

高寒草地不同退化程度下土壤微生物及土壤酶活性变化特征

蒋永梅, 师尚礼, 田永亮, 卢虎, 李海云, 李建宏, 兰晓君, 姚拓

(甘肃农业大学草业学院, 草业生态系统教育部重点实验室, 中—美草地畜牧业可持续发展研究中心, 兰州 730070)

摘要: 为探讨不同退化程度对高寒草地土壤微生物及土壤酶活性的影响, 以青藏高原东北缘祁连山3种不同退化程度(轻度退化、中度退化、重度退化)高寒草地为研究对象, 测定和分析土壤3大类微生物(细菌、真菌、放线菌)和氮素生理群(氨化细菌、好气性固氮菌、嫌气固氮菌、硝化细菌、反硝化细菌)数量、微生物量(碳、氮)及土壤酶活性(蔗糖酶、脲酶、磷酸酶、过氧化氢酶)变化特征。结果表明:(1)相同土层不同退化程度, 土壤3大类微生物数量、氮素生理群、微生物量以及土壤酶活性随退化程度的加重总体呈减小的趋势, 重度退化程度下各指标含量最小, 中等退化程度可增加10—20 cm土壤放线菌、氨化细菌及反硝化细菌数量和20—30 cm土壤细菌、真菌、放线菌、好气性固氮菌、反硝化细菌数量;(2)不同土层相同退化程度, 土壤3大类微生物数量、氮素生理群、微生物量以及土壤酶活性随土层深度的加深均逐渐减小。研究结果对评价草地退化程度提供了新思路, 同时为高寒草地的恢复和重建提供了重要的理论依据。

关键词: 高寒草地; 退化程度; 土壤微生物; 土壤酶

中图分类号: S154.36

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242(2017)03-0244-06

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcxb.2017.03.041

Characteristics of Soil Microorganism and Soil Enzyme Activities in Alpine Meadows Under Different Degrees of Degradation

JIANG Yongmei, SHI Shangli, TIAN Yongliang, LU Hu,

LI Haiyun, LI Jianhong, LAN Xiaojun, YAO Tuo

(Pratacultural College Gansu Agricultural University, Key Laboratory of Grassland Ecosystem, Ministry of Education Sino - U. S. Centers for Grazing Land Ecosystem Sustainability, Lanzhou 730070)

Abstract: To explore the effects of different degrees of degradation on soil microbes and soil enzyme activities in alpine meadows, lightly degraded grassland, moderate degraded grassland and severe degraded grassland of alpine grasslands in the Qilian Mountains of the northeastern Qinghai-Tibet Plateau were chosen as the research objects. Characteristic changes of the number of soil microbes (bacteria, fungus, and actinomycetes), soil nitrogen bacteria groups (ammonifier, aerobic nitrogen fixing bacteria, anaerobic nitrogen fixing bacteria, nitrifiers, and denitrifying bacteria), soil microbial biomass (soil microbial biomass carbon and soil microbial biomass nitrogen), and soil enzyme activities (sucrose, urease, phosphatase, and catalase) were determined and analyzed in alpine meadows under different degrees of degradation. The results showed that, for the same soil layer under different degrees of degradation, the number of soil microbes, soil microbial biomass, soil nitrogen bacteria groups, and soil enzyme activities decreased with the increase of degradation degree, and each index was the lowest under severe degradation. The number of actinomycetes, ammoniated bacteria, and denitrifying bacteria in the 10—20 cm soil layer, and the number of bacteria, fungi, actinomycetes, aerobic nitrogen fixing bacteria and denitrifying bacteria in the 20—30 cm soil layer increased in the moderate degraded grassland ($p < 0.05$). For different soil layers under the same degrees of degradation, the number of soil microbes, soil nitrogen bacteria groups, soil microbial biomass, and soil enzyme activities decreased with the increase of soil depth. These results provide a new method for assessing the degradation of grasslands, and thus offering important theoretical bases for the restoration of degraded alpine meadows.

收稿日期: 2016-11-29

资助项目: 国家自然科学基金项目(31660688); 农业部现代牧草产业技术体系项目(CARS-35)

第一作者: 蒋永梅(1990—), 女, 硕士研究生, 主要从事草地微生物研究。E-mail: JYMjiangyongmei@yeah.net

通信作者: 姚拓(1968—), 男, 博士, 教授, 主要从事草地土壤微生物和草地保护研究。E-mail: yaotuo@gsau.edu.cn

Keywords: alpine meadow; degradation degree; soil microorganism; soil enzyme activities

草地是陆地生态系统的重要组成部分,在涵养水源、生物多样性保护和碳素循环过程等方面起着不可替代的生态屏障作用^[1],对保护国家生态安全具有重要意义。近年来由于人类对草地的不合理利用、全球变暖以及草原鼠虫害等的影响^[2],草地生态系统的结构和功能发生了严重退化^[3],已严重制约我国畜牧业和生态可持续发展。草地退化主要体现在植被等方面的退化,但其核心为土壤退化^[4]。因此,了解土壤性状对草地退化具有重要意义。

土壤微生物和土壤酶是土壤生物学的主要组成部分,对土壤演化与形成、物质循环和能量流动具有重要的意义^[5-6]。土壤 3 大类微生物数量可反映土壤各因素对土壤微生物的影响,及其对植物生长、土壤肥力的影响,对整个生态系统有一定的调节作用^[7];土壤中氨化细菌、固氮细菌、硝化细菌和反硝化细菌在土壤氮素循环过程中发挥重要作用,对土壤肥力及植物营养具有重要意义^[8];土壤微生物量可反映土壤生态系统结构和功能演替的特征^[9];土壤酶直接参与土壤中物质能量的循环,与土壤微生物共同参与完成土壤代谢过程,被公认为是最敏感、最具有潜力的土壤质量生物学指标^[10]。目前,许多学者已对草地退化做了大量的研究,但主要集中于植被特性(生物量、群落结构组成等)和土壤理化性质研究^[11-12],而对不同退化程度草地土壤生物学特性(土壤 3 大类微生物数量、土壤微生物氮素生理群数量、土壤微生物量及土壤酶活性)变化规律尚不明晰。因此,本文通过对青藏高原东北缘祁连山 3 种不同退化程度(轻度退化、中度退化、重度退化)高寒草地开展研究,分析了

不同退化草地土壤生物学特性变化规律,旨在对青藏高原高寒草地恢复和重建及可持续利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于甘肃省武威市天祝藏族自治县抓喜秀龙乡甘肃农业大学高山草原试验站及其周边地区。该区草地类型为 II F42 寒温潮湿(草毡土,高山草甸)类,土壤 pH 值 7.0~8.2,土壤含水量 40%~80%,有机质含量 10%~16%,全氮含量 0.5%~0.8%,全磷含量 0.056%~0.071%。海拔 2 900 m,年均降水 416 mm,集中在 7—9 月,多为地形雨。年均气温 >0.1 °C,月均气温 7 月 >10 °C,全年 >0 °C 积温为 1 300 °C,最热月 7 月仍有 0 °C 以下极端天气出现,无绝对无霜期。主要植物种类有:早熟禾(*Poa annua*)、披碱草(*Elymus dahuricus*)、鹅观草(*Roegneria kamoji*)、针茅(*Stipa capillata*)、甘肃龙胆(*Gentiana leucomelaena*)、秦艽(*Gentiana macrophylla*)、棘豆(*Oxytropis*)、醉马草(*Achnatherum inebrians*)等,另外有少量沙棘(*Hippophae rhamnoides*)、杜鹃(*Rhododendron*)、高山柳(*Salix cupularis*)、金露梅(*Potentilla fruticosa*)等灌木分布。

1.2 样地设定

综合考虑不同草地植被和土壤特性,同时基于前人在相同地段的研究,依据《天然草地退化、沙化、盐渍化的分级标准》(GB 19377-2003)^[13],在研究区内分别选择 3 种类型退化草地:轻度退化草地(LDG)、中度退化草地(MDG)、重度退化草地(SDG)(表 1)。

表 1 样地概况

样地	地点	海拔/m	特点
轻度退化(LDG)	国家级草原固定监测站	2970~2980	植被生长良好,有围栏保护(3 a),无放牧等干扰
中度退化(MDG)	甘肃农业大学高山草原站	2970~2990	植被生长较弱,有围栏保护,放牧强度适中
重度退化(SDG)	抓喜秀龙乡	2960~2990	植被低矮啃食严重,家畜践踏严重,有裸地及鼠丘,放牧压力大

1.3 样品采集

2013 年 7 月中旬,在 3 种不同退化草地内随机选取 3 个采样点,每个样点内随机选取 3 个样方,样方大小 50 cm×50 cm,利用土钻分别采集 0—10, 10—20, 20—30 cm 土壤样品后立即带回实验室分析。土样保存在 4 °C 的冰箱内(保存时间不超过 24 h),用于土壤微生物数量、微生物量、氮素生理群及土壤酶活性测定。

1.4 测定指标及方法

(1)土壤微生物数量。采用平板涂抹法测定,细菌、真菌和放线菌数量分别采用牛肉膏蛋白胨琼脂培

培养基、马丁·孟加拉红培养基和淀粉铵盐培养基^[14]。计算公式为:

$$N = \frac{auf}{vd} \quad (1)$$

式中: N 为 1 g 干土的菌数; a 为培养皿中平均菌落数; u 为稀释倍数; v 为每个培养皿中加悬浮液体积(mL); f 为鲜土重(g); d 为干土重(g)。

(2)土壤氮素生理群。氨化细菌、好气性自生固氮菌数量分别采用蛋白胨琼脂培养基、改良阿须贝无氮琼脂培养基平板培养法^[14-15]测定,计算公式同公式(1);硝化细菌、反硝化细菌和嫌气性自生固氮菌数量

分别采用玉米面培养基、改良斯蒂芬逊培养基和组合培养基稀释培养法^[17]测定。计算公式为:

$$N = \frac{Mu}{vb} \quad (2)$$

式中: N 为每 1 g 干土的菌数; M 为《数量指标计算细菌数量统计表》得出的近似值; u 为稀释倍数; v 为每管培养基中加悬浮液体积(mL); b 为干土所占百分比(%)。

(3)土壤微生物量碳、氮。采用氯仿熏蒸法测定^[15-16]。

土壤微生物量碳(SMBC)采用 $K_2Cr_2O_7 - H_2SO_4$ 外加热法测定。计算公式为:

$$SMBC = (Ec - Ec_0) / kEc \quad (3)$$

土壤微生物量氮(SMBN)采用凯氏定氮法测定。计算公式为:

$$SMBN = (En - En_0) / kEn \quad (4)$$

公式(3)和公式(4)中: Ec 、 En 为熏蒸土壤提取液中有有机碳、全氮含量; Ec_0 、 En_0 未熏蒸土壤提取液中有有机碳、全氮含量; kEc 、 kEn 为校正系数,分别为 0.38, 0.54。

(4)土壤酶活性。蔗糖酶活性采用改良 3,5-二硝基水杨酸比色法测定;脲酶活性采用靛酚蓝比色法测定;磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定;过氧化氢酶活性采用改良滴定法^[14]测定。

1.5 数据处理

数据分析前采用 Shapiro-Wilk 对数据进行正态分

布检验,发现数据均符合正态分布。不同退化程度草地间各指标均采用单因素(One-Way ANOVA) Duncan 法进行差异分析。所有数据分析均使用 SPSS 19.0 软件,并采用 Excel 2010 制图。

2 结果与分析

2.1 不同退化程度草地土壤 3 大类微生物数量特征

不同退化程度草地土壤 3 大类微生物数量大小为细菌>放线菌>真菌(表 2)。相同土层不同退化程度,0—10 cm 土壤 3 大类微生物数量表现为 LDG > MDG > SDG; 10—20 cm 细菌和真菌数量均为 LDG 最大($p < 0.05$),放线菌数量为 MDG 最大($p < 0.05$); 20—30 cm 土壤 3 大类微生物数量均表现为 MDG > LDG > SDG,且 3 个土层下 SDG 均为最小($p < 0.05$)。与 LDG 相比,MDG、SDG 下细菌数量分别减少了 17.65%~48.43%,45.1%~50.94%(除 20—30 cm MDG),真菌数量分别减少了 32.89%~68%,34.22%~62.86%(除 20—30 cm MDG 和 SDG),放线菌数量分别减少 28.33%,38.46%~97.33%(除 10—20 cm 和 20—30 cm MDG)。不同土层相同退化程度土壤 3 大类微生物数量均随土层深度的增加不断减少。可见,SDG 可使 3 大类微生物数量减小,MDG 可增加 20—30 cm 土壤 3 大类微生物数量;各退化程度草地不同土层土壤 3 大类微生物数量均随土层深度的增加不断减少。

表 2 不同退化草地土壤微生物数量特征

土层深度/cm	退化程度	细菌/($\times 10^6$ cfu \cdot g $^{-1}$)	真菌/($\times 10^3$ cfu \cdot g $^{-1}$)	放线菌/($\times 10^5$ cfu \cdot g $^{-1}$)
0—10	轻度退化(LDG)	1.59 \pm 0.02a	3.77 \pm 0.03a	1.20 \pm 0.15a
	中度退化(MDG)	0.82 \pm 0.02b	2.53 \pm 0.02b	0.86 \pm 0.03b
	重度退化(SDG)	0.78 \pm 0.01b	2.48 \pm 0.03b	0.55 \pm 0.02b
10—20	轻度退化(LDG)	0.51 \pm 0.02a	1.75 \pm 0.01a	0.71 \pm 0.04b
	中度退化(MDG)	0.42 \pm 0.01b	0.56 \pm 0.02c	0.84 \pm 0.03a
	重度退化(SDG)	0.28 \pm 0.01c	0.65 \pm 0.02b	0.36 \pm 0.02c
20—30	轻度退化(LDG)	0.13 \pm 0.01b	0.38 \pm 0.01b	0.13 \pm 0.02b
	中度退化(MDG)	0.29 \pm 0.01a	0.79 \pm 0.02a	0.48 \pm 0.02a
	重度退化(SDG)	0.09 \pm 0.01c	0.39 \pm 0.02b	0.08 \pm 0.01b

注:不同小写字母表示同一土层不同退化程度草地间同种微生物数量差异显著($p < 0.05$)。下同。

2.2 不同退化程度草地土壤氮素生理群数量特征

由表 3 可知,相同土层不同退化程度草地土壤中各氮素生理群数量差异较大,整体随着退化程度的加重呈下降趋势。0—10 cm 土壤中各氮素生理群数量均表现为 LDG > MDG > SDG ($p < 0.05$); 10—20 cm 除好气性固氮菌数量 LDG 最大外,其余均表现为 MDG > LDG > SDG ($p < 0.05$); 20—30 cm 氨化细菌数量为 LDG > MDG > SDG ($p < 0.05$),反硝化细菌数量为 MDG 最大($p < 0.05$),好气固氮菌数量为 MDG 最大($p > 0.05$),且 3 个土层下为 SDG 最小(除 20—30 cm SDG 氨化细菌

数量外)。与 LDG 相比,MDG、SDG 下氨化细菌数量分别减少 31.41%~38.46%,30.77%~50.96%(除 10—20 cm MDG),好气固氮菌数量分别减少 32.78%~38.97%,47.2%~79.47%(除 20—30 cm MDG),嫌气固氮菌数量分别减少 30.21%~68.48%,59.3%~86.85%,硝化细菌数量分别减少 20.59%~48.15%,56.79%~65.88%,反硝化细菌数量分别减少 30.54%,27.52%~67.37%(除 10—20 cm 和 20—30 cm MDG)。不同土层相同退化程度,土壤中各氮素生理群数量随土层深度增加逐渐减少。可见,SDG

会导致氨化细菌和反硝化细菌数量减小,MDG 可增加 10—20 cm 氨化细菌、反硝化细菌数量和 20—30 cm 好气性固氮菌、反硝化细菌数量。

2.3 不同退化程度草地土壤微生物量碳和氮特征

不同退化程度草地土壤微生物量碳含量为 194.97~485.40 mg/kg,土壤微生物量氮含量为 1.71~16.35 mg/kg(图 1)。相同土层不同退化程度草地土壤微生物量碳、

氮含量均表现为 LDG 最大,除 20—30 cm LDG 与 MDG 间土壤微生物量氮含量外,其余退化程度间均具有显著性差异($p<0.05$),且 3 个土层下 SDG 均为最小($p<0.05$)。不同土层相同退化程度,土壤微生物量碳、氮含量随着土层深度增加而减少。可见,SDG 可导致微生物量碳、氮含量减小,土壤表层微生物活动较活跃。

表 3 不同退化程度草地土壤氮素生理群特征

土层深度/cm	退化程度	氨化细菌/ ($\times 10^5$ cfu \cdot g $^{-1}$)	好气固氮菌/ ($\times 10^4$ cfu \cdot g $^{-1}$)	嫌气固氮菌/ ($\times 10^4$ cfu \cdot g $^{-1}$)	硝化细菌/ ($\times 10^4$ cfu \cdot g $^{-1}$)	反硝化细菌/ ($\times 10^3$ cfu \cdot g $^{-1}$)
0—10	轻度退化(LDG)	3.12 \pm 0.02a	9.11 \pm 0.06a	4.41 \pm 0.01a	1.70 \pm 0.1a	4.29 \pm 0.03a
	中度退化(MDG)	2.14 \pm 0.03b	5.56 \pm 0.24b	1.39 \pm 0.05b	1.35 \pm 0.04b	2.98 \pm 0.27b
	重度退化(SDG)	1.53 \pm 0.02c	1.87 \pm 0.05c	0.58 \pm 0.03c	0.58 \pm 0.02c	1.40 \pm 0.17c
10—20	轻度退化(LDG)	1.00 \pm 0.04b	4.24 \pm 0.14a	0.96 \pm 0.05a	0.99 \pm 0.30a	1.09 \pm 0.02b
	中度退化(MDG)	1.75 \pm 0.04a	3.85 \pm 0.03b	0.67 \pm 0.03b	0.57 \pm 0.02b	2.51 \pm 0.10a
	重度退化(SDG)	0.55 \pm 0.03c	1.42 \pm 0.02c	0.38 \pm 0.05c	0.38 \pm 0.02c	0.79 \pm 0.03c
20—30	轻度退化(LDG)	0.26 \pm 0.03a	2.50 \pm 0.10a	0.86 \pm 0.04a	0.81 \pm 0.05a	0.92 \pm 0.03b
	中度退化(MDG)	0.16 \pm 0.02b	2.57 \pm 0.06a	0.42 \pm 0.04b	0.42 \pm 0.01b	2.4 \pm 0.15a
	重度退化(SDG)	0.18 \pm 0.03c	1.32 \pm 0.05b	0.35 \pm 0.03b	0.35 \pm 0.02b	0.64 \pm 0.04b

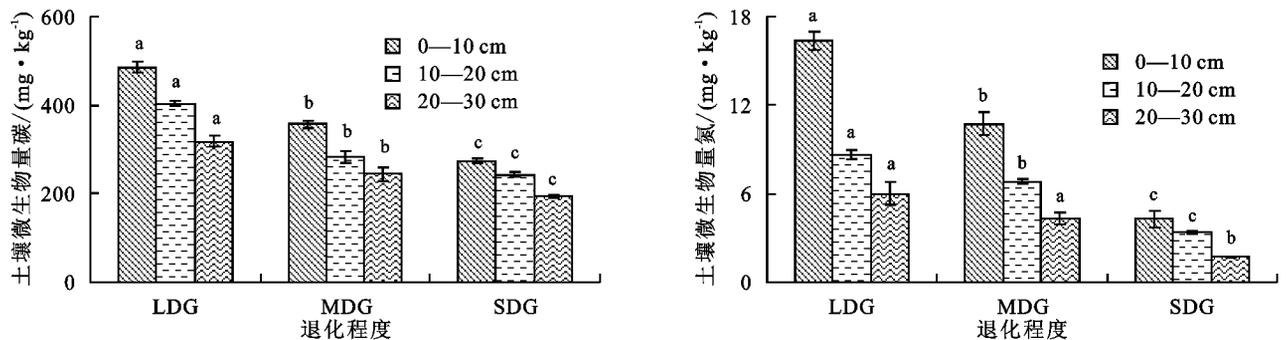


图 1 不同退化程度草地土壤微生物量碳、氮变化特征

2.4 不同退化程度草地土壤酶活性变化特征

由图 2 可知,相同土层不同退化程度草地土壤中蔗糖酶变化趋势随退化程度的加重变化不明显,脲酶、磷酸酶、过氧化氢酶活性均随退化程度的加重逐渐降低,除 20—30 cm LDG 与 MDG、SDG 间差异显著外($p<0.05$),其余均没有显著性差异($p>0.05$)。与 LDG 相比,MDG、SDG 下蔗糖酶活性分别减少 0~17.19%,0~25.52%,脲酶活性分别减少了 3.00%~17.39%,4.35%~50%,磷酸酶活性分别减少 9.68%~12%,15.38%~40.00%,过氧化氢酶活性分别减少了 3.17%~13.33%,9.52%~16.67%。不同土层相同退化程度,土壤酶活性表现为随土层的加深逐渐降低。

3 讨论

土壤是草地生态系统的基础环境,土壤退化与草地退化密切相关,由于受到自然因素和人为活动的干扰,诸如气候干暖化、家畜过度啃食与践踏、严重的鼠

虫害等方面,促使草地生态系统植被逆向演替,土壤质量明显下降,土壤向退化方面发展^[17]。土壤生物学性质是维持土壤质量的重要组成部分,能快速和准确地反映土壤系统微小的改变^[18]。本研究发现,相同土层不同退化程度草地土壤中细菌、真菌、放线菌数量和土壤微生物量碳、氮含量均随退化程度的加重呈降低的趋势,即重度退化程度下最低。究其原因,可能为重度退化区植被啃食、家畜践踏严重,裸地和鼠丘较多,使草地生态系统逐渐发生逆向演替,植被盖度降低、植物种类减少,植物凋落物及根际分泌物减少,供土壤微生物生长和繁殖的能源物质减少,从而抑制了微生物生长和繁殖^[3],这与 Wu 等^[19]研究结果一致。不同土层各退化程度草地土壤 3 大类微生物数量为细菌数量最多,放线菌次之,真菌数量最少,主要原因可能是各退化程度草地土壤微生物数量分布与其所处生境的土壤因子密切相关,该研究区域土壤 pH 值中性偏碱性(7.0~8.2),有利于中性偏碱

性的细菌生长,而不适宜喜偏酸性环境的真菌生存^[20]。随土层深度的增加,各退化程度草地土壤 3 大类微生物数量、土壤微生物量碳及土壤微生物量氮

含量逐渐减少,这可能由于草地土壤表层水热和通气条件良好,土壤有机质丰富,微生物活动旺盛,这与马红梅等^[20]研究结果一致。

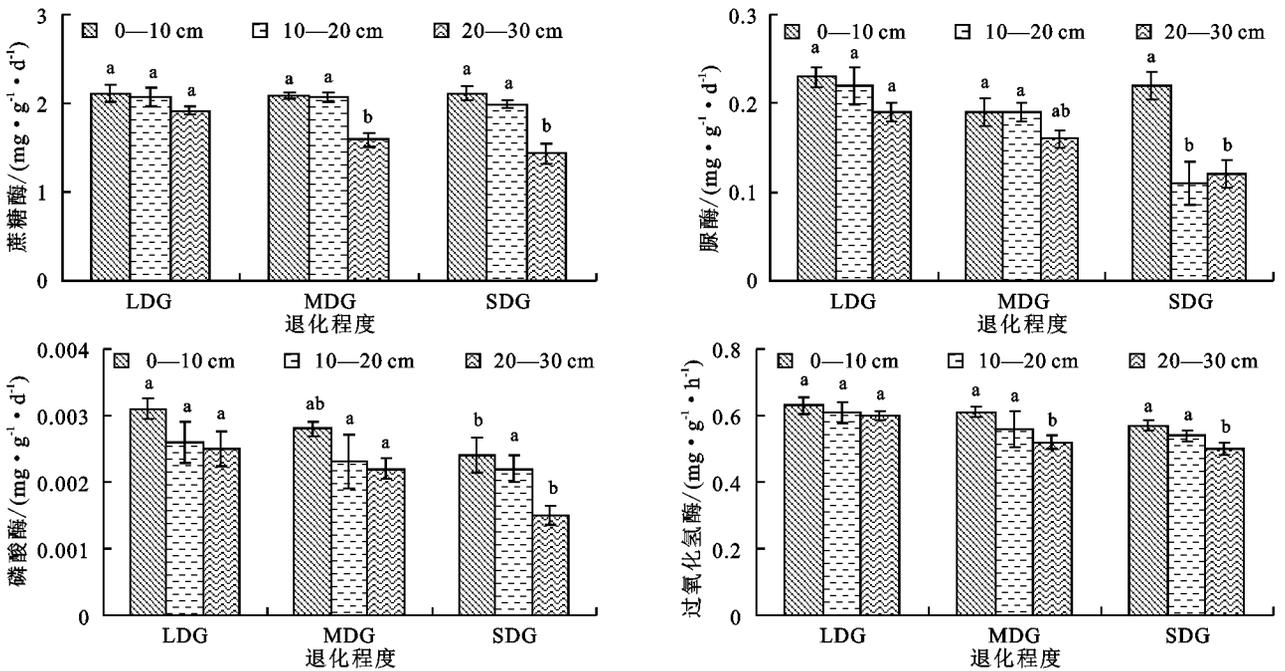


图 2 不同退化程度草地土壤酶活性变化特征

本研究结果也表明,相同土层不同退化程度草地重度退化程度土壤中各氮素生理群数量最小,这是因为草地退化使归还给土壤有机物减少,同时为氨化作用提供的基质减少,抑制了氨化细菌的生长繁殖,而土壤中易溶性有机物(根系分泌物、凋落物)消耗了氧气^[21],同时由于植物根际分泌的酚类物质和有机酸抑制硝化作用^[22],导致硝化作用、反硝化作用等一系列过程减慢,使土壤中硝化细菌和反硝化细菌数量减少。不同土层各退化程度草地土壤中各氮素生理群数量随土层深度的增加呈降低的趋势,土壤中各氮素生理群主要分布在 0—10 cm,即“表聚现象”。该区域主要有早熟禾、披碱草、鹅观草等草本植物,此类植物根系主要分布在表层土壤,根系是植物吸收营养的主要区域,也是微生物活动最活跃的区域。同时,根际微生物趋向性聚生在植物根系及根表面进行代谢活动,分解转化根系分泌物和凋落物,从而为植物生长提供有效养分^[23]。此外,表层土壤聚积大量的凋落物,有机质丰富,水热和通气状况较好,有利于各类微生物的生长和繁殖,因此氮素生理群数量也较多,这与姚拓等^[9]研究相符。

相同土层不同退化草地土壤脲酶、磷酸酶、过氧化氢酶活性均随着退化程度的加重呈降低趋势,蔗糖酶则变化不明显。其原因可能是草地退化引起植被种类、结构和生物量变化,对土壤微生物的活动和数量产生影响,而土壤微生物活性与土壤酶活性密切相

关^[17]。不同土层各退化程度草地土壤酶活性均随着土壤深度的增加而递减,这与秦嘉海等^[1]研究结果相一致。引起这一结果原因可能是表层土壤微生物生长旺盛,代谢非常活跃,呼吸强度大从而使表层的土壤酶活性较高。随着土壤深度的加深,土壤容重增大,孔隙度变小,抑制了微生物的正常活动。另外,土壤温度、水分及地下生物量也随土层的加深而下降,限制了土壤微生物的代谢产酶能力^[24]。

综上所述,高寒草地的退化与土壤微生物和土壤酶活性变化有密切的联系。因此,在恢复退化草地和可持续利用草地过程中,要十分关注土壤微环境的变化。但本文也有诸多不足之处,如未涉及土壤理化性质的调查,分析土壤生物学性质与理化性质之间的关系,以及时间尺度上不同退化草地土壤生物学特性的研究等,建议在后续的研究中应关注这些方面。高寒草地生态系统是极其复杂的,对其恢复过程有待进一步深入的研究。

4 结论

(1)相同土层不同退化程度草地,土壤 3 大类微生物数量、氮素生理群数量、微生物量及酶活性随退化程度的加重总体呈减小的趋势,其中重度退化程度下最小,中等退化程度可增加 10—20 cm 土壤放线菌、氨化细菌及反硝化细菌数量和 20—30 cm 土壤细菌、真菌、放线菌、好气性固氮菌、反硝化细菌数量,且不同退化程度间显著性差异不同。

(2)不同土层相同退化程度草地,土壤3大类微生物数量、氮素生理群数量、微生物量及酶活性随土层的加深呈减小的趋势,即呈明显的“表聚现象”。

参考文献:

- [1] 秦嘉海,张勇,赵芸晨,等.祁连山黑河上游不同退化草地土壤理化性质及养分和酶活性的变化规律[J].冰川冻土,2014,36(2):335-346.
- [2] 崔庆虎,蒋志刚,刘季科,等.青藏高原草地退化原因述评[J].草业科学,2007,24(5):20-26.
- [3] 温军,周华坤,姚步青,等.三江源区不同退化程度高寒草原土壤呼吸特征[J].植物生态学报,2014,38(2):209-218.
- [4] 蔡晓布,钱成,张永清.退化高寒草原土壤生物学性质的变化[J].应用生态学报,2007,1(8):1733-1738.
- [5] Cao C Y, Jiang D M, Teng X H, et al. Soil chemical and microbiological properties along a chronosequence of *Caragana microphylla* Lam. plantations in the Horqin sandy land of Northeast China[J]. Applied Soil Ecology, 2008, 40(1): 78-85.
- [6] Badiane N N Y, Chotte J L, Pate E, et al. Use of soil enzyme activities to monitor soil quality in natural and improved fallows in semiarid tropical regions[J]. Applied Soil Ecology, 2001, 18(3): 229-238.
- [7] Somova L A, Pechurkin N S. Functional, regulatory and indicator features of microorganisms in man-made ecosystems[J]. Advances in Space Research, 2001, 27(9): 1563-1570.
- [8] 冯慧翎,胡玉福,舒向阳,等.金针菇菌渣对川西北高寒沙地植被及土壤酶活性的影响[J].水土保持学报,2016,30(5):161-165.
- [9] 姚拓,龙瑞军,师尚礼,等.高寒草地不同扰动生境土壤微生物氮素生理群数量特征研究[J].土壤学报,2007,44(1):122-129.
- [10] 唐玉姝,魏朝富,颜廷梅,等.土壤质量生物学指标研究进展[J].土壤,2007,39(2):157-163.
- [11] 李立新,陈英智.退化演替对高山草地植被和土壤理化特性影响[J].水土保持学报,2015,35(4):40-48.
- [12] 贺凤鹏,曾文静,王墨迪,等.温带草原退化对土壤剖面微生物学特征的影响[J].微生物学通报,2016,43(3):702-711.
- [13] 苏大学,张自和,陈佐忠. GB 19733—2003 天然草地退化、沙化、盐渍化的分级指标[S].北京:中国标准出版社,2003:3-6.
- [14] 许光辉,郑洪元.土壤微生物分析方法手册[M].北京:农业出版社,1986:102-287.
- [15] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703-707.
- [16] Brookes P C, Andrea L, Pruden G, et al. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: A rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1985, 17(6): 837-842.
- [17] 冯瑞章,周万海,龙瑞军,等.江河源区不同退化程度高寒草地土壤物理、化学及生物学特征研究[J].土壤通报,2010,41(2):263-269.
- [18] Fitter A H, Gilligan C A, Hollingworth K, et al. Biodiversity and ecosystem function in soil[J]. Functional Ecology, 2005, 19(3): 369-377.
- [19] Wu X, Li Z H, Fu B J, et al. Restoration of ecosystem carbon and nitrogen storage and microbial biomass after grazing exclusion in semi-arid grasslands of Inner Mongolia [J]. Ecological Engineering, 2014, 73(11): 395-403.
- [20] 马红梅,邵新庆,张建全,等.玉树高寒草甸不同利用方式下土壤微生物的特征[J].草地学报,2015,23(1):75-81.
- [21] Lopes A R, Bello D, Prieto-Fernández á, et al. Relationships among bulk soil physicochemical, biochemical, and microbiological parameters in an organic alfalfa-rice rotation system[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, 22(15): 11690-11699.
- [22] Bremner J M, McCarty G W. Inhibition of nitrification in soil by alleochemicals derived plants and plant residues[J]. Soil Science Society of America Journal, 1991(8): 181-218.
- [23] 吴林坤,林向民,林文雄.根系分泌物介导下植物—土壤—微生物互作关系研究进展与展望[J].植物生态学报,2014,38(3):298-310.
- [24] 蒲琴,胡玉福,何剑锋,等.植被恢复模式对川西北沙化草地土壤微生物量及酶活性研究[J].水土保持学报,2016,30(4):323-328.