

· 公共卫生与预防医学研究 ·

南京市某地区大气多环芳烃污染及空气微生物多样性相关分析

朱宇琪, 吴昊, 热那古力·吾斯曼江, 沈梦凡, 谈依婷, 李玥, 王丽, 吴倩*

南京医科大学公共卫生学院卫生检验与检疫学系, 江苏 南京 211166

[摘要] 目的:研究南京大气中多环芳烃污染水平,探究大气多环芳烃浓度与空气微生物群落的相关性。方法:采用气相色谱-质谱联用仪定量分析2019—2020年春季南京市大气中多环芳烃(polycyclic aromatic hydrocarbon, PAH)的浓度;同时采用16S rRNA测序测定空气中微生物群落,对大气PAH的浓度与微生物群落进行Pearson相关性分析。结果:通过分析2019年和2020年大气PAH浓度数据发现,大气中菲Phe、荧蒽Fla和芘Pyr占主要成分,2019年秋季大气PAH浓度明显高于春季。2019年大气总PAH浓度高于2020年。在微生物门水平上,厚壁菌门(*Firmicutes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、变形菌门(*Proteobacteria*)均为2019年和2020年的优势菌门。在微生物属水平上,芽胞杆菌属为2019年与2020年共同优势菌属。同时,PAH污染与微球菌属(放线菌门)和芽胞杆菌属(厚壁菌门)的丰度呈正相关。结论:大气PAH污染可能与空气微生物的种类和丰度的变化有关,并具有潜在的健康风险。

[关键词] 空气污染;多环芳烃;微生物;相关分析

[中图分类号] R122.7

[文献标志码] A

[文章编号] 1007-4368(2022)03-415-06

doi:10.7655/NYDXBNS20220318

Studies on correlation of atmospheric PAH pollution and microbial diversity in a certain area of Nanjing

ZHU Yuqi, WU Hao, RANAGUL Osman, SHEN Mengfan, TANG Yiting, LI Yue, WANG Li, WU Qian*

Department of Health Inspection and Quarantine, School of Public Health, Nanjing Medical University, Nanjing 211166, China

[Abstract] **Objective:** This study aims to observe the levels of atmospheric polycyclic aromatic hydrocarbon (PAH) in Nanjing, and explore the correlation between PAH and air microbial community. **Methods:** The concentration of PAH was determined by GC-MS, and microbial community diversity was analyzed by 16S rRNA gene sequencing. Pearson correlation analysis was conducted between the concentration of atmospheric PAH and the microbial community. **Results:** It was found that Phe, Fla and Pyr are the main components of atmospheric PAH. The total concentration of atmospheric PAH in 2019 was higher than that in 2020. The concentration of atmospheric PAH in autumn of 2019 was significantly higher than that in spring. At the level of phylum, the dominant phylum in both 2019 and 2020 are *Firmicutes*, *Actinobacteria* and *Proteobacteria*. In terms of genus, *Bacillus* is the common dominant bacteria of 2019 and 2020. In the correlation analysis between PAH and microbial populations, it was found that the abundance of *Bacillus* in *Firmicutes* and *Micrococcus* in *Actinobacteria* were correlated with atmospheric PAH. **Conclusion:** Atmospheric PAH pollution may be related to the changes of species and abundance of air microorganisms which may be potential health risks.

[Key words] air pollution; polycyclic aromatic hydrocarbons; microbial community; correlation analysis

[J Nanjing Med Univ, 2022, 42(03):415-420]

[基金项目] 国家自然科学基金(82073630), 国家自然科学基金海外及港澳学者合作研究基金(81728018); 江苏省自然科学基金(BK20161571); 江苏省高校自然科学研究重大项目(16KJA330002)

*通信作者(Corresponding author), E-mail: wuqian@njmu.edu.cn

多环芳烃(polycyclic aromatic hydrocarbon, PAH)是含有两个或两个以上苯环的碳氢化合物,主要来源于化石燃料、木材等有机物的不完全燃烧,广泛存在于大气、水、土壤等环境中^[1]。可通过呼吸、饮食、皮肤接触等多种途径进入人体,也可经胎

盘传给婴儿^[2],具有高生物蓄积性、半挥发性和持久性的特点。随着经济的快速发展,特别是城市人口和机动车的迅猛增长,家庭燃煤取暖和汽车尾气排放等因素使得PAH成为我国城市空气中不容忽视的重点污染物之一^[3-5]。长期慢性暴露PAH会诱发DNA加合物的形成^[6]、染色体畸变,可引起成人和儿童肺功能下降,增加慢性阻塞性肺病的发病率和死亡率^[7-9]。不同于SO₂、NO₂、CO、O₃、PM_{2.5}和PM₁₀等空气污染物的强制性监测,大气中PAH的含量目前在我国暂无权威官方数据发布。最近有报道称,PAH污染可改变与健康结局相关的共生和环境细菌的种类和丰度,导致微生物种群的失衡,进而危及人体健康^[10]。因此,本研究通过分析大气PAH含量与空气微生物种群的相关关系,为评估大气PAH健康风险提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 材料

利用KC-120H型智能中流量TSP采样器(青岛崂山电子仪器总厂有限公司),玻璃纤维滤膜采集大气中的颗粒态PAH。利用国产JWL-6撞击式空气生物粒子采样器(常州康华仪器)进行空气微生物取样测定。

1.2 方法

1.2.1 采样点设置

本研究的观测采样点位于南京市江宁区南京医科大学至诚楼外,采样高度为1 m。该区域远离工厂排放源,距离采样点500 m有双向6车道马路。

1.2.2 采样时间

大气PAH采样时间段为2019年4月16日—6月11日、9月20日—11月15日;2020年5月4日—6月7日、9月27日—11月18日每次采样时间为2 h。同时进行空气微生物采集,采集时间为20 min。

1.2.3 大气颗粒型PAH样品采集

采样方法依据《环境空气质量手工监测技术规范》HJ 194-2017。为保证实验精度,滤膜经干燥箱充分干燥处理。采样流量设为100 L/min。采样结束后,玻璃纤维滤膜用锡纸包裹置于干燥箱避光至少24 h,放入-20 °C冰箱保存待测。每次采样均设置空白。

1.2.4 大气微生物样品采集

采样依据《公共场所卫生检验方法》GB/T 18204.3-2013第3部分:空气微生物。采样皿为普通营养琼脂培养基(蛋白胨10.0 g,牛肉浸出粉3.0 g,

氯化钠5.0 g,琼脂15.0 g/L)。采样流量设为28 L/min。采样结束后,平皿于37 °C培养48 h,之后用生理盐水冲洗,收集冲洗液,8 000 r/min室温离心5 min,去上清,沉淀于-80 °C保存待测。

1.2.5 样品检测

大气PAH浓度测定:使用镊子和不锈钢剪刀将滤膜对半剪开,待测样品置于干净的锥形瓶中,加入50 mL二氯甲烷、40 μL 1 μg/mL的内标(菲Phe-d10,屈Chr-d12,Supelco公司,美国),密封超声萃取40 min(80%超声强度),10 mL上清液移入试管,40 °C氮气浓缩近干,用200 μL二氯甲烷定容。实验前,所有玻璃仪器须用色谱纯甲醇浸泡,后用色谱纯二氯甲烷润洗。标准曲线的配制:用二氯甲烷稀释20 μg/mL标准品到100、50、10、5、1 ng/mL(分别加50 μL 1 μg/mL的内标),上机测定以同位素为内标进行校准。GC-MS气相色谱-质谱联用仪(TRACE 1310,赛默飞世尔科技公司,美国),色谱柱(DB-5MS,30 m,液膜厚0.25 μm,内径0.25 mm)。升温程序:初始柱温80 °C,保持2 min,8 °C/min升至300 °C,保持此温度10 min。载气:高纯氦气;流速:1.0 mL/min;进样量:2 μL;进样口温度:260 °C;进样方式:不分流进样。离子源:EI;离子源温度:280 °C传输线温度280 °C;扫描方式:SRM扫描。对EPA 16种优控PAH的混合标准溶液(20 μg/mL,Supelco公司,美国)进行浓度测定:萘Nap、萘烯Any、芘Ana、芴Flu、菲Phe、蒽Ant、荧蒽Fla、芘Pyr、苯并[a]蒽BaA、屈Chr、苯并[b]荧蒽BbF、苯并[k]荧蒽BkF、苯并[a]芘BaP、茚并[1,2,3-cd]芘InP、二苯并[a,h]蒽DBA、苯并[g,h,i]芘BgP。Phe-d10和Chr-d12回收率分别为66.8%和123.7%。每次采样时均采用野外空白,将空白滤膜放置于采样器旁,与其他样品处理方法相同,最后扣除空白浓度。13种PAH的仪器检出限在0.02~0.20 ng/mL(其中萘、萘烯和芘回收率不佳,未纳入计算)。

空气微生物多样性分析:根据E.Z.N.A.[®] soil试剂盒(Omega Bio-tek公司,美国)说明书进行总DNA抽提。采用引物(338F: 5'-ACTCCTACGGGAG-GCAGCAG-3'; 806R: 5'-GGACTACHVGGGTWTC-TAAT-3')对细菌16S rRNA基因的V3-V4可变区进行PCR扩增(ABI GeneAmp[®] 9700型)。扩增体系为20 μL: 4 μL 5×Fast Pfu 缓冲液, 2 μL 2.5 mmol/L dNTPs, 0.8 μL引物(5 μmol/L), 0.4 μL Fast Pfu 聚合酶, 10 ng DNA模板。PCR条件如下:95 °C变性3 min, 27次循环(95 °C 30 s 变性, 55 °C 30 s 退火, 72 °C 45 s

延伸), 最后 72 °C 10 min。PCR 产物经回收后纯化。利用 Miseq PE300(Illumina 公司, 美国) 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。原始测序序列使用 Trimmomatic 软件质控, 使用 FLASH 软件进行拼接。使用 UPARSE 软件(version 7.1, <http://drive5.com/uparse/>), 根据 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类; 使用 UCHIME 软件剔除嵌合体。利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>) 对每条序列进行物种分类注释, 比对 Silva 数据库(SSU123), 设置比对阈值为 70%。数据分析在上海美吉生物医药科技有限公司旗下的免费在线 I-Sanger 云平台(www.i-sanger.com) 上进行。

1.3 统计学方法

采用 SPSS 21.0 软件对大气 PAH 浓度与空气微生物种群进行 Pearson 相关性分析, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

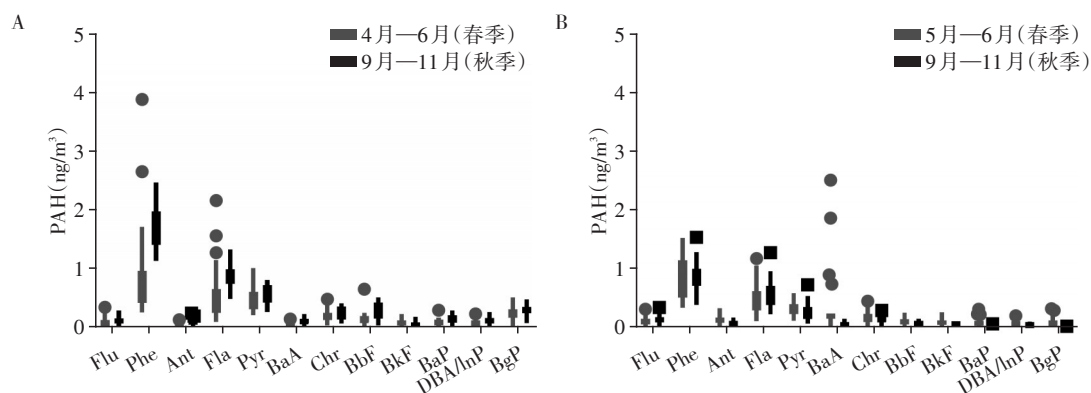
2 结 果

2.1 大气 PAH 浓度分析

分析了 2019—2020 年南京某地区大气中 13 种 PAH 的浓度, 13 种 PAH 根据芳烃环数不同分为 3 环(芴 Flu、菲 Phe、蒽 Ant), 4 环(荧蒽 Fla、芘 Pyr、苯并[a]蒽 BaA、屈 Chr), 5 环(苯并[b]荧蒽 BbF、苯并[k]荧蒽 BkF、苯并[a]芘 BaP), 6 环(二苯并[a,h]蒽 DBA、茚并[1,2,3-cd]芘 InP、苯并[g,h,i]芘 BgP)。采用的收集方法, 主要是针对颗粒态 PAH, 其中萘、苊烯和苊回收率不佳, 未纳入计算。大气 PAH 中菲 Phe、荧蒽 Fla 和芘 Pyr 占主要成分。2019 年秋季大气 PAH 浓度明显高于春季。2020 年春秋两季大气 PAH 浓度无明显差异(图 1A、1B, 表 1)。

2.2 空气中微生物群落组成

2019 年与 2020 年微生物多样性分析可知, 在微



A: 2019 年春季秋季大气中 PAH 浓度; B: 2020 年春季秋季大气中 PAH 浓度。

图 1 2019 年和 2020 年春季与秋季大气 PAH 浓度

Figure 1 Atmospheric PAH concentrations in spring and autumn of 2019 and 2020

生物门水平上, 2019 年和 2020 年优势菌门均为厚壁菌门(*Firmicutes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和变形菌门(*Proteobacteria*) (图 2A、B)。

2019、2020 年微生物属水平分析可知, 2019 年优势菌属为芽胞杆菌属(*Bacillus*)、葡萄球菌属(*Staphylococcus*)和微球菌属(*Micrococcus*)。2020 年则为芽胞杆菌属(*Bacillus*)和虚构芽胞杆菌属(*Fictibacillus*)。其中, 芽胞杆菌属为 2019 和 2020 年共同优势菌属(图 3A、3B)。

2.3 大气 PAH 与微生物群落相关性分析

将 2019 年和 2020 年的大气 PAH 浓度分别与微生物属水平进行 Pearson 相关分析可知, 2019 年在属水平上, 芽胞杆菌属(*Bacillus*)与 Fla 和总 PAH 呈正相关; 微球菌属(*Micrococcus*)与 BbF、BaP、DBA/

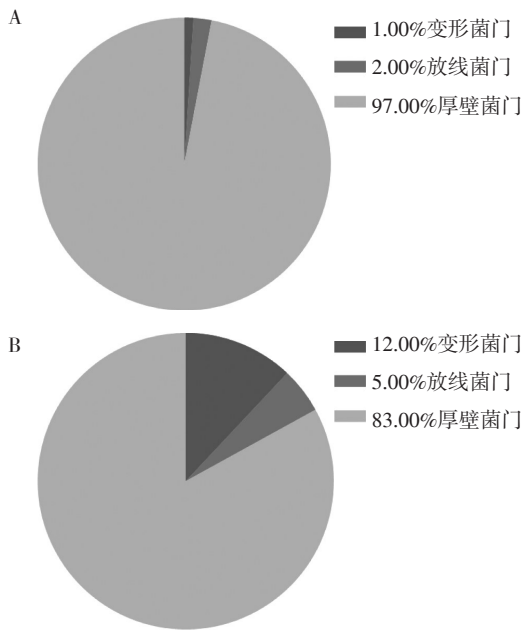
InP 和 BgP 水平呈正相关($P < 0.05$); 土壤芽胞杆菌属(*Solibacillus*)与 Chr 和 BkF 水平呈正相关($P < 0.05$)。2020 年属水平上, 假芽胞杆菌属(*Fictibacillus*)与 BkF 水平呈正相关($P < 0.05$); 不动杆菌属(*Acinetobacter*)与 Flu 的水平呈正相关; 鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)与 Pyr、BaA 和 DBA/InP 的水平呈正相关($P < 0.05$); 考克氏菌属(*Kocuria*)的丰度与 Chr、BbF、BkF 和 Pyr 呈正相关($P < 0.05$); 节杆菌属(*Arthrobacter*)的丰度与 BaA、Chr 和 Ant 的水平呈正相关。

对 2019—2020 年属水平大气微生物与 PAH 综合进行相关性分析, 类芽胞杆菌属(*Paenibacillus*)丰度与 BkF 呈正相关($P < 0.05$); 短杆菌属(*Curtobacterium*)丰度与 BaA、Chr 和 BaP 呈正相关($P < 0.05$); 赖氨酸芽胞杆菌属与 Fla、Chr、BbF、BaP、INP/DBA

表1 2019年和2020年大气中13种PAH的浓度范围

Table 1 The concentration range of 13 PAHs in the atmosphere in 2019 and 2020

PAH	[mg/m ³ , M(Min~Max)]			
	2019年		2020年	
	4—6月	9—11月	5—6月	9—11月
芴	0.07(0.00~0.35)	0.13(0.01~0.26)	0.08(0.03~0.90)	0.11(0.04~0.33)
菲	0.77(0.14~3.89)	1.63(1.18~2.44)	0.65(0.20~5.60)	0.82(0.41~1.53)
蒽	0.03(0.00~0.14)	0.09(0.02~0.25)	0.12(0.04~0.50)	0.04(0.02~0.12)
荧蒽	0.46(0.14~2.17)	0.89(0.53~1.30)	0.47(0.13~1.17)	0.57(0.25~1.27)
芘	0.41(0.25~0.98)	0.56(0.31~0.78)	0.31(0.14~6.63)	0.31(0.09~0.72)
苯并[a]蒽	0.05(0.02~0.15)	0.10(0.05~0.20)	0.19(0.01~2.74)	0.02(0.00~0.10)
蒾	0.19(0.06~0.49)	0.23(0.11~0.38)	0.14(0.03~0.54)	0.11(0.04~0.11)
苯并[b]荧蒽	0.12(0.06~0.66)	0.27(0.08~0.48)	0.08(0.00~0.23)	0.04(0.01~0.10)
苯并[k]荧蒽	0.10(0.01~0.20)	0.04(0.01~0.15)	0.08(0.02~0.25)	0.03(0.01~0.05)
苯并[a]芘	0.08(0.04~0.30)	0.14(0.05~0.26)	0.06(0.00~0.30)	0.01(0.00~0.05)
二苯并[a,h]蒽/茚并[1,2,3-cd]芘	0.06(0.02~0.24)	0.12(0.04~0.23)	0.04(0.00~0.19)	0.02(0.00~0.05)
苯并[g,h,i]芘	0.25(0.06~0.48)	0.30(0.12~0.45)	0.05(0.03~0.31)	0.06(0.01~0.09)



A: 2019年微生物在门水平上的分布比例; B: 2020年微生物在门水平上的分布比例。

图2 2019年和2020年大气中微生物门水平上的相对丰度
Figure 2 Relative abundance of microbiota in the atmosphere at the phylum level in 2019 and 2020

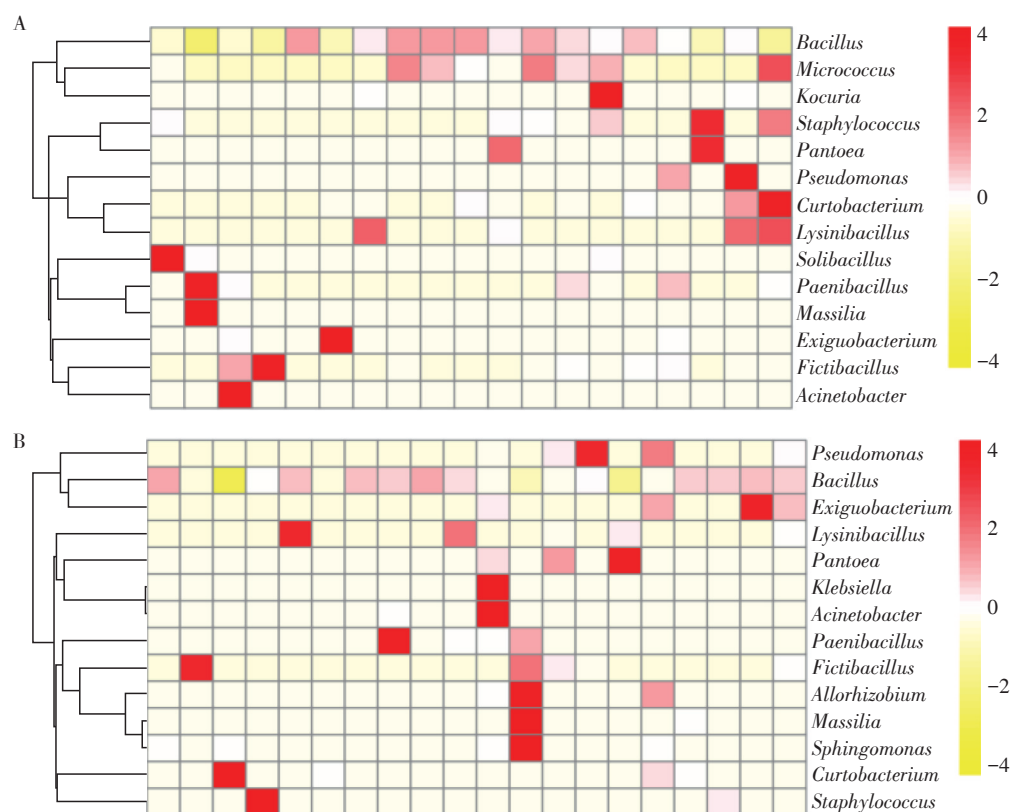
和BgP均呈正相关($P < 0.01$);考克氏菌属(*Kocuria*)丰度与BbF呈正相关($P < 0.05$);不动杆菌属(*Acinetobacter*)与BkF呈正相关;微球菌属(*Micrococcus*)与土壤芽胞杆菌属(*Terribacillus*)均与BbF、INP/DBA和BgP呈正相关($P < 0.01$)。

3 讨论

大气PAH中2~3环PAH为气态,多存在于气相

中,而4环PAH为过渡态,在颗粒物和气相中均存在,5~7环的PAH多存在固相颗粒物中。本研究主要对大气中颗粒态PAH进行检测分析。据报道,2001—2002年南京大气中PAH的平均水平是62.6 ng/m³[11],2014年为18.9 ng/m³[12]。2013年8月我国环保部发布实施6项空气质量检测标准,国家加快推进大气污染防治。本研究中南京大气2019—2020年春秋两季检测的13种PAH总浓度高达21.74 ng/m³。南京大气PAH均以3,4碳环菲、荧蒽及芘为主。2019年大气PAH平均浓度约7.63 ng/m³,而2020年约3.04 ng/m³。这很可能是受疫情时期停工停产的影响,也有可能与本市的亚热带季风气候有关,其中各季风的来源、太阳辐射强度、降水量等都是影响大气PAH浓度的重要因素[13]。本市颗粒物中的PAH来源与北方燃煤污染城市区别较大,而机动车尾气排放导致的PAH的增加不容忽视[14]。本研究中,在组分上2019年大气颗粒态PAH主要是菲Phe、荧蒽Fla、芘Pyr、苯并[g,h,i]芘BgP、屈Chr和苯并[b]荧蒽BbF。2020年苯并[g,h,i]芘BgP、屈Chr和苯并[b]荧蒽BbF水平明显降低,而菲Phe、荧蒽Fla、芘Pyr和苯并[a]蒽BaA的水平显著升高。为了更好地响应党的十九届四中全会精神,南京市该区对产业结构进行较大调整,对高污染企业(化工、燃煤、铸造、瓦砖等)进行较大力度的整治,持续化解经济高速发展与生态环境之间的矛盾,并在空气质量改善方面取得了一定成绩[15]。

本研究在PAH与微生物种群相关分析中发现,厚壁菌门中的芽胞杆菌属和放线菌门中的微球菌



A: 2019年空气中微生物属水平上的相对丰度热图; B: 2020年空气中微生物属水平上的相对丰度热图。

图3 2019年和2020年空气中微生物属水平上的相对丰度

Figure 3 Relative abundance of microbiota in the atmosphere at the genus level in 2019 and 2020

属丰度与大气PAH相关。据报道,PAH能够通过干扰共生微生物的内分泌信号通路,对环境和共生菌群产生一定影响^[16]。微球菌属是最常见的PAH降解细菌分离物之一^[17-18]。而芽孢杆菌属与大气中多种PAH浓度呈正相关,芽孢杆菌属具有降解环境中的萘、菲、屈、芘、苯并[a]芘和苯并[a]蒽的作用^[19]。研究者从污泥(长期被焦化废水污染)中分离得到1株芽孢杆菌,在单基质及混合基质条件下,蒽、菲、芘均得到了良好的降解^[20]。除此之外,相关研究表明大气中的PAH水平与环境及机体共生菌群之间存在相关性。1项在芬兰进行的研究也报道了大气PAH浓度与托儿所空气中的放线菌门及儿童皮肤菌属之间的联系,并进一步分析发现,其中的差异微生物对内分泌代谢具有干扰作用^[21]。Sowada等^[22]在上呼吸道咳嗽综合征、慢性阻塞性肺病、哮喘等患者肺部中发现的优势菌群包括厚壁菌门和放线菌门,提示PAH污染可通过影响微生物多样性与呼吸道免疫性疾病相关。因此,关注PAH污染引起的健康相关菌群的变化及健康风险,能够为PAH的健康风险评价提供基础资料,对实施合理的环境干预手段和健康风险评价具有重

要指导意义。

[参考文献]

- [1] KUŚMIERZ M, OLESZCZUK P, KRASKA P, et al. Persistence of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in biochar-amended soil[J]. Chemosphere, 2016, 146: 272-279
- [2] ZHANG X, LI X, JING Y, et al. Transplacental transfer of polycyclic aromatic hydrocarbons in paired samples of maternal serum, umbilical cord serum, and placenta in Shanghai, China[J]. Environ Pollu, 2017, 222: 267-275
- [3] CHEN Y, ZHANG J, ZHANG F, et al. Polycyclic aromatic hydrocarbons in farmland soils around main reservoirs of Jilin Province, China: occurrence, sources and potential human health risk[J]. Environ Geochem Health, 2018, 40(2): 791-802
- [4] 吉贵祥, 顾杰, 郭敏, 等. 南京市典型地区大气多环芳烃污染特征及健康风险评价[J]. 环境监控与预警, 2021, 13(5): 87-92
- [5] 薛国艳, 王格慧, 吴灿, 等. 长三角背景点夏季大气PM_{2.5}中正构烷烃和多环芳烃的污染特征和来源解析[J]. 环境科学, 2020, 41(2): 554-563
- [6] EWA B, DANUTA M Š. Polycyclic aromatic hydrocarbons and PAH-related DNA adducts[J]. J Appl Gene, 2017, 58

- (3):321-330
- [7] MU G, FAN L, ZHOU Y, et al. Personal exposure to PM_{2.5}-bound polycyclic aromatic hydrocarbons and lung function alteration: Results of a panel study in China[J]. *Sci Total Environ*, 2019, 684:458-465
- [8] YANG L, WANG W C, LUNG S C C, et al. Polycyclic aromatic hydrocarbons are associated with increased risk of chronic obstructive pulmonary disease during haze events in China[J]. *Sci Total Environ*, 2017, 574:1649-1658
- [9] LAIGUO C, GUOCHENG H, RUIFANG F, et al. Association of PAHs and BTEX exposure with lung function and respiratory symptoms among a nonoccupational population near the coal chemical industry in Northern China [J]. *Environ Intern*, 2018, 120:480-488
- [10] PARAJULI A, GRONROOS M, KAUPPI S, et al. The abundance of health - associated bacteria is altered in PAH polluted soils-implications for health in urban areas [J]. *PLoS One*, 2017, 12(11):e0187852
- [11] WANG G, HUANG L, ZHAO X, et al. Aliphatic and polycyclic aromatic hydrocarbons of atmospheric aerosols in five locations of Nanjing urban area, China [J]. *Atmosph Res*, 2006, 81(1):0-66
- [12] 毛学伟. 南京城东大气中多环芳烃与颗粒物的污染特征研究[D]. 南京:南京农业大学, 2015
- [13] 王焱焱, 周 君, 王瑞福. 唐山市大气中多环芳烃污染特征及其影响因素研究[J]. *现代预防医学*, 2018, 45(16):2915-2919
- [14] 杨丽莉, 王美飞, 张予燕, 等. 南京市大气颗粒物中多环芳烃变化特征[J]. *中国环境监测*, 2016, 32(1):53-57
- [15] 易思思, 董 静, 徐 慧, 等. 南京市江宁区高质量发展的资源环境支持水平分析[J]. *改革与开放*, 2020, 7(4):5-9
- [16] LU H, WEI T, LOU H, et al. A critical review on communication mechanism within plant-endophytic fungi interactions to Cope with biotic and abiotic stresses[J]. *J Fungi*, 2021, 7(9):719
- [17] OLOWOMOFE T O, OLUYEGE J O, ADERIYE B I, et al. Degradation of poly aromatic fractions of crude oil and detection of catabolic genes in hydrocarbon-degrading bacteria isolated from Agbabu bitumen sediments in Ondo State [J]. *AIMS Microbiol*, 2019, 5(4):308
- [18] ABRAHAM N A, OFFIONG N A O, UKAFIA O P, et al. Source apportionment of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in a tropical estuarine epipellic sediment and its associated bacterial degrading potentials [J]. *Curr J Appl Sci Technol*, 2019, 32(1):1-11
- [19] 唐涛涛, 李 江, 杨 钊, 等. 多环芳烃生物降解及转化途径的研究进展[J]. *石油学报(石油加工)*, 2019, 35(2):403-413
- [20] 张志杰, 聂麦茜, 葛碧洲. 一株芽孢杆菌对多环芳烃的降解性能[J]. *水处理技术*, 2003, 29(5):276-278
- [21] ROSLUND M I, RANTALA S, OIKARINEN S, et al. Endocrine disruption and commensal bacteria alteration associated with gaseous and soil PAH contamination among daycare children[J]. *Environ Intern*, 2019, 130:104894
- [22] SOWADA J, SCHMALENBERGER A, EBNER I, et al. Degradation of benzo[a]pyrene by bacterial isolates from human skin [J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2014, 88(1):129-139

[收稿日期] 2021-11-17

(本文编辑:陈汐敏)