

李花, 赵立坤, 包仕钰, 等. 多环芳烃降解菌及其应用研究进展 [J]. 环境工程技术学报, 2023, 13(5): 1663-1676.

LI H, ZHAO L K, BAO S Y, et al. Research progress on polycyclic aromatic hydrocarbons degrading bacteria and their applications [J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2023, 13(5): 1663-1676.

多环芳烃降解菌及其应用研究进展

李花¹, 赵立坤¹, 包仕钰¹, 余晓龙², 毛旭辉¹, 陈超琪^{1*}

1. 武汉大学资源与环境科学学院

2. 南方科技大学环境科学与工程学院

摘要 多环芳烃(PAHs)在环境中分布广泛,且具有生态和环境毒理效应,因此对PAHs污染场地的治理和修复备受关注。生物降解是去除PAHs的重要技术之一,但存在降解效率低、周期长等局限性。归纳了PAHs常见降解菌及其主要降解机制,探讨了PAHs降解菌在实际污染场地应用的研究进展与不足。结果表明:PAHs降解菌株主要包括不动杆菌属(*Acinetobacter*)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*),白腐真菌是常见的降解菌;相比单一菌株,复合菌群对PAHs的降解能力更强。在降解菌株降解基因(如nah基因簇)编码酶的作用下,萘、菲和芘等PAHs发生开环并逐步氧化,最终通过水杨酸或邻苯二甲酸途径进入三羧酸循环实现完全降解;而苯并[a]芘降解过程中会产生包括醇、醛、酸类中间产物,其完全降解机理仍有待研究。目前大部分针对PAHs降解菌的研究局限于实验室条件,缺少实际PAHs污染场地降解性能的验证;实际应用中,降解菌活性和PAHs的去除受温度、pH、氧气浓度和土壤有机质含量等环境因子的影响。PAHs降解菌的应用实例包括采用生物刺激和(或)生物强化的方式以促进PAHs污染场地的修复。然而,生物降解在实际应用中仍需克服降解菌失活、技术耦合困难、环境风险和成本高等限制因素。未来研究主要包括复合污染和土著菌共存条件下PAHs生物降解机制研究、降解菌生理特性调控和新型强化材料的开发;此外,应加强降解菌在实际污染场地应用的推广,以实现PAHs污染的高效、经济、可持续治理。

关键词 多环芳烃(PAHs);降解菌;降解机制;实际应用;增强降解

中图分类号: X53; X172 文章编号: 1674-991X(2023)05-1663-14 doi: 10.12153/j.issn.1674-991X.20230152

Research progress on polycyclic aromatic hydrocarbons degrading bacteria and their applications

LI Hua¹, ZHAO Likun¹, BAO Shiyu¹, YU Xiaolong², MAO Xuhui¹, CHEN Chaoqi^{1*}

1. School of Resources and Environmental Science, Wuhan University

2. School of Environmental Science and Engineering, Southern University of Science and Technology

Abstract Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) are a group of pollutants widely distributed in the environment and have ecological and environmental toxicity effects. Therefore, the remediation and restoration of PAHs-contaminated sites have received significant attention. Biodegradation is one of the essential technologies for removing PAHs; however, it still faces limitations such as low degradation efficiency and long degradation periods. The common PAHs-degrading bacteria and their degradation mechanisms were summarized, focusing on discussing the research progress and limitations of applying them to real contaminated sites. The results showed that PAHs-degrading bacteria mainly included genus *Acinetobacter*, *Mycobacterium*, and *Pseudomonas*. White-rot fungi were common fungi that degraded PAHs. Compared to individual strains, bacterial consortia exhibited superior PAH degradation capability. For PAHs such as naphthalene, phenanthrene and pyrene, the degradation process involved ring opening catalyzed by enzymes encoded by PAHs degradation genes (e.g., nah gene cluster), followed by stepwise oxidation, ultimately leading to complete degradation through the salicylic acid or phthalic acid pathway entering the tricarboxylic acid cycle. The degradation of benzo[a]pyrene produced intermediate products, including alcohols, aldehydes, and acids. However, its complete degradation pathway was yet to be identified. Studies on PAHs degradation bacteria were mainly confined to laboratory conditions, and there was a lack of verification in real contaminated soils. In application, the activity of degrading bacteria and the efficiency of PAHs removal were

收稿日期: 2023-02-25

基金项目: 国家重点研发计划项目(2020YFC1807901)

作者简介: 李花(1999—),女,硕士研究生,主要从事焦化多环芳烃污染物的生物降解研究, L18793920997@163.com

* 责任作者: 陈超琪(1985—),男,副研究员,主要从事环境新兴污染物效应和风险评估研究, Chenchaoqi@whu.edu.cn

influenced by various environmental factors, including temperature, pH, oxygen levels, and soil organic matter content. In addition, some cases utilized biological stimulation and/or bioaugmentation to significantly improve the bioremediation of PAH-contaminated sites. Nevertheless, the application must overcome multiple limiting factors, including reduced degrading bacteria activity, failed integration with multiple technologies, and high environmental risks and costs. Further researches should include the mechanisms of PAHs biodegradation under conditions with combined pollution and the presence of indigenous microorganisms, the regulation of physiological characteristics of degrading bacteria, and the development of novel materials. Furthermore, promoting the application of PAHs-degrading bacteria in real contaminated sites should be strengthened to achieve efficient, economical, and sustainable control of PAHs contamination

Key words polycyclic aromatic hydrocarbon (PAHs); degradation bacteria; degradation mechanism; application; enhanced degradation

多环芳烃(PAHs)是一类由 2 个或 2 个以上苯环组成的线性、角状或簇状排列的芳香族化合物。环境中的 PAHs 既有自然来源,如火山活动、森林植被和火灾等,也有人为来源,如化石燃料、木材和垃圾燃烧及煤矿开采等^[1]。PAHs 是一类环境持久性污染物,广泛存在于土壤、水和空气中^[2]。PAHs 具有生物富集性和“三致”(即致突变性、致畸性和致癌性)效应,对生态和人体健康产生潜在的危害^[3]。PAHs 存在多种人体暴露途径:1)大气中的 PAHs 极易被细小颗粒吸附,通过大气粉尘被人体吸入,如果长期暴露,PAHs 也可以通过皮肤接触进入人体^[4];2)PAHs 还可通过干湿沉降和气-液-固界面交换过程进入水体或土壤,并扩散到地表水和地下水,从而污染饮用水水源^[5];3)土壤中的 PAHs 也可被植物根系吸收,通过累积、代谢、迁移和转化等过程,最终经由食物链进入人体^[6]。因此,亟须开发高效的 PAHs 污染场地的治理和修复技术。

为了去除污染场地中的 PAHs,国内外学者开发了多种技术^[7]。其中,光催化氧化、化学氧化、电动和热技术及土壤淋洗等物理和化学技术存在技术复杂、成本高和二次污染严重等缺点^[8]。与物理和化学技术相比,生物降解技术具有成本效益高和环境友好的特点^[2]。以“biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons”为主题词通过 Web of Science 核心数据库进行检索,并使用文献计量在线平台分析 1989—2022 年的相关研究论文。结果表明,1989—2022 年 PAHs 生物降解领域的发文量呈逐年上升趋势[图 1(a)]。2021 年发文量达到 344 篇,为 2000 年的 4.2 倍,中国是发文量最多的国家,其次是美国和印度。菲和芘是 PAHs 生物降解领域排名靠前的关键词[图 1(b)],说明这 2 类典型 PAHs 的生物降解受到重点关注。PAHs 的生物降解可分为好氧降解和缺氧降解。除特定环境条件下(如河湖底泥等缺氧/厌氧环境),好氧降解被认为是高效的生物降解方式^[9]。然而,目前对 PAHs 降解菌

好氧降解机制仍缺少系统性的综述,此外,PAHs 降解菌在实际污染场地中的应用往往受环境条件等多因素制约^[10]。本文重点阐述 PAHs 降解菌、降解机制及其在实际污染场地应用方面的研究进展与存在的不足,并对未来的研究进行展望,以期为 PAHs 污染防治提供参考。

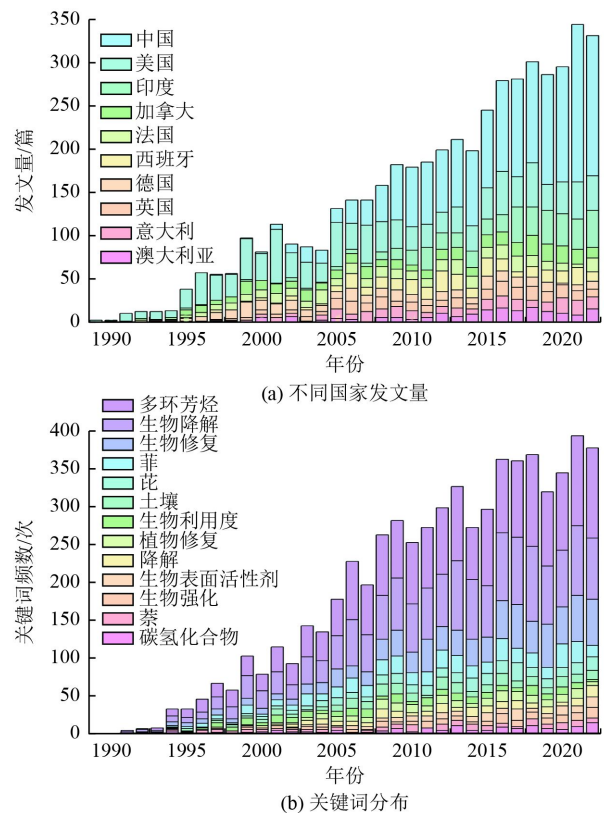


图 1 1989—2022 年 PAHs 生物降解领域 Web of Science 文献计量分析

Fig.1 Bibliometric analysis of literatures on biodegradation of PAHs based on Web of Science from 1989 to 2022

1 PAHs 降解菌及其降解机制

1.1 PAHs 降解菌

PAHs 降解菌可分为降解菌株和降解菌群。这

些菌株或者菌群通过分泌特定的酶, 经过一系列的酶催化反应, 将 PAHs 分解为小分子的化合物。

1.1.1 PAHs 降解菌株

降解菌株是指能够独立完成 PAHs 降解过程的微生物, 它们具有特殊的代谢途径和酶系统, 能够针对 PAHs 特定的结构进行降解。降解菌株主要包括细菌和真菌两大类^[11]。

大部分研究通过培养的方式分离降解菌株, 将富含微生物的水体或土壤样品经过预处理后涂布到添加了一定浓度的某种或某几种 PAHs 的基础盐培养基中, 经过多次培养和富集, 从平板上分离生长的菌株并进行鉴定^[12]。PAHs 降解菌株主要包括分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 以及微杆菌属 (*Microbacterium*)。理论上讲, 这些菌株能够以 PAHs 作为唯一碳源生

长, 说明其具有降解 PAHs 的性能。不同菌株对 PAHs 的降解率差异很大, 降解周期在 3~45 d, 降解率为 10%~100%, 而降解率受 PAHs 种类、培养介质等因素的影响 (表 1)。例如, Wanapaisan 等^[13]采集了富含微生物且未被污染的海面红树林沉积物样本, 通过富集分离出了 5 种降解菌株, 其中, *Mycobacterium* sp. PO1 和 *Mycobacterium* sp. PO2 2 种分枝杆菌可以在 6 d 完全降解 100 mg/L 芘; Liu 等^[14]从天津地区受 PAHs 和石化产品污染的土壤中分离得到菌株 *Pseudomonas* sp. MPDS, 在多种 PAHs 复合污染条件下, 该菌株在 84 h 能够完全降解 1 000 mg/L 的萘, 在 96 h 对 100 mg/L 二苯并呋喃和 1 000 mg/L 二苯并噻吩的降解率分别为 65.7% 和 32.1%; Kumari 等^[15]在液体培养基中评估了 5 种菌株降解 PAHs 的能力, 其中, *Microbacterium*

表 1 PAHs 降解菌株及其降解率
Table 1 PAHs degrading bacteria strains and degradation efficiencies

菌株属名	PAHs (降解时间, 降解率)	培养介质	数据来源
微杆菌(<i>Microbacterium</i>)	萘(45 d, 85%); 菲(45 d, 约60%); 芘(45 d, 78%); 苯并[b]荧蒹(45 d, 约35%)	液体培养基	文献[15]
金黄杆菌(<i>Chryseobacterium</i>)	菲(4 d, 100%)	基础盐培养基	文献[16]
枝芽孢杆菌(<i>Virgibacillus</i>)	菲(10 d, 94%)	缺氧矿物培养基	文献[17]
肠杆菌(<i>Enterobacter</i>)	芘(120 h, 42%~77%)	选择性培养基	文献[18]
新鞘氨醇菌(<i>Novosphingobium</i>)	芘(12 d, <10%)	无碳矿物培养基	文献[13]
骨干杆菌(<i>Diaphorobacter</i>)	苯并[a]芘(52 h, 96%)	基础盐培养基	文献[12]
伯克霍尔德氏菌(<i>Paraburkholderia</i>)	二苯并噻吩(30 d, 100%)	基本培养基	文献[19]
不动杆菌(<i>Acinetobacter</i>)	菲、芘、芘、荧蒹、芘(7 d, >90%)	土壤	文献[20]
芽孢杆菌(<i>Bacillus</i>)	芘(12 d, 约20%)	无碳矿物培养基	文献[13]
	菲、苯并[a]荧蒹、芘(56 d, 99%)	焦化厂土壤	文献[21]
分枝杆菌(<i>Mycobacterium</i>)	芘(7 d, 11%~86%)	矿物培养基	文献[22]
	芘(6 d, 约100%) 菲、芘、苯并[a]荧蒹、苯并[a]芘、蒽(150 d, ΣPAHs为76%)	无碳矿物培养基 液体培养基	文献[13] 文献[23]
苍白杆菌(<i>Ochrobactrum</i>)	芘(12 d, <10%)	无碳矿物培养基	文献[13]
	萘(45 d, 约70%); 菲(45 d, 约60%); 芘(45 d, 约40%); 苯并[b]荧蒹(45 d, 约50%)	液体培养基	文献[15]
厄氏菌(<i>Oerskovia</i>)	萘(30 d, 69%); 芘(30 d, 47%)	液体矿物培养基	文献[24]
分枝菌酸杆形菌(<i>Mycolicibacterium</i>)	菲(3 d, 100%); 荧蒹(7 d, 100%); 芘(3 d, 99%)	培养基	文献[25]
红球菌(<i>Rhodococcus</i>)	菲(3 d, 23%); 芘(7 d, 100%); 荧蒹(14 d, 27%)	培养基	文献[25]
寡养单胞菌(<i>Stenotrophomonas</i>)	萘(45 d, 约60%); 菲(45 d, 约50%); 芘(45 d, 48%); 苯并[b]荧蒹(45 d, 约50%)	液体培养基	文献[15]
假单胞菌(<i>Pseudomonas</i>)	萘(45 d, 约70%); 菲(45 d, 40%~60%); 芘(45 d, 约40%); 苯并[b]荧蒹(45 d, 30%~60%)	液体培养基	文献[15]
	萘(96 h, 100%); 芘(72 h, 40%); 二苯并呋喃(96 h, 约66%); 二苯并噻吩(96 h, 约32%)	基础盐培养基	文献[14]
解氢芽孢杆菌(<i>Hydrogenibacillus</i>)	萘(20 h, 100%); 菲(20 h, 20%); 芘(20 h, 约95%); 二苯并呋喃(20 d, 100%); 二苯并噻吩(20 d, 约70%); 咪唑(20 d, 约30%)	培养基	文献[26]

esteraromaticum 在 45 d 对 10 mg/L 萘的降解率为 80.4%，而 *Pseudomonas aeruginosa* 在 45 d 对 3.5 mg/L 菲和 6.5 mg/L 苯并 [b] 荧蒹的降解率分别为 67.1% 和 61.2%。综上，*Mycobacterium*、*Pseudomonas* 和 *Microbacterium* 中的某些菌株具有较好的 PAHs 降解性能。此外，同一种降解菌株对萘和菲的降解率要高于二苯并呋喃和二苯并噻吩等高环 PAHs。

某些真菌菌株，尤其是白腐真菌也具备 PAHs 的降解性能。如 Imam 等^[27] 研究了一种白腐真菌 *Trametes maxima* HPLC-32 对芘的降解能力。结果表明，*Trametes maxima* 在 16 d 对 10、25 和 50 mg/L 芘的降解率分别为 79.8%、65.4% 和 56.4%，说明高浓度的芘可能抑制 *Trametes maxima* 的活性。Valentín 等^[28] 研究发现，在添加 10~23 g/L 葡萄糖后，白腐真菌 (*Bjerkandera* sp. BOS5) 能够在生物泥浆反应器中生长，该真菌在 18~26 d 对芘、荧蒹、二苯并噻吩和蒽的最高降解率分别为 80.6%、31.2%、93.1% 和 83.4%。Arifeen 等^[29] 探究了 10 种真菌对菲、芘和苯并 [a] 芘的降解能力。结果表明，其中 2 种白腐真菌 (*Schizophyllum commune* 和 *Irpex lacteus*) 在 10 d 对菲的降解率分别为 24.8% 和 12.9%，对芘的降解率分别为 18.1% 和 9.7%，对苯并 [a] 芘

的降解率分别为 13.1% 和 5.0%。由此可见，真菌对 PAHs 的降解性能低于 PAHs 降解细菌。然而，真菌在适应某些特定的复杂环境中相比细菌有一定的优势，但针对 PAHs 降解真菌的应用研究仍较少。

1.1.2 PAHs 降解菌群

降解菌群是由多种微生物组成的群体，共同参与 PAHs 的降解过程。微生物之间可能存在协同作用，从而提高 PAHs 的降解率^[30]。PAHs 降解菌群主要是从 PAHs 污染水体或土壤中富集^[13]，并在 LB 培养基或含 PAHs 的基础盐培养基中进行培养。一般地，PAHs 菌群比 PAHs 单一菌株有更高效率的降解性能^[30-31]。如 Wanapaisan 等^[13] 将 *Mycobacterium* sp. PO1 和 *Mycobacterium* sp. PO2 与其他菌株共培养，发现共培养体系相比单一菌株对芘有更高降解率。Zhong 等^[32] 将 *Mycobacterium* sp. A1-PYR 和 *Sphingomonas* sp. PheB4 混合培养，发现该菌群在第 3 天对 10 mg/L 菲、荧蒹和芘的降解率分别达到 100%、71.2% 和 50%。相比单一菌株，混合培养菌群对芘的降解率显著增加^[30]。Zhang 等^[33] 发现一个富含 *Sphingobium* sp. 和 *Pseudomonas* sp. 菌群，在 60 h 可完全降解 5 mg/L 菲，对 100 mg/L 二苯并噻吩的降解率为 94%。PAHs 降解菌群及其降解率见表 2。

表 2 PAHs 降解菌群及其降解率

Table 2 PAHs degrading consortia and degradation efficiencies

菌株属名	PAHs(降解时间, 降解率)	培养介质	数据来源
分枝杆菌(<i>Mycobacterium</i>)、梭状芽胞菌(<i>Clostridium</i>)	菲(7 d, 82%)	地下水	文献[34]
芽胞杆菌(<i>Bacillus</i>)、分枝杆菌(<i>Mycobacterium</i>)、苍白杆菌(<i>Ochrobactrum</i>)、新鞘氨醇菌(<i>Novosphingobium</i>)	芘(6 d, 100%)	无碳矿物培养基	文献[13]
戴氏菌(<i>Dyella</i>)、索氏菌(<i>Thauera</i>)、地杆菌(<i>Geobacter</i>)、泰氏菌(<i>Tissierella</i>)、骨干杆菌(<i>Diaphorobacter</i>)	苯并[a]芘(30 d, 11%~20%)	焦化废水	文献[35]
分枝杆菌(<i>Mycobacterium</i>)、鞘氨醇单胞(<i>Sphingomonas</i>)	菲(3 d, 100%); 荧蒹(3 d, 71.2%); 芘(3 d, 50%)	基础盐培养基	文献[32]
脱硫弧菌(<i>Desulfovibrio</i>)、佩特里单胞菌(<i>Petrimonas</i>)	菲、芘、蒽、芘、苯并[a]荧蒹、苯并[b]荧蒹、苯并[k]荧蒹、苯并[a]芘、二苯并[a,h]蒹(∑PAH, 55 d, 21%~29%)	矿物盐培养基	文献[36]
鞘氨醇菌(<i>Sphingobium</i>)、假单胞菌(<i>Pseudomonas</i>)	萘(8 h, 约85%); 菲(60 h, 100%); 芘(16 h, 约80%); 蒽(30 h, 约25%); 荧蒹(30 h, 约100%); 芘(8 h, 100%); 二苯并[a]荧蒹(30 h, 约60%); 二苯并呋喃(30 h, 约50%); 二苯并噻吩(60 h, 94%); 咪唑(30 h, 约20%)	基础盐培养基	文献[33]
微杆菌(<i>Microbacterium</i>)、苍白杆菌(<i>Ochrobactrum</i>)、假单胞菌(<i>Pseudomonas</i>)、寡养单胞菌(<i>Stenotrophomonas</i>)	萘(45 d, 97%); 菲(45 d, 97%); 芘(45 d, 76%); 苯并[b]荧蒹(45 d, 73%)	液体培养基	文献[15]

真菌菌群和细菌-真菌混合体系对 PAHs 的降解鲜有报道。Atagana^[37] 研究发现，由 *Fusarium flocciferum*、*Trichoderma*、*Trametes versicolor* 和 *Pleurotus* 组成的真菌菌群在 30 d 对土壤中 150~250 mg/kg PAHs 的降解率达到了 21%~93%。Jiang 等^[31] 发现在真菌中添加 *Bacillus thuringiensis* FQ1 显著提高了菲的降解率，3 个月对 500 mg/kg 菲的降

解率为 95.1%。

综上所述，与单一菌株相比，菌群对 PAHs 的降解效率一般更高。一方面，菌群中的某些菌株可能利用其他菌株转化 PAHs 过程产生的中间产物，从而提高 PAHs 降解效率^[38]；另一方面，某些菌株可能产生表面活性剂，提升 PAHs 的生物利用性^[39]。但菌群内不同菌种对 PAHs 降解的贡献仍有待研究。

1.2 典型 PAHs 降解机制

微生物一般通过表达特定的降解基因和降解酶,产生一系列的代谢反应,进而实现对 PAHs 的转化和降解^[40]。其中,革兰氏阳性菌(如红球菌、分枝杆菌和诺卡菌)所携带的降解基因主要有 *nid*、*phd*、

baa 和 *pdo*, 革兰氏阴性菌(如假单胞菌、拉尔斯顿菌、伯克霍尔德菌、鞘氨单胞菌和聚芳单胞菌)所携带的降解基因主要有 *nah*、*nag*、*pah*、*phn*、*C12O* 和 *C23O*^[40]。降解基因编码酶主要包括双加氧酶、水合酶、醛缩酶和脱氢酶(表 3)。

表 3 PAHs 降解菌、降解基因和编码酶
Table 3 PAHs degrading bacteria, associated genes and encoding enzymes

宿主菌	PAHs	降解基因	编码酶	数据来源
<i>Pseudomonas</i> sp. MPDS	萘、芴、二苯并呋喃、二苯并噻吩	<i>nahAa</i> 、 <i>nahAb</i> 、 <i>nahAc</i> 、 <i>nahAd</i>		文献[14]
<i>Pseudomonas fluorescens</i> AH-40、 <i>Sphingomonas koreensis</i> strain ASU-06	萘、菲、蒽、芘	<i>nahAc</i>	萘双加氧酶	文献 [41-42]
<i>Herbaspirillum</i> sp. strain RV1423	萘	<i>nag</i>		文献[43]
<i>Polaromonas naphthalenivorans</i> CJ2	萘	<i>nagAc</i> 、 <i>nagAd</i>		文献[44]
<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> PRY-1、 <i>Mycobacterium</i> sp. PYR10、 <i>Mycobacterium</i> sp. PYR15	菲、芘	<i>nidAB</i> 、 <i>nidA3B3</i>		文献 [45-46]
<i>Rhodococcus</i> sp. P14	蒽、菲、芘、苯并[a]蒽	<i>baaA</i> 、 <i>baaB</i>		文献[47]
<i>Delftia acidovorans</i> Cs1-4	菲	<i>phn</i>		文献[48]
<i>Acidovorax</i> strain NA3	萘、菲、苯并[a]蒽、苯并[a]芘	<i>phnAc</i> 、 <i>phnB</i> 、 <i>phnC</i>	环烷基化双加氧酶	文献[49]
<i>Mycobacterium</i> sp. strain CH-2	萘、菲、芘、蒽	<i>pdoA2B2</i> 、 <i>nidAB</i>		文献[50]
<i>Mycobacterium</i> sp. strain 6PY1	芘	<i>pdoA1B1</i>		文献[51]
<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> strain PYR-1	菲	<i>nidA</i> 、 <i>nidB</i> 、 <i>nidC</i> 、 <i>nidD</i>		文献[52]
<i>Roseobacter clade</i>	菲、芘、苯并[a]芘	<i>pahE</i>		文献[53]
<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> PYR-1	芘	<i>phdG</i>	PAH水合酶-醛缩酶	文献[54]
<i>Nocardioides</i> sp. strain KP7	萘、菲、蒽、1-甲氧基萘	<i>phdABCD</i>		文献[55]
<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> PYR-1	芘	<i>phdF</i>	环裂解双加氧酶	文献[54]
<i>Sphingomonas koreensis</i> strain ASU-06、 <i>Pseudomonas fluorescens</i> AH-40、 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> 、 <i>Pseudomonas</i> sp.、 <i>Sphingomonas koreensis</i> strain ASU-06、 <i>Ralstonia</i> sp.	萘、菲、蒽、芘、芘、蒽、芘	<i>C12O</i> 、 <i>C23O</i>	儿茶酚双加氧酶	文献[41-42,56]

4 种典型 PAHs 萘、菲、芘和苯并 [a] 芘的好氧降解途径如图 2 所示。一般地,萘、菲和芘等 PAHs 降解包括几个阶段: 1) 在 *nahAa*、*nahAb*、*nidA* 或 *nidAB* 等基因编码的双加氧酶作用下实现芳香环的羟基化,形成顺式二氢二醇^[11,57-58]; 2) 在 *nahB* 或 *phdE* 等基因编码的脱氢酶作用下重排为二醇^[59]; 3) 在 *nahC* 或 *phdE* 等基因编码的环裂解双加氧酶作用下发生邻位或间位裂解^[60]; 4) 在 *nahD* 或 *phdG* 等基因编码的水合-醛缩酶以及双加氧酶和脱氢酶等酶的作用下逐步氧化为水杨酸或邻苯二甲酸; 5) 进入三羧酸循环(TCA 循环), 实现完全降解^[11,61-62]。苯并 [a] 芘的降解途径较为复杂,其完全降解的机制尚不明确。水杨酸羟化酶、2-羧基苯甲醛脱氢酶、儿茶酚 1,2-双加氧酶和儿茶酚 2,3-双加氧酶参与了苯并 [a] 芘的降解过程^[63]。而 4,5-羟基-二羧酸、苯并 [a] 芘 3,6-醌、邻苯二甲酸二乙酯和 2-乙酰-3-甲氧基苯甲酸

是苯并 [a] 芘降解过程中可能形成的中间产物^[40,49,53]。

真菌一般不能将 PAHs 作为唯一的碳源,而是通过共代谢的方式对 PAHs 进行降解。白腐真菌对 PAHs 的降解性能与其特有的酶系统有关。白腐真菌能够产生木质素过氧化物酶(LiP)、锰过氧化物酶(MnP)和漆酶(Lac)等木质素酶催化羟化、环氧化、脱烷基、亚砷化、脱氨、脱硫和脱卤等反应,从而降解 PAHs^[68]。木质素酶通过提供一个电子产生羟基自由基,氧化 PAHs 形成醌和酸^[2]。例如,白腐真菌 *Pleurotus ostreatus* 通过分泌氧化酶和漆酶,将菲和蒽转化为醌类物质,并进一步转化为可进入基础代谢途径的中间产物邻苯二甲酸,最后实现完全降解^[69]。此外,木质素酶还具有广泛的底物特异性^[2,70],且属于胞外酶,可直接作用于土壤中的 PAHs。

然而,PAHs 降解机制的研究主要集中在降解基因和降解酶的识别,缺少在表达水平的分析。因此,

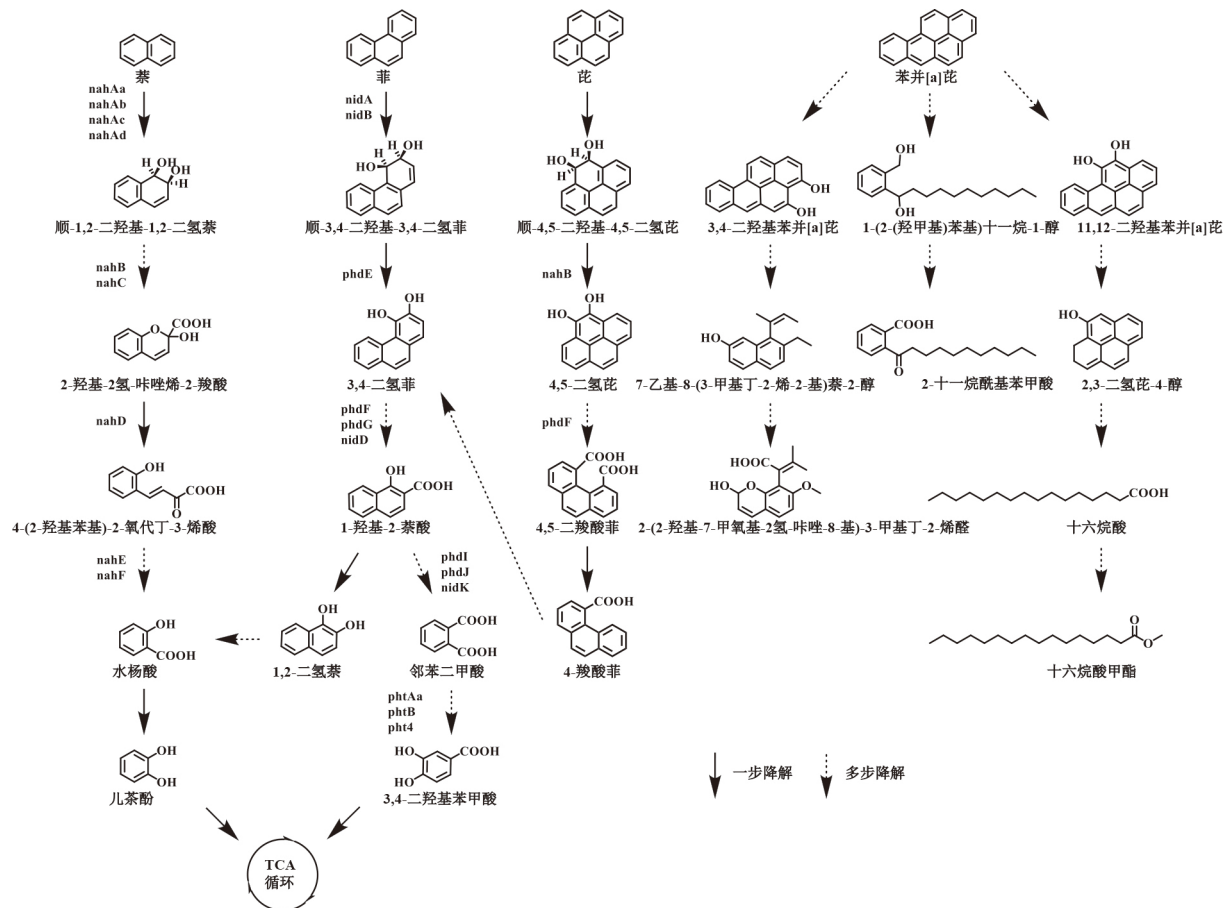


图 2 萘、菲、芘和苯并 [a] 芘的生物降解途径^[11,45,58,61-62,64-67]

Fig.2 Biodegradation pathways of naphthalene, phenanthrene, pyrene, and benzo [a] pyrene

PAHs 的降解机制可通过分子生物学手段进行研究, 如 Imam 等^[11] 利用转录组学研究了 PAHs 真菌降解过程中降解酶的表达量变化, 结果表明, 单加氧酶 FAD、细胞色素 P450、环氧化物水解酶、乙醇脱氢酶、乙醛脱氢酶和双加氧酶的表达上调, 说明这些酶可能参与了 PAHs 的降解。因此, 利用基因组学、转录组学、蛋白组学和代谢组学联用技术探索复杂条件下 PAHs 的生物降解机制和途径, 是未来研究的热点, 也将为 PAHs 降解菌的实际应用提供更多的理论指导。

1.3 PAHs-重金属复合污染的 PAHs 降解菌及其降解机制

PAHs 和重金属常常存在于环境中形成复合污染, 某些降解菌被发现在重金属和 PAHs 复合污染条件下具有高度适应性和较好的降解性能。例如, Czarny 等^[20] 发现, *Acinetobacter* sp. 在 40 mg/L Cu、40 mg/L Zn 和 20 mg/L Pb 存在条件下, 4 d 后对 30 mg/L 的荧蒽、菲、芴、芘和芘的降解率分别为 25%、38%、45%、45% 和 67%; Rabani 等^[71] 发现, *Bacillus licheniformis* 和 *Bacillus sonorensis* 在 1% Cd、Zn、

Cu、Cr 存在条件下, 7 d 对 100 mg/L 萘的降解率分别为 73% 和 52%; Staninska-Pięta 等^[72] 研究发现, Burkholderiales 目的微生物在重金属浓度分别为 50 和 150 mg/L 时, PAHs 的生物降解率相对于不含重金属的对照组分别增加 17.9% 和 16.9%; Huang 等^[73] 发现, *Pseudoarthrobacter phenanthrenivoran* 在 30 mg/L $K_2Cr_2O_7$ 条件下, 17 d 内完全降解 100 mg/L 菲。重金属耐受 PAHs 降解菌在 PAHs-重金属复合污染情况下具有潜在的应用价值。

复合污染条件下 PAHs 降解是一个复杂的过程, 重金属可能起到不同的作用。一定浓度的重金属可能会促进 PAHs 的降解^[74-75]。首先, 重金属可能会诱导细菌产生氧化应激, 产生大量的活性氧物质 (ROS)。例如, Cu(I) 和 Cu(II) 可以通过 Fenton 反应催化 ROS, 增加·OH 的产生, 并可能引发链式反应氧化 PAHs; 其次, 重金属可能作为电子的供体或受体参与 PAHs 的降解过程; 最后, 重金属可能和 PAHs 降解酶形成复合体, 参与到 PAHs 的降解。然而, 高浓度的重金属可能会对 PAHs 降解菌产生毒性或抑制 PAHs 降解酶的活性, 导致微生物生长缓慢和

活性下降。因此,应进一步研究重金属与 PAHs 的相互作用及相应的降解机制,从而增加重金属耐受 PAHs 降解菌在环境修复和生物降解方面的应用潜力。

1.4 微生物群落中不同功能的菌属降解 PAHs 的机制及其相互作用

实际 PAHs 污染土壤微生物群落往往存在多种 PAHs 降解菌共存的情况^[76]。微生物群落中的不同功能菌属参与 PAHs 的降解,往往形成复杂的降解网络和相互作用。这些菌属通常具有不同的代谢途径和降解能力,相互之间通过协同作用或竞争作用,共同参与 PAHs 的降解过程。一方面,它们可能利用 PAHs 降解各阶段产生的中间产物,协同促进 PAHs 的降解;另一方面,它们会竞争同一类 PAHs 底物,导致 PAHs 的降解受到限制。此外,不同菌属还能通过共代谢作用来降解 PAHs。某些细菌在利用自身底物过程中的酶和代谢产物可能参与 PAHs 的降解过程。

然而,对于微生物群落中不同功能的菌属降解 PAHs 的机制及其相互作用研究仍然较为缺乏。Gran-Scheuch 等^[77]利用高通量 16S rRNA 扩增子测序研究了添加有高浓度 PAHs 的柴油对富含镉和铅污染土壤中微生物群落结构的影响。结果表明,*Sphingobium* 和 *Pseudomonas* 等菌属在添加了 PAHs 的土壤中的丰度显著增加,说明这些菌属中的细菌是 PAHs 降解菌,添加了含高浓度 PAHs 的柴油促进了土壤中耐镉微生物和 PAHs 降解菌的富集。Ye 等^[78]发现在土壤中添加萘和 2-甲基萘会促进 *Alicyclophilus* 和 *Thauera* 菌属的富集,而添加菲和蒽会促进 *Arcobacter*、*Acinetobacter* 和 *Thiobacillus* 菌属的富集,说明添加不同的 PAHs 可能会筛选富集对应的 PAHs 降解菌。此外,外源添加的 PAHs 降解菌可能和土著 PAHs 降解菌发生相互作用。Piubeli 等^[79]研究了添加 *Proteobacteria* 菌属后土壤微生物群落结构的变化。结果发现,添加组和未添加组土壤 PAHs 的降解率差别不大,但土壤微生物群落呈现了显著差异。在未添加组,*Sphingobium* 菌属的丰度占比显著提高;而在添加组,*Flavobacterium* 菌属的丰度占比从 1.6% 上升至 8.0%,说明外源添加 PAHs 降解菌可能促进土壤中 PAHs 降解菌的生长。因此,了解降解菌的相互作用将有助于优化细菌降解 PAHs 的策略,并开发高效的生物修复技术。

2 PAHs 降解菌的应用

PAHs 降解菌筛选和降解机制研究为其应用提供了理论依据。然而,PAHs 降解菌对 PAHs 的降解

率受到 PAHs 结构、微生物种类和培养条件等因素的影响。目前,对于 PAHs 降解菌的研究大部分局限于实验室规模,而缺少中试或场地规模试验的验证。此外,在实际应用中,PAHs 降解菌的性能往往会受到包括 PAHs 污染程度、环境条件、降解工艺和降解时间等多种因素的制约^[11,80]。例如,在实际 PAHs 污染场地中,PAHs 浓度较高或者老化时间太久会导致其生物可利用性差,降解率低于实验室条件,从而限制了降解菌的应用价值。实际应用中,需要根据具体情况制定合理的方案,以提高 PAHs 的降解率,实现污染场地的高效修复。本节对 PAHs 降解菌在实际应用中的一般环境条件进行了归纳,分析生物刺激和生物强化的应用实例,并对应用过程中可能存在的问题及应对措施进行了探讨。

2.1 一般环境条件

在实际应用中,影响 PAHs 降解菌性能的环境条件主要包括 pH、温度、氧气浓度、湿度、土壤有机质含量以及土壤类型^[81]。

首先,土壤的 pH 是影响降解菌生长和活性的重要因素。一般而言,接近中性的土壤 pH(约为 6~7)有利于大多数降解菌的生长,从而促进 PAHs 的降解^[1]。不同 PAHs 降解菌对酸碱度的适应能力有差异。PAHs 降解菌对酸碱度的适应范围较窄,只有在中性或微碱性的条件下才能正常繁殖^[82]。如果土壤的 pH 偏酸或偏碱,可能导致 PAHs 降解菌生长的抑制和 PAHs 降解酶的失活。其次,适宜的温度有助于降解菌的生长和活性。在 25~35 °C 的温度范围内,适当提高温度可以增加降解菌对 PAHs 的降解率^[83]。因为适当提高温度不但会增加降解菌的生长速率,还会提高 PAHs 酶的活性。此外,温度的提高还有利于 PAHs 从固相到液相的解吸,从而提高 PAHs 的生物可利用性^[84]。然而,当温度超过 60 °C,会导致 PAHs 降解菌生长的抑制和 PAHs 降解酶的失活^[85]。再次,PAHs 的好氧降解会受到氧气浓度的制约。氧不但可以作为最终的电子受体,还可以作为羟基化和氧化环裂解芳香环的共底物。因此充足的氧气有利于 PAHs 的降解^[85],也是污染场地修复中常用的手段^[2]。通过曝气的方法将空气(或氧气)直接注入到降解体系中,可增加 PAHs 降解菌的活性^[86]。除了曝气外,还可以通过注入一些增氧剂,如过氧化氢、臭氧微气泡和固态释氧化合物等,提高体系中的溶氧含量^[87]。最后,土壤有机质可作为降解菌的营养来源。较高的有机质含量通常有利于降解菌的生长,从而促进 PAHs 的降解。特别地,当降解菌以共代谢方式降解 PAHs,合适的共代谢基质对修

复效果的提高尤为重要^[88]。某些共代谢底物能够用来维持 PAHs 降解菌的生长,且不容易被其他非 PAHs 降解菌所利用^[89]。当土壤中有有机质含量较低时,可以通过投加外源营养物质的方式提高 PAHs 的降解率,缩短降解周期^[19]。常见的营养物质有葡萄糖、乙酸钠和丙三醇等^[90]。

除上述环境因子外,土壤类型和湿度也会影响降解菌的生长和 PAHs 降解率^[91-92]。实际应用中要综合考虑一般环境条件的影响,针对具体的污染场地,进行相应的调控和改善,以优化降解环境,提高降解菌活性,从而实现 PAHs 污染场地的高效修复。

2.2 生物刺激应用实例

生物刺激是指通过给予适当的营养物质或调控环境条件来增强现有降解菌(群)对目标污染物的降解能力^[93]。一方面,可以通过调节温度、pH 等环境因子,优化 PAHs 降解菌的环境条件;另一方面,通过提供合适的营养物质(如氮、磷、碳源等)和氧气促进 PAHs 降解菌的生长和活性,从而增强 PAHs 降解率。例如,Ugochukwu 等^[94]通过添加外源有机肥料促进石油烃中 PAHs 的降解,在对照组中,PAHs 降解率仅为 3%~30%;而在投加了 10%~20%(质量比)的外源有机肥料后,PAHs 的降解率提高到了 39%~90%。Haleyur 等^[95]研究了澳大利亚废弃煤气厂的土壤中 PAHs 的降解,结果表明,对于老化、风化和长期污染的土壤,生物刺激是最佳的 PAHs 污染场地修复策略。

表面活性剂可以促进 PAHs 的溶解,增加 PAHs 的生物可利用性,从而促进 PAHs 的降解。决定表面活性剂性能的是其化学性质和临界胶束浓度^[96]。高于临界胶束浓度的表面活性剂会促进 PAHs 从固体基质向水相中分散。阳离子表面活性剂容易与土壤中带负电荷的黏土矿物和有机质等部分发生吸附,从而降低表面活性剂的有效浓度,影响其在土壤中的作用效果^[97]。离子表面活性剂通常会对降解菌产生毒性,抑制降解菌的生长和活性^[98]。相比而言,非离子表面活性剂在土壤中不易发生电荷相互作用,而生物表面活性剂对降解菌的毒性较低。因此,非离子表面活性剂和生物表面活性剂通常被优先考虑用于 PAHs 污染土壤的治理和修复^[99-101]。例如,Dave 等^[102]研究了非离子表面活性剂 Triton X-100 和生物表面活性剂 β -环糊精对海洋细菌 *Achromobacter xylosoxidans* 降解 PAHs 的影响,结果表明,添加 Triton X-100 和 β -环糊精使 PAHs 的降解率分别提高了 2.8~7.6 倍和 1.4~2.2 倍。Rathankumar

等^[103]研究发现,添加 1 500 mg/L 的生物表面活性剂时,木材辅助真菌和自由真菌在 21 d 对 PAHs 的降解率分别从 61% 和 54% 提高到 100% 和 86%。但是,有研究表明添加过高浓度的表面活性剂会对 PAHs 降解菌的生长和活性产生抑制^[104-106]。因此,在选择表面活性剂和添加浓度时,需要综合考虑表面活性剂对 PAHs 生物可利用性的提高和对降解菌可能的不利影响。

一般地,生物刺激的作用时间短,可以在较短的时间内迅速调节 PAHs 降解菌的生理或行为反应,使其更快地适应环境,并提高降解性能。然而,在复杂条件下,生物刺激的效果可能无法持久,需要高强度或反复的刺激,才能维持降解菌的降解性能。因此,还需要用其他的技术手段提高 PAHs 的降解率。

2.3 生物强化应用实例

生物强化是指向污染土壤或水体中添加特定的降解菌株或菌群,以增加对目标污染物的降解能力^[93]。通过引入 PAHs 高效降解菌株或菌群,可以直接增加体系中降解菌的种类和数量,弥补原有降解菌的不足。生物强化适用于在污染场地缺乏 PAHs 降解菌的情况。如 Bao 等^[1]探讨了在生物泥浆反应器中添加外源细菌 BCP-3 对 PAHs 的降解效果影响,结果显示,优化曝气速率、混合水土质量比、搅拌速率、温度和 Tween-80 浓度等条件,PAHs 的降解效果无明显变化,而添加外源降解菌 BCP-3 后,PAHs 的降解率显著提高。Zhang 等^[107]通过构建 3 株大肠杆菌工程菌株用于苯并 [a] 蒽的降解,工程菌株对 10~500 mg/L 的苯并 [a] 蒽均有良好降解能力;酶活性和代谢产物分析证实,3 种工程菌在降解过程中协同作用,通过分批次接种,在 21 d 对苯并 [a] 蒽的降解率达到 90.7%,生物强化效果明显。

与生物刺激相比,PAHs 降解菌成功定殖,降解效果具有较好的持久性,可适应长期的 PAHs 污染环境。例如,Zeneli 等^[108]比较了自然衰减、生物刺激和生物强化对炼油厂固体废物中石油污染物中 PAHs 去除的影响,结果表明,生物强化条件下,PAHs 的去除率为 87%,显著高于自然衰减(37%)和生物刺激(42%)。Rathankumar 等^[88]研究了提高土壤有机质含量和添加真菌 *Pleurotus dryinus* IBB 903 对 PAHs 降解效果的影响,结果表明,提高土壤有机质含量提高了土壤中漆酶、芳香醇氧化酶、过氧化锰酶和过氧化木质素酶的活性,添加真菌 *Pleurotus dryinus* IBB 903 处理组中菲和苯并 [a] 蒽降解率显著高于未强化组。

3 降解菌应用存在的问题和可能的应对措施

3.1 PAHs 降解菌活性

在实际应用过程中,往往存在着刚开始 PAHs 的降解效果好,但随着降解的进行,PAHs 的降解率逐步下降的问题。在 PAHs 降解的过程中,环境条件可能发生恶化。首先,PAHs 降解过程会逐步消耗氧气和营养物质,此外,其他细菌还可能与 PAHs 降解菌竞争资源和生存空间^[108]。当氧气供应不足或发生营养物质限制时,PAHs 降解菌会失活^[1,81,85]。其次,PAHs 在降解过程中产生中间产物,可能造成毒性积累,当这些毒性物质积累到一定程度时,可能会对 PAHs 降解菌的活性产生抑制^[80]。最后,在环境不利的条件下,降解菌可能进入休眠状态,需要添加特定的激活因子才能恢复其活性。如果缺乏这些激活因子,PAHs 的降解会受到限制^[109]。

为了改变 PAHs 降解率逐步下降的情况,在实际应用中,应该对降解菌的活性和降解率进行持续监测,并根据监测结果进行调整和优化。可通过采用周期性处理的方法,维持 PAHs 降解菌的活性。主要的措施包括:定期调节温度和 pH,为降解菌提供适宜的生存环境;定期补充氧气和营养物质,维持 PAHs 降解菌的生长和代谢或激活休眠的降解菌等。

3.2 生物降解与其他技术的耦合联用

利用新型功能材料与生物降解耦合方法可提高 PAHs 降解菌的性能。载体材料能够改善土壤的理化性质,为降解菌提供更适宜的生长环境,从而增加降解菌的数量。载体材料还可以促进土壤中水分和空气的交换,增加降解菌的活性。此外,载体材料还能吸附和富集 PAHs,增加降解菌与 PAHs 接触的机会,从而提高 PAHs 的降解率^[110]。生物炭材料和纳米材料具有孔隙丰富、比表面积大、生物相容性好等特点,常被作为降解菌的载体。例如, Ren 等^[111]使用氧化石墨烯固定化的细菌微球,这些微球具有较高的机械强度、较大的比表面积和介孔体积,增加了土壤中 PAHs 降解菌的数量,从而显著提高了 PAHs 的降解率。Qiao 等^[112]将 PAHs 降解菌群固定在磁性悬浮生物炭上,显著提高了芘、苯并[a]芘和茚并[1,2,3-c,d]芘的降解率。Liang 等^[113]使用富铁污泥生物炭作为菲降解菌的载体,生物炭负载的降解菌在 24 h 对菲的去除率为 58.2%,显著高于降解菌单独作用时的去除率(38.7%)。Firoozbakht 等^[114]研究发现,添加 1.0 g/L 氧化铁纳米颗粒,72 h 对菲的降解率从 37.1% 显著提高到 77.2%。然而,向体系中添加外源材料还需要考虑其本身可能造成

的生态和健康风险^[115]。因此,在实际应用中,需要优先考虑环境友好的载体材料,并结合具体情况,对载体的粒径和添加浓度进行优化。

化学氧化能够快速降解土壤中的有机污染物,降低其生物毒性。有研究将化学氧化与生物降解耦合联用,对 PAHs 污染的土壤进行协同修复,以期缩短修复周期。例如, Liao 等^[116]研究发现,将 Fenton、改性 Fenton、活化过硫酸钾和高锰酸钾等氧化体系与土著菌的生物降解相结合可明显促进 PAHs 的降解效果。以 Fenton 体系为例,萘和芘的降解率提高了约 45%,而芘、茚和菲的降解率提高了约 30%。Mora 等^[117]针对 140 mg/kg 的非污染土壤,采用活化过硫酸盐氧化耦合生物降解体系,在 28 d 内达到了 60%~80% 的降解效果。然而,化学氧化可能会破坏土壤结构,改变土壤有机质含量和土壤 pH,化学氧化后的中间产物也可能会对降解菌造成更强的毒害作用^[118-120]。因此,需要进一步研究化学氧化和生物降解耦合联用的条件。一方面,选择合适的化学氧化剂类型、浓度及注入方式,尽量避免氧化药剂对降解菌的不利影响;另一方面,研究化学氧化剂对土壤基质中营养成分的影响,通过补充营养物质,满足降解菌再生的需求。在场地修复工程中,由于土壤状况、气候变化和地下水条件等更为复杂,因此需要对化学氧化顺序和降解菌处理过程进行充分的优化,以适应现场应用的需求。

植物和根际降解菌之间的协同效应能促进土壤中难降解有机物的去除^[121]。一方面,土壤中 PAHs 的生物降解主要受限于其低溶解度和高疏水性,由植物根系分泌的胞外聚合物或根际菌产生的生物表面活性剂可提高 PAHs 的生物利用性,并降低其对植物的毒性^[122];另一方面,植物可为根际降解菌提供营养物质,而根际降解菌可促进根系对 PAHs 的吸附和吸收。Gao 等^[123]研究发现,紫花苜蓿(*Medicago sativa* L.)在 70 d 内去除了 98.1% 的菲和 88.1% 的芘,而根际降解菌促进了 PAHs 的降解。某些根际菌,如假单胞菌(*Pseudomonas* sp.)、芽孢杆菌(*Bacillus* sp.)和不动杆菌(*Acinetobacter* sp.)不但能直接利用烃类物质,还具有植物促生性状(如磷酸盐增溶、分泌植物激素和铁载体等),促进植物生长^[124]。某些根际促生菌能够很好地适应恶劣的土壤条件,促进植物对污染土壤的修复效果^[125]。然而,对于促生根际菌的筛选和表征主要局限于培养皿中或盆栽试验,缺少通过场地试验验证促生根际菌协同植物修复实际 PAHs 污染土壤的效果。因此,需要进一步研究降解菌和植物的相互作用机制,以及环境

因子在复合效应中所起的作用,为降解菌-植物联用去除 PAHs 提供基础。

3.3 环境风险和降解成本

虽然生物修复是一种环境友好的绿色修复技术,但是 PAHs 降解菌的应用也可能存在环境风险。添加外源菌(工程菌、高效降解菌等)或者是添加外源物质(材料、表面活性剂等)来提高土著微生物降解 PAHs 的方式,可能会对土壤的微生物群落结构、土壤的理化性质造成不利影响,亟需对微生物修复过程中可能产生的生态风险进行评估。例如,PAHs 降解菌如果未充分评估就引入自然环境,可能对土著菌的生长产生影响。PAHs 降解菌还可能通过接触其他生物体、空气或水等途径传播到其他环境中,因其致癌性和致突变性而对人类健康构成风险^[94,126]。此外,在 PAHs 降解菌应用过程中化学药品的使用,可能会造成土壤板结、土著菌活性下降等问题。针对上述问题,需要对 PAHs 降解菌应用的环境风险进行充分评估,并采取适当的预防措施。目前,大部分研究仍然以 PAHs 浓度的降低作为评价终点,而缺少对生态系统功能恢复的综合评估。

此外,针对 PAHs 降解菌的应用研究往往只关注降解率,却忽略了成本问题。PAHs 生物降解技术的应用成本主要包括菌株筛选、培养、应用、设备采购和运维等多个方面。除了 PAHs 降解菌自身的稳定性和降解效果等因素,成本也是决定 PAHs 降解菌能否实际投入工业应用和产业化生产的关键因素^[94]。有研究表明,不同生物修复技术的成本存在较大差异。如施用浆料或生物膜处理 PAHs 污染土壤的成本分别为 170 美元/t 和 130~260 美元/m³。相对而言,堆肥的成本效益更高,其成本在 50~140 美元/t^[127]。针对成本问题,需要对 PAHs 降解菌应用的可行性和经济效益进行评估,以选择最佳的解决方案,同时还需对降解工艺进行优化,以降低成本。

4 结语与展望

PAHs 在全球环境中的广泛分布和累积及其生态和健康风险,引起了人们对其污染防控和治理的重点关注。生物降解作为一类环境友好的技术,具有修复 PAHs 污染的潜力。PAHs 的生物可利用性差,微生物活性受到各种环境因素制约,导致 PAHs 的生物降解率较低、降解周期长。目前为止,仍缺少能够在实际污染场地中高效去除 PAHs 的最佳方案。本文归纳了 PAHs 降解菌及其降解机制,并对降解菌在实际污染场地中的应用进行了系统综述。主要结论如下:1)PAHs 降解菌主要包括不动杆

菌属(*Acinetobacter*)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)等,真菌主要为白腐真菌;与单一菌株相比,降解菌群具有更好的 PAHs 降解性能。2)萘、菲和芘等 PAHs 的完全降解途径明确,而苯并[a]芘的完全降解机理仍不清楚。3)PAHs 降解菌的应用受到环境因子的影响,生物刺激和生物强化是提高 PAHs 降解率的常见手段。4)PAHs 降解菌在实际应用中,存在降解菌活性低、缺少与其他技术的耦合联用、环境风险和降解成本高等问题。

未来 PAHs 降解菌的研究可以从以下几个方面开展:1)探究降解菌的生理学特性,研究降解菌与环境微生物群落的相互作用和生态效应,探索它们在自然环境中的适应机制;2)开发和应用新型技术,例如,通过研发新型表面活性剂或载体材料等方法以提高降解菌的效率和稳定性。此外,应进一步加强降解菌技术的应用和推广,促进技术的产业化发展。通过技术创新,开发新型降解菌剂,提高 PAHs 的降解率并降低治理成本,通过开展技术示范,推广降解菌技术。将研究成果转化为实际应用,以实现对 PAHs 污染的高效、经济、可持续治理。

参考文献

- [1] BAO S Y, ZHAO L K, LIU Y W, et al. Influencing factors of bioaugmentation treatment of PAH-contaminated soils in slurry bioreactors[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2023, 11(3): 109893.
- [2] GHOSAL D, GHOSH S, DUTTA T K, et al. Current state of knowledge in microbial degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs): a review[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1369.
- [3] XIE J Q, TAO L, WU Q, et al. Environmental profile, distributions and potential sources of halogenated polycyclic aromatic hydrocarbons[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 419: 126164.
- [4] ZHANG X, YANG L, ZHANG H, et al. Assessing approaches of human inhalation exposure to polycyclic aromatic hydrocarbons: a review[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2021, 18(6): 3124.
- [5] CHERUIYOT N K, LEE W J, MWANGI J K, et al. An overview: polycyclic aromatic hydrocarbon emissions from the stationary and mobile sources and in the ambient air[J]. *Aerosol and Air Quality Research*, 2015, 15(7): 2730-2762.
- [6] ZHANG A P, YE X T, YANG X D, et al. Elevated urbanization-driven plant accumulation and human intake risks of polycyclic aromatic hydrocarbons in crops of peri-urban farmlands[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(45): 68143-68151.
- [7] TOMEI M C, DAUGULIS A J. *Ex situ* bioremediation of contaminated soils: an overview of conventional and innovative technologies[J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2013, 43(20): 2107-2139.
- [8] KUPPUSAMY S, THAVAMANI P, VENKATESWARLU K, et al. Remediation approaches for polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) contaminated soils: technological

- constraints, emerging trends and future directions[J]. *Chemosphere*, 2017, 168: 944-968.
- [9] ZHU Y J, XU Y, XU J M, et al. Contrasting response strategies of microbial functional traits to polycyclic aromatic hydrocarbons contamination under aerobic and anaerobic conditions[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 454: 131548.
- [10] MOHD KAMI N A F, TAO W, HAMZAH N. Establishing the order of importance factor based on optimization of conditions in PAHs biodegradation[J]. *Polycyclic Aromatic Compounds*, 2022, 42(5): 2348-2362.
- [11] IMAM A, KUMAR SUMAN S, KANAUIA P K, et al. Biological machinery for polycyclic aromatic hydrocarbons degradation: a review[J]. *Bioresource Technology*, 2022, 343: 126121.
- [12] WANG P, ZHANG Y M, JIN J, et al. A high-efficiency phenanthrene-degrading *Diaphorobacter* sp. isolated from PAH-contaminated river sediment[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 746: 140455.
- [13] WANAPAIAN P, LAOTHAMTEEP N, VEJARANO F, et al. Synergistic degradation of pyrene by five culturable bacteria in a mangrove sediment-derived bacterial consortium[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, 342: 561-570.
- [14] LIU Y L, HU H Y, ZANAROLI G, et al. A *Pseudomonas* sp. strain uniquely degrades PAHs and heterocyclic derivatives via lateral dioxygenation pathways[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 403: 123956.
- [15] KUMARI S, REGAR R K, MANICKAM N. Improved polycyclic aromatic hydrocarbon degradation in a crude oil by individual and a consortium of bacteria[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 254: 174-179.
- [16] XIAO M, YIN X Y, GAI H J, et al. Effect of hydroxypropyl- β -cyclodextrin on the cometabolism of phenol and phenanthrene by a novel *Chryseobacterium* sp.[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 273: 56-62.
- [17] ZHANG Z T, SUN J, GONG X Q, et al. Anaerobic phenanthrene biodegradation by a new salt-tolerant/halophilic and nitrate-reducing *Virgibacillus halodenitrificans* strain Phen4 and metabolic processes exploration[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 435: 129085.
- [18] LIN H, SHI J Y, DONG Y B, et al. Construction of bifunctional bacterial community for co-contamination remediation: pyrene biodegradation and cadmium biomineralization[J]. *Chemosphere*, 2022, 304: 135319.
- [19] ORTEGA RAMÍREZ C A, CHING T, YOZA B, et al. Glycerol-assisted degradation of dibenzothiophene by *Paraburkholderia* sp. C3 is associated with polyhydroxyalkanoate granulation[J]. *Chemosphere*, 2022, 291: 133054.
- [20] CZARNY J, STANINSKA-PIĘTAJ, PIOTROWSKA-CYPLIKA, et al. *Acinetobacter* sp. as the key player in diesel oil degrading community exposed to PAHs and heavy metals[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 383: 121168.
- [21] ZHOU N, GUO H J, LIU Q X, et al. Bioaugmentation of polycyclic aromatic hydrocarbon (PAH)-contaminated soil with the nitrate-reducing bacterium Phen7 under anaerobic condition[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 439: 129643.
- [22] LI X N, LIU H L, YANG W B, et al. Humic acid enhanced pyrene degradation by *Mycobacterium* sp. NJS-1[J]. *Chemosphere*, 2022, 288: 132613.
- [23] LI N, LIU R, CHEN J J, et al. Enhanced phytoremediation of PAHs and cadmium contaminated soils by a *Mycobacterium*[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 754: 141198.
- [24] LJEŠEVIĆ M, GOJGIĆ-CVIJOVIĆ G, IEDA T, et al. Biodegradation of the aromatic fraction from petroleum diesel fuel by *Oerskovia* sp. followed by comprehensive GC \times GC-TOF MS[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, 363: 227-232.
- [25] NALOKA K, POLRIT D, MUANGCHINDA C, et al. Bioballs carrying a syntrophic *Rhodococcus* and *Mycolicibacterium* consortium for simultaneous sorption and biodegradation of fuel oil in contaminated freshwater[J]. *Chemosphere*, 2021, 282: 130973.
- [26] QIU X Y, WANG W W, ZHANG L G, et al. A thermophile *Hydrogenibacillus* sp. strain efficiently degrades environmental pollutants polycyclic aromatic hydrocarbons[J]. *Environmental Microbiology*, 2022, 24(1): 436-450.
- [27] IMAM A, SUMAN S K, VEMPATAPU B P, et al. Pyrene remediation by *Trametes maxima*: an insight into secretome response and degradation pathway[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(29): 44135-44147.
- [28] VALENTÍN L, LU-CHAU T A, LÓPEZ C, et al. Biodegradation of dibenzothiophene, fluoranthene, pyrene and chrysene in a soil slurry reactor by the white-rot fungus *Bjerkandera* sp. BOS55[J]. *Process Biochemistry*, 2007, 42(4): 641-648.
- [29] ARIFEEN M Z U, MA Y N, WU T S, et al. Anaerobic biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) by fungi isolated from anaerobic coal-associated sediments at 2.5 km below the seafloor[J]. *Chemosphere*, 2022, 303: 135062.
- [30] ZHONG Y, LUAN T G, ZHOU H W, et al. Metabolite production in degradation of pyrene alone or in a mixture with another polycyclic aromatic hydrocarbon by *Mycobacterium* sp.[J]. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 2006, 25(11): 2853.
- [31] JIANG J, LIU H Y, LI Q, et al. Combined remediation of Cd-phenanthrene co-contaminated soil by *Pleurotus cornucopiae* and *Bacillus thuringiensis* FQ1 and the antioxidant responses in *Pleurotus cornucopiae*[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2015, 120: 386-393.
- [32] ZHONG Y, LUAN T G, LIN L, et al. Production of metabolites in the biodegradation of phenanthrene, fluoranthene and pyrene by the mixed culture of *Mycobacterium* sp. and *Sphingomonas* sp [J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(3): 2965-2972.
- [33] ZHANG L G, QIU X Y, HUANG L, et al. Microbial degradation of multiple PAHs by a microbial consortium and its application on contaminated wastewater[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 419: 126524.
- [34] SHI J X, ZHANG B G, CHENG Y T, et al. Microbial vanadate reduction coupled to co-metabolic phenanthrene biodegradation in groundwater[J]. *Water Research*, 2020, 186: 116354.
- [35] WU H Z, WANG M, ZHU S, et al. Structure and function of microbial community associated with phenol co-substrate in degradation of benzo[a]pyrene in coking wastewater[J]. *Chemosphere*, 2019, 228: 128-138.
- [36] QIAN Y F, XU M Y, DENG T C, et al. Synergistic interactions of *Desulfovibrio* and *Petrimonas* for sulfate-reduction coupling polycyclic aromatic hydrocarbon degradation[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 407: 124385.
- [37] ATAGANA H I. Biodegradation of PAHs by fungi in contaminated-soil containing cadmium and nickel ions[J]. *African Journal of Biotechnology*, 2009, 8(21): 5780-5789.
- [38] FESTA S, COPPOTELLI B M, MORELLI I S. Bacterial diversity and functional interactions between bacterial strains from a phenanthrene-degrading consortium obtained from a chronically contaminated-soil[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2013, 85: 42-51.

- [39] KUPPUSAMY S, THAVAMANI P, MEGHARAJ M, et al. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) by novel bacterial consortia tolerant to diverse physical settings: assessments in liquid- and slurry-phase systems[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2016, 108: 149-157.
- [40] SAKSHI, HARITASH A K. A comprehensive review of metabolic and genomic aspects of PAH-degradation[J]. *Archives of Microbiology*, 2020, 202(8): 2033-2058.
- [41] HESHAM A E L, MAWAD A M M, MOSTAFA Y M, et al. Biodegradation ability and catabolic genes of petroleum-degrading *Sphingomonas koreensis* Strain ASU-06 isolated from Egyptian oily soil[J]. *BioMed Research International*, 2014, 2014: 1-10.
- [42] MAWAD A, ABDEL-MAGEED W S, HESHAM A. Quantification of naphthalene dioxygenase (NahAC) and catechol dioxygenase (C23O) catabolic genes produced by phenanthrene-degrading *Pseudomonas fluorescens* AH-40[J]. *Current Genomics*, 2020, 21: 111-118.
- [43] JAUREGUI R, RODELAS B, GEFFERS R, et al. Draft genome sequence of the naphthalene degrader *Herbaspirillum* sp. strain RV1423[J]. *Genome Announcements*, 2014, 2(2): e00188-14.
- [44] JEON C O, PARK M, RO H S, et al. The naphthalene catabolic (nag) genes of *Polaromonas naphthalenivorans* CJ2: evolutionary implications for two gene clusters and novel regulatory control[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(2): 1086-1095.
- [45] ELYAMINE A M, KAN J E, MENG S S, et al. Aerobic and anaerobic bacterial and fungal degradation of pyrene: mechanism pathway including biochemical reaction and catabolic genes[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22(15): 8202.
- [46] KIM D W, LEE K, LEE D H, et al. Comparative genomic analysis of pyrene-degrading *Mycobacterium* species: genomic islands and ring-hydroxylating dioxygenases involved in pyrene degradation[J]. *Journal of Microbiology*, 2018, 56(11): 798-804.
- [47] PENG T, LUO A, KAN J E, et al. Identification of a ring-hydroxylating dioxygenases capable of anthracene and benz[a]anthracene oxidization from *Rhodococcus* sp. P14[J]. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*, 2019, 28(4): 183-189.
- [48] SHETTY A R, de GANNES V, OBI C C, et al. Complete genome sequence of the phenanthrene-degrading soil bacterium *Delftia acidovorans* Cs1-4[J]. *Standards in Genomic Sciences*, 2015, 10(1): 1-10.
- [49] SINGLETON D R, RAMIREZ L G, AITKEN M D. Characterization of a polycyclic aromatic hydrocarbon degradation gene cluster in a phenanthrene-degrading *Acidovorax* strain[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(9): 2613-2620.
- [50] CHURCHILL P F, MORGAN A C, KITCHENS E. Characterization of a pyrene-degrading *Mycobacterium* sp. strain CH-2[J]. *Journal of Environmental Science and Health, Part B*, 2008, 43(8): 698-706.
- [51] KRIVOBOK S, KUONY S, MEYER C, et al. Identification of pyrene-induced proteins in *Mycobacterium* sp. strain 6PY1: evidence for two ring-hydroxylating dioxygenases[J]. *Journal of Bacteriology*, 2003, 185(13): 3828-3841.
- [52] KHAN A A, WANG R F, CAO W W, et al. Molecular cloning, nucleotide sequence, and expression of genes encoding a polycyclic aromatic ring dioxygenase from *Mycobacterium* sp. strain PYR-1[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(8): 3577-3585.
- [53] ZHOU H X, ZHANG S F, XIE J L, et al. Pyrene biodegradation and its potential pathway involving *Roseobacter clade* bacteria[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2020, 150: 104961.
- [54] KIM S J, KWEON O, JONES R C, et al. Complete and integrated pyrene degradation pathway in *Mycobacterium vanbaalenii* PYR-1 based on systems biology[J]. *Journal of Bacteriology*, 2007, 189(2): 464-472.
- [55] CHUN H K, OHNISHI Y, MISAWA N, et al. Biotransformation of phenanthrene and 1-methoxynaphthalene with *Streptomyces lividans* cells expressing a marine bacterial phenanthrene dioxygenase gene cluster[J]. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2001, 65(8): 1774-1781.
- [56] SANGKHARAK K, CHOONUT A, RAKKAN T, et al. The degradation of phenanthrene, pyrene, and fluoranthene and its conversion into medium-chain-length polyhydroxyalkanoate by novel polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacteria[J]. *Current Microbiology*, 2020, 77(6): 897-909.
- [57] HARAYAMA S, REKIK M, WASSERFALLEN A, et al. Evolutionary relationships between catabolic pathways for aromatics: conservation of gene order and nucleotide sequences of catechol oxidation genes of pWW0 and NAH7 plasmids[J]. *Molecular and General Genetics MGG*, 1987, 210(2): 241-247.
- [58] WU F J, GUO C L, LIU S S, et al. Pyrene degradation by *Mycobacterium givum*: metabolites and proteins involved[J]. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2019, 230(3): 67.
- [59] PATEL A B, SINGH S, PATEL A, et al. Synergistic biodegradation of phenanthrene and fluoranthene by mixed bacterial cultures[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 284: 115-120.
- [60] XU X J, LIU W M, WANG W, et al. Potential biodegradation of phenanthrene by isolated halotolerant bacterial strains from petroleum oil polluted soil in Yellow River Delta[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 664: 1030-1038.
- [61] YANG Y, CHEN R F, SHIARIS M P. Metabolism of naphthalene, fluorene, and phenanthrene: preliminary characterization of a cloned gene cluster from *Pseudomonas putida* NCIB 9816[J]. *Journal of Bacteriology*, 1994, 176(8): 2158-2164.
- [62] CHEN X, WANG W W, HU H Y, et al. Insights from comparative proteomic analysis into degradation of phenanthrene and salt tolerance by the halophilic *Martellella* strain AD-3[J]. *Ecotoxicology*, 2021, 30(7): 1499-1510.
- [63] MISHRA S, SINGH S N. Biodegradation of benzo(a)pyrene mediated by catabolic enzymes of bacteria[J]. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2014, 11(6): 1571-1580.
- [64] PATEL A B, SHAIKH S, JAIN K R, et al. Polycyclic aromatic hydrocarbons: sources, toxicity, and remediation approaches[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 562813.
- [65] ANOKHINA T O, ESIKOVA T Z, GAFAROV A B, et al. Alternative naphthalene metabolic pathway includes formation of ortho-phthalic acid and cinnamic acid derivatives in the *Rhodococcus opacus* strain 3D[J]. *Biochemistry (Moscow)*, 2020, 85(3): 355-368.
- [66] GONG B N, WU P X, RUAN B, et al. Differential regulation of phenanthrene biodegradation process by kaolinite and quartz and the underlying mechanism[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, 349: 51-59.
- [67] SUN S S, WANG H Z, CHEN Y Z, et al. Salicylate and phthalate pathways contributed differently on phenanthrene and pyrene degradations in *Mycobacterium* sp. WY10[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, 364: 509-518.
- [68] LI X Z, PAN Y S, HU S, et al. Diversity of phenanthrene and benz[a]anthracene metabolic pathways in white rot fungus

- Pycnoporus sanguineus* 14[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2018, 134: 25-30.
- [69] POZDNYAKOVA N, DUBROVSKAYA E, CHERNYSHOVA M, et al. The degradation of three-ringed polycyclic aromatic hydrocarbons by wood-inhabiting fungus *Pleurotus ostreatus* and soil-inhabiting fungus *Agaricus bisporus*[J]. *Fungal Biology*, 2018, 122(5): 363-372.
- [70] PARK H, MIN B, JANG Y, et al. Comprehensive genomic and transcriptomic analysis of polycyclic aromatic hydrocarbon degradation by a mycoremediation fungus, *Dentipellis* sp. KUC8613[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2019, 103(19): 8145-8155.
- [71] RABANI M S, SHARMA R, SINGH R, et al. Characterization and identification of naphthalene degrading bacteria isolated from petroleum contaminated sites and their possible use in bioremediation[J]. *Polycyclic Aromatic Compounds*, 2022, 42(3): 978-989.
- [72] STANINSKA-PIĘTAJ, CZARNYJ, PIOTROWSKA-CYPLIKA, et al. Heavy metals as a factor increasing the functional genetic potential of bacterial community for polycyclic aromatic hydrocarbon biodegradation[J]. *Molecules*, 2020, 25(2): 319.
- [73] HUANG Y L, WANG Y L, FENG H, et al. Genome-guided identification and characterization of bacteria for simultaneous degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons and resistance to hexavalent chromium[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2019, 138: 78-86.
- [74] ALI M, SONG X, DING D, et al. Bioremediation of PAHs and heavy metals co-contaminated soils: challenges and enhancement strategies[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 295: 118686.
- [75] LIU S H, ZENG G M, NIU Q Y, et al. Bioremediation mechanisms of combined pollution of PAHs and heavy metals by bacteria and fungi: a mini review[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 224: 25-33.
- [76] 王荔, 张腾飞, 杨苏才, 等. 焦化厂PAHs污染土壤中微生物群落多样性特征[J]. *环境工程技术学报*, 2021, 11(4): 720-726. WANG L, ZHANG T F, YANG S C, et al. Characteristics of microbial community diversity in PAHs contaminated soil of a coking plant[J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2021, 11(4): 720-726.
- [77] GRAN-SCHEUCH A, RAMOS-ZUÑIGA J, FUENTES E, et al. Effect of co-contamination by PAHs and heavy metals on bacterial communities of diesel contaminated soils of South Shetland Islands, Antarctica[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(11): 1749.
- [78] YE Q H, LIANG C Y, CHEN X W, et al. Molecular characterization of methanogenic microbial communities for degrading various types of polycyclic aromatic hydrocarbon[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2019, 86: 97-106.
- [79] PIUBELI F A, dos SANTOS L G, FERNÁNDEZ E N, et al. The emergence of different functionally equivalent PAH degrading microbial communities from a single soil in liquid PAH enrichment cultures and soil microcosms receiving PAHs with and without bioaugmentation[J]. *Polish Journal of Microbiology*, 2018, 67(3): 365-375.
- [80] KUMAR M, BOLAN N S, HOANG S A, et al. Remediation of soils and sediments polluted with polycyclic aromatic hydrocarbons: to immobilize, mobilize, or degrade[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 420: 126534.
- [81] GITIPOUR S, SORIAL G A, GHASEMI S, et al. Treatment technologies for PAH-contaminated sites: a critical review[J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2018, 190(9): 546.
- [82] KUPPUSAMY S, THAVAMANI P, MEGHARAJ M, et al. Isolation and characterization of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) degrading, pH tolerant, N-fixing and P-solubilizing novel bacteria from manufactured gas plant (MGP) site soils[J]. *Environmental Technology & Innovation*, 2016, 6: 204-219.
- [83] BOOPATHY R. Factors limiting bioremediation technologies[J]. *Bioresource Technology*, 2000, 74(1): 63-67.
- [84] PERFUMO A, BANAT I M, MARCHANT R, et al. Thermally enhanced approaches for bioremediation of hydrocarbon-contaminated soils[J]. *Chemosphere*, 2007, 66(1): 179-184.
- [85] PREMNATH N, MOHANRASU K, RAO R G R, et al. A crucial review on polycyclic aromatic hydrocarbons: environmental occurrence and strategies for microbial degradation[J]. *Chemosphere*, 2021, 280: 130608.
- [86] MARTÍN M, MONTES F J, GALÁN M A. Mass transfer rates from bubbles in stirred tanks operating with viscous fluids[J]. *Chemical Engineering Science*, 2010, 65(12): 3814-3824.
- [87] GARCÍA-OCHOA F, CASTRO E G, SANTOS V E. Oxygen transfer and uptake rates during xanthan gum production[J]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2000, 27(9): 680-690.
- [88] RATHANKUMAR A K, SAIKIA K, RAMACHANDRAN K, et al. Effect of soil organic matter (SOM) on the degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons using *Pleurotus dryinus* IBB 903-a microcosm study[J]. *Journal of Environmental Management*, 2020, 260: 110153.
- [89] NOZARI M, SAMAEI M R, DEGHANI M. Investigation of the effect of co-metabolism on removal of dodecane by microbial consortium from soil in a slurry sequencing bioreactor[J]. *Journal of Bioremediation & Biodegradation*, 2014, 5(7): 253.
- [90] LEYS N M, BASTIAENS L, VERSTRAETE W, et al. Influence of the carbon/nitrogen/phosphorus ratio on polycyclic aromatic hydrocarbon degradation by *Mycobacterium* and *Sphingomonas* in soil[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2005, 66(6): 726-736.
- [91] CHEN W, TENG Y, REN W J, et al. A highly effective polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacterium, *Paracoccus* sp. HPD-2, shows opposite remediation potential in two soil types[J]. *Pedosphere*, 2022, 32(5): 673-685.
- [92] AMPONSAH N Y, WANG J Y, ZHAO L A. Modelling PAH degradation in contaminated soils in Canada using a modified process-based model (DNDC)[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2019, 83(3): 605-613.
- [93] CHEN B L, YUAN M X, QIAN L B. Enhanced bioremediation of PAH-contaminated soil by immobilized bacteria with plant residue and biochar as carriers[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2012, 12(9): 1350-1359.
- [94] UGOCHUKWU U C, OKONKWO F, SOKARI W, et al. Bioremediation strategy based on risk assessment of exposure to residual polycyclic aromatic hydrocarbons[J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, 280: 111650.
- [95] HALEYUR N, SHAHSAVARI E, JAIN S S, et al. Influence of bioaugmentation and biostimulation on PAH degradation in aged contaminated soils: response and dynamics of the bacterial community[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 238: 49-58.
- [96] BURY S J, MILLER C A. Effect of micellar solubilization on biodegradation rates of hydrocarbons[J]. *Environmental Science & Technology*, 1993, 27(1): 104-110.
- [97] RODRÍGUEZ-CRUZ M S, SÁNCHEZ-MARTÍN M J, ANDRADES M S, et al. Retention of pesticides in soil columns modified *in situ* and *ex situ* with a cationic surfactant[J]. *Science of the Total Environment*, 2007, 378(1/2): 104-108.
- [98] JIN D Y, JIANG X, JING X, et al. Effects of concentration, head group, and structure of surfactants on the degradation of

- phenanthrene[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2007, 144(1/2): 215-221.
- [99] GARCIA-OCHOA F, GOMEZ E. Bioreactor scale-up and oxygen transfer rate in microbial processes: an overview[J]. *Biotechnology Advances*, 2009, 27(2): 153-176.
- [100] WOO S H, JEON C O, PARK J M. Phenanthrene biodegradation in soil slurry systems: influence of salicylate and triton X-100[J]. *Korean Journal of Chemical Engineering*, 2004, 21(2): 412-418.
- [101] ZHENG Z M, OBBARD J P. Effect of non-ionic surfactants on elimination of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in soil-slurry by *Phanerochaete chrysosporium*[J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2001, 76(4): 423-429.
- [102] DAVE B P, GHEVARIYA C M, BHATT J K, et al. Enhanced biodegradation of total polycyclic aromatic hydrocarbons (TPAHs) by marine halotolerant *Achromobacter xylosoxidans* using Triton X-100 and β -cyclodextrin: a microcosm approach[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2014, 79(1/2): 123-129.
- [103] RATHANKUMAR A K, SAIKIA K, CABANA H, et al. Surfactant-aided mycoremediation of soil contaminated with polycyclic aromatic hydrocarbons[J]. *Environmental Research*, 2022, 209: 112926.
- [104] MARCOUX J, DEZIEL E, VILLEMUR R, et al. Optimization of high-molecular-weight polycyclic aromatic hydrocarbons' degradation in a two-liquid-phase bioreactor[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2000, 88(4): 655-662.
- [105] TIEHM A. Degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons in the presence of synthetic surfactants[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1994, 60(1): 258-263.
- [106] VOLKERING F, BREURE A M, RULKENS W H. Microbiological aspects of surfactant use for biological soil remediation[J]. *Biodegradation*, 1997, 8(6): 401-417.
- [107] ZHANG G B, YANG X H, ZHAO Z H, et al. Artificial consortium of three *E. coli* BL21 strains with synergistic functional modules for complete phenanthrene degradation[J]. *ACS Synthetic Biology*, 2022, 11(1): 162-175.
- [108] ZENELI A, KASTANAKI E, SIMANTIRAKI F, et al. Monitoring the biodegradation of TPH and PAHs in refinery solid waste by biostimulation and bioaugmentation[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2019, 7(3): 103054.
- [109] ZHANG N C, DAN A, CHAO Y Q, et al. Mechanism of polycyclic aromatic hydrocarbons degradation in the rhizosphere of *Phragmites australis*: organic acid co-metabolism, iron-driven, and microbial response[J]. *Environmental Pollution*, 2023, 327: 121608.
- [110] SONG L C, NIU X G, ZHOU B, et al. Application of biochar-immobilized *Bacillus* sp. KSB₇ to enhance the phytoremediation of PAHs and heavy metals in a coking plant[J]. *Chemosphere*, 2022, 307: 136084.
- [111] REN W J, LIU H R, MAO T Y, et al. Enhanced remediation of PAHs-contaminated site soil by bioaugmentation with graphene oxide immobilized bacterial pellets[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 433: 128793.
- [112] QIAO K L, TIAN W J, BAI J, et al. Removal of high-molecular-weight polycyclic aromatic hydrocarbons by a microbial consortium immobilized in magnetic floating biochar gel beads[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2020, 159: 111489.
- [113] LIANG J D, WU Z J, TENG T T. Biochar prepared from Ferri-ch sludge as suitable microbial carriers for facilitating biodegradation of phenanthrene in soil[J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2021, 96(7): 2014-2021.
- [114] FIROOZBAKHT M, SEPAHI A A, RASHEDI H, et al. Investigating the effect of nanoparticle on phenanthrene biodegradation by *Labeledella gwakjiensis* strain KDI[J]. *Biodegradation*, 2022, 33(5): 441-460.
- [115] MANDAL S K, OJHA N, DAS N. Optimization of process parameters for the yeast mediated degradation of benzo[a]pyrene in presence of ZnO nanoparticles and produced biosurfactant using 3-level Box-Behnken design[J]. *Ecological Engineering*, 2018, 120: 497-503.
- [116] LIAO X Y, WU Z Y, LI Y, et al. Enhanced degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by indigenous microbes combined with chemical oxidation[J]. *Chemosphere*, 2018, 213: 551-558.
- [117] MORA V C, MADUEÑO L, PELUFFO M, et al. Remediation of phenanthrene-contaminated soil by simultaneous persulfate chemical oxidation and biodegradation processes[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2014, 21(12): 7548-7556.
- [118] BACIOCCHI R, D'APRILE L, INNOCENTI I, et al. Development of technical guidelines for the application of *in situ* chemical oxidation to groundwater remediation[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2014, 77: 47-55.
- [119] CHEN K F, CHANG Y C, CHIOU W T. Remediation of diesel-contaminated soil using *in situ* chemical oxidation (ISCO) and the effects of common oxidants on the indigenous microbial community: a comparison study[J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2016, 91(6): 1877-1888.
- [120] 麻俊胜, 苟雅玲, 王兴润, 等. 化学氧化后深层土壤中多环芳烃的缺氧微生物降解[J]. *环境工程技术学报*, 2020, 10(1): 97-104.
- MA J S, GOU Y L, WANG X R, et al. Anoxic biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in aged deep soil pretreated with chemical oxidation[J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2020, 10(1): 97-104.
- [121] STELIGA T, KLUK D. Application of *Festuca arundinacea* in phytoremediation of soils contaminated with Pb, Ni, Cd and petroleum hydrocarbons[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, 194: 110409.
- [122] AIMAN U, ANEEQA Z, HASINA W, et al. Low-cost production and application of lipopeptide for bioremediation and plant growth by *Bacillus subtilis* SNW₃[J]. *AMB Express*, 2021, 11(1): 165.
- [123] GAO H, WU M L, LIU H, et al. Effect of petroleum hydrocarbon pollution levels on the soil microecosystem and ecological function[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 293: 118511.
- [124] XIA M Q, CHAKRABORTY R, TERRY N, et al. Promotion of saltgrass growth in a saline petroleum hydrocarbons contaminated soil using a plant growth promoting bacterial consortium[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2020, 146: 104808.
- [125] HOU J Y, LIU W X, WANG B B, et al. PGPR enhanced phytoremediation of petroleum contaminated soil and rhizosphere microbial community response[J]. *Chemosphere*, 2015, 138: 592-598.
- [126] ZHU X Z, WANG W Q, CROWLEY D E, et al. The endophytic bacterium *Serratia* sp. PW7 degrades pyrene in wheat[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, 24(7): 6648-6656.
- [127] SAYARA T, SÁNCHEZ A. Bioremediation of PAH-contaminated soils: process enhancement through composting/compost[J]. *Applied Sciences*, 2020, 10(11): 3684. ◇