

水稻土中五氯酚的降解转化动态及其对微生物群落的影响

华健^{1,2}, 陈曼佳^{2,*}, 李芳柏², 龙健¹, 童辉^{2,3}, 吕亚辉², 刘承帅^{3,*}

(1. 贵州师范大学 山地环境重点实验室, 贵阳 550001;

2. 广东省生态环境技术研究所 广东省农业环境综合治理重点实验室, 广州 5106503;

3. 中国科学院地球化学研究所 环境地球化学国家重点实验室, 贵阳 550001)

摘要: 采用室内培养实验, 研究厌氧条件下水稻土中五氯酚 (Pentachlorophenol, PCP) 的还原转化与微生物群落组成变化。结果表明, 室内培养实验条件下, PCP 在水稻土样品中降解比较迅速, 在反应 17 d 时, 实验添加的 PCP 能够完全被还原转化。高通量测序结果显示, PCP 的添加明显改变了水稻土壤的微生物群落结构, 其微生物多样性显著下降, 在 PCP 降解完之后逐渐恢复。原始土壤以及添加 PCP 的土壤样品中其优势微生物主要分布在变形菌门 (Proteobacteria)。PCP 添加刺激了水稻土中伯克氏菌科 (Burkholderiaceae)、丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae)、地杆菌科 (Geobacteraceae)、红环菌科 (Rhodocyclaceae) 和假单胞菌科 (Pseudomonadaceae) 等脱氯相关的微生物菌群繁殖, 成为 PCP 降解过程中的优势菌群, 有利于 PCP 还原降解。本研究结果可为水稻土中有机氯农药污染物的微生物降解脱毒提供理论依据。

关键词: 五氯酚; 高通量测序; 微生物群落; 还原降解

中图分类号: S154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1672-9250(2018)03-0225-06 **doi:** 10.14050/j.cnki.1672-9250.2018.46.029

随着工业化和农业化种植集约化不断发展, 我国面临的农田生态环境问题日益严重, 尤其是农田农药残留问题对农业经济发展和环境的安全性已造成了严重影响。有机氯农药作为一类典型的具有难降解性、生物蓄积性、高毒性的持久性有机污染物^[1], 被广泛应用于杀虫、杀菌等农田生产领域中, 且已经造成了湿地、水体、土壤等大范围污染, 威胁人类身体健康^[2]。

土壤微生物是土壤生态系统中最活跃的组成部分, 对土壤有机质转化^[3]、营养物质循环^[4]、植物生长^[5]以及污染物转化^[6]等有重要意义。土壤微生物多样性在一定程度上反映了农田生态系统的基本状况^[7]。有机氯农药进入到土壤后会对土壤微生物产生一定的影响^[6], 进一步影响土壤生态安全。同时, 已有研究表明土壤微生物能够降解有机氯农药^[8]。也就是说有机氯农药能够影响微生物,

反之, 微生物也能影响有机氯农药。

目前, 关于有机氯农药与微生物的关系主要集中在有机氯农药降解的单菌筛选^[9]、有机氯农药降解的微生物群落^[10]以及有机氯农药对微生物的毒性^[11]等方面。但是, 关于有机氯农药降解过程对土壤微生物群落影响的研究相对较少。本文以微生物含量及种类尤为丰富的水稻土为基质, 以五氯酚 (pentachlorophenol, PCP) 为模式有机氯农药, 研究淹水条件下, 五氯酚降解动态及其对微生物群落的影响, 为开展有机氯污染水稻土的生物修复提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

供试土壤样品为水稻土, 母质类型为三角洲沉积物, 采自广东省珠海市斗门镇 (N22°14'26.88",

收稿日期: 2017-10-30; 改回日期: 2018-01-04。

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFD0800700); 广东省自然科学基金项目 (2015A030313752); 广东省科技计划项目 (2016A020209005, 2016B020242006); 广东省科学院科技项目 (rcjj201503, 2016GDASPT-0212); 农业部公益性行业科研专项 (201503107); 广州市科技计划项目 (201704020200)。

第一作者简介: 华健 (1993-), 男, 硕士研究生, 主要从事土壤环境污染治理研究。E-mail: huajianyh1211@163.com。

* 通讯作者: 陈曼佳 (1985-), 女, 博士, 研究方向为土壤污染修复, mjchen@soil.gd.cn。

刘承帅 (1978-), 男, 博士, 研究员, 研究方向为土壤污染控制修复, liuchengshuai@vip.gyig.ac.cn。

E113°11'30.94") 按多点采样的方式采集表层土壤(5~15 cm)。采样的时候尽量剔除土壤样品中残存的落叶、根茎和动植物残体等杂物。土壤样品保存在4℃采样箱中运输,回实验室之后,密封放置于4℃冰箱,备用。供试土壤的理化性质通过常规分析方法分析,具体测定方法参照《土壤农业化学分析》^[12]。土壤pH 5.42,有机质含量50.8 g/kg,有效氮0.17 g/kg,总氮2.57 g/kg,有效磷0.062 g/kg,总磷1.52 g/kg,有效硫0.04 g/kg,总硫0.54 g/kg。原始土壤样品未检出五氯酚。

1.2 实验设计

反应体系为0.5 g土壤(干重),土水比为1:10,PCP的初始浓度为19 μmol/L。反应在20.2 mL的西林瓶中进行,高纯氮气充气30 min排氧,然后用橡胶塞压紧,并用铝盖密封。样品置于厌氧培养箱中(25±1)℃静置培养,每隔一定时间取样,测定样品中五氯酚含量,并分析原始土壤样品、五氯酚降解率分别为10%、50%、100%以及反应时间为30 d时样品的微生物群落结构动态。取样在超净台操作,将体系反应液转移至1.5 mL的离心管中,于离心机15 000 rpm(16 163 g)离心5 min,去除上清液,重复几次,直至离心管中的土壤样品重量为0.25 g(湿重),并将样品放置于-20℃冰箱,储存待用于微生物群落结构分析。每个样品设置3个重复,文中所示数据均为平均值。

1.3 PCP及其中间产物检测

反应过程中PCP含量的测定方法为:采用50%乙醇溶剂于摇床25℃恒温,180 rpm的条件下,持续震荡一小时提取^[13],之后过滤上机。PCP的浓度由高效液相色谱仪(HPLC)测定(Waters 1525/2487,USA),色谱分析柱为XterraC18反相柱,流动相为甲醇和1%冰乙酸,比例为80:20(V/V),流速为1.0 mL/min,柱温为35℃,检测波长为295 nm^[14]。PCP降解中间产物进行衍生化之后通过气质联用仪(GC-MS)测定^[15],工作条件为分析柱为毛细管柱(30 m×0.24 mm×0.25 μm,Thermo Fisher Scientific,USA)。进样口温度200℃,离子源温度230℃。程序升温:50℃(2 min)→10℃/min→220℃→20℃/min→280℃(10 min)。

1.4 样品总DNA提取和高通量测序

土壤样品总DNA提取采用了MO BIO公司生产的PowerSoil™ DNA Isolation Kit试剂盒。提取DNA的方法按照试剂盒说明书。采用了通用引物

F515(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和R806(5'-GGA CTACVSGGGTATCTAAT-3')^[16]进行PCR扩增。PCR产物采用OMEGA纯化试剂盒进行纯化,并测定浓度,进行混样。样品混匀之后,送至深圳市千年盛世基因科技有限公司进行454焦磷酸测序。

1.5 数据分析

454焦磷酸测序数据分析如下^[17]:利用Mothur软件对焦磷酸测序数据进行降噪处理,筛查并剔除低质量序列和嵌合体序列。利用QIIME软件将序列合并为种系型(97%序列相似性),根据正向引物加入样品中特异的8-bp条形码序列将序列分配至各样品中,将得到的分析结果再用RDP进行物种分类(置信阈值为80%),分析各微生物群落的物种组成并计算多样性指数。

2 结果与分析

2.1 水稻土中PCP还原脱氯及中间产物生成动力学

五氯酚在水稻土中的还原脱氯及中间产物生成动力学如图1所示。由图可知,在厌氧条件下,水稻土中的PCP发生还原脱氯,在反应17 d时,100%的PCP发生脱氯降解;在反应30 d时,体系只存在3,5-二氯酚(Dichlorophenol,DCP)和3-氯酚(Chlorophenol,CP)。其脱氯途径为PCP→2,3,4,5-四氯酚(Tetrachlorophenol,TeCP)→3,4,5-三氯酚(Trichlorophenol,TCP)→3,5-二氯酚→3-氯酚,这与前人研究结果相同^[10]。

在自然条件下,有机氯农药降解与土壤理化性质以及土著微生物密切相关。Ide等人^[18]研究发现,PCP在水稻土中降解主要取决于土壤中微生物,理化基本性质影响较小。我们前期研究也表明水稻土中PCP的还原降解与土壤活性铁物种密切相关,然而微生物群落是主要的影响因素^[14-15]。因此,接下来本研究将深入研究PCP降解过程中,水稻土微生物群落结构动态变化。

2.2 五氯酚脱氯过程中微生物群落动态变化

2.2.1 序列数据预处理及微生物群落结构多样性分析

分别提取实验反应0、4、10、17 d,也就是土壤原样、PCP降解10%、50%、100%,以及反应30天的土壤样品(分别标记为0、4、7、17、30 d)的DNA,采用454焦磷酸高通量测序分析。经质量控制,去除嵌

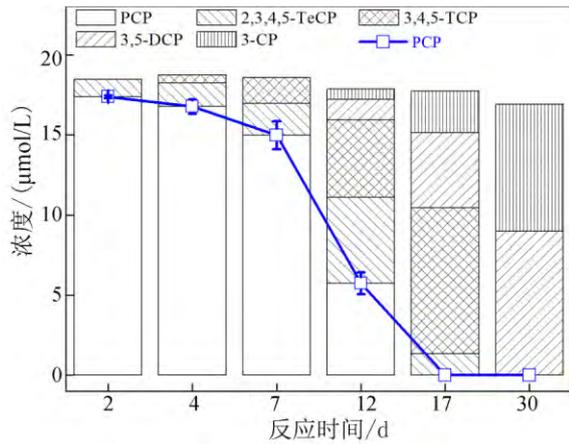


图 1 PCP 在水稻土中的还原脱氯及中间产物生成动力学
Fig.1 Reductive dechlorination of PCP and the intermediate concentration of 2,3,4,5-tetrachlorophenol (TeCP), 3,4,5-trichlorophenol (TCP), 3,5-dichlorophenol (DCP) and 3-chlorophenol (CP)

合体等一系列筛选后,本试验中的 5 个样品共获得了 34 793 条有效序列,平均每个样品约 6 959 条序列,其中样品序列数最少为 1 888 条,最多为 9 400 条。在 97% 的序列相似性标准下,共得到了 3 284 个 OTUs (Operational Taxonomic Units),分属于 9 个门,14 个纲。

将每个样品以 1 888 条序列(最小的文库序列数)为子集进行亚采样后,进行微生物群落多样性分析,分别计算了 Chao1、PD_whole_tree 以及 Observed_species 三个指标,其结果如表 1 所示。由表可知在 PCP 还原脱氯过程中,不同时间点的微生物多样性变化较大,并且生物多样性与 PCP 残留量有关。alpha 多样性指标包括 Chao1、PD_whole_tree 以及 observed species,其值都是先下降,直到 PCP 含量相对较少的时候,50% 或者完全降解, alpha 多样性指数又逐渐升高,有恢复到原始土壤的趋势。也就是说当 PCP 及其中间产物完全降解时,微生物生态会有恢复可能性。

2.2.2 优势菌群分布及变化

通过 RDP 数据库以 80% 为置信阈值进行物种分类,5 个样品在微生物的门水平共得到 14 个分类单元,其中绝大多数是细菌门类(>98%)。在这 14 个门中,其中已知优势菌门(相对丰度大于 1%)有 8 个门,其相对丰度如图 2 所示。由图可知 5 个样品中,变形菌门(Proteobacteria)的相对丰度最高,占 69.30% (45.1% ~ 79.2%);其次是酸杆菌门(Acidobacteria),相对丰度为 2.9% (2% ~ 4.5%);然后

是绿弯菌门(*Chloroflexi*) 相对丰度为 17% (0.2% ~ 65%), 疣微菌门(*Verrucomicrobia*) 相对丰度 1.86% (0.9% ~ 3.8%) 以及拟杆菌门(*Bacteroidetes*) 相对丰度 1.38% (0.8% ~ 3.2%)。

表 1 微生物群落 Alpha 多样性指数

Table 1 The Alpha diversity index of the samples

反应时间 /d	PCP 降解率 /%	Chao1	PD_whole_tree	Observed_species
0	0	4 351.98	164.00	1 065
4	10	2 937.32	109.85	775
10	50	1 951.48	95.62	596
17	100	2 087.27	98.12	644
30		2 074.56	106.84	724

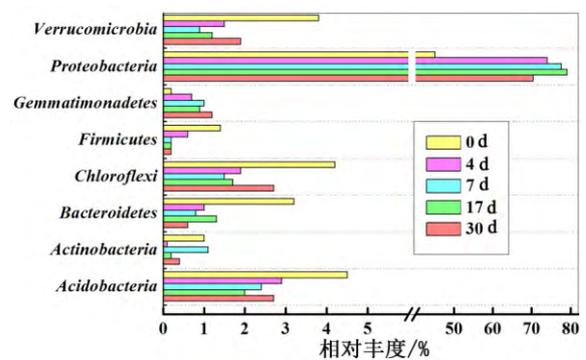


图 2 PCP 降解过程中菌门相对丰度含量
Fig.2 Relative abundance of phylum during PCP degradation

同时,图 2 从门水平揭示 PCP 降解过程中优势微生物的变化趋势。由图可知,在 PCP 降解过程中,Proteobacteria 是最主要的优势微生物菌,这个结果与前人研究是相一致的。Cea 等人^[19]的研究表明,PCP 降解过程与土壤微生物群落变化的密切相关,Proteobacteria 是 PCP 降解过程中的主要细菌门类。而且,与原始土壤相比,PCP 添加促使土壤中 Proteobacteria 的相对丰度提高,在 PCP 降解过程中(4~17 d)其丰度不断增加,而在反应 30 d 后又下降。同样,PCP 添加也提升土壤中 Gemmatimonadetes(芽单胞菌门)的相对丰度。相反,与原始土壤相比,添加 PCP 使得 Acidobacteria、Chloroflexi、Verrucomicrobia、Bacteroidetes、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria)等微生物的相对丰度下降。这些说明了 Proteobacteria 或者 Gemmatimonadetes 可能具有 PCP 耐受性,PCP 添加有利它们的生长,而不利于 Acidobacteria 等菌门的生长。

在科分类水平下,5 个样品共测得了 92 个科细菌,其中优势菌科(相对丰度大于 1%)有 23 个科,

包含了丛毛单胞菌科(*Comamonadaceae*)、伯克氏菌科(*Burkholderiaceae*)以及假单胞菌科(*Pseudomonadaceae*)等相关的具有PCP降解功能的微生物菌群。表2从科水平上揭示了PCP降解过程中主要的优势菌种变化情况。由表2可知,在原始土壤样品中(0 d)酸杆菌科(*Acidobacteriaceae*)、暖绳菌目(*Caldilineales*)和Subdivision 3是最主要的优势物种,其相对丰度分别为4.5%、3.2%和3.1%,且随着PCP加入,这些物种的相对丰度不断下降,在PCP完成被降解(17 d)时,其相对丰度分别下降为2.0%、1.2%和1.0%。然而,在反应30 d时这些物种的相对丰度又得到一定的提升恢复,其相对丰度分别为2.7%、2.1%和1.4%。

表2 PCP降解过程中菌科相对丰度含量

Table 2 Relative abundance of family during PCP degradation %

名称	0 d	4 d	10 d	17 d	30 d
<i>Neisseriaceae</i>	0.0	4.0	0.4	0.3	1.0
<i>Incertae sedis 5</i>	0.1	1.3	2.2	0.8	1.3
<i>Pseudomonadaceae</i>	0.1	3.0	3.8	4.7	1.2
<i>Gemmatimonadaceae</i>	0.2	0.7	1.0	0.9	1.2
<i>Burkholderiaceae</i>	0.2	13.9	5.7	6.9	12.2
<i>Comamonadaceae</i>	0.3	6.2	24.3	28	4.7
<i>Hydrogenophilaceae</i>	0.6	0.7	1.4	1.2	1.1
<i>Oxalobacteraceae</i>	1.2	0.7	1.6	2.6	0.8
<i>Rhodocyclaceae</i>	2.4	4.1	3.0	3.2	4.9
<i>Geobacteraceae</i>	2.8	6.4	4.1	4.0	5.4
Subdivision 3	3.1	1.3	0.8	1.0	1.4
<i>Caldilineales</i>	3.2	1.5	1.2	1.2	2.1
<i>Acidobacteriaceae</i>	4.5	2.9	2.4	2	2.7

随着PCP添加,*Burkholderiaceae*、*Comamonadaceae*、地杆菌科(*Geobacteraceae*)、红环菌科(*Rhodocyclaceae*)、*Pseudomonadaceae*等菌群的相对丰度迅速增加,成为样品中的优势菌群。早期研究表明,在纯培养体系当中,*Burkholderiaceae*、*Comamonadaceae*、*Geobacteraceae*、*Rhodocyclaceae*和*Pseudomonadaceae*均是优秀的PCP降解菌,可以使得PCP发生还原脱氯,部分菌种甚至可以矿化PCP^[20-24]。在本研究中,*Comamonadaceae*和*Pseudomonadaceae*的相对丰度在PCP降解过程中不断增加(0~17 d),其相对丰度分别从0.3%和0.1%(0 d)提高到28%和4.7%(17 d),接着又降低到4.7%和1.2%(30 d)。这两种菌的相对丰度在PCP降解过程中显著升高,当PCP完全降解之后,其相对丰度又下降。也就是说,*Comamonadaceae*和*Pseudomonadaceae*丰度变化与PCP残留量密切相

关,同时也证明了这两种菌主要参与了PCP还原脱氯过程。与之相类似,*Burkholderiaceae*、*Geobacteraceae*和*Rhodocyclaceae*的相对丰度在短时间内出现大幅度升高,从0 d的0.2%、2.8%和2.4%迅速提升到反应4天时的13.9%、6.4%和4.1%,这说明了这些细菌能够被PCP诱导,进行细胞增殖。然而,随着脱氯进行,*Burkholderiaceae*、*Geobacteraceae*和*Rhodocyclaceae*的相对丰度出现先下降(4~10 d)后上升(10~30 d)的趋势。对于氯代芳香族化合物的降解过程,在形成脱氯产物后,重要的一步是开环反应,因此对于微生物,拥有类似的开环基因并能表达出来,对于微生物的降解性能尤为重要。前人的研究表明*Burkholderiaceae*、*Geobacteraceae*和*Rhodocyclaceae*可以参与开环反应,使得PCP发生矿化^[25-26]。在本研究中,根据PCP降解动力学可知,在反应10 d时,PCP已被还原脱氯开始生成氯酚。而*Burkholderiaceae*、*Geobacteraceae*和*Rhodocyclaceae*的相对丰度出现上升,因此可推断这些细菌可能参与了PCP矿化过程。

3 结论与展望

本文通过向水稻土中施加一定量的PCP,研究PCP在水稻土中的还原转化过程及其微生物群落变化,结果发现:在水稻土中,存在丰富的微生物群落,能够促使PCP发生还原脱氯;当PCP添加在水稻土中,其微生物群落多样性发生明显降低,然而当PCP降解完之后,微生物群落多样性慢慢得到恢复;*Proteobacteria*是水稻土中最主要的优势菌门;*Burkholderiaceae*、*Comamonadaceae*、*Geobacteraceae*、*Rhodocyclaceae*和*Pseudomonadaceae*是PCP降解过程的优势菌群,可能参与了PCP还原降解过程。本文研究阐明了珠三角地区水稻土中PCP的环境行为及微生物群落动态变化,为研发高效的有机氯农药脱毒技术提供了重要的科学依据。

同时,本文仅采用高通量测序手段从群落结构与功能微生物角度分析了可能参与五氯酚还原的微生物类型,但无法确定关键性的微生物菌种是什么,今后可利用稳定性同位素碳标记的技术更有针对性地研究关键微生物菌群,采用转录组技术分析五氯酚转化过程中相关功能蛋白的表达,确定关键微生物的活性。

参 考 文 献

- [1] 杨代凤,刘腾飞,谢修庆,等. 我国农业土壤中持久性有机氯类农药污染现状分析[J]. 环境与可持续发展, 2017, 42(4): 40-43.
- [2] Hong H C, Zhou H Y, Luan T G, et al. Residue of pentachlorophenol in fresh water sediments and human breast milk collected from the Pearl River Delta, China[J]. Environment International, 2005, 31(5): 643-649.
- [3] Schneider T, Gerrits B, Gassmann R, et al. Proteome analysis of fungal and bacterial involvement in leaf litter decomposition[J]. Proteomics, 2010, 10(9): 1819.
- [4] Hayat R, Ali S, Amara U, et al. Soil beneficial bacteria and their role in plant growth promotion: A review[J]. Annals of Microbiology, 2010, 60(4): 579-598.
- [5] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. Ecology Letters, 2008, 11(3): 296-310.
- [6] Jacobsen C S, Hjelmsø M H. Agricultural soils, pesticides and microbial diversity[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2014, 27(5): 15.
- [7] 刘涛,梁永超,褚贵新. 氯甲基吡啶对滴灌棉田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2017, 25(7): 968-974.
- [8] Lovecka P, Pacovska I, Stursa P. Organochlorinated pesticide degrading microorganisms isolated from contaminated soil[J]. New Biotechnology, 2015, 32(1): 26-31.
- [9] Villemur R. The pentachlorophenol-dehalogenating *Desulfotobacterium hafniense* strain PCP-1[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B, 2013, 368(1616): 20120319.
- [10] Yoshida N, Yoshida Y, Handa Y, et al. Polyphasic characterization of a PCP-to-phenol dechlorinating microbial community enriched from paddy soil[J]. Science of The Total Environment, 2007, 381(1): 233-242.
- [11] Beelen P V, Doelman P. Significance and application of microbial toxicity tests in assessing ecotoxicological risks of contaminants in soil and sediment[J]. Chemosphere, 1997, 34(3): 455-459.
- [12] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1999.
- [13] Khodadoust A P, Suidan M T, Acheson C M, et al. Solvent extraction of pentachlorophenol from contaminated soils using water-ethanol mixtures[J]. Chemosphere, 1999, 38(11): 2681-2693.
- [14] Chen M, Shih K, Hu M, et al. Biostimulation of indigenous microbial communities for anaerobic transformation of pentachlorophenol in paddy soils of Southern China[J]. Journal of Agriculture and Food Chemistry, 2012, 60(12): 2967-2975.
- [15] Tong H, Hu M, Li F B, et al. Biochar enhances the microbial and chemical transformation of pentachlorophenol in paddy soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2014, 70(2): 142-150.
- [16] Bates S T, Berg-Lyons D, Caporaso J G, et al. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil[J]. ISME Journal, 2010, 5(5): 908-917.
- [17] Chen Y T, Li J T, Chen L X, et al. Biogeochemical processes governing natural pyrite oxidation and release of acid metalliferous drainage[J]. Environmental Science & Technology, 2014, 48(10): 5537-5545.
- [18] Ide A, Sakamoto F, Watanabe H, et al. Decomposition of pentachlorophenol in paddy soil[J]. Agricultural and Biological Chemistry, 1972, 36(11): 1937-1944.
- [19] Cea M, Jorquera M, Rubilar O, et al. Bioremediation of soil contaminated with pentachlorophenol by *Anthracophyllum discolor* and its effect on soil microbial community[J]. Journal of Hazardous Materials, 2010, 181(1-3): 315-323.
- [20] Männistö M K, Tiirola M A, Salkinoja-Salonen M S, et al. Diversity of chlorophenol-degrading bacteria isolated from contaminated boreal groundwater[J]. Archives of Microbiology, 1999, 171(3): 189-197.
- [21] Häggblom M M, Bossert I D. Dehalogenation: Microbial Process and Environmental Applications[M]. Kluwer Academic Publishers, 2003.
- [22] McAllister K A, Lee H, Trevors J T. Microbial degradation of pentachlorophenol[J]. Biodegradation, 1996, 7(1): 1-40.
- [23] Puhakka J A, Melin E S. Bioremediation of chlorinated phenols. In Bioremediation, Principles and Applications. Crawford, R.L., and Crawford, D.C. (eds) [M]. UK: Cambridge University Press, 1996: 254-299.
- [24] Wang Y B, Wu C Y, Wang X J, et al. The role of humic substances in the anaerobic reductive dechlorination of 2,4-dichlorophenoxyacetic acid by *Comamonas koreensis* strain CY01[J]. Journal of Hazardous Materials, 2009, 164(2): 941-947.
- [25] Kasai Y, Takahata Y, Manefield M, et al. RNA-based stable isotope probing and isolation of anaerobic benzene-degrading bacteria from gasoline-contaminated groundwater[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72(5): 3586-3592.
- [26] Tong H, Liu C S, Li F B, et al. The key microorganisms for anaerobic degradation of pentachlorophenol in paddy soil as revealed by stable isotope probing[J]. Journal of Hazardous Materials, 2015, 298: 252-260.

Transformation Dynamic of Pentachlorophenol and Its Effects on Microbial Communities in a Paddy Soil

HUA Jian^{1 2}, CHEN Manjia², LI Fangbai², LONG Jian¹, TONG Hui^{2 3},
LV Yahui², LIU Chengshuai³

(1.Guizhou Key Laboratory of Mountain Environment ,Guizhou Normal University ,Guiyang 550001 ,China;
2.Guangdong Key Laboratory of Integrated Agro-environmental Pollution Control and Management ,Guangdong Institute of
Eco-Environmental Science & Technology ,Guangzhou 510650 ,China; 3.State Key Laboratory of Environmental Geochemistry ,
Institute of Geochemistry ,Chinese Academy of Sciences ,Guiyang 550081 ,China)

Abstract: Batch experiments were used to investigate the kinetics of pentachlorophenol (PCP) degradation and the change of soil bacteria community in a paddy soil. Results showed that PCP (19 $\mu\text{mol/L}$) was completely degraded within 17 days. High-throughput sequencing analysis of the microbial community composition of the soils before and after reactions showed a significant shift in microbial communities responding to the PCP additives. The species evenness decreased rapidly with the addition of PCP ,and then tended to restore to the original condition. *Proteobacteria* was the most dominant phyla in all five samples. At the family level ,dechlorinating bacteria including *Burkholderiaceae* ,*Comamonadaceae* ,*Geobacteraceae* ,*Rhodocyclaceae* and *Pseudomonadaceae* dominated the PCP degradation process. These findings will enrich the detailed biodegradation of organochlorinated pesticides in such a system.

Key words: pentachlorophenol; high throughput sequencing; microbial community; reductive degradation