

根内根孢囊霉对大豆成熟期主要生物量和福美双残留的影响

接伟光*, 胡 巍, 孙 歌, 杨冬莹, 乔 巍, 魏丽娜

(黑龙江东方学院, 食品工程学院, 哈尔滨 150066)

摘要: **目的** 探究接种根内根孢囊霉(*Rhizophagus intraradices*)菌剂对正茬与迎茬大豆成熟期主要生物量、根际土壤细菌和固氮菌菌落总数及大豆籽粒和根际土壤中福美双残留量的影响。**方法** 通过高效液相色谱法,以甲醇和水为流动相,使用 C₁₈ 色谱柱和紫外可变波长检测器于 280 nm 波长下测定大豆和根际土壤中福美双残留量,分析 *R. intraradices* 对福美双残留量的影响。**结果** 接种 *R. intraradices* 菌剂后,大豆主要生物量增加了 18%~65%,根际土壤细菌和固氮菌菌落总数增加了 69%~154%;喷洒福美双后,大豆主要生物量增加了 10%~34%,根际土壤细菌和固氮菌菌落总数降低了 73%~119%,且福美双在大豆籽粒和土壤中产生残留;接种 *R. intraradices*+喷洒福美双(RF)处理组,大豆籽粒和根际土壤中福美双残留量降低了 24%~39%。**结论** 接种 *R. intraradices* 菌剂可以有效促进大豆作物生长,提高大豆产量,降解大豆籽粒及土壤中福美双残留。

关键词: 正茬与迎茬大豆;根内根孢囊霉;主要生物量;菌落总数;福美双残留

Effects of *Rhizophagus intraradices* on the main biomass and thiram residues of soybean at maturity stage

JIE Wei-Guang*, HU Wei, SUN Ge, YANG Dong-Ying, QIAO Wei, WEI Li-Na

(School of Food Engineering, East University of Heilongjiang, Harbin 150066, China)

ABSTRACT: Objective To study the effects of inoculation of *Rhizophagus intraradices* on the main biomass, the total number of colonies, the number of azotobacter in rhizosphere soil and the thiram residues in soybean grains and rhizosphere soil during the mature period of the continuous and alternate cropping soybean. **Methods** The residue of thiram in soybean and rhizosphere soil was determined by high performance liquid chromatography with methanol and water as mobile phase, C₁₈ column and ultraviolet variable wavelength detector at 280 nm, and the effects of *R. intraradices* on the residues of thiram was analyzed. **Results** After inoculating with *R. intraradices*, the main biomass of soybean had increased by 18%–65%, and the total number of bacteria and azotobacter in rhizosphere soil had increased by 69%–154%. After spraying thiram, the main biomass of soybean had increased by 10%–34%, the total number of bacteria and azotobacter in rhizosphere soil had decreased by 73%–119%, and thiram residues were produced in seeds and soil of soybean. After inoculating with *R. intraradices* and spraying thiram (RF), the residues of thiram in soybean seeds and rhizosphere soil had decreased by 24%–39%. **Conclusion** Inoculation with *R.*

基金项目: 黑龙江省自然科学基金优秀青年项目(YQ2019C016)

Fund: Supported by the Outstanding Youth Project of Natural Science Foundation of Heilongjiang (YQ2019C016)

*通信作者: 接伟光, 博士, 教授, 主要研究方向为微生物生态学。E-mail: jieweiguang2007@126.com

*Corresponding author: JIE Wei-Guang, Ph.D, Professor, East University of Heilongjiang, No.1, Hanan 19th Road, Pingfang District, Harbin 150066, China. E-mail: jieweiguang2007@126.com

intraradices can effectively promote the growth of soybean crops, increase soybean yield and degrade thiram residues in seeds and soil of soybean.

KEY WORDS: continuous and alternate cropping soybean; *Rhizophagus intraradices*; the main biomass; total number of colonies; thiram residue

0 引言

大豆作为我国重要的经济作物之一, 是重要的食品工业原料和饲料作物^[1-3]。大豆迎茬种植会影响大豆根际土壤细菌和自生固氮菌群落丰度, 还会导致根腐病发病率上升, 使大豆产量下降^[4-6]。因此, 大豆农业生产中会施用农药来防治根腐病, 常用的农药是福美双^[7]。福美双是二硫代氨基甲酸类杀菌剂, 多用于拌种或土壤喷雾, 可以预防或治理作物黑穗病、立枯病、根腐病等, 属低毒杀菌剂^[8]。已有研究表明, 福美双会对土壤微生物群落产生影响, 同时会在土壤及果实籽粒中残留^[9]。

近年来, 有关丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhiza fungi, AMF)降解农药残留的报道较多^[10-11]。AMF 是一类植物共生微生物, 可与陆地上大多数植物根系共生, 强化植物根系对土壤中营养的吸收能力, 促进植物生长^[12-15]。宋福强等^[16]研究了接种根内根孢囊霉(*Rhizophagus intraradices*)菌剂对盆栽玉米根际土壤中除草剂阿特拉津的降解作用, 结果表明, 接种菌剂后土壤中阿特拉津残留量显著低于空白对照。陈欣^[17]以葱和胡萝卜为试验材料, 发现接种菌剂后显著降低了葱和胡萝卜蔬菜体及土壤中辛硫磷农药残留量。然而, 关于 AMF 降解福美双残留的研究却鲜有报道。本研究将 *R. intraradices* 菌剂及福美双农药应用于大豆农田, 分析 *R. intraradices* 菌剂对大豆植株生长、大豆根际土壤微生物及福美双残留的影响, 旨在为 AMF 促进大豆作物生长、提高大豆产量、降解大豆籽粒及土壤中福美双农药残留提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

R. intraradices 菌剂: *R. intraradices* 由课题组成员从大豆植株根际土壤筛选获得, 利用紫花苜蓿根际土壤扩繁培养。自然土:细砂:蛭石按体积比为 5:2:3 的比例充分混合均匀, 制备扩繁基质, 采用间歇灭菌法灭菌后自然降温备用。将制备好的基质均匀铺在花盆(43 cm×19 cm×14 cm)中, 至花盆上边缘 3~5 cm 处, 加入适量水搅拌均匀, 均匀撒入 25~30 g *R. intraradices* 菌剂, 再覆上基质后播种 30 g 苜蓿种子, 苜蓿生长周期结束后即完成扩繁。

垦农 23 号大豆种子(高油品种, 蛋白质含量 39.41%, 脂肪含量 21.46%, 黑龙江省农业科学院大豆研究所); 福

美双可湿性粉剂(有效成分 50%, 山东百农思达生物科技有限公司); 牛肉膏蛋白胨琼脂培养基、Ashby 培养基^[18]、60%蔗糖溶液(称取 120 g 蔗糖, 加蒸馏水定容至 200 mL)、甲醇、冰乙酸(色谱纯, 天津市科密欧化学试剂有限公司); 福美双标准品(质量分数≥99.0%, 中国计量科学院标准物质中心)。

混合有机溶剂为冰乙酸:甲醇=0.5:9.5 (V:V)。

1.2 仪器与设备

WT500 g/0.001 g 电子天平(杭州万特衡器有限公司); DGS-280C 高压蒸汽灭菌锅(湖南力辰仪器科技有限公司); LMJE-250 恒温培养箱(杭州勒丰科技有限公司); 奥林巴斯 SZ61 体视显微镜、奥林巴斯 CX23 光学显微镜(南京伊若达仪器设备有限公司); HPLC-1290 高效液相色谱仪, 配有变波长紫外检测器(美国安捷伦科技有限公司); QL-866 涡旋振荡器(济南欧莱博科学仪器有限公司); ES1035 十万分之一分析天平(上海赞维衡器有限公司); SE800 小型超微粉碎机(南京威利朗食品机械有限公司); HC-1014 台式高速离心机(上海卢湘仪离心机仪器有限公司)。

1.3 试验设计

本研究于 2020 年 5~10 月在黑龙江省双鸭山市宝清县宝石林场进行, 试验田为大豆正茬、迎茬土地, 每块大田设置接种 *R. intraradices* (R)、喷洒福美双(F)、接种 *R. intraradices*+喷洒福美双(RF)、空白对照不接种 *R. intraradices* 也不喷洒福美双(K) 4 个处理组, 每个处理小区面积为 11.04 m² (6 m×1.84 m), 4 垄/小区, 垄宽 25 cm, 垄间距 28 cm。以每颗豆种间隔 5 cm 的方式均匀播种大豆, 覆土压实浇水; R、RF 处理接种 *R. intraradices* 量为 500 g, 在窄沟处均匀撒下菌剂, 覆上一层土后播种大豆; 取福美双可湿性粉剂(有效成分含量为 50%) 3 g, 加入 1 L 水充分溶解, 分别在出苗后 30、45 d 对 F、RF 处理进行根际土壤喷雾。

1.4 大豆主要生物量测定

大豆出苗后 120 d 左右进入成熟期, 此时接种 *R. intraradices* 菌剂的处理组大豆植株根系 AMF 侵染率均高于 92.5%, 而未接种 *R. intraradices* 菌剂的处理组大豆植株根系 AMF 侵染率则低于 36.8%, *R. intraradices* 已成功侵染大豆植株根系。在成熟期对不同处理组的大豆植株进行随机取样, 重复 10 次, 测定鲜重、株高、茎粗、根长和产量, 产量

以百粒重为测定指标。鲜重测定前应去净取样时带出的根部土壤, 保证结果精确度; 株高值取植株顶端至下数第一茎节处之间的长度; 对植株下数第二茎节处进行茎粗值的测量; 下数第一茎节末端至根部末端的长度为根长值。

1.5 大豆根际土壤 AMF 孢子密度测定

采用湿筛倾析蔗糖离心法分离大豆根际土壤 AMF 孢子^[19]。

取 50 g 土样置于烧杯中, 加入 500 mL 水后充分搅拌均匀, 静置 30 min。将 40~280 目的土壤筛依次排列, 孔径由小到大。将烧杯中上清液缓慢倒入最上层孔径最大的土壤筛, 并用清水冲洗筛面。重复数次, 至上清液较清澈为止; 用去离子水将最下层筛出物冲洗到洁净的 100 mL 离心管中, 3000 r/min 离心 3 min, 倒出上清液, 重复 1 次。在离心管中加入 60% 蔗糖溶液 60 mL, 3000 r/min 离心 30 s, 重复 1 次。离心后将上清液倒入 280 目筛过滤, 用清水将蔗糖溶液冲洗干净。将筛出物冲洗到一个洁净的培养皿中, 其中除含有沙粒、杂质外, 就含有不同大小的 AMF 孢子, 于体视显微镜(40×)下观察 40 个视野中的孢子总数, 孢子密度以个/g 表示。

1.6 大豆根际土壤细菌菌落总数测定

在成熟期对大豆根际土壤进行随机取样, 在土壤表层 5~10 cm 以下进行取样, 重复 10 次取样, 置于阴凉通风处。无菌条件下称取 25 g 样品, 加入 225 mL 无菌生理盐水, 制备 10 倍系列稀释样品匀液。选取 10^{-3} 稀释倍数的样品匀液, 于牛肉膏蛋白胨琼脂培养皿中进行涂布。涂布后的培养皿于 $36\text{ }^{\circ}\text{C}\pm 1\text{ }^{\circ}\text{C}$ 培养 48 h ± 2 h, 肉眼观察, 菌落计数以菌落形成单位(colony-forming units, CFU/g)表示。

1.7 大豆根际土壤固氮菌菌落总数测定

样品前处理方法同 1.6, 土样经 30 min 摇床培养后静置 10 min, 选取 10^{-3} 稀释倍数的样品匀液于 Ashby 培养基进行涂布, 28 $^{\circ}\text{C}$ 、40 h 恒温培养, 肉眼观察, 菌落计数以 CFU/g 表示。

1.8 福美双残留测定方法

1.8.1 标准溶液和试样的制备

标准溶液和试样参照曲鹏晶^[20]方法进行制备。

1.8.2 色谱操作条件

流动相: 甲醇:蒸馏水=35:65 (V:V); 流速: 1.0 mL/min; SinoChormODS-BP C₁₈ 色谱柱(200 mm \times 4.6 mm, 5 μm); 检测波长: 280 nm; 进样量: 10 μL ; 柱温: 27 $^{\circ}\text{C}$; 保留时间: 2.7 min。

1.8.3 福美双残留量计算

在 1.8.2 色谱操作条件下, 待基线稳定后, 先注入福美双标准样品溶液, 再连续注入 3 次平行试样溶液进行测定, 试样中福美双的质量分数 X 按式(1)计算:

$$X = \frac{A_2 M_1 P}{A_1 M_2} \times 100 \quad (1)$$

式中: A_1 —标样溶液中福美双峰面积的平均值;

A_2 —试样溶液中福美双峰面积的平均值;

M_1 —标样溶液中福美双的质量, g;

M_2 —样品溶液的质量, g;

P —标样溶液中福美双的质量分数, %。

1.9 数据处理

试验数据用 SPSS 22.0 进行处理和统计分析, 差异显著性采用最小显著性差异法(least significant difference, LSD)方差分析, 结果表示为平均值 \pm 标准差。

2 结果与分析

2.1 *R. intraradices* 和福美双对大豆主要生物量的影响

如表 1 所示, 正茬大豆接种 *R. intraradices* 菌剂后, 与空白对照相比, 鲜重、株高、茎粗、根长和百粒重分别增加了 30%、29%、65%、31%和 37%, 与喷洒福美双相比, 鲜重、株高、茎粗和根长分别增加了 20%、10%、24%和 15%, 表明接种 *R. intraradices* 菌剂能够显著($P < 0.05$)增加正茬大豆生物量, 且比喷洒福美双更有利于提高正茬大豆生物量; 迎茬大豆接种 *R. intraradices* 菌剂后, 与空白对照相比, 鲜重、株高、茎粗、根长和百粒重分别增加了 48%、24%、49%、19%和 18%, 与喷洒福美双相比, 鲜重、株高、茎粗和根长分别增加了 39%、8%、15%和 8%, 这一结果与正茬大豆生物量变化趋势相似。接种 *R. intraradices* 菌剂后, 与空白对照相比, 正茬和迎茬大豆主要生物量增加了 18%~65%。喷洒福美双后, 与空白对照相比, 正茬大豆植株高、茎粗和根长分别增加了 17%、34%和 15%, 而鲜重未显著($P > 0.05$)增加; 迎茬大豆植株高、茎粗和根长与空白对照相比, 分别增加了 15%、31%和 10%, 对鲜重的影响不显著($P > 0.05$), 表明福美双对大豆植株鲜重影响较小。喷洒福美双后, 与空白对照相比, 正茬和迎茬大豆主要生物量增加了 10%~34%。当 *R. intraradices* 菌剂和福美双共同作用时, 与空白对照相比, 正茬大豆植株鲜重、株高、茎粗和根长分别增加了 20%、24%、67%和 43%; 与 *R. intraradices* 菌剂单独作用相比, 根长增加了 9%, 鲜重和株高分别降低了 8%和 4%, 茎粗无显著变化($P > 0.05$); 与福美双单独作用相比, 鲜重、株高、茎粗和根长分别增加了 10%、6%、26%和 24%, 表明 *R. intraradices* 菌剂单独使用更有利于提高大豆生物量。与正茬种植相比, 迎茬大豆的鲜重、株高、茎粗和百粒重分别降低了 35%、30%、35%和 8%, 根长无变化, 表明迎茬种植显著降低大豆生物量($P < 0.05$)。

2.2 *R. intraradices* 和福美双对大豆根际土壤 AMF 孢子密度、细菌和固氮菌的影响

如表 2 所示, 与空白对照相比, 正茬大豆接种 *R. intraradices* 菌剂后, 根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别增加了 292%、69%和 105%; 与喷洒福美双相比, 分别增加了 330%、271%和 266%, 表明接种 *R. intraradices* 菌剂能够显著($P<0.05$)增加正茬大豆植株根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数, 此结果与接种 *R. intraradices* 菌剂能够显著提高正茬大豆生物量密切相关。迎茬大豆接种 *R. intraradices* 菌剂后, 与空白对照相比, 根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别增加了 299%、116%和 154%; 与喷洒福美双相比, 分别增加了 315%、273%和 224%。接种 *R. intraradices* 菌剂后, 与空白对照相比, 正茬和迎茬大豆根际土壤细菌和固氮菌菌落总数增加了 69%~154%, 表明接种 *R. intraradices* 菌剂能够显著($P<0.05$)增加迎茬大豆植株根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数。喷洒福美双后, 与空白对照相比, 正茬大豆根际土壤细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别降低了 119%和 78.4%, 对 AMF 孢子密度的影响不显著($P>0.05$); 迎茬大豆根际土壤细菌菌落总数降低了 73%。喷洒福美双后, 与空白对照相比, 正茬和迎茬大豆根际土壤细菌和固氮菌菌落总数降低了 73%~119%, 表明喷洒福美双会破坏土壤微生物菌群结构, 这可能与大豆生物量降低密切相关。

当 *R. intraradices* 菌剂和福美双共同作用时, 与空白对照相比, 正茬大豆根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别增加了 156%、19%和 30%; 与接种 *R. intraradices* 菌剂相比, AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别降低了 53%、41%和 56%; 与喷洒福美双相比, AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别增加了 181%、162%和 133%, 表明 *R. intraradices* 菌剂更有利于提高正茬大豆植株根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数, 而福美双则会降低上述相应指标, 进而导致大豆生物量发生相应变化。当 *R. intraradices* 菌剂和福美双共同作用时, 与空白对照相比, 迎茬大豆根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别增加了 230%、64%和 50%; 与接种 *R. intraradices* 菌剂相比, AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别降低了 21%、31%和 74%; 与喷洒福美双相比, AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别增加了 244%、190%和 86%, 此结果进一步表明 *R. intraradices* 菌剂更有利于提高大豆植株根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数, 改善土壤微生物菌群结构。与正茬种植相比, 迎茬大豆根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数分别降低了 33%、40%和 40%, 表明迎茬种植会降低大豆根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数和固氮菌菌落总数, 正茬大豆根际土壤微生物菌群结构更稳定。

表 1 *R. intraradices* 和福美双对大豆成熟期主要生物量的影响
Table 1 Effects of *R. intraradices* and thiram on the main biomass of soybean at maturity stage

处理组	鲜重/g	株高/cm	茎粗/mm	根长/cm	百粒重/g
CK	17.267±2.957 ^c	71.767±1.193 ^d	4.877±0.145 ^c	14.400±0.656 ^c	15.200±0.608 ^d
CR	22.342±1.961 ^a	92.655±2.550 ^a	8.027±0.834 ^a	18.900±1.442 ^b	21.433±0.404 ^a
CF	18.700±1.400 ^c	84.067±3.656 ^c	6.487±0.341 ^b	16.500±0.854 ^c	15.667±0.351 ^d
CRF	20.633±2.531 ^b	89.233±1.955 ^b	8.133±0.103 ^a	20.500±1.212 ^a	18.100±0.361 ^c
AK	11.343±1.378 ^d	50.333±4.676 ^b	3.167±0.147 ^c	14.310±0.800 ^c	13.967±0.651 ^c
AR	16.833±2.751 ^c	62.167±3.356 ^f	4.700±0.250 ^c	16.967±0.587 ^c	19.033±0.351 ^b
AF	12.109±2.404 ^d	57.900±1.323 ^e	4.147±0.117 ^d	15.733±0.404 ^d	16.133±0.306 ^d
ARF	16.767±3.602 ^c	65.533±3.293 ^c	4.960±0.053 ^c	18.000±0.200 ^b	18.900±0.656 ^c

注: C 为正茬大豆; A 为迎茬大豆; K 为空白对照; R 为接种菌剂; F 为喷洒福美双农药; RF 为接种菌剂+喷洒福美双农药; 同列不同小写字母表示存在差异显著性($P<0.05$), 下同。

表 2 大豆成熟期根际土壤 AMF 孢子密度、细菌菌落总数、固氮菌菌落总数及比例
Table 2 AMF spore density, total number of bacterial colonies, total number and proportion of azotobacter in rhizosphere soil at soybean maturity stage

处理组	AMF 孢子密度/(个/g)	细菌菌落总数/(CFU/g)	固氮菌菌落总数/(CFU/g)	固氮菌比例/%
CK	1.238±0.111 ^d	(4.233±0.416)×10 ^{5c}	(2.064±0.440)×10 ^{5d}	48.8
CR	4.852±0.043 ^a	(7.167±0.473)×10 ^{5a}	(4.233±0.513)×10 ^{5a}	59.1
CF	1.129±0.333 ^d	(1.933±0.252)×10 ^{5c}	(1.157±0.208)×10 ^{5c}	59.9
CRF	3.171±0.201 ^b	(5.067±0.702)×10 ^{5b}	(2.700±0.600)×10 ^{5c}	53.3
AK	0.831±0.113 ^d	(2.533±0.451)×10 ^{5d}	(1.223±0.416)×10 ^{5c}	48.3
AR	3.314±0.298 ^b	(5.467±0.723)×10 ^{5b}	(3.133±0.322)×10 ^{5b}	57.3
AF	0.798±0.164 ^d	(1.466±0.473)×10 ^{5f}	(0.967±0.379)×10 ^{5c}	65.9
ARF	2.745±0.145 ^c	(4.157±0.706)×10 ^{5c}	(1.800±0.400)×10 ^{5d}	43.3

2.3 *R. intraradices* 对大豆及根际土壤福美双残留量的影响

2.3.1 高效液相色谱法测定福美双残留

图 1 为福美双标准样品溶液的高效液相色谱(high efficiency liquid chromatography, HPLC)图, 在 2.854 min 时出峰。图 2 和图 3 分别为土壤空白样品中福美双残留的 HPLC 图和大豆空白样品中福美双残留的 HPLC 图。图 4 和图 5 分别为大豆根际土壤样品和大豆样品中福美双残留的 HPLC 图, 出峰时间与标准样品溶液的出峰时间接近。

2.3.2 *R. intraradices* 对大豆及根际土壤福美双残留量的影响

接种 *R. intraradices* 菌剂对大豆及根际土壤福美双残留量的影响如表 3 所示。正茬大豆接种 *R. intraradices* 菌剂后, 大豆籽粒中福美双残留量下降了 39%, 土壤中福美双残留量下降了 34%; 迎茬大豆接种 *R. intraradices* 菌剂后, 大豆籽粒中福美双残留量下降了 24%, 土壤中福美双残留量下降了 33%。结果表明, 大豆种植期间喷洒两次及以上福美双农药会使福美双在大豆籽粒及根际土壤中残留, 接种 *R. intraradices* 菌剂后, 正茬和迎茬大豆籽粒和根际土壤中福美双残留量降低了 24%~39%, 这可能与 AMF 能够提高根际土壤中的过氧化酶含

量, 从而促进农药等有机污染物的降解有关; 此外, AMF 还可将有机污染物作为碳源和能源进行利用, 从而起到直接降解农药的作用。

3 结论与讨论

接种 *R. intraradices* 菌剂后, 大豆主要生物量增加了 18%~65%, 大豆产量增加, 大豆根际土壤细菌和固氮菌菌落总数增加了 69%~154%; 与正茬种植相比, 迎茬种植后, 根际土壤细菌和固氮菌菌落总数降低。刘云龙等^[21]、张学林等^[22]试验同样表明, 接种不同的 AMF 菌剂后可以有效提高大豆、玉米作物的植株主要生物量; 殷继忠等^[23]、PEREZ-BRANDAN 等^[24]、许艳丽等^[25]发现, 大豆迎茬种植后, 根际土壤细菌多样性和丰度降低。喷洒福美双后, 会在大豆籽粒及根际土壤中造成残留, 接种 *R. intraradices* 菌剂后, 福美双残留量显著降低, 表明 *R. intraradices* 菌剂可以有效降解大豆籽粒及根际土壤中的福美双残留。本研究将 *R. intraradices* 菌剂应用于大豆农田, 证明接种 *R. intraradices* 菌剂可以有效改善大豆迎茬障碍, 提高大豆主要生物量、提高土壤微生物丰度及降解福美双残留, 解决福美双残留带来的食品安全问题。

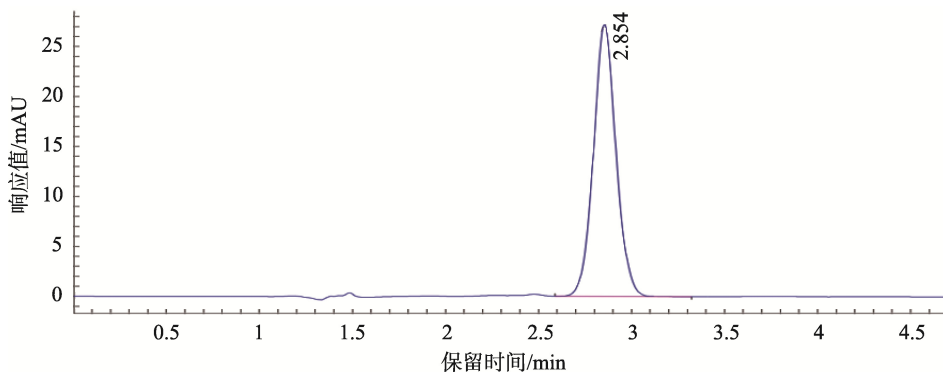


图 1 福美双标准品 HPLC 图

Fig.1 HPLC chart of thiram standard

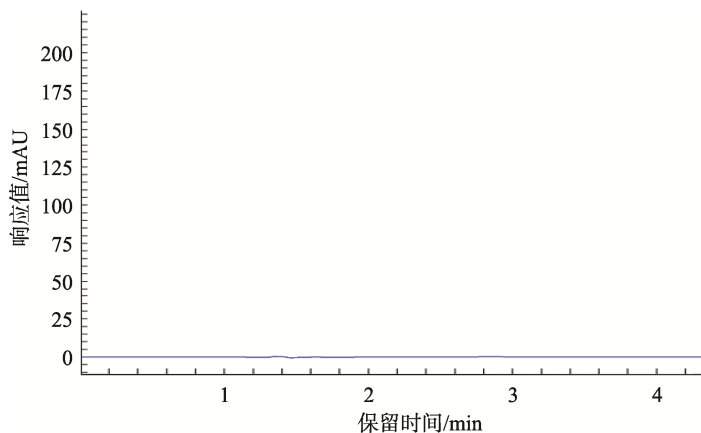


图 2 土壤空白样品中福美双残留的 HPLC 图

Fig.2 HPLC chart of thiram residues in blank sample of soil

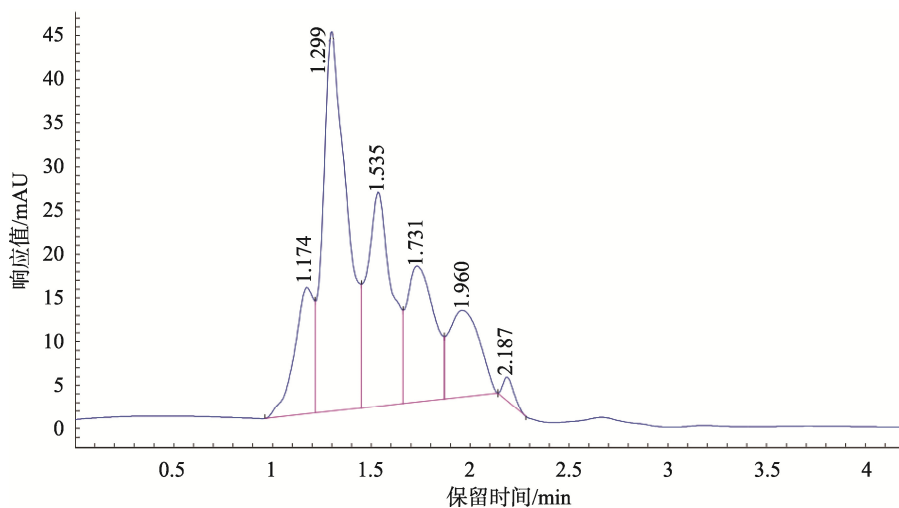


图 3 大豆空白样品中福美双残留的 HPLC 图
Fig.3 HPLC chart of thiram residues in blank sample of soybean

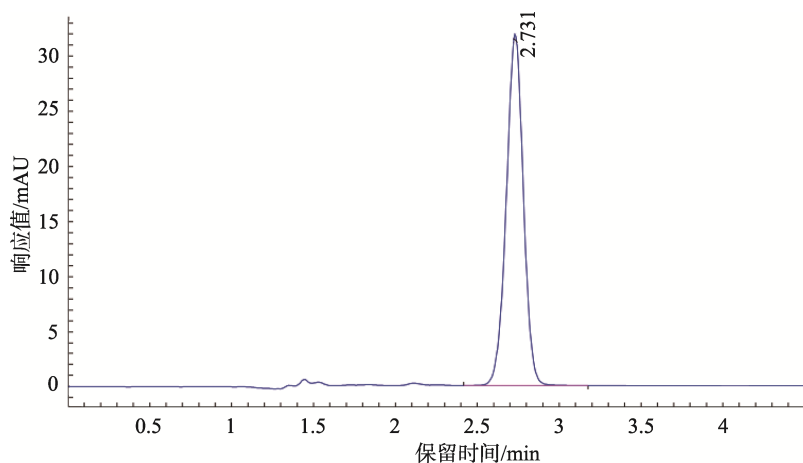


图 4 土壤中福美双残留的 HPLC 图
Fig.4 HPLC chart of thiram residues in soil

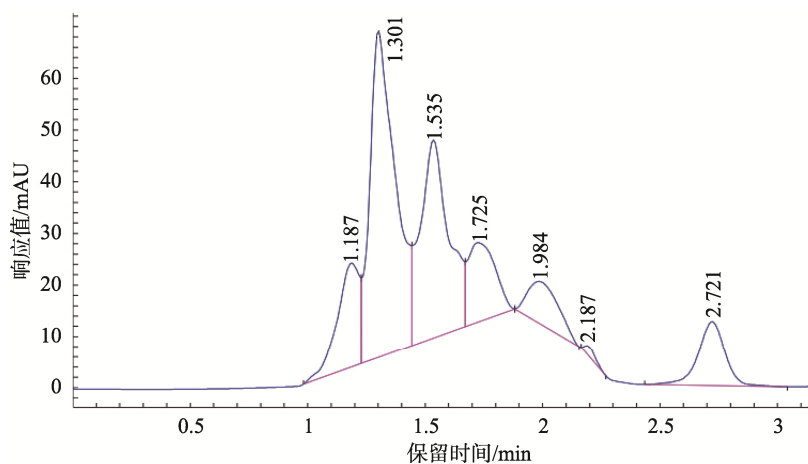


图 5 大豆中福美双残留的 HPLC 图
Fig.5 HPLC chart of thiram residues in soybean

表 3 大豆籽粒和土壤中福美双残留量
Table 3 Residues of thiram in seed and soil of soybean

处理组	大豆福美双残留量 (mg/kg)	土壤福美双残留量 (mg/kg)
CF	0.859±0.043 ^a	0.922±0.222 ^a
CRF	0.335±0.080 ^c	0.313±0.075 ^c
AF	0.670±0.042 ^b	0.763±0.106 ^b
ARF	0.163±0.048 ^d	0.256±0.067 ^d

参考文献

- [1] 谢玉锋, 张魏东, 陈慧琳, 等. 大豆及其发酵产物对糖尿病作用的研究进展[J]. 粮食与油脂, 2019, 32(10): 4-6.
XIE YF, ZHANG WD, CHEN HL, *et al.* Advances in the effects of soybean and its fermentation production on diabetes [J]. *J Cere Oils*, 2019, 32(10): 4-6.
- [2] LFONSO MA. Improving soybean seed oil without poor agronomics [J]. *Experim Botany*, 2020, 71(22): 6857-6860.
- [3] KUNH SS, KUGELMEIER CL, MANTOVAN F, *et al.* Valorization of poultry slaughterhouse sludge oil: A strategy to reduce Brazil's dependency on soybean oil in the biodiesel industry [J]. *Environm Technol*, 2020, 38(1): 1-38.
- [4] CUI Y, NING S, JIN J, *et al.* Quantitative lasting effects of drought stress at a growth stage on soybean evapotranspiration and aboveground biomass [J]. *Water*, 2020, 13(1): 18-27.
- [5] SONG L, PAN Z, CHEN L, *et al.* Analysis of whole transcriptome RNA-seq data reveals many alternative splicing events in soybean roots under drought stress conditions [J]. *Genes*, 2020, 11(12): 1520-1527.
- [6] 李森, 姚钦, 刘俊杰, 等. 大豆重茬研究进展[J]. 大豆科学, 2020, 178(2): 164-171.
LI S, YAO Q, LIU JJ, *et al.* Research progress of continuous cropping soybean [J]. *Soybean Sci*, 2020, 178(2): 164-171.
- [7] 王要龙. 农药滥用对食品安全的影响及其防范[J]. 农业开发与装备, 2020, 25(8): 77-79.
WANG YL. The influence of pesticide abuse on food safety and its prevention [J]. *Agric Dev Equip*, 2020, 25(8): 77-79.
- [8] 王安萍, 肖春玲, 吴萍. 福美双对土壤微生物群落和呼吸强度的影响[J]. 井冈山大学学报(自然科学版), 2014, 35(3): 50-54.
WANG AP, XIAO CL, WU P. Effects of thiram on soil microorganism community and soil respiration intensity [J]. *J Jinggangshan Univ (Nat Sci Ed)*, 2014, 35(3): 50-54.
- [9] 李晓飞, 夏振远, 雷丽萍, 等. 福美双农药降解菌的分离与筛选[J]. 基因组学与应用生物学, 2016, 35(1): 137-142.
LI XF, XIA ZY, LEI LP, *et al.* Isolation and screening of degrading bacteria for thiram [J]. *Genomics Appl Biol*, 2016, 35(1): 137-142.
- [10] 薛英龙, 李春越, 王苻蓉, 等. 丛枝菌根真菌促进植物摄取土壤磷的作
用机制[J]. 水土保持学报, 2019, 33(6): 10-20.
XUE YL, LI CY, WANG CR, *et al.* Mechanisms of phosphorus uptake from soils by arbuscular mycorrhizal fungi [J]. *J Soil Water Conserv*, 2019, 33(6): 10-20.
- [11] EKE P, ADAMOU S, FOKOM R, *et al.* Arbuscular mycorrhizal fungi alter antifungal potential of lemongrass essential oil against *Fusarium solani*, causing root rot in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) [J]. *Heliyon*, 2020, 6(12): 5737-5741.
- [12] FA YW, RUI JT, ZHAO YS, *et al.* Inoculations with arbuscular mycorrhizal fungi increase vegetable yields and decrease phoxim concentrations in carrot and green onion and their soils [J]. *PLoS One*, 2011, 6(2): 16949-16956.
- [13] WANG Y, LI Y, LI S, *et al.* Ignored diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in co-occurring mycotrophic and non-mycotrophic plants [J]. *Mycorrhiza*, 2021, 31(1): 1-10.
- [14] 黄艳飞, 吴庆丽, 万群, 等. 丛枝菌根真菌的研究进展[J]. 现代农业, 2019, (12): 9-12.
HUANG YF, WU QL, WAN Q, *et al.* Research progress of arbuscular mycorrhizal fungi [J]. *Mod Agric*, 2019, (12): 9-12.
- [15] 姚莉梅, 石磊, 李海波, 等. 梵净山丛枝菌根真菌三个中国新记录种[J]. 贵州大学学报(自然科学版), 2019, 36(5): 28-32.
YAO LM, SHI L, LI HB, *et al.* Three new records of arbuscular mycorrhizal fungi from Fanjing mountain in China [J]. *J Guizhou Univ (Nat Sci Ed)*, 2019, 36(5): 28-32.
- [16] 宋福强, 丁明玲, 董爱荣, 等. 丛枝菌根(AM)真菌对土壤中阿特拉津降解的影响[J]. 水土保持学报, 2010, 24(3): 189-193.
SONG FQ, DING ML, DONG AIR, *et al.* Effect of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi on Atrazine degradation in soil planted sorghum [J]. *J Soil Water Conserv*, 2010, 24(3): 189-193.
- [17] 陈欣. 丛枝菌根对蔬菜辛硫磷残留的影响[D]. 洛阳: 河南科技大学, 2010.
CHEN X. The effect of mycorrhiza of cluster on the residues of phoxim in vegetables [D]. Luoyang: Henan University of Science and Technology, 2010.
- [18] 王超群, 刘帅, 王晓璐, 等. 大豆根际高效自生固氮菌分离鉴定与特性研究[J]. 大豆科学, 2015, 34(5): 850-854.
WANG CQ, LIU S, WANG XL, *et al.* Isolation, identification and characteristics of high efficient autotrophic nitrogen fixing bacteria from soybean rhizosphere [J]. *Soybean Sci*, 2015, 34(5): 850-854.
- [19] 毛琳. 21个冬小麦品种根系的丛枝菌根真菌研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2012.
MAO L. Investigation of arbuscular mycorrhizal fungi in the roots of 21 wheat cultivars [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2012.
- [20] 曲鹏晶. HPLC法测定种衣剂中多菌灵、福美双含量[J]. 山西化工, 2011, 31(6): 37-39.
QU PJ. Determination of carbendazim and thiram in seed coating by HPLC [J]. *Shanxi Chem Ind*, 2011, 31(6): 37-39.

- [21] 刘云龙, 钱浩宇, 张鑫, 等. 丛枝菌根真菌对豆科作物生长和生物固氮及磷素吸收的影响[J]. 应用生态学报, 2021, 32(5): 1761–1767.
LIU YL, QIAN HY, ZHANG X, *et al.* Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on growth, biological nitrogen fixation and phosphorus uptake of legumes [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2021, 32(5): 1761–1767.
- [22] 张学林, 李晓立, 何堂庆, 等. 丛枝菌根真菌对玉米籽粒产量和氮素吸收的影响[J]. 作物学报, 2021, 47(8): 1–19.
ZHANG XL, LI XL, HE TQ, *et al.* Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on grain yield and nitrogen uptake in maize [J]. *Acta Agron Sin*, 2021, 47(8): 1–19.
- [23] 殷继忠, 李亮, 接伟光, 等. 连作对大豆根际土壤细菌菌群结构的影响[J]. 生物技术通报, 2018, 34(1): 230–238.
YIN JZ, LI L, JIE WG, *et al.* Effects of continuous cropping on bacterial flora structure in soybean rhizosphere soil [J]. *Biotechnol Bull*, 2018, 34(1): 230–238.
- [24] PEREZ-BRANDAN C, ARZENO JL, HUIDOBRO J, *et al.* The effect of crop sequences on soil microbial, chemical and physical indicators and its relationship with soybean sudden death syndrome (complex of *Fusarium* species) [J]. *Spanish J Agric Res*, 2015, 12(1): 252–264.
- [25] 许艳丽, 王光华, 韩晓增. 连、轮作大豆土壤微生物生态分布特征与大豆根部病虫害关系的研究[J]. 农业系统科学与综合研究, 1995, 11(4): 311–314.
XU YL, WANG GH, HAN XZ. Study on the relationship between the ecological distribution of soil microorganism and the diseases and pests of soybean root [J]. *Syst Sci Compr Stud Agric*, 1995, 11(4): 311–314.

(责任编辑: 张晓寒 于梦娇)

作者简介



接伟光, 博士, 教授, 主要研究方向为微生物生态学。

E-mail: jjieweiguang2007@126.com