

污染土壤中多环芳烃的微生物降解及其机理研究进展

陶雪琴, 党 志, 卢桂宁, 易筱筠

华南理工大学 理学院应用化学系, 广东 广州 510640

摘 要:多环芳烃(PAHs)是一类普遍存在于环境中的难降解危险性“三致”有机污染物。微生物对多环芳烃的降解是去除土壤中多环芳烃的主要途径。研究表明,对于土壤中低分子量多环芳烃类化合物,微生物一般以唯一碳源方式代谢;而大多数细菌和真菌对四环或四环以上的多环芳烃的降解作用一般以共代谢方式开始。本文重点论述了高分子量多环芳烃:芘和苯并(a)芘的微生物降解及其机理。并介绍了多环芳烃污染的微生物-植物联合修复机制,最后展望了污染土壤中多环芳烃的研究趋势。

关 键 词:多环芳烃;微生物;降解机理;污染土壤

中图分类号:X172 **文献标识码:**A **文章编号:**1007-2802(2003)04-0356-05

多环芳烃(PAHs)是指两个或两个以上的苯环以链状、角状或串状排列组成的化合物,是有机质不完全燃烧或高温裂解的副产品^[1]。人类活动特别是化石燃料的燃烧是环境中多环芳烃的主要来源。石油开采、石化产品的生产过程和运输中的泄漏使多环芳烃进入土壤;吸附于大气颗粒物上的多环芳烃也可通过降水及沉降作用进入土壤系统,使土壤成为环境中多环芳烃的重要载体之一^[2]。

环境中的多环芳烃虽微量但分布广泛,其中一些多环芳烃不仅具有强烈的毒性——致癌、致畸和致突变性,还有促进致癌作用。多环芳烃进入土壤后,由于其低水溶性和高亲脂性,比较容易分配到生物体内,并通过食物链进入生态系统,从而对人类健康和整个生态系统的安全构成很大的危害^[3,4]。所以这类多环芳烃的环境污染问题备受人们的关注。

上个世纪80年代美国环保局(USEPA)就将16种未带分支的多环芳烃列入了环境优先污染物的黑名单。

1 降解土壤中多环芳烃的微生物

进入土壤中的多环芳烃可能的归宿有:挥发、光氧化、化学氧化、生物积累、土壤吸附和微生物降解等,大量的研究证明微生物降解是去除土壤中多环芳烃的最主要途径^[5]。由于多环芳烃在土壤中存留的时间比较长,许多微生物经过自然驯化,就能以

其作为碳源和能源得以生长和繁殖。目前,各国在被煤焦油、杂酚油、木馏油和石油等污染的地方,通过人工富集培养等技术,已经分离出许多降解多环芳烃的纯菌或混合菌。

萘是最简单的多环芳烃,对它的研究也最早;已经分离得到很多对萘有降解性的微生物^[6]。在多环芳烃的微生物降解中,对菲的研究也很多;这是因为K区和湾区结构是多环芳烃具有致癌性的特征性结构,而菲是具有K区和湾区的最小结构单元,对研究多环芳烃降解氧化酶的立体选择性非常重要。H. Kiyohara等^[7]报道分离得到菲的降解菌,后来陆续报道了很多微生物(如气单孢菌、产碱菌、节杆菌属、红球菌、拜叶林克氏菌、芽孢杆菌、分枝杆菌、假单孢菌、诺卡氏菌、微球菌、黄杆菌、链霉菌、弧菌、雅致小克银汉霉、黑曲霉与糙皮侧耳等)对菲有降解性^[6,8~11]。

虽然芘本身不具遗传毒性,但是它的醌类代谢物比母体毒性更大且有致突变性,所以芘常被作为监测多环芳烃污染的指示物和其它多环芳烃光化学降解、生物降解的模型分子^[12]。能够降解芘的微生物也不少,如分枝杆菌、红球菌、黄杆菌、假单孢菌、糙皮侧耳、白瓶霉菌、雅致小克银汉霉、黑曲霉、*Gardona sp.*, *Burkholderia cepacia*, *S. Yanoikuyae* 与 *Cycloclasticus sp.* 等^[4,13~16]。

另外,苯并(a)芘(BaP)的低水溶性、高共振能和强毒性决定了它难以被微生物利用^[17],所以苯并(a)芘只能通过和易降解的化合物的共氧化和共代谢机制来降解。目前所知的对苯并(a)芘有降解性微生物没有降解萘和菲的微生物那么多,主要有细菌类的分枝杆菌、鞘氨醇单孢菌、假单孢菌、拜叶林克氏菌、*Burkholderia cepacia* 和白腐真菌类的黄孢原毛平革菌、云芝及糙皮侧耳等^[6,13,14,17,18]。

2 微生物降解多环芳烃的机理

多环芳烃的微生物降解难易度取决于化学结构的复杂性和降解酶的适应程度^[19]。不同的微生物对各类多环芳烃有不同的降解能力(降解速率、降解程度),所以降解多环芳烃的途径就有较大的差别。研究表明,微生物降解多环芳烃一般有两种方式^[20]:一种是以多环芳烃为唯一碳源和能源;另一种是将多环芳烃与其他有机质进行共代谢。对于土壤中低分子量的三环和三环以下的多环芳烃类化合物,微生物一般采用第一种代谢方式;而大多数细菌对四环或四环以上的多环芳烃的矿化作用一般以共代谢方式开始,真菌对三环以上的多环芳烃的代谢也多属共代谢。

2.1 以多环芳烃为唯一碳源和能源的代谢机理

在多环芳烃的诱导下,在微生物分泌的单加氧酶或双加氧酶的催化作用下,把氧加到苯环上,形成C-O键,再经过加氢、脱水等作用使C-C键断裂,苯环数减少。其中细菌产生双加氧酶,真菌产生单加氧酶。不同的途径有不一样的中间产物,邻苯二酚是常见的中间产物,具体的化合物依赖于羟基组的位置,有正、对或其他。邻苯二酚又有邻位和间位两种代谢途径^[17]。代谢过程会产生:顺、顺-己二烯二酸、酮己二酸、丁二酸或2-羟基己二烯酸半醛、2-酮-4-戊烯酸、丙酮酸与乙醛等,它们都能被微生物合成细胞蛋白,最后产物是二氧化碳和水。

2.2 多环芳烃的共代谢机理

2.2.1 共代谢理论 微生物在可用作碳源和能源的基质上生长时,会伴随着一种非生长基质的不完全转化。这种现象最早由 E. R. Leadbetter 和 J. W. Foster 报道^[21],并命名为共氧化(cooxidation),它描述了微生物能氧化底物却不能利用氧化过程中的能量维持生长的过程。H. L. Jensen^[22]扩展其内涵,提出共代谢(cometabolism)的概念。在有其他碳源和能源存在的条件下,微生物酶活性增强,提高降解非生长基质的效率,也称为共代谢作用。现在一般把微生物的共代谢定义为:只有在初级能源物质存在

时才能进行的有机化合物的生物降解过程,并把提供碳源和能源的物质称为共代谢底物(cometabolism substrate)。微生物共代谢有机物的原因可能有以下几点^[19]:缺少进一步降解的酶系,中间产物的抑制作用,需要另外的基质诱导代谢酶或提供细胞反应中不充分供应的物质。

2.2.2 共代谢降解多环芳烃的机理 高分子量多环芳烃难于降解,在土壤环境中的残留期较长,盖源于土壤中很少有能直接降解四环及四环以上高分子量的多环芳烃的微生物,所以高分子量的多环芳烃的降解要依赖共代谢作用和类似物^[23]。

在共代谢降解过程中,微生物通过酶来降解某些能维持自身生长必需的物质,同时也降解了某些非生物生长必需的物质^[24]。多环芳烃苯环的断开主要是靠加氧酶的作用:加氧酶把氧加到C-C键上形成C-O键,经加氢、脱水等作用使C-C键断裂,苯环数减少。加氧酶的活性程度对多环芳烃的降解有很大影响,可以用作有机污染的监测指示。

由于多环芳烃代谢酶的可诱导性,故可选择投加基质类似物的方法来提高酶的活性,增强降解作用。诱导物(基质类似物)的选择还需要考虑各方面的因素(如毒性要低,价廉,能提高微生物内加氧酶的含量和活性)^[21]。目前共代谢降解机制的研究并不深入,有些解释还只是假设,所以还有待进一步探讨。

2.3 典型多环芳烃的微生物降解机理研究

2.3.1 菲的细菌降解 在过去的三十年中,经过众多学者对一些小分子量多环芳烃(如萘、菲、蒽、荧蒽)的微生物降解机理的研究,菲的细菌降解途径已经比较清楚^[19]:第一步是双加氧酶催化产生顺-菲二氢二醇,脱氢形成对应的二醇,然后环氧化裂解,侧链去除形成少一个环的二醇,而后进一步转化为儿茶酚或龙胆酸,彻底降解。

2.3.2 芘的真菌降解 白腐真菌(White rot fungi)对各种异生物质有独特的降解能力和降解机制,所以近年来成为研究热点^[25]。白腐真菌属于担子菌纲,典型种为黄孢原毛平革菌(*Phanerochaete chrysosporium burdsall*)。它可以分泌一种胞外酶,参与类似于木质素的复杂芳香化合物的氧化过程,以降解代谢那些难降解的大分子多环芳烃。白腐真菌 *Phanerochaete chrysosporium*, *Crinepellis stipitaria* 和 *Nematoloma flowardii* 都能够降解芘^[12]。L. Bezalel 等^[13]研究了糙皮侧耳(*Pleurotus ostreatus*)降解芘的过程,发现芘的降解最初在4,5位(K区)上形成环氧化物,然后水化生成反-4,5-二氢二醇芘,且以R,R旋光异构体为主,这和糙皮

侧耳降解菲的过程非常相似^[26]。U. Sack 等^[15]从污染土壤中分离出黑曲霉(*Aspergillus niger*),研究了它对菲和芘的降解,发现了1-甲氧基菲和1-甲氧基芘两个新的代谢物。同时检测到次级代谢产物1,2-菲酚和1-芘酚;据此推测菲酚和芘酚可能分别是甲氧基菲和甲氧基芘的前体。

2.3.3 苯并(a)芘的降解 D. T. Gibson 等^[27]发现 Beijernickia B836 菌株降解苯并(a)芘的两个中间产物:顺-7,8-二氢二醇苯并(a)芘和顺-9,10-二氢二醇苯并(a)芘。J. Schneider 等^[14]从废弃的煤气生产地点的污染土壤中富集培养得到了一种可以降解大分子多环芳烃如芘、苯并(a)蒽和苯并(a)芘的分枝杆菌 RJ GHIF-135 菌株。用反相高效液相色谱和高分辨荧光质谱分析代谢产物,虽然没有发现顺-4,5-二氢二醇苯并(a)芘和顺-9,10-二氢二醇苯并(a)芘,但是从出现的4,5-屈二羧酸和顺-4(8-羟芘基-7)-2-氧代-3-丁烯酸可以推测前两种产物的存在。A. L. Juhasg 与 R. Naidu^[17]研究了细菌降解苯并(a)芘的路径图,指出由于苯并(a)芘的芳核较大,双加氧酶可以从不同位点进攻它,先是形成顺-二氢二醇型中间产物,然后是一系列的酶促反应。

研究发现,许多真菌氧化苯并(a)芘的机理和哺乳动物代谢苯并(a)芘的差不多,代谢中起作用的都是细胞色素 P-450 单加氧酶^[17]。已经证实,真菌代谢苯并(a)芘最初的产物是反-二氢二醇。C. E. Cerniglia 等^[28]以及 D. Datta 等^[29]分别发现 *Cunninghamella elegans* 和 *Aspergillus ochraceus* 降解苯并(a)芘的最初产物是反-7,8-二氢二醇苯并(a)芘和反-9,10-二氢二醇苯并(a)芘。C. E. Cerniglia 和 D. T. Gibson^[30,31]发现 *C. elegans* 在7,8位上氧化反-9,10-二氢二醇苯并(a)芘为反-9,10-二氢二醇-7,8-环氧苯并(a)芘,并推测下一步它会降解为四醇化合物。此外, *A. ochraceus*, *Penicillium janthinellum* 和 *Syncephalastrum racemonsum* 菌株靠单加氧酶作用氧化苯并(a)芘的产物还有3-羟基苯并(a)芘和9-羟基苯并(a)芘。A. L. Juhasg 与 R. Naidu^[17]研究了描述苯并(a)芘的真菌代谢途径。

2.4 多环芳烃污染土壤的微生物-植物联合修复机制

在植物存在的条件下,微生物降解多环芳烃的能力可以提高2%~4.7%。Relley 等^[32]研究多环

芳烃的降解时,发现植物使根区微生物密度增加,多环芳烃的降解率也有所提高。其原因有二:一是根际作用增加了微生物降解菌的数量,二是植物分泌有机物为微生物共代谢提供了共代谢的基质底物。C. Leyval 和 P. Binet^[33]研究了韭葱、玉米、黑麦草和三叶草接种菌根菌(*Glomus mosseae*)后对多环芳烃的降解,提出菌根菌不仅能增加寄主植物对营养和水的吸收,而且能增加多环芳烃的生物可利用性,提高吸收率与矿化率。研究表明,黑麦草根际对降解大分子量的多环芳烃有很大的潜力,这对土壤中老化处理过的多环芳烃尤为明显^[34]。

植物与微生物联合修复比单用微生物修复多环芳烃等有机污染物要好很多:植物根区的菌根真菌和植物形成共生作用,有特别的酶代谢,来降解不能被细菌单独转化的有机污染物;另外,植物根区分泌物能刺激细菌的转化作用;植物还为微生物提供生存场所及转移氧,促进根区的好氧转化作用^[20]。

3 展 望

土壤中难降解有机物的生物的去,特别是多环芳烃的生物降解是环境科学家们共同关心的问题。尽管微生物修复是清除土壤多环芳烃污染的最有效的手段,但是该技术要成功应用于污染土壤的修复,还是受到多种因素的限制。多环芳烃结构的特殊性及其低的水溶性限制了它们被土著微生物的降解。以下几个方面是值得深入研究的方向:

(1) 分离筛选新的降解菌,特别是能降解四环和四环以上多环芳烃的高效降解菌。

(2) 多环芳烃微生物的降解途径和机理。由于大分子多环芳烃的结构使微生物的酶催化多环芳烃的降解可发生在不同的位点,使多环芳烃的降解过程有多种途径。

(3) 多环芳烃降解过程中的共代谢机理。多环芳烃在环境中多以混合物形式存在,且高分子量多环芳烃一般是和其它有机质进行共代谢降解的。

(4) 微生物-植物联合修复的根际机理。多环芳烃污染土壤的植物修复正处于起步阶段,而微生物-植物联合修复将是一种很有发展前途的新型修复技术。

(5) 有关多环芳烃的降解过程的中间步骤尚不清楚,需深入研究其降解过程积累的中间产物的结构性质,因为某些产物可能有潜在的致癌活性。

参考文献(Reference):

- [1] 高学晟, 姜霞, 区自清. 多环芳烃在土壤中的行为[J]. 应用生态学报, 2002, 13(4): 501 - 504.
Gao Xuesheng, Jiang Xia, Ou Ziqing. Behaviors of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAH) in the soil[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2002, 13(14): 501 - 504. (in Chinese with English abstract)
- [2] Wilcke W. Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in soil - A review[J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2000, 163: 229 - 248.
- [3] Yuan S Y, Wei S H, Chang B V. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by a mixed culture[J]. Chemosphere, 2000, 41: 1463 - 1468.
- [4] Ravelet C, Grosset C, Montuelle B, Benoit-Guyod J L. Liquid chromatography study of pyrene degradation by two micromycetes in a freshwater sediment[J]. Chemosphere, 2001, 44: 1541 - 1546.
- [5] Cerniglia C E. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbon: A review[J]. Biodegradation, 1992, 3: 351 - 368.
- [6] Samanta S K, Singh O V, Jain R K. Polycyclic aromatic hydrocarbons: Environmental pollution and bioremediation[J]. Trends in Biotechnology, 2002, 20: 243 - 248.
- [7] Kiyohara H. Degradation of phenanthrene through *o*-phthalate by a *Aeromonas* sp. [J]. Agr. Biol. Chem., 1976, 40: 1075 - 1082.
- [8] Sack U, Heinze T M, Deck J, Cerniglia C E, Cazau M C, Fritsche W. Novel metabolites in phenanthrene and pyrene transformation by *Aspergillus niger* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1997, 63: 2906 - 2909.
- [9] Balashova N V, Kosheleva I A, Golovchenko N P, Boronin A M. Phenanthrene metabolism by *Pseudomonas* and *Burkholderia* strains[J]. Process Biochemistry, 1999, 35: 291 - 296.
- [10] Hwang S, Cutright T J. Biodegradation of aged pyrene and phenanthrene in a natural soil[J]. Chemosphere, 2002, 47: 891 - 899.
- [11] Tian L, Ma P, Zhong J J. Kinetics and key enzyme activities of phenanthrene degradation by *Pseudomonas mendocina* [J]. Process Biochemistry, 2002, 37: 1431 - 1437.
- [12] Ravelet C, Krivobok S, Sage L, Steiman R. Biodegradation of pyrene by sediment fungi[J]. Chemosphere, 2000, 40: 557 - 573.
- [13] Bezalel L, Hadar Y, Fu P P, Freeman J P, Cerniglia C E. Initial oxidation products in the metabolism of pyrene, anthracene, fluorene, and dibenzothiophene by the white rot fungus *Pleurotus ostreatus* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62: 2554 - 2559.
- [14] Schneider J, Grosser R, Jayasimhulu K, Xue W, Warshawsky D. Degradation of pyrene, benz[a]anthracene, and benzo[a]pyrene by *Mycobacterium* sp. strain RJ GIF135, isolated from a former coal gasification site[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62: 13 - 19.
- [15] Sack U, Heinze T M, Deck J, Cerniglia C E, Martens R, Zadrazil F, Fritsche W. Comparison of phenanthrene and pyrene degradation by different wood-decaying fungi[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1997, 63: 3919 - 3925.
- [16] Ross D D, Moody J, Cerniglia C E. Utilization of mixtures of polycyclic aromatic hydrocarbons by bacteria isolated from contaminated sediment[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2002, 41: 1 - 7.
- [17] Juhasz A L, Naidu R. Bioremediation of high molecular weight polycyclic aromatic hydrocarbons: A review of the microbial degradation of benzo[a]pyrene[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2000, 45: 57 - 88.
- [18] Eggen T. Application of fungal substrate from commercial mushroom production—*Pleurotus ostreatus* for bioremediation of creosote contaminated soil [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 1999, 44: 117 - 126.
- [19] 沈德中. 污染环境的生物修复[M]. 北京: 化学工业出版社, 2002. 118 - 124.
Shen Dezhong. Bioremediation of polluted environment[M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2002. 118 - 124. (in Chinese)
- [20] 刘世亮, 骆永明, 曹志洪, 丁克强, 蒋先军. 多环芳烃污染土壤的微生物与植物联合修复研究进展[J]. 土壤, 2002, 5: 257 - 265.
Liu Shiliang, Luo Yongming, Cao Zhihong, Ding Keqiang, Jiang Xianjun. Prospects on combined remediation with microorganisms and plants for polycyclic aromatic hydrocarbons in the contaminated soils[J]. Soil, 2002, 5: 257 - 265. (in Chinese with English abstract)
- [21] Leadbetter E R, Foster J W. Oxidation products formed from gaseous alkane by the bacterium *Pseudomonas methanica* [J]. Archives Biochemistry Biophysics, 1959, 82: 492 - 492.
- [22] Jensen H L. Carbon nutrition of some microorganisms decomposing halogen-substituted aliphatic acids[J]. Acta Agriculturae Scandinavica, 1963, 13: 404 - 412.
- [23] 巩宗强, 李培军, 王新, 张海荣, 张春桂, 李彬. 污染土壤中多环芳烃的共代谢降解过程[J]. 生态学杂志, 2000, 19(6): 40 - 45.
Gong Zongqiang, Li Peijun, Wang Xin, Zhang Hairong, Zhang Chungui, Li Bin. The process of cometabolic degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons in the contaminated soils[J]. Chinese J. Ecology, 2000, 19(6): 40 - 45. (in Chinese with English abstract)
- [24] Wilson S C, Jones K C. Bioremediation of soil contaminated with polynuclear aromatic hydrocarbons (PAHs): A review[J]. Environmental Pollutant, 1993, 81: 229 - 249.
- [25] 林刚, 文湘华, 钱易. 应用白腐真菌技术处理难降解有机物的研究进展[J]. 环境污染治理技术与设备, 2001, 2(4): 1 - 8.
Lin Gang, Wen Xianghua, Qian Yi. The study progress on using white rot fungus in treating refractory organics[J]. Techniques and Equipment for Environmental Pollution Control, 2001, 2(4): 1 - 8. (in Chinese with English abstract)
- [26] Bezalel L, Hadar Y, Fu P P, Freeman J P, Cerniglia C E. Metabolism of phenanthrene by the white rot fungus *Pleurotus ostreatus* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 61: 2631 - 2635.
- [27] Gibson D T, Mahadevan V, Jerina R M, Yagi H, Yeh H J C.

- Oxidation of the carcinogens benzo[a]pyrene and dibenz[a,h]anthracene to dihydrodiols by a bacterium[J]. *Science*, 1975, 189, 295 - 297.
- [28] Cerniglia C E, Mahaffey W, Gibson D T. Fungal oxidation of benzo[a]pyrene: formation of (-)-trans-7,8-dihydroxy-7,8-dihydrobenzo[a]pyrene by *Cunninghamella elegans* [J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 1980, 94:226 - 232.
- [29] Datta D, Samanta T B. Effect of inducers of metabolism of benzo[a]pyrene in vivo and in vitro: Analysis by high pressure liquid chromatography[J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 1988, 155:493 - 502.
- [30] Cerniglia C E, Gibson D T. Oxidation of benzo[a]pyrene by the filamentous fungus *Cunninghamella elegans*[J]. *Journal of Biological Chemistry*, 1979, 254:12174 - 12180.
- [31] Cerniglia C E, Gibson D T. Fungal oxidation of benzo[a]pyrene and (±)-trans-7,8-dihydroxy-7,8-dihydrobenzo[a]pyrene[J]. *Journal of Biological Chemistry*, 1980, 255: 5159 - 5163.
- [32] Reilley K A, Banks M K. Dissipation of PAHs in the rhizosphere [J]. *J. Environ. Qual.*, 1996, 25:212 - 219.
- [33] Leyval C, Binet P. Effect of poluaromatic hydrocarbons in soil on arbuscular mycorrhizal plants[J]. *J. Environ. Qual.*, 1998, 27: 402 - 407.
- [34] Binet P, Portal J M, Leyval C. Dissipation of 3-6-ring polycyclic aromatic hydrocarbons in the rhizosphere of ryegrass[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2000, 32:2011 - 2017.

Biodegradation Mechanism of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Soil : A Review

TAO Xue-qin , DANG Zhi , LU Gui-ning , YI Xiao-yun

Department of Applied Chemistry, College of Science, South China University of Technology, Guangdong, Guangzhou 510640, China

Abstract : Many polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) are known to be toxic , mutagenic and carcinogenic , and their contamination in soil is of great environmental concern. Microbial degradation of PAHs by its enzymatic capacity is the main process of the dissipation of PAHs in soils. Numerous genera of bacteria and fungi with the ability to utilize low molecular weight PAHs as sole carbon and energy sources have been reported. Limited numbers of bacteria and *white rot fungi* are found be able to cometabolize PAHs with four or more fused aromatic rings, provided that another carbon source is present. The focus of this review is on the high molecular weight PAHs: pyrene and benzo[a]pyrene (Bap) . This review provides microorganisms with the ability to degrade PAHs, including pathways for their degradation by these organisms. Combined remediation with microorganisms and plants is a new bioremedial technique used in PAHs contaminated soils. In addition , the prospects on the research for PAHs degradation are discussed.

Key words : polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) ; microorganism ; degradation mechanism ; contaminated soil