

2 种杀菌剂对茉莉根际土壤酶活性和微生物碳源代谢多样性的影响

李世嘉¹, 全昌云¹, 韦金清¹, 黄钰淇¹, 曾思雨¹, 邵元元^{1,2,3*}

1. 南宁师范大学广西地标作物大数据工程技术研究中心, 广西南宁 530001; 2. 南宁师范大学北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室, 广西南宁 530001; 3. 南宁师范大学广西地表过程与智能模拟重点实验室, 广西南宁 530001

摘 要: 本研究在人工温室大棚条件下, 以白绢病染病茉莉植株根际土壤为材料, 分析比较 2 种杀菌剂(氟啶胺和戊唑醇)处理对土壤理化性质、土壤酶活性及土壤微生物群落碳源代谢多样性的影响。结果表明: 在 2 种不同浓度杀菌剂处理前后, 茉莉根际土壤理化性质各项指标具有显著差异。50%氟啶胺处理后, 土壤 pH 和有机质含量分别降低 14.8% 和 18.8%, 而 50%戊唑醇处理后, 有机质含量则显著增加, 增幅高达 76.8%; 50%戊唑醇对土壤全氮、有效磷、速效钾的影响最为显著, 其中, 全氮最高增幅为 77.8%; 有效磷最高增加了 1.3 倍; 速效钾最高增幅达 2.1 倍。杀菌剂对茉莉根际土壤蔗糖酶、脲酶、酸性磷酸酶活性具有显著影响。50%氟啶胺处理后, 蔗糖酶活性显著降低 92.8%; 50%戊唑醇处理后, 脲酶活性显著降低, 较喷施前减少 41.9%; 杀菌剂处理后酸性磷酸酶活性均呈递增的变化趋势。比较 2 种杀菌剂处理后土壤微生物群落的碳源代谢多样性发现, CK 的平均每孔颜色变化率(AWCD)最低, 2 种杀菌剂处理后, AWCD 均降低, 且戊唑醇对 AWCD 的抑制作用最显著。总体上, 杀菌剂处理后, 土壤微生物 Shannon-Wiener 多样性指数(H')与 McIntosh 均匀度指数(U')均呈下降趋势, 各处理间的 Simpson 优势度指数(D')无显著差异; 土壤微生物群落对 6 类碳源的代谢能力具有一定的抑制作用。土壤微生物群落碳源利用能力的主成分分析表明, 氨基酸类和碳水化合物 2 类碳源的利用率相似, 多聚物类和羧酸类相似。本研究结果可为评估杀菌剂处理后茉莉根际土壤微生物的生态功能提供一定的科学依据。

关键词: 茉莉; 氟啶胺; 戊唑醇; 土壤理化性质; 土壤酶活性; 根际土壤微生物; 碳源代谢多样性

中图分类号: S685.16; S154.3

文献标识码: A

Effects of Two Fungicides on Rhizosphere Soil Enzyme Activity and Microbial Carbon Source Metabolic Diversity of *Jasminum sambac*

LI Shijia¹, QUAN Changyun¹, WEI Jinqing¹, HUANG Yuqi¹, ZENG Siyu¹, SHAO Yuanyuan^{1,2,3*}

1. Guangxi Geographical Indication Crops Research Center of Big Data Mining and Experimental Engineering Technology, Nanning Normal University, Nanning, Guangxi 530001, China; 2. Key Laboratory of Beibu Gulf Environment Change and Resources Utilization, Ministry of Education, Nanning Normal University, Nanning, Guangxi 530001, China; 3. Guangxi Key Laboratory of Earth Surface Processes and Intelligent Simulation, Nanning Normal University, Nanning, Guangxi 530001, China

Abstract: In this study, the rhizosphere soil of jasmine was used as the material under the condition of artificial greenhouse to analyze and compare the effects of two fungicides (fluazinam and tebuconazole) on soil physical and chemical properties, soil enzyme activities in addition to carbon source metabolic diversity of soil microbial community. The indexes of soil physical and chemical properties were different under the application of the two fungicides of different concentration. The pH value and organic matter content of soil decreased by 14.8% and 18.8%, respectively, after ap-

收稿日期 2022-08-29; 修回日期 2022-12-03

基金项目 北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室系统基金项目(No. NNU-KLOP-X1904, No. NNU-KLOP-K1904); 南宁师范大学大学生创新训练计划项目(No. 202010603272)。

作者简介 李世嘉(2000—), 女, 本科生, 研究方向: 土壤微生物。*通信作者(Corresponding author): 邵元元(SHAO Yuanyuan), E-mail: tianshaoyuan@126.com。

plication of 50% fluazinam. The content of organic matter increased by 76.8% after treatment with 50% tebuconazole. 50% of tebuconazole had the most significant effect on total nitrogen, available phosphorus and available potassium, and the highest increase of total nitrogen was 77.8%. The maximum available phosphorus increased by 1.3 times while the content of available potassium increased by 2.1 times. The effects of fungicides on the activities of sucrase, urease and acid phosphatase in jasmine rhizosphere soil were significant. The sucrase activity was significantly decreased by 92.8% after treated with 50% fluazinam. The urease activity decreased significantly after spraying 50% tebuconazole, which was 41.9% lower than that before spraying. At the same time, the acid phosphatase activity showed increasing trends after treated with fungicides. To compare the carbon source metabolic diversity of soil microbial community after application of the fungicides found that the value of average well color development (AWCD) in CK was the lowest. After the treatment of the two fungicides, AWCD decreased compared with that before spraying, among which the inhibitory effect of tebuconazole on AWCD was the most significant. In general, the Shannon diversity index (H) and evenness index (U) of soil microorganisms showed a decreasing trend with fungicide treatment. However, there was no significant difference in the dominance index (D) among all treatments. Soil microbial community had a certain inhibitory effect on the metabolic diversity of six kinds of carbon sources after fungicides application. In addition, principal component analysis of soil microbial community carbon source metabolic diversity revealed that amino acids and carbohydrates had similar utilization rates. In addition, polymers and carboxylic acids were similar. This study analyzed and compared the effects of fluazinam and tebuconazole on the microbial characteristics and carbon source metabolic diversity in jasmine rhizosphere soil, and the results would provide a scientific basis for evaluating the ecological function in rhizosphere soil microorganisms of jasmines under the influence of two fungicides.

Keywords: *Jasminum sambac*; fluazinam; tebuconazole; soil physical and chemical property; soil enzyme activity; rhizosphere soil microorganism; carbon source metabolic diversity

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.02.023

茉莉 (*Jasminum sambac*) 属于木樨科、素馨属木本植物, 原产于印度, 在我国南方和世界各地广泛种植。白绢病是茉莉生长过程中最为严重的病害之一, 病原菌为核盘菌属齐整小核菌 (*Sclerotium rolfsii*), 该病菌寄主广泛, 茉莉是最典型的寄主之一, 通常以菌核或菌丝在土壤、病株残体、杂草上越冬, 菌核具有很强的存活力, 可在土壤中存活 4 a 以上, 属于典型的土传病害。防治白绢病的常见方法主要包括: 及时清除病株残体、在田块中增施石灰及施用杀菌剂。已有研究表明, 喷施杀菌剂对茉莉白绢病的防效显著^[1-2]。

杀菌剂在保护作物免受植物病原体侵害方面起着重要作用^[3-4], 因此, 其潜在的生态学效应也备受关注。氟啶胺属于吡啶胺类保护性杀菌剂, 具有杀菌谱广、持效期长、耐雨水冲刷、内吸性低等优点, 其作用机理为抑制病原菌孢子萌发、菌丝生长和孢子的形成, 对链格孢属 (*Alternaria*)、丝核菌属 (*Rhizoctonia*)、核盘菌属 (*Sclerotinia*) 等多种病原真菌具有良好的防治效果^[5]。戊唑醇是一种广泛使用的三唑类杀菌剂, 具有高效、低毒的优点, 被应用于 60 多种作物的病原菌防治^[6]。

微生物通过为其他生物提供食物, 在所有的

生态系统中均发挥着至关重要的作用。土壤微生物是生态系统功能的基石生物^[7], 微生物在土壤中的定殖取决于土壤结构、理化性质、养分状况以及应激因素等的影响, 而杀菌剂的使用则是破坏土壤微生物定殖稳态的因素之一^[8-10], 杀菌剂通过限制微生物对营养物质的获取, 从而减少微生物的数量^[11-12]。此外, 杀菌剂也对土壤微生物生物量、土壤酶活性以及微生物群落结构的多样性也具有显著的影响^[13-16]。然而, 针对氟啶胺和戊唑醇 2 种杀菌剂对茉莉根际土壤理化特性、土壤酶活性与微生物碳源代谢多样性的影响研究鲜有报道。本研究以喷施 2 种杀菌剂 (氟啶胺、戊唑醇) 前后的白绢病染病茉莉植株根际土壤为研究对象, 通过测定其土壤理化性质, 比较分析土壤酶活性以及土壤微生物群落的碳源代谢多样性, 进而分析 2 种杀菌剂对茉莉根际土壤微生物特性及微生物群落功能多样性的影响, 为评估杀菌剂处理下茉莉根际土壤微生物的生态功能提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料: 盆栽茉莉植株来源于广西壮族自

治区横州市中华茉莉园,株高为30~35 cm。

供试药剂:500 g/L 氟啶胺悬浮液(日本福帅得);430 g/L 戊唑醇悬浮液(德国拜耳)。

1.2 方法

1.2.1 试验设计 供试茉莉植株分为两大组。其中一组为空白对照,即健康植株,叶片呈绿色,共3个重复;另一组为白绢病染病植株,病症为植株根际土壤表面和植株根部枝条均有白色菌丝,叶片整体干燥,萎蔫,叶片发黄。试验期间,植株保持湿润状态,室温。再将发病茉莉植株分成2组:(1)只接种病原菌组(T₁、T₂、T₅、T₇),T₁、T₂接种病原菌菌丝,T₅、T₇接种病原菌液体菌种;(2)接种病原菌后喷施杀菌剂组,分别为10%氟啶胺(T₁-F₁)、50%氟啶胺(T₂-F₅)、50%戊唑醇(T₅-W₅)、10%戊唑醇(T₇-W₁)。每个处理10株,3次重复;各处理组的喷施剂量为10 mL,以健康植株喷施无菌蒸馏水为空白对照(CK),在白绢病染病茉莉植株根际土壤分别喷施2种杀菌剂。盆栽试验在南宁师范大学北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室温室大棚内进行。

1.2.2 根际土壤样品采集及处理 分别采集CK及喷施杀菌剂后10 d各处理的茉莉根际土壤样品。用小铲将茉莉植株挖出并抖落根部附着的土壤,收集与茉莉根系紧密结合的土壤并混合成一个土壤样品,装入无菌密封袋后迅速运回实验室,过2 mm筛混匀后暂存于-80℃冰箱,一部分用于土壤微生物群落碳源代谢多样性和酶活性测定,另一部分风干后测定土壤理化性质。

1.2.3 土壤理化性质测定 根据土壤常规分析方法测定土壤理化性质^[17]。

1.2.4 土壤酶活性的测定 土壤酸性磷酸酶(acid phosphatase, ACP)、脲酶(urease, URE)以及蔗糖酶(invertase, INV)活性的测定参照TABATABAI^[18]与关松荫^[19]的方法。

1.2.5 土壤微生物碳源代谢多样性测定 使用Biolog-Eco微孔板测定土壤微生物群落的碳源代谢多样性^[20]。以Biolog-Eco微孔板测定的平均每孔颜色变化率(AWCD)来表征微生物群落代谢单一碳源的能力^[20]。计算公式采用GARLAND等^[21]的方法。采用Shannon-Wiener多样性指数(H)、McIntosh均匀度指数(U)和Simpson优势度指数(D)表征土壤微生物群落功能代谢多样性^[22]。

$$AWCD = \frac{\sum (C_i - R)}{n}$$

$$H = -\sum P_i \ln P_i$$

$$D = 1 - \sum P_i^2$$

$$U = \sqrt{\sum n_i^2}$$

$$P_i = \frac{(C_i - R)}{\sum (C_i - R)}$$

式中, C_i 为每个有培养基孔的吸光值; R 为对照空白孔的吸光值; P_i 为第*i*孔吸光值与对照孔之差与整个平板吸光值总和的比率; n 为碳源底物的数量, $n=31$; H 为Shannon-Wiener多样性指数; D 为Simpson优势度指数; U 为McIntosh均匀度指数。

1.3 数据处理

采用Excel 2010和SPSS 23.0软件进行数据统计与分析,图表中数据以平均值±标准误差(mean±SE)表示,应用SPSS 23.0软件进行单因素方差分析(One-way ANOVA)及主成分分析,分析不同处理各指标的差异显著性($P<0.05$)。

2 结果与分析

2.1 喷施杀菌剂对茉莉根际土壤理化性质的影响

喷施2种杀菌剂前后分别测定茉莉根际土壤的理化性质,包括pH、有机质、全氮、有效磷以及速效钾含量。由表1可知,不同种类和浓度的杀菌剂处理后,各指标存在显著差异。pH总体上变化不明显,其中T₁-F₁和T₅-W₅处理的土壤pH分别比未喷施杀菌剂处理的T₁和T₅略升高,T₁-F₁比T₁增4.4%,T₅-W₅比T₅增3.9%;T₂和T₇处理组喷施杀菌剂后土壤pH降低,其中T₂-F₅降低了14.8%,而T₇-W₁仅降低2.1%。有机质含量总体上表现为CK低于各处理组,T₁、T₇前后无显著变化,T₂-F₅比T₂显著降低,降幅为18.8%,而T₅-W₅比T₅则显著增加,比喷施前增加了76.8%。全氮含量的变化规律与有机质含量变化一致,其中T₅-W₅较T₅增加了77.3%。喷施杀菌剂后,除T₇-W₁处理外,有效磷含量均表现为增加,其中T₅-W₅比T₅喷施前增加了1.3倍。速效钾含量中,CK均高于其他处理组,喷施2种杀菌剂后,速效钾含量均高于喷施前,其中T₅-W₅的增幅最大,增2.1倍,T₂-F₅增幅最低为16.1%。

表 1 戊唑醇、氟啶胺处理前后的土壤理化性质
Tab. 1 Soil physicochemical properties before and after treatment with tebuconazole and fluazinam

处理 Treatment	pH	有机质 Organic content/(g·kg ⁻¹)	全氮 Total N/(g·kg ⁻¹)	有效磷 Available phosphate/(mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available potassium/(mg·kg ⁻¹)
CK	4.80±0.15 ^{cd}	32.00±2.08 ^d	1.89±0.07 ^d	51.10±0.46 ^f	625.50±2.65 ^a
T ₁	4.50±0.06 ^d	42.30±0.60 ^{ab}	2.42±0.02 ^a	108.50±1.01 ^d	300.00±2.00 ^f
T ₁ -F ₁	4.70±0.15 ^{cd}	42.60±1.31 ^a	2.47±0.02 ^{ab}	198.50±1.80 ^a	395.00±2.08 ^d
T ₂	5.40±0.06 ^a	44.80±1.00 ^a	2.58±0.05 ^a	147.50±1.37 ^c	280.00±3.51 ^g
T ₂ -F ₅	4.60±0.15 ^{ab}	36.40±1.10 ^e	2.11±0.07 ^{cd}	192.75±1.53 ^b	325.00±3.61 ^e
T ₅	5.10±0.21 ^{abc}	20.70±1.50 ^e	1.19±0.10 ^e	31.80±1.10 ⁱ	190.00±2.65 ^h
T ₅ -W ₅	5.30±0.15 ^{ab}	36.60±0.70 ^e	2.11±0.07 ^{cd}	74.20±0.56 ^e	580.00±4.16 ^b
T ₇	4.90±0.15 ^{bcd}	38.30±0.51 ^{bc}	2.20±0.09 ^{bc}	47.00±0.58 ^g	330.00±3.00 ^e
T ₇ -W ₁	4.80±0.10 ^{cd}	37.30±0.45 ^e	2.14±0.14 ^{cd}	36.80±0.86 ^h	510.00±2.00 ^c

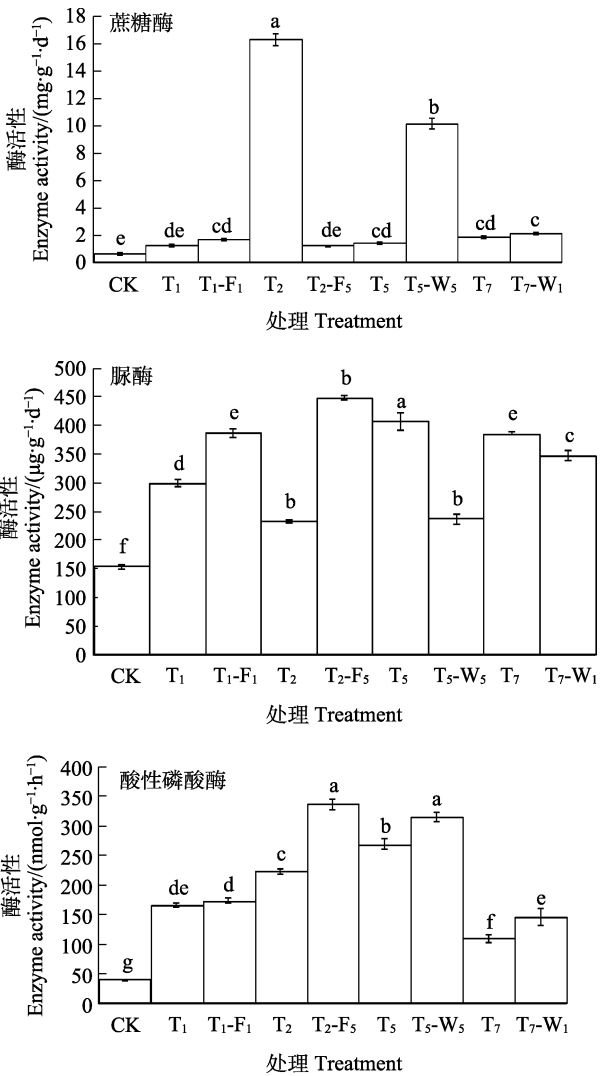
注：同列不同小写字母表示处理间差异显著（ $P<0.05$ ）。
Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference among treatments ($P<0.05$).

2.2 喷施杀菌剂对土壤酶活性的影响

喷施杀菌剂后，处理组与 CK 相比，3 种土壤酶活性均发生了变化（图 1）。不同浓度的杀菌剂处理后，其蔗糖酶、脲酶和酸性磷酸酶活性差异显著。总体上，不同处理的蔗糖酶活性均高于 CK，T₂-F₅ 较喷施前降低了 92.8%。可见，氟啶胺对蔗糖酶活性的抑制作用显著；而处理 T₅-W₅ 的蔗糖酶活性大幅度增加，比喷施前增加了 6.3 倍；T₁-F₁ 和 T₇-W₁ 处理的酶活性变化不明显。不同杀菌剂处理对脲酶活性的影响具有显著差异，其中，与 T₅ 相比，T₅-W₅ 的脲酶活性显著降低，减少了 41.9%，而 T₂-F₅ 较 T₂ 处理提高了 93.4%。与 CK 相比，杀菌剂处理后的酸性磷酸酶活性总体均为上升趋势，T₂-F₅ 处理的酸性磷酸酶活性变化最为显著，比 T₂ 提高了 50.6%。

2.3 喷施杀菌剂对土壤微生物群落碳源代谢多样性的动力学特征分析

平均每孔颜色变化率（AWCD）是微生物群落对碳源代谢总体状况的表征。由图 2 可知，不同处理下土壤微生物的 AWCD 值随培养时间的延长逐渐提升。24~48 h 内，AWCD 值迅速提升，48~120 h 期间 AWCD 值稳定提升，微生物进入对数生长期，底物碳源被大量利用，120 h 后进入稳定期。因此，后续有关微生物碳源代谢多样性的分析均采用 120 h 的 AWCD 值计算获得。对比不同处理土壤微生物 120 h 的 AWCD 值发现，CK 的土壤微生物群落的代谢活力最低，其他处理组的 AWCD 值均表现为喷施后低于喷施前。其中，喷施戊唑醇对 AWCD 的抑制作用最显著。



不同小写字母表示处理间差异显著（ $P<0.05$ ）。
Different small letters indicate significant difference ($P<0.05$).
图 1 不同浓度杀菌剂对茉莉根际土壤酶活性的影响
Fig. 1 Effect of different concentrations of fungicides on enzyme activity in jasmine rhizosphere soil

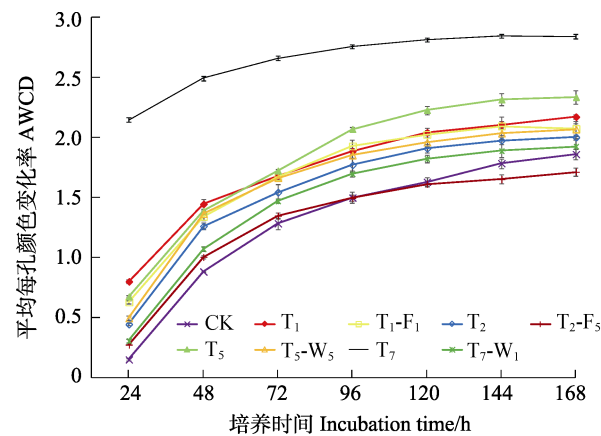


图 2 不同杀菌剂处理对土壤微生物群落碳源代谢多样性的动力学分析

Fig. 2 Kinetic analysis of carbon source metabolic diversity of soil microbial community under different fungicide treatments

2.4 杀菌剂对土壤微生物群落功能多样性指数的影响

土壤微生物群落碳源代谢多样性能反映群落整体的动态变化，代表微生物群落数量分布和物种组成信息。多样性指数分析结果表明，不同处理的 Shannon-Wiener 多样性指数 (H) 差异不显著，总体上，处理组均高于 CK；与喷施前相比，除 T_5-W_5 处理外，其余处理均表现为降低趋势。Simpson 优势度指数 (D) 在各处理间差异不显著。各处理的 McIntosh 均匀度指数 (U) 呈差异显著，其中，喷施杀菌剂后， U 均降低，且其他处理（除

表 2 不同杀菌剂处理后土壤微生物功能多样性指数
Tab. 2 Functional diversity index of soil microorganisms after treatment with different fungicides

处理 Treatment	Shannon-Wiener 多样性指数 H	Simpson 优势度指数 D	McIntosh 均匀度指数 U
CK	3.054±0.279 ^a	0.962±0.0008 ^d	9.863±0.173 ^e
T ₁	3.101±0.284 ^a	0.965±0.0004 ^b	11.831±0.124 ^c
T ₁ -F ₁	3.092±0.291 ^a	0.965±0.0002 ^{bc}	11.785±0.320 ^c
T ₂	3.055±0.309 ^a	0.964±0.0003 ^{bc}	11.219±0.206 ^{cd}
T ₂ -F ₅	3.030±0.336 ^a	0.964±0.0004 ^c	9.544±0.172 ^e
T ₅	3.076±0.294 ^a	0.965±0.0004 ^b	12.896±0.150 ^b
T ₅ -W ₅	3.088±0.291 ^a	0.964±0.0004 ^{bc}	11.460±0.234 ^c
T ₇	3.127±0.303 ^a	0.968±0.0000 ^a	15.691±0.082 ^a
T ₇ -W ₁	3.051±0.299 ^a	0.964±0.0005 ^{bc}	10.701±0.146 ^d

注：不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$)。
Note: Different small letters indicate significant difference ($P<0.05$).

T_2-F_5 外) 均高于 CK (表 2)。可见，杀菌剂对土壤微生物群落的多样性指数影响显著。

2.5 杀菌剂处理后对土壤微生物群落碳源代谢多样性的影响

Biolog-Eco 微孔板中包括 31 种碳源，分为碳水化合物、氨基酸、羧酸、酚酸、多聚物及胺六大类。由图 3 可知，总体上，不同处理后的茉莉根际土壤微生物群落对六大类碳源的代谢能力相当，其中，CK 最低，其次为 T_2-F_5 处理，而处理 T_7 最高。可见，杀菌剂对茉莉根际土壤微生物群落的碳源代谢具有一定的抑制作用。

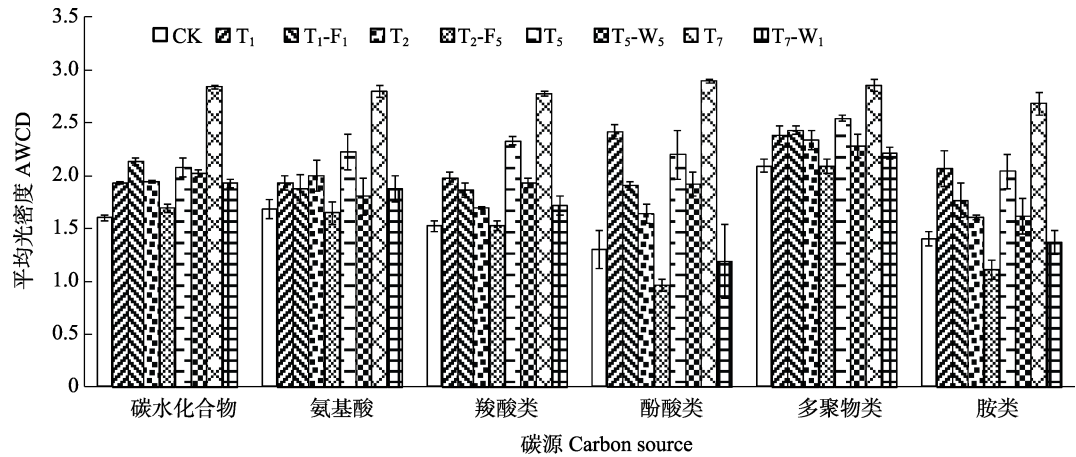


图 3 杀菌剂处理后土壤微生物群落碳源代谢多样性

Fig. 3 Carbon source metabolic diversity of soil microbial communities after treatment with fungicides

2.6 土壤微生物群落碳源代谢多样性的主成分分析

利用培养 120 h 的 AWCD 数据，将 31 种碳源的利用情况进行主成分分析 (图 4)。主成分 1

(PC1) 和主成分 2 (PC2) 的方差贡献率分别为 92.93% 和 4.44%，累计方差贡献率为 97.37%，表明 PC1 和 PC2 是微生物群落碳源利用变异的主要来源，可以解释变异的大部分信息。其中氨基酸

和碳水化合物的碳源利用率相近,多聚物和羧酸类相似;6类碳源均分布在PC1正轴方向。其中,酚酸和胺分布在PC2正轴方向,而多聚物、羧酸、氨基酸和碳水化合物等碳源分布在PC2负轴方向。

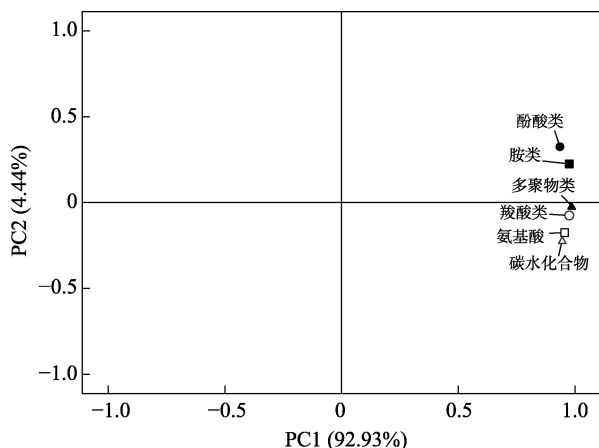


图 4 6 种类型碳源代谢多样性的主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis of six kinds of metabolic diversity of carbon sources

3 讨论

杀菌剂可以直接作用于土传病害的真菌病原体,对土壤健康产生影响,也可通过在叶面和径流喷洒杀菌剂间接产生影响^[23]。在本研究中,喷施 50%的戊唑醇对土壤脲酶活性表现为抑制作用,而对土壤蔗糖酶和酸性磷酸酶则表现为促进作用;喷施高浓度(50%)的氟啶胺后,土壤脲酶、酸性磷酸酶均表现为促进作用。但通常认为杀菌剂处理后,显著抑制了土壤脲酶、磷酸酶、葡萄糖苷酶等酶活性^[14],这是由于这些土壤酶活性分别在氮、磷、碳循环中起着至关重要的作用^[24],而且杀菌剂的作用效果不仅很大程度上取决于活性物质(如酶)的种类和剂量,还取决于其所渗透土壤的性质^[25]。本研究中,杀菌剂对土壤理化性质的影响也不尽相同,从而也对杀菌剂的作用效果产生一定影响。与此类似,不同浓度的杀菌剂对土壤蔗糖酶的影响亦不同^[26-27]。有学者报道,戊唑醇抑制脲酶活性可能是由于受杀菌剂影响,细菌群落结构发生了改变^[28];SATAPUTE 等^[29]研究发现丙环唑对土壤脲酶和磷酸酶也具有抑制作用。土壤酶活性的降低是由于高浓度杀菌剂的摄入而导致分泌较低的酶,而土壤酶活性的升高则是由于土壤微生物对杀菌剂具有一定的耐药性,或可能是由于有机营养细菌数量的增加,将杀菌

剂作为碳的来源^[30]。

AWCD 被用于评估土壤微生物群落整体的碳源活性^[20]。本研究结果表明,杀菌剂对土壤微生物的群落碳源代谢能力具有一定的抑制作用。喷施杀菌剂后,土壤微生物多样性的降低可能是由于较低的碳转化率造成的^[31]。喷施杀菌剂前,土壤微生物群落碳源代谢能力高,源于微生物群落较高的丰富度和多样性^[32-33]。本研究中,CK 对 6 类碳源的代谢能力均为最低,喷施杀菌剂后,对土壤微生物的碳源代谢能力表现为抑制作用,这是由于 Biolog 法测定的是唯一可培养细菌的总体活性,杀菌剂的摄入抑制了某些微生物特别是细菌的代谢活性^[16]。与之不同的是施用氟唑菌酰胺后对 Shannon-Wiener 多样性指数(H)无显著影响,而不同浓度的氟唑菌酯处理 14 d 后,对其 Simpson 优势度指数(D)具有一定程度的抑制作用^[34];而有研究发现,戊唑醇处理时间的不同,对 AWCD 与 H 、物种丰富度(S)的影响则不同,处理 90 d 内表现为明显的抑制作用,而 90 d 后则明显升高^[14]。可见,由于杀菌剂种类、浓度以及处理时间的不同,土壤微生物群落碳源代谢多样性、 H 、 D 以及 S 等指标均呈现不同的变化趋势^[16, 27, 35]。Biolog-Eco 平板法针对的土壤微生物群落只在特定碳源上生长良好^[36],因此,后续研究需采用其他微生物群落的分析手段,如采用 16S rRNA 分析土壤微生物群落结构多样性。

以往关于杀菌剂对土壤微生物的影响主要从土壤微生物量、土壤微生物代谢、土壤微生物组成及群落结构多样性等方面进行分析^[14, 16, 29, 37-38]。本研究以茉莉根际土壤为研究对象,选取戊唑醇和氟啶胺 2 种常见的广谱杀菌剂,设置 2 种不同浓度,从其对土壤理化性质、酶活性以及土壤微生物群落碳源代谢多样性的角度,探讨杀菌剂对土壤微生物群落功能多样性的影响,将为茉莉白绢病的化学防治提供理论依据,为其他靶向杀菌剂的应用提供借鉴。

参考文献

- [1] 覃丽萍,黄思良.广西茉莉花病害种类调查[J].广西热带农业,2006(2):34-36.
QIN L P, HUANG S L. Investigation on kinds of jasmine disease in Guangxi[J]. Guangxi Tropical Agriculture, 2006(2):34-36. (in Chinese)
- [2] 刘琼英,杨子威,杨志刚,李娟,彭成林.8种杀菌剂对茉莉

- 莉花白绢病的田间防效[J]. 中国植保导刊, 2016, 36(8): 68-70.
- LIU Q Y, YANG Z W, YANG Z G, LI J, PENG C L. Field control effect of eight kinds of fungicides on *Jasminum* southern blight[J]. China Plant Protection, 2016, 36(8): 68-70. (in Chinese)
- [3] ZUBROD J P, BUNDSCHUH M, ARTS G, BRÜHL C A, IMFELD G, KNÄBEL A, PAYRAUDEAU S, RASMUSSEN J J, ROHR J, SCHARMÜLLER A, SMALLING K, STEHLE S, SCHULZ R, SCHÄFER R B. Fungicides: an overlooked pesticide class?[J]. Environmental Science & Technology, 2019, 53: 3347-3365.
- [4] HEDLUND J, LONGO S B, YORK R. Agriculture, pesticide use, and economic development: a global examination (1990—2014)[J]. Rural Sociology, 2019(2): 85.
- [5] SMITH D L, GARRISON M C, HOLLOWELL J E, ISLEIB T G, SHEW B B. Evaluation of application timing and efficacy of the fungicides fluazinam and boscalid for control of *Sclerotinia* blight of peanut[J]. Crop Protection, 2008, 27(3/5): 823-833.
- [6] SHI N N, RUAN H C, CHEN F R, ZHANG Y L, YANG X J, DAI Y L, GAN L, DU Y X. Development and application of an allele-specific PCR assay for detecting *T409C* mutation of *cyp51* gene linked with tebuconazole resistance in *Villosiclava virens* (rice false smut)[J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2017, 39: 318-324.
- [7] FALKOWSKI P G, FENCHEL T, DELONG E F. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles[J]. Science, 2008, 320: 1034-1039.
- [8] SAHA A, PIPARIYA A, BHADURI D. Enzymatic activities and microbial biomass in peanut field soil as affected by the foliar application of tebuconazole[J]. Environmental Earth Sciences, 2016, 75: 558.
- [9] TENG Y, ZHANG M, YANG G, WANG J, CHRISTIE P, LUO Y. Successive chlorothalonil applications inhibit soil nitrification and discrepantly affect abundances of functional genes in soil nitrogen cycling[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2017, 24: 3562-3571.
- [10] ZHANG W, XU J, DONG F, LIU X, ZHANG Y, WU X, ZHENG Y. Effect of tetraconazole application on the soil microbial community[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2014, 21: 8323-8332.
- [11] SUN X, ZHU L, WANG J, WANG J, SU B, DU Z, GUO P. Effects of endosulfan on the populations of cultivable microorganisms and the diversity of bacterial community structure in brunisolic soil[J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2017, 228: 169.
- [12] TEJADA M, GARCÍA C, HERNÁNDEZ T, GÓMEZ I. Response of soil microbial activity and biodiversity in soils polluted with different concentrations of cypermethrin insecticide[J]. Archives of Environmental Contamination and Toxicology, 2015, 69: 8-19.
- [13] KARAS P A, BAGUELIN C, PERTILE G, PAPADOPOULOU E S, NIKOLAKI S, STORCK V, FERRARI F, TREVISAN M, FERRARINI A, FORNASIER F, VASILEIADIS S, TSIAMIS G, MARTIN-LAURENT F, KARPOUZAS D G. Assessment of the impact of three pesticides on microbial dynamics and functions in a lab-to-field experimental approach[J]. Science of the Total Environment, 2018(637/638): 636-646.
- [14] MUÑOZ-LEOZ B, RUIZ-ROMERA E, ANTIGÜEDAD I, GARBISU C. Tebuconazole application decreases soil microbial biomass and activity[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2011, 43: 2176-2183.
- [15] DIMITROV M R, KOSOL S, SMIDT H, BUIJSE L, VAN DEN BRINK P J, VANWIJNGAARDEN R P A, BROCK T C M, MALTBYD L. Assessing effects of the fungicide tebuconazole to heterotrophic microbes in aquatic microcosms[J]. Science of the Total Environment, 2014, 490: 1002-1011.
- [16] HAN L X, KONG X B, XU M, NIE J Y. Repeated exposure to fungicide tebuconazole alters the degradation characteristics, soil microbial community and functional profiles[J]. Environmental Pollution, 2021, 287: 1-10.
- [17] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 科学出版社, 2000.
- BAO S D. Soil agrochemical analysis[M]. Beijing: Science Press, 2000. (in Chinese)
- [18] TABATABAI M A. Soil enzymes[M]//WEAVER R W, ANGLE S, BOTTOMLEY P. Methods of soil analysis, part 2. Microbiological and biochemical properties No. 5. Madison: Soil science society of American, 1994: 775-833.
- [19] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 274-323.
- GUAN S M. Soil enzymes and their research methods[M]. Beijing: Agricultural Press, 1986: 274-323. (in Chinese)
- [20] RUTGERS M, WOUTERSE M, DROST S M, BREURE A M, MULDER C, STONE D, CREAMER R E, WINDING A, BLOEM J. Monitoring soil bacteria with community-level physiological profiles using BiologTM ECO-plates in the Netherlands and Europe[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 97: 23-35.
- [21] GARLAND J L, MILLS A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57(8): 2351-2359.
- [22] SCHUTTER M, DICK R. Shifts in substrate utilization po-

- tential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(11): 1481-1491.
- [23] BENDING G D, LINCOLN S D, EDMONDSON R N. Spatial variation in the degradation rate of the pesticides isoproturon, azoxystrobin and diflufenican in soil and its relationship with chemical and microbial properties[J]. *Environmental Pollution*, 2006, 139: 279-287.
- [24] AKHTAR K, WANG W Y, REN G X, KHAN A, FENG Y Z, YANG G H. Changes in soil enzymes, soil properties, and maize crop productivity under wheat straw mulching in Guanzhong, China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2018, 182: 94-102.
- [25] LAL G, HIREMATH S M, CHANDRA K. Imazethapyr effects on soil enzyme activity and nutrient uptake by weeds and greengram (*Vigna radiata* L.)[J]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 2017, 6(3): 247-253.
- [26] 骆爱兰, 余向阳. 氟啶胺对土壤中蔗糖酶活性及呼吸作用的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2011, 19(4): 902-906.
- LUO A L, YU X Y. Effects of fluazinam on soil sucrase activity and respiration[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2011, 19(4): 902-906.
- [27] WANG X H, LU Z B, MILLER H, LIU J H, HOU Z G, LIANG S, ZHAO X F, ZHANG H, BORCH T. Fungicide azoxystrobin induced changes on the soil microbiome[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 145: 103343.
- [28] BAMAGA M, WYSZKOWSKA J, KUCHARSKI J. Bacterial diversity and enzymatic activity in a soil recently treated with tebuconazole[J]. *Ecological Indicators*, 2021, 123: 107373.
- [29] SATAPUTE P, KAMBLE M V, ADHIKARI S S, JOGAIAH S. Influence of triazole pesticides on tillage soil microbial populations and metabolic changes[J]. *Total Environment*, 2019, 651(2): 2334-2344.
- [30] YE X L, DONG F, LEI X Y. Microbial resources and ecology - microbial degradation of pesticides[J]. *Natural Resources Conservation and Research*, 2018(1): 22-28.
- [31] HMID A, CHAMI Z A, SILLEN W, VOCHT A D, VANGRONSVELD J. Olive mill waste biochar, a promising soil amendment for metal immobilization in contaminated soils[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, 22: 1444-1456.
- [32] WHITAKER J, OSTLE N, NOTTINGHAM A T, CCAHUANA A, SALINAS N, BARDGETT R D, MEIR P, MCNAMARA N P. Microbial community composition explains soil respiration responses to changing carbon inputs along an Andes-to-Amazon elevation gradient[J]. *Journal of Ecology*, 2014, 102: 1058-1071.
- [33] WOLIŃSKA A, WŁODARCZYK K, KUŹNIAR A, MARZEC-GRZĄDZIEL A, GRZĄDZIEL J, GAŁĄZKA A, UZAROWICZ Ł. Soil microbial community profiling and bacterial metabolic activity of technosols as an effect of soil properties following land reclamation: a case study from the abandoned iron sulphide and uranium mine in Rudki (South-Central Poland)[J]. *Agronomy*, 2020, 10: 1795.
- [34] ZHANG C, ZHOU T T, ZHU L S, DU Z K, LI B, WANG J, WANG J H, SUN Y N. Using enzyme activities and soil microbial diversity to understand the effects of fluoxastrobin on microorganisms in fluvo-aquic soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 666: 89-93.
- [35] WU X H, XU J, LIU Y Z, DONG F S, LIU X G, ZHANG W W, ZHENG Y Q. Impact of fluxapyroxad on the microbial community structure and functional diversity in the silty-loam soil[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2015, 14(1): 114-124.
- [36] ROS M, PASCUAL J A, GOBERNA M, KLAMMER S, INSAM H. 16S rDNA analysis reveals low diversity in microorganisms discriminating community level physiological profiles[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2008, 72(3): 221-226.
- [37] LIU C M, YANG Z F, HE P F, MUNIR S, HE P B, WU Y X, HO H, HE Y Q. Fluazinam positively affected the microbial communities in clubroot cabbage rhizosphere[J]. *Scientia Horticulturae*, 2019, 256: 108519.
- [38] ZHANG H P, SONG J J, ZHANG Z H, ZHANG Q K, CHEN S Y, MEI J J, YU Y L, FANG H. Exposure to fungicide difenoconazole reduces the soil bacterial community diversity and the co-occurrence network complexity[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 405: 124208.