

快速检索

检索 高级检索

首页

稿约信息

编者论坛

编委会

关于本刊

订购本刊

下载中心

研究报告

张晓琳,梁芳,李英,朱优峰.水杨酸对多氯联苯污染土壤的修复和微生物群落结构的影响[J].环境科学学报,2016,36(2):599-605

水杨酸对多氯联苯污染土壤的修复和微生物群落结构的影响

Impacts of salicylic acid on polychlorinated biphenyl removal and microbial community structure in historically PCB-contaminated soil

关键词: 土壤 多氯联苯 水杨酸 PCR-DGGE 联苯双加氧酶基因

基金项目: 国家自然科学基金委青年科学基金项目(No.20607019,21477106);浙江省教育厅项目(No.Y201226092)

作者 单位

张晓琳 浙江大学环境与资源学院, 污染环境修复与生态健康教育部重点实验室, 杭州 310058

梁芳 浙江大学环境与资源学院, 污染环境修复与生态健康教育部重点实验室, 杭州 310058

李英 浙江大学环境与资源学院, 污染环境修复与生态健康教育部重点实验室, 杭州 310058

朱优峰 浙江大学环境与资源学院, 污染环境修复与生态健康教育部重点实验室, 杭州 310058

摘要: 以浙江省台州市电子垃圾拆解地附近多氯联苯污染的农田土壤为研究对象,考察了施肥基础上添加不同剂量水杨酸(5、10、20 mmol·kg⁻¹)对土壤中多氯联苯的去除、脱氢酶活、微生物群落结构及联苯双加氧酶基因相对丰度的影响.结果表明,施肥和施肥基础上添加水杨酸均能显著提高多氯联苯的去除率($p < 0.05$),其中,三氯联苯的去除率最高(28.98%~34.53%).土壤脱氢酶活与多氯联苯去除率随水杨酸添加量的升高呈先增大后减小的趋势,均在10 mmol·kg⁻¹水杨酸处理中达到最大.PCR-DGGE结果显示,水杨酸处理土壤中新增伯克氏菌属(*Burkholderia*)、潘多拉菌属(*Pandoraea*)、噬油脂极小单胞菌属(*Pusillimonas*)、鞘脂菌属(*Sphingobium*)、甲基杆菌属(*Methylobacterium*)和青枯菌属(*Ralstonia*).Shannon指数表明,10 mmol·kg⁻¹水杨酸处理下土壤微生物最为丰富($p < 0.05$).荧光定量PCR显示,*bphA*基因在不同处理间没有显著差异,但施肥和施肥基础上添加10、20 mmol·kg⁻¹的水杨酸处理都显著提高了*bphD*.1.B、*bphD*.1.C、*bphD*.2.A和*bphD*.2.A/B基因的相对丰度.

Abstract: This study evaluated the effects of nutrition and salicylic acid amendments on PCB removal, soil dehydrogenase activity, bacterial community structure and the relative abundance of *bphA* genes in long-term polychlorinated biphenyl-contaminated agricultural soil from an e-waste recycling center in Taizhou, Zhejiang Province. Nutrition and salicylic acid additions significantly increased PCB removal compared to the controls ($p < 0.05$) and tri-chlorinated biphenyls had the highest removal rates compared to higher chlorinated biphenyls. Similar trend was observed with PCB removal rate and soil dehydrogenase activity, and the highest PCB removal and soil dehydrogenase activity were observed in 10 mmol·kg⁻¹ salicylic acid treatments. PCR-DGGE profiles showed that *Burkholderia* sp., *Pandoraea* sp., *Pusillimonas* sp., *Sphingobium* sp., *Methylobacterium* sp. and *Ralstonia* sp. were only detected in salicylic acid treated soils. Shannon index showed that the microbial diversity was the highest in 10 mmol·kg⁻¹ salicylic acid treatments ($p < 0.05$). Real-time PCR revealed that no significant difference was observed in the relative abundance of *bphA* gene, while *bphD*.1.B, *bphD*.1.C, *bphD*.2.A and *bphD*.2.A/B genes were significantly induced in nutrition and 10, 20 mmol·kg⁻¹ salicylic acid treatments.

Key words: soil polychlorinated biphenyls salicylic acid PCR-DGGE *bphA* genes

摘要点击次数: 633 全文下载次数: 1051

关闭

下载PDF阅读器

您是第27172766位访问者

主办单位: 中国科学院生态环境研究中心

单位地址: 北京市海淀区双清路18号 邮编: 100085

服务热线: 010-62941073 传真: 010-62941073 Email: hjkxxb@rcees.ac.cn

本系统由北京勤云科技发展有限公司设计