

多氯联苯复合污染土壤的土著微生物修复强化措施研究^①

滕 应^{1,2}, 骆永明^{1,2*}, 李振高^{1,2}, 邹德勋^{1,2}

(1 中国科学院南京土壤研究所土壤与环境生物修复研究中心, 南京 210008;

2 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008)

摘 要: 通过室内模拟试验, 以不同 C 源、C/N 比、水分及通透性为调控因子, 对多氯联苯 (PCBs) 长期复合污染土壤的土著微生物强化修复进行了初步研究。结果表明, PCBs 长期复合污染土壤中, 在土壤水分含量为田间持水量的 60% 时, 加入淀粉、葡萄糖和琥珀酸钠均在一定程度上增加了细菌和真菌数量, 从而促进土壤中 PCBs 的土著微生物降解。不同种类的 C 源对 PCBs 污染土壤的土著微生物降解效果存在明显差异, 且其降解效果与 C 源的施用剂量密切相关。当淀粉加入量为 C 1.0 g/kg 土时, 土壤中 PCBs 的降解效果较好, 而葡萄糖和琥珀酸钠加入量为 C 0.2 g/kg 土时, PCBs 的降解效果明显。土壤 C/N 比为 10: 1 的处理效果优于 C/N 比为 25: 1 和 40: 1。土壤人为翻动有利于 PCBs 污染土壤中细菌和真菌的生长, 提高土著微生物的代谢活性, 从而促进土壤中 PCBs 的自然降解。这为进一步探讨加速土壤中 PCBs 降解的最适条件和研发 POPs 污染土壤的生物修复技术提供了科学依据。

关键词: 多氯联苯; 污染土壤; 土著微生物; 微生物修复; 强化措施

中图分类号: S154.36

生物强化 (Enhanced-Bioremediation) 是基于改变生物降解中微生物的活性和强度而设计的, 可分为土著微生物强化法和投菌法^[1]。其中土著微生物强化法是定期调节和控制污染土壤的营养、水分、通透性等环境条件, 以满足污染土壤中土著降解菌的生长需要, 提高土著微生物的代谢活性, 将污染物充分矿化成 CO₂ 和 H₂O 的过程。目前, 该方法在生物修复工程中实际应用较多, 其中最重要的原因之一是土著微生物对污染物的降解潜力巨大, 另一方面是因为接种的外源微生物在土壤中难以保持较高的活性以及工程菌的广泛应用受到严格限制。

前人研究表明, 土壤中存在大量降解氯代芳香族污染物的微生物类群^[2], 它们对氯代芳香族污染物 (如氯苯、氯苯酚、PCBs、2,4-D、PCDD/Fs 等) 的降解主要依靠两种途径: 即好氧脱氯和厌氧脱氯。通常情况下, 高氯代联苯是以厌氧还原脱氯为主^[3-4], 而低氯代多氯联苯的脱氯降解主要是在好氧条件下发生^[5]。最近, 我们的研究也发现了 PCBs 复

合污染土壤中存在部分优势革兰氏阴性降解菌, 如鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、伯克霍尔德菌属 (*Burkholderia*) 以及假单胞菌属 (*Pseudomonas*)^[6]。而且土壤中还大量尚未被发现的 PCBs 降解性微生物。如何发挥和挖掘高氯代和低氯代 PCBs 复合污染土壤中土著微生物的降解修复潜力, 已经成为持久性有机污染物 (POPs) 污染土壤修复的重要途径和研究思路。其中土壤环境条件是影响 POPs 污染土壤微生物修复的重要因素, 营造一个合适的土壤物理、化学环境, 以保持较多数量的降解菌及其较高的生物活性, 亦成为该类污染土壤微生物修复技术发展的主攻方向。但至今有关 PCBs 长期复合污染土壤的土著微生物强化修复研究仍不多见。为此, 本研究拟通过室内模拟试验, 以不同 C 源、C/N 比、水分及通透性为调控因子, 对 PCBs 长期复合污染土壤的土著微生物修复强化措施进行初步研究, 以探讨加速土壤中 PCBs 降解的最适条件, 为研发 POPs 污染土壤的生物修复技术提供科学

①基金项目: 国家自然科学基金重点项目 (40432005)、国家重点基础研究发展规划项目 (2002CB410809/10)、江苏省自然科学基金 (BK2005166) 和中国科学院知识创新项目 (CXTD-Z2005-4) 资助。

* 通讯作者 (ymluo@issas.ac.cn)

作者简介: 滕应 (1975—), 男, 贵州江口人, 博士, 副研究员, 主要从事土壤化学生物学方向研究。E-mail: yteng@issas.ac.cn

依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试土壤：采自长江三角洲地区某持久性有机污染物（POPs）高风险区表层土壤（0 ~ 15 cm），检出植物根系、石砾等残留物，自然阴干至土壤水分 20% 左右，过 2 mm 筛，以供培养试验用。供试土壤的基本理化性质如下：pH 为 5.4，有机 C 含量为 48.6 g/kg，碱解 N 为 228.3 mg/kg，速效 P 为 12.4 mg/kg，速效 K 为 82.5 mg/kg，其中 9 种 PCBs 总含量为 80.2 ng/g。

供试 C 源：淀粉、葡萄糖、琥珀酸钠，均为化

学纯，由上海生工公司提供。

1.2 试验方案设计

试验处理：① 对照（CK）；② 3 种 C 源（淀粉、葡萄糖及琥珀酸钠），每种 C 源 3 个 C 水平（0.2 g/kg；1.0 g/kg；5.0 g/kg），淀粉、葡萄糖、琥珀酸钠以固体颗粒态混入土壤；③ C/N 比为 40:1、25:1、10:1，根据土壤的实际 C/N 比值换算，计算出需要的尿素或葡萄糖量进行调节，尿素、葡萄糖均以固体颗粒态混入土壤；④ 扰动：进行扰动（每 3 天翻动 1 次）和非扰动处理；⑤ 淹水：进行正常含水量和淹水（1 cm 水层）处理。其中，① ~ ④ 处理的水分 60% 田间持水量的 60%。每处理重复 3 次，共 15 个处理（表 1）。

表 1 试验处理及编号

Table 1 Design of the experiment

代号	C 源	C 或 N 水平 (g/kg)	C/N 比值	水分	扰动
Tck	无	0	未调	60% WHC	无
T1	淀粉	0.2	未调	60% WHC	无
T2	淀粉	1.0	未调	60% WHC	无
T3	淀粉	5.0	未调	60% WHC	无
T4	葡萄糖	0.2	未调	60% WHC	无
T5	葡萄糖	1.0	未调	60% WHC	无
T6	葡萄糖	5.0	未调	60% WHC	无
T7	琥珀酸钠	0.2	未调	60% WHC	无
T8	琥珀酸钠	1.0	未调	60% WHC	无
T9	琥珀酸钠	5.0	未调	60% WHC	无
T10	尿素	0.6	10:1	60% WHC	无
T11	葡萄糖	7.8	25:1	60% WHC	无
T12	葡萄糖	18.6	40:1	60% WHC	无
T13	无	0	未调	淹水，1 cm 水层	无
T14	无	0	未调	60% WHC	有

试验过程中，分别于第 10 天、第 30 天、第 60 天和第 90 天采集土壤样品各 1 次。每盆用小型不锈钢土钻随机采取 8 ~ 10 点，组成 1 个混合土样。将所采集样品分成 2 份，1 份土样放于自封袋中，于 4℃ 保存，以供土壤微生物指标测定，另 1 份样品放于锡箔纸上风干，过 1 mm 筛，以分析土壤 PCBs 含量用。

1.3 土壤 PCBs 组分及含量分析

样品的提取和净化：称取 10.0 g 土壤，加入 40 ml 正己烷和丙酮混合液（1:1, v/v），浸泡过夜，20℃ 超声提取 1 h，离心，取出提取液，再分别用 20 ml 提取液提取 2 次，每次 30 min，合并提取液。旋转

蒸发至 5 ml，转入分液漏斗，加入 2 ml 优级纯浓硫酸充分摇晃，酸化后静置分层，弃去硫酸层。重复酸洗至硫酸层无色，然后加入 20 g/L 的硫酸钠水溶液重复水洗，保留有机相。

硅胶层析柱（长 250 mm，内径 10 mm）用正己烷湿法装填 3 g 硅胶，上加 1 g 烘干的无水硫酸钠和 0.5 g 用正己烷处理过的铜粉，用 20 ml 正己烷淋洗该柱，弃去淋洗液。然后加入处理过的提取液，用 40 ml 正己烷洗脱，将洗脱液旋转蒸发浓缩，用正己烷定溶至 1 ml，用色谱分析。

色谱条件：色谱柱：CP-sil 24CB（30 m × 0.25 mm × 0.25 mm），进样口 260℃，检测器 300℃，柱

温: 程序升温 120 °C (保留 0.5 min), 10 °C/min 升至 180 °C (保留 1.00 min), 15 °C/min 升至 250 °C (保留 26 min), 无分流进样 1 μ l, 载气为高纯氮, 流速为 1.0 ml/min, 线速度为 13.5 cm/s。

质量控制: 采用标样 6 次平行的平均保留时间对照各色谱峰保留时间进行供试土样中 PCBs 各同系物的定性分析。同时用外标法定量, 借助 Starwork Station 6.0 工作站进行数据采集和处理。9 种 PCBs 在土壤中 5 ng/g 时的平均回收率为 83.4%, 标准偏差为 6.84%, 在植物样品中的平均回收率为 67.9%, 标准偏差为 5.31%, 动物样品中的平均回收率为 88.5%, 标准偏差为 8.77%。检测限为 0.1 ng/g, 信噪比为 3。

1.4 土壤微生物区系及基本理化性质分析

土壤微生物区系分析, 采用土壤稀释平板法, 参见文献[7]。土壤基本理化性质按常规方法测定, 其具体参见文献[8]。

1.5 数据统计分析

所有实验数据用 Microsoft® Excel 2000、SPSS10.0 及国产数据处理 DPS 统计平台实现^[9]。

2 结果与分析

2.1 不同 C 源条件下土壤可提取态 PCBs 含量及微生物区系的动态变化

供试土壤中加入不同性质 C 源条件后, 土壤可提取态 PCBs 含量的动态变化如图 1 所示。从图 1 可以看出, 土壤中可提取态 PCBs 含量随时间的推移逐渐减少。不同 C 源及不同施用量处理之间土壤中可提取态 PCBs 含量存在一定程度的差异。统计分析表明, 在所培养时间内部分处理 PCBs 含量出现显著差异 ($p < 0.05$), 但大多数处理间差异不显著 ($p > 0.05$)。

从图 1 (A) 可知, 加入淀粉后, 在第 10 天时供试土壤中 PCBs 含量无显著性变化, 各个 C 水平之间土壤中 PCBs 含量未产生显著差异; 第 30 天时, 与 CK 相比, 加入淀粉 C 处理的土壤 PCBs 含量出现明显降低, 其中低 C 水平处理 (T1) 最为显著 ($p < 0.05$)。这可能与低剂量淀粉易于被土著微生物所利用, 激活了土著微生物活性, 从而促进了 PCBs 的降解有关; 第 60 天和第 90 天时, 加入淀粉土壤 PCBs 含量均显著低于 CK, 中水平处理 (T2) 明显低于低水平 (T1) 和高水平处理 (T3) ($p < 0.05$)。

从图 1 (B) 可以看出, 在加入葡萄糖处理中供

试土壤可提取态 PCBs 含量在整个时间段均明显低于 CK, 其中以低水平 (T4) 处理效果最为明显。在第 30 天、第 60 天和第 90 天低水平处理 (T4) 的土壤中 PCBs 含量显著低于中 (T5)、高 (T6) 水平处理 ($p < 0.05$)。

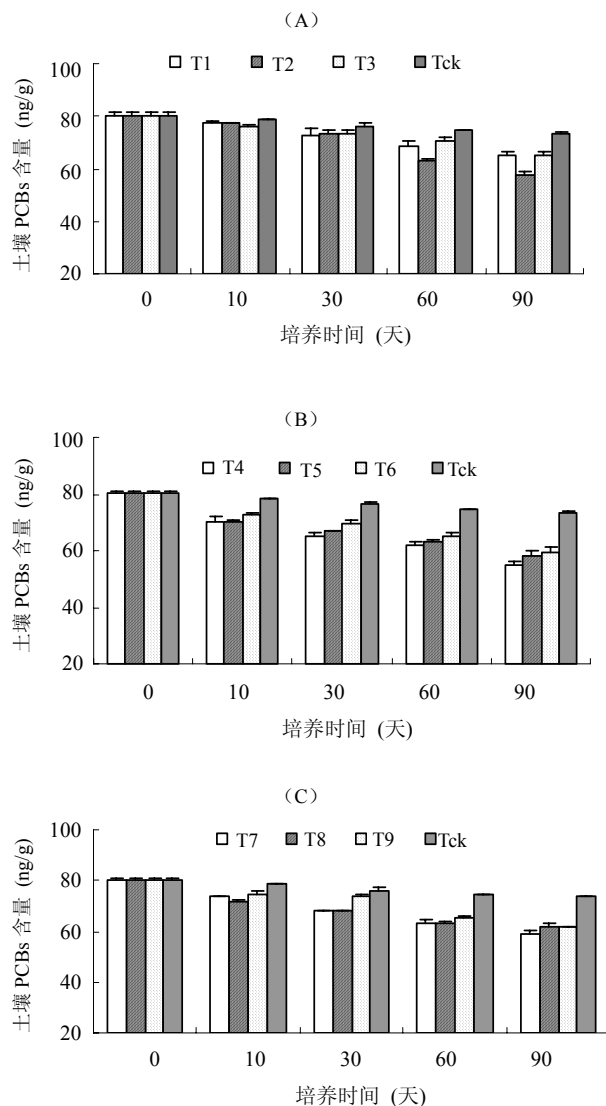


图 1 不同 C 源条件对土壤可提取态 PCBs 含量的影响
Fig. 1 Effects of different carbons on extractable PCBs concentration in soils

加入琥珀酸钠的处理中, 在各个时段, 3 个水平处理土壤 PCBs 含量在第 60 天和第 90 天明显低于对照 ($p < 0.05$), 其中低 C 水平处理 (T7) 效果最为明显 (图 1 (C))。而第 30 天时, 高水平处理 (T9) 和对照土壤中 PCBs 含量无显著性差异, 但显著高于低、中水平处理 ($p < 0.05$)。

试验结束 (第 90 天) 时, 加入 C 源的各个处

理土壤 PCBs 含量均低于 CK。中、高水平淀粉处理 (T2、T3) 和高水平葡萄糖处理 (T6) 土壤可提取态 PCBs 含量显著低于中水平琥珀酸钠处理 (T8) 和低水平葡萄糖及淀粉处理土壤 (T4 和 T1) ($p < 0.05$); 而中、低水平葡萄糖处理土壤 (T4 和 T5) PCBs 含量显著低于低、高水平淀粉处理 (T1 和 T3) ($p < 0.05$)。

加入不同 C 源后供试土壤的微生物区系动态变化如图 2 所示。从图 2 (A) 可以看出, 培养至第 10 天时, 添加共代谢底物琥珀酸钠处理 (T7、T8、T9), 供试土壤的细菌数量增加较为明显, 其中 T8 处理最大, 细菌数量达 6.48×10^8 cfu/g 干土; 培养至第 30 天, 各个处理的细菌数量均有所下降, 这与添加的外源 C 源的消耗以及微生物群落的生长特性有关。培养至第 60 天, 各个处理的细菌数量又出现一个高峰期, 尤其是高剂量的琥珀酸钠处理 (T9 和 T8) 细菌数量最多。从图 2 (B) 可以看出, 除处理 T9 外, 在 60 天之前, 随着培养时间的延长, 供试土壤真菌数量有所增加, 至 60 天时真菌数量达到最高, 其中葡萄糖处理和低剂量琥珀酸钠处理较为明显 (T6 处理达 13.6×10^5 cfu/g 干土)。从图 2 (C) 可以看出, 培养至第 10 天时, 随着淀粉施用量的增加, 供试土壤中放线菌数量呈现显著的增长趋势 ($p < 0.05$), 这与放线菌对淀粉 C 源有选择性利用有关。葡萄糖处理的土壤放线菌数量也有所增加, 但增加不明显。而施用琥珀酸钠处理后, 对供试土壤放线菌数量的影响也不明显, 甚至随着培养时间的延长其放线菌数量有所降低。

可见, 添加琥珀酸钠和葡萄糖 C 源能明显改善供试土壤中土著微生物的营养条件, 促使细菌和真菌的生长繁殖, 尤其是 60 天时细菌和真菌数量增长最为明显, 从而加快了供试土壤中 PCBs 的降解 (图 1)。这一结果表明 PCBs 污染土壤中存在的降解微生物类群主要有细菌和真菌两大类。在真菌对 PCBs 的降解中, 研究较多的是白腐真菌^[10-11], 其降解机制到目前为止还没有完全清楚, 但可能和其中的木质素降解酶、铁锰氧化酶以及过氧化物酶有关。

2.2 不同 C/N 比条件下土壤中可提取态 PCBs 含量及微生物区系的动态变化

图 3 显示了不同 C/N 比条件下供试土壤中 PCBs 含量的动态变化。从图 3 可以看出, 3 个不同 C/N 比的调节处理均不同程度地降低了供试土壤中

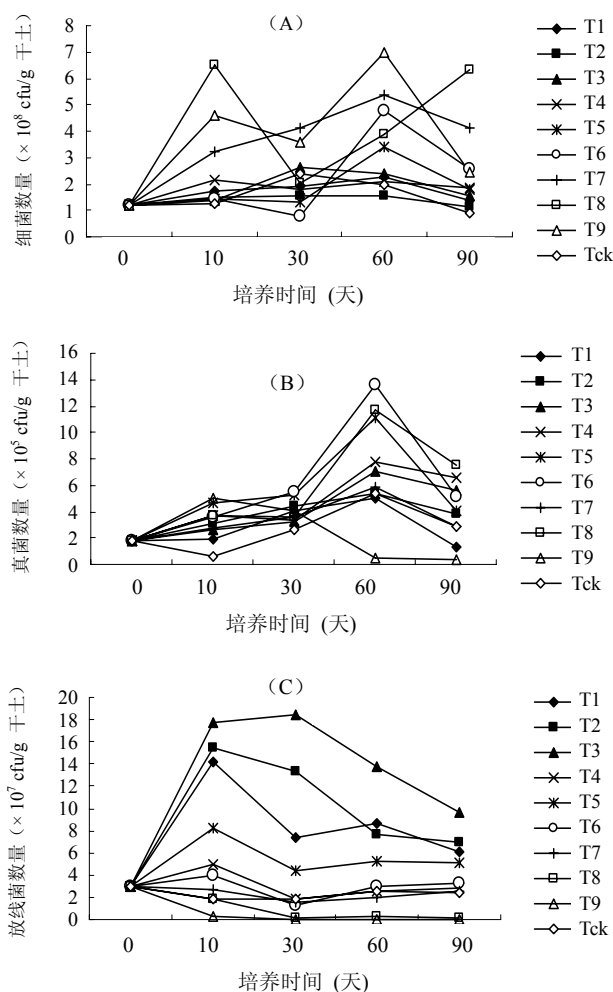


图 2 不同 C 源条件下供试土壤微生物区系的动态变化

Fig. 2 The dynamic changes of soil microbial population under different carbon conditions

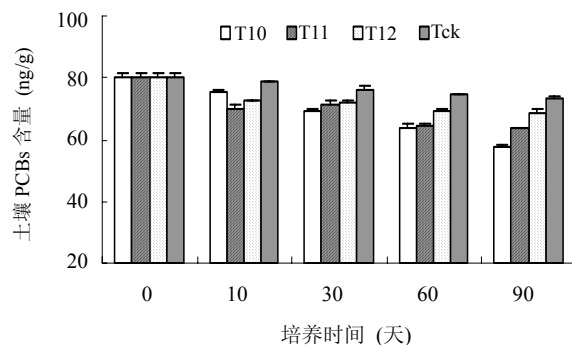


图 3 不同 C/N 比条件对土壤可提取态 PCBs 含量的影响

Fig. 3 Effect of different C/N ratios on extractable PCBs concentration in soils

PCBs 的含量。培养至第 10 天时, 与 Tck 相比, 供试土壤中 PCBs 含量出现了明显下降趋势, 其中

C/N 比为 25:1 处理 (T11) 的 PCBs 含量明显低于其他两个处理 (T10 和 T12) ($p < 0.05$); 培养至第 30 天、第 60 天、第 90 天, T10 处理的 PCBs 含量低于处理 T11 和处理 T12, 但第 60 天, 处理 T10 和 T11 差异未达显著水平 ($p > 0.05$), 而培养至第 90 天时, T10 处理土壤 PCBs 含量显著低于处理 T11、处理 T12 及对照 (Tck), 且各处理之间差异均达显著水平 ($p < 0.05$)。可见, 调节土壤 C/N 比能促进供试土壤中 PCBs 的降解, 其中 C/N 为 10:1 (T10) 的降解效果好于 C/N 为 25:1 (T11) 和 40:1 (T12) 的处理效果, 这可能与土壤微生物利用 C、N 营养源, 合成其本身体内的 C/N 比有关。一般情况下真菌 C/N 比为 10~15, 而细菌 C/N 比为 3.5 左右^[12]。

不同 C/N 比条件下供试土壤的微生物区系动态变化如图 4 所示。从图 4 (A、B、C) 可以看出, 培养至第 10 天时, 不同 C/N 比条件下供试土壤的真菌数量出现增加, 直延续到第 60 天其数量达到最高峰, 其中处理 T11 最为明显。而处理 T10 和处理 T11 的土壤细菌和放线菌数量在第 10 天时也出现明显增加, 但此后出现了不同程度的增减波动, 未表现出明显的变化。

2.3 水分条件和人为扰动对土壤可提取态 PCBs 含量及微生物区系的动态变化

图 5 显示了水分和扰动对供试土壤中 PCBs 含量动态变化的影响。与非淹水处理 (Tck) 相比, 整个培养期内淹水处理 (T13) 土壤中可提取态 PCBs 含量有不同程度的下降趋势。淹水 30 天时, 两处理间 PCBs 含量未表现出显著性差异 ($p > 0.05$); 但在第 60 天和第 90 天时, 淹水处理 (T13) 与对照 (Tck) 间土壤中 PCBs 含量差异达显著水平 ($p < 0.05$)。

从图 5 还可看出, 试验培养至第 30 天和第 60 天时, 扰动处理 (T14) 与非扰动处理 (Tck) 比较, 供试土壤中可提取态 PCBs 含量差异达显著水平 ($p < 0.05$), 而第 90 天时扰动处理极显著低于非扰动处理 ($p < 0.01$)。可见, 改善 PCBs 污染土壤的通透性, 有利于土壤中 PCBs 的降解。

水分和扰动条件下供试土壤微生物区系的动态变化如图 6 所示。从图 6 可以看出, 水分过多, 即淹水条件下 (T13) 不利于供试土壤中好氧微生物的生长与繁殖, 其细菌、真菌和放线菌数量均表现出明显下降趋势, 尤其是真菌数量降低较为突出, 这可能是导致淹水状态下供试土壤中 PCBs 降解十分缓慢的重

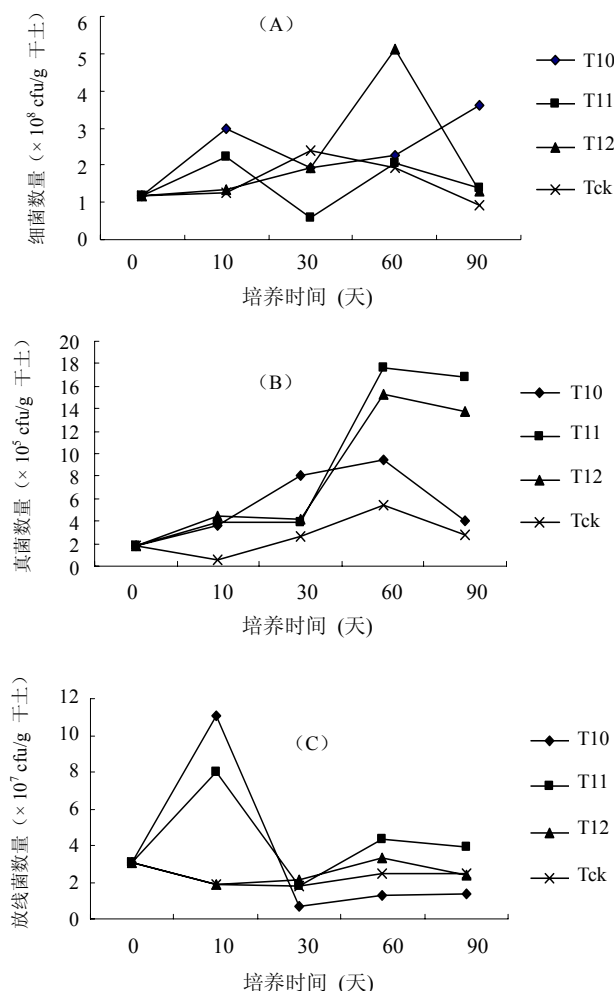


图 4 不同 C/N 比条件下供试土壤微生物区系的动态变化
Fig. 4 The dynamic changes of soil microbial population under different carbon nitrogen ratios conditions

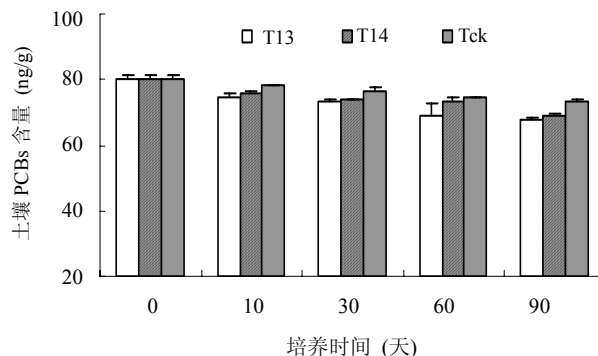


图 5 水分和扰动对土壤可提取态 PCBs 含量的影响
Fig. 5 Effect of soil moisture and disturbing on PCBs concentration in soils

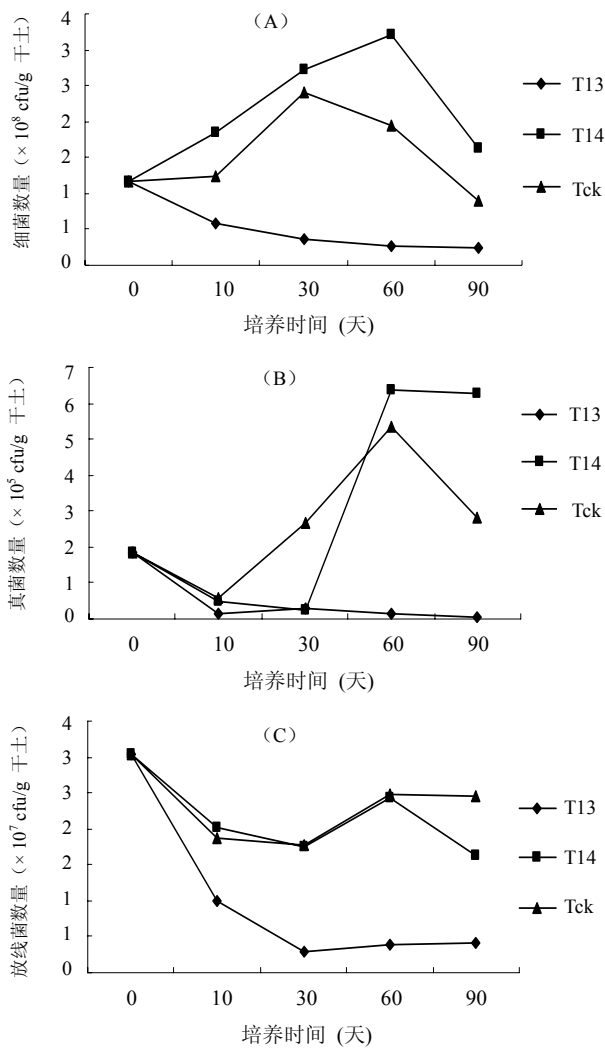


图 6 水分和扰动条件下供试土壤微生物区系的动态变化

Fig. 6 The dynamic changes of soil microbial population under different soil moisture and disturbing conditions

要原因之一。而扰动处理 (T14) 则明显促进了供试土壤中细菌和真菌数量的增加, 培养至第 60 天时增加最为明显。可见, 改善土壤的通气状况有利于 PCBs 污染土壤中细菌和真菌的生长, 提高土著微生物的代谢活性, 从而促进土壤中 PCBs 的自然降解过程。已有的研究表明, 环境中 PCBs 的生物降解最有效的是发生在厌氧-好氧交替处理下, 低氯代联苯能在好氧环境中被氧化脱氯, 但在含 5 个氯以上 (含 5 氯) 的高氯代联苯中, 好氧脱氯较困难, 只有在厌氧条件下, 通过厌氧微生物的还原脱氯, 生成低氯代联苯, 然后在好氧条件下被好氧微生物所代谢^[13]。

3 结论

通过室内模拟试验, 以不同 C 源、C/N 比、水分及通透性为调控因子, 对 PCBs 长期复合污染土壤的土著微生物强化修复进行初步研究, 获如下基本结论:

(1) 多氯联苯长期复合污染土壤中, 土壤水分含量为田间持水量的 60% 时, 加入淀粉、葡萄糖和琥珀酸钠 C 源均一定程度地促进细菌和真菌数量的增加, 从而促进土壤中 PCBs 的土著微生物降解。

(2) 不同种类的 C 源对 PCBs 污染土壤的土著微生物降解效果存在明显差异, 且其降解效果与 C 源的施用剂量密切相关。当淀粉加入量为 C 1.0 g/kg 土时, 土壤中 PCBs 的降解效果较好, 葡萄糖和琥珀酸钠加入量为 C 0.2 g/kg 土时, PCBs 的降解效果明显。土壤 C/N 比为 10:1 的处理效果优于 C/N 比为 25:1 和 40:1。

(3) 改善土壤的通气状况 (即土壤人为翻动) 有利于 PCBs 污染土壤中细菌和真菌的生长, 提高土著微生物的代谢活性, 从而促进土壤中 PCBs 的自然降解过程。

参考文献:

- [1] 陈玉成编著. 污染环境生物修复工程. 北京: 化学工业出版社, 2003
- [2] 沈德中编著. 污染环境的生物修复. 北京: 化学工业出版社, 2002
- [3] Quensen JF, Mousa MA, Boyd SA. Reduction of aryl hydrocarbon receptor-mediated activity of polychlorinated biphenyl mixtures due to anaerobic microbial dechlorination. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 1998, 17: 806-813
- [4] Wiegel J, Wu QZ. Microbial reductive dechlorination of polychlorinated biphenyls. *FEMS Microbiology Ecology*, 2000, 32: 1-15
- [5] Komancova M, Jurcova I, Kochankova L. Metabolic pathways of polychlorinated biphenyls degradation by *Pseudomonas* sp. 2. *Chemosphere*, 2003, 50: 537-543
- [6] 滕应. 复合污染土壤的微生物多样性和微生物修复研究(博士后出站报告). 南京: 中国科学院南京土壤研究所, 2005: 49-70
- [7] 中国科学院南京土壤研究所微生物室编著. 土壤微生物研究法. 北京: 科学出版社, 1985

- [8] 鲁如坤主编. 土壤农业化学分析法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 107-240
- [9] 唐启义, 冯明光. 实用统计分析及其 DPS 数据处理系统. 北京: 科学出版社, 2002
- [10] Yadav JS, Quensen JF, Tiedje JM. Degradation of polychlorinated biphenyl mixtures (Aroclors 1242, 1254, and 1260) by the white rot fungus *Phanerochaete chrysosporium* as evidenced by congener-specific analysis. *Applied and Environmental Microbiology*, 1995, 61: 2560-2565
- [11] Ruiz-Aguilar GML, Fernandez-Sanchez JM, Rodeiguez-Vazquez R. Degradation by white-rot fungi of high concentrations of PCB extracted from a contaminated soil. *Advances in Environmental Research*, 2002, 6: 559-568
- [12] Jun D, Becquer T, Rouiller JH. Heavy metal accumulation by two earthworm species and its relationship to total and DTPA-extractable metals in soils. *Soil Biol. Biochem.*, 2004, 36: 91-98
- [13] Koller G, Moder M, Czihal K. Peroxidative degradation of selected PCB: a mechanistic study. *Chemosphere*, 2000, 41: 1827-1834

Enhanced Measures of Indigenous Microbial Remediation in Polychlorinated Biphenyls Polluted Soils

TENG Ying^{1,2}, LUO Yong-ming^{1,2}, LI Zhen-gao^{1,2}, ZOU De-xun

(1 *Soil and Environment Bioremediation Research Centre, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China;*

2 *State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences), Nanjing 210008, China)*

Abstract: An incubation experiment was carried out with farmland soils severely contaminated by PCBs in the Yangtze River Delta Region under different carbon sources, ratios of carbon to nitrogen, and soil moisture contents. Starch, glucose and sodium succinate were beneficial to the growth of bacteria and fungi, thus accelerated the degradation of PCBs in polluted soils. The degradation effects of indigenous microorganism on soil PCBs were not only correlated with carbon sources, but also closely correlated with their starch, glucose and sodium succinate contents. When 1.0 gC/kg of starch, 0.2 gC/kg of glucose and sodium succinate were added to PCBs polluted soils, their effect on soil PCBs degradation increased. Effect of treatment at 10:1 carbon-to-nitrogen ratio was better than treatment at 40:1. The results also indicated that higher soil moisture content limited soil microbial growth and PCBs degradation, but soil stirring aided the growth of soil bacteria and fungi, enhanced the metabolic activities of indigenous microorganisms, and accelerated the natural degradation of soil PCBs. These results provided scientific evidence for further studies on the conditions under which natural degradation of soil PCBs occurs and could help to develop bioremediation techniques for POPs polluted soils.

Key words: Polychlorinated biphenyls, Polluted soil, Indigenous microorganisms, Microbial remediation, Enhanced measures