

程金金, 孙 星, 田莉莉, 等. 不同邻苯二甲酸二丁酯污染方式对其降解和土壤细菌群落的影响[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(5): 1248-1256.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2022.05.011

不同邻苯二甲酸二丁酯污染方式对其降解和土壤细菌群落的影响

程金金^{1,2}, 孙 星^{1,2}, 田莉莉^{1,2}, 王 亚^{1,2}, 余向阳^{1,2}

(1.江苏省农业科学院农业资源与环境研究所, 江苏 南京 210014; 2.省部共建国家重点实验室培育基地/江苏省食品质量安全重点实验室, 江苏 南京 210014)

摘要: 为准确评估邻苯二甲酸二丁酯(DBP)污染对土壤环境的影响, 对比研究不同 DBP 污染方式[高剂量(20 mg/kg)单次污染处理(S处理)、低剂量(1 mg/kg)累积污染(每7 d污染1次, 连续污染20次)处理(R处理)、CK(无污染母土)]对 DBP 降解及土壤细菌群落的影响。结果表明, 土壤细菌群落的 α 多样性对不同 DBP 污染方式的响应较不敏感; 2种污染方式均显著改变了土壤细菌群落的 β 多样性, S处理对红壤细菌群落结构的影响较大, R处理对黄棕壤细菌群落结构的影响较大; 在2种污染方式处理下, 红壤、黄棕壤中部分具有氮素转化、有机物分解、拮抗病原菌和植物促生等重要功能的细菌群落产生了显著扰动; 此外, 2种污染方式均显著提高了土壤对DBP的降解能力, 与S处理相比, R处理的红壤、黄棕壤中DBP的降解半衰期分别缩短了77.18%、28.57%, 表明低剂量累积污染处理方式对土壤中DBP的降解有更强的促进作用。

关键词: 邻苯二甲酸二丁酯; 累积污染; 微生物群落结构; 红壤; 黄棕壤

中图分类号: S154.34 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2022)05-1248-09

Impact of different pollution patterns of dibutyl phthalate on its degradation and bacterial community in soil

CHENG Jin-jin^{1,2}, SUN Xing^{1,2}, TIAN Li-li^{1,2}, WANG Ya^{1,2}, YU Xiang-yang^{1,2}

(1. Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 2. Jiangsu Key Laboratory for Food Quality and Safety/State Key Laboratory Cultivation Base of Ministry of Science and Technology, Nanjing 210014, China)

Abstract: In order to accurately assess the environmental effects of dibutyl phthalate (DBP) pollution, high-dose (20 mg/kg) single pollution pattern (S treatment) and low-dose (1 mg/kg) repeated pollution pattern (R treatment) were simulated, and the impact of different pollution patterns of DBP on its degradation and bacterial community was compared. Results showed that the bacterial community α -diversities were less sensitive to different DBP pollution patterns. However, the two pollution patterns significantly changed the bacterial community β -diversities. The impact of the S treatment on the bacterial community structure of red soil was greater than that of the R treatment, and the impact of the R treatment on the bacterial community structure of yellow-brown soil was greater than that of the S treatment. The two pollution patterns caused significant disturbance to some bacterial communities with important functions such as nitrogen transformation, organic matter decomposition, pathogen antagonism and plant growth promotion in red soil and yellow-brown soil. In addition, the two

pollution patterns significantly improved the ability of red soil and yellow-brown soil to degrade the subsequent DBP pollution. Compared with the S treatment, the degradation half-lives of DBP in red soil and yellow-brown soil under the R treatment were shortened by 77.18% and 28.57%, respectively, indicating that the R treatment had a stronger

收稿日期: 2022-01-21

基金项目: 江苏省农业科技自主创新基金项目[CX(20)3052]

作者简介: 程金金(1987-), 女, 江苏泗洪人, 博士, 副研究员, 主要从事农产品产地环境研究。(E-mail) jjcheng1206@163.com

通讯作者: 余向阳, (E-mail) yuxy@jaas.ac.cn

promoting effect on the degradation of DBP in soil.

Key words: dibutyl phthalate; repeated pollution; microbial community structure; red soil; yellow-brown soil

邻苯二甲酸二丁酯(Dibutyl phthalate, DBP)是一种常见的邻苯二甲酸酯类化合物,主要用作增塑剂、染料溶剂、橡胶助剂等。近年来,由于大气沉降、污水灌溉、污泥农用以及肥料、农药和农膜的大量使用,DBP已成为中国农田土壤中较易被检出且含量较高的邻苯二甲酸酯类污染物之一^[1]。农田土壤中高含量的DBP不仅会影响作物生长和农产品品质^[2],还会通过食物链危害人体健康,导致人体内分泌紊乱、生殖机能失常等^[3]。美国国家环保局已将DBP列为优先控制的污染物和内分泌干扰物,中国也将其列为优先控制的污染物。

土壤微生物作为指示土壤污染的敏感受体,对DBP污染具有灵敏的响应^[4]。已有研究发现,DBP污染对土壤微生物群落结构、多样性及碳、氮、硫循环等生态功能均会产生影响^[5-6]。此外,DBP污染对土壤DBP降解菌群、DBP降解基因丰度也有较大影响。Xu等^[7]研究发现,DBP污染增加了土壤中DBP降解基因的丰度。吴学玲等^[8]研究发现,DBP污染对土壤中能够耐受和利用DBP的细菌类群起到了选择性富集的作用。微生物降解作用是土壤中DBP消减的主要途径^[9]。因此,DBP降解菌群及降解基因丰度的变化可能对后续土壤中DBP污染的降解产生影响,相关研究有待深入。

目前,关于DBP对土壤微生物影响的研究多采用高剂量单次污染的方法。实际上,DBP主要是在大气沉降、地膜使用等过程中以低剂量逐步累积的方式进入土壤环境中^[10]。在高剂量单次污染处理下,由于污染物未充分老化,因而其生物有效性较高^[11]。多项研究均发现,有机污染物高剂量单次污染处理与低剂量累积污染处理间的环境风险和生态毒性差异显著^[12-13],采用高剂量单次污染的处理方式可能会高估有机污染物的实际环境风险和生态毒性^[14-15]。因此,采用高剂量DBP单次污染处理与低剂量DBP累积污染处理对土壤微生物群落结构及功能的影响可能存在较大差别。目前,关于不同污染方式下DBP对土壤微生物及相关功能影响的报道较少。

因此,本研究选择2种物理化学性质和生物学性质差异较大的土壤作为供试土壤,模拟高剂量DBP单次污染和低剂量DBP累积污染的方式,对比研究不同

污染方式对DBP降解能力的影响及不同污染方式的DBP对土壤微生物群落结构、多样性的影响,以期为准评估受DBP污染土壤的环境效应提供依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

供试的2种土壤分别为采自江苏省南京市农田的0~20 cm层黄棕壤(地理位置:32°01'58"N,118°52'15"E)和广西壮族自治区南宁市农田的0~20 cm层红壤(地理位置:23°08'05"N,109°01'07"E)。供试黄棕壤、红壤的pH值分别为7.24、4.38,有机碳含量分别为7.44 g/kg、6.44 g/kg,黏粒含量分别为27%、65%,微生物量碳含量分别为165 mg/kg、43 mg/kg。供试的2种土壤除基本理化性质、生物学性质差异较大外,对DBP降解能力的差异也较大。DBP在供试黄棕壤、红壤中的降解半衰期分别为0.65 d、2.53 d。将土样带回实验室后立即去除植物根系等杂物,过2 mm不锈钢筛网后放置于4℃冷库中备用。为保证土壤微生物的活性,在试验开始前,将土壤含水量调节至50%田间最大持水量,于25℃人工气候箱中预培养7 d。

1.2 试验处理

根据相关报道提到的中国农田土壤中DBP污染的浓度范围^[16],试验设高剂量(20 mg/kg)DBP单次污染处理(S处理)、低剂量(每次1 mg/kg)DBP累积污染处理(每周污染1次,连续污染20次,R处理)和对照(CK,无DBP污染),重复3次。首先按如下方法分别制备DBP含量为0 mg/kg、100 mg/kg、2 000 mg/kg的污染母土:在通风橱中,将DBP(分析纯,含量为99.9%,上海阿拉丁生化科技股份有限公司)溶于丙酮后按预设含量加入到一定量供试土壤中并混合均匀,待丙酮完全挥发后研磨土壤并将其粉碎过60目筛。试验开始时,按质量比1:99取污染母土和预培养土壤于玻璃烧杯中,在试验第1~19周,继续向玻璃烧杯中加入1%(质量比)污染母土,充分混合均匀后,调节含水量至田间最大持水量的50%,用透气膜封口,于25℃人工气候箱中恒温培养,每3 d称1次质量并补充损失的水分。在2种污染方式下,总DBP污染物含量均为

20 mg/kg。不同处理下 DBP 的添加量及总 DBP 污染物含量详见表 1。

表 1 不同污染方式的邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 添加量和总污染物含量

Table 1 Addition amount of dibutyl phthalate (DBP) and total pollutant content under different pollution patterns

处理	第 1 d DBP 添加量 (mg/kg)	第 7~133 d 每 7 d 添加 1 次 DBP 添加量 (mg/kg)	总 DBP 污染物含量 (mg/kg)
高剂量单次污染(S)	20	0	20
低剂量累积污染(R)	1	1	20
对照(CK)	0	0	0

1.3 样品的采集及测定

从第 20 周起,每周采样并测定不同处理组的 DBP 含量。当不同处理组的 DBP 含量均低于 1 mg/kg 时(试验第 23 周末),采集玻璃烧杯中的土壤样品,用于土壤微生物群落多样性和 DBP 降解能力的测定。

土壤细菌群落多样性的测定。用 HiPure Soil DNA Kits (Magen, China) 提取土壤中的总 DNA。确认土壤总 DNA 纯度、浓度和完整性后,以土壤总 DNA 为模板,用细菌通用引物 338F (5'-ACTC-CTACGGGAGGCAGCAG-3')、806R (5'-GGACTACH-VGGGTWTCTAAT-3') 对细菌的 16S rRNA 进行 PCR 扩增。用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒 (Axygen, USA)、Quantus 荧光定量系统 (Promega, USA) 对 PCR 扩增产物进行纯化回收和检测定量。用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序,测序数据分析基于上海美吉生物医药科技有限公司的云平台 (<https://cloud.majorbio.com/>)。

土壤 DBP 降解能力的测定:取一部分 S 处理、R 处理和 CK 的土壤样品进行灭菌处理。分别取 200 g S 处理、R 处理、CK、S 灭菌处理、R 灭菌处理和 CK 灭

菌处理的土壤样品,向其中加入 2 g 2 000 mg/kg DBP 污染母土,使土壤样品中后续加入的 DBP 含量为 20 mg/kg。充分混合均匀后,调节土壤含水量至田间最大持水量的 50%,用透气膜封口后于 25 ℃ 恒温培养箱中避光培养。在培养的第 0、12 h、24 h、36 h、48 h、72 h 采集土壤样品,测定土壤中残留的 DBP 量。土壤中残留的 DBP 的提取和测定参照 Cheng 等^[17]的方法,回收率为 82.5%~106.1%,满足微量分析的要求。用 OriginPro 2015 软件拟合土壤中残留 DBP 的动态曲线: $C_t = C_0 e^{-kt}$, 式中, C_t (mg/kg) 为 t (h) 时土壤中的 DBP 残留量, C_0 (mg/kg) 为土壤中初始的 DBP 含量, k (d^{-1}) 为降解速率常数, e 为数学常数。DBP 降解半衰期采用公式 $t_{1/2} = \ln 2 / k$ 进行计算。

2 结果与分析

2.1 不同 DBP 污染方式对土壤细菌群落 α 多样性的影响

对不同 DBP 污染方式下的土壤细菌群落进行 α 多样性分析。由表 2 可以看出,在黄棕壤中,细菌群落多样性指数(Shannon 指数、Simpson 指数)、丰富度指数(Ace 指数、Chao 指数)和均匀度指数(Heip 指数、Smith-Wilson 指数)在不同 DBP 污染方式下与对照间均无显著差异,表明高剂量 DBP 单次污染处理、低剂量 DBP 累积污染处理对黄棕壤微生物群落多样性的影响较小。在不同 DBP 污染方式下,红壤的细菌群落多样性指数、均匀度指数与对照间均无显著差异,而在高剂量 DBP 单次污染处理下,细菌群落的丰富度指数较对照显著降低($P < 0.05$)。由此可见,高剂量 DBP 单次污染处理对红壤细菌群落的丰富度有显著影响,而低剂量 DBP 累积污染处理对红壤细菌多样性、丰富度、均匀度均无显著影响。总体上看,土壤细菌多样性对不同 DBP 污染方式的响应较不敏感。

表 2 不同邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 污染方式下土壤细菌群落的 α 多样性

Table 2 Alpha diversity index of soil bacterial communities under different pollution patterns

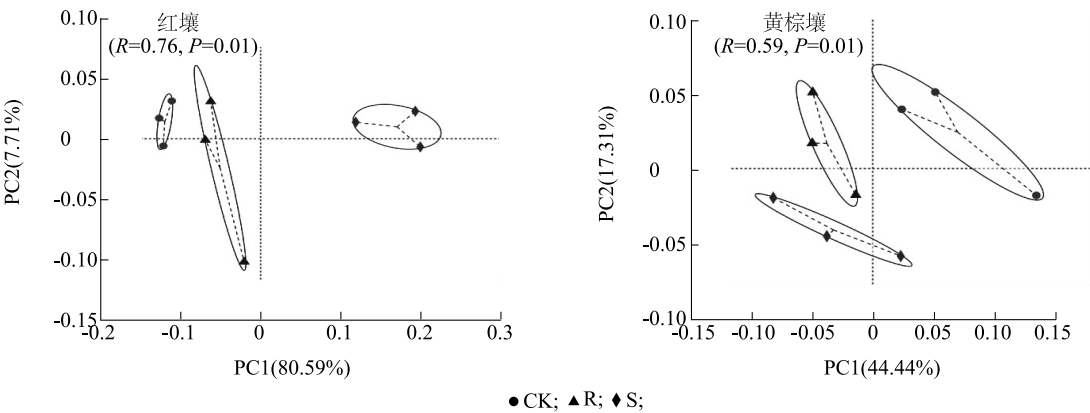
土壤类型	处理	多样性指数		丰富度指数		均匀度指数	
		Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao 指数	Heip 指数	Smith-Wilson 指数
黄棕壤	CK	5.69a	0.02a	2 382.01a	2 379.68a	0.16a	0.41a
	S	5.61a	0.02a	2 338.18a	2 322.21a	0.15a	0.40a
	R	5.69a	0.02a	2 409.73a	2 394.43a	0.16a	0.40a
红壤	CK	3.42a	0.08a	612.09a	608.83a	0.06a	0.50a
	S	3.43a	0.06a	450.05b	452.70b	0.08a	0.50a
	R	3.53a	0.07a	602.52a	604.92a	0.07a	0.50a

CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染;R:低剂量 DBP 累积污染。同一土壤类型的不同处理间标有不同小写字母表示具有显著差异 ($P < 0.05$)。

2.2 不同 DBP 污染方式对土壤细菌群落 β 多样性的影响

在属分类水平上对不同 DBP 污染方式处理组的土壤细菌群落 β 多样性进行主坐标分析 (PCoA)。由图 1 可以看出,红壤中 PC1、PC2 的贡献率分别为 80.59%、7.71%,二者的累积贡献率为 88.30%;黄棕壤中 PC1、PC2 的贡献率分别为 44.44%、

17.31%,二者的累积贡献率为 61.75%。由此可见,PC1、PC2 这 2 个主成分可以解释红壤、黄棕壤细菌群落组成的主要变异度。在不同污染方式处理下,土壤细菌群落在 PC1、PC2 组成的二维平面上可以明显分开,表明不同 DBP 污染方式对红壤、黄棕壤细菌群落有明显影响。



CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染处理;R:低剂量 DBP 累积污染处理。
图 1 不同邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 污染方式下土壤细菌在属水平的主坐标分析 (PCoA)
Fig.1 PCoA analysis of soil bacteria at genus level under different pollution patterns

为了进一步检验不同 DBP 污染方式处理下土壤细菌群落间的差异显著性,在属分类水平上对不同 DBP 污染方式处理组的土壤细菌群落结构进行组间相似性分析 (Analysis of similarities, Anosim), 结果表明,黄棕壤、红壤中细菌群落结构的组间差异 (R 值) 为 0.49~1.00 (表 3)。 R 值越接近 1.00 表示组间差异越大。与对照相比,不同 DBP 污染方式对黄棕壤、红壤中细菌群落结构均产生了较为明显的影响。其中,黄棕壤中低剂量 DBP 累积污染处理组与对照组之间的 R 值 (0.74) 高于高剂量 DBP 单次污染处理组与对照组之间的 R 值 (0.56),表明低剂量 DBP 累积污染处理对黄棕壤细菌群落结构组成的影响大于高剂量 DBP 单次污染处理。红壤中高剂量 DBP 单次污染处理组与对照组之间的 R 值 (1.00) 大于低剂量 DBP 累积污染处理组与对照组之间的 R 值 (0.49),表明高剂量 DBP 单次污染处理对红壤细菌群落结构组成的影响大于低剂量 DBP 累积污染处理。红壤中高剂量 DBP 单次污染处理组与对照之间的 R 值显著大于黄棕壤中的相应 R 值,表明高剂量 DBP 单次污染处理对红壤细菌群落结构组成的影响大于黄棕壤。

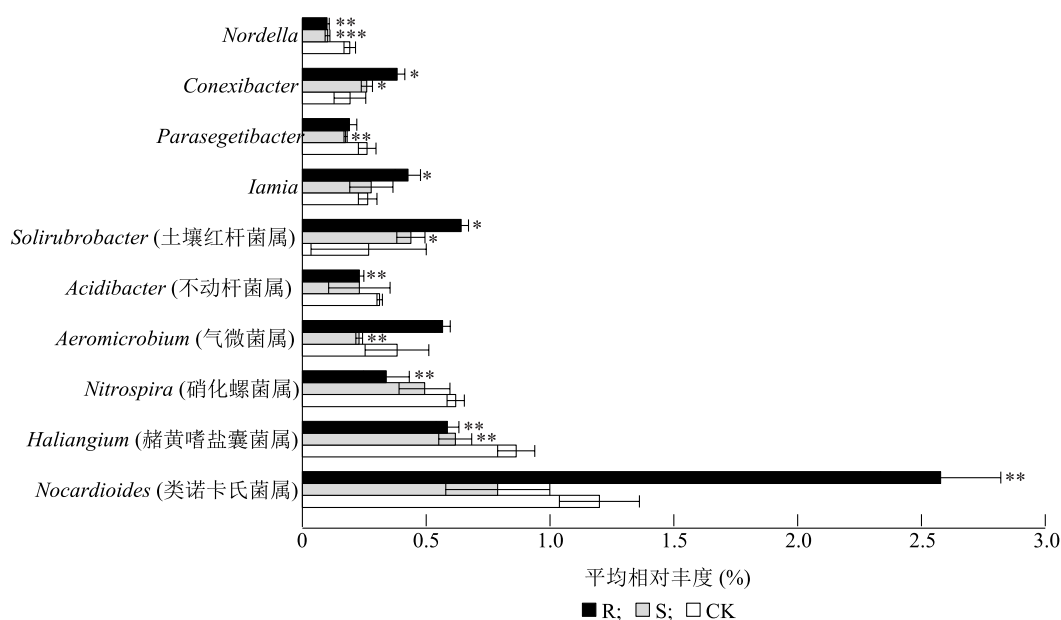
进一步通过组间的差异显著性检验,筛选出不同

处理间群落相对丰度均存在显著差异 ($P<0.05$) 的优势菌属。由图 2 可以看出,与对照相比,黄棕壤中 2 种 DBP 污染方式均明显降低了赭黄嗜盐囊菌属、硝化螺菌属、不动杆菌属、*Parasegetibacter* 属和 *Nordella* 属细菌群落的相对丰度,均明显提高了土壤红杆菌属、*Iamia* 属和 *Conexibacter* 属细菌群落的相对丰度。与对照和高剂量 DBP 单次污染处理相比,低剂量 DBP 累积污染处理明显提高了类诺卡氏菌属、气微菌属、土壤红杆菌属、*Iamia* 属和 *Conexibacter* 属细菌群落的相对丰度。与对照和低剂量 DBP 累积污染处理相比,高剂量 DBP 单次污染处理明显降低了类诺卡氏菌属、气微菌属细菌的相对丰度。

表 3 不同邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 污染方式下土壤细菌群落结构的组间差异

土壤类型	组间差异 (R 值)		
	S 处理与 R 处理间	S 处理与 CK 间	R 处理与 CK 间
黄棕壤	0.52	0.56	0.74
红壤	1.00	1.00	0.49

CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染处理;R:低剂量 DBP 累积污染处理。 R 值的理论值为 -1~1,越接近 1 表示组间差异越大。



CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染处理;R:低剂量 DBP 累积污染处理。*表示与 CK 间差异显著 ($0.01 < P \leq 0.05$);**表示与 CK 间差异极显著 ($0.001 < P \leq 0.010$);***表示与 CK 间差异极显著 ($P \leq 0.001$)。

图 2 黄棕壤中不同邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 污染方式下组间差异明显的优势细菌属

Fig.2 Dominant bacterial genera with significant differences among groups under different DBP pollution patterns in yellow brown soil

由图 3 可以看出,与对照相比,低剂量 DBP 累积污染处理明显提高了红壤中慢生根瘤菌属、*Amycolatopsis* 属细菌的相对丰度,高剂量 DBP 单次污染处理明显提高了红壤中慢生根瘤菌属、鞘氨醇单胞菌属细菌的相对丰度,明显降低了两面神菌属、马杜拉放线菌属、*Ramlibacter*、*Conexibacter*、*Marmoricola*、*Actinospica* 和 *Kutzneria* 属细菌的相对丰度。在低剂量 DBP 累积污染处理中,红壤中两面神菌属、马杜拉放线菌属、*Ramlibacter*、*Amycolatopsis*、*Marmoricola*、*Actinospica* 和 *Kutzneria* 属细菌的相对丰度明显高于高剂量 DBP 单次污染处理,慢生根瘤菌属、鞘氨醇单胞菌属细菌的相对丰度明显低于高剂量 DBP 单次污染处理。

2.3 不同 DBP 污染方式处理后土壤中 DBP 残留情况

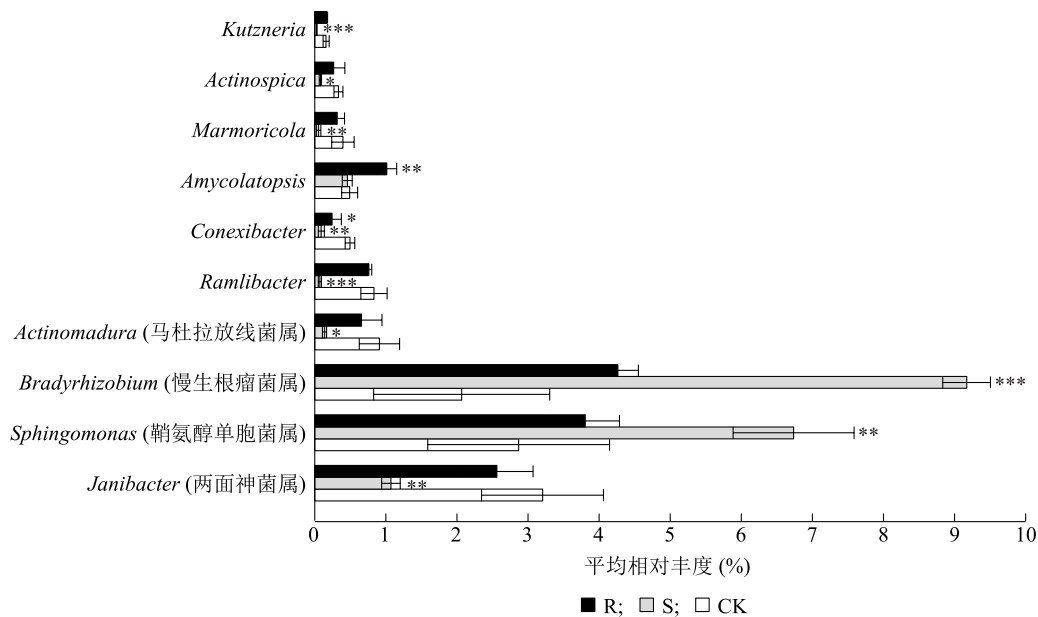
用不同 DBP 污染方式处理 161 d 后,高剂量单次污染处理下的红壤、黄棕壤中 DBP 残留量分别为 0.36 mg/kg、0.42 mg/kg,低剂量累积污染处理下的红壤、黄棕壤中 DBP 残留量分别为 0.21 mg/kg、0.33 mg/kg。说明在不同 DBP 污染方式处理过程中,低剂量(每次 1 mg/kg)累积污染方式更有利于 DBP 的降解。

2.4 不同 DBP 污染方式处理后的土壤降解 DBP 的能力

如图 4 所示,随着培养时间的延长,灭菌土壤中

的 DBP 含量均略有降低,而在未灭菌土壤中均大幅降低,表明土壤中的微生物在 DBP 降解中起主导作用。由图 4 还可以看出,不同污染方式明显影响了后续进入土壤中 DBP 的降解。与对照相比,培养 72 h 后,红壤中低剂量 DBP 累积污染处理、高剂量 DBP 单次污染处理的 DBP 残留量分别减少了 72.65%、34.00%,黄棕壤中低剂量 DBP 累积污染处理、高剂量 DBP 单次污染处理的 DBP 残留量分别减少了 41.22%、36.08%。在红壤中,2 种污染方式间土壤中的 DBP 的残留量在培养 12~72 h 均有较大差异,而在黄棕壤中,仅在培养 12 h 时 2 种污染方式间土壤中 DBP 残留量之间差异较明显。从表 4 可以看出,与对照相比,低剂量 DBP 累积污染处理、高剂量 DBP 单次污染处理均明显降低了 DBP 的降解半衰期,提高了土壤对后续 DBP 污染的降解能力。在黄棕壤中,高剂量 DBP 单次污染处理 DBP 的降解半衰期比对照组减少了 46.15%,低剂量 DBP 累积污染处理的 DBP 降解半衰期比对照减少了 61.54%。在红壤中,高剂量 DBP 单次污染处理的 DBP 降解半衰期比对照减少了 41.11%,低剂量 DBP 累积污染处理的 DBP 降解半衰期比对照减少了 86.56%。与高剂量 DBP 单次污染处理相比,低剂量 DBP 累积污染处理的红壤、黄棕壤对后续进入

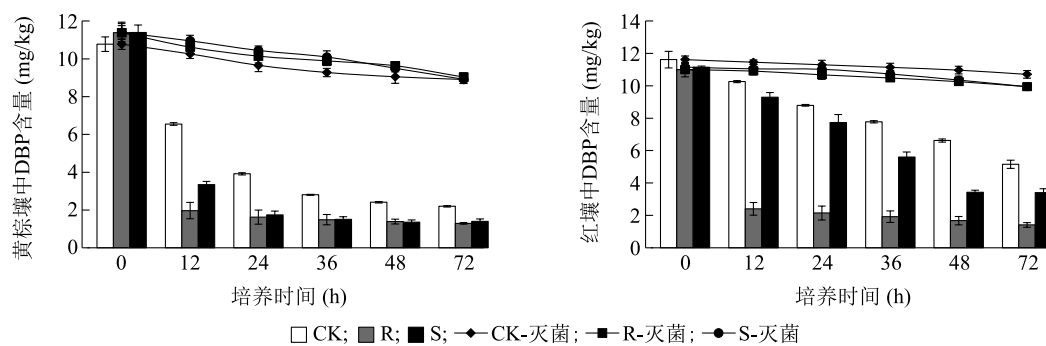
土壤中的 DBP 降解半衰期分别缩短了 77.18%、28.57%,表明低剂量累积污染处理在提高土壤对 DBP 的降解能力上具有更强的作用。



CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染;R:低剂量 DBP 累积污染。* 表示与 CK 间差异显著 ($0.01 < P \leq 0.05$); ** 表示与 CK 间差异极显著 ($0.001 < P \leq 0.010$); *** 表示与 CK 间差异极显著 ($P \leq 0.001$)。

图 3 红壤中不同邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 污染方式下组间差异显著的优势细菌属

Fig.3 Dominant bacterial genera with significant differences among groups under different DBP pollution patterns in red soil



CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染;R:低剂量 DBP 累积污染。

图 4 不同污染方式处理后邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 在土壤中的降解动态

Fig.4 Degradation dynamics of DBP in soils under different pollution treatments

表 4 不同污染方式处理后邻苯二甲酸二丁酯 (DBP) 在 2 种土壤中的降解半衰期

Table 4 Degradation half-lives of DBP in two soils under different pollution treatments

土壤类型	DBP 降解半衰期 (d)		
	CK	R	S
黄棕壤	0.65±0.04	0.25±0.04	0.35±0.04
红壤	2.53±0.24	0.34±0.06	1.49±0.12

CK:对照;S:高剂量 DBP 单次污染处理;R:低剂量 DBP 累积污染处理。

3 讨论

与对照相比,低剂量 DBP 累积污染处理对红壤、黄棕壤的微生物多样性指数、均匀度指数和丰富度指数均无明显影响,这可能与低剂量 DBP 进入土壤后能与土壤充分作用,并被土壤迅速吸附和降解有关^[12,18]。高剂量 DBP 单次污染处理显著降低了红壤中细菌群落的丰富度指数,但对黄棕壤中细菌群落多样性指数、丰富度指数和均匀度指数均无显

著影响。同时,高剂量 DBP 单次污染处理对红壤中细菌群落结构组成的影响大于黄棕壤。有研究发现,土壤有机质含量越低,对 DBP 的吸附作用越弱,从而增强了 DBP 的生物有效性和生态毒性^[17,19]。在本研究中,红壤的有机质含量远低于黄棕壤,因而红壤中 DBP 的生物有效性和生态毒性更高,这可能是导致高剂量 DBP 单次污染对红壤细菌群落丰富度指数、细菌群落结构组成影响较大的一个重要原因。此外,在微生物数量多、种类丰富的土壤中,土壤生态系统的抗逆性更强^[20]。红壤中微生物量碳、Shannon 多样性指数明显低于黄棕壤,表明红壤中的微生物数量更少,多样性更低,对 DBP 污染胁迫的抵御能力更差,这可能是高剂量 DBP 单次污染对红壤中微生物多样性、细菌群落结构组成影响较大的又一个重要原因。

在土壤细菌丰度方面,与对照相比,2 种污染处理均显著改变了黄棕壤中硝化螺菌属、红壤中慢生根瘤菌属细菌的相对丰度。硝化螺菌属细菌是参与土壤硝化作用的关键微生物^[21],而土壤慢生根瘤菌属细菌被认为是固氮过程中的关键菌,在氮素循环中起着重要作用^[22]。因此可见,在本研究中的 2 种污染方式下,DBP 均对土壤氮素循环功能产生了扰动,这与 Wang 等^[6-7]的研究结果一致。此外,在高剂量 DBP 单次污染方式下,由于高含量 DBP 未经充分老化,黄棕壤中类诺卡氏菌属、气微菌属细菌的相对丰度,以及红壤中 *Ramlibacter*、*Marmoricola*、*Actinospica*、*Kutzneria* 等菌属细菌的相对丰度较其他组明显降低。据报道,上述几类菌属在土壤有机物分解、拮抗病原菌和促进植物生长等方面具有重要作用^[23-28]。在低剂量 DBP 累积污染方式下,黄棕壤中类诺卡氏菌属、气微菌属、土壤红杆菌属、*Conexibacter* 等菌属细菌以及红壤中 *Amycolatopsis* 属细菌的相对丰度较其他组明显提高,这几类菌属与土壤有机物分解、拮抗病原菌等功能相关^[23-24,29-31]。由此可见,在本研究的 2 种污染方式下,DBP 对土壤中具有氮素循环、有机物分解、拮抗病原菌和植物促进等重要功能的细菌群落产生了明显扰动,但土壤中承担同一功能的微生物种类众多^[32],受到测序技术的限制,本研究仅得到了部分功能菌群变化的信

息,关于 DBP 对土壤相关菌群功能的影响还需进一步研究。

在土壤中 DBP 的降解方面,土壤微生物被认为在土壤中 DBP 的降解过程中起关键作用^[33]。已有研究发现,DBP 污染可造成 DBP 降解菌在土壤中富集以及土壤中 DBP 降解基因丰度的增加^[7-8],进而提高土壤对 DBP 污染的降解能力。在本研究中,与对照相比,2 种污染方式提高了黄棕壤中土壤红杆菌属、*Conexibacter* 属细菌的相对丰度以及红壤中鞘氨醇单胞菌属细菌的相对丰度,它们均与有机污染物的降解密切相关^[29-30,33],这可能是 2 种污染处理明显提高黄棕壤、红壤对 DBP 污染降解能力的原因。对比 2 种污染方式可以发现,低剂量 DBP 累积污染处理对提高土壤 DBP 降解能力具有更强的作用。在低剂量 DBP 累积污染处理下,红壤中的 *Amycolatopsis* 属^[31]细菌与黄棕壤中的类诺卡氏菌属^[23]、气微菌属^[24]、土壤红杆菌属^[29]细菌等与土壤有机污染物降解相关的菌属细菌受到了诱导,群落的相对丰度较对照显著增加。由此可见,低剂量 DBP 累积污染方式对土壤中 DBP 降解的促进作用更强,可能与 DBP 以低剂量累积的方式进入土壤,对土壤中具有 DBP 降解能力的微生物产生了较强的诱导作用有关^[34]。

4 结 论

土壤细菌群落 α 多样性对不同 DBP 污染方式的响应较不敏感,仅高剂量 DBP 单次污染处理显著降低红壤细菌群落丰富度指数,其余处理的土壤细菌多样性指数、丰富度指数和均匀度指数与对照相比均无显著差异。土壤细菌群落 β 多样性对不同 DBP 污染方式的响应敏感,红壤细菌群落结构组成受高剂量 DBP 单次污染处理的影响较大,黄棕壤细菌群落结构组成受低剂量 DBP 累积污染处理的影响较大。2 种 DBP 污染方式处理对红壤、黄棕壤中部分具有氮素循环、有机物分解、拮抗病原菌和植物促进等重要功能的细菌群落产生了明显扰动。本研究中的 2 种污染方式处理后明显提高了红壤、黄棕壤对 DBP 污染的降解能力。与高剂量 DBP 单次污染方式处理后的土壤相比,低剂量 DBP 累积污染方

式处理后的土壤更大幅度地缩短了土壤中 DBP 降解半衰期。

参考文献:

- [1] SUN J T, PAN L L, TSANG D C W, et al. Organic contamination and remediation in the agricultural soils of China: a critical reviews [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 615: 724-740.
- [2] GAO M L, DONG Y M, ZHANG Z, et al. Growth and antioxidant defense responses of wheat seedlings to di-*n*-butyl phthalate and di (2-ethylhexyl) phthalate stress [J]. *Chemosphere*, 2017, 172: 418-428.
- [3] FARZANEHFAR V, NADERI N, KOBARFARD F, et al. Determination of dibutyl phthalate neurobehavioral toxicity in mice [J]. *Food and Chemical Toxicology*, 2016, 94: 221-226.
- [4] 宋雪英,崔小维,李嘉康,等. 邻苯二甲酸酯类塑化剂的土壤生态毒理学研究进展[J]. *生态环境学报*, 2016, 25(11): 1885-1890.
- [5] KONG X, JIN D C, JIN S L, et al. Responses of bacterial community to dibutyl phthalate pollution in a soil-vegetable ecosystem [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, 353: 142-150.
- [6] WANG Z G, LIU S, XU W H, et al. The microbiome and functions of black soils are altered by dibutyl phthalate contamination [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, 99: 51-61.
- [7] XU W H, YOU Y M, WANG Z G, et al. Dibutyl phthalate alters the metabolic pathways of microbes in black soils [J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 2605.
- [8] 吴学玲,代沁芸,梁任星,等. 利用高效降解菌株强化修复土壤中 DBP 及其细菌群落动态解析[J]. *中南大学学报(自然科学版)*, 2011, 42(5): 1188-1194.
- [9] 沈思,王晓瑜,王海霞,等. 细菌降解邻苯二甲酸酯的研究进展[J]. *生物工程学报*, 2019, 35(11): 2104-2120.
- [10] ZHAN Y, SUN J T, LUO Y Z, et al. Estimating emissions and environmental fate of di-(2-ethylhexyl) phthalate in Yangtze river delta, China: application of inverse modeling [J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, 50(5): 2450-2458.
- [11] 张伟,郑彬,马静静,等. 土壤 B[a]P 多次叠加污染的生物有效性及对蚯蚓体腔细胞染色体和溶酶体的毒性效应[J]. *应用与环境生物学报*, 2014, 20(6): 1020-1026.
- [12] 葛高飞,张鸣帅,姚时,等. 苯并[a]芘不同污染方式对黄褐土微生物区系的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2018, 37(5): 941-947.
- [13] 杨广斌,周世萍,熊张平,等. 不同污染条件下毒死蜱在蚯蚓体内的蓄积特征及其生长影响[J]. *土壤通报*, 2021, 52(4): 920-926.
- [14] 马静静,钱新春,张伟,等. 土壤菲多次叠加污染对蚯蚓的毒性效应[J]. *土壤学报*, 2015, 52(6): 1374-1382.
- [15] WANG F H, ZHU L S, WANG X G, et al. Impact of repeated applications of metalaxyl on its dissipation and microbial community in soil [J]. *Water, Air, and Soil Pollution*, 2015, 226(12): 430.
- [16] HE L Z, GIELEN G, BOLAN N S, et al. Contamination and remediation of phthalic acid esters in agricultural soils in China: a review [J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2015, 35: 519-534.
- [17] CHENG J J, LIU Y A, WAN Q, et al. Degradation of dibutyl phthalate in two contrasting agricultural soils and its long-term effects on soil microbial community [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 640/641: 821-829.
- [18] YANG F, WANG M, WANG Z Y, et al. Sorption behavior of 17 phthalic acid esters on three soils: effects of pH and dissolved organic matter, sorption coefficient measurement and QSPR study [J]. *Chemosphere*, 2013, 93(1): 82-89.
- [19] TANG T, SHI T Y, LI D G, et al. Adsorption properties and degradation dynamics of endocrine-disrupting chemical levonorgestrel in soils [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2012, 60(16): 3999-4004.
- [20] 李晶,刘玉荣,贺纪正,等. 土壤微生物对环境胁迫的响应机制[J]. *环境科学学报*, 2013, 33(4): 959-967.
- [21] 李凤霞,王长军. 土壤氮素转化及相关微生物过程研究[J]. *宁夏农林科技*, 2018, 59(4): 37-40.
- [22] 张艳华,王惠,王岩,等. 辽宁省慢生根瘤菌的系统发育多样性[J]. *江苏农业科学*, 2016, 44(7): 67-70.
- [23] 杜慧竟,余利岩,张玉琴. 类诺卡氏属放线菌的研究进展[J]. *微生物学报*, 2012, 52(6): 671-678.
- [24] LI Q Q, LI J B, JIANG L F, et al. Diversity and structure of phenanthrene degrading bacterial communities associated with fungal bioremediation in petroleum contaminated soil [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 403: 123895.
- [25] LIU W Y, ZHAO Q Q, ZHANG Z Y, et al. Enantioselective effects of imazethapyr on *Arabidopsis thaliana* root exudates and rhizosphere microbes [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 716: 137121.
- [26] FU R J, CHENG R, WANG S M, et al. Succinoglycan riclin reshaped the soil microbiota by accumulating plant probiotic species to improve the soil suppressiveness on *Fusarium wilt* of cucumber seedlings [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2021, 182: 1883-1892.
- [27] CHENG X R, YUAN H J, XU H D, et al. Rhizobacterial communities and fine root traits together reveal variations in growth performance of *Quercus acutissima* in different provenances [J]. *European Journal of Forest Research*, 2020, 139(S): 1091-1105.
- [28] DEVI T S, VIJAY K, VIDHYAVATHI R M, et al. Antifungal activity and molecular docking of phenol, 2,4-bis(1,1-dimethyleth-

- yl) produced by plant growth-promoting actinobacterium *Kutzneria* sp. strain TS II from mangrove sediments[J]. Archives of Microbiology, 2021, 203: 4051-4064.
- [29] 王 岚,张 静,路 璐. 不同浓度鼠李糖脂对土壤多环芳烃去除率及微生物群落结构的影响[J]. 环境污染与防治, 2019, 41(8): 901-905.
- [30] CHEN X F, WANG J C, YOU Y M, et al. When nanoparticle and microbes meet: the effect of multi-walled carbon nanotubes on microbial community and nutrient cycling in hyperaccumulator system [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 423(A): 126947.
- [31] CABRERA R, GARCÍA-LÓPEZ H, AGUIRRE-VON-WOBESER E, et al. *Amycolatopsis* BX17: an actinobacterial strain isolated from soil of a traditional *milpa* agroecosystem with potential biocontrol against *Fusarium graminearum*[J]. Biological Control, 2020, 147: 104285.
- [32] 冯佳胤,朱 敏,何 艳. 土壤主要还原转化过程中微生物功能基因多样性研究进展[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2017, 43(6): 663-675.
- [33] 韩永和,何睿文,李 超,等. 邻苯二甲酸酯降解细菌的多样性、降解机理及环境应用[J]. 生态毒理学报, 2016, 11(2): 37-49.
- [34] JOHNSEN K, JACOBSEN C S, TORSVIK V, et al. Pesticide effects on bacterial diversity in agricultural soils-a review[J]. Biology and Fertility of Soils, 2001, 33(6): 443-453.

(责任编辑:徐 艳)