

百菌清重复施用后在土壤中的残留及其对微生物群落的影响^①

张满云^{1,2}, 滕 应^{1*}, 朱 烨^{1,2}, 任文杰¹, 骆永明¹, 李振高¹

(1 中国科学院土壤环境与污染修复重点实验室 (南京土壤研究所), 南京 210008; 2 中国科学院大学, 北京 100049)

摘 要: 选择红壤与乌桕土作为实验土壤, 研究不同浓度的百菌清重复施用后在两种土壤中的残留及其对土壤微生物群落的影响。结果表明: 当施用周期为 7 天、重复施用 4 次后, 百菌清在红壤中的残留量高于乌桕土。百菌清重复施用 4 次后, 红壤对照组土壤微生物群落的碳源利用能力略低于 5 mg/kg 处理组, 而显著高于 25 mg/kg 处理组($P<0.05$); 乌桕土对照组土壤微生物群落的碳源利用能力显著高于 5 mg/kg 处理组与 25 mg/kg 处理组($P<0.05$)。31 种碳源主成分分析的结果表明: 百菌清重复施用 4 次后对土壤微生物利用单一碳源的能力具有不同程度的影响, 且在两种土壤类型之间存在差异。

关键词: 百菌清; 土壤; 重复施用; 微生物群落; 碳源利用

中图分类号: X592

百菌清(2,4,5,6-四氯-1,3-二氰基苯)作为一种广谱杀菌剂被广泛用于设施农业中蔬菜、水稻、小麦等经济作物的病害防治。百菌清在土壤中的半衰期为 4 天到 6 个月^[1], 且在重复施用的情况下半衰期可长达一年^[2]。百菌清易在土壤中产生累积, 对微生物、植物、动物以及人体产生潜在危害^[3-4]。因此, 评价土壤中百菌清的残留对环境以及人类的危害已成为新的研究热点之一。

土壤微生物是土壤生态的重要组成部分, 在物质转化、能量流动以及污染物降解方面发挥着重要作用, 土壤微生物的活性及群落组成反映出土壤质量和土壤健康状况^[5-8]。传统的土壤微生物研究方法主要针对土壤中可培养的微生物进行研究, 但土壤中 80% 以上的微生物属于不可培养微生物^[9], 这导致传统研究方法无法真实地反映土壤微生物群落变化。Biolog ECO 平板技术可以反映土壤中微生物群落结构特征与功能, 为土壤生态评价提供可行的方法^[10]。单敏^[11]研究表明, 百菌清的施用对土壤细菌、真菌和放线菌都产生不同程度的影响, 细菌最为敏感, 放线菌次之, 真菌最小。郝乙杰等^[12]研究表明百菌清在施用初期显著抑制土壤微生物的活性, Simpson、McIntosh 指数明显降低。然而, 以上多是针对单一土壤类型及百菌清单次用药的研究, 对不同土壤类型下百菌清重复施药对土壤微生物影响的研究相对较少。由于设施蔬

菜种植的大棚内温度高、湿度大、病害多, 百菌清通常是高剂量多次施用, 造成土壤中百菌清严重残留, 导致生态环境受到污染与破坏^[13-14]。因此研究百菌清在不同土壤类型中的重复施用对土壤微生物及其功能的影响具有理论与实际意义。

本文以 75% 百菌清可湿性粉剂为供试农药, 研究百菌清重复施用后在不同类型土壤中的残留及对微生物功能多样性的影响, 为百菌清的科学合理施用及环境风险评价提供基本依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

1.1.1 供试土壤 红壤(湿润富铁土)采自江西鹰潭市某长期未耕种农田的表层新鲜土样; 乌桕土(水耕人为土)采自常熟市某长期未耕种农田的表层新鲜土样。以上两种土壤剔除植物残根和石砾等杂物后过 2 mm 筛, 置于 4℃ 条件下保存备用, 试验前于室温条件下放置 72 h。供试土壤理化性质见表 1。

1.1.2 药品与试剂 商品化百菌清可湿性粉剂(有效含量 75%) 购自苏州先正达作物保护有限公司, 百菌清标准品 (Accu Standard) 购自百灵威化学技术有限公司。丙酮、正己烷与二氯甲烷均为分析纯, 重蒸后使用。无水硫酸钠、硅胶(100~200 目)400℃活化 6 h, 冷却后置于玻璃干燥器中密封贮存, 待用。另备色谱

基金项目: 国家环保公益性行业科研专项 (No.201109018) 资助。

* 通讯作者(yteng@issas.ac.cn)

作者简介: 张满云(1988—), 男, 安徽滁州人, 硕士研究生, 主要从事土壤环境生物修复方面研究。E-mail: myzhang@issas.ac.cn

表 1 供试土壤的基本理化性质
Table 1 Physico-chemical properties of soil tested

土壤类型	pH	有机质 (g/kg)	全氮 (g/kg)	速效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)	阳离子交换量 (cmol/kg)
红壤	4.54	5.76	0.39	0.86	50	8.74
乌栅土	7.31	18.95	0.92	9.71	64	19.53

纯正己烷、酸性硅胶(硅胶：浓硫酸 = 2：1，质量比)。

1.2 土壤处理

称取相当于 2 kg 干重的新鲜土壤置于玻璃盒中，加入以超纯水稀释的百菌清粉剂，使得百菌清在土壤中浓度分别为 5 mg/kg(商品说明推荐剂量)与25 mg/kg(根据实际调查：在病害严重时期百菌清的施用量可以达到推荐剂量的 5 倍)，调节土壤的含水量至土壤最大持水量的 60% 后置于 28℃ 恒温恒湿的培养箱中避光培养，7 天后取样分析土壤中百菌清的含量并补加等量的百菌清。以此类推重复施用 4 次(实际生产中推荐施用次数)，并且在第 4 次施用后的 7 天取样分析土壤微生物群落功能多样性。以不加百菌清作同样处理的土壤为对照组，每个处理设 3 个重复。

1.3 土壤百菌清含量的测定

称取经冷冻干燥并过 60 目筛的土壤样品 2.0 g 于 60 ml 玻璃离心管中，加丙酮-正己烷混合溶剂(1：1，v/v)30 ml，在涡旋混合仪上振荡数秒，静置过夜。在水温 25℃ 条件下超声提取 30 min，以 3 000 r/min 的转速离心 5 min，过滤上清液于茄形瓶中。再重复超声提取 2 次，合并 3 次提取液并旋转蒸发至近干，加入正己烷溶解后转入复合层析柱中进行纯化。复合层析柱(长 250 mm，内径 10 mm)内依次装填无水硫酸钠、酸性硅胶和无水硫酸钠。先用正己烷淋洗并弃去淋洗液，然后加入样品提取液，并用二氯甲烷-正己烷混合溶剂(1：1，v/v)洗脱，洗脱液经旋转蒸发浓缩、定容、稀释后进行气相色谱(GC-ECD)分析。

色谱分析条件：采用带有电子俘获检测器和自动进样器的 Varian 3800 型气相色谱仪分析。色谱柱：DB-5MS(30 m×0.25 mm×0.25 μm)；程序升温：初始温度为 95℃，以 25℃/min 梯度升温至 190℃，以 6℃/min 梯度升温至 220℃，持续 0.5 min，以 30℃/min 梯度升温至 280℃，持续 0.7 min，检测器温度为 300℃。无分流进样，载气为高纯氮(99.99%)，流速为 4.0 ml/min。

1.4 土壤微生物群落功能多样性的测定^[15]

称取相当于 10 g 干重的新鲜土样置于无菌的 250 ml 三角瓶中，加入 100 ml 灭菌的 0.85% NaCl 溶液，于 25℃、250 r/min 避光条件下振荡 10 min，静置后按照梯度稀释法得到 10⁻³ 稀释液。取 150 μl 的

稀释液接种于 Biolog ECO 板，置于 25℃ 恒温培养箱中避光培养 168 h。培养过程中每隔 24 h 测定 590 nm 条件下的吸光值。

土壤微生物的代谢活性用反应平均每孔颜色变化率(average well color development, AWCD)来描述，其计算方法： $AWCD = \sum OD_i / 31$ ，其中 OD_i 为各反应孔的吸光减去 A_1 孔的吸光值，并且对 AWCD 值进行主成分分析。微生物群落功能多样性用 Shannon-Weaver 指数来描述，其计算方法： $H = -\sum p_i \ln p_i$ ，其中 $p_i = (OD_i - A_1) / \sum (OD_i - A_1)$ 。

1.5 数据分析

本研究中数据采用 Microsoft Excel 2007 进行分析，采用 SPSS 17.0 进行方差分析与显著性差异分析。

2 结果与讨论

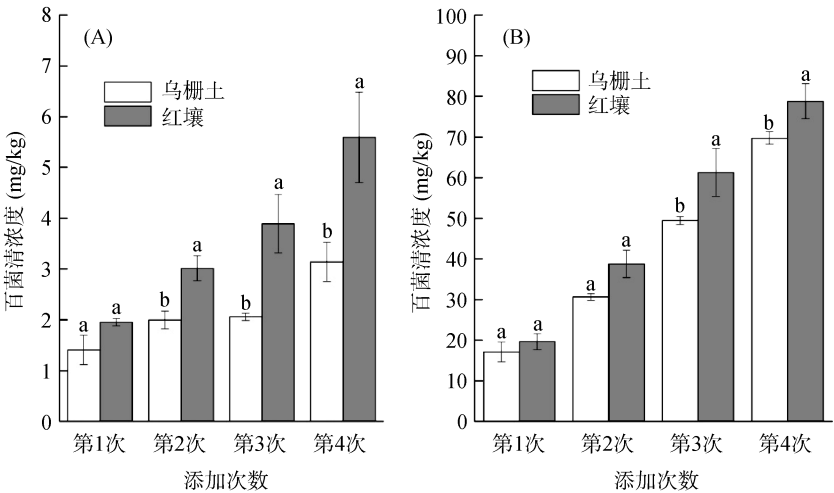
2.1 百菌清重复施用后在土壤中的残留

百菌清重复施用后在土壤中的残留如图 1 所示。当施用量为 5 mg/kg 时，7 天后在红壤与乌栅土中都检测出明显的残留，残留量分别为 1.95 mg/kg 与 1.40 mg/kg；当施用量为 25 mg/kg 时在两种土壤中的残留量分别为 19.64 mg/kg 与 17.10 mg/kg。随着施用次数的增加，两种土壤的百菌清残留量也随之增加，至实验结束时，施用量为 5 mg/kg 时两种土壤中的百菌清残留量分别为 5.59 mg/kg 与 3.14 mg/kg；施用量为 25 mg/kg 时两种土壤的百菌清残留量分别为 78.79 mg/kg 与 69.73 mg/kg。

百菌清在土壤中的降解速率受到百菌清的施用量、施用频率与土壤性质等因素的影响。Wu 等^[16]研究表明：当施用量为 5 mg/kg，15 天后土壤中百菌清几乎完全被降解；当施用量为 10 mg/kg、15 天后土壤中可以检测出明显的百菌清残留。Wang 等^[17]研究发现：百菌清在水稻土中的降解速率受土壤有机质含量、pH 等因素的影响。在本研究中，百菌清在红壤中的降解速率较乌栅土慢，这可能与红壤呈酸性、有机质含量少等因素有关。

2.2 百菌清重复施用对土壤微生物功能多样性的影响

百菌清重复施用 4 次后对土壤微生物群落碳源利用的影响与土壤微生物群落多样性指数的影响分



(图中小写字母不同表示百菌清单次施用后两种土壤中残留累积量差异达到 $P < 0.05$ 显著水平)

图 1 百菌清重复施用后在乌栅土和红壤中的残留累积量(A. 施用量为 5 mg/kg; B. 施用量为 25 mg/kg)

Fig. 1 Chlorothalonil residues in two types of soils after repeated chlorothalonil applications

别如图 2 与表 2 所示。在红壤中,对照组土壤的微生物群落 AWCD 值略低于 5 mg/kg 处理组,而显著高于 25 mg/kg 处理组($P < 0.05$);在乌栅土中对照组土壤微生物群落的 AWCD 显著高于 5 mg/kg 处理组与 25 mg/kg 处理组($P < 0.05$)。百菌清重复施用 4 次后两种土壤对照组的 Shannon-Weaver 指数与 5 mg/kg 处理组并无显著性差异,但都高于 25 mg/kg 处理组,且在乌栅土中差异显著($P < 0.05$)。这与先前报道的研究结果一致,如郝乙杰等^[12]研究表明施加

低浓度的百菌清对土壤微生物 Shannon-Weaver 指数影响都不显著。Sigler 等^[18]研究结果也表明施加低浓度的百菌清到土壤可以改变土壤细菌群落并抑制土壤真菌,但土壤微生物的 Shannon-Weaver 指数未发生显著的改变。

不同的多样性指数反映了土壤微生物群落功能多样性的不同侧面。其中 Shannon-Weaver 指数受群落物种丰富度影响较大^[19]。在计算土壤微生物 Shannon-Weaver 多样性指数时,不同文献报道中的时间不统

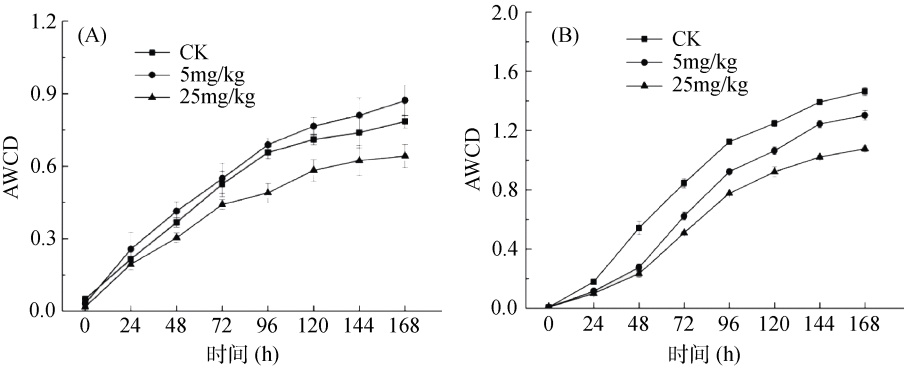


图 2 百菌清施用 4 次后两种土壤样品 AWCD 的变化 (A. 红壤, B. 乌栅土; 下图同)

Fig. 2 Variation in average well color development (AWCD) for two type of soils after four successive treatments with chlorothalonil

表 2 百菌清施用 4 次后两种土壤微生物群落碳源利用能力及多样性指数的变化

Table 2 Sole-carbon-source utilization activities and functional diversities of the soil microbial communities for two soils after four successive treatments with chlorothalonil

处理	红壤		乌栅土	
	AWCD (96 h)	Shannon-Weaver 指数	AWCD (96 h)	Shannon-Weaver 指数
CK	0.656 ± 0.025 a	2.850 ± 0.033 ab	1.124 ± 0.018 a	3.179 ± 0.020 a
5 mg/kg	0.689 ± 0.025 a	2.939 ± 0.039 a	0.922 ± 0.016 b	3.179 ± 0.031 a
25 mg/kg	0.490 ± 0.039 b	2.809 ± 0.048 b	0.766 ± 0.003 c	3.053 ± 0.011 b

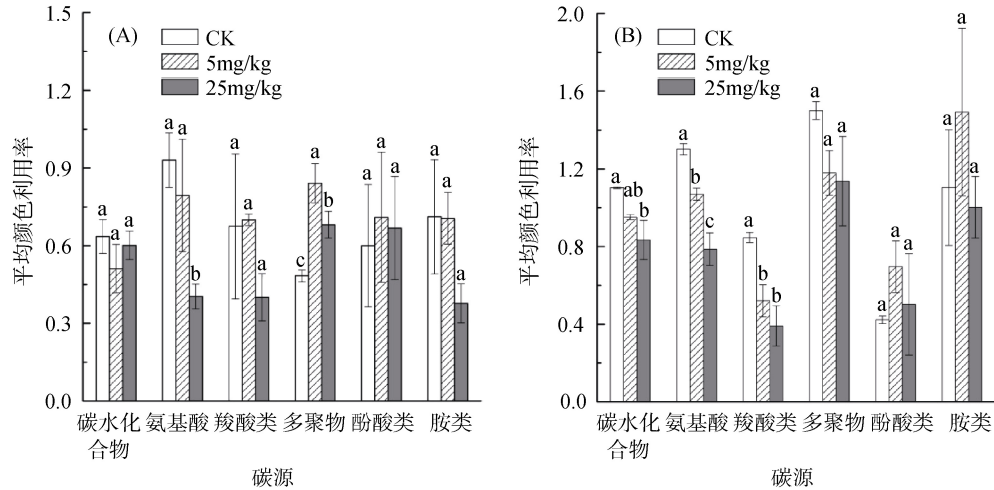
注：同列数据小写字母不同表示处理间差异达到 $P < 0.05$ 显著水平。

一。王晓玥等^[20]采用 72 h 的 AWCD 值进行计算,而段魏魏等^[21]采用 168 h 的 AWCD 值。本研究在培养 96 h 之后 AWCD 值变化减缓且逐步进入稳定期,采用 96 h 的光密度值进行分析更真实地反映了实际情况。

2.3 微生物群落碳源利用水平分析

百菌清施用 4 次后,土壤微生物群落对 6 类碳

源的利用情况如图 3 所示。在红壤中对照组对氨基酸类碳源利用率最高,而施用百菌清的两个处理组都对多聚物类碳源利用率最高;在乌栅土中对照组对多聚物类碳源利用率最高,5 mg/kg 处理组对胺类碳源利用率最高,25 mg/kg 处理组对多聚物类碳源利用率最高,且在施用百菌清的两个处理组中碳水化合物、氨基酸、羧酸、多聚物的利用率都受到抑制。



(图中小写字母不同表示同一碳源种类不同处理间差异达到 $P<0.05$ 显著水平)

图 3 百菌清施用 4 次后土壤微生物群落对不同种类碳源的利用情况

Fig. 3 Utilization for different source substrates of the soil microbial communities for two soils after four successive treatments with chlorothalonil

土壤微生物群落多样性反映了群落整体的动态变化,而研究土壤微生物对不同碳源利用能力的差异则可以深入地了解微生物群落的结构组成。岳冰冰等^[22]研究表明石油污染可以改变 10 ~ 20 cm 和 20 ~ 30 cm 土壤微生物对碳源的利用。彭芳芳等^[23]研究表明胺类碳源可能是铀尾矿污染中较敏感的一

类碳源。本研究两种土壤中微生物对氨基酸的利用能力都表现出随着百菌清残留量的升高而降低的趋势,其中乌栅土中对氨基酸类碳源利用能力存在明显的组间差异。氨基酸类碳源利用率能否作为百菌清污染的敏感评价指标有待进一步的研究。对本实验 96 h 处的 AWCD 值进行主成分分析,结果如表 3 所示。

表 3 百菌清施用 4 次后土壤微生物代谢 31 种碳源的主成分分析

Table 3 Loading factors of PC1 indicating utilization of 31 substrates of two soil microbial metabolism after four successive treatments with chlorothalonil

种类	碳源	红壤 PC1			乌栅土 PC1		
		CK	5 mg/kg	25 mg/kg	CK	5 mg/kg	25 mg/kg
碳水化合物	D-半乳糖酸-γ-内脂	0.021	0.999	0.290	-0.097	0.790	0.085
	β-甲基-D-葡萄糖苷	0.813	0.976	0.909	-0.845	0.976	-0.904
	D-纤维二糖	0.932	0.999	-0.995	0.308	-0.996	-0.986
	α-D-乳糖	0.688	0.344	0.997	0.876	0.993	-0.513
	i-赤藓糖醇	0.924	0.296	0.979	0.897	0.278	0.989
	α-D-葡萄糖-磷酸	-0.981	-0.998	-0.837	-0.662	0.242	-0.509
	D-木糖	0.932	-0.659	0.268	0.460	-0.258	0.982
	D-甘露醇	-0.957	-0.822	0.718	0.805	0.975	-0.657
	N-乙酰-D-葡萄糖胺	-0.751	-0.754	-0.798	0.985	-0.660	-0.955
	D,L-α-磷酸甘油	-0.427	0.367	0.698	-0.969	-0.988	0.964
	D-半乳糖醛酸	0.886	0.748	-0.783	0.998	0.929	-0.966
	D-葡萄糖胺酸	0.665	-0.819	0.748	-0.984	-0.998	0.713

续表

种类	碳源	红壤 PC1			乌栅土 PC1		
		CK	5 mg/kg	25 mg/kg	CK	5 mg/kg	25 mg/kg
氨基酸	L-天门冬酰胺	0.886	0.748	-0.783	0.998	0.929	-0.966
	L-苯基丙氨酸	0.997	0.961	-0.771	0.249	0.925	0.359
	L-精氨酸	0.114	0.997	-0.707	-0.038	-0.362	-0.272
	L-丝氨酸	0.714	0.992	-0.890	-0.990	-0.997	-0.758
	L-苏氨酸	-0.471	0.941	0.772	-0.991	0.762	-0.019
	甘氨酸-L-谷氨酸	0.078	0.712	0.806	0.969	-0.724	-0.771
羧酸类	γ -羟基丁酸	0.598	0.789	0.916	0.635	0.995	0.434
	衣康酸	0.987	0.744	0.915	-0.999	0.465	0.995
	α -丁酮酸	-0.051	-0.948	-0.226	0.061	-0.748	-0.132
	D-苹果酸	-0.226	-0.836	-0.785	0.931	0.996	0.996
	丙酮酸甲酯	0.947	-0.743	-0.879	-0.367	0.981	0.176
多聚物	α -环式糊精	0.945	0.634	0.110	-0.980	-0.221	-0.611
	肝糖	0.414	0.683	-0.278	0.995	-0.742	0.666
	吐温 40	0.927	-0.992	-0.855	0.903	-0.320	0.014
	吐温 80	0.254	-0.150	0.576	0.951	0.657	0.922
酚酸类	2-羟基苯甲酸	-0.846	0.986	0.994	0.280	-0.717	0.995
	4-羟基苯甲酸	-0.893	0.643	-0.508	0.741	0.592	0.165
胺类	苯乙胺	0.919	0.935	-0.257	0.609	-0.979	-0.710
	腐胺	0.539	0.557	-0.900	0.725	0.322	0.947

第一个主成分 PC1 结果表明在百菌清施用 4 次后各处理的微生物群落对单一碳源的利用已产生显著性变化。PC1 中的某些碳源载荷因子在不同处理组间差异较大，如在红壤中甘氨酸-L-谷氨酸载荷绝对值在施用后增大且与施用浓度呈正相关，而在乌栅土中则是先下降后上升的趋势。 β -甲基-D-葡萄糖苷在两种土壤不同处理组间载荷绝对值都大于 0.8。邵元元等^[24]研究显示百菌清施用 2 个月后土壤微生物群落利用单一碳源的整体能力得到显著提高，这可能是由于少量单次施用百菌清后刺激了土壤微生物对碳源的利用。

3 结论

- (1) 随着施用次数的增加，两种类型土壤中的百菌清残留量也随之增加，且在施用相同剂量的条件下，红壤中百菌清的残留量高于乌栅土。
- (2) 重复施用推荐剂量的百菌清促进红壤中微生物群落的碳源利用，在乌栅土中则表现出抑制作用，而重复施用高剂量的百菌清抑制了两种土壤中微生物群落的碳源利用能力。
- (3) 百菌清的重复施用改变了土壤微生物群落对不同种类碳源的利用能力，对土壤微生物群落单一碳源的利用也产生了一定程度的影响。

参考文献：

[1] Kumar SB, Walker A, Wright D. Persistence of chlorpyrifos, fenamiphos, chlorothalonil, and pendimethalin in soil and their effects on soil microbial characteristics[J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 2002, 69(2): 181-188

[2] Motonaga K, Takagi K, Matumoto S. Biodegradation of chlorothalonil in soil after suppression of degradation[J]. Biology and Fertility of Soils, 1996, 23(3): 340-345

[3] Arvanites AC, Boerth DW. Modeling of the mechanism of nucleophilic aromatic substitution of fungicide chlorothalonil by glutathione[J]. Journal of Molecular Modeling, 2001, 7(7): 245-256

[4] Lebailly P, Vigreux C, Godard T, Sichel F, Bar E, LeTalaer J, Henry-Amar M, Gauduchon P. Assessment of DNA damage induced in vitro by etoposide and two fungicides (carbendazim and chlorothalonil) in human lymphocytes with the comet assay[J]. Mutation Research/Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis, 1997, 375(2): 205-217

[5] 滕应, 骆永明, 李振高. 污染土壤的微生物多样性研究[J]. 土壤学报, 2006, 43(6): 1 018-1 026

[6] 孙云云, 赵兰坡. 土壤质量评价的生物指标及其相关性研究进展[J]. 中国农学通报, 2010, 26(5): 116-120

[7] 刘丽, 徐明恺, 汪思龙, 张倩茹, 王楠, 潘华奇, 胡江春. 杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化[J]. 生态学报, 2013, 33(15): 4 692-4 706

- [8] Gómez-Sagasti MT, Alkorta I, Becerril JM, Epelde L, Anza M, Garbisu C. Microbial monitoring of the recovery of soil quality during heavy metal phytoremediation[J]. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2012, 223(6): 3 249–3 262
- [9] Ohkuma M, Noda S, Horikoshi K, Kudo T. Phylogeny of symbiotic methanogens in the gut of the termite *Reticulitermes speratus*[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1995, 134 (1): 45–50
- [10] Zak JC, Willig MR, Moorhead DL. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1994, 26(9): 1 101–1 108
- [11] 单敏. 毒死蜂、百菌清、丁草胺对土壤微生物和土壤酶的影响[D]. 杭州: 浙江大学, 2006: 53–54
- [12] 郝乙杰, 向月琴, 方华, 楚小强, 虞云龙. 百菌清在土壤中的降解及对土壤微生物多样性的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2007, 26(5): 1 672–1 676
- [13] 王秀国, 王一奇, 严虎, 楚小强, 虞云龙. 多菌灵重复施药对其持久性及土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *土壤学报*, 2010, 47(1): 131–137
- [14] 白云明. 设施农业土壤中百菌清和毒死蜱的时空变化特征及其影响机制[D]. 杭州: 浙江工业大学, 2011: 53–55
- [15] Sun MM, Luo YM, Christie P, Jia ZJ, Li ZG, Teng Y. Methyl- β -cyclodextrin enhanced biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons and associated microbial activity in contaminated soil[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2012, 24(5): 926–933
- [16] Wu XW, Cheng LY, Cao ZY, Yu YL. Accumulation of chlorothalonil successively applied to soil and its effect on microbial activity in soil[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2012, 81: 65–69
- [17] Wang HL, Wang CJ, Chen F, Wang XD. Anaerobic degradation of chlorothalonil in four paddy soils[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2011, 74(4): 1 000–1 005
- [18] Sigler WV, Turco RF. The impact of chlorothalonil application on soil bacterial and fungal populations as assessed by denaturing gradient gel electrophoresis[J]. *Applied Soil Ecology*, 2002, 21(2): 107–118
- [19] 袁颖红, 樊后保, 刘文飞, 黄荣珍, 沈芳芳, 胡锋, 李辉信. 模拟氮沉降对杉木人工林 (*Cunninghamia lanceolata*) 土壤酶活性及微生物群落功能多样性的影响[J]. *土壤*, 2013, 45(1): 120–128
- [20] 王晓玥, 蒋瑀霁, 隋跃宇, 孙波. 田间条件下小麦和玉米秸秆腐解过程中微生物群落的变化——BIOLOG 分析[J]. *土壤学报*, 2012, 49(5): 1 003–1 011
- [21] 段魏魏, 姜恺, 曾军, 胡蓉, 史应武, 何清, 刘新春, 孙建, 晁群芳. 塔克拉玛干沙尘暴源区空气微生物群落的代谢特征[J]. *环境科学*, 2012, 33(1): 26–31
- [22] 岳冰冰, 李鑫, 任芳菲, 孟凡娟, 尹鹏达, 张会慧, 孙广玉. 石油污染地土壤微生物群落的碳源利用特性[J]. *应用生态学报*, 2012, 22(12): 3 259–3 264
- [23] 彭芳芳, 罗学刚, 王丽超, 赵鲁雪. 铀尾矿周边污染土壤微生物群落结构与功能研究[J]. *农业环境科学学报*, 2013, 32(11): 2 192–2 198
- [24] 邵元元, 王志英, 邹莉, 吴韶平. 百菌清对落叶松人工防护林土壤微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2011, 31(3): 819–829

Residues of Chlorothalonil Successively Applied to Soil and Effect on Microbial Communities in Two Soil Types

ZHANG Man-yun^{1,2}, TENG Ying^{1*}, ZHU Ye^{1,2}, REN Wen-jie¹, LUO Yong-ming¹, LI Zhen-gao¹

(1 Key Laboratory of Soil Environment and Pollution Remediation, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: The effects of successive chlorothalonil applications at a rate 5 mg/kg and 25 mg/kg on residues of chlorothalonil and the diversity of soil microbial communities were investigated in red soil and Wushan soil. After four successive applications at 7 day cycle, the residues of red soil were higher than that of Wushan soil. Biolog-Eco plate detecting showed that, in red soil, the AWCD of CK was less than that of 5 mg/kg treatments, and significantly higher than that of 25 mg/kg treatments ($P < 0.05$). In Wushan soil, the AWCD of CK was significantly higher than that of 5 mg/kg treatments and 25 mg/kg treatments ($P < 0.05$). Principal component analysis of 31 carbon sources showed that the ability of single carbon conversion ratio of soil microbial community was also affected by chlorothalonil in different degree and there were significant differences between two types of soil.

Key words: Chlorothalonil, Soil, Successive applications, Microbial communities, Carbon utilization