

## 煤层水化学特征对微生物群落结构及代谢功能的影响

王高皓 段生杰 王贝 牛国斌 梁永平 余飞龙 马凯 赵伟仲

### 引用本文:

王高皓, 段生杰, 王贝, 等. 煤层水化学特征对微生物群落结构及代谢功能的影响[J]. *煤田地质与勘探*, 2025, 53(5): 104–113.

WANG Gaozhao, DUAN Shengjie, WANG Bei, et al. Impacts of the hydrochemical characteristics of coal seam water on the structures and metabolic functions of microbial communities[J]. *Coal Geology & Exploration*, 2025, 53(5): 104–113.

在线阅读 View online: <https://dx.doi.org/10.12363/issn.1001-1986.24.11.0691>

## 您可能感兴趣的其他文章

### Articles you may be interested in

#### 采煤扰动对土壤理化性状影响及微生物群落响应机制

Influence of coal mining disturbance on soil physiochemical properties and the response mechanism of microbial community  
*煤田地质与勘探*. 2023, 51(3): 95–102 <https://doi.org/10.12363/issn.1001-1986.22.03.0190>

#### 高岭土对煤生物产气的影响及微生物群落响应

Effect of kaolin on biogenic coalbed methane production and the response of microbial community  
*煤田地质与勘探*. 2022, 50(6): 1–10 <https://doi.org/10.12363/issn.1001-1986.21.08.0463>

#### 超临界CO<sub>2</sub>参与下煤储层原位微生物甲烷化物理模拟研究

Physical simulation of in-situ microbial methanation in coal reservoirs with the participation of supercritical CO<sub>2</sub>  
*煤田地质与勘探*. 2022, 50(3): 119–126 <https://doi.org/10.12363/issn.1001-1986.21.11.0684>

#### CO<sub>2</sub>和H<sub>2</sub>低压环境下煤微生物降解气化实验

Coal gasification through microbial degradation in a low-pressure CO<sub>2</sub> and H<sub>2</sub> environment: An experimental study  
*煤田地质与勘探*. 2024, 52(12): 72–83 <https://doi.org/10.12363/issn.1001-1986.24.03.0174>

#### 煤层气生物工程关键预处理技术及其作用机制评述

Key pretreatment technologies for coalbed gas bioengineering and review on their mechanism of action  
*煤田地质与勘探*. 2022, 50(11): 103–114 <https://doi.org/10.12363/issn.1001-1986.22.04.0243>

#### 蒙陕接壤区浅埋煤层矿井水水化学特征及来源分析

Hydrochemical characteristics and source analysis of mine water in shallow coal seams in Shaanxi and Inner Mongolia contiguous area  
*煤田地质与勘探*. 2023, 51(4): 85–94 <https://doi.org/10.12363/issn.1001-1986.22.07.0553>



移动阅读

王高皓, 段生杰, 王贝, 等. 煤层水化学特征对微生物群落结构及代谢功能的影响[J]. 煤田地质与勘探, 2025, 53(5): 104-113. doi: 10.12363/issn.1001-1986.24.11.0691

WANG Gaohao, DUAN Shengjie, WANG Bei, et al. Impacts of the hydrochemical characteristics of coal seam water on the structures and metabolic functions of microbial communities[J]. Coal Geology & Exploration, 2025, 53(5): 104-113. doi: 10.12363/issn.1001-1986.24.11.0691

## 煤层水化学特征对微生物群落结构及代谢功能的影响

王高皓<sup>1</sup>, 段生杰<sup>1</sup>, 王贝<sup>1</sup>, 牛国斌<sup>1</sup>, 梁永平<sup>1</sup>, 余飞龙<sup>1</sup>, 马凯<sup>1</sup>, 赵伟仲<sup>2,\*</sup>

(1. 宁夏回族自治区煤炭地质局, 宁夏银川 750002; 2. 河南理工大学资源环境学院, 河南焦作 454000)

**摘要:** 【背景】煤层气生物工程的核心在于向煤储层注入富含高效产甲烷菌群的生物压裂液, 以促进煤向甲烷的转化。然而, 现阶段对煤层水的化学特征、微生物群落结构及其代谢功能之间的关系尚不明确。【方法】以宁夏 12 个典型矿区的煤层水为研究对象, 基于微生物分类测序和统计学分析的方法探讨煤层水中的 pH、阴离子、阳离子、化学需氧量(COD)与微生物群落结构及代谢功能之间的关联。【结果和结论】(1) 细菌群落主要由水解菌和产酸发酵菌组成, 优势属为 *Proteiniborus*、*Clostridium\_sensu\_stricto\_1* 和 *Thauera*; 产甲烷古菌主要通过混合营养型代谢, 优势属为 *Methanosarcina*。(2) 煤层水的 pH 为 7.4~8.5, 随着 pH 降低, 细菌群落的多样性增加, 而 pH 值对古菌群落的影响较小, 对微生物代谢功能无显著影响。(3) 当 Cl<sup>-</sup> 质量浓度低于 905 mg/L、SO<sub>4</sub><sup>2-</sup> 质量浓度低于 1 974 mg/L 时, 细菌群落的多样性和丰度与这些阴离子浓度呈正相关; 而当 Ca<sup>2+</sup> 质量浓度在 5.6~411.0 mg/L、Mg<sup>2+</sup> 浓度在 30.3~697.0 mg/L 时, 这些阳离子浓度与微生物的细胞运动、细胞内运输、分泌与囊泡运输以及无机离子代谢表现出显著负相关性。(4) 此外, 煤层水中的 COD 与微生物群落参与的能量生成、转化及碳循环呈显著正相关关系, COD 越高, 水中的有机质越丰富, 进而增强微生物群落对碳循环的参与。研究成果不仅揭示了煤层水化学特征对微生物群落的影响机制, 还为煤层气生物工程中生物压裂液配方的优化提供了科学依据, 帮助理解煤层气开发过程中环境变化对地下微生物群落的潜在影响。

**关键词:** 煤层水; 微生物群落; 水化学特征; 细胞代谢; 产甲烷菌; 煤层气生物工程

中图分类号: P618.11; TD741 文献标志码: A 文章编号: 1001-1986(2025)05-0104-10

### Impacts of the hydrochemical characteristics of coal seam water on the structures and metabolic functions of microbial communities

WANG Gaohao<sup>1</sup>, DUAN Shengjie<sup>1</sup>, WANG Bei<sup>1</sup>, NIU Guobin<sup>1</sup>, LIANG Yongping<sup>1</sup>,  
YU Feilong<sup>1</sup>, MA Kai<sup>1</sup>, ZHAO Weizhong<sup>2,\*</sup>

(1. Coal Geology Bureau of Ningxia Hui Autonomous Region, Yinchuan 750002, China;

2. School of Resources and Environment, Henan Polytechnic University, Jiaozuo 454000, China)

**Abstract:** 【Background】The core of coalbed methane (CBM) bioengineering is to inject bio-fracturing fluids rich in efficient methanogenic bacteria into coal reservoirs to promote the conversion of coals to methane. However, the relationships of the hydrochemical characteristics of coal seam water with the structures and metabolic functions of microbial communities remain unclear. 【Methods】This study investigated coal seam water from 12 typical mining areas in Ningxia. Based on microbial classification and sequencing, as well as statistical analysis, this study explored the relationships

收稿日期: 2024-11-08; 接收日期: 2025-05-03

基金项目: 宁夏回族自治区重点研发计划项目(2023BEG02057); 中国博士后科学基金面上项目(2023M741045); 宁夏回族自治区创新团队项目(2022BSB03105); 自然资源部高层次科技创新团队项目(ZRC-TD2023002)

第一作者: 王高皓, 1985 年生, 男, 宁夏固原人, 高级工程师。E-mail: 541966822@qq.com

\*通信作者: 赵伟仲, 1991 年生, 男, 山西孝义人, 博士, 讲师。E-mail: weizhao@hpu.edu.cn

© Editorial Office of Coal Geology & Exploration. OA under CC BY-NC-ND

of pH, anions, cations, and chemical oxygen demand (COD) of coal seam water with the structures and metabolic functions of microbial communities. [Results and Conclusions] The results indicate that the bacterial communities consist primarily of hydrolytic bacteria and bacteria enabling acidogenic fermentation, with dominant genera including *Proteiniborus*, *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*, and *Thauera*. The metabolism of methanogenic archaea occurs primarily through mixotrophy, with *Methanosarcina* identified as the dominant genus of these archaea. The coal seam water exhibits pH values ranging from 7.4 to 8.5. A decrease in pH value corresponds to increased diversity of the bacterial communities. However, the pH value exerts a small impact on the archaeal communities and an insignificant impact on the microbial metabolic functions. The diversity and abundance of the bacterial communities are positively correlated with the mass concentrations of anions  $\text{Cl}^-$  and  $\text{SO}_4^{2-}$  when their mass concentrations are less than 905 mg/L and 1 974 mg/L, respectively. In contrast, the mass concentrations of cations  $\text{Ca}^{2+}$  and  $\text{Mg}^{2+}$  are significantly negatively correlated with microbial cell motility, intracellular transport, secretion, and vesicular transport, as well as the metabolism of inorganic ions, when their mass concentrations range from 5.6 mg/L to 411.0 mg/L and from 30.3 mg/L to 697.0 mg/L, respectively. Additionally, the COD in coal seam water exhibits significant positive correlations with the energy generation and transformation, along with the carbon cycle, involving microbial communities. Higher COD is associated with richer organic matter in water, thereby enhancing the involvement of microbial communities in the carbon cycle. The results of this study reveal the mechanisms behind the impacts of the hydrochemical characteristics of coal seam water on microbial communities while also laying a scientific basis for optimizing the formulation of bio-fracturing fluids in CBM bioengineering. Moreover, these results help understand the potential impacts of environmental changes on underground microbial communities during CBM production.

**Keywords:** coal seam water; microbial community; hydrochemical characteristics; cellular metabolism; methanogenic bacteria; coalbed methane (CBM) bioengineering

随着“双碳”目标的提出,煤层气在现代能源体系中的地位日益提升,其商业化开发备受关注。然而,煤层压裂与煤层气抽采导致煤层水化学特征显著变化<sup>[1]</sup>。这些变化不仅影响矿区地下水水质,还可能通过水-岩-煤的相互作用进一步改变矿区微生物群落结构及其代谢功能<sup>[2-3]</sup>。微生物作为地下煤层中的关键生物因子,在物质循环、能量流动及环境修复中发挥着重要作用<sup>[4-5]</sup>。研究煤层水化学特征与微生物群落之间的相互作用,对于分析矿区生态系统的稳定性、预测水质变化,以及优化煤层气开采策略具有重要意义。

近些年,随着环境微生物学的应用,煤层中微生物多样性的研究逐渐被人们重视。2007年,S. Shimizu等<sup>[6]</sup>首次报道了日本北海道煤层的微生物多样性,并通过16S rRNA基因测序技术鉴定了煤层中的微生物群落结构。此后,全球范围内关于煤层微生物多样性的研究逐渐展开<sup>[7-11]</sup>。然而,不同流域的微生物群落结构存在显著差异。苏现波等<sup>[7]</sup>对中国10个代表性矿区的煤炭样本进行了微生物多样性测序,构建了较为完整的煤层微生物序列。以往研究结果显示,煤层中的细菌群落主要由变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)构成;古菌种类相对单一,主要属于广古菌门(*Euryarchaeota*)的产甲烷菌属<sup>[12]</sup>,进一步分为甲基营养型、氢营养型和乙酸营养型3类,分别利用甲胺/甲酸/甲醇、 $\text{H}_2/\text{CO}_2$ 和乙酸作为底物生产甲烷<sup>[13-16]</sup>。例如,在美国粉河盆地煤层中发现了 *Methanotherix* 和 *Methanosarcina*<sup>[17-18]</sup>,在澳大利亚吉普斯兰盆地煤层中

发现了 *Methanobacterium*<sup>[19]</sup>,这些均属于上述3类产甲烷菌。

煤层水化学特征是影响微生物多样性的关键因素,而煤层水化学特征对微生物群落结构及其代谢功能的决定性作用主要体现在3个方面:水中的有机物、无机离子以及水化学参数(如pH、Eh、温度等)<sup>[16-18]</sup>。煤层水长期与煤共存,部分有机物溶解于水中,这些物质为微生物提供了代谢所需的优质底物和营养来源<sup>[20]</sup>。水中的无机离子在菌群多样性和代谢功能中起着至关重要的作用。适量的钙( $\text{Ca}^{2+}$ )和镁( $\text{Mg}^{2+}$ )可以缓解产酸发酵过程中的酸性抑制,改变部分产氢和产乙酸菌的生存环境。钠( $\text{Na}^+$ )和钾( $\text{K}^+$ )对于微生物的渗透压平衡与细胞代谢至关重要。高浓度的 $\text{Na}^+$ 可能抑制某些微生物的生长,而适当浓度的 $\text{K}^+$ 则有助于细胞的能量代谢与酶活性<sup>[21]</sup>。硫酸盐( $\text{SO}_4^{2-}$ )是煤层水中常见的阴离子,其浓度直接影响硫酸盐还原菌(SRB)的活性。SRB通过还原硫酸盐生成硫化氢,降低厌氧环境的氧化还原电位。然而,过高浓度的 $\text{SO}_4^{2-}$ 可能导致煤层水酸化,破坏微生物群落<sup>[22-23]</sup>。pH直接影响微生物的生长与代谢活性,大多数微生物在pH为7.0~7.5生长最佳,酸性环境会抑制产甲烷菌的生长,而促进耐酸菌的活性<sup>[24]</sup>。Eh是微生物生长环境中氧化还原状态的宏观表现<sup>[25]</sup>。相比溶解氧浓度,Eh更能准确反映体系的氧化还原状况。在将 $\text{H}_2$ 和 $\text{CO}_2$ 转化为生物甲烷的实验中,发现Eh在-500~-370 mV时,菌群的多样性和丰度达到最高<sup>[26]</sup>。温度通过直接影响微生物的生长代谢及间接改变代谢

环境,影响物种的多样性与丰度。大多数煤层温度在 25~30 °C,为煤层微生物多样性提供了适宜的环境。一般认为,产甲烷菌的最适代谢温度为 35~45 °C,随着开采深度增加,煤层温度逐渐升高,具有 CO<sub>2</sub> 甲烷化能力的嗜温与嗜热产甲烷菌逐渐成为深部煤层气开发中的潜力菌群<sup>[27]</sup>。

尽管已有大量研究探讨了煤层水化学特征对微生物群落的影响,但大多数研究仅限于单一特征与微生物群落结构之间的关系,而关于煤层水化学特征与微生物代谢功能的研究仍然较为匮乏。此外,尚无关于宁夏矿区煤层水微生物群落的系统性报道。为此,笔者对宁夏 12 个典型矿区的煤层水样本进行微生物测序,并测定样本的 pH、阴离子(F<sup>-</sup>、Cl<sup>-</sup>、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>、SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>)、阳离子(Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup>、Mg<sup>2+</sup>、Ca<sup>2+</sup>)浓度和 COD 值。通过相关性分析,筛选出对煤层水微生物群落结构和代谢功能变化具有主要控制作用的因素,探讨微生物群落变化与水化学特征之间的相互作用。研究成果不仅补充了宁夏矿区煤层水微生物多样性,还为煤层气生物工程的现场实施提供了菌种来源。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区简介

12 个典型矿区位于宁夏贺兰山煤田、宁东煤田,涵

盖石炭-二叠纪及侏罗纪煤层,地质条件包括高瓦斯煤层、低渗透性储层及不同水文地质单元(如潜水层、承压水层)。其选择依据为:(1)代表宁夏主要煤层气开发区;(2)覆盖不同水文地球化学背景(如高盐、高硫酸盐、低 COD 等);(3)已有研究报道其微生物群落潜在差异。尽管地质条件存在差异,但本研究聚焦水化学特征对微生物群落的直接影响,通过标准化采样及统计分析,已控制地质背景变量对结果的干扰。

### 1.2 煤层水采集

“煤层水”指在煤层气开采过程中,通过钻孔或矿井排水系统获取的与煤层直接或间接接触的水体。其来源包括煤层裂隙水、邻近含水层渗流水及压裂液回流水。尽管部分水样可能包含覆岩含水层漏失水,但其长期与煤层相互作用,携带煤中有机质及微生物代谢产物,是研究煤层气生物转化过程的重要介质。本研究中的煤层水样本采集自宁夏 12 个典型煤矿,包括煤层裂隙水及邻近含水层渗流水,能够反映煤储层原位微生物群落的真实生存环境,水样采集点信息见表 1。

取样前,首先用井口排水冲洗 1 000 mL 聚乙烯瓶 3 次,确保瓶内无污染。随后,将瓶内装满水,并用盖子和胶带仔細密封。每个典型矿区采集两瓶相同的煤层水样品,用于煤层水化学参数测试和微生物分类测序。

表 1 研究区水样点  
Table 1 Sampling sites of coal seam water in the study area

样本编号	水源地	含煤地层	煤层标号
GZ	灵武市石沟驿矿区高闸煤矿	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	六
HE	银川市红墩子矿区红二煤矿	石炭二叠系太原组(C <sub>2</sub> P <sub>1t</sub> )和二叠系山西组(P <sub>1s</sub> )	九
HL	灵武市鸳鸯湖矿区红柳煤矿	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	十八-1
HS	灵武市横山堡乡红石湾煤矿	二叠系山西组和石炭系太原组	六
JF	灵武市马家滩矿区金凤煤矿	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	十三
JN	石嘴山市惠农区金能煤矿	石炭二叠系太原组(C <sub>2</sub> P <sub>1t</sub> )和二叠系山西组(P <sub>1s</sub> )	三
MH	灵武市鸳鸯湖矿区梅花井	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	十二
WW	固原市王洼矿区王洼煤矿	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	八
WZ	吴忠市韦州矿区韦二井	二叠系下统山西组(P <sub>1s</sub> )和石炭二叠系太原组(C <sub>2</sub> P <sub>1t</sub> )	十五
YD	固原市王洼矿区银洞沟井	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	十
YX	宁东煤田积家井矿区银星一号	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	十八
ZQ	灵武市马家滩矿区枣泉煤矿	侏罗系中统延安组(J <sub>2y</sub> )	八

### 1.3 分析测试方法

#### 1.3.1 微生物多样性测序

使用超微分光光度计测定煤层水样本中 DNA 的浓度和纯度,所有样品均符合测序要求。细菌 16S rDNA V3-V4 区域的扩增采用细菌特异性引物,而古菌 V4-V5 区域的扩增则使用古菌特异性引物。扩增产

物通过 Illumina Hiseq 250 进行双端测序。随后,使用 QIIME 软件进行质量控制、去除嵌合体、重新采样、OTU 聚类、代表序列选择、物种注释及去除单例,最终生成 OTU 表。由于引物特异性的限制,细菌引物扩增的片段中包含古菌序列,同样,古菌引物也能够扩增出细菌序列。在删除由于引物特异性造成的错配 OTU

后,最终得到微生物群落的结构特征。结合冗余分析模型(redundancy analysis, RDA)与典范对应分析模型(canonical correspondence analysis, CCA)<sup>[28]</sup>,通过整合煤层水化学特征参数和微生物群落数据,揭示影响煤层水中微生物群落组成的关键参数,进一步理解微生物群落结构与煤层水化学特征之间的相关性。微生物代谢功能分析则应用 PICRUS2 软件进行基因功能预测,结合代谢通路和同源蛋白簇注释,深入分析了微生物群落在水化学特征参数下的代谢潜力。

### 1.3.2 煤层水化学参数测试

采用雷磁 PHS-3c 酸度计分别测定 12 个煤层水样本的 pH 值。水样经过 0.22 μm 的滤膜过滤后,使用 Thermo Scientific DIONEX ICS-110 离子色谱仪测定阴离子(F<sup>-</sup>、Cl<sup>-</sup>、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>、SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>)浓度。阳离子(Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup>、Mg<sup>2+</sup>、Ca<sup>2+</sup>)浓度则通过 Metrohm 883 Basic IC plus 离子色谱仪进行测定。最后,采用 TR6900 水质检测仪进行 COD 值的测定。

## 2 结果与分析

### 2.1 微生物群落的多样性

微生物群落的多样性是生态系统健康的重要指标,反映了生态系统对外界环境变化的响应能力。在本研究中,Shannon 和 Simpson 多样性指数被用来评估微生物群落的多样性<sup>[29]</sup>。Shannon 值越大表示物种多样性越高;而 Simpson 值越小意味着均匀度越高,物种间的分布越平衡<sup>[29]</sup>。

结果显示(表 2),古菌群落的 Shannon 值为 0~1.312 1,均值约 0.30,说明其物种多样性较低;Simpson 值为

表 2 煤层水中的微生物多样性指数

Table 2 Microbial diversity indicators of samples of coal seam water

样本编号	细菌群落			古菌群落		
	OTU	Shannon	Simpson	OTU	Shannon	Simpson
GZ	158	2.840 9	0.090 7	2	0	1.000 0
HE	309	2.601 0	0.206 5	12	0	1.000 0
HL	141	2.918 9	0.151 6	8	0.678 1	1.000 0
HS	154	2.132 4	0.241 4	1	0	1.000 0
JF	173	2.193 1	0.188 5	1	0	1.000 0
JN	166	2.458 0	0.162 7	3	0.119 6	0.955 8
MH	179	1.609 5	0.136 8	1	0.746 5	0.559 9
WW	229	2.796 4	0.112 6	3	0.181 1	0.924 0
WZ	163	2.828 6	0.087 3	4	0.061 3	0.977 7
YD	99	1.948 9	0.253 7	1	0.061 3	0.977 7
YX	189	2.249 4	0.189 1	5	1.312 1	0.281 8
ZQ	194	2.592 4	0.125 0	5	0.410 1	0.780 7

0.281 8~1.000 0,均值约 0.79,说明群落中存在较强的优势物种。在细菌群落中,Shannon 值为 1.609 5~2.918 9,均值约 2.48,说明细菌群落有相对较高的多样性;Simpson 值为 0.087 3~0.253 7,均值 0.16,进一步说明细菌群落的物种分布相对均匀。在研究中发现,12 个煤层水样本中,细菌共有的 OTU 数为 12,而古菌则没有共有 OTU(图 1),这说明细菌和古菌在煤层水环境中的不同适应机制和生态位。细菌通常具有更强的代谢多样性,能够在多种环境条件下生存,这使得细菌能够快速适应矿区特有的水化学特征。与此相对,古菌的缺失则可能与其对特定环境条件的适应性较差有关。古菌通常在极端环境中表现出较强的生存能力,如高温、高盐等,但在矿区这样的复杂环境中,其丰度和多样性受多种因素的影响,尤其是煤层水中的化学成分。因此,古菌群落多样性较低,而且 12 个煤矿的古菌中没有共同的 OTU。

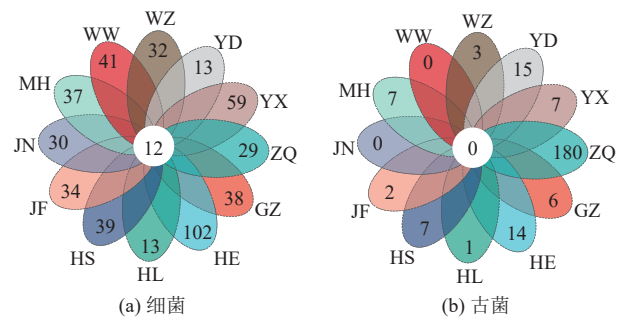


图 1 基于 OTU 水平的不同煤层水样本中的韦恩图  
Fig.1 Venn diagrams of varying coal seam water samples based on the operational taxonomic unit (OTU) level

### 2.2 微生物群落结构

#### 2.2.1 细菌群落结构

相对丰度 ≥5% 的 OTU 分布在 25 个属中。这些属在不同矿井水样本中表现出显著的差异(图 2)。在 GZ 中,优势菌属为线形龙小杆菌(*Draconibacterium*, 18.33%)、罗氏菌(*Romboutsia*, 13.00%)和陶厄氏菌(*Thauera*, 10.18%)。线形龙小杆菌是一种嗜盐细菌,通常存在于海洋沉积物中<sup>[30]</sup>,显示了其对盐度变化的适应能力。这一特征使其在矿区的水体中,尤其是受到开采和废水排放影响的环境中,能够占据生态位。罗氏菌的相对丰度在多个样本中均较高,其功能特性使其在降解难以消化的碳水化合物中发挥重要作用。陶厄氏菌能够生成短链脂肪酸(如乙酸、丙酸和丁酸),其中丁酸盐的产生尤为显著,可能在矿区废水处理和营养循环中起到关键作用<sup>[31]</sup>。此外,陶厄氏菌(*Thauera*)最早从焦煤废水处理厂的污泥中分离出,表明其在处理含芳香族污染物的废水方面具有潜力<sup>[32]</sup>。

扎瓦尔金氏菌(*Zavarziniaceae*, 43.34%)是 HE 中的

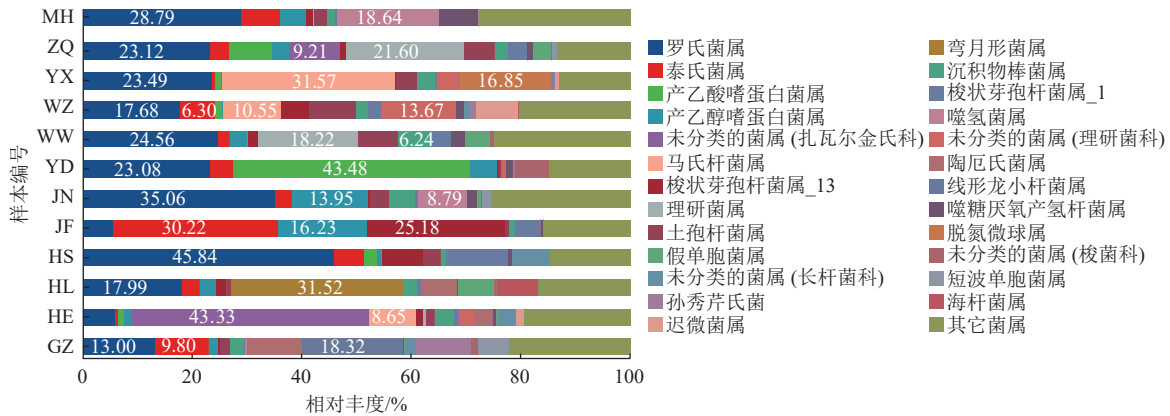


图 2 基于属水平上的细菌群落结构  
Fig.2 Bacterial community structures based on the genus level

优势菌。该科属于变形菌门,在有机物降解和养分循环中发挥着多样的生态功能,可能参与氮循环或硫循环<sup>[33]</sup>。这种参与能力使扎瓦尔金氏菌在富含有机物的煤层水中占据重要位置,反映出矿区特定的生态适应。在 HL 中,弯月形菌(*Meniscus*, 31.52%) 和罗氏菌(17.99%) 是优势菌属。弯月形菌常见于富含硫的水体环境,并参与硫循环和光合作用,显示出其在矿区水体中的重要功能。在 HS 中的优势菌属罗氏菌(45.84%) 和梭状芽孢杆菌属\_1(*Clostridium\_sensu\_stricto\_1*, 11.36%) 强调了发酵细菌在矿区环境中的存在。梭状芽孢杆菌属\_1 能够通过发酵过程产生多种有机酸及气体<sup>[34]</sup>,进一步影响矿区生态系统的物质循环。在 JF 中,泰氏菌(*Tissierella*)(30.22%)、梭状芽孢杆菌属\_1(25.19%) 和产乙醇嗜蛋白菌(*Proteiniborus*, 16.23%) 是优势菌属。其中,产乙醇嗜蛋白菌作为厚壁菌门中的厌氧菌,能够利用蛋白质或多肽作为主要碳源<sup>[35]</sup>,在富含有机物的厌氧环境中发挥特定生态功能。JN 中的罗氏菌(35.07%) 和产乙醇嗜蛋白菌(13.96%),再次说明罗氏菌在不同样本中的广泛分布。MH 中的优势菌属为罗氏菌(28.79%) 和嗜氢菌(*Hydrogenophaga*, 18.64%)。嗜氢菌通过氧化 H<sub>2</sub> 获取能量<sup>[36]</sup>,并利用 CO<sub>2</sub> 合成有机物,反映了其在矿区中参与碳循环的重要性。罗氏菌(24.56%) 和理研菌(*Petrimonas*, 18.22%) 在 WW 中占据显著位置,理研菌以其在有机物降解中的作用受到关注<sup>[37]</sup>。在 WZ 和 YD 中,罗氏菌的相对丰度分别为 17.68% 和 23.08%,显示其在多个样本中作为优势菌属的稳定性。

### 2.2.2 古菌群落结构

古菌群落主要由深古菌门(*Bathyarchaeia*) 和广古菌门(*Euryarchaeota*) 组成。在 HS、JF、JN、WW、YX 中,甲烷八叠球菌(*Methanosarcina*) 是唯一的产甲烷菌属(图 3)。该菌利用的底物范围相对较广,能够利用 CO<sub>2</sub>、乙酸以及简单的甲基类化合物进行甲烷生产。相比其他产甲烷菌,甲烷八叠球菌能在高铵、盐分和乙酸

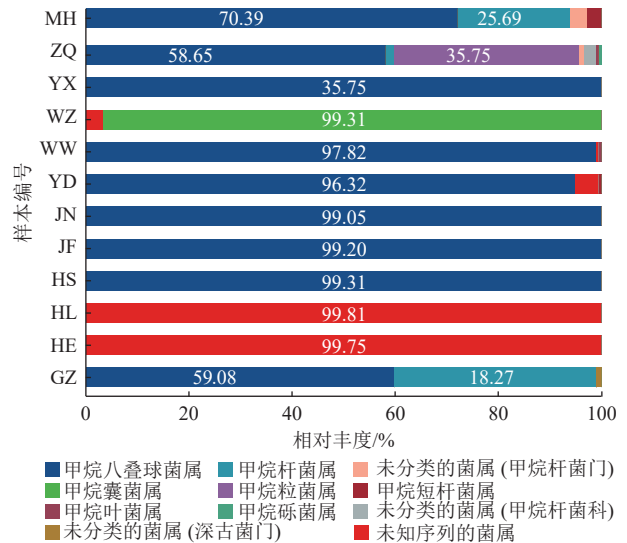


图 3 基于属水平上的古菌群落结构  
Fig.3 Archaeal community structures based on the genus level

盐浓度的环境中生存,因此常见于工业废水处理系统以及油藏中。这种耐受性使其成为矿区内不可或缺的微生物类群,在调节矿区煤层水体的碳循环和甲烷生成过程中起到了关键作用。

在 WZ 中,甲烷囊菌(*Methanoculleus*) 的相对丰度高达 97%,这表明该属在 WZ 矿区煤层水中的极端优势地位。甲烷囊菌通常利用 H<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub> 作为底物生成甲烷,但也能够利用甲酸和乙酸盐等化合物<sup>[38]</sup>。这种广泛的底物利用能力使其在多种厌氧环境中生存和繁殖。在 GZ 和 MH 中,优势的产甲烷菌属除了甲烷八叠球菌还包括甲烷杆菌。甲烷杆菌是另一类广泛分布的产甲烷菌,能够利用 H<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub> 作为底物生成甲烷,其在全球多个煤田中均有发现,如澳大利亚的 Gippsland 盆地、印度的 Jharia 煤田以及中国的沁水盆地等<sup>[39]</sup>。

甲烷粒菌(*Methanocorpusculum*) 是 ZQ 中的主要产甲烷菌,其相对丰度为 35.75%(图 3)。与甲烷囊菌类似,甲烷粒菌也通过还原 CO<sub>2</sub> 生成甲烷<sup>[40]</sup>。这两类古菌的

共存表明,在宁夏矿区煤层水中,CO<sub>2</sub>还原可能是甲烷生成的主要途径。此外,研究中还发现了一些低丰度的产甲烷菌属,如甲烷短杆菌(*Methanobrevibacter*, 相对丰度 0.10%~4.54%)、甲烷叶菌(*Methanobolus*, 0.61%~3.98%)和甲烷砾菌(*Methanocalculus*, 0.17%~1.22%)。虽然这些菌属的相对丰度较低,但它们依然在煤向甲烷生成过程中发挥了重要的辅助作用。

### 2.3 煤层水的化学特征

在煤层水中,阳离子和阴离子的组成具有显著多样性和浓度差异。主要阳离子包括 Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup>、Mg<sup>2+</sup>和

Ca<sup>2+</sup>,而主要阴离子为 Cl<sup>-</sup>和 SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>。Na<sup>+</sup>的质量浓度为 267~5 804 mg/L,均值 2 109.25 mg/L,表明 Na<sup>+</sup>是煤层水中占主导地位的阳离子。K<sup>+</sup>的质量浓度相对较低,在 5.4~163 mg/L,均值 29.90 mg/L。Cl<sup>-</sup>的质量浓度为 187.2~8 268 mg/L,均值 2 224 mg/L,显示该阴离子在矿区水体中具有较高的浓度(表 3)。SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>的质量浓度为 53.1~6 720 mg/L,均值 1 900.6 mg/L,表明其在矿区水样中广泛存在。仅在 HE、GZ 和 MH 样本中检测到 CO<sub>3</sub><sup>2-</sup>。煤层水的 pH 值介于 7.5~8.5,均值 8.03,显示矿区水体整体呈弱碱性。

表 3 宁夏 12 个典型矿区的煤层水化学特征参数  
Table 3 Parameters of the hydrochemical characteristics of coal seam water from 12 typical mining areas in Ningxia

样品 编号	离子质量浓度/(mg·L <sup>-1</sup> )								TDS/ (mg·L <sup>-1</sup> )	COD/ (mg·L <sup>-1</sup> )	pH
	Ca <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup>	K <sup>+</sup>	Na <sup>+</sup>	Cl <sup>-</sup>	SO <sub>4</sub> <sup>2-</sup>	HCO <sub>3</sub> <sup>-</sup>	CO <sub>3</sub> <sup>2-</sup>			
YD	49±4c	55±3e	5.42±0.6g	300±8	201±26h	480±59h	347±71de	0	1 332±120h	46±2e	8.2±0.11
HL	411±16a	201±14b	21.3±0.5c	3 235±264	3 890±229c	3 058±328b	151±12f	0	10 975±1526b	82±1b	7.5±0.07
WW	28±1d	30±3f	9.3±1.2f	267±32	187.2±18h	195±20i	386±32e	0	950±124h	48±2e	8.2±0.11
JN	163±27b	229±13bc	12.1±0.9e	835±96	525±28g	1974±188c	659±45b	0	4 230±211f	58±3.5d	8.1±0.09
HE	21±1e	37±1f	7.7±1.0f	1 030±19	696±22f	1 127±97fg	490±22cd	8±1a	3 300±408g	67±1.5c	8.5±0.08
JF	316±35b	205±9c	10.3±1.2e	918±77	983±117f	1 731±116cd	384±23e	0	4 532±224f	48±2.2e	7.8±0.06
GZ	6±1f	101±12d	32.3±1.2b	2 826±311	2 293±38d	2 761±138bb	800±27a	4±0.5	8 764±1246d	95±1.8a	8.3±0.05
ZQ	85±12c	81±3e	19.7±2.1c	1966±138	1841±153e	1 664±299de	698±58ab	0	6 245±1195e	40±1.9f	8.1±0.09
WZ	393±16a	697±63a	44.9±4.8d	5 708±231	6 053±188b	6 720±434a	433±34d	0	20 039±1039a	82±4.3b	7.9±0.01
YX	137±2c	123±4de	10.7±1.0e	1 261±112	905±95f	1 590±95de	531±95c	0	4 456±95f	39±1.7f	7.5±0.07
MH	25±1e	78±11d	163±20.8a	5 804±297	8 268±264a	53.1±4i	1 694±137g	271±22b	16 185±1050c	69±3.5c	8.4±0.06
HS	157±21b	81±9e	22.1±3.1c	1 161±111	842±57f	1 455±123ef	504±38cd	0	4 125±160f	52±2.8de	7.9±0.13

注: 49±4表示化学特征参数的均值±标准差, pH无单位, 以了解每个参数在不同测试下的变异情况。标准差越大, 表示该参数在样本中的波动越大。不同小写字母(a、b、c、d、e、f、g、i)表示0.05水平差异显著。

## 3 讨论

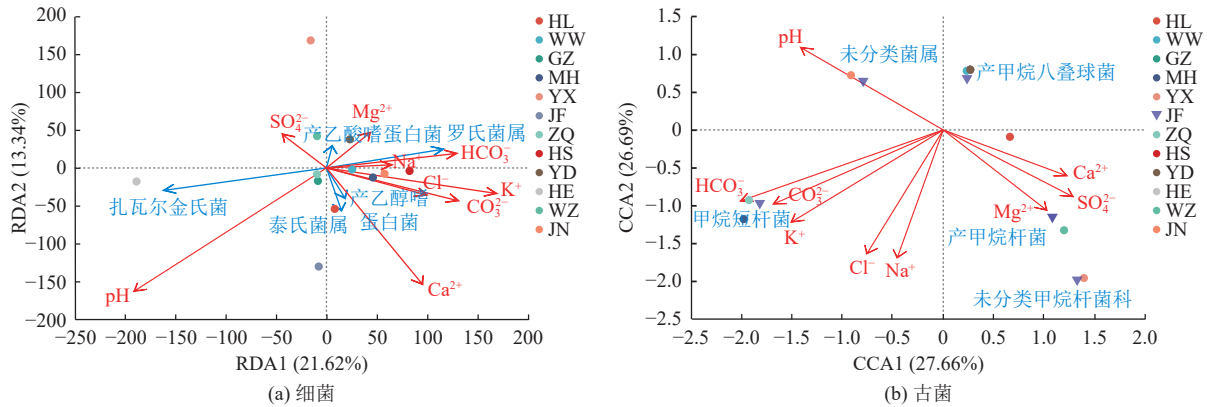
### 3.1 煤层水化学特征与微生物群落结构的关系

#### 3.1.1 水化学特征对细菌群落的影响

在 HL 样本中,当 pH 值为 7.5 时,细菌群落的多样性达到最高,Shannon 指数为 2.91,表明中性偏碱的环境最有利于细菌群落的繁殖。相比之下,在 MH 样本中,较高的 pH 值(8.4)对应的细菌 Shannon 指数较低,仅为 1.61,表明在较高 pH 环境中,细菌群落多样性有所减少。从细菌组成来看,较低 pH 值环境中,产酸发酵细菌和水解菌群占主导地位,这类细菌通常在中性或弱酸性环境中表现出较强的活性。在 pH<8 的样本(WZ、YX、HL、JF)中,泰氏菌、理研菌和罗氏菌等菌属的相对丰度较高。然而,随着 pH 值的升高,这些细菌的相对丰度明显下降,可能与较高的碱性环境不利于其生长有关。

除了 pH 值外,离子浓度也是影响细菌群落多样性

的重要因素。Cl<sup>-</sup>、K<sup>+</sup>、SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>和 Mg<sup>2+</sup>的增加与细菌群落的多样性和丰度呈正相关。在 HL、WZ、JN、HE、JF 和 GZ 样本中,Cl<sup>-</sup>质量浓度从 187.2 mg/L 增加到 2 293 mg/L、K<sup>+</sup>从 5.42 mg/L 增加到 32.3 mg/L 时,细菌的 Shannon 指数也从 2.60 增至 2.91。这表明较高的 Cl<sup>-</sup>和 K<sup>+</sup>浓度能够促进细菌群落的多样性和丰度。特别是水解、产酸发酵细菌(如罗氏菌、产乙醇嗜蛋白菌和泰氏菌)的丰度随着离子浓度的升高而增加,这些细菌可能依赖特定的离子浓度进行代谢活动,尤其在发酵过程中,某些离子可能作为关键的代谢调节因子。冗余分析(redundancy analysis, RDA)显示(图 4a),罗氏菌、产乙醇嗜蛋白菌和泰氏菌与 Cl<sup>-</sup>和 K<sup>+</sup>浓度呈显著正相关性,表明这些离子的存在可能有助于促进这些细菌的生长或功能。然而,SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>和 Mg<sup>2+</sup>则表现出不同的影响模式。SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>浓度与产乙酸嗜蛋白菌的丰度呈正相关,这表明该细菌可能利用硫酸盐作为电子受体或营养来源,进行厌氧代谢。SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>和 Mg<sup>2+</sup>浓度对产乙醇嗜蛋白



注：箭头表示环境因子；图中蓝色三角表示不同属的细菌；物种与环境因子之间的夹角代表物种与环境因子间的正、负相关关系(锐角：正相关；钝角：负相关；直角：无相关性)。

图 4 基于宁夏典型矿区煤层水样本中物种信息的 RDA /CCA 分析

Fig.4 Redundancy analysis (RDA) and canonical correspondence analysis (CCA) based on the species information of samples of coal seam water from typical mining areas in Ningxia

菌和泰氏菌表现出负相关性,可能表明这些菌属在高硫酸盐浓度环境中无法有效生长或代谢。硫酸盐的存在对于厌氧条件下的硫酸盐还原菌(SRB)至关重要,但可能对其他不依赖硫酸盐的细菌群落产生抑制效应。

### 3.1.2 水化学特征对古菌群落的影响

在古菌群落中,pH值和离子浓度对多样性和丰度的影响相较于细菌群落较为均衡。虽然pH值对细菌群落的影响较大,但对古菌的影响相对较小。研究发现,Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>的浓度变化对古菌群落的组成有显著影响。当Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>分别维持在25.61和39.82 mg/L时,甲烷杆菌在MH、WZ和JN样本中占据主导地位。这表明这些离子可能在促进古菌的代谢功能中发挥关键作用,特别是在甲烷生成过程中,Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>可能参与一些关键的酶促反应或结构功能的维持。随着Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>浓度的进一步升高,JF、HL和HE样本中的甲烷八叠球菌和甲烷粒菌逐渐占据主要位置。这两类产甲烷菌的生长环境较为宽松,尤其是甲烷八叠球菌表现出较强的耐受性,能够适应高浓度的铵、盐和乙酸等压力环境。在这些样品中,Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>离子浓度的升高可能为这些古菌提供了稳定的环境,使其在矿区水体中维持较高的丰度。另外,细菌和古菌群落之间可能存在复杂的生态关系。在产酸发酵细菌和水解菌的代谢过程中,生成的有机酸和其他代谢副产物可以为古菌,尤其是产甲烷菌提供底物(如乙酸和氢气),从而促进甲烷生成。典范对应分析(canonical correspondence analysis, CCA)显示(图4b),某些细菌群落(如罗氏菌和泰氏菌)的丰度与古菌群落中的甲烷杆菌和甲烷八叠球菌有一定的关联性。这表明,在宁夏矿区的煤层水中,细菌和古菌可能通过共生或代谢互补的方式维持群落的稳定性。

### 3.2 水化学特征与微生物代谢功能的关系

微生物的代谢功能活性与其所处的水化学环境密切相关,尤其是水中的Ca<sup>2+</sup>、Mg<sup>2+</sup>、K<sup>+</sup>、Na<sup>+</sup>、Cl<sup>-</sup>以及COD等环境因子对微生物代谢产生了显著影响(图5)。Ca<sup>2+</sup>质量浓度范围为5.6~411.0 mg/L、Mg<sup>2+</sup>为30.3~697.0 mg/L时, Ca<sup>2+</sup>、Mg<sup>2+</sup>与多种细胞代谢功能呈现负相关性,特别是与细胞运动(A10)、细胞内运输、分泌和囊泡运输(A11)以及无机离子运输与代谢(A19)的负相关性较为显著。Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>作为细胞内重要的信号分子,其浓度的变化可以显著影响细胞的代谢活动。虽然在适量时它们对于维持细胞正常功能至关重要,但过高的离子浓度会引发信号通路的异常激活,干扰细胞骨架的稳定性,进而抑制正常的细胞运动和物质运输过程。高浓度Ca<sup>2+</sup>和Mg<sup>2+</sup>还可能抑制囊泡运输系统,影响蛋白质、酶类的分泌以及细胞内的物质交换。

K<sup>+</sup>质量浓度为5.42~163 mg/L、Na<sup>+</sup>为267~5 804 mg/L时,其在细胞代谢功能中的表现更为复杂,既有负相关也有正相关性。K<sup>+</sup>、Na<sup>+</sup>与细胞周期控制、细胞分裂、染色体分配(A6)及防御机制(A7)呈负相关。这可能是因为在这些生物过程中,钠钾泵需要维持较低的Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup>浓度,以保持细胞稳态。然而,K<sup>+</sup>、Na<sup>+</sup>与碳水化合物运输和代谢(A14)及氨基酸运输和代谢(A15)呈现正相关。通过消耗ATP(Adenosine Triphosphate, 三磷酸腺苷)维持细胞内外的K<sup>+</sup>和Na<sup>+</sup>浓度梯度,这一过程需要大量能量,可能推动了细胞能量代谢和物质运输系统的活跃,促进了碳水化合物、氨基酸等的代谢(图5)。

Cl<sup>-</sup>质量浓度为187~8 268 mg/L时,其对细胞周期控制、细胞分裂、染色体分配(A6)、防御机制(A7)和次级代谢物生物合成和分解(A20)呈现强烈的负相关性。

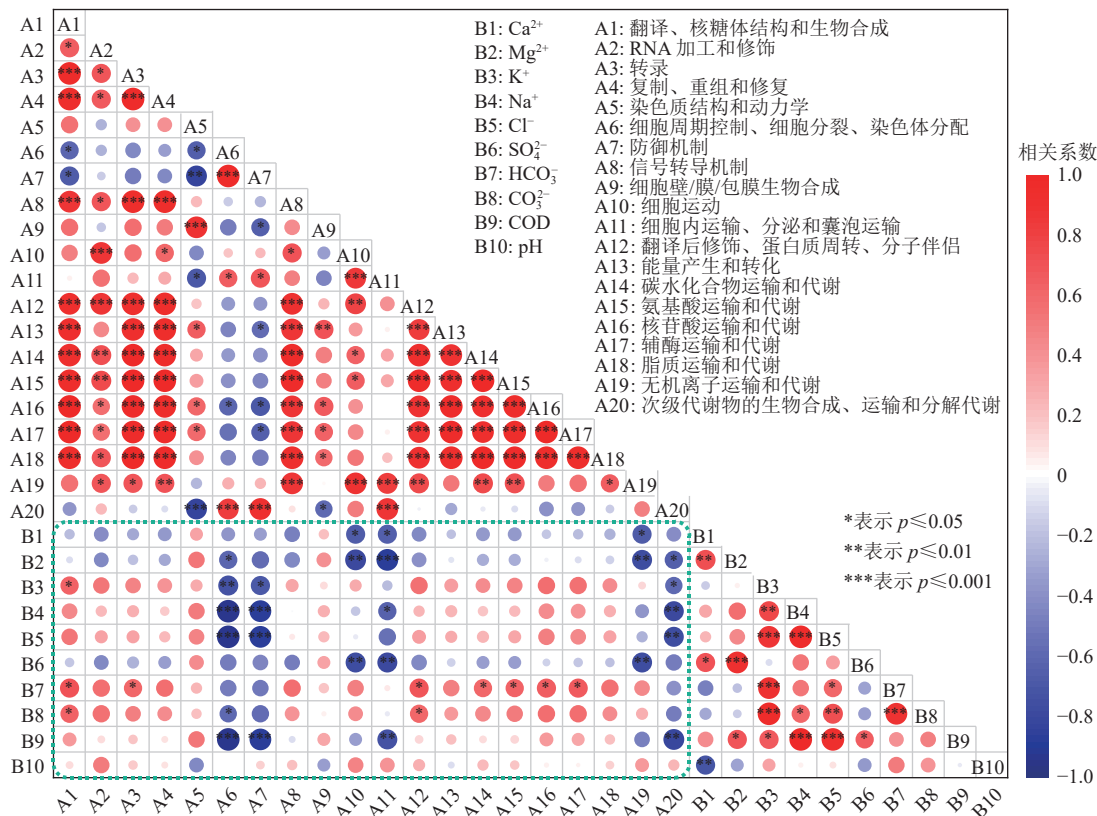


图 5 煤层水化学特征与微生物代谢功能的显著性分析

Fig.5 Analytical results of correlations between the hydrochemical characteristics of coal seam water and microbial metabolic functions

$\text{Cl}^-$ 可能通过改变关键代谢酶的结构或通过竞争性抑制酶的活性位点,抑制次级代谢物的合成和分解。这种抑制作用可能导致细胞防御机制的减弱,抑制细胞生长和代谢的正常进行。高浓度  $\text{Cl}^-$ 可能干扰细胞周期调控系统,影响细胞分裂和染色体分配的正常进行。

$\text{HCO}_3^-$ 质量浓度为 151~1 694 mg/L 时,  $\text{HCO}_3^-$ 与碳水化合物运输和代谢(A12-A19)等代谢过程呈现正相关(图 5)。这主要因为  $\text{HCO}_3^-$ 是细胞内和体液中重要的缓冲系统,它通过调节酸碱平衡,帮助细胞维持正常的代谢活动。当环境中  $\text{HCO}_3^-$ 浓度增加时,细胞能够更有效地调控 pH 值,使代谢途径(如碳水化合物代谢、氨基酸代谢等)更为活跃。COD 是有机物含量的指标, COD 为 40~95 mg/L 时,它与能量产生和转化(A13)及碳水化合物运输和代谢(A14)呈显著正相关。COD 值越高,表明水中有机物质的浓度越高,这为微生物提供了丰富的碳源,直接促进了微生物的碳水化合物代谢功能。研究表明, pH 值在样本中维持在 7.4~8.5,但与微生物代谢功能的直接相关性不太明显。这可能是由于研究区域内 pH 值变化相对较小,对微生物的整体代谢功能影响有限。

#### 4 结论

(1) 煤层水中细菌群落丰度较高、分布较均匀。细

菌群落的多样性在偏碱性环境(pH=7.5)时达到最高;古菌受 pH 值影响较小,均匀性较差。由于低多样性和缺乏共存的 OTU,古菌群落在矿区环境中所面临的生态压力和资源竞争较大。

(2) 煤层水中  $\text{Cl}^-$ 、 $\text{K}^+$ 与细菌群落的多样性呈正相关。不同的煤层水样本中随着  $\text{Cl}^-$ 和  $\text{K}^+$ 浓度增大,产酸发酵细菌 *RombOTUsia*、*Proteiniborus* 和 *Tissierella* 随之增加;  $\text{Ca}^{2+}$ 和  $\text{Mg}^{2+}$ 的浓度变化对古菌群落组成有显著影响,特别是在甲烷生成过程中,这些阳离子可能参与关键的酶促反应。

(3) 在宁夏地区煤层水中,  $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{Mg}^{2+}$ 对细胞运动、细胞内运输、分泌、囊泡运输及无机离子运输和代谢表现出负相关性,抑制这些代谢过程;  $\text{K}^+$ 、 $\text{Na}^+$ 在细胞周期控制、细胞分裂、染色体分配等生物过程中呈负相关性,但对能量代谢、氨基酸运输及碳水化合物代谢则有正面影响;  $\text{CO}_3^{2-}$ 和  $\text{HCO}_3^-$ 与多种微生物代谢功能(如细胞内缓冲、代谢产物运输)呈正相关,表明它们在维持细胞酸碱平衡和支持代谢活动中起重要作用。

#### 利益冲突声明/Conflict of Interests

所有作者声明不存在利益冲突。

All authors disclose no relevant conflict of interests.

## 参考文献(References)

- [1] 唐书恒, 李洋, 吕建伟. 原位储层生物地球化学评价及其对煤层气开采的指示意义: 以沁水盆地南部柿庄南区块为例[J]. 煤炭学报, 2024, 49(1): 555–562.  
TANG Shuheng, LI Yang, LYU Jianwei. *In situ* reservoir biogeochemical evaluation and its indicative significance for coalbed methane extraction: Taking the Shizhuangnan Block in the southern Qinshui Basin as an example[J]. Journal of China Coal Society, 2024, 49(1): 555–562.
- [2] DONG Hailiang, HUANG Liuqin, ZHAO Linduo, et al. A critical review of mineral–microbe interaction and co–evolution: Mechanisms and applications[J]. *National Science Review*, 2022, 9(10): 128.
- [3] LI Saisai, XIA Daping, Chen Zhenhong, et al. Experimental study on the change of coal structure and microbial community structure during supercritical-CO<sub>2</sub>-H<sub>2</sub>O-microorganisms-coal interaction process[J]. *Environmental Technology & Innovation*, 2023, 30: 103036.
- [4] 聂志强, 杨秀清, 韩作颖. 不同煤阶生物成因煤层气微生物群落的功能及多样性研究进展[J]. 微生物学通报, 2019, 46(5): 1127–1135.  
NIE Zhiqiang, YANG Xiuqing, HAN Zuoying. Function and diversity of microbial community in biogenic coal–bed methane with different coal ranks: A review[J]. *Microbiology China*, 2019, 46(5): 1127–1135.
- [5] 董海良, 曾强, 刘邓, 等. 黏土矿物–微生物相互作用机理以及环境领域中的应用[J]. 地学前缘, 2024, 31(1): 467–485.  
DONG Hailiang, ZENG Qiang, LIU Deng, et al. Interactions between clay minerals and microbes: Mechanisms and applications in environmental remediation[J]. *Earth Science Frontiers*, 2024, 31(1): 467–485.
- [6] SHIMIZU S, AKIYAMA M, NAGANUMA T, et al. Molecular characterization of microbial communities in deep coal seam groundwater of northern Japan[J]. *Geobiology*, 2007, 5(4): 423–433.
- [7] 苏现波, 夏大平, 赵伟仲, 等. 煤层气生物工程研究进展[J]. 煤炭科学技术, 2020, 48(6): 1–30.  
SU Xianbo, XIA Daping, ZHAO Weizhong, et al. Research advances of coalbed gas bioengineering[J]. *Coal Science and Technology*, 2020, 48(6): 1–30.
- [8] 杨秀清, 吴瑞薇, 韩作颖, 等. 基于 *mcrA* 基因的沁水盆地煤层气田产甲烷菌群与途径分析[J]. 微生物学通报, 2017, 44(4): 795–806.  
YANG Xiuqing, WU Ruiwei, HAN Zuoying, et al. Analysis of methanogenic community and pathway of coalbed methane fields in the Qinshui Basin based on *mcrA* gene[J]. *Microbiology China*, 2017, 44(4): 795–806.
- [9] 刘亚飞, 王波波, 张洪勋, 等. 芦岭煤田微生物群落结构和生物成因气的产甲烷类型研究[J]. 微生物学报, 2019, 59(6): 1174–1187.  
LIU Yafei, WANG Bobo, ZHANG Hongxun, et al. Microbial community and the type of methanogenesis associated with biogenic gas in Luling Coalfield, China[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, 59(6): 1174–1187.
- [10] 张博雅, 余珂. 微生物基因数据库在氮循环功能基因注释中的应用[J]. 微生物学通报, 2020, 47(9): 3021–3038.  
ZHANG Boya, YU Ke. Application of microbial gene databases in the annotation of nitrogen cycle functional genes[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(9): 3021–3038.
- [11] 张宏, 李颖杰, 王文颖, 等. 微生物硫循环网络的研究进展[J]. 微生物学报, 2021, 61(6): 1567–1581.  
ZHANG Hong, LI Yingjie, WANG Wenying, et al. Research progress of the microbial sulfur–cycling network[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, 61(6): 1567–1581.
- [12] PYTLAK A, JAROMIN–GLEŃ K, SUJAK A, et al. Interactions between surface properties of pristine coals and the intrinsic microbial communities involved in methane formation[J]. *International Journal of Coal Geology*, 2024, 282: 104422.
- [13] 易悦, 周卓, 黄艳, 等. 我国产甲烷古菌研究进展与展望[J]. 微生物学报, 2023, 63(5): 1796–1814.  
YI Yue, ZHOU Zhuo, HUANG Yan, et al. Methanogen research in China: Current status and prospective[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2023, 63(5): 1796–1814.
- [14] 承磊, 郑珍珍, 王聪, 等. 产甲烷古菌研究进展[J]. 微生物学通报, 2016, 43(5): 1143–1164.  
CHENG Lei, ZHENG Zhenzhen, WANG Cong, et al. Recent advances in methanogens[J]. *Microbiology China*, 2016, 43(5): 1143–1164.
- [15] CAI Mingwei, YIN Xiuran, TANG Xiaoyu, et al. Metatranscriptomics reveals different features of methanogenic archaea among global vegetated coastal ecosystems[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 802: 149848.
- [16] 任师杰, 孔令豆, 刘骏, 等. 产甲烷古菌的分类及代谢途径研究进展[J]. 中国生物工程杂志, 2024, 44(9): 100–112.  
REN Shijie, KONG Lingdou, LIU Jun, et al. Advances in classification and metabolic pathways of methanogenic archaea[J]. *China Biotechnology*, 2024, 44(9): 100–112.
- [17] JETTEN M S M, STAMS A J M, ZEHNDER A J B. Methanogenesis from acetate: A comparison of the acetate metabolism in *Methanotrix soehngenii* and *Methanosarcina* spp.[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1992, 88(3/4): 181–197.
- [18] ROTARU A E, SHRESTHA P M, LIU Fanghua, et al. Direct interspecies electron transfer between *Geobacter metallireducens* and *Methanosarcina barkeri*[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80(15): 4599–4605.
- [19] GARETH J, JOHNSON. *Encyclopedia of microbiology*[J]. Reference Reviews, 1997.
- [20] 张娜, 尹雪峰, 王子琛, 等. 微生物增产煤层气作用机理及影响因素研究进展[J]. 过程工程学报, 2024, 24(6): 636–646.  
ZHANG Na, YIN Xuefeng, WANG Zichen, et al. Research progress on the mechanism and influencing factors of microorganisms to increase coalbed methane production[J]. *The Chinese Journal of Process Engineering*, 2024, 24(6): 636–646.
- [21] 左照江, 张汝民, 高岩. 盐胁迫下植物细胞离子流变化的研究进展[J]. 浙江农林大学学报, 2014, 31(5): 805–811.  
ZUO Zhaojiang, ZHANG Rumin, GAO Yan. Advances in plant cell ion flux with salt stress: A review[J]. *Journal of Zhejiang A &*

- F University, 2014, 31(5): 805–811.
- [22] 庞安冉, 张晓丹, 刘森, 等. 不同 pH 值条件下硫酸盐还原菌组成及硫酸盐还原机制分析[J]. 微生物学报, 2024, 64(4): 1081–1094.
- PANG Anran, ZHANG Xiaodan, LIU Miao, et al. Dominant sulfate-reducing bacteria at different pH and mechanism of sulfate reduction[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(4): 1081–1094.
- [23] ZHANG Zhao, ZHANG Chunhui, YANG Yang, et al. A review of sulfate-reducing bacteria: Metabolism, influencing factors and application in wastewater treatment[J]. Journal of Cleaner Production, 2022, 376: 134109.
- [24] QIU Shuang, ZHANG Xingchen, XIA Wenhao, et al. Effect of extreme pH conditions on methanogenesis: Methanogen metabolism and community structure[J]. Science of the Total Environment, 2023, 877: 162702.
- [25] 李子祥, 奕栋, 姜水琴, 等. 氧化还原电位在微生物发酵中的应用[J]. 中国酿造, 2024, 43(5): 25–31.
- LI Zixiang, YI Dong, JIANG Shuiqin, et al. Application of oxidation-reduction potential in microbial fermentation[J]. China Brewing, 2024, 43(5): 25–31.
- [26] 汤伟, 张军, 李广善, 等. 深海极端微生物菌群及代谢产物多样性的研究进展[J]. 微生物学报, 2019, 59(7): 1241–1252.
- TANG Wei, ZHANG Jun, LI Guangshan, et al. Diversity of extremophiles and metabolites in the deep-sea[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2019, 59(7): 1241–1252.
- [27] 刘海昌, 兰贵红, 刘安全, 等. 高温油藏采出液中嗜热产甲烷菌的分离鉴定[J]. 生物工程学报, 2010, 26(7): 1009–1013.
- LIU Haichang, LAN Guihong, LIU Quanquan, et al. Isolation and identification of a methanogen from the high temperature oil reservoir water[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2010, 26(7): 1009–1013.
- [28] 张莉, 徐智敏, 孙亚军, 等. 鄂尔多斯典型煤矿不同功能区水化学与微生物群落特征及环境响应[J]. 煤炭科学技术, 2023, 51(12): 180–196.
- ZHANG Li, XU Zhimin, SUN Yajun, et al. Hydrochemistry and microbial community characteristics and environmental response in different functional zones of a typical coal mine in Ordos[J]. Coal Science and Technology, 2023, 51(12): 180–196.
- [29] 范立民, 李涛, 高颖, 等. 生态脆弱煤矿区水体中微生物群落特征及矿井充水指示[J]. 煤炭科学技术, 2024, 52(1): 255–266.
- FAN Limin, LI Tao, GAO Ying, et al. Characteristics of microbial communities in water bodies of ecologically fragile coal mining areas and indications for mine water filling[J]. Coal Science and Technology, 2024, 52(1): 255–266.
- [30] LI Xiaoli, SONG Lai, WANG Guoliang, et al. Complete genome sequence of a deeply branched marine *Bacteroidia* bacterium *Draconibacterium orientale* type strain FH5<sup>T</sup>[J]. Marine Genomics, 2016, 26: 13–16.
- [31] MAKI J J, NIELSEN D W, LOOFT T. Complete genome sequence and annotation for *Romboutsia* sp. Strain CE17[J]. Microbiology Resource Announcements, 2020, 9(23): e0038220.
- [32] PESANTE G, TESORIERO C, CADORIA E, et al. Valorisation of agricultural residues into *Thauera* sp. Sel9 microbial proteins for aquaculture[J]. Environmental Technology & Innovation, 2024, 36: 103772.
- [33] HÖRDT A, LÓPEZ M G, MEIER-KOLTHOFF J P, et al. Analysis of 1, 000+ type-strain genomes substantially improves taxonomic classification of *Alphaproteobacteria*[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 468.
- [34] FAN Zijian, KE Xiaoli, JIANG Lijin, et al. Genomic and biochemical analysis reveals fermented product of a putative novel *Romboutsia* species involves the glycometabolism of tilapia[J]. Aquaculture, 2024, 581: 740483.
- [35] CAO Hongrui, SUN Jin, WANG Keqiang, et al. Performance of bioelectrode based on different carbon materials in bioelectrochemical anaerobic digestion for methanation of maize straw[J]. Science of the Total Environment, 2022, 832: 154997.
- [36] 张莉, 徐智敏, 孙亚军, 等. 煤矿矿井水水质形成及演化的水化学-微生物场作用及数学模型构建[J]. 中国矿业大学学报, 2024, 53(5): 943–959.
- ZHANG Li, XU Zhimin, SUN Yajun, et al. Hydrochemical-microbial field interaction and mathematical model construction of the water quality formation and evolution in coal mine[J]. Journal of China University of Mining & Technology, 2024, 53(5): 943–959.
- [37] QIAN Youfen, XU Meiyang, DENG Tongchu, et al. Synergistic interactions of *Desulfovibrio* and *Petrimonas* for sulfate-reduction coupling polycyclic aromatic hydrocarbon degradation[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 407: 124385.
- [38] SÁNCHEZ-SÁNCHEZ C, ARANDA-MEDINA M, RODRÍGUEZ A, et al. Development of real-time PCR methods for the quantification of *Methanoculleus*, *Methanosarcina* and *Methanobacterium* in anaerobic digestion[J]. Journal of Microbiological Methods, 2022, 199: 106529.
- [39] CHEN Dan, PEI Haoyi, ZHOU Ningli, et al. CO<sub>2</sub> reduction to CH<sub>4</sub> by *Methanosarcina barkeri* and a mixed methanogenic culture using humin as sole electron donor[J]. Energy, 2024, 294: 130841.
- [40] MA Xiaobiao, JI Jing, SONG Peizhi, et al. Treatment of nanofiltration membrane concentrates integrated magnetic biochar pretreatment with anaerobic digestion[J]. Environmental Research, 2023, 221: 115245.

(责任编辑 周建军)