

丛枝菌根真菌菌丝对土壤微生物群落结构及多氯联苯降解的影响^①

秦 华^{1,2}, 白建峰¹, 徐秋芳², 李永春²

(1 上海电子废弃物资源化产学研合作开发中心, 上海第二工业大学, 上海 201209; 2 浙江农林大学环境与资源学院, 浙江临安 311300)

摘 要:以摩西球囊霉(*Glomus mosseae*)为供试菌种, 在光照培养箱内利用分室根箱研究丛枝菌根真菌菌丝对多氯联苯(polychlorinated biphenyls, PCBs)污染土壤的修复效应及其机理。试验设置接种丛枝菌根真菌的处理以及不接种的对照, 选用美国南瓜(*Cucurbita pepo* L.)为供试植物, 在南瓜生长 40 天后将接种菌根真菌处理的菌丝室土壤从尼龙网向外水平分为 4 层取样, 测定 PCBs 及磷脂脂肪酸含量。结果表明: 菌丝可以穿越尼龙网影响菌丝室土壤, 且距离尼龙网越远菌丝量越低; 菌丝显著促进了土壤微生物量($P<0.05$), 并改变了不同土层土壤微生物群落结构; 接种菌根真菌处理各土层 PCBs 降解率为 35.67% ~ 57.39%, 均显著高于对照的 17.31%, 相关分析结果表明土壤三氯、四氯联苯以及 PCBs 总量与菌丝量呈极显著负相关($P<0.01$); 菌丝际土壤微生物量, 特别是细菌生物量与土壤三氯联苯含量呈显著负相关($P<0.05$)。可见, 菌丝通过影响菌丝际土壤微生物群落结构及生物量, 促进三氯及四氯联苯降解, 从而提高土壤 PCBs 修复效率。

关键词:丛枝菌根真菌; 分室根箱; 南瓜; 多氯联苯; 磷脂脂肪酸

中图分类号: S154.36

多氯联苯(polychlorinated biphenyls, PCBs)是一类联苯上的氢原子被不同数目氯原子取代形成的化合物, 一共有 209 种同系物。由于 PCBs 具有良好的化学稳定性、热稳定性和绝缘性, 因此其曾被大量工业生产, 并广泛应用于热载体、液压油、润滑剂、电容器及变压器内的绝缘介质等^[1]。尽管其被发现具有“三致”效应, 于 20 世纪 70 年代逐渐被禁止生产, 但是随着含 PCBs 制品的废弃以及不恰当处置, PCBs 不断释放到环境并累积, 对生态环境和人体健康都构成了巨大的威胁^[2]。PCBs 具有较高的辛醇-水分配系数, 使其容易吸附于有机介质上; 同时土壤黏粒因表面积大、活性高也可能成为吸附滞留 PCBs 重要部分, 因此土壤和沉积物被认为是 PCBs 最主要的汇^[3-4]。为了保护生态环境, 防止 PCBs 通过食物链危害人类健康, 如何修复 PCBs 污染土壤就成为目前亟需解决的关键问题。

丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)在陆地生态系统中发挥着关键作用, 其对植物群落结构以及生态系统生产力等都具有重要影响^[5]。菌根的

一个关键作用就是帮助宿主植物吸收养分, 同时, 宿主植物提供碳水化合物供 AMF 生长^[6]。已有大量研究表明, AMF 能够帮助植物修复有机(PAHs、PCBs、农药等)污染土壤^[7-9]。由于 AMF 自身不能分解有机物, 目前认为其主要是通过影响菌根际及菌丝际土壤微生物的活性和群落结构从而影响土壤有机污染物的降解^[10-11]。然而, AMF 如何影响土壤微生物群落继而影响 PCBs 的降解目前尚没有相关报道。本研究拟利用分室根箱系统, 研究 AMF 菌丝对菌丝际土壤微生物生物量及群落结构的影响, 以及 PCBs 的降解特征, 从而揭示 AMF 促进 PCBs 降解的内在机理, 为 PCBs 污染土壤的菌根修复提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

1.1.1 供试土壤 供试土壤采自浙江省临安市某水稻田表层(0 ~ 20 cm), 土壤类型为铁聚水耕人为土。土壤采集后风干, 去除大的植物残体和砾石, 过 2 mm 筛, 取部分土样进行理化性质分析。土壤性质

为：pH 7.14，有机质 14.3 g/kg，全氮 0.72 g/kg，全磷 0.28 g/kg，速效钾 93 mg/kg，阳离子交换量 16.09 cmol/kg。Aroclor1242 购自百灵威化学技术有限公司，用正己烷溶解后以 15 mg/kg 的浓度加入风干土壤，用钢筛充分混匀后放在通风橱内 48 h，定期翻动以使正己烷充分挥发，备用。

1.1.2 供试植物及菌剂 供试植物为美国南瓜 (*Cucurbita pepo* L. cv. Black Beauty)。挑选饱满的南瓜种子，浸泡于 50 g/L 的 NaClO 溶液中 3 min，蒸馏水冲洗 5 次，再浸泡 20 min，取出干燥备用。供试菌剂为摩西球囊霉 M47V (*Glomus mosseae*)，从国际(泡囊)丛枝菌根真菌培养物保存中心(法国)获得。以苏丹草 (*Sorghum sudanese* (Piper) Stapf.) 为宿主植物在灭菌河砂中扩繁 60 天，去除苏丹草地上部分，将根剪碎，以含有真菌孢子、菌丝、侵染根段等繁殖体和根际土壤的菌剂为接种物。对照菌剂(CK)不含 AMF，其他均同于 AMF 菌剂。

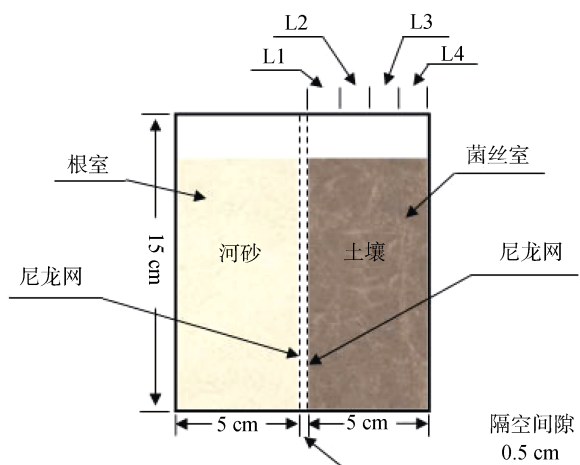


图1 分室根箱剖面示意图
Fig. 1 Schematic drawing of Rhizo-box system

1.2 试验设置

于光照培养箱内进行根箱试验。根箱设计参考三室根箱系统^[12]并加以改进。以往的三室根箱系统主要是用尼龙网将根系与菌丝隔开，但是由于根系仍然会贴着尼龙网生长，导致根系分泌物穿过尼龙网对菌丝室的土壤微生物群落产生较大影响。因此，本研究中所采用的根箱利用双层隔空尼龙网对根室和菌丝室进行分隔，消除根际效应对菌丝际效应产生的干扰。根箱采用 PVC 材料制作(长 15 cm × 宽 10.5 cm × 高 15 cm)，中间采用间隔为 0.5 cm 的双层尼龙网间隔，左边根室装灭菌河砂，右边菌丝室装 PCBs 污染土壤(图 1)。试验设置接种 *Glomus mosseae* 菌剂 M47V 的处理和不接种 AMF 的对照，均为 3 个重复。接种

菌剂的处理，在根室河砂中播入 3 颗美国南瓜种子，同时以 8% 的量加入 AMF 菌剂；对照处理同样播入 3 颗种子，并以 8% 的量加入不含 AMF 孢子和菌丝的对照菌剂。试验过程中保持河砂湿润并每周浇 30 ml 稀释霍格兰营养液(10%)，维持菌丝室土壤含水量为最大田间持水量的 60% 左右。所有根箱均随机排列于光照培养箱中，光照时间 12 h/12 h，温度 30℃/22℃(白天/黑夜)，光强为 10 000 Lux，空气相对湿度维持在 50% 左右。

南瓜生长 40 天后收获，收获时用美工刀将菌丝室土壤均匀的分为 4 层(L1 ~ L4，图 1)，每层厚度 1.25 cm，装入牛皮纸信封尽快进行相关测定。南瓜根系收集后，用于测定菌根侵染率。

1.3 菌根侵染率及菌丝长度测定

新鲜南瓜根系自来水冲洗后，曲利苯蓝染色-方格交叉法测定菌根侵染率^[13]；不同土层 AMF 菌丝采用微孔滤膜过滤法筛选，滤膜上的菌丝经曲利苯蓝染色后，方格交叉法测定菌丝长度(mm/g 干土)^[14]。

1.4 土壤 PCBs 含量测定

土壤 PCBs 含量测定参照 Qin 等^[15]方法。称取 3 g 过 100 目筛的风干土壤，加入 30 ml 正己烷/丙酮溶液($v_{\text{正己烷}}:v_{\text{丙酮}}=1:1$)超声提取 30 min(100 KHz, 25℃)后离心，收集上清。重复 3 次超声提取，合并上清后于旋转蒸发仪上浓缩。浓缩液采用 Florisil 柱进行纯化，40 ml 色谱纯正己烷洗脱后，N₂ 吹干，1 ml 正己烷溶解以备测定。PCBs 同系物及其浓度采用气相色谱-质谱(N6890/5975B, Agilent, USA)测定。色谱柱为 HP5-MS 毛细管柱(30 m × 250 μm × 0.25 μm)；载气为氦气；流速 1.0 ml/min；进样口温度 300℃；升温程序：80℃保持 0.8 min，25℃/min 速率升至 140℃，保持 1 min，10℃/min 速率升至 260℃，保持 5 min。质谱为全扫描模式(m/z 50 ~ 450)。

1.5 土壤微生物磷脂脂肪酸分析

土壤磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acid, PLFA)参照 Frostegard 等^[16]方法，主要步骤如下：称取 3.00 g 冷冻干燥的土样，加入柠檬酸缓冲液、氯仿和甲醇，漩涡振荡 2 h 后离心，收集上清液后重复提取一次。合并的上清液隔夜静置后转移下层氯仿相，氮气吹干；采用 SPE 柱(Supelco Inc., Bellefonte, PA, USA)纯化样品，依次加入氯仿和丙酮洗中性脂和糖脂，然后用甲醇洗磷脂，收集物氮气吹干，加内标；加甲醇甲苯混合液($v_{\text{甲醇}}:v_{\text{甲苯}}=1:1$)，溶解磷脂，再加氢氧化钾甲醇溶液进行甲酯化后，加入正己烷氯仿混合液($v_{\text{正己烷}}:v_{\text{氯仿}}=4:1$)、醋酸以及去离子水振荡

分离 10 min, 离心后转移上层有机相到小号试管中。重复提取一次, 合并有机相, 氮气吹干。−20℃ 冷冻保存, 在上机测定前用 150 μ l 正己烷溶解。采用安捷伦 6890N 气相色谱对提取的 PLFA 进行测定, MIDI Sherlocks 微生物鉴定系统(MIDI, Inc., Newark, DE)进行 PLFA 鉴定。

脂肪酸命名采用 Petersen 等^[17]方法。所有检测到的脂肪酸总量为土壤 PLFA 含量。根据以往文献的分类方法, 对 PLFA 进行分类^[16,18]。其中, 15:00、i15:0、a15:0、i16:0、17:00、i17:0、a17:0、cy17:0、cy19:0 ω 8c、16:1 ω 7c、18:1 ω 5c、18:1 ω 7c 以及 17:1 ω 8c 代表细菌; 10Me16:0、10Me17:0 以及 10Me18:0 代表放线菌; 18:2 ω 6,9c 及 18:1 ω 9c 代表真菌; 16:1 ω 5c 代表 AMF。

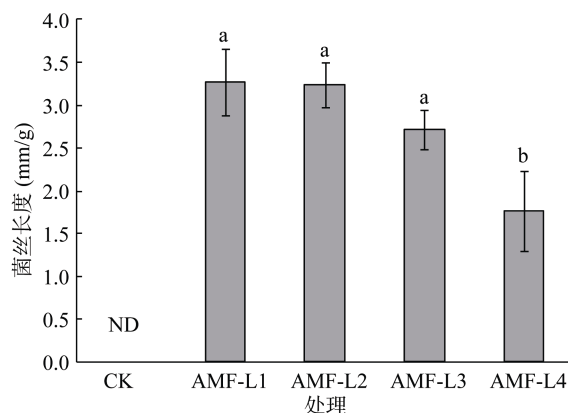
1.6 数据处理与统计分析

采用 SPSS18.0 统计软件进行数据处理, Duncan 单因素方差分析比较各处理之间的差异显著性 ($P < 0.05$)。利用 Pearson 相关系数分析菌丝长度及不同种群微生物量与土壤 PCBs 含量之间的相关关系。使用 CANOCO 4.5.1 软件(Microcomputer Power, Ithaca, USA), 以不同 PLFA 含量作为微生物物种数据对微生物群落结构进行主成分分析(principle component analysis, PCA)。

2 结果与分析

2.1 AMF 菌丝长度及生物量

植株生长 40 天收获, 接种菌根的处理其菌根感染率为 $56\% \pm 8\%$, 但是南瓜生物量与对照相比并没有显著差异。对照处理的菌丝室中没有检测出 AMF 菌丝, 与之相比, 接种 AMF 的处理中 AMF 菌丝成功穿越隔空间隙入侵菌丝室。接种 AMF 处理菌丝室不同土层菌丝长度为 1.77 ~ 3.27 mm/g 干土, 其中 L1 ~ L3 土层显著高于最外端的 L4 土层($P < 0.05$, 图 2), 说明菌丝在土壤中的分布也随着距离的增加而逐渐减少, 有利于形成菌丝及分泌物浓度梯度进而加以研究。以 AMF 特征脂肪酸 16:1 ω 5c 作为土壤 AMF 生物量指标, 结果表明对照处理的菌丝室中也能检测出 AMF(图 3), 其可能有两个方面的原因, 一是本研究所采用的土壤并未经过灭菌, 其中可能含有一定数量的 AMF 孢子; 另一方面则与 PLFA 的特异性有关, 有研究表明 16:1 ω 5c 不仅在 AMF 中出现, 在一些革兰氏阴性细菌中也有可能检出^[19]。在接种 AMF 处理中, 最靠近尼龙网的 L1 及 L2 土层 AMF 的 PLFA 生物量显著高于 L4 土层($P < 0.05$)。除 L1 土层外, 其他土层 AMF 的 PLFA 生物量与对照相比均没有显著差异。



(柱图上方不同小写字母表示处理间差异在 $P < 0.05$ 水平显著, 下同)

图 2 土壤 AMF 菌丝长度

Fig. 2 Length of soil AMF hypha

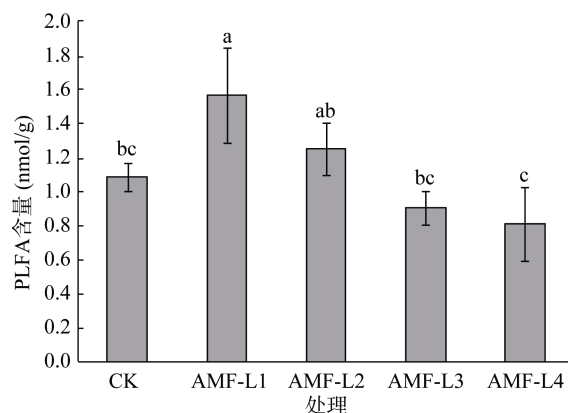


图 3 土壤 AMF 的 PLFA 生物量

Fig. 3 PLFA biomass of soil AMF

2.2 土壤微生物 PLFA 含量及群落结构

土壤总 PLFA 以及不同种群微生物 PLFA 含量见图 4。结果表明, 接种 AMF 对菌丝室土壤微生物量具有促进作用, 其中 L1 土层土壤微生物 PLFA 总量显著高于对照及其他土层($P < 0.05$), L2 土层微生物

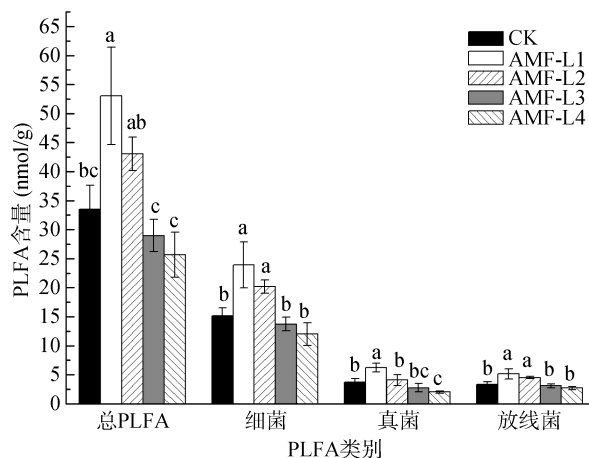


图 4 不同土层土壤 PLFA 含量

Fig. 4 Soil PLFA concentrations in different soil layers

PLFA 总量虽然显著高于 L3 及 L4 土层($P<0.05$),但是与对照相比没有显著差异。L1 及 L2 土层细菌及放线菌 PLFA 生物量显著高于对照和 L3 及 L4 土层($P<0.05$),而对于真菌 PLFA 生物量,仅 L1 土层显著高于对照及其他土层,同时 L4 土层显著低于对照($P<0.05$)。AMF 可以通过向土壤输送来自宿主植物的高能碳水化合物如氨基酸等从而促进菌根际微生物生物量,如 Secilia 等^[20]发现侵染了 AMF 的羊草根际细菌生物量远远高于没有接种菌根的对照。

不同土层土壤微生物群落结构的主成分分析结果表明,第一和第二主成分共解释了微生物群落结构 92.8% 的变异,其中主成分一解释了全部变异的 84.9%(图 5)。不同土层在主成分一上具有差异,接种 AMF 处理 L1 土层在主成分一正轴方向上与对照

具有明显区分,L2 与 L1 土层群落结构较为相近。接种 AMF 的处理不同土层之间也有明显差异,L1 与 L2 土层群落结构与 L3 和 L4 土层明显区别,而 L3 与 L4 土层则与对照没有差异。AMF 可以通过直接或间接的方式影响菌丝际土壤微生物群落结构。直接方式包括输入不同种类碳水化合物、改变菌根际土壤 pH、与微生物竞争养分以及分泌化合物刺激或抑制其他微生物;间接方式则主要是由于 AMF 侵染后导致的植物生长、根系分泌物以及土壤结构改变等^[21]。尽管有研究表明,AMF 对土壤微生物群落影响的质量效应(分泌物的组成)要大于数量效应(菌丝量)^[22],但本研究中由于只有一种 AMF,由此可见 AMF 对不同土层微生物群落的影响主要是由于不同的菌丝量以及菌丝分泌物量造成的。

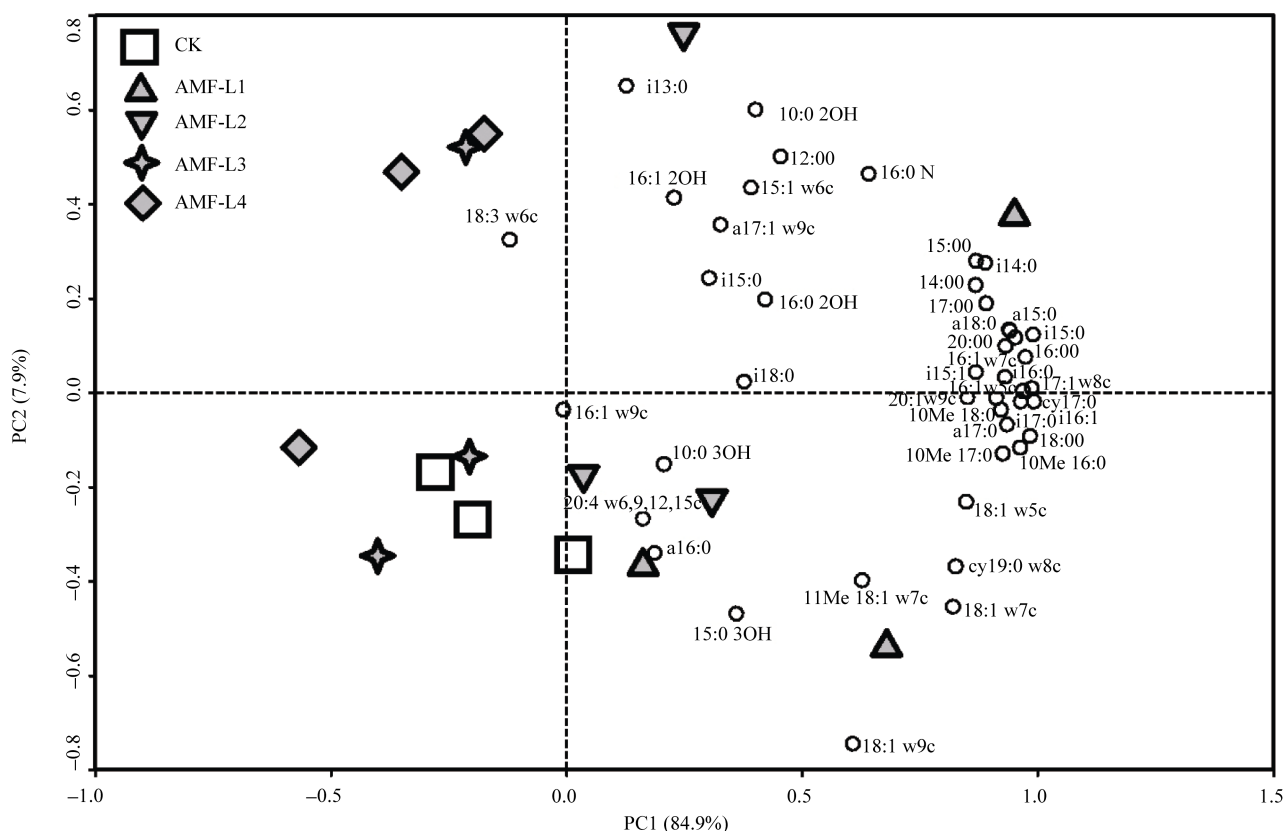


图 5 不同土层土壤微生物群落结构

Fig. 5 Soil microbial community compositions in different soil layers

2.3 土壤 PCBs 含量

不同土层 PCBs 含量分析结果表明,土壤中 PCBs 以三氯代和四氯代联苯类化合物为主(表 1)。在接种 AMF 的处理中,不同土层二氯联苯含量与对照相比没有显著差异,但 L4 土层中二氯联苯含量显著高于 L1 和 L3 土层($P<0.05$)。AMF 菌丝对土壤 PCBs 降解,特别是三氯和四氯联苯的降解具有促进作用。接种 AMF 处理 L1 及 L2 土层中三氯联苯含量显著低于对

照($P<0.05$),L3 及 L4 土层中三氯联苯含量也有降低趋势,尽管与对照相比差异不显著。所有 4 个土层 L1 ~ L4 其四氯联苯含量均显著低于对照,其中 L1 土层显著低于 L4 土层四氯联苯含量($P<0.05$)。不同土层与对照相比,五氯联苯含量没有显著差异,其中 L1 和 L4 土层没有检出五氯联苯。综合来看,接种 AMF 处理的菌丝室土壤 PCBs 降解率均显著高于对照(17.31%),其中 L1(57.39%)及 L2(47.36%)土层显著

高于 L4(35.67%)土层($P<0.05$)。Pearson 相关分析结果表明,土壤 AMF 菌丝长度与三氯联苯、四氯联苯以及 PCBs 总量呈极显著负相关($P<0.01$),而 AMF 的 PLFA 生物量则与三氯联苯含量呈显著负相关($P<0.05$,表 2)。分析认为,菌丝以及菌丝分泌物可以创造有利于 PCBs 降解菌的生态位,从而使菌根际维持较高的微生物种群密度和生理活性,促进污染物的共代谢^[23]。

表 1 土壤中 PCBs 残留浓度
Table 1 Concentrations of soil residue PCBs

处理	二氯联苯 (mg/kg)	三氯联苯 (mg/kg)	四氯联苯 (mg/kg)	五氯联苯 (mg/kg)	Σ PCBs (mg/kg)
CK	0.80 ± 0.29 ab	4.92 ± 0.27 a	6.39 ± 0.33 a	0.29 ± 0.26 a	12.40 ± 0.73 a
AMF-L1	0.39 ± 0.07 b	2.41 ± 0.84 c	3.59 ± 0.38 c	ND	6.39 ± 0.51 d
AMF-L2	0.58 ± 0.06 ab	3.20 ± 0.46 bc	4.01 ± 0.31 bc	0.11 ± 0.18 a	7.90 ± 0.99 c
AMF-L3	0.51 ± 0.03 b	3.89 ± 0.53 ab	4.01 ± 0.24 bc	0.15 ± 0.25 a	8.56 ± 0.59 bc
AMF-L4	1.03 ± 0.45 a	4.09 ± 0.63 ab	4.53 ± 0.30 b	ND	9.65 ± 0.49 b

注:表中数据为 3 个重复的平均值 ± 标准差;同列不同小写字母分别表示处理间差异在 $P<0.05$ 水平显著;ND 表示未检出。

表 2 土壤 AMF 菌丝长度及 PLFA 生物量与 PCBs 含量的 Pearson 相关分析

Table 2 Pearson's correlation between soil AMF biomass and PCBs concentrations

	菌丝长度	16:1ω5c
二氯联苯	-0.425	-0.365
三氯联苯	-0.793**	-0.605*
四氯联苯	-0.938**	-0.200
五氯联苯	-0.390	-0.070
Σ PCBs	-0.923**	-0.437

注:*,** 分别表示在 $P<0.05$ 、 $P<0.01$ 水平显著,下同。

2.4 土壤微生物种群与 PCBs 含量的相关性

AMF 菌丝的存在能够通过影响土壤微生物群落,继而对 PCBs 的降解产生影响^[7],因此本研究利用 Pearson 相关分析研究不同微生物种群对 PCBs 降解的影响,以探索其促降解机理。分析结果表明,土壤中二氯联苯含量仅与真菌脂肪酸 18:1ω9c 显著相关($P<0.05$),而三氯联苯含量与除 18:1ω9c 之外的土壤主要微生物种群 PLFA 均显著相关($P<0.05$),其中与细菌脂肪酸 15:00、17:00、i15:0、i17:0、a15:0、16:1ω7c、17:1ω8c、cy17:0,真菌脂肪酸

表 3 土壤微生物种群与 PCBs 同系物的 Pearson 相关分析
Table 3 Pearson correlations between soil microbial groups and PCBs congeners

PLFAs	二氯联苯	三氯联苯	四氯联苯	五氯联苯	Σ PCBs
15:00	-0.275	-0.734**	-0.365	-0.146	-0.572*
17:00	-0.456	-0.700**	-0.498	-0.310	-0.661**
i15:0	-0.370	-0.651**	-0.312	-0.165	-0.523*
i16:0	-0.402	-0.621*	-0.327	-0.183	-0.522*
i17:0	-0.415	-0.648**	-0.328	-0.165	-0.536*
a15:0	-0.371	-0.663**	-0.321	-0.156	-0.532*
a17:0	-0.424	-0.569*	-0.248	-0.166	-0.461
16:1ω7c	-0.367	-0.719**	-0.338	-0.091	-0.560*
17:1ω8c	-0.449	-0.735**	-0.390	-0.278	-0.621*
18:1ω5c	-0.441	-0.631*	-0.190	0.022	-0.448
18:1ω7c	-0.507	-0.540*	-0.258	0.019	-0.448
cy17:0	-0.413	-0.669**	-0.242	-0.117	-0.498
cy19:0ω8c	-0.488	-0.592*	-0.409	-0.188	-0.562*
16:1ω5c	-0.365	-0.605*	-0.200	-0.070	-0.437
18:2ω6,9c	-0.318	-0.757**	-0.405	-0.187	-0.612*
18:1ω9c	-0.520*	-0.346	0.017	0.153	-0.214
10Me 16:0	-0.474	-0.652**	-0.356	-0.146	-0.558*
10Me 17:0	-0.442	-0.575*	-0.237	-0.200	-0.464
10Me18:0	-0.436	-0.631*	-0.363	-0.247	-0.555*

18:2 ω 6, 9c 以及放线菌脂肪酸 10Me 16:0 等呈极显著相关($P<0.01$, 表 3)。土壤四氯及五氯联苯含量与主要微生物种群 PLFA 没有相关性。由此可见, AMF 菌丝际微生物群落对土壤三氯联苯降解的贡献较大, 而细菌在三氯联苯降解中发挥着重要作用。土壤 PCBs 总量与多种细菌脂肪酸也显著相关, 其中与 17:00 极显著相关($P<0.01$)。此外, 土壤 PCBs 总量还与真菌脂肪酸 18:2 ω 6, 9c 以及放线菌脂肪酸 10Me 16:0、10Me 18:0 显著相关($P<0.05$)。已有研究表明, 土壤细菌及真菌都具有较强的 PCBs 降解能力, 其中土壤细菌如革兰氏阴性的 *Burkholderia*、*Pseudomonas*、*Sphingomonas* 以及革兰氏阳性的 *Rhodococcus*、*Corynebacterium*、*Bacillus* 等都已经广泛报道^[24-25]。真菌中如白腐真菌可以通过分泌一些木质素降解酶、铁锰氧化酶以及过氧化物酶等来降解 PCBs, 但是大多只能针对低浓度的 PCBs^[26]。目前关于放线菌对 PCBs 的降解的报道还不多见, 尽管 AMF 菌丝影响放线菌生物量, 并与土壤三氯联苯及总 PCBs 含量显著相关, 但由于 PLFA 技术的局限性, 在环境样品中无法辨识特定微生物种类, 因此关于放线菌与 PCBs 降解的关系及其机理仍有待于进一步研究。

3 结论

1) AMF 菌丝通过菌丝分泌物促进菌丝际土壤微生物 PLFA 生物量, 并改变了土壤微生物群落结构; AMF 菌丝通过促进土壤三氯及四氯联苯降解率, 显著提高了土壤总 PCBs 降解率。

2) 菌丝际土壤细菌、真菌及放线菌均对土壤三氯联苯降解具有重要贡献, 继而促进土壤总 PCBs 的降解, 其中细菌发挥作用巨大。由此可见, AMF 在 PCBs 污染土壤生物修复过程中可以发挥生物强化的重要作用, 具有良好的应用前景。今后可以从分子水平上利用高通量测序手段进一步研究菌丝对土壤 PCBs 降解的影响, 揭示其主要微生物种类, 为调控 AMF 修复提供理论依据。

参考文献：

[1] 王学彤, 李元成, 张媛, 缪绎, 孙阳昭, 吴明红, 盛国英, 傅家谟. 电子废弃物拆解区农业土壤中多氯联苯的污染特征[J]. 环境科学, 2012, 33(2): 587-591

[2] World Health Organization / International Programme on Chemical Safety. Environmental Health Criteria 70: Principles for the Safety Assessment of Food Additives and Contaminants in Food[M]. Geneva: World Health Organization, 1987

[3] 李秀芬, 滕应, 骆永明, 李振高, 潘澄, 张满云, 宋静. 多氯联苯污染土壤的紫云英-根瘤菌联合修复效应[J]. 土壤, 2013, 45(1): 105-110

[4] Valle MD, Jurado E, Dachs J, Sweetman AJ, Jones KC. The maximum reservoir capacity of soils for persistent organic pollutants: implications for global cycling[J]. Environmental Pollution, 2005, 134: 153-164

[5] Klironomos JN, McCune J, Hart M, Neville J. The influence of arbuscular mycorrhizae on the relationship between plant diversity and productivity[J]. Ecology Letters, 2000, 3: 137-141

[6] Smith SE, Read DJ. Mycorrhizal Symbiosis[M]. London, UK: Academic Press, 2010

[7] 滕应, 骆永明, 高军, 李振高. 多氯联苯污染土壤菌根真菌-紫花苜蓿-根瘤菌联合修复效应[J]. 环境科学, 2008, 29(10): 2 925-2 930

[8] 李秋玲, 凌婉婷, 高彦征, 李福春, 熊巍. 丛枝菌根对有机污染土壤的修复作用及机理[J]. 应用生态学报, 2006, 17(11): 2 217-2 221

[9] 杨婷, 林先贵, 胡君利, 张晶, 吕家珑, 王一明, 王俊华. 发酵牛粪和造纸干粉对多环芳烃污染土壤菌根修复的影响[J]. 环境科学学报, 2011, 31(1): 144-149

[10] Toljander JF, Lindahl BD, Paul LR, Elfstrand M, Finlay RD. Influence of arbuscular mycorrhizal mycelial exudates on soil bacterial growth and community structure[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2007, 61: 295-304

[11] Nuccio EE, Hodge A, Pett-Ridge J, Herman DJ, Weber PK, Firestone MK. An arbuscular mycorrhizal fungus significantly modifies the soil bacterial community and nitrogen cycling during litter decomposition[J]. Environmental Microbiology, 2013, 15: 1 870-1 881

[12] 张玉凤, 冯固, 李晓林. 丛枝菌根真菌对三叶草根系分泌的有机酸组分和含量的影响[J]. 生态学报, 2003, 23(1): 30-37

[13] Giovannetti M, Mosse B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots [J]. New Phytologist, 1980, 84: 489-500

[14] Schreiner RP, Mihara KL, McDaniel H, Bethlenfalvay GJ. Mycorrhizal fungi influence plant and soil functions and interactions[J]. Plant and Soil, 1997, 188: 199-209

[15] Qin H, Brookes PC, Xu JM. *Cucurbita* spp. and *Cucumis sativus* enhance the dissipation of polychlorinated biphenyl congeners by stimulating soil microbial community development[J]. Environmental Pollution, 2014, 184: 306-312

[16] Frostegard A, Baath E, Tunlio A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis [J]. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25(6): 723-730

[17] Petersen SO, Klug MJ. Effects of sieving, storage, and incubation temperature on the phospholipid fatty acid profile of a soil microbial community[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1994, 60: 2 421-2 430

[18] Moore-Kucera J, Dick RP. PLFA Profiling of microbial community structure and seasonal shifts in soils of a

- Douglas-fir chronosequence[J]. Microbial Ecology, 2008, 55: 500–511
- [19] Zelles L. Phospholipid fatty acid profiles in selected members of soil microbial communities[J]. Chemosphere, 1997, 35: 275–294
- [20] Secilia J, Bagyaraj DJ. Bacteria and actinomycetes associated with pot cultures of vesicular arbuscular mycorrhizas[J]. Canadian Journal of Microbiology, 1987, 33: 1 069–1 073
- [21] Johansson JF, Paul LR, Finlay RD. Microbial interactions in the mycorrhizosphere and their significance for sustainable agriculture[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2004, 48: 1–13
- [22] Andrade G, Mihara KL, Linderman RG, Bethlenfalvay GJ. Bacteria from rhizosphere and hyphosphere soils of different arbuscular-mycorrhizal fungi[J]. Plant and Soil, 1997, 192: 71–79
- [23] 刘魏魏, 尹睿, 林先贵, 张晶, 陈效民, 李占胜, 李烜桢, 肖艳萍. 多环芳烃污染土壤的植物-微生物联合修复初探[J]. 土壤, 2010, 42(5): 800–806
- [24] Field JA, Sierra-Alvarez R. Microbial transformation and degradation of polychlorinated biphenyls[J]. Environmental Pollution, 2008, 155: 1–12
- [25] Furukawa K. Biochemical and genetic bases of microbial degradation of polychlorinated biphenyls (PCBs)[J]. Journal of General and Applied Microbiology, 2000, 46: 283–296
- [26] 陈雄, 李辉信, 李方卉, 张振, 胡锋, 徐莉. 多氯联苯污染土壤原位修复技术研究进展[J]. 环境化学, 2014, 33(3): 397–403

Effects of Arbuscular Mycorrhizal Fungal Hyphae on Soil Microbial Community Composition and Polychlorinated Biphenyls Degradation

QIN Hua^{1,2}, BAI Jian-feng¹, XU Qiu-fang², LI Yong-chun²

(1 Shanghai Cooperative Centre for WEEE Recycling, Shanghai Second Polytechnic University, Shanghai 201209, China;

2 School of Environmental and Resource Sciences, Zhejiang A&F University, Lin'an, Zhejiang 311300, China)

Abstract: To investigate the effect of arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) hyphae on remediation of polychlorinated biphenyls (PCBs) contaminated soils and its related mechanisms, an illumination incubation experiment was conducted by using the rhizobox system to separate plant root and AMF hyphae. The experiment included a treatment inoculated with *Glomus mosseae* and a non-mycorrhizal control, using *Cucurbita pepo* L. as test plant. The soil in hyphal compartment was separated into 4 horizontal layers, which were used for PCBs and phospholipid fatty acid (PLFA) analysis. The results indicated that AMF hyphae could penetrate the nylon mesh and the hyphal length decreased with the increased distance from nylon mesh. PCBs dissipation rates in different soil layers of the AMF inoculated treatment ranged from 35.67%–57.39%, and were significantly higher than that in the control (17.31%, $P<0.05$). Soil Tri-, Tetra-chlorinated biphenyls and total PCBs concentrations were found significantly and negatively correlated with soil hyphal length ($P<0.01$). Soil microbial PLFA biomass, especially bacterial biomass, negatively correlated with soil tri-chlorinated biphenyls contents significantly ($P<0.05$). This study suggested that the AMF hyphae can promote the remediation of PCBs contaminated soil by increasing microbial biomass and by altering microbial community composition in the hyphosphere soil.

Key words: Arbuscular mycorrhizal fungi; Rhizobox; *Cucurbita pepo* L.; Polychlorinated biphenyls; Phospholipid fatty acid