

植物-菌株联合去除土壤中的芘

陆泗进 何立环

中国环境监测总站生态室,北京 100012

摘要 从山东省胜利油田某油井附近土壤中筛选出对芘具有较强降解能力的菌株 P6,测定其与苜蓿联合培养下对芘的降解情况。结果表明:与单独菌株 P6 降解芘相比,土壤中种植苜蓿后,芘的去除率得到明显提高(20 d 时去除率为 43.49%)。种植苜蓿后,基质土壤特别是根际土壤中,菌株 P6 的数量有了较大的提升,且土壤中的过氧化氢酶和多酚氧化酶活性也得到了较大提高。可见,苜蓿除了能吸收芘外,还能通过改善土壤环境,起到强化微生物降解芘的作用。

关键词 土壤;植物-微生物联合修复;植物修复;芘

中图分类号 X 31 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2015)01-0066-06

多环芳烃(PAHs)是一种毒性较大的有机污染物,在土壤中性质稳定、难于降解,对农业生态环境和人体健康有极大的危害,已经引起各国科研人员的广泛关注^[1]。目前,采用生物降解来去除土壤和地下水中的 PAHs 的研究较多^[2-4]。但由于微生物对生长环境有一定的要求,导致它们在纯培养条件下,在培养基中对 PAHs 降解率较高;但当投入到土壤后,由于土壤环境对大多数外来的微生物都较为严苛,加之投加的微生物还要面临与土著微生物的竞争,导致它们对 PAHs 降解率大幅下降,实际应用效果不佳^[5-8]。

已有的研究都表明,通过在土壤中种植植物,利用植物的生长和根际效应,可以一定程度地改善微生物的生长环境,从而有利于外来菌株的生长,使得微生物的降解效率虽然和培养基中相比有所下降,但仍能保持一定的水平^[5-8]。可见,在投加微生物菌剂降解的同时,如果能引入植物,即采用微生物-植物联合降解的方式,可能是目前生物修复土壤中 PAHs 污染的一种有效方法。但不同的植物可能起到不同的作用,如何能筛选出最合适的植物以最大程度提高生物修复的效果是目前研究的重点之一。有研究表明,如果植物根系茂密,生长快速,往往应用效果较好。苜蓿根系较为发达,在重金属植物修复中应用较多,理论上具有应用于有机污染物

修复的潜力^[8-9]。为此,本研究以芘作为 PAHs 的代表底物,探讨菌株联合苜蓿后对土壤 PAHs 污染的修复和降解情况,试图进一步探明植物在联合修复体中所起的作用,以期为后续的推广应用奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 试验菌株

污染土壤样品取自山东省胜利油田某油井附近。采用富集培养的方法进行分离,最终从污染土壤中分离出菌株 P6,其在培养基中对芘有很强的降解能力,对芘的降解率最高达到 89%^[10-12]。

1.2 供试植物材料处理

将购买的苜蓿种子先低温进行催化(置于 4 ℃ 冰箱冷藏室内),7 d 后取出种子,配制 10% H₂O₂ 溶液,将种子浸泡 10 min,冲洗后浸泡催芽。14 d 后将长势良好的苜蓿的幼苗取出备用。

采用光强 4 900 μW/cm²、250 W 的照明金属卤化物灯以提供植物生长所需的光能,光照长度为 12 h/d。

1.3 芘降解试验

试验参照文献^[12-15]进行,设计 2 组空白处理。第 1 组空白,作为整个试验的空白对照,土盆中除土壤外,芘、菌株和苜蓿均不加入;第 2 组空白,土

收稿日期:2014-03-31

基金项目:国家自然科学基金项目(40472129)

陆泗进,博士,高级工程师。研究方向:土壤环境质量监测与评价。E-mail: lusj@cnemc.cn

通信作者:何立环,高级工程师。研究方向:生态环境监测与评价。E-mail: helh@cnemc.cn

盆中只加入芘,不加菌株和苜蓿。这 2 组空白可以消除芘因挥发、淋失或其他非生物降解等因素造成的损失。

盆栽试验土壤取自北京市郊区无有机污染的场地。采集的土壤样品风干后,过 2 mm 筛,然后采用高温灭菌的方式去除土壤中的土著微生物(120 °C 下加热 30 min)。土壤为砂壤土(砂粒 69.5%、粘粒 18.1%、粉粒 12.4%),pH 值为 6.7,总有机碳和总有机氮含量分别为 1.14%和 0.32%。将处理好的土样等量分置到盆中,然后加入配制好的芘的丙酮溶液,充分搅拌、混匀,通过测定,处理后的土盆中芘的质量分数为 102.1 mg/kg。然后按照试验设计,将需要接种菌株 P6 的土盆中加入 25 mL 菌悬液(细胞密度 $D_{600}=1$),将长势良好的苜蓿幼苗种植于土盆中,栽入。培养 5、10、15、20 和 25 d 后,分别取一定量土壤,采用 Schwab 等^[15]的方法提取土壤中的芘,采用紫外分光光度计法(Varian Cary-50 Probe)测定其质量浓度。

1.4 土壤和植物样品中芘分析

参照文献[13-14]分别测定降解不同时间段后土壤和植物样品中芘的含量。

1.5 植物和土壤中多酚氧化酶和过氧化氢酶的测定

参照文献[13-14]分别测定降解不同时间段后土壤中多酚氧化酶和过氧化氢酶活性。

1.6 微生物数量的测定

间隔一定时间后,分别采集不同处理的基质和根际土壤。每次取 1 g 土壤与 100 mL 无菌水中混合,并进行系列稀释,采用平板计数法测定菌株的数量。

2 结果与分析

2.1 菌株和苜蓿对芘的去除率

30 d 内菌株 P6、苜蓿以及苜蓿-菌株 P6 联合体对芘的降解率随时间变化的趋势如图 1,由图 1 可以看出,苜蓿对芘的去除率变化较小,种植苜蓿后 10~30 d,去除率基本稳定在 14%左右。这可能是与苜蓿自身的生理生化特性及对芘的吸收利用能力有关。

接种到土壤后,菌株 P6 对土壤中芘的降解率最初增大,在 15 d 时对芘的降解率最大,达到 24.61%,然后,对芘的降解率逐渐降低,30 d 时降低到最小(18.74%)。降解率曲线呈现出类似菌株

的生长曲线的变化趋势。

苜蓿-P6 联合体对芘的降解率在 20 d 时达到最大值(43.49%),随着时间的增加,降解率开始缓慢下降,但下降的趋势较为平缓,始终保持在较高水平,30 d 后去除率仍维持在 42.57%。可见,种植苜蓿后,土壤中芘的去除率得到了明显提高。这可能是由于种植苜蓿一定程度上改良了土壤微生态,同时根系的分泌物可能有利于微生物的生长,提高了菌株活性,从而促进了菌株对芘的降解。

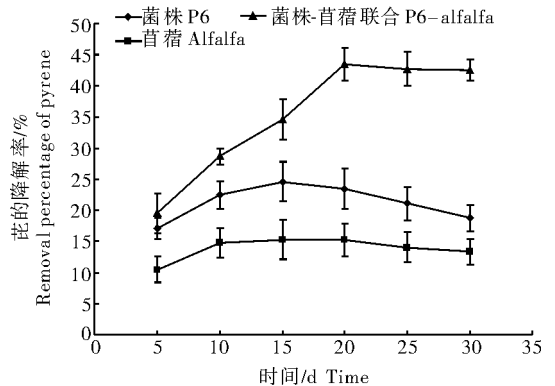


图 1 不同处理下芘的降解率随时间变化的趋势

Fig. 1 The change of removal percentage of pyrene in soil

2.2 芘在苜蓿体内的含量分析

由于苜蓿生物量可以作为反映苜蓿健康状况指标之一,本研究对苜蓿生物量进行了测试,结果表明:与单独种植苜蓿相比,在投加菌株 P6 的土壤中种植的苜蓿生物量都较大。播种后 10、20 和 30 d 时,在投加菌株 P6 的土壤中种植的苜蓿,其生物量分别增加 22.8%、26.5%和 28.9%。可见,菌株 P6 的存在能在一定程度上促进苜蓿的生长。

芘在苜蓿地上部分和根(干质量)中的含量测定结果(图 2)显示,在苜蓿地上部和根部都能检测到芘的存在。也就是说,苜蓿对芘有一定的吸收、转移能力。同时,根中芘的含量明显高于苜蓿地上部的含量。此外,随时间增加,芘在苜蓿根中含量也会增加,但在苜蓿地上部芘的含量增加较少。这说明,苜蓿吸收的芘可能大部分都蓄积在其根部,只有少量能转移到地上部分。其原因也许是因为芘从根部难以转移到茎和叶,或芘在从根部向地上部转移的过程中就被分解了。另外,种植在投加菌株的土壤中的苜蓿,与单独种植苜蓿相比,其根部和地上部芘的含量增加很少,这表明苜蓿对芘的吸收能力主要决定于其自身特性,而受环境影响较小。

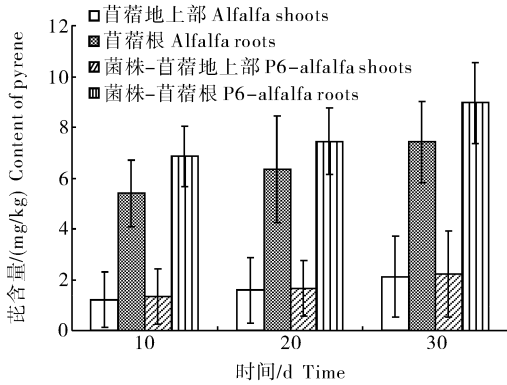


图 2 苜蓿地上部分和根中的含量

Fig. 2 The content of pyrene in alfalfa according to time

表 1 不同时间段土壤中芘的含量

Table 1 The content of pyrene remaining in soil

mg/kg

| 处理 Treatments | 芘含量 The content of pyrene | | | | | |
|------------------|---------------------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| | 5 d | 10 d | 15 d | 20 d | 25 d | 30 d |
| 苜蓿 Alfalfa | 91.44±4.30 | 77.93±6.70 | 66.04±2.30 | 56.00±4.30 | 48.14±3.10 | 41.72±4.70 |
| 菌株 P6 | 84.72±3.30 | 65.70±4.10 | 49.53±6.30 | 37.91±5.70 | 29.92±4.30 | 24.31±6.30 |
| 菌株-苜蓿 P6-alfalfa | 82.20±3.70 | 58.61±5.30 | 38.34±3.70 | 21.67±3.40 | 12.40±5.10 | 7.12±4.30 |

苜蓿根系富集系数大于 1, 这表明苜蓿根系中富集的芘要高于根系中芘的含量, 这也说明苜蓿对芘具有一定的吸收能力。Gao 等^[16]也得到了相似的结论, 他的研究指出植物在有机污染土壤中的根系富集系数一般为 0.23~4.44。

2.4 植物体内过氧化物酶 (POD) 和多酚氧化酶 (PPO) 活性变化

本研究测定了 PAHs 胁迫下植物根和茎叶中 POD 和 PPO 的变化, 结果 (图 3) 显示, 苜蓿体内的 POD 酶活性都是先升高后降低, 活性也高于对照 (CK)。同时, 苜蓿的地上部分、根部中 POD 酶活性的变化趋势也类似, 分别在 10、15 d 后达到最大值, 随后酶活性出现下降。

苜蓿根部的 POD 酶活性都高于其地上部分活性。可能原因是, 根部直接与芘接触, 浓度较高, 容易诱发 POD 酶活性升高; 而地上部的芘主要靠根部吸收后输送至地上部分, 芘有可能较难从根部传导到地上部, 导致活性较低。

苜蓿地上部分的 PPO 酶活性先升高然后开始下降, 在 10 d 时 PPO 酶活性达最大。与之不同的是, 苜蓿根部的 PPO 酶活性随时间变化无明显趋势。同时, 与 POD 酶活性类似, 苜蓿地上部分的 PPO 酶活性也是大于根部酶活性。

2.3 土壤中的芘含量

不同时间段土壤中芘的含量测定结果 (表 1) 表明, 在苜蓿-菌株联合处理的土壤中, 芘的含量小于苜蓿或者菌株单独处理的土壤。如 30 d 时苜蓿-菌株联合处理的土壤中芘的含量为 7.12 mg/kg (芘的残留率为 6.97%), 而苜蓿或菌株单独处理的土壤芘的含量分别为 41.72 mg/kg 和 24.31 mg/kg (芘的残留率分别为 23.8% 和 40.8%)。可见, 种植苜蓿后有助于土壤中芘的去除。

根系富集系数测定结果表明单独种植苜蓿的处理和苜蓿-菌株联合的处理, 苜蓿的根系富集系数分别为 0.18 和 1.26。在苜蓿-菌株联合处理下, 苜

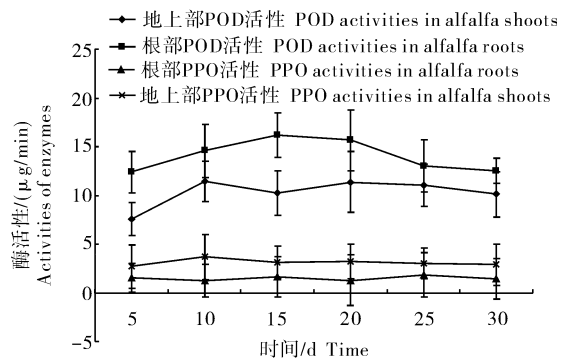


图 3 苜蓿根和茎叶中 POD 和 PPO 活性随时间的变化

Fig. 3 The change of POD and PPO activities in alfalfa according to time

2.5 土壤中多酚氧化酶和过氧化氢酶活性变化

过氧化氢酶活性大小能够反映出微生物的活性强度, 因为过氧化氢酶活性主要与微生物呼吸强度相关联。本研究也测定了不同时间段, 芘污染土壤中过氧化氢酶的活性, 测定结果见表 2。结果表明, 在没有联合苜蓿的条件下, 土壤中的过氧化氢酶活性基本没有发生变化, 且与对照之间差异也不显著。但当联合苜蓿后, 土壤中的过氧化氢酶的活性呈现升高的趋势, 最高值可以达到 3.35 mL/g。

多酚氧化酶能够参与土壤中芳香族化合物的分解和转化过程。为此, 不同时间段土壤中多酚氧化

酶的活性测定结果(表2)显示,在没有联合苜蓿的条件下,土壤中的多酚氧化酶活性较低;但当土壤中种植苜蓿后,土壤中的多酚氧化酶活性与对照土壤相比得到了明显提高,最高值可以达到0.23 mg/g。

表2 土壤中过氧化氢酶和多酚氧化酶的活性变化

Table 2 The activities of catalase and polyphenol oxidase in soil

| 时间/d Time | 过氧化氢酶/(mL/g) Catalase | | 多酚氧化酶/(mg/g) Polyphenol oxidase | |
|--------------|--------------------------|---------------------|------------------------------------|---------------------|
| | 菌株 P6 | 菌株-苜蓿 P6-alfalfa | 菌株 P6 | 菌株-苜蓿 P6-alfalfa |
| | 5 | 2.17±3.30 | 2.28±3.50 | 0.03±3.30 |
| 10 | 2.32±5.10 | 2.56±2.70 | 0.05±4.10 | 0.09±3.70 |
| 15 | 2.46±3.10 | 2.72±3.70 | 0.06±3.20 | 0.12±4.10 |
| 20 | 2.52±4.10 | 2.89±3.30 | 0.07±3.20 | 0.15±4.70 |
| 25 | 2.86±3.30 | 3.03±2.60 | 0.09±4.30 | 0.19±3.10 |
| 30 | 3.05±4.70 | 3.35±3.10 | 0.11±3.30 | 0.23±5.10 |

综上,本研究通过测定土壤中过氧化氢酶和多酚氧化酶的活性变化来反映土壤微环境的变化,结果表明种植苜蓿可以在一定程度上改良土壤微生态环境,种植苜蓿的土壤中过氧化氢酶活性和多酚氧化酶活性明显提高。

2.6 微生物数量的变化

土壤芘的降解率在菌株-植物复合体系中能大幅提高,可能与菌株数量和活性提高有关。为此有必要测定不同时段微生物数量的变化情况,测定结果见表3。由表3可知,土壤中移栽苜蓿后,可以有效提高基质土壤和根际土壤的微生物数量。由于植物根系的活动,导致根际微生物数量明显要高于基质土壤中的微生物数量。另外,根际微生物数量和基质土壤中的微生物数量的变化趋势也不相同,基质土壤中微生物的数量在10 d时达到最大值,然后出现下降;而根际微生物的数量则在20 d时才达到最大值,其后才出现下降。但根际微生物的数量增长速度要高于基质土壤。这说明,种植苜蓿是可以提升微生物活性的,特别是根际微生物数量增加很快。

表3 根际土及基质土壤中微生物数量变化¹⁾

Table 3 Microbial populations in the bulk soil and the rhizosphere fractions

| 时间/d Time | cfu | | |
|--------------|----------------------|----------------------|-------------------------------|
| | 菌株 P6 | 菌株-苜蓿 P6-alfalfa | |
| | 基质土壤 Bulk soil | 基质土壤 Bulk soil | 根际土壤 Rhizosphere fractions |
| 5 | 4.20×10 ⁵ | 1.78×10 ⁶ | 3.21×10 ⁶ |
| 10 | 1.31×10 ⁵ | 8.46×10 ⁵ | 1.96×10 ⁶ |
| 20 | 5.79×10 ⁴ | 7.73×10 ⁵ | 4.03×10 ⁶ |
| 30 | 4.11×10 ⁴ | 5.41×10 ⁵ | 1.72×10 ⁶ |

1)所有处理标准差不超过15% Standard deviation was no more than 15% in all variants.

3 讨论

本研究探讨植物苜蓿对土壤中芘微生物降解所起的作用,研究微生物-苜蓿的联合作用对芘污染土壤的生物修复。由于物理化学修复土壤有机污染成本昂贵,而且还易造成地下水等环境介质的次生污染,不适合大规模应用。采用微生物修复土壤有机污染已有较长的研究历史,相关研究也取得很多进展。但微生物在现场应用时效果往往不理想,特别是土壤中那些多环、大分子质量的PAHs,一般难以被土著微生物降解;而且往往在实验室内降解效果较好的菌株投入土壤环境后,其降解PAHs的效果易受到土著微生物竞争的影响,导致效果不佳,一定程度阻碍了生物修复的发展。近来许多研究表明,植物能促进土壤中有有机物,如石油、PAHs等的微生物降解。但是随着研究的深入,人们发现植物修复过程缓慢,而且植物修复还受到污染物浓度的限制,只有在植物能承受的浓度范围内,植物修复才能进行。如在有苜蓿存在时,土壤微生物的降解能力增强,PAHs总量的平均降解率比无苜蓿对照高2.0%~4.7%。也有研究者指出,虽然种植苜蓿的土壤中芘和芘降解的最终效果与无苜蓿土壤没有显著差异,但降解速率明显提高。本研究结果也表明在种植植物苜蓿后,菌株P6对土壤中芘的降解能力有了明显提升。

本研究结果还显示,存留在土壤中的芘和被苜蓿吸收富集的芘的量在总投入芘的量中只占很小的比例。比如30 d后将近93%的芘被苜蓿-菌株复合体系所去除。这意味着土壤中95 mg/kg被苜蓿-菌株复合体系去除。但是存留在土壤中的芘和被苜蓿所吸收富集的芘的量仅分别为8.96 mg/kg和7.12 mg/kg,有78.92 mg/kg的芘消失了。多环芳烃一般可以通过空气挥发、随水流失、光照降解、生物吸收和降解以及其他非生物损失等途径从土壤中去。但对于芘这种四环芳烃来说,由于其极低的水溶性和蒸汽压,其在土壤中通过挥发和流失的量非常小。本试验设计的空白对照也证明通过蒸腾作用和排水而流失的芘完全可以忽略。因此,这部分消失的芘可能是由于微生物的降解作用而被去除。这也说明微生物的降解作用可能是去除土壤中芘污染的最主要途径。苜蓿可能起到强化微生物降解芘的作用。

尽管与微生物降解去除芘的量相比,苜蓿所吸

收富集的芘的量很小,但苜蓿在这个复合体系中所起的作用却非常大,不可忽略。苜蓿-菌株联合处理去除芘更为有效,这说明土壤中芘降解率的提高可能是苜蓿-微生物联合作用所导致。为此,本试验分析了苜蓿和土壤中相关酶系的活性变化,分析了苜蓿在联合体系中所起的作用。试验结果也表明,由于苜蓿的生长特别是根系的生长及其生长过程中所分泌的物质,提高种植苜蓿的土壤中过氧化氢酶活性和多酚氧化酶活性,可能对微生物的生长环境有改善,从而增加了微生物的数量。另外,苜蓿根系所分泌的有机物可能为微生物共代谢芘提供了某种底物^[17]。

另外,苜蓿在 PAHs 环境中生长,会产生一定数量的自由基,这些活性自由基若不能及时被清除,则可能会导致脂质过氧化以及酶失活等毒理效应,危及植物生长^[13-14,18],但由于苜蓿体内存在抗氧化系统,可以清除体内的活性氧和膜脂过氧化所产生的有毒产物,从而保护苜蓿不受损伤。其中,POD 是植物抗氧化系中的一种非常重要的保护酶类,能清除机体内活性氧及有毒的产物^[13-14,19]。本研究结果表明,芘在一定质量浓度范围下,苜蓿体内 POD 活性增大,以抵抗由于芘胁迫下造成的活性氧自由基。但当芘质量浓度较高、处理时间较长时,活性自由基的量过多,难以及时处理,导致酶活性降低,可见 POD 酶活性也不是没有限度的,只有在一定范围内才可以对苜蓿起到保护作用^[13-14]。苜蓿在 PAHs 环境中生长,还需要依靠多酚氧化酶,其能催化 PAHs 生成较易降解的中间产物^[20]。另外,多酚氧化酶(PPO)也是重要酶类,有助于植保素、酚类物质合成,因此这些酶类如果活性较强,能显著增强苜蓿在有机污染环境中的生长^[21-22]。

目前,为了提高植物修复土壤 PAHs 污染的效果,开展微生物-植物联合修复土壤有机污染的生物修复的研究已经逐渐增多,苜蓿是一种廉价、生长快、对外界环境要求低的植物,且其在土壤重金属污染修复中得到了一定应用,本研究将苜蓿引入芘的生物修复中,探讨苜蓿对土壤中芘的吸收积累作用及其与污染物性质、土壤污染强度等的关系,虽然取得了一定的研究成果,但距离实际应用还有较大的距离,特别是植物-菌株联合去除土壤中芘的机制,还需要进一步研究。由于植物对有机物的吸收积累作用及其与污染物性质、植物组成、土壤污染强度等的关系尚不清楚,无法明确植物吸收积累、微生物降

解土壤有机污染物的相对贡献率,因此植物修复土壤有机污染的深入机制亟待深入研究。

参 考 文 献

- [1] 金赞芳,陈英旭. 环境中 PAHs 污染及其生物修复技术研究进展[J]. 农业环境保护, 2001, 20(1): 123-125.
- [2] 韦尚正,席北斗,张化永,等. 地下水中多环芳烃迁移转化研究[J]. 环境污染与防治, 2009(10): 15-17.
- [3] 周东美,郝秀珍,薛艳. 污染土壤的修复技术研究进展[J]. 生态环境, 2004, 13(2): 234-242.
- [4] SAMANTA S K, SINGH O V, JAIN R K. Polycyclic aromatic hydrocarbons: environmental pollution and bioremediation[J]. Trends in Biotechnology, 2002, 20(5): 243-248.
- [5] WONG J W C, FANG M, ZHAO Z, et al. Effect of surfactants on solubilization and degradation of phenanthrene under thermophilic conditions[J]. Journal of Environmental Quality, 2004, 33: 2015-2025.
- [6] SORKHOH N A, IBRAHIM A S, GHANNOUM M A, et al. High temperature hydrocarbon degradation by *Bacillus stearothermophilus* from oil-polluted Kuwait desert[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 1993, 39: 123-126.
- [7] 周乐. 多环芳烃降解菌的筛选、降解条件及其与玉米联合修复菲、芘污染土壤的研究[D]. 南京: 南京农业大学图书馆, 2006.
- [8] 卢晓丹. 多环芳烃污染对植物酶活性的影响研究[D]. 南京: 南京农业大学图书馆, 2009.
- [9] 凌婉婷,高彦征,李秋玲,等. 植物对水中菲和芘的吸收[J]. 生态学报, 2006, 26(10): 54-59.
- [10] 陆泗进,王红旗,姚治华. 砂土中柴油的微生物降解研究[J]. 环境科学研究, 2007, 20(2): 36-41.
- [11] 陆泗进,王红旗. 汽油降解菌的分离及降解研究[J]. 环境科学研究, 2006, 19(4): 95-99.
- [12] 陆泗进,何立环,孙聪. 土壤芘降解菌的分离及特性研究[J]. 环境科学与管理, 2013, 38(6): 78-81.
- [13] 卢晓丹,高彦征,凌婉婷,等. 多环芳烃对黑麦草体内过氧化物酶和多酚氧化酶的影响[J]. 农业环境科学学报, 2008, 9(2): 498-502.
- [14] 凌婉婷,朱利中,高彦征,等. 植物根对土壤中 PAHs 的吸收及预测[J]. 生态学报, 2005, 25(9): 21-26.
- [15] SCHWAB A P, SU J, EETZEL S, et al. Extraction of petroleum hydrocarbons from soils by mechanical shaking[J]. Environmental Science and Technology, 1999, 33: 1940-1945.
- [16] GAO Y Z, ZHU L Z. Plant uptake, accumulation and translocation of phenanthrene and pyrene in soils[J]. Chemosphere, 2004, 55: 1169-1178.
- [17] HUANG X D, EL-ALAWI Y, PENROSE D M. A multi-process system for phyto-remediation removal of polycyclic aromatic hydrocarbons from contaminated soils[J]. Environmental Pollution, 2004, 130: 465-476.
- [18] HABE H, OMORI T. Genetics of polycyclic aromatic hydrocarbon metabolism in diverse aerobic bacteria[J]. Biotechnology

and Biochemistry, 2003, 67: 225-243.

[19] SAMANTHA S K, CHAKRABORTI A K, JAIN R K. Degradation of phenanthrene by different bacteria; evidence for novel transformation sequences involving the formation of 1-naphthol[J]. Applied Microbiology Biotechnology, 1999, 53: 98-107.

[20] PENG R H, XIONG A S, XUE Y, et al. Microbial biodegradation of polyaromatic hydrocarbons[J]. FEMS Microbiology Re-

views, 2008, 32: 927-955.

[21] ZHANG C M, MEI B W, STEVE R L, et al. Effects of biodegradation on the distribution of alkylcarbazoles in crude oils[J]. Chinese Journal of Geochemistry, 2002, 2: 140-146.

[22] RADWAN S S, AL-AWADHI H, SORKHOH N A. Rhizospheric hydrocarbon-utilizing microorganisms as potential contributors to phytoremediation for the oily Kuwait desert[J]. Microbiological Research, 1998, 153: 247-251.

Promotion of pyrene removal from soils by plant-microbial association

LU Si-jin HE Li-huan

Department of Ecological Environment Monitoring, China National Environmental Monitoring Centre, Beijing 100012, China

Abstract Pyrene-degrading bacteria along with alfalfa were studied for their potential in removal of pyrene contamination from soil. 43.49% of pyrene was degraded by P6- alfalfa association at 20 d. In contrast, 23.46% and 15.21% of pyrene was only removed by strain P6 and alfalfa, respectively. It was indicated that the P6- alfalfa association was more effective in removal of pyrene. The pyrene was also both detected in the shoots and roots of alfalfa, and more pyrene was accumulated in the roots than those in the shoots. Through analysis of pathways of pyrene removal, this enhanced removal of pyrene by plant-microbial association might be the result of alfalfa promoted microbial degradation. The POD (peroxidase) in plant roots was higher than that in shoots, and the PPO (phenol oxidase) in roots was lower than that in shoots. The catalase and polyphenol oxidase activities in soil were both higher in planted soil than unplanted soil. And the bacterial populations in soil, especially in rhizosphere were also inspired by the growth of alfalfa. These could be explained by the rhizosphere effect. This enhanced dissipation of pyrene in planted soil might be due to increased biological activity in the rhizosphere. Therefore, bio-removal of pyrene in the contaminated soils was feasible using alfalfa.

Key words soil; plant-microbial association; phytoremediation; pyrene

(责任编辑: 张志钰)