鐵水合物大顆粒的影響進行比較，以區分膠體特異性和一般的 FeOx 影響。研究同時還考慮了鐵水合膠體針對底泥結合螢蒽 (fluoranthene)毒性的影響。在高濃度(496 mg Fe kg<sup>-1</sup> 底泥乾重)時，鐵水合膠體對細菌和小型動物群體具有顯著但暫時性的影響。雖然細菌群落組成的特異性與鐵水合膠體有關，但是在小型動物體內觀察到更加一般的 FeOx 效應。在 55 mg Fe kg<sup>-1</sup> 乾重下，細菌活性反應最敏感地且沒有恢復的能力。鐵水合膠體不影響底泥結合的螢蒽(fluoranthene)的毒性。細菌活性與微量元素之間的顯著相關性說明細菌和小型動物之間的營養流動的相互作用，因此也觀察到間接食物網絡效應的衝擊。研究結果說明因應場址整治目的，應用鐵水合膠體技術不會對底棲群體造成風險，因為除一般的細菌活動外，對群體的任何負面影響都是可回復的。

Danczak 等人(2016)提及淺水河含水層代表美國西部乾旱地區生物地球化學活動的熱點。雖然這些環境提供廣泛的生態系統運行，但很少知道自然環境擾動如何影響地下微生物群落和相關的生物地球化學過程。在 6 個月的觀察時間裡，追踪每年的積雪驅使地下水滲入到科羅拉多河附近的含水層的滲流帶，導致經常低溫飽和區的溶解氧濃度增加。在整個場址測量了強烈的生物地球化學異質性，DO 和硫化物礦物間的非生物反應促進了還原性含水層中快速地溶氧消耗及氧化還原活性物質的代謝；相反地，在較少還原性沉積物中檢測到 DO 的增加。16S rRNA 基因調查追踪了含水層內的微生物群落組成，證實了假定的氧利用化學自營微生物和異養菌的增加與增加 DO 濃度間具有高度的相關性。逐漸回到低氧含水層條件有利於 16S rRNA 序列豐富度的增加，這些序列與發酵過程中強烈相關的 Microgenomates (OP11)和 Parcubacteria (OD1)聚落組成相符。微生物群落穩定性測量說明了，較深的含水層位置受地球化學擾動的影響較小，而淺層地區的群落表現出的變化最大。在場址的觀察證實了地球化學的反應傳輸模擬和微生物之結果，說明可以應用預測模式來更好地了解這種複雜環境間之關係。

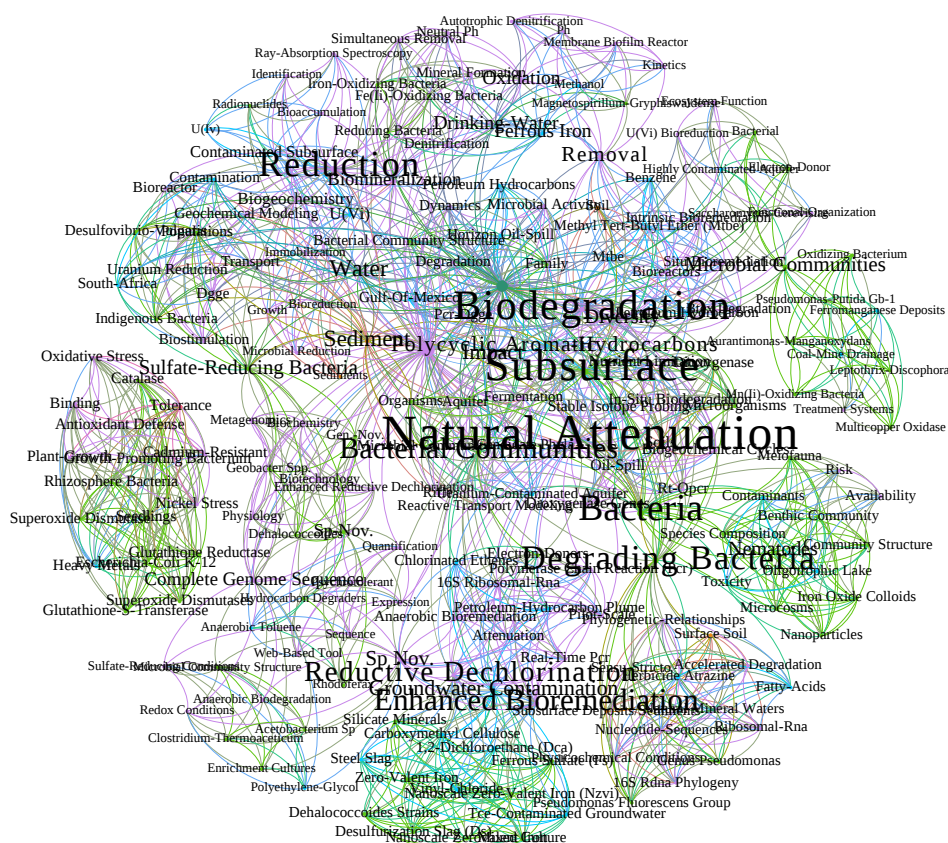
Deng 等人(2016)指出微生物群落中不同物種/群落之間的網絡相互作用是近年研究的趨勢，但是很少有關於微生物網絡相互作用對環境擾動的時間動力學的資訊。該研究修改了基於隨機矩陣理論的網絡方法，以便根據鈾生物整治的乳化植物油(EVO)改良來鑑別地下水微生物群落中的網絡繼承。透過功能基因矩陣(GeoChip 3.0)分析了一個對照組和七個監測井的地下水微生物群落，重建了不同時間點的功能分子生態網絡(fMEN)。該研究結果顯示，EVO 的改良對網絡的相互作用產生了顯著的變化。微生物動態和有彈性的繼代是顯而易見的，包括：在初始階段(第 0 天)微生物組成相當簡單，中間階段(第 4、17、21 天)菌群結構日益複雜，且在第 80 天最為複雜，然後在稍後階段(140-269 天)複雜度趨緩。與先前在其他棲息地的研究不同的是，時間序列 fMEN 中的負向相互作用占主導地位，

說明了 EVO 注入後地下水系統中不同微生物物種間出現強烈競爭，特別是幾種硫酸梯石硫酸鹽還原細菌(keystone sulfate-reducing bacteria)與其網絡鄰近細菌間呈現強烈的負向相互作用。

小結：

近三年針對其它污染物污染地下水之微生物研究現況，強調在新興污染物不斷增加下，需要即時環境監測之(生物)感測器的發展，並開發多種同時具降解能力之特定的微生物或酶，並將這些結果將建立知識庫，以面對新興污染物不斷地演進。另外，針對整治時使用之膠態氧化鐵(FeOx)，證實不會對底棲群體造成風險，主要是因為其對群體的任何負面影響都是可回復的。

#### 四、結論



上圖為各文章關鍵字之網絡關係(顏色代表分群、字體大小代表 weighted degree、連結線大小則表示二關鍵字之連結關係)。由該圖及上述文章重點可以看出，各式地下水污染物以微生物降解的自然衰減法及加強式生物整治為主題，而污染物以含氯有機物為主，微生物方面則強調群體間作用之機制。

## 五、參考文獻

1. Bohu et al. 2016. Biological Low-pH Mn(II) Oxidation in a Manganese Deposit Influenced by Metal-Rich Groundwater., *Appl. Environ. Microbiol.*Vol.,82, 3009-3021
2. Chiu et al. 2017. Using intrinsic bioremediation for petroleum-hydrocarbon contaminated groundwater cleanup and migration containment: Effectiveness and mechanism evaluation., *J. Taiwan Inst. Chem. Eng.*Vol.,72, 53-61
3. Danczak et al. 2016. Snowmelt Induced Hydrologic Perturbations Drive Dynamic Microbiological and Geochemical Behaviors across a Shallow Riparian Aquifer., *Front. Earth Sci.*Vol.,4, UNSP 57-13 pages
4. Deng et al. 2016. Network succession reveals the importance of competition in response to emulsified vegetable oil amendment for uranium bioremediation., *Environ. Microbiol.*Vol.,18, 205-218
5. Dourado et al. 2015. Antioxidant enzymes activities of Burkholderia spp. strains-oxidative responses to Ni toxicity., *Environ. Sci. Pollut. Res.*Vol.,22, 19922-19932
6. Farkas et al. 2017. Enrichment of dissimilatory Fe(III)-reducing bacteria from groundwater of the Sikls BTEX-contaminated site (Hungary)., *Folia Microbiol.*Vol.,62, 63-71
7. Gavrilescu et al. 2015. Emerging pollutants in the environment: present and future challenges in biomonitoring, ecological risks and bioremediation., *New Biotech.*Vol.,32, 147-156
8. Hoss et al. 2015. Response of bacteria and meiofauna to iron oxide colloids in sediments of freshwater microcosms., *Environ. Toxicol. Chem.*Vol.,34, 2660-2669
9. Li et al. 2016. Bioremediation of Nitrate- and Arsenic-Contaminated Groundwater Using Nitrate- Dependent Fe(II) Oxidizing Clostridium sp Strain pxl2., *Geomicrobiol. J.*Vol.,33, 185-193
10. Lien et al. 2016. Enhanced bioremediation of TCE-contaminated groundwater with coexistence of fuel oil: Effectiveness and mechanism study., *Chem. Eng. J.*Vol.,289, 525-536
11. Liu et al. 2015. The physicochemical conditions of isolation source determine the occurrence of Pseudomonas fluorescens group species., *Ann. Microbiol.*Vol.,65, 2363-2377

12. Liu et al. 2016. Bioremediation of nitrate and Fe(II) combined contamination in groundwater by heterotrophic denitrifying bacteria and microbial community analysis., RSC Adv.Vol.,6, 108375-108383
13. Liu et al. 2016. Identification of a Ruminococcaceae Species as the Methyl tert-Butyl Ether (MTBE) Degrading Bacterium in a Methanogenic Consortium., Environ. Sci. Technol.Vol.,50, 1455-1464
14. Maleke et al. 2015. Optimization of a bioremediation system of soluble uranium based on the biostimulation of an indigenous bacterial community., Environ. Sci. Pollut. Res.Vol.,22, 8442-8450
15. Newsome et al. 2015. Biostimulation by Glycerol Phosphate to Precipitate Recalcitrant Uranium(IV) Phosphate., Environ. Sci. Technol.Vol.,49, 11070-11078
16. Newsome et al. 2015. Uranium Biominerals Precipitated by an Environmental Isolate of *Serratia* under Anaerobic Conditions., PLoS OneVol.,10, e0132392-14 pages
17. Posman et al. 2017. Benzene Degradation by a *Variovorax* Species within a Coal Tar-Contaminated Groundwater Microbial Community., Appl. Environ. Microbiol.Vol.,83, UNSP e02658-16-13 pages
18. Reiss et al. 2016. Metagenome phylogenetic profiling of microbial community evolution in a tetrachloroethene-contaminated aquifer responding to enhanced reductive dechlorination protocols., Stand. Genomic Sci.Vol.,11, 88-100
19. Wang et al. 2016. Acidification and sulfide formation control during reductive dechlorination of 1,2-dichloroethane in groundwater: Effectiveness and mechanistic study., ChemosphereVol.,160, 216-229
20. Zheng et al. 2016. Responses of hydrochemical parameters, community structures, and microbial activities to the natural biodegradation of petroleum hydrocarbons in a groundwater-soil environment., Environ. Earth Sci.Vol.,75, 1400-1413