

攀枝花矿渣场重金属污染对土壤微生物学指标的影响

陈朝琼*, 严平, 魏敏, 李旭东, 廖银章

(1. 成都医学院, 四川成都 610083; 2. 西南民族大学化学与环境保护学院, 四川成都 610041; 3. 中国科学院成都生物所, 四川成都 610041)

摘要 通过野外采集土样及测定, 研究了攀枝花矿渣场重金属污染对土壤微生物指标的影响。结果表明, 与对照土壤相比, 矿渣场土壤微生物参数发生了明显的改变, 微生物呼吸速率减弱, 生物量降低, 生理生态参数 C_{mic}/C_{org} 下降, qCO_2 值明显升高; 脱氢酶活性表现为抑制作用。反映出的微生物学特征可作为矿渣场土壤环境质量变异的有效指标。

关键词 重金属污染; 土壤酶活性; 微生物学指标

中图分类号 X53 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2007)18-05504-03

Effect of the Heavy Metal Pollution on Microbial Indicators in Soil of Panzhihua Slag Heap

CHEN Zhao-qiong et al (Chengdu Medical College, Chengdu, Sichuan 610083)

Abstract Microbial indicators in soil of Panzhihua Slag Heap were studied. The results indicated that the Slag Heap soil contained obviously different microbial characteristics, namely, lower in microbial basal respiration strength, in microbial biomass and C_{mic}/C_{org} , but higher in microbial ecophysiological parameters (qCO_2), compared with the comparison soils. The results also showed that Slag Heap soil enzyme activities were at large degree inhibited by heavy metal pollution, while dehydrogenase, urease and acid phosphatase activities were obviously decreased compared with the comparison soil. All of those showed the soil microbial characteristics can be used as the effective indicators of mining soil environment quality.

Key words Heavy metal pollution; Soil enzyme activity; Soil microbial indicator

攀枝花地区是以矿业开发建立起来的新兴工业城市。几十年的开发建设, 使该区经济发展迅速, 但同时引发出的环境问题也比较严重, 如土地破坏、土壤污染、水体污染、生态环境恶化等^[1], 其中矿渣场对土壤以及原有生态系统的破坏尤为严重。

目前, 有关攀枝花矿区土壤重金属含量的调查和评价研究较多^[2], 但用微生物指标来评价重金属对矿区土壤影响的研究较少。土壤中的微生物与重金属含量相比, 更能直接反映重金属污染对土壤质量的影响。土壤中的微生物对重金属污染有极高的敏感性, 重金属污染能明显影响土壤酶活性、微生物生物量、微生物商、代谢商等微生物学参数^[3]。据此, 笔者通过对攀枝花矿渣场重金属污染土壤进行采样和微生物学指标的测定, 旨在探索重金属污染与土壤微生物学指标的内在联系, 为污染土壤的质量评价、生物治理及环境修复提供理论依据。

1 研究方法

1.1 土壤样品的采集 采样点位于以钢铁采矿冶炼为主的攀枝花弄弄坪区矿渣场。渣堆顶部有草丛和人工种植的剑兰, 堆体有很薄的土壤覆盖, 没有植物。该研究选取3个采样点, 即堆体土壤、堆顶草丛根际土壤和对照土壤(矿渣场非渣堆土壤), 编号分别为1、2、3。每个取样点按S型路线采集混合土样, 采样深度为0~20 cm, 土壤样品装入无菌纸袋, 立即带回实验室。将一部分新鲜土壤研磨过1 mm筛, 将土壤调节至适宜含水量, 置于无菌纸袋中, 0~4℃保存, 供测试土壤酶活性和微生物用; 另一部分土壤风干后用来测定土壤基本理化性质和重金属含量。

1.2 土壤基本理化性质和重金属含量 土壤基本理化性质按常规分析方法测定, 土壤总Cu、Mn、Pb、Cd、N、Co采用王水

-高氯酸消化法消化, 原子吸收分光光度法(北京普析通用仪器有限公司, TAS-986型)测定。

1.3 土壤微生物区系测定 细菌、真菌、放线菌采用平板培养法。细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基, 放线菌采用改良高氏1号培养基, 真菌采用马丁氏培养基。

1.4 土壤酶活性的测定 土壤脲酶活性测定采用靛酚蓝比色法, 土壤蔗糖酶活性测定采用3,5-二硝基水杨酸比色法, 土壤酸性磷酸酶活性测定采用磷酸苯二钠比色法, 土壤脱氢酶活性测定采用三苯基四氮唑氯化物(TTC)比色法。

1.5 土壤基础呼吸 采用密闭培养碱液吸收滴定法测定^[4], 称取20 g新鲜土样于500 ml培养瓶中, 并将土壤均匀地平铺于底部, 将一只25 ml小烧瓶放在培养瓶内的土壤上, 然后吸取1 mol/L的NaOH溶液10 ml放入其中, 将培养瓶加盖密封, 于28℃恒温培养1个月, 每隔24 h取出测定CO₂的释放量。同时作空白对照。

1.6 土壤微生物生物量的测定 采用氯仿熏蒸K₂SO₄提取法^[5], 提取液中的有机碳用总有机碳自动分析仪测定(Shimadzu, TOC-500), 氯仿熏蒸土壤和未熏蒸土壤提取的有机碳测定值之差(Fc), 除以转换系数(0.45), 即得土壤微生物生物量碳含量(C_{mic} , ng/kg), 即: $C_{mic} = Fc / 0.45$ 。

2 结果与分析

2.1 矿渣场土壤基本理化性质与污染概况 某一种重金属元素的污染情况, 可用公式 $C_{f,i} = C_{A,i} / C_{N,i} - 1$ 计算, $C_{A,i}$ 表示的是第i个元素的分析值(样品中的浓度); $C_{N,i}$ 表示环境中元素浓度的允许上限, 一般为土壤环境质量标准。污染因子大于0, 表示该元素超标(发生污染), 污染因子越大, 该元素的污染程度越严重; 污染因子小于0, 表示该元素未超标, 污染因子越小, 环境质量状况越好。

矿渣场土壤基本理化性质、土壤重金属含量与污染因子[选择土壤环境质量一级标准(GB 15618-1995)计算]如表1、2所示。由表2可知, 3个样品各金属元素污染因子均大于0(3号Cu除外), 重金属污染程度表现为堆体土壤(1号) > 堆顶草丛根际土壤(2号) > 对照土壤(3号)。对照土壤是矿渣场

基金项目 成都医学院院管基金。

作者简介 陈朝琼(1979-), 女, 四川宜宾人, 硕士, 助教, 从事卫生检验的教学和研究工作。

收稿日期 2007-02-19

非渣堆土壤,由于矿渣场空气、水质的污染,也使对照土壤受到不同程度的污染。各金属元素污染程度表现为: $Cd > Pb > N > Cu$ 。Co 和 Mn 没有土壤环境质量标准,但 Co、Mn 的含量高,最高含量分别为43.33、3 563.33 ng/kg,因此 Co 和 Mn 对矿渣场土壤质量的影响还有待进一步探讨。

表2 土壤重金属含量与污染因子分析

土样号	重金属含量 ng/kg					土壤污染因子						
	Cu	Pb	Co	Cd	Mn	N	Cu	Pb	Co	Cd	Mn	N
1	100.00	583.53	43.33	6.67	3 563.33	286.67	1.86	15.67	-	30.85	-	6.17
2	63.33	553.33	30.00	3.33	3 053.33	223.33	0.81	14.81	-	15.65	-	4.58
3	23.33	246.67	20.00	0.67	1 636.67	73.33	- 0.33	6.05	-	2.35	-	0.83

注:“-”表示没有土壤环境质量标准。

2.2 污染土壤微生物区系的变化 土壤细菌、放线菌、真菌是土壤生态系统中微生物的主要组成部分,对土壤中的动植物残体和土壤有机质及其有害物质的分解、生物化学循环和土壤结构的形成过程起着重要的调节作用,是维持土壤质量的重要组成部分^[3]。在重金属污染环境下微生物区系的演变是反映土壤环境质量变化的重要生物学指标。

由表3可见,土壤细菌、放线菌、真菌数量均表现为对照土壤(矿渣场非渣堆土壤,3号) > 堆顶草丛根际土壤(2号) > 堆体土壤(1号);与对照土壤(3号)相比,堆体土壤(1号)的细菌、放线菌、真菌数量分别下降94.89%、83.33%、33.33%,堆顶草丛根际土壤(2号)细菌、放线菌、真菌数量分别下降88.57%、80.70%、23.33%。结果表明重金属污染对土壤微生物的生长有明显的抑制作用,对重金属污染的敏感性表现为细菌 > 放线菌 > 真菌。真菌的数量变幅不大,这可能与作为初级真核生物的真菌对环境的适应力和抗逆性要强于细菌和放线菌这些原核生物有关。

表3 土壤微生物数量

土样号	真菌菌落数	放线菌菌落数	细菌菌落数
	$\times 10^3 \uparrow/g$	$\times 10^4 \uparrow/g$	$\times 10^6 \uparrow/g$
1	0.20	0.45	0.25
2	0.23	0.92	0.56
3	0.30	2.70	4.90

2.3 土壤酶活性 土壤脲酶直接参与土壤中含N有机化合物的转化,其活性强度常用来表征土壤N,而土壤中蔗糖酶直接参与土壤C素循环,酸性磷酸酶酶促作用能加速土壤有机磷的脱磷速度,从而提高磷的有效性和供应强度。

表4 土壤酶活性

土样号	脲酶 NH_4-N	蔗糖酶	酸性磷酸酶	脱氢酶
	ng/g	ng/g	ng/100g	ng/g
1	4.97	1.86	2.73	0.09
2	5.99	1.91	4.12	0.23
3	6.89	1.99	5.24	0.42

表4显示,4种土壤酶活性均表现为对照土壤(3号) > 堆顶草丛根际土壤(2号) > 堆体土壤(1号)。重金属污染削弱了土壤中N、C、P 营养素循环。与对照相比,堆体土壤(1号)的脱氢酶活性、酸性磷酸酶活性、脲酶、蔗糖酶活性分别下降了78.57%、47.90%、6.53%、27.86%。脱氢酶活性变化

表1 土壤基本理化性质

土样号	pH 值	有机碳	全氮	C/N 比
		ng/kg	ng/kg	
1	5.02	12 230.00	1 420.44	8.61
2	5.37	13 340.00	1 535.09	8.89
3	6.53	15 100.00	1 620.17	9.32

最大,酸性磷酸酶活性次之,脲酶、蔗糖酶活性变化较小。以脱氢酶活性、酸性磷酸酶活性作为重金属污染的指标更灵敏。

综上所述,重金属污染对矿渣场土壤酶活性的影响多表现为抑制作用。其抑制机理可能与酶分子中的活性部位——巯基和含咪唑的配体等结合,形成较稳定的络合物,产生了与底物的竞争性抑制作用有关,或可能由于重金属通过抑制土壤微生物的生长和繁殖,减少体内酶的合成和分泌,最后导致矿渣场土壤酶活性下降^[6]。不过重金属复合污染对土壤酶活性的复杂交互作用机理以及重金属对酶活性的激活机理目前尚不清楚,尤其在自然条件下重金属复合污染土壤显得更为复杂,有待进一步研究。

2.4 土壤微生物学参数 微生物学参数是监测、评价土壤重金属污染的敏感指标^[3]。土壤微生物参数的变化见图1。

由图1可知,随着污染程度的增加,土壤基础呼吸速率和土壤微生物生物量(SMB)呈降低趋势,这可能是由于矿渣场土壤微生物长期受重金属胁迫,影响了细胞的代谢及功能,引起微生物的生存力和竞争力发生变化而导致种群大小发生改变所致。这与在正常情况下,微生物的呼吸强度与微生物生物量显著正相关一致。值得注意的是,微生物生物量的下降并不意味着土壤中某些种群有灭绝的危险,理论上会有几种更具耐性的种群来填补,从而丰富了微生物生态系统^[7]。所以,仅采用微生物生物量来评价土壤重金属污染具有一定的局限性。

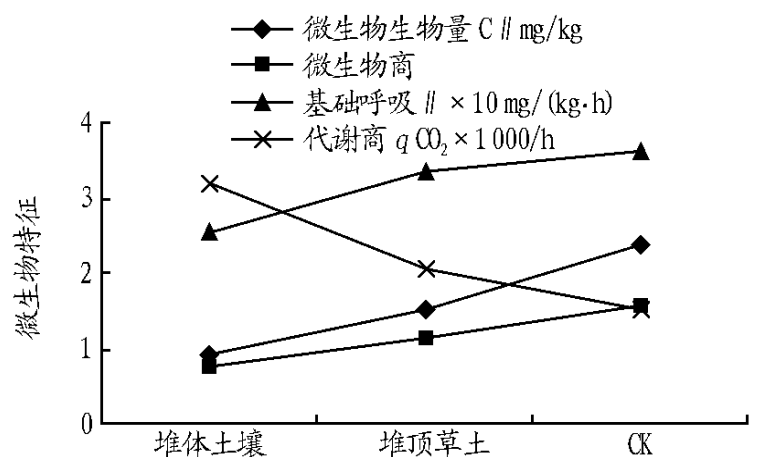


图1 微生物特征的变化

近年来的研究发现2个对重金属较为敏感的土壤微生物生理生态参数^[8]:土壤微生物商和代谢商。土壤微生物商(C_{mic}/C_{org})是指土壤微生物生物量C与总有机C的比值,反映了微生物生物量与土壤有机质含量有紧密的联系。由

于微生物商是一个比值,能够有效地避免在使用绝对量或对不同有机质含量的土壤进行比较时出现的问题,因此,用微生物商作为土壤环境质量的生物学指标比微生物生物量更可靠。代谢商($q\text{CO}_2$)是土壤基础呼吸强度与微生物生物量的比值(R_{mic}/C_{mic}),它将微生物生物量的大小与微生物的活性和功能有机地联系起来,反映了微生物群落生理上的特征,揭示土壤的发生过程、生态演变以及对环境胁迫的反应。从图1可知,与对照土壤相比, C_{mic}/C_{org} 呈下降的趋势,这可能是重金属污染影响微生物群落的大小和微生物对基质的利用,降低了微生物对土壤有机质的矿化率所致。而代谢商 $q\text{CO}_2$ 明显升高,可能是重金属污染的矿渣场土壤使微生物利用更多的有机C用于能量代谢,以 CO_2 的形式释放所引起。

综上所述,矿渣场土壤中存在明显的重金属胁迫现象,微生物的生理活动、代谢能力和群落生态特征发生改变,微生物维持生存需要消耗更多的能源。

3 结论

(1) 矿渣场土壤受到了严重的重金属复合污染。重金属污染对土壤环境质量微生物学指标有较大的影响。矿渣场土壤与对照相比,土壤基础呼吸呈下降趋势,微生物生物量、微生物商(C_{mic}/C_{org})明显地降低,而代谢商($q\text{CO}_2$)显著地提高。同时,污染对土壤酶活性多表现为抑制作用,并以脱氢酶、磷酸酶最为敏感。土壤酶活性的降低,削弱了矿渣场土壤C、N、P素营养的循环和周转。因此,用土壤微生物学指标来表征矿渣场土壤环境质量变异具有一定的可行性,在一

定程度上可反映重金属胁迫下土壤环境质量的演变过程。

(2) 在重金属污染下,土壤的微生物区系组成或结构发生了一定的变化。与对照相比,1、2号土壤的细菌、放线菌及真菌数量均发生不同程度的下降,对重金属的敏感性表现为:细菌>放线菌>真菌,表明重金属污染引起了土壤微生物群落结构的改变。

(3) 与堆体土壤(1号)相比,堆顶草丛根际土壤(2号)的重金属含量降低,土壤微生物指标(微生物生物量、基础呼吸、代谢商、土壤酶活性等)变化小。表明部分植物经过长期进化和自然选择作用,逐渐进化为重金属超积累生态型,形成超积累植物-根际微生物-土壤这样一个特殊的共生体系,对土壤的质量有一定的改进作用,这一特殊性也为超积累植物的寻找提供了新的思路。

参考文献

- [1] 朱礼学. 农业地质与土壤调查[J]. 物探化探计算技术, 2001, 23(3): 24.
- [2] 滕彦国, 倪师军, 张成江, 等. 攀枝花地区不同工业区表层土壤中重金属分布的特征[J]. 物探化探计算技术, 2002, 24(3): 254-262.
- [3] 任天志. 持续农业中的土壤生物指标研究[J]. 中国农业科学, 2000, 33(1): 68-75.
- [4] 许光辉, 郑洪元. 土壤微生物分析方法手册[M]. 上海: 上海科技出版社, 1986: 226-228.
- [5] 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.
- [6] 杨志新, 刘树庆. 重金属Cd、Zn、Pb复合污染对土壤酶活性的影响[J]. 环境科学学报, 2001, 21(1): 60-63.
- [7] TYLER G, BALSBERG PAHLON A M, GILES J, et al. Heavy metal ecology of terrestrial plants, microorganisms and invertebrates: a review[J]. Water, Air and Soil Pollution, 1989, 47: 189-215.
- [8] 王秀丽, 徐建民, 姚槐应, 等. 重金属铜、锌、镉、铅复合污染对土壤环境微生物群落的影响[J]. 环境科学学报, 2003, 23(1): 22-27.