

2017 年 4 月國際間土壤及地下水污染調查與整治技術最新發展趨勢

成功大學永續環境實驗所、業興環境科技股份有限公司、行政院環境保護署

主題：現地生物整治技術-微生物觀點

摘要：本文共彙整 137 篇近三年有關土壤污染微生物整治之國際期刊內容，包括處理重金屬、油品、持久性污染物及其它類別污染土壤之微生物研究現況，並以污染物本身進行微生物來源篩選為主。另外，整合菌相(群)、可生產生物界面活性劑的菌相、如何強化降解能力(增加微生物活性)的添加物及微生物與植物共生關係之應用等，皆為目前重要發展方向。文中摘錄各種土壤污染物微生物出現的狀況，藉此了解國際上近三年研究微生物整治土壤污染之菌群關係。詳文見附件。

一、主題架構：

1. 近三年處理重金屬污染土壤之微生物相關文獻；
2. 近三年處理油品污染土壤之微生物相關文獻；
3. 近三年處理持久性污染物污染土壤之微生物相關文獻；
4. 近三年其它污染物污染土壤之微生物相關文獻。

二、探討問題重點：

- I. 處理重金屬污染土壤之微生物研究現況；
- II. 處理油品污染土壤之微生物研究現況；
- III. 處理持久性污染物污染土壤之微生物研究現況；
- IV. 其它污染物污染土壤之微生物研究現況。

三、重點整理：

3.1 處理重金屬污染土壤之微生物研究現況

Das 等人(2015)從 Sukinda Odisha 的鉻鐵礦土壤中分離出的 10 種主要細菌，並被鑑定為芽孢桿菌屬。10 種芽孢桿菌分為兩個具有四個物種的 *Bacillus subtilis* cluster 和含有六種蠟狀芽孢桿菌的 *Bacillus cereus* cluster。研究呈現芽孢桿菌在鉻鐵礦土壤中的主導地位及對六價鉻生物整治的潛力。

Kang 等人(2015)研究粘土礦物如高嶺石和蛭石，在以葡萄糖為介質之生長

條件下，以銅綠假單胞菌（學名：*Pseudomonas aeruginosa*）處理六價鉻污染之成效。研究結果顯示，葡萄糖可作為必需的電子供體，透過提高葡萄糖的消耗速率和刺激銅綠假單胞菌的生長與繁殖，顯著提高粘土礦物中六價鉻的還原率。並由電子顯微鏡證實細胞附著於粘土礦物表面，顯示粘土礦物可以提供環境以保護細胞免受六價鉻毒性作用，並作為生長支持材料。

Hadia-e-Fatima 等人(2016)研究耐鉻生產菌生物整治的潛力，從不同的工業區域分離出可於鉻污染環境下生長的植物生長促進細菌。透過調控鉻污染濃度、接種與否的玉米生長參數，分析菌株降低鉻毒性的作用。由於接種菌代菌屬(*Halomonas* sp.)的植物生長長度增加達 23%，顯示上述的耐鉻生產菌可以作為改善鉻污染土壤之工具。

Manikandan 等人(2016)研究選擇鉻高累積性植物 *Albizia lebbeck*，並研究其細菌降解鉻之過程。在包含假單胞菌屬、根瘤菌屬、芽孢桿菌屬和 *Salinicoccus* 等四種不同內生細菌組合，用於皮革廠污水污染土壤的植物整治中，主要以三種芽孢桿菌為主，不僅發現顯著的鉻累積能力，而且具高鉻還原酶活性，可用於鉻整治。

Carlos 等人(2016)研究評估細菌在培養基和流出物中六價鉻還原的能力，並比較本土微生物與六價鉻污染廢水中微生物，結果顯示，透過添加營養鹽的生物刺激整治方式為降低廢水中六價鉻濃度的有效方法。

Aslam 等人(2016)進行具鉻還原能力的固氮菌(*Bacillus megaterium* strain ASNF3)污染土壤生物整治的研究，將其自高鉻土壤中分離，並控制於最適生長條件下進行研究。結果顯示可產生更高的小麥量，顯示該菌的應用可使高濃度鉻污染土壤擁有高作物產量。

Pandey 等人(2016)研究調查發現自印度南部泰米爾納德邦的製革業污染場所分離的獨特細菌可將六價鉻還原，其中最有效的菌株 TES-1 為鏈黴菌屬(*Streptomyces* sp.)。

Ding 等人(2016)探討生物整治法處理含鹼性六價鉻的滲濾液與高二價鐵的豐富有機質土壤中微生物相互作用機制。土壤中含有一種類似芒果羅非魚屬物種為主的細菌群體，與已知的發酵細菌密切相關，而且能夠在鹼性培養基中維持三價鐵的還原狀態。因此，建議將固相有機物質添加至污染土壤中，可以減少六價鉻的長期擴散。

Dutta 等人(2017)自印度西孟加拉邦蘇達班鉻污染稻田土壤中分離出的六價鉻降解菌群被鑑定為 *Scaphar* 葡萄球菌。首度證明葡萄球菌物種可成功地進行污染土壤生物整治。

Huang 等人(2017)透過宏基因體基因分析、文獻調查和實驗室分離來研究耐鉻性還原菌群分類的多樣性和重要性。在 7,887 組基因序列的解析結果顯示，20

門(phylum)中有 1,877 種菌數具有抗鎘基因 *chrA*。研究並介紹迄今最耐鎘性還原菌種之分類，為鎘污染之生物整治提供重要資訊。

Srivastava 等人(2016)研究內生細菌多樣性，從印度西孟加拉邦不同地區收集普通蕨類植物，篩選分離出內生真菌對重金屬具耐受性。研究發現微生物與小白菜間共生的模式可以增強植物的生長和砷的吸收，具砷污染土壤整治之潛力。

Huang 等人(2016)從砷污染的稻田土壤中分離出一種新的細菌菌株 SM-1。SM-1 具有強大的甲基化和揮發能力，將二氧化砷($10\ \mu\text{M}$)幾乎全部轉化為二甲基砷酸鹽和二甲基砷氧化物。結果顯示，菌株 SM-1 在水稻土壤中砷甲基化和揮發中起重要作用，在利用生物整治法改善砷污染具極大的潛力。

Neeratanaphan 等人(2016)為了改善砷污染土壤的生物整治技術，測試取自金礦開採土壤樣品中所分離的微生物菌株，進行砷去除能力評估。結果顯示兩種短桿菌和紅球菌均具有去除砷的能力。

Rafique 等人(2015)透過利用選擇性培養基來分離取自生物肥料、受污染土壤和水中所生長的耐汞固氮細菌(NFB)菌株。使用不同的生化試驗鑑定出耐汞固氮細菌分別屬於假單胞菌屬、克羅諾桿菌屬和芽孢桿菌屬。透過對選定的細菌菌株進行汞的定量實驗發現，克羅諾桿菌物種在汞中顯示還原效率最高可達 95%。

Stramova 等人(2016)研究使用培養方法在排泄水中檢測到相對多的細菌菌群。透過 MALDI-TOF 和 16S rDNA 分析的組合鑑定鹼性物質異營分離株。其結果顯示，排泄水中的菌群由放線菌(*Microbacterium* spp.和 *Micrococcus* spp.)主導，可用於做為褐泥處理場(重金屬)生物整治新菌群的來源。

Bourceret 等人(2016)提及具有多環芳香烴和重金屬污染物的工業荒地土壤是幾十年來一直保持污染物毒性的環境。研究發現細菌群落主要是以耐低 pH 的桿菌群 *Proteobacteria*、*Actinobacteria* 和 *Bacteroidetes* 為主，而真菌群落則以子囊菌成員為代表，並探討隨著時間的推移，微生物群落結構與重金屬和多環芳香烴濃度之間存在相關性，同時也顯示土壤營養鹽中碳/氮比、pH、磷和氮濃度各參數之間的相關性。

Ling 等人(2016)從紅樹植物和土壤分離的內生真菌進行研究，並評估其抗重金屬銅和鋅能力與生物整治潛力。分離出已鑑定的 12 種內生真菌分屬於 7 大類：青黴菌、彎曲菌屬、*Diaporthe*、曲霉屬、*Guignardia*、*Neusartorya* 和 *Eupenicillium*。研究結果顯示，紅樹林內生真菌在生產生物活性化合物方面的潛力，也顯示其處理重金屬污染水質的潛力。

Ma 等人(2016)使用 *Acremonium* sp.的共培養物對多環芳香烴與重金屬污染土壤進行生物整治研究。重金屬的存在顯示影響多環芳香烴降解中的真菌-細菌協同作用，並隨著重金屬物種而有所不同。

Avanzi 等人(2017)結合 MALDI-TOF MS 和 16S rDNA 方法用於鑑定銅礦樣

品中選擇性分離可培養的細菌群落。結果顯示，MALDI-TOF MS 分析可以被認為是一個可靠和快速的工具，用於從屬級別的環境樣品中鑑定耐銅細菌。對銅污染地點之微生物多樣性的了解，將有助於了解重金屬對微生物群落的影響，以進一步規劃生物整治方法。

Emenike 等人(2017)試圖透過從滲濾液污染土壤分離的細菌接種物進行生物強化來提高可萃取金屬如鉛、銅和鋁的還原作用。透過 US EPA 3050B 測試方法進行土壤中金屬濃度的評估，研究結果顯示生物強化可有效降低污染土壤重金屬濃度。

結論：

近三年針對各式重金屬污染土壤之微生物整治研究，以六價鉻、砷及綜合性重金屬為主。在六價鉻方面，研究著重於各種基質下，分離菌株對六價鉻的還原能力或強化對植物吸收鉻的能力，對抗鉻功能性基因庫的建置亦有初步成果。而砷方面，研究主要以可強化砷的甲基化及揮發能力，並對可強化砷被植物吸收的能力的分離菌株進行研究。其餘各式重金屬物質，則朝向微生物是否降低毒性或強化共生植物之吸收與生長能力及其反應機制。另外，透過 MALDI-TOF 和 16S rDNA 分析組合，研究可鑑定分離株之菌群。在各種條件下如何增強微生物可直接或間接降低土壤中重金屬污染物濃度為共通的研究目標。

3.2 處理油品污染土壤之微生物研究現況

Palanisamy 等人(2014)從柴油污染土壤中分離細菌，篩選出具柴油生物降解能力的微生物。透過 16S rRNA 基因序列分析鑑定為 *Acinetobacter baumannii*，評估最佳柴油生物降解能力發生在初始 pH 7 及 35°C，初始濃度為 4%。證實 *Acinetobacter baumannii* 可用於柴油污染中。

Al-Mailem 等人(2015)在含有 0.3%原油的土壤/水懸浮液中垂直浸沒 1 個月的無菌玻璃板上建立碳氫化合物生物膜。這些物種屬於嗜鹽細菌屬之馬氏桿菌屬、鹵菌屬、*Dietzia*、*Bacillus*、*Arhodomonas*、*Aeromonas* 和 *Kocuria* 以及 *Haloferax* 和 *Halobacterium* 的鹵蟲屬。生物膜在 2 週內去除高達 60-70%含正十六烷和菲的高濃度池塘中原油。其中，使用氯化鉀、硫酸鎂和由硫胺素、吡哆醇、維生素 B-12、B-生物素、核黃素和葉酸組成的維生素混合物培養下是最有效的。

Marecik 等人(2015)研究把能降解甜旗根系中的碳氫化合物之土壤分離細菌菌體引入到濕地環境中。將細菌植入甜旗根系可以提高柴油去除效率(降低 50%)，增強細菌和植物生長。即使在 8 個月後，在收割的植物中還能檢測出降解油品的物種細菌之 DNA。

Dashti 等人(2015)從科威特油污染地區分離出 100 種含烴類細菌，其中 82 種細菌成功地在無任何含氮化合物培養基中使用油氣做為唯一的碳源。根據特定

的優勢考量，選擇其中 15 種屬於農桿菌屬、鞘氨醇單胞菌屬和假單胞菌屬進一步研究發現，這些細菌具高成本效益，可用於碳氫化合物污染物生物整治。

Dong 等人(2015)使用營養鹽來增強本土微生物的增殖，並藉此證實生物刺激為處理油污染土壤的有效工具，並同時研究碳、氮與磷比例調節對生物刺激方法的影響，以及界面活性劑與電子受體在原油污染物降解和微生物群落演化中的應用，以了解生物刺激下的生態變化。研究結果顯示以 Gammaproteobacteria 增加最多。監測微生物群落的動力學、功能基因和降解途徑為瞭解生物刺激過程及最佳化的綜合觀點。

Gao 等人(2015)提及關於原油污染和鹽鹼化對土壤生物學特性的綜合作用，根據鹽度和總石油碳氫化合物(TPH)的不同濃度來檢驗土壤細菌群落變化。放線菌、 γ -變形桿菌、堅果菌、鹿腸球菌和一些未分類細菌是參與鹽鹼化和油污染降解的主要細菌。研究結果為原生污染鹽水生物整治提供新的想法和有用的資訊。

Moubasher 等人(2015)發現 *Bassia scoparia* (L)A.J.對土壤中總石油碳氫化合物的耐受性可達到 2-3%油污染濃度。研究顯示，中等濃度誘發特定的微生物進行降解，進而提高植物整治的效率。

Auffret 等人(2015)在 16 種烴類、汽油和柴油添加劑的混合物存在下，篩選出來自不同環境的微生物(土壤和廢水)組成的細菌菌落(Mix3)。研究顯示，放線菌，特別是紅球菌屬物種，在總分解代謝基因轉錄體方面是主要的貢獻者，而其他物種參與環己烷降解。除了參與主要降解活動的羅氏假單胞菌 IFP 2016 外，並不是所有微生物在第 113 天都具有活性。

Al-Mailem 等人(2015)在阿拉伯(波斯)海灣的生物污染物質樣品批次培養礦物介質，其具有原油和純烴去除能力，包括馬氏體不動桿菌屬、不動桿菌屬、阿爾卡氏菌屬、黃桿菌屬、加酵母菌屬和歐文維克氏菌以及阿爾法氏菌屬 *Tistrella* 及 *Zavarzinia* 等的優勢菌。

Albokari 等人(2015)從沙特阿拉伯石油公司(Saudi ARAMCO Oil Company)獲得原油樣品和油污泥樣品，總共分析了 177 個菌落群體，並產生了 30 個不同種的細菌序列。研究發現，油污泥樣品中鑑定出的主要細菌為桿菌和黃桿菌。油樣品含有芽孢桿菌屬、梭菌屬和葡萄糖桿菌屬物種，而污泥樣品顯示出存在 Alphaproteobacteria、Betaproteobacteria、Gammaproteobacteria、Clostridia、Spingobacteria 和 Flavobacteria。同年，Al-Mailem 等人(2015)研究來自科威特的原始和石油污染的沙漠土壤樣品含有能夠在 50°C 生長的烴類細菌。大多數這些生物是中度嗜熱的芽孢桿菌屬、切絲酵母屬、異絲菌屬、諾卡氏菌屬、*Aeribacillus*、*Aneurinibacillus*、*Brevibacillus*、*Geobacillus*、*Kocuria*、*Marinobacter* 和 *Paenibacillus* 屬的物種。這種微生物顯示在高溫下去除土壤中烴具有很大的潛力。

Dashti 等人(2015)發現橄欖油工業的廢棄副產品橄欖果渣佔原油重量的

40%，且其含有多樣化的含烴類細菌群體。包括 *Agrococcus*、*Pseudomonas*、*Cellulosimicrobium*、*Streptococcus*、*Sinorhizobium*、*Olivibacter*、*Ochrobactrum*、*Rhizobium*、*Pleomorphomonas*、*Azoarcus*、*Starkeya* 等。因此，橄欖果渣可用於油類整治，不僅可以作為物理吸附劑，還可強化烴類細菌的生物增殖。

Sun 等人(2015)研究中國大陸兩大油田大慶和長慶所收集的 9 個油污染土壤中微生物群落，9 個土壤樣品中經常檢測到 *Alkanindiges*、節桿菌、假單胞菌、分枝桿菌和紅球菌。許多優勢屬與已知的降油物種具有系統性的關係。對應分析顯示，土壤水分、硝酸鹽、總有機碳和 pH 值對形成微生物群落具有重要影響。Atagana 等人(2015)將油泥、界面活性劑和污泥的混合物共堆肥 24 週，優勢菌種為鉤端桿菌屬、桿菌屬、分枝桿菌屬、假單胞菌屬、芽孢桿菌屬、節桿菌屬和葡萄球菌屬，真菌則為側耳屬、青黴屬和曲霉屬。結果顯示，應用界面活性劑和污泥可以增強堆肥系統中的油污降解能力。Ibrahim 等人(2015)從中國大陸東部芝之長沙地區的汽油污染土壤分離出碳氫化合物降解細菌。在分離的細菌菌株中，51 個被鑑定為 *Staphylococcus aureus* (金黃色葡萄球菌)，菌株 Si 被鑑定為 *Corynebacterium amycolatum* (無精氨酸棒桿菌)。San Keskin 等人(2015)研究一種新的生產生物界面活性劑的細菌為 *Staphylococcus xylosus* STF1(木糖葡萄球菌 STF1)。該菌株可能是生產多肽生物界面活性劑，可用於各種生物技術和工業過程，特別是在食品和石油工業中。

Balogun 等人(2015)研究在奈及利亞奧貢州(Ogun 州) 阿貝奧庫塔(Abeokuta)的三個自動機械車間中分離和篩選能夠利用碳氫化合物的細菌物種。分離的細菌包括：*Bacillus* spp.、*Pseudomonas aeruginosa*、*Micrococcus* spp.、*Proteus mirabilis*、*Proteus vulgaris* 及 *Enterobacter* spp. (芽孢桿菌屬、銅綠假單胞菌、微球菌、奇異變形桿菌、普通變形桿菌和腸桿菌屬)。研究發現大多數碳氫化合物上之微球菌、奇異變形桿菌和銅綠假單胞菌呈現最佳生長，並具有高的利用率。Sun 等人(2015)從中國大陸不同地質區域的 6 個主要油田採集 19 個油污染土壤樣品和 5 個未受污染做為對照，以調查微生物生態系統的空間分佈。研究結果發現絕大多數序列與節桿菌屬、*Dietzia* 屬、假單胞菌屬、紅球菌屬和馬里他桿菌屬有關，其中許多序列顯示含有已知的降油或油乳化物種。值得注意的是，一些含有 *Halalkalicoccus*、*Natronomonas*、*Haloterrigena* 和 *Natrinema* 的古細菌屬在一些受油污染的土壤樣品中發現相對較高的豐富度，顯示這些 Euryarchaeota 可能在某些受油污染的土壤中具重要的生態作用。

Sakthipriya 等人(2016)使用 *Pseudomonas fluorescens* PMMD3(螢光假單胞菌)和 CPCL(銅綠假單胞菌)研究長鏈烴類如十六烷和二十烷的降解。假單胞菌種類已被證明可用於生物整治，該研究認為，這項研究成果也適用於油田的長鏈石蠟的生物整治。

Hamzah 等人(2016)提及無機商業肥料(氮：磷：鉀 = 8：8：1)和油棕空水果串(EFB)作為微生物菌群的原油降解和微生物群落轉移的營養物整治劑，所針對的對象包括，假單胞菌屬(UKMP-14T)、不動桿菌屬(UKMP-12T)及木黴屬(*Trichoderma* sp.) (TriUKMP-1M 和 TriUKMP-2M)。這項研究顯示，不同的營養鹽修正可用於優先選擇細菌降解原油的不同組分，特別是針對頑強植物性烷烴。該資訊對於土壤碳氫化合物污染的現址生物整治的應用非常有用。de la Cueva 等人(2016)研究分析了在界面活性劑(Tween 80)存在下，採礦土壤中本土細菌群落的總石油碳氫化合物(TPH)的生物降解。主要的細菌屬是不動桿菌、*Pedomicrobium*、*Halomonas*、*Rhizobium*、*Cryobacterium*、*Pseudomonas*、*Lysobacter*、*Thermomonas* 和 *Stenotrophomonas*。TPH 生物降解路徑與微生物菌群間動態變化的相關性有助於推測長時間生物整治期間的污染物降解速率，並可擬定促進增加生物整治效率之策略。

Dadrasnia 等人(2016)從馬來西亞的農業土壤中分離出一株新穎的菌株，與芽孢桿菌屬物種的相似性最高。在 6%(w/w)油污染的土壤上研究持續 60 天的生物刺激(廢茶葉)和生物強化(*Bacillus salmalaya* 139SI)活性能力。研究結果顯示，茶葉和芽孢桿菌 139SI 對污染土壤原油的降解/分解具有潛力。Pacwa-Plociniczak 等人(2016)從嚴重受石油烴污染的土壤中分離出 42 個碳氫化合物降解菌株。基於全細胞脂肪酸圖譜，使用 MIDI-MIS 方法鑑定了 41 個菌株，其中 33 種菌屬於紅球菌紅細胞，而其他則分別屬於 *Rahnella* 屬(4)、*Serratia* 屬(3)和 *Proteus* 屬(1)。篩選可產生生物界面活性劑/生物乳化劑的能力之菌株。該研究也確定了細菌促進植物生長特徵的幾種機制。

Mohanram 等人(2016)使用修改的 Bushnell-Haas 培養基分離出界面活性劑生產的降油海洋細菌，該培養基採用來自孟買港三個油污染點的高速柴油作為碳源。結果顯示，分離之菌株屬於不動桿菌屬、阿爾卡莫司菌屬、芽孢桿菌屬、*Comamonas*、*Chryseomicrobium*、*Halomonas*、*Marinobacter*、*Nesterenkonia*、*Pseudomonas* 和 *Serratia* 屬。

Ali 等人(2016)針對石油污染海水和沙漠土壤批次用豌豆(*Pisum sativum*)根系和長期油污的土壤懸浮液進行生物實驗。研究發現使用根系細菌接種海水和沙漠土壤和長期污染土壤中的細菌接種沙漠土壤遵循“本土生物強化”的概念。另一方面，在長期污染的土壤中接種細菌的海水，值得稱為“同種異體生物強化”。Tian 等人(2016)使用了含有 SDS、LAS、Brij 30、Tween 80 和生物界面活性劑等 5 種界面活性劑，以評估其對原油生物降解的影響。從生產水中分離出降解碳氫化合物的細菌，使用的生物界面活性劑是由枯草芽孢桿菌菌株 WU-3 產生的一種環狀脂肽。研究結果可以為在油污染生物整治中應用界面活性劑提供清楚的方向。

Zhou 等人(2016)研究石油烴污染土壤同時用作接種和碳源，以用於微生物

燃料電池系統的外源性細菌，透過循環伏安法和雙室 MFCs 實驗顯示可行的電化學特性。這項工作評估生物電化學系統中天然石油降解物質產生電流的能力。Erdem 等人(2016)從被污染的柴油污染的土壤中分離出鐵載體生產細菌。結果顯示，細菌對金屬鐵載體的生產效率可能用於微生物輔助植物整治過程中金屬污染鐵缺乏土壤的生物整治。

Baruah 等人(2016)已經從印度阿薩姆邦的原油污染土壤中分離出了 14 種具有降解烴類能力的細菌菌株。這些菌株都使用原油作為唯一的碳源，包括產鹼桿菌屬、芽孢桿菌屬、腸桿菌屬和假單胞菌屬，而透過分離的菌株已經證實了原油的礦化程度。此外，該研究發現這些菌株是獨特利用的極性分級，顯示其降解芳烴油的潛在分解代謝能力。Zhang 等人(2016)提及脂肽已知為有希望的微生物界面活性劑，並已成功用於在極端環境條件下提高生產率。生物界面活性劑生產菌 (*Bacillus atrophaeus* 5-2a)最近從中國西北部安賽油田的油污染土壤中分離出來。研究強調碳氮源優化及其對生物界面活性劑生產的影響，並進一步強調由嗜熱鏈黴菌 5-2a 生產的脂肽生物界面活性劑對原油去除的潛力。Mikolasch 等人(2016)發現自哈薩克斯坦區域污染土壤中所分離出 8 種細菌菌株，具有降解油成分的能力，其中 4 株分屬於戈多尼亞和紅球菌屬。而接種不同組合細菌菌株的大麥種子具有強化植物在污染土壤的生長能力，亦證明生物整治方法的另一種潛力。此外，該研究亦提出此類細菌不僅能消除存在於植物體中的有毒油烴，還可能調節大麥根系環境的各種有機酸累積。

Mulani 等人(2017)從印度古吉拉特邦的 Vadinar 沿海地區分離原油降解海洋細菌。在 7 個分離株中，選擇 3 種潛在的細菌菌株用於原油和石油烴降解，為芽孢桿菌屬，也顯示出具效益的脂肪酶活性。Chiu 等人(2017)評估了內生生物整治 (IB)法對污染物石油烴去除的有效性和機制，並分析地下水對內生生物整治法 (IB)、優勢菌、細菌多樣性和生物降解率的影響。在高度污染的地區，IB 過程的觀察結果包括：(1)降低的電子受體，(2)降解副產物的產生，(3)微生物群體和鹼度的增加，(4)降低的電子供體和 pH。

結論：

近三年微生物降解油污染土壤研究中，揭露許多在含油環境下，篩選分離出具備很好的油污分解能力之菌株，亦大多鑑別主要的菌株。另外，自體產生及外加之生物界面活性劑扮演強化油污分解能力的重要角色。其與植物共生的條件下，甚至扮演了減低植物體內毒性及調節有機酸累積的角色。在不同條件控制下(包括營養鹽配比)，除可讓油污降解朝向最佳化外，亦顯示不同油品組成的分解能力之選擇性。再者，某些添加物，如油來源的廢棄物會增加油品物理性吸附及做為強化油污降解的基質。某些較特殊環境如高溫、高鹽環境，亦可篩選出合適的微生物來進行這樣特殊環境油污之降解。最後，監測微生物在降解油污過程之

聚落動態、功能性基因變化及降解途徑，將能為生物刺激過程提供最佳的修正策略。

3.3 處理持久性污染物污染土壤之微生物研究現況

Bisht 等人(2015)呈現其他生物整治策略(即自然衰減、生物增殖和植物整治)對於受多環芳香烴 (Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, PAHs) 污染根莖之整治的重要性，並分析可能影響根尖整治技術的某些環境因素。綠膿假單胞菌、螢光假單胞菌、分枝桿菌、嗜血桿菌、紅球菌屬、*Paenibacillus* spp. 是一些常被研究的 PAH 降解細菌，該研究藉由探討植物和微生物間的分子交流關係，提升污染物去除效益。Radzi 等人(2015)研究自白蟻真菌和路邊土壤中所分離出的潛在 PAHs 降解菌群，目的是使用分離的微生物評估 fluoranthene 和 pyrene 的降解。研究推斷，以共生關係來看，從白蟻真菌和路側土壤中所分離的細菌種源可以降解環境中複合型的 PAHs 污染物。但細菌種類的降解程度可能取決於分離的來源。Szczepaniak 等人(2015)將 16 種多環芳香烴引入模擬天然條件的土壤微生物中，以達到初始濃度為 2000 mg kg^{-1} 的土壤。研究結果顯示，維生素 D 的添加能夠促進微生物降解 PAHs。然而，其存在主要透過與細菌的拮抗性相互作用來改變細菌 metabiome，這顯著降低微生物中的生物多樣性。

Huang 等人(2016)利用濃縮法分離出 2 株自受 PAHs 污染的遼河口濕地的菌群(*Pseudomonas taiwanensis* PYR1 和 *Acinetobacter baumannii* INP1)。結果顯示，Gammaproteobacteria 是生物增殖過程中主要的 PAHs 降解菌。這種有效的方法可用於透過將不同種類的細菌固定在煤渣珠中，潑灑在欲整治的其他 PAHs 污染濕地。Bourceret 等人(2016)則指出受 PAHs 和重金屬污染物的工業荒地土壤是幾十年來一直保持污染物毒性的環境，研究發現細菌群落以具有耐酸性的桿菌群 Proteobacteria、Actinobacteria 和 Bacteroidetes 為主，而真菌群落則以子囊菌的成員為代表。且隨著時間的推移，增加微生物群落結構與重金屬和 PAHs 濃度之間存在相關性，同時也顯示土壤參數(碳氮比，pH，磷和氮濃度)之間的相關性。Ubani 等人(2016)則從油泥和動物糞便製備的堆肥中分離出具有 PAHs 降解能力的不同細菌。Lara-Severino 等人(2016)研究發現接種取自墨西哥韋拉克魯斯州附近含油土壤樣品的鹵代烷醇化放線桿菌，如薔薇科(*Kocuria rosea*)、木蝨屬(*K. palustris*)、試驗微生物菌(*Microbacterium testaceum*)、諾卡氏菌(*Nocardia farcinica*)和絲狀葡萄球菌(*Cellulomonas denverensis*)。這些放線菌被證實對於 PAHs 污染的鹽水和鹼性環境的生物整治是有用的。它們屬於 3 種不同的進化枝，與芽孢桿菌屬、節桿菌屬、葡萄球菌屬、短桿菌屬、*Variovorax*、*Paenibacillus*、*Ralstonia* 和 *Geobacillus* 屬密切相關，結果顯示，所有堆肥中主要是芽孢桿菌屬，這些細菌的特徵顯示它們可能對堆肥中不同分子量的 PAHs 具分解能力。

Mesbaiah 等人(2016)從阿爾及利亞污染土壤分離的生物界面活性劑生產和

PAHs 利用細菌，即菌株 1C 的能力。菌株 1C 屬於 *Paenibacillus* 屬，可以使用橄欖油作為基質生產生物界面活性劑，能夠利用 PAHs 作為唯一的碳和能源。菌株 1C 及其界面活性劑可用於去除多芳烴污染的環境。Nwinyi 等人(2016)分離能夠利用印第安納州布魯明頓市 McDoel Switchyard 的前工業地點多環芳香烴的有效多環芳香烴降解物(菌株)，為假單胞菌屬(*Pseudomonas plecoglossicida* 菌株 PB1 和 *Pseudomonas* sp. PB2)。該研究確認前工業現場土壤微生物群落可被探索用於工業現場的生物整治。Sungthong 等人(2016)研究評估以土壤中的腐霉菌(*Pythium aphanidermatum*)作為生物載體產生的分生孢子，分別為 PAHs 降解菌 *Mycobacterium gilvum* VM552 和惡臭假單胞菌 G7，作為代表性的非鞭毛和鞭毛物種。該研究的研究結果顯示，透過強化污染物降解細菌，可以作為土壤真菌和卵菌絲體網絡的生態放大器，擴大其在生物整治場址中的潛力。

Secord 等人(2016)評估使用電動力學(EK)作為遞送機制將有機污染物降解細菌(*Sphingomonas paucimobilis* EPA505 和 *vanBalenii* PYR-1)接種於低滲透性土壤而不擾亂土壤的可能性。該研究第一次證明使用 EK 現址接種非天然細菌物種的可能性。這項研究的結果顯示，這一技術未來應用於 PAHs 污染土壤的現址生物生化和整治的潛力。Qi 等人(2017)從油田生產的水中分離出 PAHs 降解菌株 Q8，係 *Gordonia* 屬的新種。該菌株不僅可以在礦物質介質(MM)中生長，而且可以利用萘和芘作為唯一的碳源，還可以降解萘、菲、蒽和芘混合物。

Song 等人(2015)調查了電子廢棄物污染土壤現址生物整治的可行性。研究發現，在做為電子提供者的乳酸鹽存在下，使用亞鐵離子於污染土壤中，可透過厭氧反應將較高鹵同系物轉化為較低的同系物。三種優勢菌株與已知的 dissimilatory iron-reducing bacteria (DIRB)及透過呼吸作用能夠進行脫鹵的機制密切相關。該研究將鐵循環與自然電子廢棄物污染土壤中鹵化物質的降解整合探討，並強調多氯聯苯(PCBs)和多溴聯苯醚(PBDEs)的脫鹵作用中土壤細菌和亞鐵/鐵離子循環的協同作用。

Onunga 等人(2015)研究天然細菌在 NRB 土壤中降解呋喃丹的能力。用呋喃丹作為唯一的碳源和氮源，透過液體培養分離出能夠降解呋喃丹的革蘭氏陽性桿狀菌。結果顯示，芽孢桿菌菌株係蠟狀芽孢桿菌或蘇雲金芽孢桿菌，且具有很大的應用於呋喃丹污染土壤生物整治的潛力。Kafilzadeh 等人(2015)針對伊朗阿瓦斯地區卡倫河沉積物中 atrazine 降解細菌的分子鑑定和抗性進行調查。鑑定了 6 株菌株，包括無色桿菌菌株 F-N3、菌株 F-N4、肺炎克雷伯桿菌 F-N1 及腸道桿菌屬菌株 F-N5、夏季和秋季的粘質沙雷氏菌菌株 F-N6、以及只在夏天出現的長春花桿菌菌株 F-N2。整體結果顯示，卡倫河當地的細菌可有效降解 atrazine。John 等人(2016)研究重組一種新的細菌菌落 C5 用於 chlorpyrifos(毒死蜱)的生物降解。基於 16S rRNA 基因序列的分析結果顯示，菌落是由葡萄球菌 *CPI 2*、惡臭假單

胞菌 CPI 9 和嗜麥芽寡養單 CPI 15 所組成。結果顯示，三種新型聯合菌群 C5 可以用於降低各種環境面向的毒死蜱。Mardani 等人(2016)研究的目的是利用高效液相色譜(HPLC)方法分析以基因工程所培養的惡臭假單胞菌，其在加標土壤中產生雙加氧酶降解菲和芘。研究結果顯示，透過生產 C23O 酶在產生的遺傳工程惡臭假絲酵母對於污染環境中的菲和芘以及石油化合物的生物降解有其效用。

Lin 等人(2016)研究探討在五氯酚(PCP)污染土壤生物整治過程中，2 種蚯蚓物種(*Epigeic Eisenia fetida* 和內源性 *Amyntas robustus* E. Perrier)對土壤微生物群落和酶活性的影響和機制。透過 2 種蚯蚓所有的黃桿菌科、假單胞菌科和鞘氨醇桿菌屬的當地 PCP 細菌降解物的刺激。*A. robustus* 和 *E. foetida* 分別具特異性地促使 *Comamonadaceae* 和 *Moraxellaceae* PCP 降解物的生成。

Bezza 等人(2016)應用生物界面活性劑來刺激現地中生物界面活性劑生產的功效。菌群培養物主要由芳香族環裂解物種芽孢桿菌、枯草芽孢桿菌、巨大芽孢桿菌和銅綠假單胞菌占主導地位。Lee 等人(2016)研究伯克霍爾德氏菌 K24(以前稱為不動桿菌 K24)，是一種能夠利用苯胺作為唯一碳源和氮源的土壤細菌。該研究的研究結果顯示，伯克霍爾德氏菌屬 K24 具有通用的生物降解途徑，可用於苯胺和 BTX 的有效生物整治。Erguven 等人(2016)研究攪拌培養條件下某些土壤細菌對合成氯磺隆溶液化學需氧量(COD)降低的效率。結果顯示，單純胞菌具有最高的 COD 去除效率，並且是用於氯磺隆污染土壤的生物整治的合適的細菌種類。Hennessee 等人研究在 4 種不同系統來源的分枝桿菌物種中研究單一和混合的 PAHs 代謝。結果顯示，拮抗作用以應變和混合物依賴的方式呈現退化。在單一化學品的途徑中使用一種菌株也能有效地降解 PAHs 混合物，而其他菌株中的拮抗作用與改變的代謝譜有關，顯示非常態的使用途徑。

Briceno 等人(2016)發現鏈黴菌屬(*Streptomyces* spp.)具有在液體介質中除去二嗪農作為唯一碳源的能力。由四種鏈黴菌菌株形成的 SMC 有可能用於處理環境基質中存在的二嗪農。Kumar 等人(2016)提及碳分解代謝阻抑(CCR)是在諸如細菌和較高生物體如酵母中發生的調節現象，其允許它們優先利用特定的碳源來產生最高的代謝活性和細胞生長。該研究顯示拉曼光譜技術、穩定同位素探針技術(stable isotope probe, SIP)有潛力被用於在 3 小時快速生長的細菌中，監測單細胞細菌中獲得關於 CCR 的調節過程，並展示這種方法可用於最有效的萘降解潛力的鑑定，顯示其在生物整治中的重要性。

Nanasato 等人(2016)使用 *LinA* 表達的南瓜的轉基因毛狀根培養物成功降解 γ -氯六氯環己烷(γ -HCH)。該研究證明了培養物可將 γ -HCH(1ppm)過夜超過 90% 降解，並產生了 γ -和 HCH 代謝物 1,2,4-三氯苯。這些結果顯示，基因 *linA* 具有很高的環境 γ -HCH 植物整治潛力。

Svenningsen 等人(2016)研究開發一種試管土壤模型系統，呈現 *P. putida* mt-2

基因表達對整治成效的影響。該研究發現 NO_3^- 與 NH_4^+ 相比對純培養物中的 xyl 基因表達以及土壤中的表達具有刺激作用。透過氮修飾來改善生物整治，應該將自身對生長和分解代謝基因調控的影響的知識整合起來。Posman 等人(2017)研究確認煤焦油污染地下水中需氧苯降解的微生物，研究中並使用氣相層析質譜儀(GC-MS)在井水的實驗中監測苯降解之過程。Melo 等人(2017)分離在商業製劑中能夠使用磺基脲作為其唯一碳源的細菌。研究中發現假單胞菌屬細菌種類的優勢。結果顯示分離株目前可用於用磺基脲污染的土壤的生物整治程序。

結論：

近三年針對持久性污染物土壤污染微生物降解研究，主要包括多環芳香烴、多氯聯苯、各式農藥及多項環狀污染物。多項研究強調提供單一碳氮源以供污染載體分離菌株使用，主要係強化降解碳氮鍵結之單一性。多項研究也強調基因工程之應用，包括組合基因體及功能性基因之強化。用以增強較一般污染物難以分解物種之降解能力。另，如維生素 D 添加物之生物刺激之研究，或生物界面活性劑之應用，及提供共生環境(如白蟻、蚯蚓等)之研究，亦是強化持久性污染物降解能力之策略。如何透過各式監測分析設備(如拉曼/穩定同位素探針)了解微生物降解過程，亦是研究最佳化程序的重要方向。

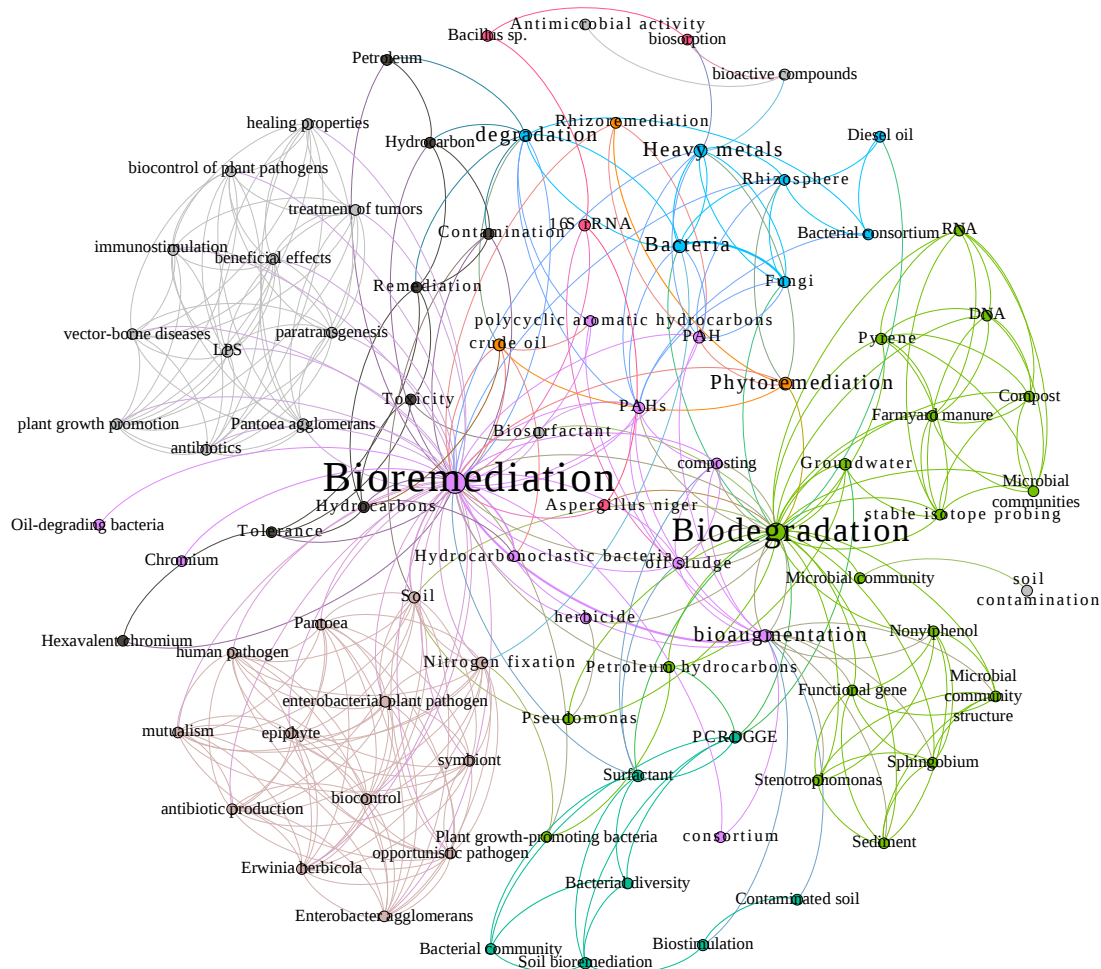
3.4 其它污染土壤之微生物研究現況

Chen 等人(2015)發現自天然河流生物膜分離的菌群和菌株，其在甲基降解潛力方面，為生物整治受甲氧咪唑污染水源提供有用的生物整治策略。結果顯示，額外的碳源可能會稍微提高鞘氨醇單胞菌的能力。適應環境且具降解甲氧基的菌群具有比其它分離的細菌物種具有更高的處理受體變化的污染水潛力。Jariyal 等人(2015)從田間土壤中分離出利用磷酸鹽的三個細菌物種(假單胞菌屬菌株 Imbl 4.3、假單胞菌屬菌株 Imbl 5.1 及假單胞菌屬菌株 Imbl 5.2)。研究顯示，假單胞菌屬菌株 Imbl 5.1 在液體培養和農業土壤中之應用具有相當大的潛力。Phulpoto 等人(2016)研究試圖探索土著細菌分離株在油性油漆生物降解中的潛在用途。研究中分離並鑑定 3 種細菌分離株，分別為枯草芽孢桿菌菌株 NAP1(GenBank：KJ872852)、枯草芽孢桿菌菌株 NAP2(GenBank：KJ872853)和枯草芽孢桿菌菌株 NAP4(GenBank：KJ872855)。所有分離的菌株都被判定為具有潛力的油性降解劑。Ismail 等人(2016)從牛糞中成功分離出自然降解 2,2-二氯丙酸(2,2-DCP)的菌株 SN1，為 *Bacillus cereus*(蠟樣芽孢桿菌)。這也是第一次報導芽孢桿菌屬具有降解其他類型鹵代烷酸的能力。

結論：

近三年針對非金屬、油品及持久性污染物等其它污染土壤微生物降解研究，主要包括甲氧咪唑、磷酸鹽、油性油漆及 2,2-二氯丙酸等。研究成功篩選出適應

環境且具降解甲氧基的菌群，可有效降解甲氧咪唑之污染。另外，在田間篩選出之部分假單胞菌株，具高磷酸鹽利用能力。再者，在油性油漆污染的研究中，所有分離的菌株都被判定為具有潛力的降解劑。最後，研究也顯示由牛糞篩選出之芽孢桿菌，具有降解 2,2-二氯丙酸之能力。



五、參考文獻

1. Abubakaret al. 2016. Tributyltin (TBT) Tolerance of Indigenous and Non-indigenous Bacterial Species., *Water Air Soil Pollut. Vol.*,227, 258-266
2. Adamet al. 2017. Microbial communities in pyrene amended soil-compost mixture and fertilized soil., *AMB Express Vol.*,7, 7-24
3. Ahemadet al. 2015. Phosphate-solubilizing bacteria-assisted phytoremediation of metalliferous soils: a review., *3 Biotech Vol.*,5, 111-121
4. Ahmedet al. 2015. Microbe-mineral interactions: The impact of surface attachment on mineral weathering and element selectivity by microorganisms., *Chem. Geol. Vol.*,403, 13-23
5. Albokariet al. 2015. Characterization of microbial communities in heavy crude oil from Saudi Arabia., *Ann. Microbiol. Vol.*,65, 95-104
6. Aliet al. 2016. Autochthonous bioaugmentation with environmental samples rich in hydrocarbonoclastic bacteria for bench-scale bioremediation of oily seawater and desert soil., *Environ. Sci. Pollut. Res. Vol.*,23, 8686-8698
7. Aliet al. 2016. Dynamics of bacterial populations during bench-scale bioremediation of oily seawater and desert soil bioaugmented with coastal microbial mats., *Microb. Biotechnol. Vol.*,9, 157-171
8. Al-Mailemet al. 2015. Bacterial communities associated with biofouling materials used in bench-scale hydrocarbon bioremediation., *Environ. Sci. Pollut. Res. Vol.*,22, 3570-3585
9. Al-Mailemet al. 2015. Biofilms constructed for the removal of hydrocarbon pollutants from hypersaline liquids., *Extremophiles Vol.*,19, 189-196
10. Al-Mailemet al. 2015. Moderately thermophilic, hydrocarbonoclastic bacterial communities in Kuwaiti desert soil: enhanced activity via Ca^{2+} and dipicolinic acid amendment., *Extremophiles Vol.*,19, 573-583
11. Aslamet al. 2016. Dual action of chromium-reducing and nitrogen-fixing *Bacillus megaterium*-ASN3 for improved agro-rehabilitation of chromium-stressed soils., *3 Biotech Vol.*,6, 125-136
12. Ataganaet al. 2015. Biological Degradation of Crude Oil Refinery Sludge with Commercial Surfactant and Sewage Sludge by Co-Composting., *Soil. Sediment. Contam. Vol.*,24, 494-513
13. Auffretet al. 2015. Importance of *Rhodococcus* strains in a bacterial consortium degrading a mixture of hydrocarbons, gasoline, and diesel oil additives revealed by metatranscriptomic analysis., *Appl. Microbiol. Biotechnol. Vol.*,99, 2419-2430
14. Avanziet al. 2017. Rapid bacteria identification from environmental mining samples using MALDI-TOF MS analysis., *Environ. Sci. Pollut. Res. Vol.*,24, 3717-3726

15. Balogun et al. 2015. SCREENING OF HYDROCARBONOCLASTIC BACTERIA USING REDOX INDICATOR 2, 6-DICHLOROPHENOL INDOPHENOL., Glob. Nest. J.Vol.,17, 565-573
16. Baruah et al. 2016. Native hydrocarbonoclastic bacteria and hydrocarbon mineralization processes., Int. Biodeterior. Biodegrad.Vol.,112, 18-30
17. Bezza et al. 2016. Biosurfactant-enhanced bioremediation of aged polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in creosote contaminated soil., ChemosphereVol.,144, 635-644
18. Bhaganna et al. 2016. Protective role of glycerol against benzene stress: insights from the *Pseudomonas putida* proteome., Curr. Genet.Vol.,62, 419-429
19. Bisht et al. 2015. Bioremediation of polyaromatic hydrocarbons (PAHs) using rhizosphere technology., Braz. J. Microbiol.Vol.,46, 7-21
20. Bohuet et al. 2016. Biological Low-pH Mn(II) Oxidation in a Manganese Deposit Influenced by Metal-Rich Groundwater., Appl. Environ. Microbiol.Vol.,82, 3009-3021
21. Borja et al. 2016. Experiences and Future Challenges of Bioleaching Research in South Korea., MineralsVol.,6, 128-149
22. Bourceret et al. 2016. The Bacterial and Fungal Diversity of an Aged PAH- and Heavy Metal-Contaminated Soil is Affected by Plant Cover and Edaphic Parameters., Microb. Ecol.Vol.,71, 711-724
23. Briceno et al. 2016. Increased diazinon hydrolysis to 2-isopropyl-6-methyl-4-pyrimidinol in liquid medium by a specific *Streptomyces* mixed culture., ChemosphereVol.,156, 195-203
24. Carlos et al. 2016. A Comparison of Microbial Bioaugmentation and Biostimulation for Hexavalent Chromium Removal from Wastewater., Water Air Soil Pollut.Vol.,227, 175-186
25. Cerit et al. 2015. Challenging tin toxicity by a novel strain isolated from freshwaters., Desalin. Water Treat.Vol.,53, 3244-3252
26. Chen et al. 2015. The ability of immobilized bacterial consortia and strains from river biofilms to degrade the carbamate pesticide methomyl., Int. J. Environ. Sci. Technol.Vol.,12, 2857-2866
27. Chen et al. 2017. Phytoremediation of petroleum hydrocarbon-contaminated saline-alkali soil by wild ornamental Iridaceae species., Int. J. Phytoremediat.Vol.,19, 300-308
28. Chiu et al. 2017. Using intrinsic bioremediation for petroleum-hydrocarbon contaminated groundwater cleanup and migration containment: Effectiveness and mechanism evaluation., J. Taiwan Inst. Chem. Eng.Vol.,72, 53-61
29. Dadrasnia et al. 2016. Native soil bacterial isolate in Malaysia exhibit promising supplements on degrading organic pollutants., Process Saf. Environ. Protect.Vol.,100, 264-271
30. Dai et al. 2015. Bioremediation using *Novosphingobium* strain DY4 for 2,4-dichlorophenoxyacetic acid-contaminated soil and impact on microbial community structure.,

BiodegradationVol.,26, 161-170

31. Daset al. 2015. Complete genome sequence analysis of *Pseudomonas aeruginosa* N002 reveals its genetic adaptation for crude oil degradation., *Genomics*Vol.,105, 182-190
32. Daset al. 2015. Genomic Analysis and Comparative Hexavalent Chromium Reduction Potential of Predominant *Bacillus* species Isolated from Chromite Mine Soil., *Soil. Sediment. Contam.*Vol.,24, 206-221
33. Dashtiet al. 2015. Most Hydrocarbonoclastic Bacteria in the Total Environment are Diazotrophic, which Highlights Their Value in the Bioremediation of Hydrocarbon Contaminants., *Microbes Environ.*Vol.,30, 70-75
34. Dashtiet al. 2015. Olive-pomace harbors bacteria with the potential for hydrocarbon-biodegradation, nitrogen-fixation and mercury-resistance: Promising material for waste-oil-bioremediation., *J. Environ. Manage.*Vol.,155, 49-57
35. de la Cuevaet al. 2016. Changes in Bacterial Populations During Bioremediation of Soil Contaminated with Petroleum Hydrocarbons., *Water Air Soil Pollut.*Vol.,227, 91-103
36. Dinget al. 2016. Role of an organic carbon-rich soil and Fe(III) reduction in reducing the toxicity and environmental mobility of chromium(VI) at a COPR disposal site., *Sci. Total Environ.*Vol.,541, 1191-1199
37. Dmochowskaet al. 2016. Characteristics of Bioremediation of Soils Contaminated with Petroleum Products Using Ex situ Prism Method., *Rocz. Ochr. Sr.*Vol.,18, 759-771
38. Donget al. 2015. Kinetic and multidimensional profiling of accelerated degradation of oil sludge by biostimulation., *Environ. Sci.-Process Impacts*Vol.,17, 763-774
39. Douradoet al. 2015. Antioxidant enzymes activities of *Burkholderia* spp. strains-oxidative responses to Ni toxicity., *Environ. Sci. Pollut. Res.*Vol.,22, 19922-19932
40. Dutkiewiczet al. 2016. *Pantoea agglomerans*: a mysterious bacterium of evil and good. Part IV. Beneficial effects., *Ann. Agr. Env. Med.*Vol.,23, 206-222
41. Duttaet al. 2017. Isolation of indigenous *Staphylococcus sciuri* from chromium-contaminated paddy field and its application for reduction of Cr(VI) in rice plants cultivated in pots., *Bioremediat. J.*Vol.,21, 30-37
42. Emenikeet al. 2017. Optimal Removal of Heavy Metals From Leachate Contaminated Soil Using Bioaugmentation Process., *Clean-Soil Air Water*Vol.,45, 1500802-1500808
43. Erdemet al. 2016. Effect of Heavy Metals and Antibiotics on Siderophores Producing Bacterial Isolates., *Acta Phys. Pol. A*Vol.,130, 181-183
44. Erguvenet al. 2016. Efficiency of some soil bacteria for chemical oxygen demand reduction of synthetic chlorsulfuron solutions under agiated culture conditions., *Cell. Mol. Biol.*Vol.,62, 92-96
45. Erguvenet al. 2016. ROLE OF SOME ISOLATED SOIL CULTURES ON REDUCTION OF

HERBICIDE TRIFLURALIN., *Fresenius Environ. Bull.* Vol.,25, 5018-5026

46. Estrada-de los Santos et al. 2016. To split or not to split: an opinion on dividing the genus *Burkholderia*., *Ann. Microbiol.* Vol.,66, 1303-1314
47. Fatima et al. 2016. Plant species affect colonization patterns and metabolic activity of associated endophytes during phytoremediation of crude oil-contaminated soil., *Environ. Sci. Pollut. Res.* Vol.,23, 6188-6196
48. Folgosa et al. 2015. Iron management and production of electricity by microorganisms., *Appl. Microbiol. Biotechnol.* Vol.,99, 8329-8336
49. Gao et al. 2015. Effects of salinization and crude oil contamination on soil bacterial community structure in the Yellow River Delta region, China., *Appl. Soil Ecol.* Vol.,86, 165-173
50. Gascet et al. 2017. Revealing large metagenomic regions through long DNA fragment hybridization capture., *Microbiome* Vol.,5, 33-43
51. Gasior et al. 2016. Effect of Organic Additives on Vegetation of Plants Grown in Landfill Soil after Ozokerite Processing., *Pol. J. Environ. Stud.* Vol.,25, 2373-2385
52. Gavrilescu et al. 2015. Emerging pollutants in the environment: present and future challenges in biomonitoring, ecological risks and bioremediation., *New Biotech.* Vol.,32, 147-156
53. Ghosal et al. 2016. Current State of Knowledge in Microbial Degradation of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs): A Review., *Front. Microbiol.* Vol.,7, 1369-1396
54. Goswami et al. 2016. Pteridophytes: evolutionary boon as medicinal plants., *Plant Genet. Resour.-Charact. Util.* Vol.,14, 328-355
55. Guarino et al. 2017. Effectiveness of in situ application of an Integrated Phytoremediation System (IPS) by adding a selected blend of rhizosphere microbes to heavily multi-contaminated soils., *Ecol. Eng.* Vol.,99, 70-82
56. Hadia-e-Fatima; Ahmed et al. 2016. How Chromium-Resistant Bacteria Can Improve Corn Growth in Chromium-Contaminated Growing Medium., *Pol. J. Environ. Stud.* Vol.,25, 2357-2365
57. Hamidovic et al. 2016. Bioremediation Potential Assessment of Plant Growth-Promoting Autochthonous Bacteria: a Lignite Mine Case Study., *Pol. J. Environ. Stud.* Vol.,25, 113-119
58. Hamzah et al. 2016. Nutrient Amendments of Inorganic Fertiliser and Oil Palm Empty Fruit Bunch and Their Influence on Bacterial Species Dominance and Degradation of the Associated Crude Oil Constituents., *Soil. Sediment. Contam.* Vol.,25, 256-265
59. Hatakeyama et al. 2015. Mineralization of melamine and cyanuric acid as sole nitrogen source by newly isolated *Arthrobacter* spp. using a soil-charcoal perfusion method., *World J. Microbiol. Biotechnol.* Vol.,31, 785-793
60. Hennessee et al. 2016. Effects of Polycyclic Aromatic Hydrocarbon Mixtures on Degradation, Gene Expression, and Metabolite Production in Four *Mycobacterium* Species., *Appl. Environ.*

Microbiol.Vol.,82, 3357-3369

61. Honget al. 2016. Characterization of the transcriptome of *Achromobacter* sp HZ01 with the outstanding hydrocarbon-degrading ability., *Gene*Vol.,584, 185-194
62. Huanget al. 2016. Efficient Arsenic Methylation and Volatilization Mediated by a Novel Bacterium from an Arsenic-Contaminated Paddy Soil., *Environ. Sci. Technol.*Vol.,50, 6389-6396
63. Huanget al. 2016. Enhanced biodegradation of pyrene and indeno(1,2,3-cd)pyrene using bacteria immobilized in cinder beads in estuarine wetlands., *Mar. Pollut. Bull.*Vol.,102, 128-133
64. Huanget al. 2017. A thorough survey for Cr-resistant and/or -reducing bacteria identified comprehensive and pivotal taxa., *Int. Biodeterior. Biodegrad.*Vol.,117, 22-30
65. Ibrahimet al. 2015. Molecular application for identification of polycyclic aromatic hydrocarbons degrading bacteria (PAHD) species isolated from oil polluted soil in Dammam, Saud Arabia., *Saudi J. Biol. Sci.*Vol.,22, 651-655
66. Islamet al. 2016. Copper-resistant bacteria reduces oxidative stress and uptake of copper in lentil plants: potential for bacterial bioremediation., *Environ. Sci. Pollut. Res.*Vol.,23, 220-233
67. Ismailet al. 2016. Isolation and identification of bacteria isolated from ruminant animal waste that able to degrade 2,2-dichloropropionic acid (2,2-DCP)., *Malays. J. Microbiol.*Vol.,12, 155-163
68. Jamiet al. 2016. *Celeribacter persicus* sp nov., a polycyclic-aromatic-hydrocarbon-degrading bacterium isolated from mangrove soil., *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*Vol.,66, 1875-1880
69. Jariyalet al. 2015. Isolation and evaluation of potent *Pseudomonas* species for bioremediation of phorate in amended soil., *Ecotox. Environ. Safe.*Vol.,122, 24-30
70. Johnet al. 2016. Optimization of Chlorpyrifos Degradation by Assembled Bacterial Consortium Using Response Surface Methodology., *Soil. Sediment. Contam.*Vol.,25, 668-682
71. Kafilzadehet al. 2015. Molecular identification and resistance investigation of atrazine degrading bacteria in the sediments of Karun River, Ahvaz, Iran., *Microbiology*Vol.,84, 531-537
72. Kanget al. 2015. Understanding the role of clay minerals in the chromium(VI) bioremoval by *Pseudomonas aeruginosa* CCTCC AB93066 under growth condition: microscopic, spectroscopic and kinetic analysis., *World J. Microbiol. Biotechnol.*Vol.,31, 1765-1779
73. Kumaret al. 2016. An efficient approach towards the bioremediation of copper, cobalt and nickel contaminated field samples., *J. Soils Sediments*Vol.,16, 2118-2127
74. Kumaret al. 2016. Demonstration of Carbon Catabolite Repression in Naphthalene Degrading Soil Bacteria via Raman Spectroscopy Based Stable Isotope Probing., *Anal. Chem.*Vol.,88, 7574-7582
75. Kumariet al. 2015. Multiple metal-resistant bacteria and fungi from acidic copper mine tailings of Xinjiang, China., *Environ. Earth Sci.*Vol.,74, 3113-3121

76. Lanet al. 2015. Biosorption behavior and mechanism of thorium on *Bacillus* sp dwc-2 isolated from soil., Nucl. Sci. Tech.Vol.,26, 60301-60312
77. Lara-Severinoet al. 2016. Haloalkalitolerant Actinobacteria with capacity for anthracene degradation isolated from soils close to areas with oil activity in the State of Veracruz, Mexico., Int. Microbiol.Vol.,19, 15-26
78. Leeet al. 2016. Proteogenomic Characterization of Monocyclic Aromatic Hydrocarbon Degradation Pathways in the Aniline-Degrading Bacterium *Burkholderia* sp K24., PLoS OneVol.,11, e0154233--14 pages
79. Linet al. 2016. The impact on the soil microbial community and enzyme activity of two earthworm species during the bioremediation of pentachlorophenol-contaminated soils., J. Hazard. Mater.Vol.,301, 35-45
80. Linget al. 2016. Initial Screening of Mangrove Endophytic Fungi for Antimicrobial Compounds and Heavy Metal Biosorption Potential., Sains Malays.Vol.,45, 1063-1071
81. Liuet al. 2015. The physicochemical conditions of isolation source determine the occurrence of *Pseudomonas fluorescens* group species., Ann. Microbiol.Vol.,65, 2363-2377
82. Liuet al. 2017. Bioremediation mechanisms of combined pollution of PAHs and heavy metals by bacteria and fungi: A mini review., Bioresour. Technol.Vol.,224, 25-33
83. Maet al. 2016. Heavy metals species affect fungal-bacterial synergism during the bioremediation of fluoranthene., Appl. Microbiol. Biotechnol.Vol.,100, 7741-7750
84. Manikandanet al. 2016. Purification and characterization of a highly active chromate reductase from endophytic *Bacillus* sp DGV19 of *Albizia lebbek* (L.) Benth. actively involved in phytoremediation of tannery effluent-contaminated sites., Prep. Biochem. Biotechnol.Vol.,46, 192-199
85. Mardaniet al. 2016. DEGRADATION OF PHENANTHRENE AND PYRENE USING GENETICALLY ENGINEERED DIOXYGENASE PRODUCING *Pseudomonas putida* IN SOIL., Genetika-BelgradeVol.,48, 837-858
86. Mareciket al. 2015. Rhizosphere as a tool to introduce a soil-isolated hydrocarbon-degrading bacterial consortium into a wetland environment., Int. Biodeterior. Biodegrad.Vol.,97, 135-142
87. Marinhoet al. 2017. Potential of the filamentous fungus *Aspergillus niger* AN 400 to degrade Atrazine in wastewaters., Biocatal. Agric. Biotechnol.Vol.,9, 162-167
88. Meloet al. 2017. Isolation and characteristics of sulfentrazone-degrading bacteria., J. Environ. Sci. Health Part B-Pestic. Contam. Agric. WastesVol.,52, 115-121
89. Mesbaiahet al. 2016. Preliminary characterization of biosurfactant produced by a PAH-degrading *Paenibacillus* sp under thermophilic conditions., Environ. Sci. Pollut. Res.Vol.,23, 14221-14230
90. Mikolaschet al. 2016. From oil spills to barley growth - oil-degrading soil bacteria and their

promoting effects., J. Basic Microbiol.Vol.,56, 1252-1273

91. Mohanramet al. 2016. Isolation, screening, and characterization of surface-active agent-producing, oil-degrading marine bacteria of Mumbai Harbor., Mar. Pollut. Bull.Vol.,105, 131-138
92. Morais et al. 2016. Responses of microbial community from tropical pristine coastal soil to crude oil contamination., PeerJVol.,4, e1733--21 pages
93. Moubasher et al. 2015. Phytoremediation of soils polluted with crude petroleum oil using *Bassia scoparia* and its associated rhizosphere microorganisms., Int. Biodeterior. Biodegrad.Vol.,98, 113-120
94. Mulani et al. 2017. Biodegradation of crude oil using marine *Bacillus* species from Vadinar coast, Gujarat, India., Curr. Sci.Vol.,112, 569-576
95. Nanasato et al. 2016. Biodegradation of gamma-hexachlorocyclohexane by transgenic hairy root cultures of *Cucurbita moschata* that accumulate recombinant bacterial *LinA*., Plant Cell ReportsVol.,35, 1963-1974
96. Neeratanaphan et al. 2016. Identifying an efficient bacterial species and its genetic erosion for arsenic bioremediation of gold mining soil., Arch. Environ. Prot.Vol.,42, 58-66
97. Nwinyi et al. 2016. Degradation of polynuclear aromatic hydrocarbons by two strains of *Pseudomonas*., Braz. J. Microbiol.Vol.,47, 551-562
98. Onunga et al. 2015. Biodegradation of carbofuran in soils within Nzoia River Basin, Kenya., J. Environ. Sci. Health Part B-Pestic. Contam. Agric. WastesVol.,50, 387-397
99. Pacwa-Plociniczak et al. 2016. Isolation of hydrocarbon-degrading and biosurfactant-producing bacteria and assessment their plant growth-promoting traits., J. Environ. Manage.Vol.,168, 175-184
100. Palanisamy et al. 2014. Diesel biodegradation capacities of indigenous bacterial species isolated from diesel contaminated soil., J. Environ. Health Sci. EngVol.,12, 142-150
101. Pandey et al. 2016. Alleviation of toxic hexavalent chromium using indigenous aerobic bacteria isolated from contaminated tannery industry sites., Prep. Biochem. Biotechnol.Vol.,46, 517-523
102. Pan et al. 2017. The Role of Enriched Microbial Consortium on Iron-Reducing Bioaugmentation in Sediments., Front. Microbiol.Vol.,8, 462-472
103. Perez-Hernandez et al. 2017. Growth of four tropical tree species in petroleum-contaminated soil and effects of crude oil contamination., Environ. Sci. Pollut. Res.Vol.,24, 1769-1783
104. Phulpoto et al. 2016. Biodegradation of oil-based paint by *Bacillus* species monocultures isolated from the paint warehouses., Int. J. Environ. Sci. Technol.Vol.,13, 125-134
105. Posman et al. 2017. Benzene Degradation by a *Variovorax* Species within a Coal Tar-Contaminated Groundwater Microbial Community., Appl. Environ. Microbiol.Vol.,83, UNSP

106. Qiet al. 2017. Removal Capacities of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) by a Newly Isolated Strain from Oilfield Produced Water., *Int. J. Environ. Res. Public Health* Vol.,14, 215-227
107. Radziet al. 2015. Degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (pyrene and fluoranthene) by bacterial consortium isolated from contaminated road side soil and soil termite fungal comb., *Environ. Earth Sci.* Vol.,74, 5383-5391
108. Rafiqueet al. 2015. Screening and Characterization of Mercury-Resistant Nitrogen Fixing Bacteria and Their Use as Biofertilizers and for Mercury Bioremediation., *Pak. J. Zool.* Vol.,47, 1271-1277
109. Razanamahandryet al. 2016. Biodegradation of free cyanide by bacterial species isolated from cyanide-contaminated artisanal gold mining catchment area in Burkina Faso., *Chemosphere* Vol.,157, 71-78
110. Sakthipriyaet al. 2016. Systematic investigations on the biodegradation and viscosity reduction of long chain hydrocarbons using *Pseudomonas aeruginosa* and *Pseudomonas fluorescens*., *Environ. Sci.-Process Impacts* Vol.,18, 386-397
111. San Keskinet al. 2015. Production and structural characterization of biosurfactant produced by newly isolated *staphylococcus xylosus* STF1 from petroleum contaminated soil., *J. Pet. Sci. Eng.* Vol.,133, 689-694
112. Secordet al. 2016. Inoculating Bacteria into Polycyclic Aromatic Hydrocarbon-Contaminated Oil Sands Soil by Means of Electrokinetics., *Water Air Soil Pollut.* Vol.,227, 288-301
113. Shahzadet al. 2016. Rhizoremediation of petroleum hydrocarbon, prospects and future., *RSC Adv.* Vol.,6, 108347-108361
114. Simonovicovaet al. 2016. Autochthonous Microbiota in Arsenic-Bearing Technosols from Zemianske Kostolany (Slovakia) and Its Potential for Bioleaching and Biovolatilization of Arsenic., *Water Air Soil Pollut.* Vol.,227, 336-353
115. Songet al. 2015. Anaerobic degradation of Polychlorinated Biphenyls (PCBs) and Polychlorinated Biphenyls Ethers (PBDEs), and microbial community dynamics of electronic waste-contaminated soil., *Sci. Total Environ.* Vol.,502, 426-433
116. Srivastavaet al. 2016. Arsenic bioremediation and bioactive potential of endophytic bacterium *Bacillus pumilus* isolated from *Pteris vittata* L., *Int. J. Adv. Biotechnol. Res.* Vol.,7, 77-92
117. Staicuet al. 2015. *Pseudomonas moraviensis* subsp *stanleyae*, a bacterial endophyte of hyperaccumulator *Stanleya pinnata*, is capable of efficient selenite reduction to elemental selenium under aerobic conditions., *J. Appl. Microbiol.* Vol.,119, 400-410
118. Stefani et al. 2015. Culture-Dependent and -Independent Methods Capture Different Microbial Community Fractions in Hydrocarbon-Contaminated Soils., *PLoS One* Vol.,10, UNSP

119. Stramova et al. 2016. Heterotrophic microflora of highly alkaline (pH > 13) brown mud disposal site drainage water near Ziar nad Hronom (Banska Bystrica region, Slovakia)., *Environ. Sci. Pollut. Res.* Vol.,23, 4199-4206
120. Suet et al. 2016. Analysis of the genomic sequences and metabolites of *Serratia surfactantifaciens* sp nov YD25(T) that simultaneously produces prodigiosin and serrawettin W2., *BMC Genomics* Vol.,17, 865-884
121. Sun et al. 2015. Effects of cowpea (*Vigna unguiculata*) root mucilage on microbial community response and capacity for phenanthrene remediation., *J. Environ. Sci.* Vol.,33, 45-59
122. Sun et al. 2015. Microbial communities inhabiting oil-contaminated soils from two major oilfields in Northern China: Implications for active petroleum-degrading capacity., *J. Microbiol.* Vol.,53, 371-378
123. Sun et al. 2015. Profiling microbial community structures across six large oilfields in China and the potential role of dominant microorganisms in bioremediation., *Appl. Microbiol. Biotechnol.* Vol.,99, 8751-8764
124. Sungthong et al. 2016. Mobilization of Pollutant-Degrading Bacteria by Eukaryotic Zoospores., *Environ. Sci. Technol.* Vol.,50, 7633-7640
125. Svenningsen et al. 2016. Nitrogen regulation of the xyl genes of *Pseudomonas putida* mt-2 propagates into a significant effect of nitrate on m-xylene mineralization in soil., *Microb. Biotechnol.* Vol.,9, 814-823
126. Szczepaniak et al. 2015. Antibacterial effect of the *Trichoderma viride* fungi on soil microbiome during PAH's biodegradation., *Int. Biodeterior. Biodegrad.* Vol.,104, 170-177
127. Tian et al. 2016. Effect of natural and synthetic surfactants on crude oil biodegradation by indigenous strains., *Ecotox. Environ. Safe.* Vol.,129, 171-179
128. Trinder et al. 2016. Probiotic *Lactobacillus rhamnosus* Reduces Organophosphate Pesticide Absorption and Toxicity to *Drosophila melanogaster*., *Appl. Environ. Microbiol.* Vol.,82, 6204-6213
129. Ubani et al. 2016. Characterisation of oil degrading bacteria from tailored compost containing crude oil sludge., *Indian J. Biotechnol.* Vol.,15, 243-250
130. Vergani et al. 2017. Phyto-rhizoremediation of polychlorinated biphenyl contaminated soils: An outlook on plant-microbe beneficial interactions., *Sci. Total Environ.* Vol.,575, 1395-1406
131. Walters et al. 2015. Pantoea: insights into a highly versatile and diverse genus within the Enterobacteriaceae., *Fems Microbiol. Rev.* Vol.,39, 968-984
132. Wang et al. 2015. Variation of nonylphenol-degrading gene abundance and bacterial community structure in bioaugmented sediment microcosm., *Environ. Sci. Pollut. Res.* Vol.,22, 2342-2349

133. Wang et al. 2016. Acidification and sulfide formation control during reductive dechlorination of 1,2-dichloroethane in groundwater: Effectiveness and mechanistic study., *Chemosphere* Vol.,160, 216-229
134. Wolinska et al. 2016. Biological Activity of Autochthonic Bacterial Community in Oil-Contaminated Soil., *Water Air Soil Pollut.* Vol.,227, 130-142
135. Zhan et al. 2016. Production of lipopeptide biosurfactants by *Bacillus atrophaeus* 5-2a and their potential use in microbial enhanced oil recovery., *Microb. Cell. Fact.* Vol.,15, 168-179
136. Zhen et al. 2016. Responses of hydrochemical parameters, community structures, and microbial activities to the natural biodegradation of petroleum hydrocarbons in a groundwater-soil environment., *Environ. Earth Sci.* Vol.,75, 1400-1413
137. Zhou et al. 2016. Microbial Electricity Generation and Isolation of Exoelectrogenic Bacteria Based on Petroleum Hydrocarbon-contaminated Soil., *Electroanalysis* Vol.,28, 1510-1516