

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2011.00219

多氯联苯的生物修复

帅建军^{1,2}, 熊飞², 彭日荷¹, 姚泉洪¹, 熊爱生¹

1. 上海市农业科学院生物技术所, 上海 201106;
2. 扬州大学生物科学与技术学院, 扬州 225009

摘要: 多氯联苯(Polychlorinated biphenyls, PCBs)是一种持久性有机污染物, 对人类和自然环境具有很大的威胁, 降解 PCBs 一直是研究的热点。在目前的研究方法中生物降解最具潜力, 生物降解主要分为微生物降解、植物修复和微生物-植物共同修复 3 个方面。文章着重介绍了微生物降解 PCBs 菌株的分离, 降解相关基因的克隆和改造; 同时对植物修复, 植物与微生物共同修复以及植物转基因修复进行了讨论。

关键词: 多氯联苯; 生物降解; 菌株分离; 基因克隆; 植物修复

Advance in bioremediation of polychlorinated biphenyls

SHUAI Jian-Jun^{1,2}, XIONG Fei², PENG Ri-He¹, YAO Quan-Hong¹, XIONG Ai-Sheng¹

1. Biotechnology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201106, China;
2. College of Bioscience and Biotechnology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China

Abstract: As one of the persistent organic pollutants, polychlorinated biphenyls are harmful to the environment and humans. Biodegradation is the most potential way to remove PCBs. Biodegradation can mainly be divided into microbial degradation, phytoremediation, plant and microbial combined remediation. Here, we introduced isolation of the PCBs-degrading strains, cloning and modification of the related degradation genes. Additionally, on the other hand, the natural remediation of plant, plant and microbial combined remediation, plant transgenic remediation were described.

Keywords: polychlorinated biphenyls; biodegradation; isolation of strains; gene clone; phytoremediation

多氯联苯(Polychlorinated biphenyls, PCBs)是通过联苯直接氯代反应, 形成的最多带有 10 个氯原子的复杂化合物。通过这样的过程, 理论上可以制造出 209 种同分异构体。PCBs 的热化学稳定性、抗氧化性和耐低压性, 使得它们被广泛应用于工业生产中, 包括火焰阻化剂、石油冷凝器、绝缘体、可塑剂、热交换器还有液压液等^[1,2]。其中单个的 PCB 化合物主要有 CBp、DCBp、TCBp、TeCBp、PeCBp、HCBp、HeCBp 和 OCBp, 分别代表了一氯联苯到八氯联苯^[3]。

1930 年, PCBs 第一次生产了 1 000 吨, 但是随着用途的广泛扩大, 其制造量在 1975 年以指数方式达到了 20 万吨的顶峰。随着工业的生产和应用, PCBs 被持续排放到环境中, 主要被排放到水生环境中^[4-6]。由于它们的疏水性, PCBs 非常容易被土壤、沉淀物和淤泥中的有机物质所吸收^[3,7]。

PCBs 通过生产、使用、意外泄漏和废物处置等过程进入自然环境, 由于 PCBs 化合物的辛醇/水分离系数很高, 这就导致了他们很容易被脂肪组织所

收稿日期: 2010-07-23; 修回日期: 2010-09-23

基金项目: 国家高技术研究发展计划项目(863 计划)(编号: 2008AA10Z401)资助

作者简介: 帅建军, 硕士, 专业方向: 植物和微生物分子遗传学。Tel: 021-62203180; E-mail: Sw7@saas.sh.cn

通讯作者: 熊爱生, 博士, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 植物和微生物分子遗传学。Tel: 021-62203180; E-mail: Xiongaisheng@saas.sh.cn

吸收, 导致PCBs通过生物链进入动物体和人体并富集、浓缩和放大, 动物实验研究表明, PCBs能够导致生物体内分泌紊乱、生殖和免疫机能失调、神经行为和发育紊乱, 严重时可致畸、致突变和致癌, 对人类健康危害极大^[8~11]。虽然PCBs已经是国际上禁止使用的化合物, 但世界上许多的电器系统和生物系统中仍然有相当数量的PCBs存在, 尤其是沉积物和土壤中的PCBs, 仍是今后污染的主要来源, 对人类和自然环境依然存在着较大的潜在伤害^[12~15]。PCBs对自然环境和人类健康都存在着较大的威胁, 降解和修复PCBs污染迫在眉睫。

PCBs的修复主要有非生物降解和生物降解两种。非生物降解主要有物理法和化学法, 由于PCBs具有亲脂性, 表面活性剂也能达到修复的效果^[16]。非生物降解过程中容易产生毒性更大的副产物(如二噁英等), 易造成环境二次污染, 而且一般非生物降解所需费用较高, 工艺流程也较为复杂。生物降解是指从微生物到植物, 或者它们的衍生物通过自身有机体降解污染物的过程。生物降解主要分为微生物降解、植物修复和微生物-植物共同修复 3 个方面。生物降解与传统的污染消减技术(例如焚烧)相比, 它的主要优点是降低了大量的费用^[17]。不仅如此, 生物降解对污染物是永久的降解, 而不像非生物降解, 有时污染物会由一种形态转变为另一种形态, 即二次污染^[18]。因此, 利用生物降解法来解决PCBs的污染问题即经济又实效。

1 微生物降解PCBs

微生物降解PCBs主要分为两个方向, 即好氧菌的氧化作用和厌氧菌的还原脱氯作用^[2]。近年来, 许多研究主要集中在分离降解PCBs的菌株、分析降解机理、分离相关基因, 然后进一步改造基因构建新的降解工程菌株等方面。

1.1 降解PCBs菌株的分离

目前, 许多降解PCBs的菌株已经被分离出来, 包括革兰氏阴性菌, 例如 *Pseudomona*、*Alcaligenes*、*Achromobacte*、*Janibacter*、*Burkholderia*、*Acinetobacter*、*Comamonas*、*Sphingomonas*、*Paenibacillus*和*Ralstonia*; 革兰氏阳性菌包括*Arthrobacter*、*Corynebacterium*、*Rhodococcus*和*Bacillus* ^[19~32]。1973 年, Ahmed和

Focht^[4]第一次分离得到了 2 个无色菌株(*Achromobacter*), 它们可以使一些PCBs化合物降解成为氯苯酸。不久, Furukawa 和Matsumura^[33]报道了原本可以利用 2 种联苯的降解菌能够降解 31 种不同的PCBs化合物。*P. pseudoalcaligenes* KF707 是在日本北九州一个联苯生产工厂附近的土壤中分离得到的, 这个菌株降解PCBs的幅度很窄^[25]。*B. cepacia* LB400 是在美国纽约一个PCB污染场所分离得到的^[23~24]。通过对LB400 菌株的降解PCBs的实验显示, LB400 比KF707降解PCBs的范围更大。通过 19 个不同的PCBs同分异构体测试显示, LB400 可以降解 17 种, 而KF707只降解 8 种^[24, 26]。最近, Jia等^[34]分离得到了一株PCBs降解能力比较强的革兰氏阴性菌, 命名为LY402。LY402 可以降解高氯联苯的菌株, 这点与过去的分离得到的菌株有所不同。另外, 一些真菌、酵母和蓝细菌可以将低氯PCBs降解为一羟基和二羟基化合物^[35]。例如, 一种白腐真菌*Phanerochaete chrysosporium*对低氯PCBs具有较高的降解效率^[36~38]。

研究表明, PCBs生物转化存在好氧氧化过程和厌氧氧化过程。已经证明多种微生物可把 5 氯以下的PCBs氧化成氯代苯甲酸。而高氯PCBs在有氧条件下一般被认为具有持久性, 难以降解。但是, 厌氧微生物能把 9 个氯以上的PCBs降解为低氯PCBs, 但却不能破坏苯环的结构, 降解不彻底。好氧氧化过程和厌氧氧化过程具有一定的互补性, 厌氧菌和好氧菌共同作用能够增加PCBs降解速度和范围^[39]。微生物降解中, 厌氧菌参与厌氧还原过程, 将高氯代的PCBs转化为低氯代的PCBs, 降低其致癌性和二噁英类似物的毒性, 更重要的是生成的低氯代PCBs更容易被好氧微生物彻底降解。细菌厌氧脱氯的机理主要是脱除间位或对位的氯原子, 生成的产物主要是邻位取代的PCBs。目前对PCBs厌氧脱氯的研究局限于菌种的分离和脱氯机理的研究, 而在分子生物学及酶学方面仍处于空白阶段。PCBs的好氧生物降解主要集中在PCBs降解菌株的筛选, 降解机理及降解相关的酶和基因方面的研究。为了使PCBs污染得到更好的治理, 研究者们将厌氧脱氯和好氧降解两个过程联合使用以达到理想的PCBs处理效果^[40, 41]。

1.2 降解PCBs相关基因的分离

PCBs的降解是一系列联苯降解酶控制辅助代

谢的过程,这些酶主要分为4类,包括联苯双加氧酶(BphA)、二氢二羟基脱氢酶(BphB)、2,3-二羟基双加氧酶(BphC)和水解酶(BphD)^[42~46]。这一系列酶是由**bph**的基因簇编码的,根据基因的结构该家族可以分为4类:第一类**bph**基因簇是在*Burkholderia* sp. LB400^[47, 48]和*P. pseudoalcaligenes* KF707^[25]中间发现的,包含**bphRA1A2A3A4BCKHJID**基因;第二类基因簇(**bphSEGFA1A2A3BCDA4**)是在*A. georgiopolitatum* strain KKS102^[49, 50]和*A. eutrophus* A5^[51~53]中发现的;第三类由**bphA1A2A3A4CBST**组成的基因簇是在*Rhodococcus* sp. strain RHA1发现的^[54];最近,一种新的**bph**基因簇(**bphBCA1A2A3A4D**)在*Rhodococcus* sp. strain R04^[55]和*Rhodococcus* sp. strain K37^[56]中被发现,而且与过去报道的基因簇不同,故归类为第4种**bph**家族。

降解PCBs主要是由**bph**基因簇的**bphA**、**bphB**、**bphC**和**bphD**4个基因编码的BphA、BphB、BphC和BphD共同发挥作用。具体的过程是这样的:PCBs先由多组分的联苯双加氧酶(BphA)氧化为2,3-dihydroxy-1-phenylcyclohexa-4,6-diene,接着该2,3-二氢二羟基组分被二氢二羟基脱氢酶(BphB)转化为2,3-dihydroxybiphenyl (2,3-DHBP),然后2,3-DHBP被2,3-二羟基双加氧酶(BphC)从1,2位开环,最后该开环产物2-hydroxy-6-oxo-6-phenylhexa-2,4-dienoate (HOPD)被水解酶(BphD)水解为苯甲酸和2-hydroxypenta-2,4-dienoate (HPD)^[39~43]。该基因簇的其他基因成员,如**bphE**、**bphF**和**bphG**各自编码的酶可以进一步将BphABCD酶解产物降解为丙酮酸和乙酰辅酶A,从而实现PCBs的彻底降解^[57, 58]。

1.3 降解PCBs相关基因的改造

为了提高微生物降解PCBs的能力,许多科研工作者将目光对准了基因,从基因入手,改造基因,从而改变这些基因编码酶的氨基酸序列,然后适当地筛选,从而获得降解能力更强的菌株。Erickson等^[24]利用定点突变技术(Site-directed mutagenesis),将*Pseudomonas* sp. strain LB400的**bphA**基因突变,使得突变后的菌株比原先菌株拥有更广泛的底物特异性,而且提高了降解能力,也表明了联苯双加氧酶(BphA)的氨基酸亚基在底物选择性上起着有很重要的作用。Suenaga等^[59]利用DNA改组技术(DNA shuffling)对*P. pseudoalcaligenes* KF707和*B. cepacia*

LB400的**bphA1**基因进行了改组,获得联苯双加氧酶突变库,利用大肠杆菌表达进行突变联苯双加氧酶筛选,获得对苯、甲苯和烷基苯降解能力显著提高的突变菌株。同时利用引物随机重组技术(Random priming recombination)对*P. pseudoalcaligenes* KF707的**bphA1**基因进行了功能进化,获得多功能的双加氧酶,突变酶不仅可以降解PCBs,而且可以降解其他一些类似物^[60]。

Suenaga等^[61]基于催化非血红素铁中心的氨基酸的结构信息,进行了**BphA1**位点突变,主要改变位于227、332、335、376、377和383等氨基酸残基,然后在大肠杆菌对突变酶进行表达纯化研究,结果显示Ile335Phe、Thr376Asn和Phe377Leu位点突变的双加氧酶与野生型的相比,具有变异区域特异性。Barriault等^[62]通过对来源于*Burkholderia* sp. strain LB400、*Comamonas testosteroni* B-356和*R. globerulus* P6的**bphA**基因进行家族改组(DNA family shuffling),同样也提高了联苯双加氧酶的功能。数据显示,来源于LB400的短片度335TFNNIRI341被来源于B-356相应的短片段333GINTIRT339置换,能够改变突变酶对PCBs底物的特异性。Barriault等^[63]进一步对*B. xenovorans* LB400菌株BphA的 α 亚基第3个氨基酸区域进行了随机突变(Random mutagenesis of multiple sites),结果同样证明了联苯双加氧酶的底物识别性和区域特异性。

另外,片段突变技术(Segmental random mutagenesis)^[64]和土壤DNA家族改组(Family shuffling of soil DNA)^[65]等技术手段也被用来改变**bphA**其编码的联苯双加氧酶的特性。PCBs降解基因改造不仅仅集中在**bphA**基因,Fortin等^[66]还对*Burkholderia* sp. strain LB400、*R. globerulus* P6和*Sphingomonas* sp. strain RW1中的**bphC**基因进行了突变改组,提高了对PCBs代谢的特异性。

2 植物修复PCBs

植物修复(Phytoremediation)是指利用植物去除、转化和固持土壤、底泥、地下水、地表水以及大气中的有毒化合物的一种新兴技术^[18, 67, 68]。植物修复与微生物降解一样都具有操作简单、投资少、风险低等优势特点,而且植物具有利用光合作用获取能量,生长量大等特点,植物修复PCBs在环境保

护中扮演着重要的角色。利用植物修复PCBs是当前生物修复研究领域的一个热点,具有很大的潜力和前景。

2.1 植物天然修复

PCB氯化类型、氯化程度和植物的种类都影响着PCBs的代谢。Wilken等^[69]研究了 12 种不同植物细胞培养物对 10 种不同的PCBs同系物的代谢作用。研究表明特定的PCBs化合物的代谢与植物种类密切相关,例如豆科和禾本科植物能降解三氯和四氯联苯。Macková等^[70-72]在试管内研究了植物愈伤组织、根和幼芽等不同部位降解PCBs的情况。结果表明不仅仅氯原子的数目,其空间取代位置和分子结构同样影响植物对PCBs的降解。多项研究还表明,山葵等黑茄科植物表现出较强的生物转化PCBs能力^[72, 73]。早在上世纪 90 年代, Macková等^[70]发现了植物龙葵(*Solanum nigrum*)的毛状根可以降解PCBs。研究还证实即使龙葵停止生长,其体内细胞依然可以转化PCBs,处理 30 天后,残留的PCBs只剩下 40%^[70, 74]。2007 年, Rezek等^[75]对龙葵SNC-90 毛状根与 12 种二氯、7 种三氯、5 种四氯和 1 种五氯联苯的代谢进行了研究,进一步地证明了龙葵对PCBs良好的修复效果。除此以外, Whitfield等^[76]发现南瓜属的西葫芦对PCBs也有降解作用。在理想的土地条件下,根系是吸收PCBs的主要途径,而幼芽对来自像空气中蓄积的,土壤中挥发的,最后重新聚集的PCBs降解几乎是可以忽略的。甘蓝型油菜的根围对低氯联苯的降解能力要比PCBs强^[77]。除了以上研究以外,烟草、苜蓿和蔷薇科的植物降解PCBs也有所报道^[78]。

植物修复PCBs的机理较微生物修复复杂的多,目前的研究表明,主要涉及到 2 个方面: (1) 植物直接吸收PCBs,并将PCBs代谢转化为对植物没有毒性的代谢产物为植物所用; (2) 植物释放出一些与PCBs降解相关的酶,将PCBs降解为低氯或是最终的矿化。植物修复PCBs的方式与微生物降解PCBs不同,通常是PCBs被激活和共轭,储存在植物组织中^[75, 79]。大豆和小麦的细胞组培中添加PCBs,能够检测到多种不同的PCBs降解产物的存在^[69]。另外,植物本身分泌到环境中各种过氧化物酶、羟化酶、糖化酶、细胞色素酶和脱氢酶等相关酶或同工酶也

可以直接促进PCBs的降解^[80, 81]。研究表明,对PCBs代谢能力较强的植物,其植物组培分泌物种含有较高过氧化物酶,代谢PCBs能力较低的植物,过氧化物酶的含量则较低^[82]。

2.2 植物转基因修复

转基因植物不仅可以检测环境中的污染物^[83],还能够降解环境的污染物,从而达到环境修复的目的^[67, 68]。与微生物类似,为了提高植物对PCBs的修复能力,在转基因植物研究方面,人们期望能够获得修复能力增强的转基因植物^[84, 85]。联苯双加氧酶的产生必须同时表达 4 个基因**bphAEFG**。转基因烟草能够短暂表达*B. xenovorans* LB400 中编码双加氧酶的基因,此酶的每个组分都能在植物中活性表达,但是加氧酶同时受到细胞生长的限制^[86]。

与联苯双加氧酶不同, 2, 3-二羟基双加氧酶只是一个单一的同型二聚体蛋白。所以一个单独的基因就可以编码带有活性的酶。为了克服植物不能对二羟基联苯开环的方法,将编码 2, 3-二羟基双加氧酶的基因转入植物,可以有效的增强植物修复PCBs的能力。通过将*Pandoraea pnomenus* B-356 中的 2, 3-二羟基双加氧酶**bphC**基因和*Terrabacter* sp. DBF63 中编码 2, 3, 2'-三羟基-2,3-联苯双加氧酶的**DhbB**基因转入烟草和拟南芥中过量表达,结果显示,转基因植物比非转基因植物对PCBs的抗性更强^[87-90]。

3 植物与微生物共同修复

近年来随着PCBs微生物降解和植物修复技术等方面研究的不断深入,利用植物与微生物对联合修复PCBs已成为生物修复技术的一个重要的发展方向。Gilbert等^[91]研究发现植物荷兰薄荷(绿薄荷)中的一种化学成分(L型香芹酮)可以诱导节细菌*Arthrobacter* sp. B1B对PCBs进行降解,提高了降解效率。Koh等^[92]报道了在生物降解PCBs和多环芳烃过程中,植物次生代谢产物萜类和木质素可能作为自然代谢底物大量存在,从而影响它们的降解。Singer等^[93]进一步研究发现植物次生代谢产物主要是作为微生物的天然生长底物,诱导微生物来降解PCBs,间接地影响着PCBs的代谢。Francova等^[94]还报道了植物代谢物和中间产物可以作为*Burkholderia* sp. LB400 和*Comamonas testosteroni* B-356 联苯双加氧酶的底物,

然后协作来达到降解PCBs的目的。Chen等^[95]提供了苜蓿根瘤菌降解PCBs的分子证据,这是典型的植物与微生物共同修复PCBs。Leigh等^[96]利用同位素示踪法发现澳大利亚松树根系周围部分微生物菌株都可以利用PCBs作为碳源,这也是植物与微生物共同修复的典型例子。另外,植物还可以通过根部假单胞菌(*P. fluorescens* F113rifPCB)来提高对PCBs的抗性,从而降低了环境中PCBs的浓度^[97]。紫花苜蓿对土壤中PCBs的降低具有明显的作用,丛枝菌根真菌(*Glomua caledonium*)和苜蓿根瘤菌(*Rhizobium meliloti*)单接种及双接种对PCBs复合污染土壤的联合修复效应研究显示,紫花苜蓿单接种菌根真菌、苜蓿根瘤菌和双接种后轻度污染和重度污染土壤中PCBs浓度分别进一步下降^[98]。以紫花苜蓿为材料,运用盆栽试验,通过接种根瘤菌、菌根真菌对PCBs污染土壤的修复效应进行了研究结果证明紫花苜蓿对土壤中PCBs浓度降低具有重要作用;紫花苜蓿—菌根真菌—根瘤菌协同修复效果在重污染土壤中强于轻污染土壤^[99]。

植物巨大的根系表面积使植物根系周围的氧气含量增加,根系微生物能够更好的生长,从而丰富了植物根际微生物的种群和数量。植物根系代谢活动会释放一些分泌物,可以为根际微生物的生长提供充足的碳源和氮源。一般而言,植物根际微生物的数量明显多于周围土壤^[91,100,101]。由于植物的存在提高了土壤中特定微生物种群的数量和活性,因而使得根际PCBs降解微生物更加活跃,促进了PCBs的降解^[102]。

4 结论与展望

PCBs是一种结构稳定、毒性大和水溶性低的芳香族化合物,具有致癌、致突变和生殖发育毒性,是《斯德哥尔摩公约》中禁止使用的12种有机污染物之一。生物修复PCBs作为一种很有潜力的修复方法优势明显,目前微生物降解、植物修复和微生物与植物共同修复等方面的研究仍处于实验阶段,尚未成熟运用到PCBs实际污染土壤的修复中,进入实用阶段仍有很多工作要做。影响生物降解PCBs的因素有很多方面,主要有:(1)PCBs的类型和理化性质,PCBs污染的复杂性对生物降解有很大的影

响。PCBs的降解效率与PCBs同系物的理化性质密切相关,通常低氯代和高水溶性的PCBs同系物更容易被降解。氯原子的取代位置和分子结构对PCBs降解效率也有影响,苯环氯化程度的提高,PCBs的毒性增大,降解效率降低。(2)降解PCBs的生物类型:不同的植物、微生物类型以及两者的相互协同作用对PCBs的降解效率影响很大。(3)生物所处环境因素:如pH、温度、湿度和土壤的成分等因素对PCBs的降解也有较大的影响。当前,一些高浓度PCBs污染的修复仍然以传统物理工程和化学手段为主。将来,我们可以从分离高效菌株,相关基因簇,从基因工程及酶工程角度开展工作,构建高效降解基因工程菌;寻找新的修复植物,开展转基因植物研究;进一步加大植物与微生物互作研究。综合考虑各种因素的生物修复系统也是将来的一个研究方向。

参考文献(References):

- [1] Faroon O, Keith L, Smith-Simon C, De Rosa C. Polychlorinated Biphenyls: Human Health Aspects. Concise International Chemical Assessment Document 55, World Health Organization, Geneva, 2003. [\[DOI\]](#)
- [2] Furukawa K. Biochemical and genetic bases of microbial degradation of polychlorinated biphenyls (PCBs). *J Gen Appl Microbiol*, 2000, 46(6): 283–296. [\[DOI\]](#)
- [3] Field JA, Sierra-Alvarez R. Microbial transformation and degradation of polychlorinated biphenyls. *Environ Pollut*, 2008, 155(1): 1–12. [\[DOI\]](#)
- [4] Ahmed M, Focht DD. Degradation of polychlorinated biphenyls by two species of *Achromobacter*. *Can J Microbiol*, 1973, 19(1): 47–52. [\[DOI\]](#)
- [5] Bedard DL. Polychlorinated biphenyls in aquatic sediments: environmental fate and outlook for biological treatment. In: Häggblom MM, Bossert ID eds, Dehalogenation: Microbial Processes and Environmental Applications. Kluwer Academic Publishers, Boston, MA, 2003. [\[DOI\]](#)
- [6] Hutzinger O, Veerkamp W. Xenobiotic Chemicals with Pollution Potential. In: Leisinger T, Hutter R, Cook AM, Nuesch J, eds. Microbial Degradation of Xenobiotics and Recalcitrant Compounds. New York: Academic Press, 1981: 3–45. [\[DOI\]](#)
- [7] Wiegel J, Wu QZ. Microbial reductive dehalogenation of polychlorinated biphenyls. *FEMS Micro Ecol*, 2000, 32(1): 1–15. [\[DOI\]](#)

- [8] Safe S. Metabolism Uptake, Storage and Bioaccumulation. In: Kimbrough R, eds. Halogenated Bphenyls, Naphthalenes, Dibenzodioxins and Related Products. Elsevier, North Holland, 1980: 81–107. [\[DOI\]](#)
- [9] Aoki Y. Polychlorinated biphenyls, polychlorinated dibenzo-*p*-dioxins, and polychlorinated dibenzofurans as endocrine disrupters-what we have learned from Yusho disease. *Environ Res*, 2001, 86(1): 2–11. [\[DOI\]](#)
- [10] Faroon O, Jones D, de Rosa C. Effects of polychlorinated biphenyls on the nervous system. *Toxicol Ind Health*, 2001, 16(7/8): 305–333. [\[DOI\]](#)
- [11] Beyer A, Biziuk M. Environmental fate and global distribution of polychlorinated biphenyls. *Rev Environ Contam Toxicol*, 2009, 201: 137–158. [\[DOI\]](#)
- [12] Meeker JD, Hauser R. Exposure to polychlorinated biphenyls (PCBs) and male reproduction. *Syst Biol Reprod Med*, 2010, 56(2): 122–131. [\[DOI\]](#)
- [13] Drinker CK, Warren MF, Bennett GA. The problem of possible systemic effects from certain chlorinated hydrocarbons. *J Ind Hyg Toxicol*, 1937, 19(7): 283–311. [\[DOI\]](#)
- [14] Starek A. Polychlorinated biphenyls--toxicology and health risk. *Rocz Panstw Zakl Hig*, 2001, 52(3): 187–201. [\[DOI\]](#)
- [15] Carpenter DO. Polychlorinated biphenyls (PCBs): routes of exposure and effects on human health. *Rev Environ Health*, 2006, 21(1): 1–23. [\[DOI\]](#)
- [16] 马满英, 施周, 刘有势. 鼠李糖脂洗脱土壤中多氯联苯影响因素的研究. *环境工程学报*, 2008, 2(1): 83–87. [\[DOI\]](#)
- [17] Kuiper I, Lagendijk EL, Bloemberg GV, Lugtenberg BJ. Rhizoremediation: a beneficial plant-microbe interaction. *Mol Plant Microbe Interact*, 2004, 17(1): 6–15. [\[DOI\]](#)
- [18] Cao B, Nagarajan K, Loh KC. Biodegradation of aromatic compounds: current status and opportunities for biomolecular approaches. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2009, 85(2): 207–228. [\[DOI\]](#)
- [19] Bedard DL, Unterman R, Bopp LH, Brennan MJ, Haberl ML, Johnson C. Rapid assay for screening and characterizing microorganisms for the ability to degrade polychlorinated biphenyls. *Appl Environ Microbiol*, 1986, 51(4): 761–768. [\[DOI\]](#)
- [20] Bedard DL, Haberl ML, May RJ, Brennan MJ. Evidence for novel mechanisms of polychlorinated biphenyl metabolism in *Alcaligenes eutrophus* H850. *Appl Environ Microbiol*, 1987, 53(5): 1103–1112. [\[DOI\]](#)
- [21] Bedard DL, Wagner RE, Brennan MJ, Haberl ML, Jr Brown JF. Extensive degradation of Aroclors and environmentally transformed polychlorinated biphenyls by *Alcaligenes eutrophus* H850. *Appl Environ Microbiol*, 1987, 53(5): 1094–1102. [\[DOI\]](#)
- [22] Bedard DL, Harbel ML. Influence of chlorine substitution pattern on the degradation of polychlorinated biphenyls by eight bacterial strains. *Microb Ecol*, 1990, 20(2): 87–102. [\[DOI\]](#)
- [23] Bopp LH. Degradation of highly chlorinated PCBs by *Pseudomonas* strain LB400. *J Ind Microbiol Biotechnol*, 1986, 1(1): 23–29. [\[DOI\]](#)
- [24] Erickson BD, Mondello FJ. Enhanced biodegradation of polychlorinated biphenyls after site-directed mutagenesis of a biphenyl dioxygenase gene. *Appl Environ Microbiol*, 1993, 59(11): 3858–3862. [\[DOI\]](#)
- [25] Furukawa K, Miyazaki T. Cloning of a gene cluster encoding biphenyl and chlorobiphenyl degradation in *Pseudomonas pseudoalcaligenes*. *J Bacteriol*, 1986, 166(2): 392–398. [\[DOI\]](#)
- [26] Gibson DT, Cruden DL, Haddock JD, Zylstra GJ, Brand JM. Oxidation of polychlorinated biphenyls by *Pseudomonas* sp. strain LB400 and *Pseudomonas pseudoalcaligenes* KF707. *J Bacteriol*, 1993, 175(14): 4561–4564. [\[DOI\]](#)
- [27] Kim JH, Choi SK, Park MK, Kim YH, Suh SK, Woo CJ, Park HD. Isolation and characterization of *Pseudomonas* sp. P2 degrading polychlorinated biphenyls (PCBs). *J Microbiol Biotechnol*, 1996, 6(3): 167–172. [\[DOI\]](#)
- [28] Sakai M, Ezaki S, Suzuki N, Kurane R. Isolation and characterization of a novel polychlorinated biphenyl-degrading bacterium, *Paenibacillus* sp. KBC101. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2005, 68(1): 111–116. [\[DOI\]](#)
- [29] Seto M, Kimbara K, Shimura M, Hatta T, Fukuda M, Yano K. A novel transformation of polychlorinated biphenyls by *Rhodococcus* sp. strain RHA1. *Appl Environ Microbiol*, 1995, 61(9): 3353–3358. [\[DOI\]](#)
- [30] Shimura M, Mukerjee-Dhar G, Kimbara K, Nagato H, Kiyohara H, Hatta T. Isolation and characterization of a thermophilic *Bacillus* sp. JF8 capable of degrading polychlorinated biphenyls and naphthalene. *FEMS Microbiol Lett*, 1999, 178(1): 87–93. [\[DOI\]](#)
- [31] Sierra I, Valera JL, Marina ML, Laborda F. Study of the biodegradation process of polychlorinated biphenyls in liquid medium and soil by a new isolated aerobic bacterium (*Janibacter* sp.). *Chemosphere*, 2003, 53(6): 609–618. [\[DOI\]](#)
- [32] Shuai JJ, Tian YS, Yao QH, Peng RH, Xiong F, Xiong AS. Identification and analysis of polychlorinated biphenyls

- (PCBs)—biodegrading bacterial strains in Shanghai. *Curr Micro*, 2010, 61(5): 477–483. [\[DOI\]](#)
- [33] Furukawa K, Matsumura F. Microbial metabolism of polychlorinated biphenyls. Relative degradability of polychlorinated biphenyl components by *Alcaligenes* species. *J Agric Food Chem*, 1976, 24(2): 251–256. [\[DOI\]](#)
- [34] Jia LY, Zheng AP, Xu L, Huang XD, Zhang Q, Yang FL. Isolation and Characterization of Comprehensive Polychlorinated Biphenyl Degrading Bacterium, *Enterobacter* sp. LY402. *J Microbiol Biotechnol*, 2008, 18(5): 952–957. [\[DOI\]](#)
- [35] Furukawa K. Microbial degradation of polychlorinated biphenyls. In: Biodegradation and Detoxification of Environmental Pollutants, ed. by Chakrabarty AM, CRC Press, Boca Raton, 1982.
- [36] Beaudette LA, Davies S, Fedorak PM, Ward OP, Pickard MA. Comparison of gas chromatography and mineralization experiments for measuring loss of selected polychlorinated biphenyl congeners in cultures of white rot fungi. *Appl Environ Microbiol*, 1998, 64(6): 2020–2025. [\[DOI\]](#)
- [37] Dietrich D, Hickey WJ, Lamar R. Degradation of 4,4'-dichlorobiphenyl, 3,3',4,4'-tetrachlorobiphenyl, and 2,2',4,4',5,5'-hexachlorobiphenyl by the white rot fungus *Phanerochaete chrysosporium*. *Appl Environ Microbiol*, 1995, 61(11): 3904–3909. [\[DOI\]](#)
- [38] Yadav JS, Quensen JF, Tiedje JM, Reddy CA. Degradation of polychlorinated biphenyl mixtures (Aroclors 1242, 1254, and 1260) by the white rot fungus *Phanerochaete chrysosporium* as evidenced by congener-specific analysis. *Appl Environ Microbiol*, 1995, 61(7): 2560–2565. [\[DOI\]](#)
- [39] Pieper DH. Aerobic degradation of polychlorinated biphenyls. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2005, 67(2): 170–191. [\[DOI\]](#)
- [40] Borja J, Taieon DM, Aurensen J, Gallardo S. Polychlorinated biphenyls and their biodegradation. *Process Biochem*, 2005, 40(6): 1999–2013. [\[DOI\]](#)
- [41] Pieper DH, Seeger M. Bacterial metabolism of polychlorinated biphenyls. *J Mol Microbiol Biotechnol*, 2008, 15(2/3): 121–138. [\[DOI\]](#)
- [42] Abramowicz DA. Aerobic and anaerobic biodegradation of PCBs: a review. *Cri Rev Biotech*, 1990, 10(3): 241–251. [\[DOI\]](#)
- [43] Unterman R. A history of PCB biodegradation. In: Crawford RL, Crawford DL. (ed.), Bioremediation: principles and applications. University Press, New York, Cambridge, 1996: 209–253. [\[DOI\]](#)
- [44] Furukawa K. Molecular genetics and evolutionary relationship of PCB-degrading bacteria. *Biodegradation*, 1994, 5(3/4): 289–300. [\[DOI\]](#)
- [45] Furukawa K, Fujihara H. Microbial degradation of polychlorinated biphenyls: biochemical and molecular features. *J Biosci Bioeng*, 2008, 105(5): 433–449. [\[DOI\]](#)
- [46] Hong Q, Dong XJ, He LJ, Li SP, Jiang X. Isolation of a biphenyl-degrading bacterium, *Achromobacter* sp. BP3, and cloning of the *bph* gene cluster. *Int Biodeter Biodegr*, 2009, 63(4): 365–370. [\[DOI\]](#)
- [47] Erickson BD, Mondello FJ. Nucleotide sequencing and transcriptional mapping of the genes encoding biphenyl dioxygenase, a multicomponent polychlorinated-biphenyl-degrading enzyme in *Pseudomonas* strain LB400. *J Bact*, 1992, 174(9): 2903–2912. [\[DOI\]](#)
- [48] Hofer B, Backhaus S, Timmis KN. The biphenyl/polychlorinated biphenyl-degradation locus (*bph*) of *Pseudomonas* sp. LB400 encodes four additional metabolic enzymes. *Gene*, 1994, 144(1): 9–16. [\[DOI\]](#)
- [49] Kimbara K, Hashimoto T, Fukuda M, Koana T, Takagi M, Oishi M, Yano K. Cloning and sequencing of two tandem genes involved in degradation of 2,3-dihydroxybiphenyl to benzoic acid in the polychlorinated biphenyl-degrading soil bacterium *Pseudomonas* sp. strain KKS102. *J Bact*, 1989, 171(5): 2740–2747. [\[DOI\]](#)
- [50] Kikuchi Y, Yasukochi Y, Nahata Y, Fukuda M, Takagi M. Nucleotide sequence and functional analysis of the meta-cleavage pathway involved in biphenyl and polychlorinated biphenyl degradation in *Pseudomonas* sp. strain KKS102. *J Bact*, 1994, 176(14): 4269–4276. [\[DOI\]](#)
- [51] Springael D, Kreps S, Mergeay M. Identification of a catabolic transposon, Tn4371, carrying biphenyl and 4-chlorobiphenyl degradation genes in *Alcaligenes eutropus* A5. *J Bact*, 1993, 175(6): 1674–1681. [\[DOI\]](#)
- [52] Merlin C, Springael D, Mergeay M, Toussaint A, Lengeler JW. Organization of the *bph* gene cluster of transposon Tn4371, encoding enzymes for the degradation of biphenyl and 4-chlorobiphenyl compounds. *Mol Gen Genet*, 1997, 253(4): 499–506. [\[DOI\]](#)
- [53] Mouz S, Merlin C, Springael D, Toussaint A. A GntR-like negative regulator of the biphenyl degradation genes of the transposon Tn 4371. *Mol Gen Genet*, 1999, 262(4/5): 790–799. [\[DOI\]](#)
- [54] Masai E, Yamada A, Healy JM, Hatta T, Kinbara K, Fukuda M, Yano K. Characterization of biphenyl catabolic genes of gram-positive polychlorinated biphenyl degrader *Rhodococcus* sp. strain RHA1. *Appl Environ Micro*, 1995, 61(6): 2079–2085. [\[DOI\]](#)
- [55] Yang X, Liu X, Xie F, Zhang G, Qian S, Song L. Characteri-

- zation and functional analysis of a novel gene cluster involved in biphenyl degradation in *Rhodococcus* sp. strain R04. *J Appl Micro*, 2007, 103(6): 2214–2224. [\[DOI\]](#)
- [56] Taguchi K, Motoyama M, Iida T, Kudo T. Polychlorinated biphenyl/biphenyl degrading gene clusters in *Rhodococcus* sp. K37, HA99, and TA431 are different from well-known *bph* gene clusters of *Rhodococci*. *Biosci Biotechnol Biochem*, 2007, 71(5): 1136–1144. [\[DOI\]](#)
- [57] Sakai M, Masai E, Asami H, Sugiyama K, Kimbara K, Fukuda M. Diversity of 2, 3-dihydroxybiphenyl dioxygenase genes in a strong PCB degrader, *Rhodococcus* sp. strain RHA1. *J Biosci Bioeng*, 2002, 93(4): 421–427. [\[DOI\]](#)
- [58] Adebuseye SA, Picardal FW, Ilori MO, Amund OO, Fuqua C. Characterization of multiple novel aerobic polychlorinated biphenyl (PCB)-utilizing bacterial strains indigenous to contaminated tropical African soils. *Biodegradation*, 2008, 19(1): 145–159. [\[DOI\]](#)
- [59] Suenaga H, Mitsuoaka M, Ura Y, Watanabe T, Furukawa K. Directed evolution of biphenyl dioxygenase: emergence of enhanced degradation capacity for benzene, toluene, and alkylbenzenes. *J Bacteriol*, 2001, 183(18): 5441–5444. [\[DOI\]](#)
- [60] Suenaga H, Goto M, Furukawa K. Emergence of multifunctional oxygenase activities by random priming recombination. *J Biol Chem*, 2001, 276(25): 22500–22506. [\[DOI\]](#)
- [61] Suenaga H, Watanabe T, Sato M, Ngadiman, Furukawa K. Alteration of regiospecificity in biphenyl dioxygenase by active-site engineering. *J Bacteriol*, 2002, 184(13): 3682–3688. [\[DOI\]](#)
- [62] Barriault D, Plante MM, Sylvestre M. Family shuffling of a targeted *bphA* region to engineer biphenyl dioxygenase. *J Bacteriol*, 2002, 184(14): 3794–3800. [\[DOI\]](#)
- [63] Barriault D, Sylvestre M. Evolution of the biphenyl dioxygenase BphA from *Burkholderia xenovorans* LB400 by random mutagenesis of multiple sites in region III. *J Biol Chem*, 2004, 279(46): 47480–47488. [\[DOI\]](#)
- [64] Zielinski M, Kahl S, Standfuß-Gabisch C, Cármar B, Seeger M, Hofer B. Generation of novel-substrate-accepting biphenyl dioxygenases through segmental random mutagenesis and identification of residues involved in enzyme specificity. *Appl Environ Microbiol*, 2006, 72(3): 2191–2199. [\[DOI\]](#)
- [65] Vézina J, Barriault D, Sylvestre M. Family shuffling of soil DNA to change the regiospecificity of *Burkholderia xenovorans* LB400 biphenyl dioxygenase. *J Bacteriol*, 2007, 189(3): 779–788. [\[DOI\]](#)
- [66] Fortin PD, Lo ATF, Haro MA, Kaschabek SR, Reineke W, Eltis LD. Evolutionarily divergent extradiol dioxygenases possess higher specificities for polychlorinated biphenyl metabolites. *J Bacteriol*, 2005, 187(2): 415–421. [\[DOI\]](#)
- [67] Susarla S, Medina VF, McCutcheon SC. Phytoremediation: an ecological solution to organic chemical contamination. *Ecol Eng*, 2002, 18(5): 647–658. [\[DOI\]](#)
- [68] Van Aken B, Correa PA, Schnoor JL. Phytoremediation of polychlorinated biphenyls: new trends and promises. *Environ Sci Technol*, 2010, 44(8): 2767–2776. [\[DOI\]](#)
- [69] Wilken A, Bock C, Bokern M, Harms H. Metabolism of different PCB congeners in plant cell cultures. *Environ Toxicol Chem*, 1995, 14(12): 2017–2022. [\[DOI\]](#)
- [70] Macková M, Macek T, Kucerova P, Burkhard J, Pazlarova J, Demnerová K. Degradation of polychlorinated biphenyls by hairy root culture of *Solanum nigrum*. *Biotechnol Lett*, 1997, 19(8): 787–790. [\[DOI\]](#)
- [71] Macková M, Macek T, Burkhard J, Ocenaskova J, Demnerová K, Pazlarova J. Biodegradation of polychlorinated biphenyls by plant cells. *Int Biodeterior Biodegrad*, 1997, 39(4): 317–325. [\[DOI\]](#)
- [72] Macková M, Chroma L, Kucerova P, Burkhard J, Demnerová K, Macek T. Some aspects of PCB metabolism by horseradish cells. *Int J Phytorem*, 2001, 3(4): 401–414. [\[DOI\]](#)
- [73] Pletsch M, de Araujo BS, Charlwood BV. Novel biotechnological approaches in environmental remediation research. *Biotechnol Adv*, 1999, 17(8): 679–687. [\[DOI\]](#)
- [74] Macek T, Kotrba P, Suchová M, Skácel F, Demnerová K, Ruml T. Accumulation of cadmium by hairy-root cultures of *Solanum nigrum*. *Biotechnol Lett*, 1994, 16(6): 621–624. [\[DOI\]](#)
- [75] Rezek J, Macek T, Macková M, Triska J. Plant metabolites of polychlorinated biphenyls in hairy root culture of black nightshade *Solanum nigrum* SNC-90. *Chemosphere*, 2007, 69(8): 1221–1227. [\[DOI\]](#)
- [76] Whitfield Aslund ML, Rutter A, Reimer KJ, Zeeb BA. The effects of repeated planting, planting density, and specific transfer pathways on PCB uptake by *Cucurbita pepo* grown in field conditions. *Sci Total Environ*, 2008, 405(1/3): 14–25. [\[DOI\]](#)
- [77] Javorská H, Tlustoš P, Kaliszová R. Degradation of polychlorinated biphenyls in the rhizosphere of rape, *Brassica napus* L. *Bull Environ Contam Toxicol*, 2009, 82(6): 727–731. [\[DOI\]](#)
- [78] Gichner T, Lovecka P, Vrchotova B. Genomic damage induced in tobacco plants by chlorobenzoic acids-metabolic products of polychlorinated biphenyls. *Mutat Res*, 2008, 657(2): 140–145. [\[DOI\]](#)
- [79] Macek T, Macková M, Káš J. Exploitation of plants for the removal of organics in environmental remediation. *Biotech-*

- nol Adv*, 2000, 18(1): 23–34. [\[DOI\]](#)
- [80] Chroma L, Moeder M, Kucerova P, Macek T, Macková M. Plant enzymes in metabolism of polychlorinated biphenyls. *Fresen Environ Bull*, 2003, 12(3): 291–295. [\[DOI\]](#)
- [81] Kučerová P, Macková M, Chromá L, Burkhard J, Triska J, Demnerová K, Macek T. Metabolism of polychlorinated biphenyls by *Solanum nigrum* hairy root clone SNC-90 and analysis of transformation products. *Plant Soil*, 2000, 225(1/2): 109–115. [\[DOI\]](#)
- [82] Chroma L, Macek T, Demnerova K, Macková M. Decolorization of RBBR by plant cells and correlation with the transformation of PCBs. *Chemosphere*, 2002, 49(7): 739–748. [\[DOI\]](#)
- [83] 陈东, 韩凝, 马依群, 朱睦元. 转基因植物检测体系在环境污染突变性评价中的应用. *遗传*, 2004, 26(5): 782–786. [\[DOI\]](#)
- [84] Macek T, Kotrba P, Svatos A, Novakova M, Demnerova K, Macková M. Novel roles for genetically modified plants in environmental protection. *Trends Biotechnol*, 2008, 26(3): 146–152. [\[DOI\]](#)
- [85] Sylvestre M, Macek T, Macková M. Transgenic plants to improve rhizoremediation of polychlorinated biphenyls (PCBs). *Curr Opin Biotechnol*, 2009, 20(2): 242–247. [\[DOI\]](#)
- [86] Mohammadi M, Chalavi V, Novakova-Sura M, Laliberté JF, Sylvestre M. Expression of bacterial biphenyl-chlorobiphenyl dioxygenase genes in tobacco plants. *Biotechnol Bioeng*, 2007, 97(3): 496–505. [\[DOI\]](#)
- [87] Francova K, Sura M, Macek T, Szekeres M, Bancos S, Demnerova K, Sylvestre M, Macková M. Preparation of plants containing bacterial enzyme for degradation of polychlorinated biphenyls. *Fresen Environ Bull*, 2003, 12(3): 309–313. [\[DOI\]](#)
- [88] Uchida E, Ouchi T, Suzuki Y, Yoshida T, Habe H, Yamaguchi I, Omori T, Nojiri H. Secretion of bacterial xenobiotic-degrading enzymes from transgenic plants by an apoplastic expressional system: an applicability for phytoremediation. *Environ Sci Technol*, 2005, 39(19): 7671–7677. [\[DOI\]](#)
- [89] Macek T, Surá M, Pavliková D, Francová K, Scouten WH, Szekeres M, Sylvestre M, Macková M. Can tobacco have a potentially beneficial effect to our health? *Z Naturforsch C*, 2005, 60(3/4): 292–299. [\[DOI\]](#)
- [90] Novakova M, Mackova M, Chrastilova Z, Viktorova J, Szekeres M, Demnerova K, Macek T. Cloning the bacterial *bphC* gene into *Nicotiana tabacum* to improve the efficiency of PCB phytoremediation. *Biotechnol Bioeng*, 2009, 102(1): 29–37. [\[DOI\]](#)
- [91] Gilbert ES, Crowley DE. Plant compounds that induce polychlorinated biphenyl biodegradation by *Arthrobacter* sp. strain B1B. *Appl Environ Microbiol*, 1997, 63(5): 1933–1938. [\[DOI\]](#)
- [92] Koh SC, Park YI, Koo YM, So JS. Plant terpenes and lignin as natural cosubstrates in biodegradation of polychlorinated biphenyls (PCBs) and polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs). *Biotechnol Bioprocess Eng*, 2000, 5(3): 164–168. [\[DOI\]](#)
- [93] Singer AC, Crowley DE, Thompson IP. Secondary plant metabolites in phytoremediation and biotransformation. *Trends Biotechnol*, 2003, 21(3): 123–130. [\[DOI\]](#)
- [94] Francova K, Macková M, Macek T, Sylvestre M. Ability of bacterial biphenyl dioxygenases from *Burkholderia* sp. LB400 and *Comamonas testosteroni* B–356 to catalyse oxygenation of *ortho*-hydroxychlorobiphenyls formed from PCBs by plants. *Environ Pollut*, 2004, 127(1): 41–48. [\[DOI\]](#)
- [95] Chen YQ, Adam A, Toure O, Dutta SK. Molecular evidence of genetic modification of *Sinorhizobium meliloti*: enhanced PCB bioremediation. *J Ind Microbiol Biotechnol*, 2005, 32(11/12): 561–566. [\[DOI\]](#)
- [96] Leigh MB, Pellizari VH, Uhlik O, Sutka R, Rodrigues J, Ostrom NE, Zhou JZ, Tiedje JM. Biphenyl-utilizing bacteria and their functional genes in a pine root zone contaminated with polychlorinated biphenyls (PCBs). *ISME J*, 2007, 1(2): 134–148. [\[DOI\]](#)
- [97] Ryan RP, Ryan D, Dowling DN. Plant protection by the recombinant, root-colonizing *Pseudomonas fluorescens* F113rifPCB strain expressing arsenic resistance: improving rhizoremediation. *Lett Appl Microbiol*, 2007, 45(6): 668–674. [\[DOI\]](#)
- [98] 滕应, 骆永明, 高军, 李振高. 多氯联苯污染土壤菌根真菌-紫花苜蓿-根瘤菌联合修复效应. *环境科学*, 2008, 29(10): 2925–2930. [\[DOI\]](#)
- [99] 崔力拓, 李志伟. 紫花苜蓿-菌根真菌-根瘤菌对多氯联苯污染土壤的修复作用. *农业环境科学学报*, 2008, 27(1): 226–229. [\[DOI\]](#)
- [100] Donnelly PK, Hegde RS, Fletcher JS. Growth of PCB-degrading bacteria on compounds from photosynthetic plants. *Chemosphere*, 1994, 28(5): 981–988. [\[DOI\]](#)
- [101] Fletcher JS, Hedge RS. Release of phenols by perennial plant roots and their potential importance in bioremediation. *Chemosphere*, 1995, 31(4): 3009–3016. [\[DOI\]](#)
- [102] Chekol T, Vough LR, Chaney RL. Phytoremediation of polychlorinated biphenyl-contaminated soils: the rhizosphere effect. *Environ Int*, 2004, 30(6): 799–804. [\[DOI\]](#)