

土壤重金属污染对微生物多样性的影响

王发园 (河南科技大学农学院, 河南洛阳471003)

摘要 综述了土壤重金属污染对微生物多样性的影响,并探讨了未来研究的方向。

关键词 重金属污染;群落多样性;功能多样性;遗传多样性

中图分类号 S154.37 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2008)18-07827-02

Effect of the Soil Heavy Metal Pollution on Microbial Diversity

WANG Fa-yuan (Agricultural College, Henan University of Science and Technology, Luoyang, Henan 471003)

Abstract The effects of the soil heavy metal pollution on microbial diversity were reviewed and the future prospect was discussed briefly.

Key words Soil heavy metal pollution; Community diversity; Functional diversity; Genetic diversity

土壤重金属污染是指由于人类活动将重金属加到土壤中,致使土壤中重金属含量明显高于原有土壤,并造成生态环境质量恶化的现象。有资料表明,我国受重金属污染的农业土地约2500万 hm^2 ,每年被直接污染的粮食达1200万吨^[1]。微生物广泛分布于各种重金属污染土壤中,对于土壤健康、污染土壤的生物修复有重要意义,因此国内外对重金属污染土壤中的微生物多样性开展了大量研究。笔者从微生物群落多样性、功能多样性、遗传多样性等几个方面讨论土壤重金属污染对微生物多样性的影响。

1 土壤重金属污染对微生物群落多样性的影响

许多报道认为,重金属污染在短期内可以降低微生物活性,长期严重污染还可降低微生物数量^[2-3]。重金属污染水平高的土壤中微生物的数量和活性要比未污染土壤低^[2-3]。微生物的数量与土壤Cu、Zn污染的程度显著负相关,添加有机物可显著增加微生物的生物量^[4-5]。在重金属胁迫条件下,微生物用于生长的能量可能被迫转移用于维持细胞功能,这可能是造成生物量降低的一个原因。非生物必需元素Hg、Cd、Pb等的生物毒性更强,污染条件下会降低微生物的数量和种类^[6-8]。

土壤重金属污染一般会影响微生物群落多样性,改变其群落结构。随着重金属污染程度的加剧,一些铅锌银尾矿区的土壤微生物群落结构发生了相应变化^[9]。重金属污染(Zn、Cd、Cu)显著影响土壤微生物群落,氨氧化细菌被完全抑制^[10]。土壤重金属污染可减少真菌生物量、改变真菌群落组成^[11-12]。细菌、真菌和放线菌的数量在受Pb、As、Cd、Cu污染的土壤中有明显的降低^[13]。土壤重金属污染能抑制古细菌的生长,降低其数量,因此对古细菌的多样性不利^[14]。磷脂脂肪酸(PLFA)和16S rRNA基因t-RFLP构型分析显示,重金属污染改变了微生物群落结构,As(III)抗性细菌与As生物有效性呈显著正相关^[15]。

不同微生物对重金属抗性不同,重金属污染势必改变耐性菌和敏感菌的比例。土壤重金属污染能增强微生物对重金属的抗性,使得耐性微生物的数量增加^[16]。随重金属污染程度的增加,根瘤菌(*Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae*)中调节重金属抗性的质粒数目也增加^[17]。Rajard等应用核糖

体基因间区分析(RISA),研究Hg对土壤微生物群落结构的影响,发现敏感菌丧失,耐性菌富集,这使得微生物群落对环境胁迫的适应能力增强^[18]。与未污染土壤相比,重金属污染土壤中革兰氏阴性菌数量比例增加,且荧光假单胞菌的比例至少要高1.5倍^[19]。Kelly等通过PLFA主成分分析发现,不同重金属污染水平下,PLFA构型有显著差异,在较高水平污染条件下,菌根真菌、革兰氏阳性细菌、真菌、放线菌减少,土壤修复后真菌、放线菌、革兰氏阳性细菌增加^[20]。

根瘤菌对重金属较敏感,重金属污染可降低根瘤菌的生长和固氮能力。豌豆根瘤菌的数量在重金属污染较轻的土壤中相当高(10^4 个/g),但随重金属污染程度的加深而降低^[21]。在重金属污染严重的土壤中,根瘤菌数量急剧下降,在酸性污染土壤中已经检测不到根瘤菌的存在^[22]。

土壤重金属污染影响丛枝菌根真菌的数量、多样性和侵染势。丛枝菌根真菌孢子数目、种的丰度和多样性与土壤中重金属污染的程度有关,在污泥实用量中等时有所增加,在大量施用污泥时降低^[23]。在重金属污染的土壤中,丛枝菌根真菌孢子数量要少得多^[24]。重金属对丛枝菌根真菌的毒性与重金属浓度、氧化态、土壤理化性状(如有机质含量、pH、阳离子交换量、粘粒含量、速效磷含量、氧化还原电位等)有关^[25]。

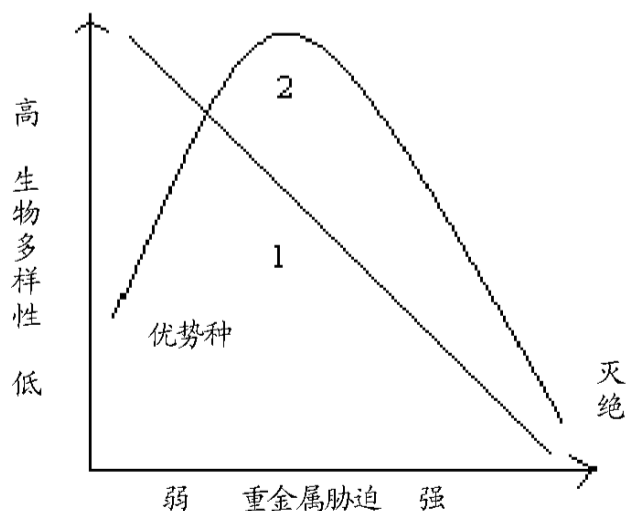


图1 重金属胁迫对某个微生物群落(或种群)多样性的影响^[26]

Fig.1 Effects of heavy metal stress on the diversity of a community (population) of microorganisms

有研究者指出^[26],微生物群落多样性与重金属胁迫存在“驼背”关系(Hump-backed relationships)(图1)。模型1表示随重金属胁迫的增加微生物群落多样性降低;模型2表示当胁迫较弱时,竞争力强的种占据优势,微生物多样性降低,当胁迫增加时,优势种损失竞争优势,更多类型的微生物出现。

当胁迫足够大时,物种灭绝,生物多样性丧失。

重金属对微生物的毒性除了与重金属本身的特性有关外,还与重金属的生物有效性以及微生物对重金属的敏感程度等密切相关^[26]。其次,土壤条件如土壤有机质、pH、 E_h 、粘土含量和铁氧化物含量等多种因素也显著影响重金属对微生物的毒性^[27-28]。

2 土壤重金属污染对微生物功能多样性的影响

土壤重金属污染一般对微生物功能多样性(碳源利用能力)不利。Kelly 和 Tate 利用单一碳源利用能力的分析方法对 Zn 污染下的土壤微生物群落进行了研究,发现 Zn 污染影响土壤微生物的群落结构和功能多样性^[29]。可培养细菌(尤其是生长在假单胞菌选择培养基上的)的数量和微生物碳源利用能力被重金属显著抑制,但细菌落谢荧光计数和脂肪酸构型并不总是被重金属污染改变^[30]。在长期 Cd 污染的土壤中代谢熵(qCO_2)高,碱性磷酸单酯酶、芳基硫酸酯酶、水解酶和蛋白酶活性以及酶活 ATP 比值降低,因而 Cd 污染降低了微生物的代谢效率^[31]。Ellis 等通过平板计数发现,可培养细菌的数量与土壤重金属含量呈负相关,但 16S rDNA-DGGE 分析发现,重金属没有显著影响细菌的遗传多样性,但改变了生理状况^[32]。随重金属污染程度的增加,细菌群落结构改变,细菌所能利用的芳香酸的种类减少了,认为土壤重金属污染更适宜于代谢多样性低的细菌生存,从而降低了细菌群落的代谢多样性^[33-34]。

3 土壤重金属污染对微生物遗传多样性的影响

土壤重金属污染影响微生物的遗传多样性。与未污染土壤相比,微生物 DNA 总量在 Cu、Ni 污染土壤中有所增高,而在 Pb、Zn 和 Cd 污染土壤中有所降低^[35]。Giffiths 等^[36]发现与未污染土壤相比,不同重金属污染土壤中的微生物群落存在差异,尤其是 Cu 污染的土壤。土壤 Hg 污染增加了可培养细菌所占的比例和抗性细菌的数量,增加了抗性细菌的功能多样性,遗传多样性先是迅速下降然后缓慢上升,但没有完全恢复^[37]。Sandaa 等通过斑点杂交发现,重金属污染不同的两种土壤,微生物群落结构没有显著差异;但随着重金属浓度的升高,用探针 ALF1b、CF319a 和 LGcb 分离的种群比例降低,BET42a、GAM42a、SRB385 和 HGC69a 分离的种群比例增加了;RFLP 聚类分析显示,污泥重金属含量高的土壤中细菌多样性指数较高,而克隆文库聚类分析得到相反的结果^[38]。重金属污染土壤中红三叶的根瘤菌无论在表型上还是在遗传型上都与未污染土壤的不同,遗传多样性较高,与重金属浓度的高低没有关系,其对 Cd 和 Zn 的耐性比对照强^[39]。不同程度的重金属(Cu、Zn、Pb、Cd)复合污染明显改变了农田土壤的微生物群落遗传多样性,但与多样性的改变不是简单的负相关关系,最大的多样性指数出现在中等污染程度的土壤中^[40]。

4 研究方向

首先,多数研究者只是对重金属污染影响微生物多样性的作用进行了现象描述,深层次的机理研究还相对缺乏,有必要从群落、个体、分子、基因等不同层次开展相关研究。其次,土壤重金属污染对微生物多样性的影响与多种因素有关,需要进一步研究这些因素之间的相互联系。此外,还应

开发对污染物更敏感的微生物多样性的生物标志物(biomarker)以及相应的研究技术。

参考文献

- [1] 周启星,宋玉芳.污染土壤修复原理与方法[M].北京:科学出版社,2004.
- [2] KUPERMAN R G, CARRERO M M. Soil heavy metal concentrations, microbial biomass and enzyme activities in a contaminated grassland ecosystem [J]. Soil Biol Biochem, 1997, 29: 179-190.
- [3] ROANET M, KELLOGG S T. Characterization of bacterial communities in heavy metal contaminated soils [J]. Can J Microbiol, 1996, 42: 593-603.
- [4] MOFFETT B F, NICHOLSON F A, UWAKWE N C, et al. Zinc contamination decreases the bacterial diversity of agricultural soil [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2003, 43(1): 13-19.
- [5] KUCHARSKI J, WYSZKOWSKA J. Inter-relationship between number of microorganisms and spring barley yield and degree of soil contamination with copper [J]. Hart Soil Environ, 2004, 50(6): 243-249.
- [6] KONOPKA A, ZAKHAROVA T, BSCHOFF M, et al. Microbial biomass and activity in lead contaminated soil [J]. Appl Environ Microbiol, 1999, 65: 2256-2259.
- [7] MULLER A K, WESTERGAARD K, CHRISTENSEN S, et al. The effect of long term mercury pollution on the soil microbial community [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2001, 36: 11-19.
- [8] WANG A, CHEN J, CROWLEY D E. Changes in metabolic and structural diversity of a soil bacterial community in response to cadmium toxicity [J]. Biol Fertil Soils, 2004, 39: 452-456.
- [9] 滕应, 黄昌勇, 骆永明, 等. 铅锌银尾矿区土壤微生物活性及其群落功能多样性研究 [J]. 土壤学报, 2004, 41(1): 113-119.
- [10] GREMION F, CHAZI NOIAS A, KAUFMANN K, et al. Impacts of heavy metal contamination and phytoremediation on a microbial community during a twelve month microcosm experiment [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2004, 48(2): 273-283.
- [11] NORDGREN A, BAATH E, SODERSTROM B. Microfungi and microbial activity along a heavy metal gradient [J]. Appl Environ Microbiol, 1983, 45: 1829-1837.
- [12] NORDGREN A, BAATH E, SODERSTROM B. Soil microfungi in an area polluted by heavy metals [J]. Can J Bot, 1985, 63: 448-455.
- [13] BSESAR S. Effect of heavy metals on microorganisms in soils near a secondary lead smelter [J]. Water Air Soil Pollut, 1982, 17: 305-308.
- [14] SANDAA R A, ENGER O, TORSMIK V. Abundance and diversity of archaea in heavy metal-contaminated soils [J]. Appl Environ Microbiol, 1999, 65: 3293-3297.
- [15] TURPINEN R, KAURESAALO T, HAGBLOM M M. Microbial community structure and activity in arsenic, chromium and copper-contaminated soils [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2004, 47(1): 39-50.
- [16] DIAZ RAMINA M, BAATH E. Development of metal tolerance in soil bacterial communities exposed to experimentally increased metal levels [J]. Appl Environ Microbiol, 1996, 62: 2970-2977.
- [17] GILLER K E. Effects of metal contamination on the abundance and diversity of Rhizium leguminosarum bv. viciae and trifolii [C]// Microbial diversity and function in metal contaminated soils. Final report to EC, contract number. EV5V 0415, 1998: 9-14.
- [18] RANJARD L, NAZARET S, GOURBIERE F, et al. A soil microscale study to reveal the heterogeneity of Hg(II) impact on indigenous bacteria by quantification of adapted phenotypes and analysis of community DNA fingerprints [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2000, 31: 107-115.
- [19] ABAYE D A, LAWLOR K, HIRSCH P R, et al. Changes in the microbial community of an arable soil caused by long-term metal contamination [J]. European Journal of Soil Science, 2005, 56(1): 93-102.
- [20] KELLY J J, HAGBLOM M, TATE R L. Effects of heavy metal contamination and remediation on soil microbial communities in the vicinity of a zinc smelter as indicated by analysis of microbial community phospholipid fatty acid profiles [J]. Biol Fertil Soils, 2003, 38(2): 65-71.
- [21] CHAUDRI A M, MCGRATH S P, GILLER K E, et al. Enumeration of indigenous Rhizium leguminosarum bv. trifolii in soils previously treated with metal-contaminated sewage sludge [J]. Soil Biol Biochem, 1993, 25: 301-309.
- [22] OBBARD J P, SAUERBECK D R, JONES K C. Rhizium leguminosarum bv. trifolii in soils amended with heavy metal contaminated sewage sludges [J]. Soil Biol Biochem, 1993, 25: 227-231.
- [23] DEL VAL C, BAREA J M, AZCON AGUILAR C. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungus populations in heavy metal contaminated soils [J]. Appl Environ Microbiol, 1999, 65: 718-723.

浓度等值线间的间隔由紧密逐渐变的松散,浓度值逐层递减,表明有机污染物逐渐被吸收降解,也反映了对地下水的污染程度与垃圾填埋场的距离成反比,距离垃圾填埋场越远,污染物的浓度越低,因此,根据国家地下水水质标准很容易在等值线图中圈定污染范围。

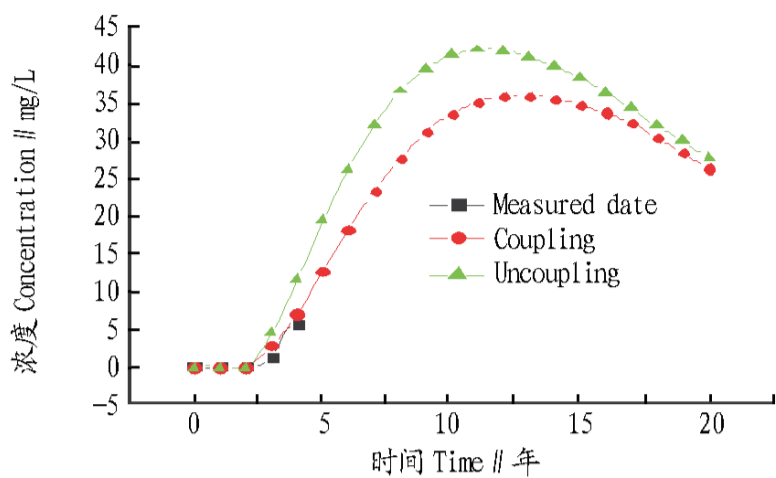


图3 流固耦合非耦合浓度分布曲线

Fig 3 Concentration distribution of fluid-solid coupling and uncoupling

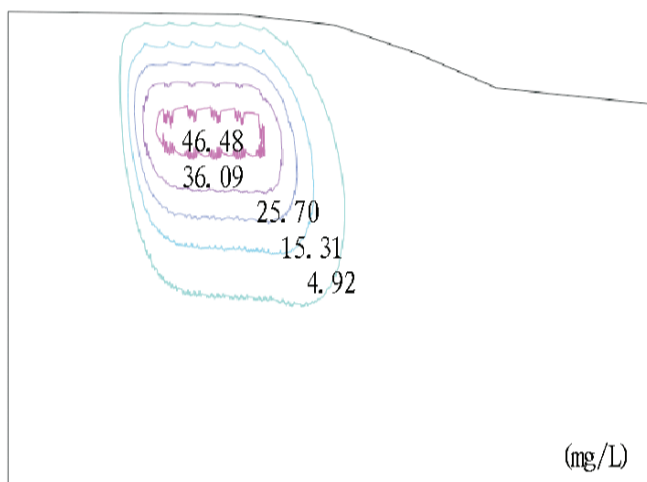


图4 10年有机污染物浓度时空分布

Fig 4 Temporal and spatial distribution of contaminant concentration at the 10th year

5 结论

(1) 通过流固耦合和溶质运移理论,建立了溶质运移流

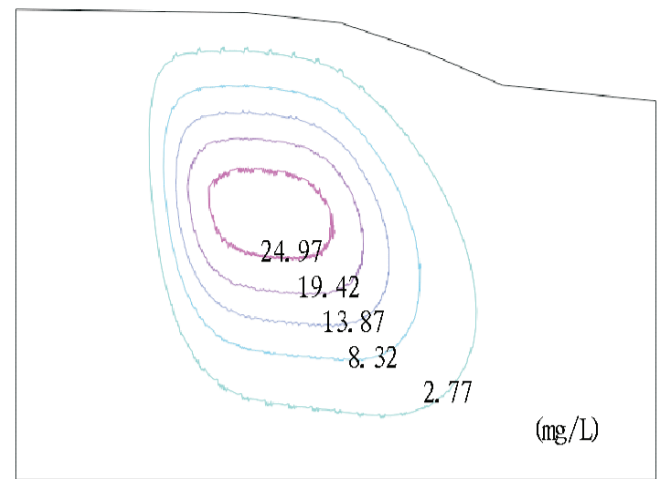


图5 20年有机污染物浓度时空分布

Fig 5 Temporal and spatial distribution of contaminant concentration at the 20th year

固耦合方程,并采用了 Galerkin 方法对方程进行数值求解;通过对渗滤液有机污染物浓度变化数值模拟结果与监测点数据对比分析,其浓度值与检测值基本吻合,从而验证了所建耦合模型的可靠性。

(2) 模拟分析表明,非耦合模型较耦合模型预测浓度值偏大,且浓度值较早出现;衰减曲线的应用,避免了因污染源浓度不变而使预测值偏大失真的可能。

(3) 有机污染物在同一位置的浓度随时间的延续呈逐渐增大而后又逐渐减小的趋势,且污染范围逐渐扩大,这为量化预测、预报研究污染物浓度变化趋势及污染防治措施的采取提供了理论依据。

参考文献

- [1] 赵勇胜,苏玉明,王翊红.城市垃圾填埋场地下水污染的模拟与控制[J].环境科学,2002,12(S1):85-90.
- [2] 刘雷,梁冰,杨勇,薛强.垃圾渗滤液污染的耦合动力学行为及数值模拟[J].岩土力学与工程学报,2005,24(A01):4951-4955.
- [3] 高太忠,黄群贤,李秀荣,等.垃圾渗滤液中污染物在包气带运移模拟实验及预测[J].生态环境,2006,15(5):960-965.
- [4] ZHAO Y C, LIU Y, HUANG RENHUA, et al. Long term monitoring and prediction for leachate concentration in shanghai refuse landfill [J]. Water, Air Soil Pollution, 2000, 122: 281-297.
- [5] 金龙,赵有才.计算机与数学模型在固体废物处理与资源化中的应用[M].北京:化学工业出版社,2006

(上接第7828页)

- [24] DIAZ G, HONRUBIA M. Infectivity of mire soils from southeast Spain. 2. Mycorrhizal population levels in spilt sites [J]. Mycorrhiza, 1993, 4: 85-88.
- [25] ENTRY J A, RYGIWCZ P T, WAIKUD L S, et al. Influence of adverse soil conditions on the formation and function of arbuscular mycorrhizas [J]. Adv Environ Res, 2002, 7: 123-138.
- [26] GILLER K E, WITTE R E, MCGRATH S P. Toxicity of heavy metals to microorganisms and microbial processes in agricultural soils: a review [J]. Soil Biol Biochem, 1998, 30: 1389-1414.
- [27] BABICH H, STOIZKY G. Environmental factors that influence the toxicity of heavy metal and gasoline pollutants to microorganisms [J]. CRC Crit Rev Microbiol, 1980, 8: 99-145.
- [28] BABICH H, STOIZKY G. Heavy metal toxicity to microbe mediated ecologic processes: a review and potential application to regulatory policies [J]. Environ Res, 1985, 36: 111-137.
- [29] KELLY J J, TATE R L. Use BIOLOG for the analysis of microbial communities from Zn-contaminated soil [J]. J Environ Qual, 1998, 27: 600-608.
- [30] ELLIS R J, BEST J G, FRY J C, et al. Similarity of microbial and nematode community analyses for mapping ecological effects of heavy metal contamination in soil [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2002, 40: 113-122.
- [31] RENELLA G, MENCHI M, LANDI L, et al. Microbial activity and hydrolase synthesis in long-term Cd-contaminated soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37(1): 133-139.
- [32] ELLIS R J, MORGAN P, WEIGHTMAN A J, et al. Cultivation dependent and

independent approaches for determining bacterial diversity in heavy metal-contaminated soil [J]. Appl Environ Microbiol, 2003, 69(6): 3223-3230.

- [33] WENDEROOTH D F, REBER H H. Correlation between structural diversity and catabolic versatility of metal-affected prototrophic bacteria in soil [J]. Soil Biol Biochem, 1999, 31: 345-352.
- [34] WENDEROOTH D F, STACKEBRANDT E, REBER H H. Metal stress selects for bacterial ARDRATypes with a reduced catabolic diversity [J]. Soil Biol Biochem, 2001, 33: 667-670.
- [35] GRIFFITHS B S, RITZ K, EBELWHITE N, et al. Soil microbial community structure: effects of substrate loading rates [J]. Soil Biol Biochem, 1999, 31: 145-153.
- [36] GRIFFITHS B S, DIAZ RAMINA M, RITZ K, et al. Community DNA hybridization and %G+C profiles of microbial communities from heavy metal polluted soils [J]. FEMS Microbiol Ecol, 1997, 24: 103-112.
- [37] RASMUSSEN L D, S RENSEN S J. Effects of mercury contamination on the culturable heterotrophic, functional and genetic diversity of the bacterial community in soil [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2001, 36: 1-9.
- [38] SANDAA R A, TORSMAK V, ENGER O. Influence of long-term heavy metal contamination on microbial communities in soil [J]. Soil Biol Biochem, 2001, 33: 287-295.
- [39] DELORME T A, GAGIARDI J V, ANGLE J S, et al. Phenotypic and genetic diversity of rhizobial strains from nodules of clover grown in a zinc and cadmium-contaminated soil [J]. Soil Sci Soc Am J, 2003, 67: 1746-1754.
- [40] 赵祥伟, 骆永明, 滕应, 等. 重金属复合污染农田土壤的微生物群落遗传多样性研究 [J]. 环境科学学报, 2005, 25(2): 186-191.