

接种蚯蚓对加入不同植物残体土壤微生物特性的影响^①

于建光^{1,2}, 胡 锋^{1*}, 李辉信¹, 王 同¹, 王前进¹

(1 南京农业大学资源与环境科学学院, 南京 210095; 2 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所, 南京 210014)

摘 要: 通过室内试验, 研究不同类型土壤和植物残体施用下接种蚯蚓对土壤微生物群落组成及活性的影响, 为将蚯蚓引入农田及水土流失区提供理论依据。供试土壤为黏粒含量较低的灰潮土和黏粒含量较高的典型红壤, 供试植物残体为高碳氮比的玉米秸秆和低碳氮比的三叶草, 供试蚯蚓为体型较大的威廉腔环蚓 (*Metaphire guillelmi*)。结果表明: 接种蚯蚓对微生物量碳 (MBC) 无显著影响; 不同土壤无论是否施用植物残体, 接种蚯蚓均使土壤基础呼吸 (BR) 显著增大, 尤其是不施用植物残体时; 两种土壤中不施用植物残体和施用三叶草时, 接种蚯蚓均使代谢熵 (qCO_2) 增大, 而施用玉米秸秆接种蚯蚓使 qCO_2 有下降趋势。Biolog 孔平均颜色变化 (AWCD) 在接种蚯蚓时均增大, 基质利用丰富度 (S) 和多样性指数 (H) 也增大, 且未施用秸秆时的变化较为明显; 主成分分析 (PCA) 表明接种蚯蚓后土壤微生物群落组成与结构发生了明显变化。土壤微生物群落特性变化受蚯蚓、土壤及植物残体间交互作用的影响。

关键词: 土壤; 植物残体; 蚯蚓; 微生物

中图分类号: S154.1

植物残体是土壤有机质和腐殖质的基本来源, 对土壤结构改善和功能维持有重要意义, 土壤微生物是土壤有机质循环与转化的驱动者, 其组成和活性变化影响土壤有机质的循环与转化, 从而改变土壤物质循环和养分供应。施用植物残体有助于提高土壤活性有机质含量, 增加土壤微生物可利用底物, 进而影响土壤微生物群落组成及活性^[1-4]; 已有的研究表明施用秸秆可增加土壤微生物量碳和葡萄糖苷酶活性^[5], 提高与养分循环有关酶的活性^[6], 也有助于增加由球囊霉素含量所表征的丛枝菌根真菌数量^[7]。需要强调的是植物残体施用对土壤微生物群落并非均产生正激发效应, 其效应取决于植物残体的化学组成^[8], 如狗尾草 (*Setaria sphacelata*) 施入后降低了土壤有机质矿化速率和真菌的相对丰度^[9]。

蚯蚓是大型土壤动物, 它的存在利于植物残体进入土壤, 并加快植物残体在土壤中的分解与转化^[10-11], 蚯蚓也有助于植物残体和团聚体的结合, 增加对大团聚体内包含微团聚体碳的保护^[12]。蚯蚓与土壤微生物间的相互作用非常复杂, 相关研究表明土壤中接种蚯蚓对土壤微生物群落组成及活性产生深刻影响^[13-14], 它们对土壤微生物的作用受蚯蚓类群、土壤物理化学性状、土壤肥力水平及有机残体数量与组成等因素的

影响; 如 *Aporrectodea caliginosa* 蚓喜好取食侵染玉米残体的微生物以满足自身氮素需求, 进而加快了微生物周转率^[15]; 田间施用玉米秸秆条件下接种蚯蚓能提高土壤微生物量碳含量^[16], 增加土壤氨化细菌、固氮菌、纤维素分解菌和无机磷分解菌数量^[17], 并使土壤酶的活性增强^[18]; 接种蚯蚓 *Lumbricus terrestris* 有利于镰刀菌等引发的土传病害控制^[19]。

玉米秸秆常用于改良土壤, 而三叶草常用于草坪种植, 在土地退化严重区域, 通常考虑同时施用植物残体和接种蚯蚓用于土壤修复和改良, 已有研究表明蚯蚓在不同植物残体施用下对作物生长和土壤物化性状的影响不同^[20], 但对微生物的影响仍不清楚, 而了解不同土壤和植物残体施用下接种蚯蚓对土壤微生物群落组成及活性的影响, 有助于正确评估蚯蚓、植物残体对土壤有机碳库重建及土壤生态服务功能恢复的影响, 为不同土壤中施用合适植物残体和接种有效蚯蚓品种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设置

试验分为 2 组 6 个处理, 第 1 组不接种蚯蚓, 3 个处理分别为不施植物残体 (S)、施玉米秸秆 (SM)

^①基金项目: 国家自然科学基金项目 (41171206) 资助。

* 通讯作者 (fenghu@njau.edu.cn)

作者简介: 于建光 (1975—), 男, 山西忻州人, 博士, 副研究员, 研究方向为农业废弃物处理与处置。E-mail: yujg@jaas.ac.cn

和施三叶草残体 (SC)，第 2 组接种蚯蚓，3 个处理同上分别记为 SE、SME 和 SCE。各处理均重复 3 次。

供试土壤为江苏南通的灰潮土（粉壤土）和江西南昌的典型红壤（粉黏壤土），灰潮土黏粒（ $<0.002\text{ mm}$ ）、粉粒（ $0.002\sim0.05\text{ mm}$ ）、砂粒（ $2\sim0.05\text{ mm}$ ）含量分别是 86、846、68 g/kg，典型红壤相应粒径含量分别为 318、590、92 g/kg，灰潮土与典型红壤有机碳含量分别为 2.59 和 7.12 g/kg，土壤风干过 0.25 mm 筛以便破坏全部大团聚体。

蚯蚓为威廉腔环蚓 (*Metaphire guillelmi*)，每盆接种成年蚯蚓 5 条，总生物量为 13~14 g。盆钵选用圆柱体盆钵（直径×高=10 cm×15 cm），每盆装过 0.25 mm 筛的风干土壤 400 g，盆钵顶部加筛网防止蚯蚓逃匿。玉米秸秆碳氮比为 51，三叶草碳氮比为 18.7，均粉碎为 1~2 mm，每盆 10 g 与土壤充分混匀。所有盆钵于 25℃暗室培养，定期加水保持湿度（60%田间持水量，60%WHC），培养 1 月后，挑去蚯蚓和未分解的植物残体，用于测定土壤基础呼吸、微生物生物量碳和微生物碳代谢多样性。

1.2 分析与测定方法

基础呼吸 (basal respiration, BR) 测定采用碱液吸收法；微生物生物量碳 (microbial biomass carbon, MBC) 采用氯仿熏蒸 K_2SO_4 浸提法^[21]；代谢熵 ($q\text{CO}_2$) 为基础呼吸与微生物生物量碳之比。微生物碳代谢多样性用 Biolog Eco 板测定，称取相当于 5 g 烘干土重的鲜土，放入 45 ml 0.85% 氯化钠溶液中，振荡 30 min 后，静置，倒出上清液在加样槽中，摇匀后加入 Biolog Eco 板中，每个孔中加样 125 μl ，25℃恒温培养，吸光值测定间隔为 0、1、2、3、4、5、6 天。计算 AWCD 值、碳源利用丰富度和 Shannon 多样性指数。AWCD= $[\sum(C-R)]/31$ ，其中 C 是所测 31 个反应孔的吸光值，R 是对照孔的吸光值。Biolog 碳源利用丰富度 (S) 指各孔 OD 值经对照孔 OD 值校正后相对吸光值大于 0.2 的孔数^[22]；Shannon 多样性指数 $H=-\sum Pi(\ln Pi)$ ， $Pi=(C-R)/\sum(C-R)$ ^[23]。

1.3 数据分析及统计方法

运用 SPSS 软件的 GLM 模型进行因素分析；微生物群落 Biolog 碳源利用差异采用主成分分析法 (PCA) 进行，选用各孔全培养期相对吸光值曲线对时间的面积值提取主成分^[24]，并依据所得各处理主成分得分进行分析。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物生物量碳、基础呼吸及代谢熵

培养 1 月后，土壤 MBC 含量不因土壤类型不同而

产生差异 ($P>0.05$)，也未受接种蚯蚓的影响 ($P>0.05$)，而施用植物残体显著提高 MBC 含量 ($P<0.0001$)，两种植物残体施用后不同程度增加土壤 MBC 含量，且土壤、植物残体和蚯蚓三因素间均有交互作用 (表 1)。土壤基础呼吸因土壤类型不同而差异显著 ($P<0.01$)，同时植物残体和蚯蚓因素均显著影响土壤基础呼吸 ($P<0.0001$ 和 $P<0.0001$)，其中典型红壤基础呼吸大多低于灰潮土，SM 和 SC 处理的基础呼吸均高于 S 处理，接种蚯蚓处理土壤基础呼吸多数高于未接种蚯蚓处理，因素分析表明除土壤与蚯蚓因素间无交互作用外，其他因素间均有交互作用 (表 1)。 $q\text{CO}_2$ 因土壤类型不同而差异显著 ($P<0.0001$)，同时植物残体和蚯蚓因素均显著影响 $q\text{CO}_2$ ($P<0.0001$)，其中典型红壤 $q\text{CO}_2$ 大多低于灰潮土，灰潮土中 SC 处理相比于 S 处理降低了 $q\text{CO}_2$ ，而典型红壤中 SC 处理相比于 S 处理升高了 $q\text{CO}_2$ ，两种土壤的 S 与 SC 接种蚯蚓处理均使 $q\text{CO}_2$ 有增高趋势，而 SM 处理则相反，因素分析表明土壤、植物残体和蚯蚓间均有交互作用 (表 1)。

表 1 加入不同植物残体及接种蚯蚓培养 1 个月后土壤微生物生物量碳、基础呼吸和代谢熵差异

Table 1 Contents of soil microbial biomass carbon, basal respiration and $q\text{CO}_2$ under different treatments

土壤	处理	MBC	BR	$q\text{CO}_2$
灰潮土	S	20.79(8.07)	17.13(6.20)	34.33(4.10)
	SM	194.06(21.51)	194.24(21.55)	42.12(1.96)
	SC	365.57(23.04)	125.12(23.85)	12.68(0.67)
	SE	30.20(10.12)	40.50(19.16)	55.88(10.11)
	SME	215.96(33.17)	189.72(44.51)	38.75(12.91)
	SCE	347.67(13.05)	266.21(15.78)	31.2(11.95)
典型红壤	S	31.15(9.07)	13.45(5.19)	17.99(7.23)
	SM	214.06(16.54)	95.18(20.80)	19.11(2.61)
	SC	344.68(23.69)	188.92(35.87)	24.09(6.63)
	SE	37.81(7.46)	21.72(9.83)	23.94(5.44)
	SME	314.99(30.59)	144.71(14.41)	18.33(0.30)
	SCE	316.18(13.26)	214.35(23.46)	28.25(5.19)
因素分析	土壤	NS	**	****
	植物残体	****	****	****
	蚯蚓	NS	****	****
	土壤×秸秆	****	**	****
	土壤×蚯蚓	**	NS	***
	秸秆×蚯蚓	****	**	****
	土壤×植物残	*	**	**
	体×蚯蚓			

注：MBC 单位为 mg/kg，BR 单位为 $\text{CO}_2\text{-C mg}/(\text{kg d})$ ， $q\text{CO}_2$ 单位为 $\mu\text{g CO}_2\text{-C}/(\text{mg C}_{\text{mic}}\text{h})$ ；括号内数值为标准差；*、**、***、**** 分别表示在 $P<0.05$ 、 $P<0.01$ 、 $P<0.001$ 、 $P<0.0001$ 水平影响显著，NS 表示不显著。

2.2 Biolog 平均吸光值变化

AWCD 值表征不同微生物群落对 Biolog 碳源的整体利用能力,灰潮土 24 h 内各处理 AWCD 值很小,表明在 24 h 内 Biolog 碳源未被利用或利用很小,24 ~ 72 h 的 AWCD 值线性增大,此期间 Biolog 碳源被大幅度利用;整个培养期内,均是 S 处理的 AWCD 值最小,SM 处理与 SC 处理均远大于 S 处理,接种蚯蚓处理 (SE、SME、SCE) 均大于相应未接种蚯

蚓处理 (S、SM、SC, 图 1a)。典型红壤 24 h 内各处理 AWCD 值同样很小,24 ~ 72 h 的 AWCD 值线性增大,此后趋于稳定;整个培养期均是 S 处理的值最小,而 SM 处理与 SC 处理的值大于 S 处理,且 SC 处理的值又远大于 SM 处理;接种蚯蚓处理 (SE、SME) 大于相应未接种蚯蚓处理 (S、SM),而 SCE 处理与 SC 处理在整个培养期内相差不大(图 1b)。

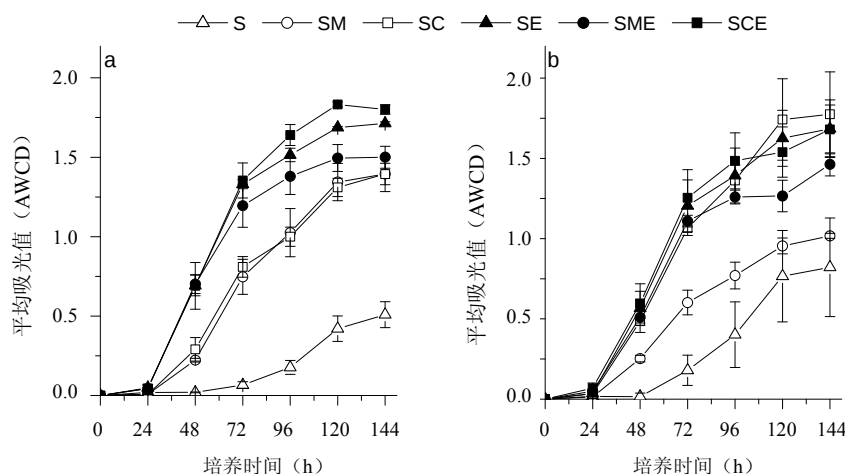


图 1 不同处理下 Biolog 平均吸光值日动态 (a 灰潮土, b 典型红壤)

Fig. 1 Dynamics of average well color density under different treatments

2.3 微生物碳代谢多样性

微生物群落碳代谢差异通过主成分分析方法进行,灰潮土主成分分析提取两个因子,因子 1 代表了 31 种碳源 (变量) 43.4% 的变异,因子 2 代表了 31 种碳源 (变量) 30.5% 的变异,其中与因子 1 和因子 2 相关性较大的碳源列于表 2;典型红壤主成分分析也提取两个因子,因子 1 代表了 31 种碳源 (变量) 43.6% 的变异,因子 2 代表了 31 种碳源 (变量) 26.4% 的变异,其中与因子 1 和因子 2 相关性较大的碳源列于表 2。

两种土壤各处理主成分分析因子得分作图可得载荷图 (图 2),灰潮土不同处理微生物群落 Biolog 碳源利用表现出明显分异,其中 S 处理在因子 1 与因子 2 上得分均最低,SM 处理与 SC 处理在因子 1 上得分均远大于 S 处理,接种蚯蚓处理 (SE、SME、SCE) 在因子 1 或因子 2 上要大于相应未接种蚯蚓处理 (S、SM、SC) (图 2a)。典型红壤 S 处理在因子 1 上得分最低,SM 处理与 SC 处理在因子 1 上得分均大于 S 处理,接种蚯蚓处理 (SE、SME) 在因子 1 与因子 2 上大于相

应未接种蚯蚓处理 (S、SM); SCE 处理在因子 1 上大于 SC 处理,而在因子 2 上相反 (图 2b)。各处理得分差异表明与因子 1、因子 2 相关的碳源利用上产生差异。

2.4 Biolog 基质利用丰富度 (S) 和多样性指数 (H)

Biolog 基质利用丰富度指微生物群落在培养期内可利用的碳源数,间接表征微生物群落的组成与复杂程度。由图 3 可知,在全培养期不论何种土壤,各处理的 S 值均逐渐增大并接近恒值;处理间均是 S 处理的 S 值最低,SM 处理和 SC 处理的 S 值远大于 S 处理;接种蚯蚓处理的 S 值均大于相应未接种蚯蚓处理的 S 值 (图 3)。

两种土壤中除 S 处理外,在全培养期的 H 值均随时间而增大,而 S 处理的 H 值均是早期由大而减小,随后再增大 (图 4);灰潮土 72 h 以及典型红壤 48 h 后,处理间关系均趋于稳定,即 S 处理的 H 值最小,而 SM 与 SC 处理的 H 值大于 S 处理的,接种蚯蚓处理的 H 值均大于相应未接种蚯蚓处理的 (图 4)。

表2 主成分分析与因子1和因子2相关性较大的碳源（相关系数 r 绝对值 >0.7 ）

Table 2 Carbon sources with high correlation coefficients on component one and component two in principal component analysis with 31 carbon sources

灰潮土				典型红壤			
因子1		因子2		因子1		因子2	
碳源	相关系数	碳源	相关系数	碳源	相关系数	碳源	相关系数
β-甲基-D-葡萄糖苷	0.748	I-赤藻糖醇	0.751	β-甲基 D-葡萄糖苷	0.910	I-赤藻糖醇	0.738
D-半乳糖内酯	0.938	衣康酸	0.707	D-半乳糖内酯	0.851	丙酮酸甲脂	0.865
D-木糖	0.851	L-苯基丙氨酸	0.818	D-木糖	0.816	γ-羟基丁酸	0.778
D-甘露醇	0.828	吐温 80	0.744	N-乙酰基-D-葡萄糖胺	0.812	衣康酸	0.727
D-纤维二糖	0.820	α-环式糊精	0.764	D-纤维二糖	0.932	L-苯基丙氨酸	0.926
葡萄糖-1-磷酸盐	0.846	肝糖	0.779	葡萄糖-1-磷酸盐	0.866	L-苏氨酸	0.820
α-D-乳糖	0.755			α-D-乳糖	0.760		
D-半乳糖醛酸	0.907			D,L-α-甘油	0.843		
D-苹果酸	0.723			D-半乳糖醛酸	0.827		
腐胺	0.888			D-苹果酸	0.833		
L-天冬酰胺酸	0.819			腐胺	0.781		
L-丝氨酸	0.733			L-天冬酰胺酸	0.732		
吐温 40	0.739			2-羟苯甲酸	0.910		
				吐温 40	0.703		
				肝糖	0.716		

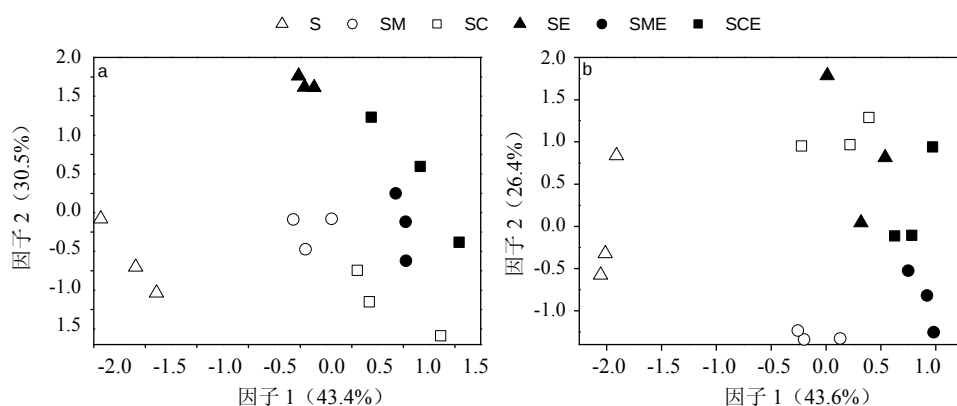


图2 各处理在31种碳源利用主成分分析所提取公因子上的载荷图（a 灰潮土，b 典型红壤）

Fig. 2 Ordination plots produced from PCA of all soils

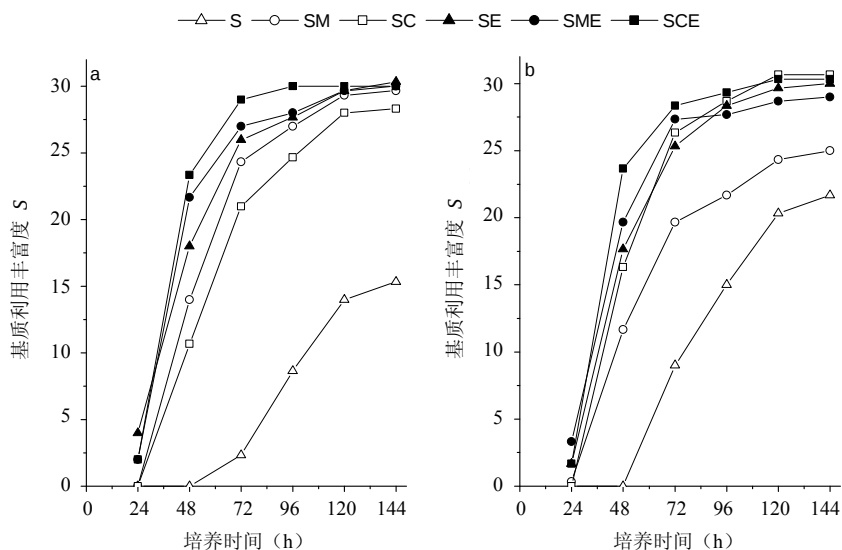


图3 不同土壤微生物群落 Biolog 基质利用丰富度（a 灰潮土，b 典型红壤）

Fig. 3 Biolog substrate utility richness of soil microbial community in different soils

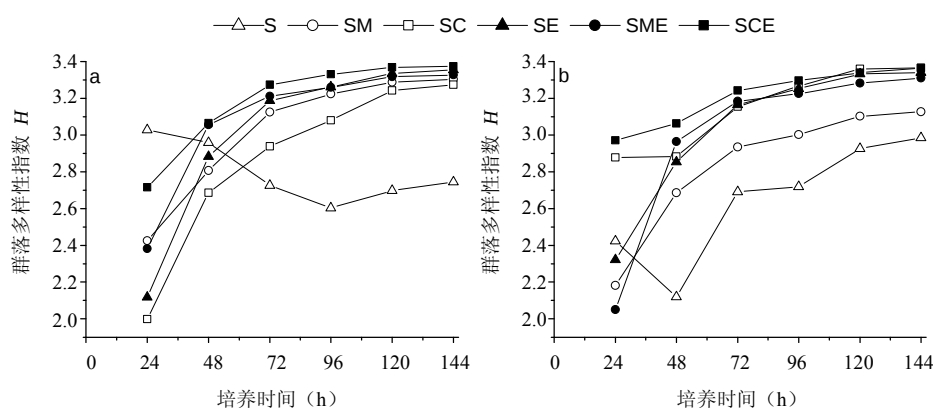


图 4 不同土壤微生物群落多样性指数 (a 灰潮土, b 典型红壤)

Fig. 4 Diversities of microbial community in different soils

3 讨论与结论

两种供试土壤的质地和有机碳含量差异较大, 典型红壤黏粒含量是灰潮土的 3 倍以上, 由于黏粒吸附的土壤有机质常因物理性保护而免于被微生物降解^[25], 因此尽管典型红壤有机碳含量远高于灰潮土 (约 3 倍), 但其 MBC 含量和 BR 值与灰潮土差异不大。已知土壤“年轻微生物”的 $q\text{CO}_2$ 值常要高于“年老微生物”的^[26], 典型红壤 $q\text{CO}_2$ 值低于灰潮土表明两种土壤微生物群落的土壤有机碳利用方式不同, 进而反映二者在组成上的差异。土壤微生物群落的结构与功能反映了生物寄居基质与非生物因素间相互作用, 其中最重要的是可利用有机底物质量^[27], 两种土壤在相同植物残体施用下土壤活性有机质含量和组成产生分异, 进而使土壤 MBC、BR 和 $q\text{CO}_2$ 不同。

植物残体施入土壤后, 增加了土壤微生物的能量与营养来源, 导致两种土壤 SM 和 SC 处理的 MBC 含量与 BR 值迅速增加或增大, 与他人的结果一致^[28-29]。 $q\text{CO}_2$ 值是 BR 和 MBC 的比值, 较小的 $q\text{CO}_2$ 值反映了土壤微生物将更多的有机质用于自身增殖, 反之将更多的有机质用于生命活动; 试验灰潮土中施用玉米秸秆和在典型红壤中施用玉米秸秆与三叶草均使 $q\text{CO}_2$ 值增大, 表明微生物群落活性的提高, 而灰潮土 SC 处理的 $q\text{CO}_2$ 值低于 S 处理的原因可能是三叶草施入土壤后, 由于碳氮比低并且灰潮土原有机碳含量也低, 因此供应土壤微生物的能量物质相对不足, 促使微生物将更多的有机质用于自身增殖所致。已有的文献表明玉米和小麦秸秆还田有助于增加土壤细菌总数、荧光假单胞菌和放线菌的数量^[30], 同时植物残体生化质

量会影响土壤微生物活性与群落组成^[31-33], 土壤微生物对植物残体的分解利用易受植物残体氮素供应的限制, 一般认为土壤微生物对碳氮比低的植物残体更易利用, 两种供试植物残体碳氮比差异明显, 当其进入土壤后土壤微生物群落不同种属微生物的增殖不一致, 导致微生物群落组成与结构发生变化, 因而使 MBC、BR、AWCD、S 值与 H 值等产生分异。

蚯蚓常被称为“生态系统工程师”^[34], 它们通过取食或混合植物残体和土壤来影响植物残体的分解与转化^[35], 通过形成蚓穴和蚓粪并在其中浓缩有机化合物而影响土壤结构, 也通过有机质的再分布与加工过程直接或间接影响微生物组成、丰富度和活性^[36]。蚯蚓通过蚓粪内微生物的富集并释放到土壤中而增加特定类群土壤微生物数量^[37]。供试蚯蚓为威廉腔环蚓 (*Metaphire guillelmi*), 体型较大, 对土壤的混合与吞咽能力较强, 可通过改变土壤微生境及直接摄食微生物而影响土壤微生物组成、功能与活性^[38-39]。尽管蚯蚓活动对 MBC 的影响不显著, 却显著影响 BR、 $q\text{CO}_2$ 及 AWCD 值, 这与他人的试验结果类似^[40-41]。Biolog 主成分分析表明接种蚯蚓后土壤微生物碳源利用方式发生显著变化, 体现在 S 值和 H 值增大, 尤其不施植物残体接种蚯蚓时。试验中由于实验方法所限, 不能测定接种蚯蚓对植物残体残留的影响, 但在试验结束进行土壤样品预处理时发现接种蚯蚓使可见植物残体的残留明显减少, 与前人的报道一致^[42]。

综上所述, 两种植物残体施入土壤均会显著提高 MBC 和 BR 值, Biolog 测定也表明施入植物残体可增加 AWCD 值, 同时改变了土壤微生物区系组成, 使微生物群落多样性增加; 在两种土壤中无论是否施用植

物残体, 接种蚯蚓均有助于提高 BR 和 AWCD 值, 改变土壤微生物碳源利用方式, 使 S 值和 H 值增大。土壤微生物群落特性变化受蚯蚓作用和土壤类型及植物残体间交互作用的影响。

参考文献:

- [1] 强学彩, 袁红莉, 高旺盛. 秸秆还田量对土壤 CO₂ 释放和土壤微生物量的影响. 应用生态学报, 2004, 15(3): 469-472
- [2] 赵勇, 李武, 周志华, 张晓军, 潘迎捷, 赵立平. 秸秆还田后土壤微生物群落结构变化的初步研究. 农业环境科学学报, 2005, 24(6): 1 114-1 118
- [3] 于建光, 李辉信, 胡锋. 秸秆施用及蚯蚓活动下土壤有机碳变化表征指标的筛选. 土壤学报, 2007, 44(5): 878-884
- [4] Nottingham AT, Griffiths H, Chamberlain PM, Stott AW, Tanner EVJ. Soil priming by sugar and leaf-litter substrates: A link to microbial groups. Applied Soil Ecology, 2009, 42(3): 183-190
- [5] Majumder B, Kuzyakov Y. Effect of fertilization on decomposition of ¹⁴C labelled plant residues and their incorporation into soil aggregates. Soil and Tillage Research, 2010, 109(2): 94-102
- [6] 李腊梅, 陆琴, 严蔚东, 王校强. 太湖地区稻麦二熟制下长期秸秆还田对土壤酶活性的影响. 土壤, 2006, 38(4): 422-428
- [7] Nie J, Zhou JM, Wang HY, Chen XQ, Du CW. Effect of long-term rice straw return on soil glomalin, carbon and nitrogen. Pedosphere, 2007, 17(3): 295-302
- [8] Zhou JB, Chen XL, Zhang YL, Liu JL. Nitrogen released from different plant residues of the Loess Plateau and their additions on contents of microbial biomass carbon, nitrogen in soil. Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(3): 123-128
- [9] Potthast K, Hamer U, Makeschin F. Impact of litter quality on mineralization processes in managed and abandoned pasture soils in Southern Ecuador. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(1): 56-64
- [10] Cortez J, Hameed R, Bouche MB. C and N transfer in soil with or without earthworms fed with ¹⁴C- and ¹⁵N-labelled wheat straw. Soil Biology and Biochemistry, 1989, 21(4): 491-497
- [11] Jr FP, Li F, Jordan D. Assessing the impact of *diplocardia ornata* on physical and chemical properties of compacted forest soil in microcosms. Biology and Fertility of Soils, 2000, 32: 166-172
- [12] Bossuyt H, Six J, Hendrix PF. Interactive effects of functionally different earthworm species on aggregation and incorporation and decomposition of newly added residue carbon. Geoderma, 2006, 130: 14-25
- [13] Hendrix PF, Peterson AC, Beare MH, Coleman DC. Long-term effects of earthworms on microbial biomass nitrogen in coarse and fine textured soils. Applied Soil Ecology, 1998, 9: 375-380
- [14] Groffman PM, Bohlen PJ, Fisk MC, Fahey TJ. Exotic earthworm invasion and microbial biomass in temperate forest soils. Ecosystems, 2004, 7(1): 45-54
- [15] Zareitalabad P, Heinze S, Rottmann N, Potthoff M, Dyckmans J, Joergensen RG. Decomposition of ¹⁵N-labelled maize leaves in soil affected by endogeic geophagous *Aporrectodea caliginosa*. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(2): 276-282
- [16] 胡锋, 王霞, 李辉信, 于建光, 王丹丹. 蚯蚓活动对稻麦轮作系统中土壤微生物量碳的影响. 土壤学报, 2005, 42(6): 965-969
- [17] 陶军, 张树杰, 焦加国, 李沙, 刘满强, 胡锋, 李辉信. 蚯蚓对秸秆还田土壤细菌生理菌群数量和酶活性的影响. 生态学报, 2010, 30(5): 1 306-1 311
- [18] Tao J, Griffiths B, Zhang S, Chen X, Liu M, Hu F, Li H. Effects of earthworms on soil enzyme activity in an organic residue amended rice-wheat rotation agro-ecosystem. Applied Soil Ecology, 2009, 42(3): 221-226
- [19] Oldenburg E, Kramer S, Schrader S, Weinert J. Impact of the earthworm *Lumbricus terrestris* on the degradation of fusarium-infected and deoxynivalenol-contaminated wheat straw. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(12): 3 049-3 053
- [20] Fraser PM, Beare MH, Butler RC, Harrison-Kirk T, Piercy, JE. Interactions between earthworms (*Aporrectodea caliginosa*), plants and crop residues for restoring properties of a degraded arable soil: The 7th international symposium on earthworm ecology · Cardiff · Wales · 2002. Pedobiologia, 2003, 47(5/6): 870-876
- [21] Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703-707
- [22] Fisk MC, Ruether KF, Yavitt JB. Microbial activity and functional composition among northern peatland ecosystems. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35: 591-602
- [23] Zak JC, Willig MR, Moorhead DL, Wildman HG. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach. Soil Biology and Biochemistry, 1994, 26(9): 1 101-1 108
- [24] Guckert JB, Carr GJ, Johnson TD, Harnm BG, Davidson DH, Kumagai Y. Community analysis by Biolog: Curve integration for statistical analysis of activated sludge microbial habitats. Journal of Microbiological Methods, 1996, 27: 183-197
- [25] Hassink J. The capacity of soils to preserve organic C and N by their association with clay and soil particles. Plant and Soil, 1997,

- 191: 77–87
- [26] Anderson TH, Domsch KH. The metabolic quotient for CO₂ (qCO₂) as a specific activity parameter to assess the effects of environmental conditions, such as pH, on the microbial biomass of forest soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 1993, 25: 393–395
- [27] Wardle DA, Giller KE. The quest for a contemporary ecological dimension to soil biology. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28: 1 549–1 554
- [28] Cayuela ML, Sinicco T, Mondini C. Mineralization dynamics and biochemical properties during initial decomposition of plant and animal residues in soil. *Applied Soil Ecology*, 2009, 41(1): 118–127
- [29] Raubuch M, Behr K, Roose K, Joergensen RG. Specific respiration rates, adenylyates, and energy budgets of soil microorganisms after addition of transgenic Bt-maize straw. *Pedobiologia*, 2010, 53(3): 191–196
- [30] Govaerts B, Mezzalama M, Sayre KD, Crossa J, Lichter K, Troch V, Vanherck K, De Corte P, Deckers J. Long-term consequences of tillage, residue management, and crop rotation on selected soil micro-flora groups in the subtropical highlands. *Applied Soil Ecology*, 2008, 38(3): 197–210
- [31] Bending GD, Turner MK. Interaction of biochemical quality and particle size of crop residues and its effect on the microbial biomass and nitrogen dynamics following incorporation into soil. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 29: 319–327
- [32] Bending GD, Turner MK, Jones JE. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34: 1 073–1 082
- [33] Meier CL, Bowman WD. Chemical composition and diversity influence non-additive effects of litter mixtures on soil carbon and nitrogen cycling: Implications for plant species loss. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(9): 1 447–1 454
- [34] Decaens T. Degradation dynamics of surface earthworm casts in grasslands of the eastern plains of Colombia. *Biology and Fertility of Soils*, 2000, 32: 149–156
- [35] Jégou D, Cluzeau D, Balesdent J, Tréhen P. Effects of four ecological categories of earthworms on carbon transfer in soil. *Applied Soil Ecology*, 1998, 9: 249–255
- [36] Li X, Fisk MC, Fahey TJ, Bohlen PJ. Influence of earthworm invasion on soil microbial biomass and activity in a northern hardwood forest. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34: 1 929–1 937
- [37] Jayasinghe BATD, Parkinson D. Earthworms as the vectors of actinomycetes antagonistic to litter decomposer fungi. *Applied Soil Ecology*, 2009, 43(1): 1–10
- [38] Bohlen PJ, Edwards CA. Earthworm effects on N dynamics and soil respiration in microcosms receiving organic and inorganic nutrients. *Soil Biology and Biochemistry*, 1995, 27(3): 341–348
- [39] Subler S, Kirsch AS. Spring dynamics of soil carbon, nitrogen, and microbial activity in earthworm middens in a no-till cornfield. *Biology and Fertility of Soils*, 1998, 26: 243–249
- [40] Daniel O, Anderson JM. Microbial biomass and activity in contrasting soil materials after passage through the gut of the earthworm *lumbricus rubellus* hoffmeister. *Soil Biology and Biochemistry*, 1992, 24(5): 465–470
- [41] Aira M, Sampedro L, Monroy F, Domínguez J. Detritivorous earthworms directly modify the structure, thus altering the functioning of a microdecomposer food web. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(10): 2 511–2 516
- [42] 庞军柱, 乔玉辉, 孙振钧, 李云乐. 蚯蚓对麦秸分解速率的影响及其对氮矿化的贡献. *生态学报*, 2009, 29(2): 1 017–1 023

Earthworm Effects on Microbial Characteristics in Different Soils Under Different Plant Debris Inputs

YU Jian-guang^{1,2}, HU Feng¹, LI Hui-xin¹, WANG Tong¹, WANG Qian-jin¹

(1 College of Resources and Environmental Science, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;

2 Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: An experiment was conducted to investigate the effects of earthworm activity on soil microbial community structure and activity under different plant debris inputs in different soils, the soil macro-aggregate were destroyed completely before the start of experiment. A soil with high-silt content and a soil with high-clay content were chosen to be tested. The debris was maize straw with high carbon to nitrogen ratio and white clover debris with low carbon to nitrogen ratio while the earthworm used was *Metaphire guillelmi* for test. The results indicated that earthworm had no significant effect on soil microbial biomass carbon. Earthworm increased soil basal respiration (BR) significantly under different plant debris inputs in different soils, especially under no plant debris input. The qCO_2 were increased at the presence of earthworm under no debris or white clover debris input, while the qCO_2 were decreased at the presence of earthworm under maize straw input. The AWCD (average well color development) and substrate richness (S) and biodiversity index (H) were increased at the presence of earthworm, and the change was more obvious under no debris input. Soil microbial community structure changed significantly at the presence of earthworm. Earthworm had interactive effects on soil microbial characteristics with soil and plant debris types.

Key words: Soil, Plant debris, Earthworm, Microbe