

PAEs 污染下 2 种基因型菜心根际土壤微生物特征及差异性

曾巧云¹, 莫测辉^{2*}, 蔡全英¹ (1. 华南农业大学资源环境学院, 农业部生态农业重点开放实验室, 广东 广州 510642; 2. 暨南大学环境工程系, 广东 广州 510632)

摘要: 设置邻苯二甲酸酯(PAEs)3 个污染水平(T_1, T_2, T_3)和对照处理(T_0), 盆栽 2 种基因型菜心(油青 60 天菜心和特青 60 天菜心), 研究 2 种菜心不同生长期根际土壤微生物生物量碳氮(C_{mic}, N_{mic})和总体代谢活性(AWCD)的动态变化特征及差异性, 初步揭示 2 种菜心吸收累积 PAEs 差异的根际微生态机理。结果表明, 2 种菜心根际土壤 C_{mic} 分别介于 84.45~213.30mg/kg 和 98.33~229.85mg/kg, N_{mic} 分别介于 9.00~25.86mg/kg 和 12.69~34.36mg/kg, 显著高于未种植物的处理。AWCD 值分别介于 0.744~1.075 和 0.847~1.318, 特青 60 天菜心显著高于未种植物的处理。2 种基因型菜心相比, 特青 60 天菜心根际土壤 C_{mic}, N_{mic} 以及 AWCD 值均大于油青 60 天菜心(T_3 处理开花期除外), 部分处理间差异显著。2 种基因型菜心茎叶和根系中 PAEs 含量与 C_{mic}, N_{mic} 和 AWCD 之间的相关性均未达到显著程度, 说明 2 种基因型菜心茎叶和根系中 PAEs 含量可能与其他因素有关。

关键词: 邻苯二甲酸酯(PAEs); 菜心(*Brassica parachinensis*); 土壤; 微生物生物量; 微生物功能多样性

中图分类号: X503:23 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-6923(2011)03-0466-08

The microbial characteristics and differences in rhizospheric soils contaminated with PAEs grown high/low PAEs accumulation genotypes of *Brassica parachinensis*. ZENG Qiao-Yun¹, MO Ce-Hui^{2*}, CAI Quan-Ying¹ (1. Key Laboratory of Ecological Agriculture of Ministry of Agriculture of the People's Republic of China, College of Resources and Environment, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2. Department of Environmental Engineering, Jinan University, Guangzhou 510632, China). *China Environmental Science*, 2011, 31(3): 466~473

Abstract: Two genotypic cultivars of *Brassica parachinensis*, Youqing-60 (high PAEs-accumulation) and Teqing-60 (low PAEs-accumulation), were cultivated in the soils spiked with three levels (20, 50 and 100mg/kg) of dibutyl phthalate and di(2-ethylhexyl) phthalate to investigate the microbial biomasses and metabolic activities in rhizospheric soils at four growth stages of *Brassica parachinensis*. The results showed that the microbial biomass C (C_{mic}) in rhizospheric soils of Youqing-60 and Teqing-60 ranged from 84.45 to 213.30mg/kg and 98.33 to 229.85mg/kg, and their microbial biomass N (N_{mic}) varied from 9.00 to 25.86mg/kg and 12.69 to 34.36mg/kg, respectively, which were significantly higher than those in soils without plant. Their average well color development (AWCD) values ranged from 0.744 to 1.075 and 0.847 to 1.318, respectively, which of Teqing-60 were significantly higher than those in soils without plant. Moreover, C_{mic}, N_{mic} and AWCD in soils grown cultivar Teqing-60 were higher than those of Youqing-60 (except for treatment of T_3 at flowering stage), and significant differences were observed between some treatments. PAEs concentrations in shoots and roots of two genotypes of *Brassica parachinensis* were not significantly negatively correlated with C_{mic}, N_{mic} and AWCD values, indicating that PAEs concentrations in shoots and roots of two genotypes of *Brassica parachinensis* may be related to other factors.

Key words: phthalic acid esters; *Brassica parachinensis*; soil; microbial biomass; microbial functional diversity

我国一些地区农业土壤中邻苯二甲酸酯(PAEs)浓度达到几个至十几个 mg/kg, 超过了美国有关土壤控制标准^[1-2], 对土壤微生态和植物生长产生不利影响^[3-5], 而且还可能累积在植物体内^[6-9], 危及农产品安全和人类健康。微生物降解是自然环境中 PAEs 完全矿化的主要途径^[10]。

根系分泌物能为根际微生物的生长提供碳源, 因

收稿日期: 2010-07-19

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30600372, 30471007); 广东省科技计划项目(2010A020507001-73, 2010B020311006); 中央高校基本科研业务费专项资金(21610410, 21609709); 广东省高校高层次人才项目

* 责任作者, 教授, tchmo@jnu.edu.cn

此植物对根际微生物的生长具有一定的促进作用^[11].但不同植物类型或同一植物不同基因型根系分泌物存在着差异,直接影响根际微生物数量、群落结构和代谢功能多样性^[12],以及根际环境中污染物的生物有效性^[13],从而导致污染物被植物吸收累积及被微生物降解的差异性.因此,研究污染条件下不同植物或同一植物不同基因型根际土壤的微生物特性,对明确污染物在土壤-植物系统中的环境行为具有重要意义.目前关于 PAEs 污染下植物对土壤中微生物影响的研究鲜见报道.因此,本研究应用已筛选出的 PAEs 高/低吸收累积基因型菜心(油青 60 天菜心和特青 60 天菜心)^[8-9],以环境中普遍检出的 2 种 PAEs 化合物(邻苯二甲酸正二丁酯(DBP)和邻苯二甲酸二(2-乙基己基)酯(DEHP))为研究对象,研究 PAEs 污染水平下 2 种基因型菜心不同生长期根际土壤微生物生物量和代谢功能多样性的动态变化及其差异性,初步揭示 2 种基因型菜心吸收累积 PAEs 差异的根际微生态机理.

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试植物为前期试验所筛选出的对 PAEs 高吸收累积基因型菜心(油青 60 天菜心,简称油青 60)和对 PAEs 低吸收累积基因型菜心(特青 60 天菜心,简称特青 60)^[8-9],种子购自广东省农业科学院.

供试化合物 DBP 和 DEHP,为分析纯,均购自广州化学试剂厂.

表 1 盆栽前土壤中 PAEs 化合物的初始含量(mg/kg)
Table 1 Initial concentrations of DBP and DEHP in soil (mg/kg)

化合物	T ₀	T ₁	T ₂	T ₃
DBP	5.982	19.472	38.352	56.759
DEHP	6.303	18.752	40.122	80.533

供试土壤为水稻土,采自华南农业大学农场,其 pH 5.86,有机质含量为 13.5g/kg,全氮、全磷和全钾含量分别为 1.00g/kg、1.38g/kg 和 32.16g/kg.土壤经自然风干过 5mm 筛后备用.设置 3 个

PAEs 人工污染水平(即 T₁,T₂,T₃,DBP 和 DEHP 的浓度同时分别为 20,50,100mg/kg)和对照处理(即 T₀,土壤中不添加 PAEs),污染土壤的配制参考文献[8-9].盆栽前土壤中 DBP 和 DEHP 的初始含量见表 1.

1.2 盆栽与采样

盆栽试验在华南农业大学资源环境学院网室中进行.试验设置未种植物处理和种植 2 种基因型菜心处理,用根垫法(60 目不锈钢丝网)区分根际、非根际土壤,其中根际土壤为 2kg,非根际土为 3kg.每个处理重复 6 次,随机区组排列.盆栽期间用蒸馏水浇灌(以不渗漏为准),人工防治虫害,不喷施农药.

分别于菜心的幼苗期(播种后第 15d)、叶片生长期(播种后第 25d)、菜苔形成期(播种后第 39d)和开花期(播种后第 52d)采集根际土壤样品.根际土壤采集的具体操作为采集不锈钢丝网以上,菜心根基周围 2cm 的土壤,去除根系及其它杂物,置于 0~4℃ 的冰箱备用.

1.3 测定项目与方法

土壤微生物生物量碳(C_{mic})和微生物生物量氮(N_{mic})的测定采用氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法^[14].土壤微生物功能多样性采用 Biolog ECO 板进行测定,按照文献[15]报道的方法:称取相当于 10g 烘干土壤的根际土壤,加入到装有 100mL 灭菌生理盐水(0.85%)的 250mL 三角瓶中,在旋涡振荡器上振荡 1min 后置于冰水浴中 1min.如此重复 3 次.静置 5min,吸取 5mL 上述土壤悬浮液置于装有 45mL 灭菌生理盐水(0.85%)的 150mL 三角瓶中,摇匀后吸取上述土壤浸提液加入到 Biolog ECO 板,每孔 100μL,分别于 0, 24, 48, 72, 96, 120 和 144h 在 Biolog 微孔板读数仪上测定其吸光值,测定波长为 590nm.土壤微生物代谢剖面的表达采用每孔的平均吸光度值(AWCD),计算式为 AWCD 值=[Σ(C-R)]/95,其中 C 是所测定的 95 孔中每孔反应的吸光值,R 是对照孔的吸光值.

土壤中 PAEs 的预处理采用索氏抽提方法,参考美国环保署(US EPA) 3540 方法,气相色谱-质谱联用(GC-MS)检测方法参考 US EPA 8270C 方法.具体步骤见文献[8-9].定量分析用 PAEs

(包括 DBP 和 DEHP 等 6 种化合物)、内标化合物(菲- d_{10} 、茈- d_{10})和代用品标准物质(苯胺- d_5)均为色谱纯标准物,购自美国 ULTRA Scientific, Inc., North Kingstown; RI.采用标样的 0, 2.5, 5.0, 7.5, 10.0 $\mu\text{g/mL}$ 为工作曲线,内标法定量.苯胺- d_5 的回收率为 82.69%~90.25%,DBP 和 DEHP 的检测限为 0.582 $\mu\text{g/L}$ 和 0.491 $\mu\text{g/L}$,空白试验中未检出试验化合物.

1.4 数据处理方法

实验数据采用 Duncan 进行多重比较,所用软件为 SAS 9.1.

2 结果与分析

2.1 2 种基因型菜心不同生长期根际微生物生物量碳的动态变化特征

未种植物处理、油青 60 处理和特青 60 处理

根际土壤 C_{mic} 分别介于 47.49~90.82 mg/kg 、84.45~213.30 mg/kg 和 98.33~229.85 mg/kg . 各 PAEs 污染水平下 2 种基因型菜心不同生长期根际土壤 C_{mic} 的动态变化特征见图 1.

各 PAEs 污染水平下, 2 种基因型菜心不同生长期根际土壤 C_{mic} 均显著高于未种植物处理, 其中油青 60 根际土壤 C_{mic} 是未种植物处理的 1.2~2.6 倍,特青 60 根际土壤 C_{mic} 是未种植物处理的 1.5~3.4 倍. 2 种基因型菜心相比,除 T_3 处理的开花期以外,特青 60 根际土壤 C_{mic} 均大于油青 60,前者是后者的 1.1~1.7 倍,绝大部分处理间差异显著.随着盆栽时间的增加,未种植物处理土壤 C_{mic} 值呈现增加的趋势,其中第 52d 显著高于第 15d 和第 25d; 2 种基因型菜心根际土壤 C_{mic} 整体上呈先增加后下降(特青 60 天菜心 T_1 处理除外)的趋势,且部分处理间差异显著.

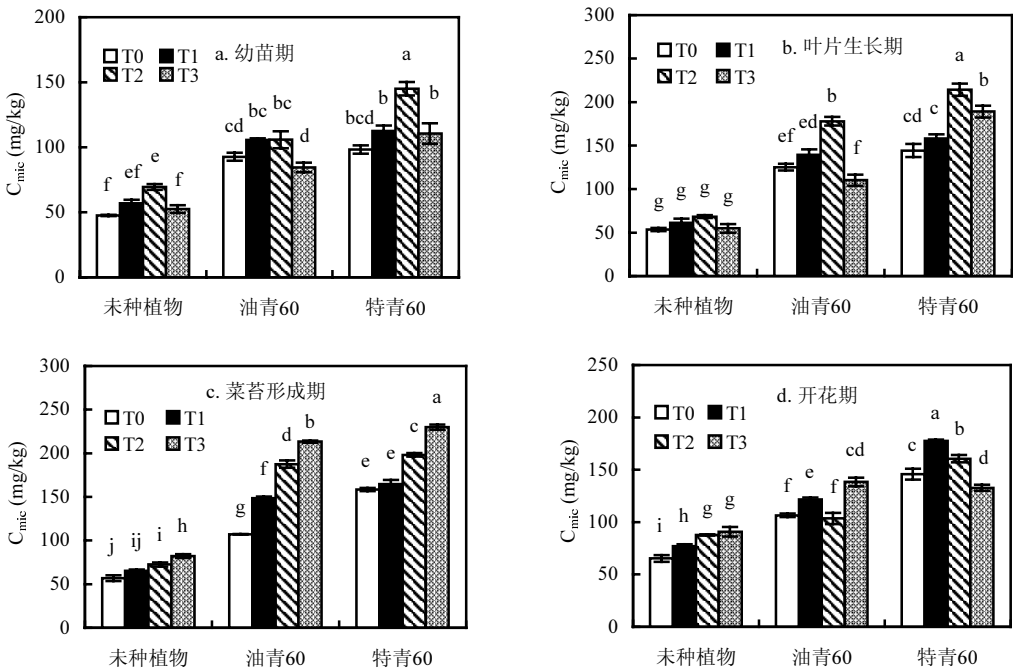


图 1 两种基因型菜心不同生长期根际土壤 C_{mic}

Fig.1 Microbial biomass C (C_{mic}) in rhizospheric soils at four growth stages of two genotypes of *Brassica parachinensis*

图中数据为平均值($n=3$) $\pm$ 标准误差;不同字母表示差异显著($P<0.05$)

对于未种植物处理, PAEs 对 C_{mic} 的影响与 试验所设置的 3 个 PAEs 添加浓度对土壤 C_{mic} 均土壤 PAEs 添加浓度和取样时间有关.第 15d 时, 具有一定的促进作用,50 mg/kg (T_2)处理比对照处

理(T₀)提高了 46%,差异显著;第 25d 时,试验所设置的 3 个 PAEs 添加浓度处理土壤 C_{mic} 值接近;第 39d 和 52d 时,土壤 C_{mic} 随着土壤中 PAEs 添加浓度的增加而升高, T₁,T₂,T₃ 比 T₀ 分别提高了 15%, 27%, 44% (第 39d)和 18%, 34%, 39% (第 52d),差异显著(第 39d 的 T₁ 除外).

对于油青 60,当土壤 PAEs 添加浓度不超过 50mg/kg (T₂)时,幼苗期和叶片生长期根际土壤 C_{mic} 随着 PAEs 添加浓度的增加而增加,T₂ 比 T₀ 分别提高了 14% (幼苗期)和 42% (叶片生长期),其中叶片生长期差异显著;当土壤 PAEs 添加浓度达到 100mg/kg (T₃)时,根际土壤 C_{mic} 则受到抑制,与 T₀ 相比,幼苗期和叶片生长期分别下降 9%和 12%,但差异不显著.随着盆栽时间的增加,菜苔形成期根际土壤 C_{mic} 则随着 PAEs 添加浓度的增加而显著增加, T₁, T₂, T₃ 比 T₀ 分别提高了 39%,75%和 99%.开花期根际土壤 C_{mic} 变化复杂, T₁ 和 T₃ 处理比 T₀ 分别提高了 14%和 30%,差异

显著,而 T₂ 则与 T₀ 接近.

对于特青 60,与油青 60 不同,本试验所设置的 3 个 PAEs 添加浓度在菜心生长幼苗期和叶片生长期并未对根际土壤 C_{mic} 产生抑制作用,其中 T₂ 比 T₀ 分别提高了 47% (幼苗期)和 49% (叶片生长期),差异显著.菜苔形成期根际土壤 C_{mic} 变化与油青 60 相似,随着 PAEs 添加浓度的增加而增加, T₂, T₃ 比 T₀ 分别提高了 25%和 39%.开花期根际土壤 C_{mic} 与前 3 个生长期和油青 60 不同,呈现 T₃<T₀<T₂<T₁,差异显著,这可能与特青 60 根际土壤中微生物生长周期特性有关.

2.2 2 种基因型菜心不同生长期根际微生物生物量氮的动态变化特征

未种植物处理、油青 60 处理和特青 60 处理根际土壤微生物生物量氮(N_{mic})分别介于 3.67~7.39mg/kg、9.00~25.86mg/kg 和 12.69~34.36mg/kg.各 PAEs 污染水平下 2 种基因型菜心不同生长期根际土壤 N_{mic} 的动态变化特征见图 2.

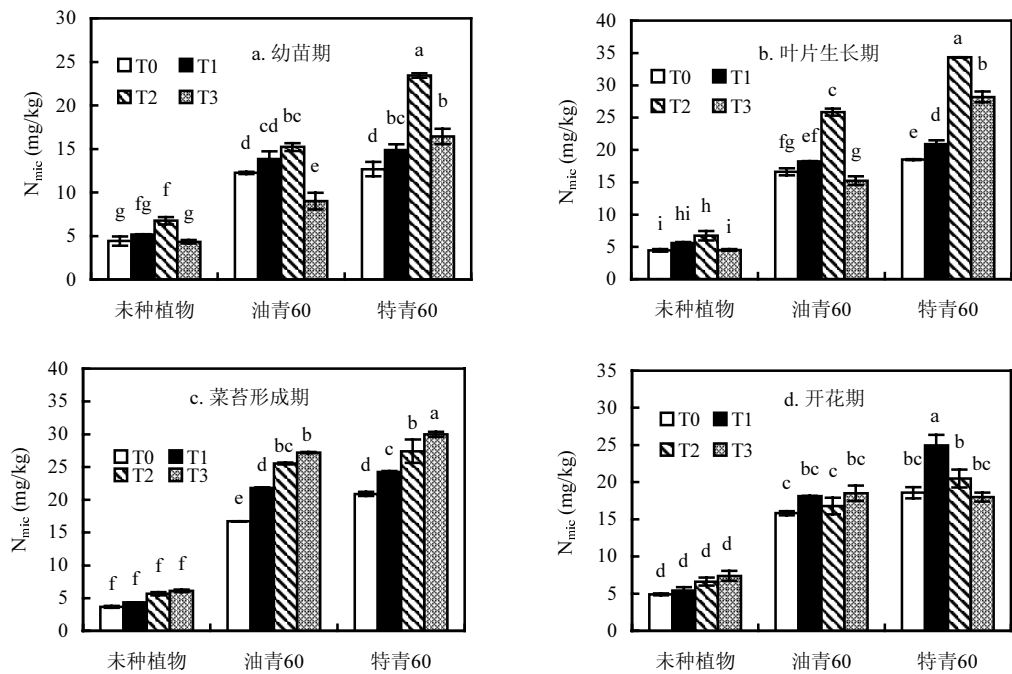


图 2 两种基因型菜心不同生长期根际土壤 N_{mic}

Fig.2 Microbial biomass N (N_{mic}) in rhizospheric soils at four growth stages of two genotypes of *Brassica parachinensis*

图中数据为平均值(n=3)±标准误差;不同字母表示差异显著(P<0.05)

与土壤中 C_{mic} 相似,各 PAEs 污染水平下 2 种基因型菜心根际土壤 N_{mic} 在各生长期均显著

高于未种植物处理,其中油青 60 根际土壤 N_{mic} 是未种植物处理的 2.1~5.0 倍,特青 60 根际土壤 N_{mic} 是未种植物处理的 2.4~6.2 倍. 2 种基因型菜心相比,特青 60 根际土壤 N_{mic} 均大于油青 60 (T_3 处理的开花期除外),前者是后者的 1.1~1.9 倍,部分处理间差异显著.随着盆栽时间的增加,未种植物处理土壤 N_{mic} 值变化较复杂, T_0 , T_1 和 T_2 呈现先上升后下降然后又上升的趋势, T_3 则随着盆栽时间的增加而增加;2 种基因型菜心根际土壤 N_{mic} 整体上呈先上升后下降(特青 60 T_1 处理除外)的趋势,且部分处理间差异显著.

对于不种植物处理,与 C_{mic} 相似, PAEs 对 N_{mic} 的影响与土壤 PAEs 添加浓度和取样时间有关.当土壤中 PAEs 添加浓度不超过 50mg/kg (T_2) 时, N_{mic} 在第 15d 和 25d 受到一定程度的促进作用,其中第 15d T_2 显著高于 T_0 ,提高了 53%.而当土壤中 PAEs 添加浓度达到 100mg/kg 时, N_{mic} 在第 15d 和 25d 受到一定程度的抑制作用,但差异不显著.随着盆栽时间的增加, PAEs 高污染水平对土壤中 N_{mic} 的抑制作用消失, N_{mic} 在第 39d 和 52d 则随着土壤 PAEs 添加浓度的增加而增加,但差异也不显著.

2 种基因型菜心不同生长期根际土壤中 N_{mic} 的变化特征与 C_{mic} 相似.对于幼苗期和叶片生长期,当土壤 PAEs 添加浓度不超过 50mg/kg 时,油青 60 根际土壤 N_{mic} 随 PAEs 添加浓度的增加而增加, T_2 显著高于 T_0 ,分别提高了 24% (幼苗期)和 56% (叶片生长期);而特青 60 根际土壤 N_{mic} 随 PAEs 浓度的增加而显著增加,幼苗期 T_1 和 T_2 比 T_0 分别提高了 17%和 85%,叶片生长期分别提高了 13% (T_1) 和 86% (T_2).当土壤 PAEs 添加浓度达到 100mg/kg 时,油青 60 根际土壤 N_{mic} 受到一定程度的抵制作用,其中幼苗期比 T_0 下降了 27%,差异显著;而特青 60 幼苗期和叶片生长期根际土壤 N_{mic} 分别比 T_0 提高了 30%和 50%,差异显著.随着盆栽时间的增加,高浓度 PAEs (100mg/kg)对油青 60 根际土壤 N_{mic} 的抑制作用消失,菜苔形成期 2 种基因型菜心根际土壤 N_{mic} 均随 PAEs 浓度的增加而增加,大部分处理间差异显著.开花期各 PAEs 污染 2 种基因型菜心根际土壤 N_{mic} 变化不大,除特青 60 T_1 显著

高于 T_0 外,其他处理间差异均不显著.

2.3 2 种基因型菜心不同生长期根际土壤微生物功能多样性的动态变化特征

平均颜色变化率(AWCD)作为微生物总体活性的一个重要指标,其值的大小代表了不同处理土壤微生物对底物碳源利用能力上的差异.本实验采用 Biolog 微平板培养 96h 的数据来进行微生物总体代谢活性分析.未种植物处理、油青 60 处理和特青 60 处理根际土壤 AWCD 分别介于 0.571~0.891、0.744~1.075 和 0.847~1.318.各 PAEs 污染水平下 2 种基因型菜心不同生长期根际土壤 AWCD 的动态变化特征见图 3.

与土壤 C_{mic} 和 N_{mic} 相似,各 PAEs 污染水平下,不同生长期 2 种基因型菜心根际土壤微生物总体代谢活性均大于未种植物处理,其中油青 60 根际土壤 AWCD 是未种植物处理的 1.1~1.4 倍,差异不显著;特青 60 根际土壤 AWCD 是未种植物处理的 1.3~1.6 倍,差异显著. 2 种基因型菜心相比,特青 60 根际土壤微生物总体代谢活性高于油青 60,前者 AWCD 值是后者的 1.1~1.4 倍,其中菜苔形成期差异显著.

对于未种植物处理,当 PAEs 添加浓度为 20mg/kg 时,土壤 AWCD 值与 T_0 接近;当 PAEs 添加浓度达到 50mg/kg 时,第 15d 和 25d AWCD 值下降,其中 T_2 (50mg/kg)比 T_0 分别下降 19%(第 15d)和 11%(第 25d),但差异不显著; T_3 (100mg/kg)比 T_0 分别下降 34%(第 15d)和 29%(第 25d),差异显著.随着培养时间的增加, PAEs 对土壤微生物总体代谢活性的影响减小,第 39d 和 52d 各污染水平间 AWCD 值接近,无显著差异.这与前人研究结果相符^[3,17],可能与土壤中 PAEs 对微生物的毒性随着时间的增加而减弱有关.

PAEs 污染对 2 种基因型菜心根际土壤微生物总体代谢活性的影响与 C_{mic} 和 N_{mic} 不同.与 T_0 相比, PAEs 低污染浓度(20mg/kg, T_1)在幼苗期对 2 种基因型菜心根际土壤 AWCD 均具有一定的促进作用,但差异不显著;而当 PAEs 添加浓度达到 50mg/kg 时,幼苗期和叶片生长期对 2 种基因型菜心根际土壤 AWCD 均具有一定的抑制作用,其中特青 60 幼苗期 T_3 比 T_0 下降了 24%,差异显

著.随着盆栽时间的增加,叶片生长期 PAEs 高污染浓度($\geq 50\text{mg/kg}$, T_1)对特青 60 根际土壤 AWCD 的影响逐渐减弱,各污染水平下的 AWCD 值接近;而对油青 60 根际土壤 AWCD 仍具有一定的抑

制, T_2 和 T_3 比 T_0 分别下降了 10%和 17%,但差异不显著.开花期 PAEs 对根际土壤微生物总体代谢活性的抑制和促进作用减弱,各 PAEs 污染水平下的 AWCD 值接近.

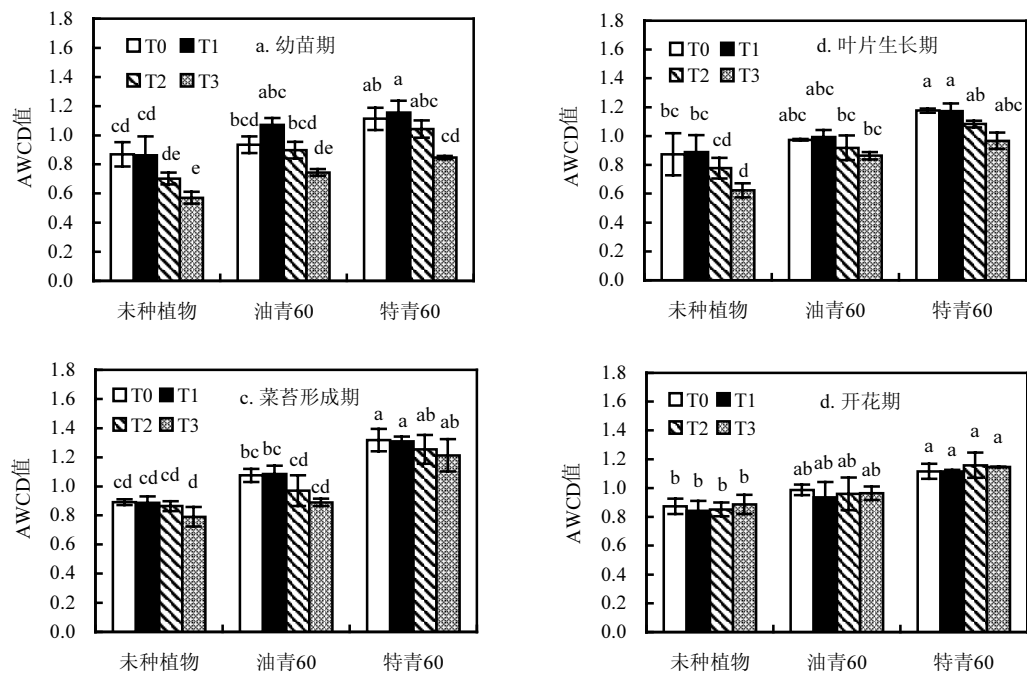


图 3 两种基因型菜心不同生长期根际土壤微生物 AWCD 值

Fig.3 AWCD in rhizospheric soils at four growth stages of two genotypes of *Brassica parachinensis*

图中数据为平均值($n=3$)±标准误差;不同字母表示差异显著($P<0.05$)

3 讨论

有关 PAE 污染对土壤微生物影响的研究表明,当土壤 DBP 浓度小于 10mg/kg , DEHP 浓度小于 20mg/kg 时,对土壤 C_{mic} 没有明显影响;而当浓度达到 50mg/kg 时,对土壤 C_{mic} 表现出抑制效应,且抑制作用随处理浓度的增加而加强^[3].当 DEHP 浓度达 100mg/kg 时,显著降低了土壤微生物代谢活性^[16].本文中,PAEs 对 C_{mic} 和当土壤 PAEs 添加浓度不超过 50mg/kg 时,对土壤 C_{mic} 和 N_{mic} 具有一定的刺激作用.当土壤 PAEs 添加浓度达到 100mg/kg 时,对土壤 C_{mic} 和 N_{mic} 的刺激和抑制作用在幼苗期和叶片生长期并不明显,但在菜苔形成期和开花期表现为显著的刺激作用.这与文献^[3]的报道不同.究其原因可能有:其一,

试验条件不同.与文献^[3]的研究所用室内恒温箱相比,本试验是在通风的网室中进行,可能更有利于 PAEs 的非生物性损失和生物降解,从而导致 2 个试验中土壤 PAEs 的实际生物有效性可能不同;其二,取样时间不同.本研究的取样时间为添加污染物后的第 20, 30, 44, 57d,较文献^[3]的取样时间要迟.而一般来说,培育时间越长,污染物在土壤中的浓度和生物有效性越低,从而对土壤微生物的生态毒性作用越弱.如,百菌清处理前 3d 对土壤微生物活性产生显著的抑制作用,但 7d 后逐渐恢复^[17].恩诺沙星对土壤微生物功能多样性的抑制作用也只维持 9d^[18].农药对土壤微生物量的影响往往在 1 个月之内就恢复到原来的水平^[19].本实验中,当土壤 PAEs 添加浓度为 20mg/kg 时,土壤微生物代谢活性与 T_0 接近,而当土壤 PAEs 添

加浓度达到 50mg/kg 时,对土壤微生物代谢活性具有一定的抑制作用,抑制作用的强度随 PAEs 浓度的增加而增加,当土壤 PAEs 添加浓度达到 100mg/kg 时作用显著.这与文献[3]和[17]所报道的 100mg/kg 一致.

种植 2 种基因型菜心根际土壤 C_{mic} 、 N_{mic} 以及 AWCD 均高于未种植物处理,与 PAEs 污染下种植绿豆处理根际土壤中微生物代谢活性高于未种植绿豆处理结果一致^[16],这可能与植物生长过程中根系向生长介质分泌有机酸、糖类物质和氨基酸等物质,为土壤微生物的生长提供有利条件^[16,20].不同植物甚至是同一植物不同基因型间土壤微生物数量和群落结构也存在一定的差异.如,超积累生态型东南景天根际土壤的微生物生物量碳氮以及微生物对碳源的利用速率和强度等均显著高于非超积累型东南景天的根际土壤^[13].本实验中,特青 60 根际土壤 C_{mic} 、 N_{mic} 以及 AWCD 均高于油青 60 (T_3 处理的开花期除外),前者对 C_{mic} 、 N_{mic} 以及 AWCD 的促进作用均达到显著程度,而后者仅显著提高了根际土壤中 C_{mic} 和 N_{mic} ,对 AWCD 的促进作用不显著.一般来说,土壤中微生物生物量越大,代谢功能多样性越强,越有利于有机污染物的降解,从而降低植物对有机污染物的吸收和有机污染物在土壤中的残留.2 种基因型菜心茎叶和根系中 PAEs 含量与 C_{mic} 、 N_{mic} 和 AWCD 之间的相关性均未达到显著程度,说明 2 种基因型菜心茎叶和根系中 PAEs 含量可能与其他因素,如,2 种基因型菜心根系形态和生理特性^[21]、根系解剖结构^[22]及根际土壤中 PAEs 的生物有效性^[23]相关.根系分泌物不仅为根际微生物生长提供所需的能源,影响根际微生物的数量和种群结构^[24-25].根际分泌物还会直接影响根际土壤中有机污染物的生物有效性^[26],所以 2 种基因型菜心根系分泌物的差异,及其对根际微生物群落结构和功能的特异性影响还有待于深入研究.

4 结 论

4.1 两种基因型菜心根际土壤 C_{mic} 分别为 84.45~213.30mg/kg 和 98.33~229.85mg/kg, N_{mic}

分别为 9.00~25.86mg/kg 和 12.69~34.36mg/kg, AWCD 值分别为 0.744~1.075 和 0.847~1.318,均为特青 60 大于油青 60,甚至达到显著程度.

4.2 两种基因型菜心根际土壤 PAEs 残留量主要与 AWCD 有关,但茎叶和根系中 PAEs 含量与 C_{mic} 、 N_{mic} 和 AWCD 相关性不显著,说明这些因素不是导致 2 种基因型菜心茎叶和根系中 PAEs 含量显著差异的主要原因.

参考文献:

- [1] 蔡全英,莫测辉,李云辉,等.广州、深圳地区蔬菜生产基地土壤中邻苯二甲酸酯(PAEs)研究 [J]. 生态学报, 2005,25(2):283-288.
- [2] 杨国义,张天彬,高淑涛,等.广东省典型区域农业土壤中邻苯二甲酸酯的分布特征 [J]. 应用生态学报, 2007,18(10):2308-2312.
- [3] 高 军,陈伯清.酞酸酯污染土壤微生物效应与过氧化氢酶活性的变化特征 [J]. 水土保持学报, 2008,22(6):166-169.
- [4] 蔡玉祺,汤国才,王珊龄,等.邻苯二甲酸酯对蔬菜幼苗的影响 [J]. 农业环境保护, 1994,13(4):163-166.
- [5] 吴志辉,杨宇峰,聂湘平.酞酸酯对龙须菜的生态毒理研究 [J]. 海洋科学, 2006,30(6):46-50.
- [6] Yin R, Lin X G, Wang S G, et al. Effect of DNB/DEHP in vegetable planted soil on the quality of capsicum fruit [J]. Chemosphere, 2003,50:801-805.
- [7] 蔡全英,莫测辉,曾巧云,等.邻苯二甲酸酯在不同品种通菜-土壤系统中的累积效应研究 [J]. 应用生态学报, 2004,15(8):1455-1458.
- [8] 曾巧云,莫测辉,蔡全英,等.邻苯二甲酸二丁酯在不同品种菜心-土壤系统的累积 [J]. 中国环境科学, 2006,26(3):333-336.
- [9] 曾巧云,莫测辉,蔡全英,等.不同基因型菜心-土壤系统中邻苯二甲酸二(2-乙基己基)酯的分布特研究 [J]. 农业环境科学学报, 2007,26(6):2239-2244.
- [10] Staples C A, Peterson D R, Parkerton T F, et al. The environmental fate of phthalate esters: A literature review [J]. Chemosphere, 1997,35:667-749.
- [11] Arab H, Vlich V, Sikora R A. The use of phospholipids fatty acids (PLFA) in the determination of rhizosphere specific microbial communities of two wheat cultivars [J]. Plant and Soil, 2001,228:291-297.
- [12] Kapoor R. Root exudation and its application on rhizosphere mycoflora [J]. Advances in microbial biotechnology, 1999,351-362.
- [13] 龙新宪,刘洪彦,戴 军,等.两种生态型东南景天根际与非根际土壤微生物特征的差异性 [J]. 土壤学报, 2009,46(3):547-552.
- [14] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C [J]. Soil Biol. Biochem.,

- 1987,19:703-707.
- [15] Chen J, Zhuang X, Xie H, et al. Associated impact of inorganic fertilizers and pesticides on microbial communities in soils [J]. *World J Microbiol and Biotechnol*, 2007,23:23-29.
- [16] 秦 华,林先贵,陈瑞蕊,等. DEHP 对土壤脱氢酶活性及微生物功能多样性的影响 [J]. *土壤学报*, 2005,42(5):829-834.
- [17] 郝乙杰,向月琴,方 华,等.百菌清在土壤中的降解及对土壤微生物多样性的影响 [J]. *农业环境科学学报*, 2007,26(5):1672-1676.
- [18] 王加龙,刘坚真,陈杖榴,等.恩诺沙星残留对土壤微生物功能的影响 [J]. *生态学报*, 2005,25(2):279-282.
- [19] Martinez M V, Salmeron V, Gonzalez Z J. Effect of simazine of the biological activity of *Azotobacter chroococcum* [J]. *Soil Science*, 1996,151:459-467.
- [20] 王 江,张崇邦,常 杰,等.五节芒对重金属污染土壤微生物生物量和呼吸的影响 [J]. *应用生态学报*, 2008,19(8):1835-1840.
- [21] 曾巧云,莫测辉,蔡全英,等.两种基因型菜心根系形态和生理特性差异对其吸收累积 DEHP 影响的初步研究 [J]. *环境科学学报*, 2010,30(6):1280-1285.
- [22] 曾巧云,莫测辉,蔡全英,等.2 种基因型菜心根系解剖结构差异及其对 DEHP 吸收累积的影响 [J]. *环境科学*, 2010,31(8):58-61.
- [23] 曾巧云,莫测辉,蔡全英,等.2 种基因型菜心根系分泌物对水稻土中 DEHP 解吸效应的初步研究 [J]. *农业环境科学学报*, 2010,29(8):1466-1469.
- [24] Bakken L R. Microbial growth and immobilization/mineralization of N in the Rhizosphere [J]. *Symbiosis*, 1990,9:37-411.
- [25] 申建波,张福锁,毛达如.根际微生态系统中的碳循环 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2001,7(2):232-240.

作者简介: 曾巧云(1974-),女,湖南益阳人,讲师,硕士,主要从事环境有机污染与控制技术研究工作.发表论文 30 余篇.

建设低碳城市,应对气候变化

第六年全球人居环境论坛即将召开

由全球人居环境论坛理事会(GFHS)主办、联合国环境规划署(UNEP)特别支持的第六全球人居环境论坛(GFHSVI)将于今年 4 月 7 日~8 日在纽约联合国总部隆重举行.论坛主题为:建设低碳城市,应对气候变化.

气候变化是全人类共同面临的严峻挑战.建设低碳城市是全球应对气候变化的重要举措.本次论坛将综合 2010 上海世博会、联合国环境规划署 SBCI 上海圆桌会议和墨西哥坎昆第 16 届联合国气候变化大会有关成果,旨在为交流分享世界各国建设低碳城市的先进理念和成功经验,促进联合国有关“测定城市温室气体的国际标准”和“可持续建筑指数”等重要标准体系的推广,激发世界各国、特别是发展中国家城市政府、企业和社会各界的积极参与,加强创新与全球合作,为低碳城市建设提供方向,改善人居环境,促进联合国人居议程和千年发展目标的实现,迎接一个可持续发展的新纪元.

全球人居环境论坛宗旨为“建设可持续的人居环境,推动联合国人居议程”,至今已经连续成功地举办了五届.前联合国副秘书长莫里斯·斯特朗、国家相关部委领导等一大批国内外政府高级官员、市长、知名专家和企业企业家莅会演讲,形成了一系列理论成果,同时推出了一批绿色示范城市、综合示范住区、绿色企业和创新技术,取得了显著的示范效应,已成为国内外人居环境领域高规格的对话平台和品牌盛会,被誉为“人居环境达沃斯”.现任论坛主席为前联合国安理会主席、联合国副秘书长安瓦尔·乔杜里先生.

摘自《中国环境报》

2011-01-25