

# 十溴联苯醚对土壤中微生物群落结构及土壤潜在硝化功能的影响

朱 嵬, 张 眇, 俞 晟, 肖 琳, 杨柳燕

(污染控制与资源化研究国家重点实验室,南京大学环境学院,江苏 南京 210093)

**摘要:**采用变性梯度凝胶电泳(DGGE)和寡聚核苷酸探针-荧光原位杂交(FISH)方法研究了十溴联苯醚(BDE209)对土壤中微生物群落的影响作用。结果表明,1 mg·kg<sup>-1</sup> BDE209 对土壤中微生物群落多样性以及总细菌数有明显的促进作用,土壤中的氨氧化细菌以及亚硝酸氧化菌的数量有显著增长。BDE209 浓度达到 100 mg·kg<sup>-1</sup> 时,土壤微生物的总数和群落多样性则显著降低,同时氨氧化细菌以及亚硝酸氧化菌的生长也受到明显的抑制。暗室培养 45 d 内,BDE209 虽未被降解,但高浓度的十溴联苯醚会对土壤中的微生物群落结构及土壤潜在的硝化作用产生较大影响。

**关键词:**十溴联苯醚(BDE209);微生物群落结构;变性梯度凝胶电泳;荧光原位杂交

**中图分类号:**X53   **文献标志码:**A   **文章编号:**1672-2043(2009)08-1613-05

## Effect of Decabromodiphenyl Ether (BDE-209) on Soil Bacterial Community Composition and Nitrification Potential

ZHU Wei, ZHANG Yang, YU Sheng, XIAO Lin, YANG Liu-yan

(State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, School of the Environment, Nanjing University, Nanjing 210093, China)

**Abstract:** PBDEs are ubiquitously used fire retardant in the world and sink in the soils and sediments because of their hydrophobia characteristics. In this study, soils were treated with 1, 10 and 100 mg·kg<sup>-1</sup> BDE 209 for up to 45 days. The effects of BDE209 on soil bacterial community composition were studied using the denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). The effects of BDE209 on the ammonia-oxidizing bacteria (AOB) and the nitrite-oxidizing bacteria (NOB) groups were evaluated using fluorescence in situ hybridization (FISH) analysis. The results indicated that microbial communities were significantly affected by BDE209. After 45 days treatment, soil microbial community diversity and the amount of AOB and NOB could be promoted obviously by BDE209 at the concentration of 1 mg·kg<sup>-1</sup>, but inhibited at 100 mg·kg<sup>-1</sup>. BDE209 was not degraded under darkness throughout the experiment. These observations demonstrated that BDE209 in soil, although at low bioavailability state, had an adverse impact on the soil microbial community structure and nitrification potential.

**Keywords:** decabromodiphenyl ether (BDE-209); soil microbial community; DGGE; FISH

多溴联苯醚(Poly-Brominated Diphenyl Ethers,简称PBDEs),又称多溴二苯醚,是一种重要的溴代阻燃剂(Brominated Flame Retardants, BFRs),它对环境已产生越来越严重的影响<sup>[1]</sup>。据统计,1997至2004年间,每年有(6~12)×10<sup>8</sup> kg 的PBDEs 随着电子废弃物的产生排放到环境中<sup>[2]</sup>。PBDEs的化学结构与二噁英、

呋喃、多氯联苯等持久性有机污染物相似,其化学结构稳定、半衰期长、生物毒性强<sup>[1~3]</sup>。如今,多溴联苯醚已成为全球最受关注的一类环境污染物,在包括土壤、沉积物、水体、大气、生物体等在内的多种环境介质中,人们均检测到其存在<sup>[4]</sup>。由于PBDEs的广泛使用及其本身的亲脂性和持久性,并且容易吸附在固体颗粒物的表面,土壤及沉积物中可能富集有大量的PBDEs<sup>[5]</sup>,多溴联苯醚可能会影响土壤的微生态环境。当前,研究者们较为热衷于探究PBDEs在生物体内及非生物环境中的持久性<sup>[6~9]</sup>及其对人类健康的威胁<sup>[10]</sup>,而针对PBDEs对土壤中微生物影响的研究并不多见。

收稿日期:2008-12-08

基金项目:国家自然科学基金重点项目(20637030)

作者简介:朱 嵬(1983—),男,安徽无为人,硕士研究生,主要研究方向为土壤微生物学。E-mail:huyunhunse@gmail.com

通讯作者:肖 琳 E-mail:xiaolin@nju.edu.cn

在209种多溴联苯醚同系物中,十溴联苯醚(BDE209)是使用最广泛的阻燃剂成分,BDE209的产量占据了PBDEs总产量的约80%。截止到2001年,我国十溴联苯醚(BDE209)的销售量已达 $1.35\times10^4\text{ t}^{[1]}$ 。表层土壤中BDE209的含量为 $2.38\sim66.6\text{ ng}\cdot\text{g}^{-1}$ 之间,其平均含量为 $13.8\text{ ng}\cdot\text{g}^{-1}$ 。在珠江三角洲受PBDEs污染的土壤中,其含量高达 $25.7\sim102\text{ ng}\cdot\text{g}^{-1}$ <sup>[12]</sup>。本研究旨在探究BDE209对土壤中微生物种群群落结构以及土壤中硝化功能细菌,氨氧化细菌(AOB)、亚硝酸氧化菌(NOB)的影响。

## 1 材料及方法

### 1.1 供试土壤及培养方法

土样采自紫金山“清洁”土壤,为5处采样点的混合,采样深度0~20 cm。新鲜土样采集后拣去植物残体,一部分土样于室内自然风干后研磨过筛,测定土壤基本理化性状(结果见表1);另一部分土样过20目筛后,进行毒性实验。

表1 供试土壤的理化性质

Table 1 Physical and chemical characteristics of soils used in the study

供试土壤	pH(H <sub>2</sub> O)	有机质/g·kg <sup>-1</sup>	阳离子交换量 CEC/cmol·kg <sup>-1</sup>	最大田间持 水量/%
紫金山林地土	6.83	9.59	11.75	65

### 1.2 土壤样品的处理

每200 g土壤为1份,与BDE209的甲苯储备液( $1\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ )混合,使BDE209在土壤中的含量分别为1、 $10$ 、 $100\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ ,并分别标为A、B、C组,同时设置不含BDE209的空白对照样,仅与相同量甲苯混合,标为K,每组设3个平行样。所有样品置于25℃暗室培养,每隔15 d采样分析检测。

### 1.3 DNA提取及PCR-DGGE图谱分析

称取0.5 g干重土样,按Yeates等报道的方法提取土壤微生物的总DNA<sup>[13]</sup>。PCR反应体系组成:50 ng的模板、20 pmol正反向引物、 $200\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$  dNTP、5  $\mu\text{L}$ 的10×PCR buffer(不含MgCl<sub>2</sub>)、 $1.5\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的MgCl<sub>2</sub>、1 U的ExTaq DNA聚合酶和适量的双蒸水补足50  $\mu\text{L}$ 。反应程序: $94\text{ }^\circ\text{C}, 4\text{ min}; 94\text{ }^\circ\text{C}, 45\text{ s}; 55\text{ }^\circ\text{C}, 1\text{ min}; 72\text{ }^\circ\text{C}, 45\text{ s}; 30$ 次循环;72℃延伸10 min;4℃保存。

采用Bio-Rad Dcode<sup>TM</sup>基因突变检测系统对PCR反应产物进行变性梯度凝胶电泳分离。采用6%~12%的线性变性梯度聚丙烯酰胺多孔凝胶,变性剂范围为

35%~55%(7 mol·L<sup>-1</sup>尿素和40%去离子甲酰胺为100%变性剂浓度)。在1×TAE中, $60\text{ }^\circ\text{C}, 130\text{ V}$ 条件下电泳5 h,取出用EB染液染色,Bio-Rad凝胶成像分析系统。分析染色后的凝胶并拍照。

采用QuantityOne软件对DGGE图谱进行分析,对各泳道分离出的条带数目、位置及强度进行比较,根据Shannon指数公式 $H'=-\sum P_i \ln P_i$ 计算微生物种群结构的多样性(其中 $P_i=n_i/N$ , $n_i$ 表示单一一条带的峰面积,N表示所有峰的总面积),通过Dice系数计算不同样品间细菌群落相似度后生成系统进化树。

### 1.4 荧光原位杂交(FISH)方法

微生物细胞的染色、杂交和计数参照Christensen等<sup>[14]</sup>的方法。将土样用磷酸缓冲液(PBS)清洗后悬浮于乙醇/PBS(1:3)溶液中,将上述土壤混合溶液稀释100倍(取10  $\mu\text{L}$ 该土壤混合溶液加入990  $\mu\text{L}$ 超纯水,超声混合均匀),取20  $\mu\text{L}$ 涂抹在经过APES溶液固定的玻片上,室温干燥1 h,然后用50%、80%和98%的乙醇梯度脱水各3 min。在96%乙醇、4%PBS的溶液(pH 7.2)中进行荧光原位杂交,在此之后使用20  $\mu\text{L}$  DAPI染色20 min。细胞计数时,在玻片上(100 mm<sup>2</sup>)随机选取10个小单位(0.01 mm<sup>2</sup>)进行计数。表2所列分别为实验所用的荧光探针及寡核苷酸引物。

表2 荧光标记探针序列

Table 2 The sequence of fluorescent probes

细菌类群	探针名	探针核酸序列(5'-3')	标记
氨氧化细菌	NSO190	CGATCCCTGCTTTCTCC	3'-HEX
亚硝酸氧化细菌	NIT3	CCTGTGCTCCATGCTCCG	3'-FAM
	CNIT3	CCTGTGCTCCAGGCTCCG	

### 1.5 BDE209高效液相色谱(HPLC)检测方法

BDE209的提取及分析参照Chen等<sup>[15]</sup>的方法。将10 g土壤冷冻干燥,碾磨,再用1:1(体积比)丙酮/正己烷索式抽提48 h,同时加入铜片脱硫。将抽提液旋转蒸发浓缩,并转换试剂为正己烷。按照She-Jun Chen等<sup>[15]</sup>提出的方法过层析柱净化浓缩液。使用硅胶/氧化铝层析柱,由下往上依次填充:中性氧化铝(6 cm,3%失活),中性硅胶(2 cm,3%失活),25%氢氧化钠硅胶(5 cm),中性硅胶(2 cm,3%失活),50%硫酸硅胶(5 cm),无水硫酸钠(1 cm)。先用30 mL正己烷洗涤层析柱,然后加入抽提浓缩液,最后用70 mL正己烷洗脱,收集层析液浓缩定容至1 mL,高效液相色谱(Agilent Model 1100)检测分析BDE209。同时,设置空

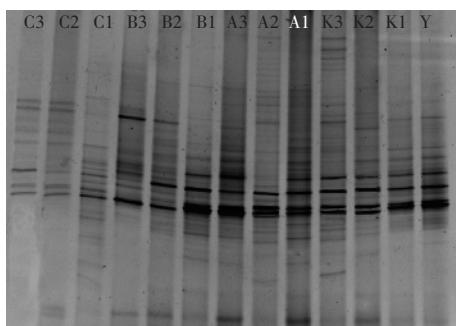
白对照以及进行加标回收。

## 2 结果与讨论

### 2.1 微生物群落结构多样性

土壤中含有大量的微生物,其中95%以上为不可培养的微生物。传统的培养方法越来越不适应目前对于土壤微生物群落多样性的研究,而基于分子生物学的DGGE、FISH等方法为研究土壤微生物多样性提供了新思路<sup>[16]</sup>。本研究尝试使用DGGE方法研究不同浓度下的BDE209对土壤微生物群落结构的影响。

DGGE结果如图1和图2所示。经过45 d培养后,各处理组及对照组DGGE条带特征均发生了一定程度的变化,其中1 mg·kg<sup>-1</sup>组与对照组的条带数目和亮度均发生了一定程度的增长,与此相反的是



Y: 原土; K1、K2、K3: 对照组 15、30、45 d 的土样; A1、A2、A3: 1 mg·kg<sup>-1</sup> 组 15、30、45 d 土样; B1、B2、B3: 10 mg·kg<sup>-1</sup> 组 15、30、45 d 土样; C1、C2、C3: 100 mg·kg<sup>-1</sup> 组 15、30、45 d 土样。

图 1 16S rDNA 片段 DGGE 图谱

Figure 1 DGGE profile of 16S rDNA fragments

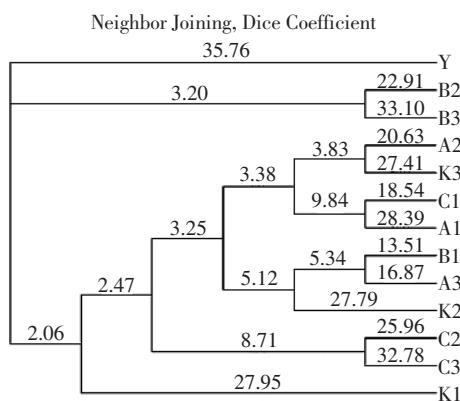


图 2 各条带间的相似度进化树

Figure 2 Phylogenetic tree of DGGE bands similarity

100 mg·kg<sup>-1</sup> 浓度组的条带数目和亮度明显下降。

表3为DGGE各泳道的Shannon指数H',结果表明,1 mg·kg<sup>-1</sup>组的Shannon指数增长程度比对照组要大,从2.20增长到2.46,而对照组45 d后仅为2.40,由此可见低浓度的BDE209能提高土壤中的微生物群落多样性。这与Andreoni等<sup>[17]</sup>的研究相似,其研究表明经PAHs中期污染的比利时B-BT土壤中,微生物的遗传多样性最高。10 mg·kg<sup>-1</sup>组经过45 d培养后H'为2.38,与对照组无显著性差异。最高浓度组100 mg·kg<sup>-1</sup>的H'在45 d培养过程中则明显的降低,从最初的2.20降低为1.97。条带相似性分析同样表明100 mg·kg<sup>-1</sup>组经过30、45 d培养后的条带C2、C3与其余浓度组及对照组的条带差异性明显。

综合各条带的Shannon系数和条带相似性的结果来看,100 mg·kg<sup>-1</sup>组培养45 d后,其生物多样性明显降低。

目前已有很多研究是关于持久性有机污染物对于土壤中微生物群落结构的影响,然而对于土壤中广泛存在的BDE209对土壤中微生物群落结构的影响目前却鲜有报道。我们利用DGGE试验发现,BDE209在1 mg·kg<sup>-1</sup>时就已经能选择性地促进或抑制某些特定的微生物,从而影响整个微生物群落结构。这说明低浓度的BDE209能在一定程度上促进微生物的多样性,这可能是BDE209在此浓度时能促进一些微生物的代谢,且在此浓度对于其余大多数微生物毒性尚低。且当BDE209浓度达到100 mg·kg<sup>-1</sup>时对大多数微生物能产生毒性,并且抑制其生长,因而微生物的多样性发生明显减少。Langford<sup>[18]</sup>的研究结果也表明,污泥在与多溴联苯醚同系物接触一段时间后,污泥中微生物群落结构发生改变,且生物多样性降低。

### 2.2 BDE209 浓度变化

空白样中未检出BDE209,BDE209含量的测定结果如图3,回收率为69.8%~98.5%,各浓度组在15、30、45 d中的BDE209含量未发生明显降低,因此BDE209在45 d内较难被微生物所降解。

### 2.3 微生物总数及微生物种群丰度变化

图4显示,在15 d时检测,1 mg·kg<sup>-1</sup>及10 mg·kg<sup>-1</sup>的处理组中DAPI染色的总细菌数分别增加了118.00%和70.14%,到45 d时,1 mg·kg<sup>-1</sup>的土样中总

表3 不同处理组 DGGE 条带的 Shannon 指数

Table 3 Shannon diversity index for the different treatment

泳道	Y	K1	K2	K3	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3
H'	2.20	2.22	2.24	2.40	2.42	2.42	2.46	2.28	2.35	2.38	2.13	2.10	1.91

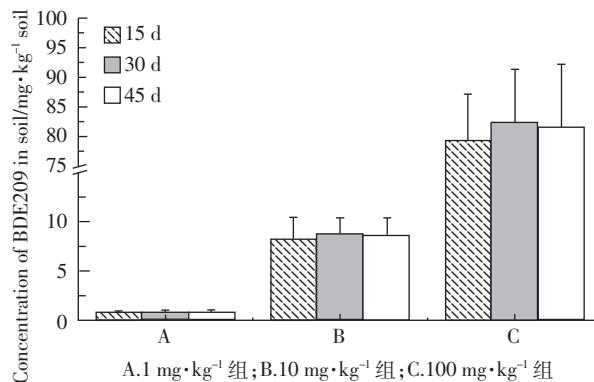


图3 各浓度组 BDE209 含量

Figure 3 The concentration of BDE209 in each samples determined by HPLC

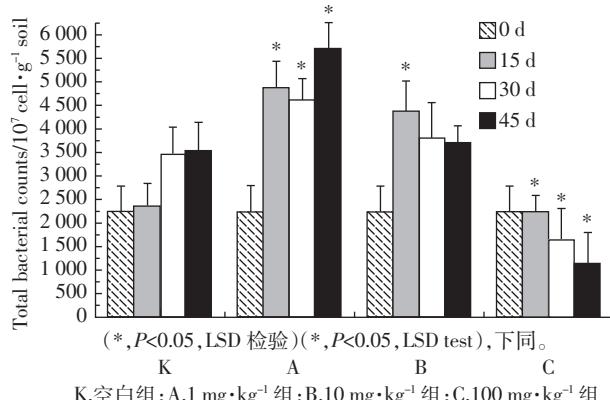


图4 各浓度组对照组总细菌数变化情况

Figure 4 Results of the soil total bacterial counts

细菌数增加了 155.22%。以上数据进一步支持了 DGGE 实验结果, 即 BDE209 为  $1\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  的浓度组经过 45 d 培养后, 微生物数量有显著的增长。然而, 在各个不同的 BDE209 浓度条件下, 土样中的 BDE209 的含量均未发生明显变化。这可能由于 BDE209 能够被土壤颗粒所吸附, 影响了其生物可利用性。土壤中的孔隙可能是 PBDEs 聚集并降低其与微生物接触的重要场所<sup>[19]</sup>, 但是这并不意味着微生物无法和 PBDEs 接触, 没有发生降解也不意味着 PBDEs 不会产生影响。已经有研究结果表明<sup>[20]</sup>, PAH 和土壤吸附的条件下能够与土壤微生物接触并产生毒性。而且土壤中可溶解态的有机物(DOM)能够与被土壤颗粒吸附的 PBDEs 接触, 并增加 PBDEs 的溶解性, 使其能够与土壤中的微生物发生作用, 并且可能因此影响整个微生物群落结构。Ramírez-Saad 等研究氯苯对土壤中微生物群落影响时, 也得到了相似的结果<sup>[21]</sup>。

空白土样中氨氧化细菌(AOB)的绝对数量在反应初始时(0)为  $7.70\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ , 至反应结束(45 d)

时升高至  $9.72\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ 。在浓度为  $1\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  的 A 组中, AOB 的绝对数量在 45 d 的实验周期内显示明显的增长, 45 d 后为  $10.60\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ 。因此在低浓度的以及 BDE209 浓度为  $10\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  的中等浓度的土样中, AOB 的数量有一定的增长, 但与对照组相比无显著性差异。而当 BDE209 浓度高达  $100\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  时, 培养 45 d 后的 AOB 数量发生了明显的降低, 仅为  $6.56\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ (图 5)。

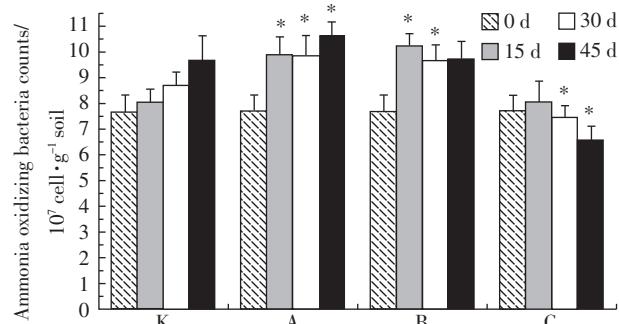


图5 各浓度组对照组氨氧化细菌数量变化情况

Figure 5 Results of the ammonia-oxidizing bacteria counts

土壤中的亚硝酸氧化细菌(NOB)在整个试验周期中, 在  $1\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  BDE209 的土壤组中, NOB 的数量在实验的 45 d 后, 相比对照组有明显增长, 从初始的  $7.24\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$  增长到  $10.53\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ , 而同时的对照组只有  $8.01\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ 。 $100\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  的土壤组中则发生了显著的下降, 45 d 后仅有  $5.95\times 10^7\text{ cell}\cdot\text{g}^{-1}$ , 如图 6 所示。

土壤中的氨氧化细菌和亚硝酸氧化菌都是细菌群落中参与氮素转化的具有重要生理功能的特殊菌群<sup>[22]</sup>, 氨氧化菌和亚硝酸氧化菌在细菌群落中所占的比例很小, 尤其是亚硝酸氧化细菌, 生长增殖速度缓慢, 而高浓度的 BDE209 对其抑制作用明显。目前环境中检测出 BDE209 最高值为  $12\ 000\ \mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$  干

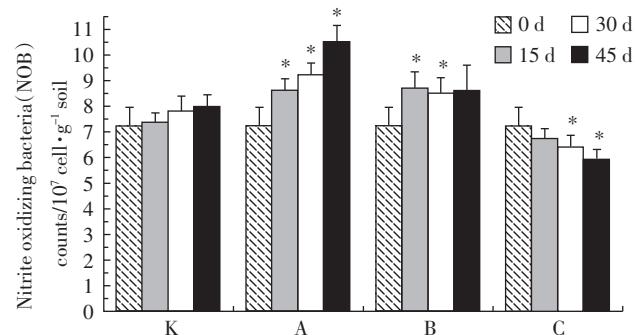


图6 各浓度组对照组亚硝酸氧化细菌数量变化情况

Figure 6 Results of the nitrite-oxidizing bacteria counts

重<sup>[23]</sup>,因此土壤中多年积累的BDE209可能已经对土壤中的硝化作用产生了影响。

本研究结果显示,低浓度的BDE209对土壤中微生物群落多样性有一定的促进作用,能明显促进氨氧化细菌和亚硝酸氧化菌的生长,而高浓度的BDE209则明显降低土壤中微生物的群落多样性,并且抑制土壤潜在的硝化作用。

### 3 结论

(1)BDE209能对土壤中微生物群落产生明显的影响,其较低浓度能促进土壤微生物的生长并提高土壤中微生物的生物多样性,而较高浓度条件下能明显抑制土壤中微生物的生长,降低微生物群落多样性。

(2)BDE209在整个反应的45 d内,在黑暗条件下未发生降解,说明在环境中较难被微生物所代谢降解,但是BDE209可以影响微生物的生长和群落变化。

(3)BDE209在低浓度时在一定程度上促进氨氧化细菌和亚硝酸氧化细菌的生长,而在高浓度条件下对两种细菌有明显的抑制作用。因而环境中残留的高浓度的BDE209会对土壤的硝化作用产生一定的影响。

### 参考文献:

- [1] de Wit C A. An overview of brominated flame retardants in the environment[J]. *Chemosphere*, 2002, 46(5):583-624.
- [2] Martin M, Lam P K S, Richardson, B J. An Asian quandary: where have all of the PBDEs gone?[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2004, 49:375-382.
- [3] Donald T A. A perspective on the potential health risks of PBDEs[J]. *Chemosphere*, 2002, 46(5):745-755.
- [4] Wang D, Cai Z, Jiang G, et al. Determination of polybrominated diphenyl ethers in soil and sediment from an electronic waste recycling facility[J]. *Chemosphere*, 2005, 60:810-816.
- [5] Lacorte S, Guillamón M, Martínez E, et al. Occurrence and specific congener profile of 40 Polybrominated Diphenyl Ethers in river and coastal sediments from Portugal[J]. *Environmental Science and Technology*, 2003, 37:892-898.
- [6] de Wit C, Alaei M, Muir D. Levels and trends of brominated flame retardants in the Arctic[J]. *Chemosphere*, 2006, 64:209-233.
- [7] Hale R, La Guardia M, Harvey E, et al. Brominated flame retardant concentrations and trends in abiotic media[J]. *Chemosphere*, 2006, 64:181-186.
- [8] Braune B, Mallory M, Gilchrist H, et al. Levels and trends of organochlorines and brominated flame retardants in Ivory Gull eggs from the Canadian Arctic, 1976 to 2004[J]. *Science of the Total Environment*, 2007, 378:403-417.
- [9] Shaw S D, Berger M L, Brenner D, et al. Polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) in farmed and wild salmon marketed in the northeastern United States[J]. *Chemosphere*, 2008, 71:1422-1431.
- [10] Darnerud P O. Toxic effects of brominated flame retardants in man and in wildlife[J]. *Environment International*, 2003, 29(6):841-853.
- [11] 杨永亮,潘 静,李 悅,等.青岛近岸沉积物中持久性有机污染物多氯萘和多溴联苯醚[J].科学通报,2003,48(21):2244-2251.  
YANG Yong-liang, PAN Jing, LI Yue, et al. persistent organic pollutants polychlorinated naphthalene and PBDEs in near-shore sediments of Qingdao[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2003, 48(21):2244-2251.
- [12] Mai B X, Luo, X J, Chen L G, et al. Distribution of polybrominated diphenyl ethers in sediments of the Pearl River Delta and adjacent South China Sea[J]. *Environmental Science and Technology*, 2005, 39: 3521-3527.
- [13] Yeates C, Gillings M R, Davison A D, et al. PCR amplification of crude microbial DNA extracted from soil[J]. *Letters in Applied Microbiology*, 1997, 25:303-307.
- [14] Christensen H, Hansen M, Sørensen J. Counting and size classification of active soil bacteria by fluorescence in situ hybridization with an rRNA oligonucleotide probe[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65:1753-1761.
- [15] Chen S J, Gao X J, Mai B X, et al. Polybrominated diphenyl ethers in surface sediments of the Yangtze River Delta: Levels, distribution and potential hydrodynamic influence[J]. *Environmental Pollution*, 2006, 144:951-957.
- [16] Muyzer G, Brinkhoff T, Nübel U, et al. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) in microbial ecology[J]. *Molecular Microbial Ecology Manual*, 2004, (1-2):743-769.
- [17] Andreoni V, Cavalca L, Rao M A, et al. Bacterial communities and enzyme activities of PAHs polluted soils[J]. *Chemosphere*, 2004, 57:401-412.
- [18] Langford K, Scrimshaw M, Lester J. The impact of process variables on the removal of PBDEs and NPEOs during simulated activated sludge treatment[J]. *Archives of Environmental Contamination and Toxicology*, 2007, 53:1-7.
- [19] Stotzky G, Bollag J M. Soil biochemistry[M]. New York: Marcel Dekker, 1996.
- [20] Eggleton J, Thomas K V. A review of factors affecting the release and bioavailability of contaminants during sediment disturbance events[J]. *Environment International*, 2004, 30:973-980.
- [21] Ramírez-Saad H C, Sessitsch A, Akkermans A D L. Molecular diversity in the bacterial community and the fluorescent pseudomonads group in natural and chlorobenzoate-stressed peat-forest soil[J]. *Research in Microbiology*, 2003, 158:47-54.
- [22] 许光辉,郑洪元.土壤微生物分析方法手册[M].北京:农业出版社,1986.  
XU Guang-hui, ZHENG Hong-yuan. Soil microbial analysis manual [M]. Beijing: Agriculture Press, 1986.
- [23] Darnerud P O, Eriksen G S, Johannesson T, et al. Polybrominated diphenyl ethers: Occurrence, dietary exposure, and toxicology[J]. *Environmental Health Perspectives*, 2001, 109:49-68.