

运用多隔层根箱研究玉米幼苗根际微域中芘的降解^①

许超^{1,3}, 夏北成^{2*}

(1 华南农业大学资源与环境学院, 广州 510642; 2 中山大学环境科学与工程学院, 广州 510275;

3 农业部生态农业重点开放实验室, 广州 510642)

摘要: 采用多隔层根箱, 通过尼龙擦网插片的控制, 实现根室土 (S0)、离根室 0~2 mm (S1)、2~4 mm (S2)、4~6 mm (S3) 及 >6 mm (S4) 各室层土壤的分离采集, 分析离根系表面不同距离土壤芘的根际降解, 并借助脂肪酸甲酯 (fatty acid methyl ester, FAME) 分析土壤微生物群落结构的空间响应机制。结果表明: 种植玉米处理的各室层内土壤可提取态芘含量存在显著的不同, 其大小顺序为 S4>S3>S0>S2>S1; 各室层微生物群落结构存在显著的变化, 其中微生物生物量和丛枝菌根真菌特征脂肪酸含量表现出与土壤可提取态芘含量变化相反的变化趋势。未种植玉米处理的各室层土壤可提取态芘含量和微生物群落结构没有差异。土壤可提取态芘含量与微生物生物量和丛枝菌根真菌的特征脂肪酸呈显著负相关 ($p<0.01$)。

关键词: 根际; 芘; 微生物群落; 脂肪酸; 玉米

中图分类号: X171.5

多环芳烃 (PAHs) 是一类广泛分布于环境中的持久性有机污染物, 有强烈的“三致”效应, 易在土壤中滞留, 严重危害着土壤的生产和生态功能、农产品质量和人类健康。如何修复土壤 PAHs 污染已成为国内外土壤和环境科学界共同关注的一个前沿热点问题之一。植物根际修复具有经济、有效、实用、美观、原位非破坏性、无二次污染、可大面积应用等独特优点而越来越受到人们的重视, 是目前最具潜力的土壤生物修复技术之一^[1-2]。

根际作为土壤生态系统中的一个特殊系统, 是植物根系与土壤和微生物相互作用形成的界面。其区域范围的物理、化学和生物学性质因植物根的类型 (直根、丛根、须根)、年龄、根瘤菌的存在与否、根系分泌物数量和组成、土壤参数等的不同而各不相同^[3-4]。

芘属 PAHs 类污染物, 是美国环保局优先控制有机污染物黑名单中 16 种 PAHs 的成员。由于其结构与致癌物苯并[a]芘的相似性, 通常被作为模式污染物被广泛研究^[5]。根际微域环境能够促进土壤中芘的降解^[1,6-8]。然而离根表面不同距离层次根际微域内的芘降解行为却是鲜见报道, 而此类研究是开展根际修复芘污染环境应用研究的基本理论前提。

脂肪酸甲酯 (fatty acid methyl ester, FAME) 分析

已被广泛应用于原位土壤微生物研究^[9-10]。FAME 法分析所得到的相关信息, 不仅可以表征活体微生物在量上的变化, 还可依据其中各特征脂肪酸所指示的特定微生物物种在种群丰度上的变化, 揭示微生物群落结构伴随外界环境变化的响应, 因此有望在根际修复研究中相关植物-微生物交互作用方面提供更为系统、微观的细节信息。

鉴于此, 本研究利用可以比较精确地分离距根面不同距离土壤的多隔层根箱^[8], 通过尼龙擦网插片的控制, 实现根室土、离根室 0~2 mm、2~4 mm、4~6 mm 及 >6 mm 各层土壤的分离采集, 借助 FAME 分析离根系表面不同距离土壤芘的根际降解效应, 以期揭示根际微域中特异性根分泌物诱导的土壤微生物群落结构的微空间演变特征, 提出诱导产生芘根际特异降解行为的土壤微生物学作用机制, 为 PAHs 污染土壤的根际修复技术发展及应用提供科学依据和理论支持。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试土壤采自广东省广州市神山镇水稻地的表层 (0~20 cm), 为潴育型水稻土 (铁聚水耕人为土),

①基金项目: 广东省自然科学基金团队项目 (No.06202438) 和中山大学 985 工程环境污染控制与修复技术创新平台项目资助。

* 通讯作者 (xiabch@mail.sysu.edu.cn)

作者简介: 许超 (1978—), 男, 湖南长沙人, 博士研究生, 主要从事污染控制与修复技术研究。E-mail: xuchao1388@126.com

有机质含量为 17.38 g/kg, pH 为 4.63, 全N 含量为 1.07 g/kg、有效P 含量为 137.7 mg/kg、速效K 含量为 80.5 mg/kg, 未检测到芘。土壤风干后过 2 mm 筛, 备用。供试植物为玉米 (*Zea mays* L.), 购自广州市农业科学研究所。供试药品芘 (Pyrene, 纯度 >98%), 为 Aldrich 公司产品。

多隔层根箱装置^[8]用 PVC 板加工制成, 大小为 300 mm×100 mm×120 mm, 包括根系生长室 (或中室, 20 mm)、左及右土壤室 (或左、右根围, 各 40 mm) 3 区, 并于紧贴中室两边的左右土壤室内插入 4 张由 300 目尼龙撩网制成的插片, 以将植物根系限制于中室内生长, 实现根室土、离根室 0~2、2~4、4~6 mm 及 >6 mm 各室层土壤的采集, 分别记作 S0、S1、S2、S3、S4。这一设计在充分避免根系组织生长进入相邻土壤室、实现各室层间彼此物理分离的同时, 又确保了土壤微生物及根系分泌物等的室层间迁移活动。

1.2 盆栽试验

14.4 g 芘溶解于 250 ml 丙酮溶液, 加入到 1.2 kg 土壤中, 充分搅拌均匀, 待丙酮挥发后, 用未污染土 (22.8 kg) 不断稀释, 多次搅拌、混匀, 制得芘含量为 600 mg/kg 的污染土样, 保持 60% 的田间持水量于温室中平衡 7 天后使用。各根箱盆栽用土 4 kg。由于芘的蒸气压非常低, 在土壤中挥发损失的量非常少^[11], 本试验未设置不加芘土壤的种植玉米处理。

玉米种子浸种后, 于滤纸上恒温培养箱中催芽, 露白时, 选取饱满、大小均匀一致的种子均匀撒播于根箱中室 (每盆 20 粒), 置于温室中, 温室的日间温度为 25℃, 夜间温度 18℃, 自然光照条件。同时设置不种玉米的对照处理。各处理重复 3 次。

土壤水分通过每 2 天称重维持在田间持水量的 60%, 每 2 天随机交换根箱在温室中的位置, 以保证生长条件一致。播种时, 以 $\text{CO}(\text{NH}_2)_2$ 、 $\text{Ca}(\text{H}_2\text{PO}_4)_2 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 和 K_2SO_4 溶液的形式施肥一次, 用量为 N 400 mg/kg、P 134 mg/kg 和 K 334 mg/kg。在玻璃温室中进行为期 45 天的盆栽试验。试验结束时, 根系布满整个根室, 开箱并逐一抽出尼龙撩网插片, 分离采集根室、离根室的各室层内的全部土壤。部分土壤样品冷冻干燥后, 过 1 mm 筛后保存于 -20℃ 低温冰箱中以供芘分析及 FAME 分析用。

1.3 分析方法

土壤 PAHs 的提取及分析方法参照文献[8]。土壤 pH 值 (水土比 2.5:1) 用 pH 计测定, 有机质水合热重铬酸钾氧化-比色法测定, 全 N 用半微量凯氏法测定, 速效

P 用 Olsen 法测定; 速效 K 用乙酸铵提取, 火焰光度法测定^[12]。

土壤微生物脂肪酸的甲脂化和提取^[9]: 将 15 ml 的 0.2 mol/L KOH 甲醇溶液和 3 g 冷冻干燥土壤加到 50 ml 的离心管中, 混合均匀, 在 37℃ 下温育 1 h (脂肪酸释放并甲脂化, 每 10 min 涡悬样品一次), 加 3 ml 1.0 mol/L 醋酸溶液中和 pH 值; 加 10 ml 正己烷, 混匀, 使 FAMES 转到正己烷相中, 2 500 r/min 条件下离心 10 min; 将正己烷相转到干净试管中, 在 N_2 气流下挥发掉溶剂。将提取的 FAMES 溶解在 0.5 ml 1:1 (v/v) 的正己烷: 甲基叔丁基醚 (methyl-tert butyl ether) 中, 作 GC-MS 分析。GC-MS 测试采用 Finnigan Voyager GC-MS 仪。色谱柱 20 m×0.22 mm (内径直径)×0.25 μm (液膜厚度) BPX5, 载气 He, 流量 1 ml/min, 分流进样, 分流比 20:1; 进样口温度 220℃; 柱起始温度 60℃, 保持 3 min, 以 5℃/min 升至 200℃, 再以 10℃/min 升至 250℃ 保持 3 min; 电离方式 EI; 接口温度 230℃, 离子源温度 200℃; 电离能 70 eV; 倍增电压 350 V; 扫描质量范围 35~450 amu。不同样品测定之间, 在 270℃ 下清洗柱子 2 min, 标准谱库为美国 LIBTX 和 NIST 谱库。各脂肪酸采用简写符号命名, 即 X:YωZ。其中, X 表示脂肪酸中的总碳原子数, Y 表示双键数, 总碳原子数和双键数之间以冒号隔开; ω 表示双键的位置, 从甲基末端开始计算; Z 表示双键的位置在第 Z 个碳原子上; c 表示顺式, cy 表示环丙基脂肪酸。峰面积通过计算机自动积分, 各脂肪酸的识别与定量参照 Supelco 37 Component FAME Mix。FAMES 可作为总细菌数、革兰氏阳性菌 (GN^+)、革兰氏阴性菌 (GN^-) 和真菌等的生物标记物, 其中 14:0、16:0 脂肪酸存在于几乎所有土壤微生物群落中, 与总微生物量呈高度相关性, 可以作为衡量总群落生物量的指标; 以 15:0、16:1ω7c、17:0、cy17:0 和 18:0 作为细菌源脂肪酸; 15:0、17:0 和 18:0 作为 GN^+ 细菌源脂肪酸, 16:1ω7c 和 cy17:0 作为 GN^- 细菌源脂肪酸; 革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌之比通过 15:0、17:0 和 18:0 脂肪酸之和与 16:1ω7c 和 cy17:0 脂肪酸之和之间的比值进行估算; 真菌源脂肪酸为 18:3ω6,9,12 和 18:2ω6,9; 细菌/真菌之比通过 15:0、16:1ω7c、17:0、cy17:0、18:0 脂肪酸之和与 18:3ω6,9,12、18:2ω6,9 脂肪酸之和之间的比值进行估算; 丛枝菌根真菌源脂肪酸 18:1ω9^[13-17]。

数据采用 SPSS 13.0 进行统计分析, 新复极差法 (Duncan's) 作多重比较和差异显著性检验。

2 结果与分析

2.1 各室层土壤可提取态芘浓度的变化

与不种植玉米处理相比, 种植玉米处理土壤可提取态芘含量明显降低。种植玉米处理的各室层土壤可提取态芘含量存在显著差异 ($p < 0.05$), 可提取态芘含量的大小顺序为 $S4 > S3 > S0 > S2 > S1$ 。不种玉米处理中各室层土壤可提取态芘含量没有差异 (图 1)。根据不种植玉米处理和种植玉米处理各室层土壤可提取态芘含量分析 (图 1), 2 种不同处理中 $S4$ 层土壤可提取态芘含量相差不大、数值上很接近, $S1$ 层差异最大, 其次为 $S2$ 层和 $S0$ 层, 再次为 $S3$ 层 (图 1)。种植玉米处理的土壤芘在根室和离根室 $0 \sim 4 \text{ mm}$ 土层内的降解程度较大。

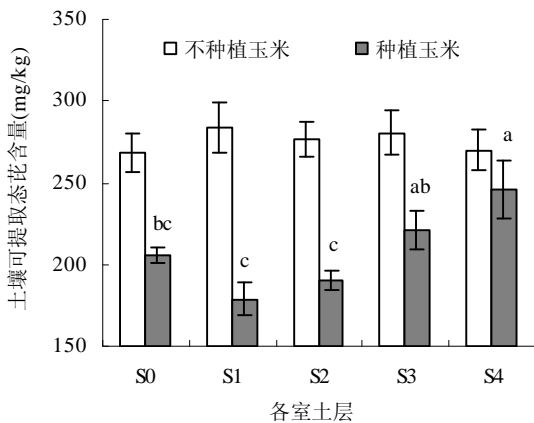


图 1 各室层土壤可提取态芘含量

Fig. 1 Extractable pyrene contents in various sampling zones of soils with and without growth of maize

2.2 各室层土壤微生物群落结构多样性分析

种植玉米处理中土壤微生物群落结构在各室层土壤之间存在明显的变化。种植玉米处理中土壤微生物生物量特征脂肪酸 (脂肪酸 14:0 与 16:0 之和) 含量、细菌特征脂肪酸 (脂肪酸 15:0、16:1 ω 7c、17:0、cy17:0 与 18:0 之和) 含量、真菌特征脂肪酸 (脂肪酸 18:3 ω 6,9,12 与 18:2 ω 6,9 之和) 含量、丛枝菌根真菌特征脂肪酸 18:1 ω 9 含量、革兰氏阳性菌特征脂肪酸 (脂肪酸 15:0、17:0 与 18:0 之和) 含量和革兰氏阴性菌特征脂肪酸 (脂肪酸 16:1 ω 7c 与 cy17:0 之和) 含量在各室层土壤之间均存在明显的变化 (图 2)。

种植玉米处理中, 各室层土壤微生物生物量和丛枝菌根真菌 (AMF) 的特征脂肪酸含量的大小顺序为 $S1 > S2 > S0 > S3 > S4$, 土壤细菌特征脂肪酸含量的大小顺序为 $S1 > S2 > S3 > S0 > S4$, 土壤真菌特征脂肪酸含量的大小顺序为 $S0 > S1 > S2 > S3 > S4$, 革兰氏阳性

菌特征脂肪酸含量的大小顺序为 $S2 > S1 > S3 > S0 > S4$, 革兰氏阴性菌特征脂肪酸含量的大小顺序为 $S4 > S0 > S1 > S3 > S2$, 其中微生物生物量特征脂肪酸含量和丛枝菌根真菌特征脂肪酸含量表现出与土壤可提取态芘含量变化相反的趋势 (图 2)。

种植玉米处理中, $S1$ 和 $S2$ 层土壤微生物生物量特征脂肪酸含量与 $S4$ 层之间的差异均达到显著水平 ($p < 0.05$), $S1$ 、 $S2$ 和 $S3$ 层土壤细菌特征脂肪酸含量与 $S4$ 层之间的差异均达到显著水平 ($p < 0.05$), $S0$ 、 $S1$ 和 $S2$ 层土壤真菌特征脂肪酸含量与 $S3$ 和 $S4$ 层间的差异均达到显著水平 ($p < 0.05$), $S1$ 、 $S2$ 和 $S3$ 层土壤革兰氏阳性菌特征脂肪酸含量与 $S4$ 层间的差异达到显著水平 ($p < 0.05$), $S1$ 、 $S2$ 和 $S3$ 层土壤革兰氏阴性菌特征脂肪酸含量与 $S4$ 层间的差异达到显著水平 ($p < 0.05$) (图 2)。而不种植玉米处理中, 各脂肪酸含量在各室层大小接近一致。

2.3 芘根际特异消减行为的土壤微生物学解析

以种植玉米处理 5 个土层土壤可提取态芘含量分别与其对应的 5 个土层土壤微生物各特征脂肪酸之间的内在关系进行了线性回归分析。土壤可提取态芘含量与土壤微生物生物量特征脂肪酸、细菌特征脂肪酸、革兰氏阳性菌特征脂肪酸、真菌特征脂肪酸和丛枝菌根真菌特征脂肪酸之间均存在负相关性, 其中与微生物生物量特征脂肪酸和丛枝菌根真菌特征脂肪酸的负相关性达到极显著水平 ($p < 0.01$) (表 1); 与革兰氏阴性菌特征脂肪酸存在正相关性, 但相关性不显著 ($p > 0.05$)。结果表明随着土壤微生物生物量特征脂肪酸和丛枝菌根真菌特征脂肪酸含量的提高, 土壤可提取态芘含量降低。

表 1 种植玉米处理各室层土壤可提取态芘含量 (y) 与土壤微生物各脂肪酸标记物的相关关系 ($y=a+bx$)

Table 1 Correlation between content of extractable pyrene (y) and each FAME biomarkers of soil microbial community in various sampling zones of soils with growth of maize ($y=a+bx$)

脂肪酸标记物	a	b	决定系数
土壤微生物生物量	735.721	-49.299	0.944**
细菌	407.810	-33.594	0.267
革兰氏阳性菌	426.989	-42.672	0.406
革兰氏阴性菌	56.309	219.733	0.345
真菌	268.217	-7.377	0.336
丛枝菌根真菌	1215.888	-276.829	0.967**

注: ** 表示在 $p < 0.01$ 水平上显著。

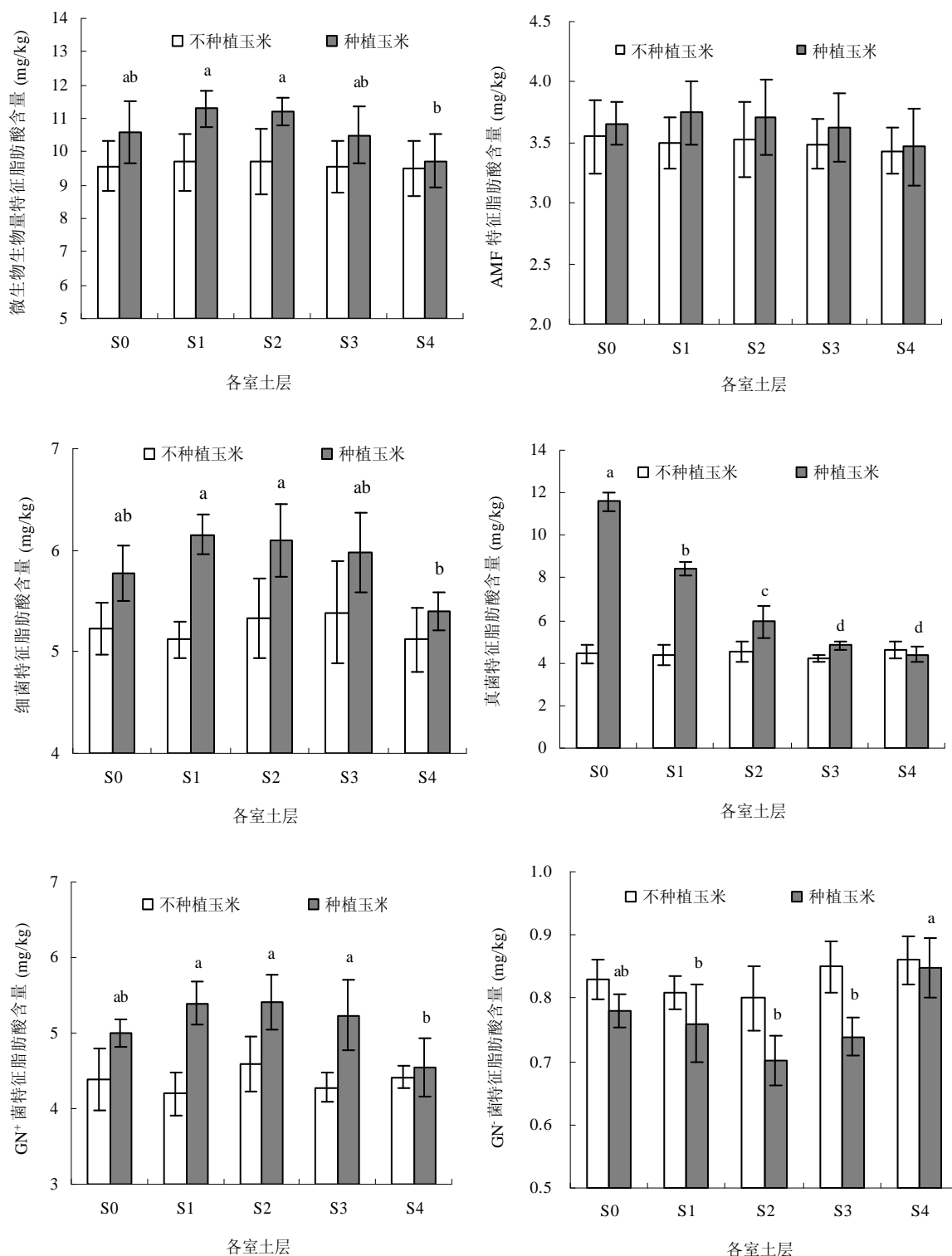


图 2 各室层土壤微生物脂肪酸标记物的比较

Fig. 2 Comparison of FAME biomarkers of soil microbial community in various sampling zones of soils with and without of maize

3 讨论

比较不种植玉米处理中各室层土壤中芘的一致降解行为,可以看出,种植玉米处理中根室和离根室 0~4 mm 区域内芘快速降解与此区域范围内的微生物群落结构的变化密切相关,充分说明了根系分泌物在提高芘生物有效性方面的积极作用。据报道^[1],受芘的胁迫影响而诱导产生的特异性根系分泌物中,存在多种可利用 C 源,不仅可优化土壤微生物组成对芘降解的适应性及专一性,而且可诱导芘共代谢途径的产生,改变微生物群落结构,从而可在最大程度上激发芘的根际降解行为。Parrish 等^[18]用高酥油草和三叶草研究根际去除 PAH 污染。12 个月试验中,高酥油草和三叶草根际土壤 PAH 微生物降解体数量是非根际土壤的 100 多倍,磷脂脂肪酸结构分析图随着生长时期的改变而改变,表明微生物多样性结构发生了改变。

本研究种植玉米处理中,离根室 0~2、2~4、4~6 和 >6 mm 土层中可提取态芘含量存在明显的差异,土壤可提取态芘含量呈现离根室越远可提取态芘含量越高的变化趋势,离根 0~2 mm 和 2~4 mm 区域低、两者之间差异不显著,4~6 mm 和 >6 mm 区域高、两者之间差异不显著(图 1)。本研究结果与许超等^[8]运用多隔层根箱研究黑麦草根际微域芘的降解相一致。

本研究结果表明,种植玉米处理中,各室层土壤微生物生物量特征脂肪酸含量较不种植玉米处理,均得到不同程度的增强,且在根室和离根室 0~4 mm 根际微域内土壤微生物生物量特征脂肪酸增强程度较大,而超过此范围增强作用减弱(图 2)。土壤可提取态芘含量与土壤微生物生物量 C、土壤微生物生物量特征脂肪酸含量显著负相关($p < 0.05$),微生物生物量 C 和微生物生物量特征脂肪酸含量越高土壤可提取态芘含量越低,这是根室和离根 0~4 mm 根际微域内芘快速降解的一个重要原因。

18:1 ω 9 被普遍视为从枝菌根真菌的特征脂肪酸^[14],从枝菌根真菌是菌根真菌中最普遍、最重要组成部分,菌根真菌在提高植物抗逆性、促进 PAHs 的植物修复等方面的贡献作用已被大量研究证实^[19-21]。本研究结果表明,种植玉米处理中,各室层土壤从枝菌根真菌特征脂肪酸 18:1 ω 9 含量较不种植玉米处理,均得到不同程度的增强,且在根室和离根室 0~4 mm 根际微域内土壤从枝菌根真菌特征脂肪酸 18:1 ω 9 含量增强程度较大,而超过此范围增强作用减弱(图 2)。土壤中可提取态芘含量与土壤从枝菌根真菌特征脂肪酸

18:1 ω 9 含量呈极显著负相关($p < 0.01$)(表 1),土壤从枝菌根真菌特征脂肪酸 18:1 ω 9 含量越高,可提取态芘含量越低,这也是根室和离根 0~4 mm 根际微域内芘快速降解的一个原因。但是,从枝菌根真菌如何促进土壤中芘降解的内在机制还有待进一步探索。

4 结论

与不种植玉米处理相比,种植玉米的根箱中可提取态芘含量明显降低。芘的根际降解存在距离根系不同远近的差异,根室和离根室 0~4 mm 土层内芘的降解显著大于离根室 >4 mm 土层内芘的降解。种植玉米处理中根室和离根室 0~4 mm 土层内芘快速降解过程与此区域范围内的微生物群落结构的改变密切相关。根际微域土壤微生物群落结构的改变是诱导芘在根际微域中产生特异消减行为的内在土壤微生物学作用机制。

参考文献:

- [1] Yoshitomi KJ, Shann JR. Corn (*Zea mays* L.) root exudates and their impact on ¹⁴C-pyrene mineralization. *Soil Biology & Biochemistry*, 2001, 33: 1769-1776
- [2] Corgié SC, Joner EJ, Leyval C. Rhizospheric degradation of phenanthrene is a function of proximity to roots. *Plant and Soil*, 2003, 257: 143-150
- [3] Günther T, Dornberger U, Fritsche W. Effects of ryegrass on biodegradation of hydrocarbons in soil. *Chemosphere*, 1996, 33: 203-215
- [4] Grayston SJ, Vaughan D, Jones D. Rhizosphere carbon flow in trees, in comparison with annual plants: The importance of root exudation and its impact on microbial activity and nutrient availability. *Applied Soil Ecology*, 1997, 5: 29-56
- [5] Shu YY, Lao RC, Chiu CH, Turle R. Analysis of polycyclic aromatic hydrocarbons in sediment reference materials by microwave-assisted extraction. *Chemosphere*, 2000, 41: 1709-1716
- [6] Krutz LJ, Beyrouy CA, Gentry TJ, Wolf DC, Reynolds CM. Selective enrichment of a pyrene degrader population and enhanced pyrene degradation in Bermuda grass rhizosphere. *Biology and Fertility of Soils*, 2005, 41(5): 359-364
- [7] Fan SX, Li PJ, Gong ZQ, Ren WX, He N. Promotion of pyrene degradation in rhizosphere of alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Chemosphere*, 2008, 71: 1593-1598
- [8] 许超, 夏北成. 运用多隔层根箱研究黑麦草根际微域中芘的降解. *土壤学报*, 2009, 46(3): 426-433

- [9] Cai YF, Zhao SQ, Liao ZW, He CX, Zhuang XY. Effect of fertilization on tomato bacterial wilt biocontrolling and soil health restoration using FAME analysis. *Agricultural Sciences in China*, 2003, 2(7): 779–785
- [10] Marschner P, Solaiman Z, Rengel Z. Brassica genotypes differ in growth, phosphorus uptake and rhizosphere properties under P-limiting conditions. *Soil Biology & Biochemistry*, 2007, 39: 87–98
- [11] Chen YC, Banks MK, Schwab AP. Pyrene degradation in the rhizosphere of tall fescue (*Festuca arundinacea*) and switchgrass (*Panicum virgatum* L.). *Environmental Science & Technology*, 2003, 37: 5 778–5 782
- [12] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000
- [13] Keift TL, Ringelberg DB, White DC. Changes in Ester-linked phospholipids fatty acid profiles of subsurface bacteria during starvation and desiccation in a porous medium. *Applied and Environmental Microbiology*, 1994, 60 (9): 3 292–3 299
- [14] Olsson PA, Tingstrup I, Jakobsen I, Bååth E. Estimation of the biomass of arbuscular mycorrhizal fungi in a linseed field. *Soil Biology & Biochemistry*, 1999, 28: 463–470
- [15] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterization of microbial communities in soil: A review. *Biology Fertility of Soils*, 1999, 29: 111–129
- [16] Mummey DL, Stahj PD, Buyer JS. Microbial biomarkers as an indicators of ecosystem recovery following surface mine reclamation. *Applied Soil Ecology*, 2002, 21(3): 251–259
- [17] Drenovsky RE, Elliott GN, Graham KJ, Scow KM. Comparison of phospholipids fatty acid (PLFA) and total soil fatty acid methyl esters (TSFAME) for characterizing soil microbial communities. *Soil Biology & Biochemistry*, 2004, 36(11): 1 793–1 800
- [18] Parrish ZD, Banks MK, Schwab AP. Effect of root death and decay on dissipation of polycyclic aromatic hydrocarbons in the rhizosphere of yellow sweet clover and tall fescue. *Journal of Environmental Quality*, 2005, 34: 207–216
- [19] Leyval C, Binet P. Effect of polyaromatic hydrocarbons in soil on arbuscular mycorrhizal plants. *Journal of Environmental Quality*, 1998, 27: 402–407
- [20] Johnson DL, Maguire KL, Anderson DR, McGrath SP. Enhanced dissipation of chrysene in planted soil: The impact of a rhizobial inoculum. *Soil Biology & Biochemistry*, 2004, 36(1): 33–38
- [21] Liu SL, Luo YM, Cao ZH, Wu LH, Ding KQ, Christie P. Degradation of benzo[a]pyrene in soil with arbuscular mycorrhizal alfalfa. *Environmental Geochemistry and Health*, 2004, 26(2): 285–293

Degradation of Pyrene in Rhizosphere of Maize Seedlings (*Zea mays* L.) in a Rhizobox

XU Chao^{1,3}, XIA Bei-cheng²

(1 College of Natural Resources and Environment, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;

2 School of Environmental Science and Engineering, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China;

3 Key Laboratory of Ecological Agriculture of Ministry of Agriculture of the People's Republic of China, Guangzhou 510642, China)

Abstract: An investigation was conducted by using fatty acid methyl ester (FAME) profiles to follow the spatial response of the microbial community at 2 mm scale with the purpose of illustrating the mechanism of nonlinear spatial dependence of pyrene degradation on the distance from the root surface in the rhizosphere of maize seedlings (*Zea mays* L.). The soil in the rhizobox was divided into several compartments separated by nylon meshes. Soil samples were collected from the root compartment (S0) and other compartments of 0–2 mm (S1), 2–4 mm (S2), 4–6 mm (S3), > 6 mm (S4) far from the root compartment to determine extractable pyrene concentrations and fatty acid methyl ester. *Zea mays* L. was grown in environmental chambers for 45 days with soil spiked with 600 mg/kg pyrene. The results showed that significant differences existed between the compartments in extractable pyrene concentrations in treatments with maize, following the order of S4>S3>S0>S2>S1. However, an opposite trend in variation existed with fatty acid indicators of soil microbial biomass and of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). Significant differences existed among the compartments in microbial community structure in treatments with maize. No difference existed in extractable pyrene concentration and microbial community structure between treatments without maize. Significantly negative correlations ($p<0.01$) existed between the extractable pyrene concentrations and fatty acid indicators for microbial biomass and fatty acid indicators for AMF in various sampling zones of soils with growth of maize.

Key words: Rhizosphere, Pyrene, Microbial community structure, Fatty acid methyl ester (FAME), Maize (*Zea mays* L.)