

天祝高寒草地植被、土壤及土壤微生物时间动态的比较

姚 拓^{1,2}, 王 刚², 张德罡¹, 龙瑞军^{1,*}

(1. 甘肃农业大学草业学院, 兰州 730070; 2 兰州大学干旱农业生态国家重点实验室, 兰州 730000)

摘要: 对天祝高寒草地 21 a 前(1982 年)、后(2003 年)植被状况、土壤理化性质、土壤三大类微生物(细菌、放线菌和真菌)和各生理群微生物(硝化细菌、好气性固氮菌和好气性纤维素分解菌)及不同退化程度(围栏内、围栏外和鼠丘地)草地土壤微生物数量变化特点进行了对比研究。结果表明:(1)与 1982 年相比, 目前该区天然草地植被总盖度、主要优良牧草种类、产草量等显著下降, 草地植被退化明显;(2)草地土壤 pH 升高, 土壤含水量、有机质、氮、磷含量均下降, 草地土壤理化性质劣于 1982 年;(3)目前该区天然草地土壤三大类微生物数量及各生理群微生物数量变化十分明显, 1982 年土壤细菌、放线菌和真菌及微生物总数分别是 2003 年的 153.6、5.5、4.1 倍和 151.2 倍; 土壤硝化细菌、好气性固氮菌和好气性纤维素分解菌数量分别是 2003 年的 5.7、43.3 倍和 94.4 倍;(4)轻度退化草地(围栏内)土壤各类微生物数量明显高于严重退化草地(围栏外、鼠丘地), 其数量前者一般为后者的 1.5~4.5 倍。

关键词: 高寒草地; 植被; 土壤; 微生物数量; 时间动态; 天祝

文章编号: 1000-0933(2006)06-1926-07 中图分类号: Q143, Q938, S812 文献标识码: A

Temporal changes of grassland vegetation, soil and soil microbial population in the Tianshu alpine region

YAO Tuo^{1,2}, WANG Gang², ZHANG De-Gang¹, LONG Rui-Jun^{1,*} (1. Pratacultural College, Gansu Agricultural University, Lanzhou, 730070, China; 2. State Key Laboratory of Arid Agroecology, Lanzhou University, Lanzhou, 730000, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(6): 1926~1932.

Abstract: Sustained overgrazing and rodent's destruction are responsible for the degradation of more than 50% of grassland in north-western China. In fact these persistent adverse effects caused a reduction in the number of high quality forage species and grassland productivity, accompanied with an increase in the incidence of weed and poisonous plants. The degradation of the grassland ecosystem causes serious social and economical problems in the region. To prevent and control grassland degradation, intensive multidisciplinary research projects have been performed in this area. However information on the microbial population changes in the grassland is scarce. Soil microbial activity plays an important and vital role in grassland ecosystem because it affect soil physical properties like the stability of aggregates, soil aeration and water holding capacity, and it is responsible of the mineralization and recycling of several important nutrients like carbon, nitrogen and phosphorus. Soil organic matter is also significantly affected by microbial activity. Thus, grassland soil microbial importance and diversity can be used as an index of

基金项目: 中国博士后科学基金资助项目(2004035176); 甘肃省科学技术攻关资助项目(2GS035-A41-001-04); 国家科技攻关计划课题资助项目(2002BA901A29)

收稿日期: 2005-04-11; 修订日期: 2005-11-21

作者简介: 姚拓(1968~), 男, 甘肃镇原人, 博士, 副教授, 主要从事草地土壤微生物资源研究. E-mail: yaotuo@gsau.edu.cn

致谢: 加拿大 Laval 大学 Hani Antoun 教授对英文摘要做了详细的修改, 在此深表感谢

* 通讯作者 Corresponding author.

Foundation item: The project was supported by China Postdoctoral Science Foundation (No. 2004035176); the Gansu Provincial Science Research Project (No. 2GS035-A41-001-04) and National Tenth 5-year Project (No. 2002BA901A29)

Received date: 2005-04-11; **Accepted date:** 2005-11-21

Biography: YAO Tuo, Ph.D. Associate professor, mainly engaged in grassland soil microbial resources. E-mail: yaotuo@gsau.edu.cn <http://www.cnki.net>

grassland health and soil fertility. The present work was performed in the alpine region of Tianshu, eastern part of the Qinghai-Tibetan Plateau, which is characterized by high altitude, important daily temperature variations with sparse air, strong radiation and low temperature. We studied the temporal changes in vegetation and soil properties, the different physiological groups of soil microorganisms and the effect of the degree of grassland deterioration on soil microbes, by comparing measurements made in 1982 with those made in 2003. In general, the vegetation condition as well as soil physical and chemical characteristics were obviously in better condition in 1982 as compared to 2003. In 2003, the parameters showing important decreases as compared to 1982, included: the dominant plant species of the vegetation coverage, forage yield, soil water content, soil organic matter, N and P content. On the contrary an increase in soil pH was observed. The total microbial population in 1982 was higher than in 2003. Soil bacterial population decreased from $\log 8.97 \text{ cfu g}^{-1}$ of dry soil in 1982 to $\log 6.79$ in 2003. Similarly from 1982 to 2003, the observed population decreases in cfu g^{-1} of dry soil were as follows: actinomycetes from $\log 6.91$ to $\log 6.17$; fungi from $\log 3.89$ to $\log 3.28$; nitrifiers from $\log 4.29$ to $\log 3.54$; aerobic nitrogen fixing bacteria from $\log 5.54$ to $\log 3.90$ and cellulose degraders from $\log 5.65$ to $\log 3.68$. The number of physiological groups was also from 1.5 to 4.5 times higher in the moderately deteriorated grassland (fenced) than in the severely deteriorated grassland (unfenced and rodents hill). The results clearly illustrate the important decline of the soil microbial population associated with the deterioration of the grassland.

Key words: alpine grassland; vegetation; soil; soil microbial population; Temporal changes; Tianshu

近些年来,由于长期过度放牧及严重鼠害等原因,我国大部分草地严重退化,从而导致植被状况发生变化,如优良牧草种类减少,产量降低,有毒有害植物扩展蔓延,草地生产力降低。同时,草地土壤环境发生了相应的改变,如土壤板结、盐碱增强、有机质含量下降等。草地日益退化引起的生态问题、经济问题和社会问题已受到人们的普遍关注和有关部门的高度重视。

为了探究退化草地的生态质量,研究草地退化机理和防止退化及退化后的治理措施,多年来不少学者从不同侧面、不同角度进行了大量研究。草地土壤微生物是草地生态系统的重要组成部分,是土壤有机无机复合体的重要组成部分^[1],在有机物质分解转化过程中起主导作用,具有巨大的生物化学活力,从而能动地影响草地生态系统中能量流动和物质转化过程,在土壤肥力评价和生物净化等方面有着重要作用。但从微生物角度探讨草地退化的研究(即草地退化的微生物机理)却相对较少。而且目前对于退化草地土壤微生物研究只见草地退化后的研究报道,尚未见到退化前后的对比研究报道。由于草地退化是一个复杂的、较为漫长的过程,只有通过一段较长的时间过程才能较准确认识这种变化。为了查清草地退化前后各类微生物数量变化动态,探寻草地退化的微生物机制,进一步认识退化草地,改良、复壮和科学管理草地,本研究采用与 21 年前(1982 年)赵勇斌先生等^[2]相同的研究方法、在相同地点对草地土壤各类微生物数量进行了对比研究,现将结果报道如下。

1 材料与方法

1.1 研究地自然概况

研究地位于甘肃省天祝县永丰滩(甘肃农业大学高山草原试验站), $37^{\circ}11' \sim 37^{\circ}13' \text{ N}, 102^{\circ}29' \sim 102^{\circ}33' \text{ E}$,海拔 2700~3300 m(本研究采样地 2970m),气候寒冷潮湿,年均温 -0.1°C ,1月份均温 -18.3°C ,7月份均温 12.7°C , $>0^{\circ}\text{C}$ 积温 1380°C ,水热同期,年日照时数 2600 h;年降水量 416 mm,多为地形雨,集中于 7、8、9 三个月份,年蒸发量 1592 mm。无绝对无霜期,仅分冷、热两季,春季常有旱象,并有暴风雪。土层厚约 40 cm~80 cm,土壤 pH 7.0~8.2,有机质含量 10%~16%。土壤以亚高山草甸土、亚高山黑钙土等为主。植被以嵩草(*Kobresia bellardii*)、苔草(*Carex* spp.)、针茅(*Stipa capillata*)、莎草(*Cyperus* spp.)、珠芽蓼(*Polygonum viviparum*)、金露梅(*Potentilla fruticosa*)、棘豆(*Oxytropis* spp.)、狼毒(*Stellera chamaejasme*)、委陵菜(*Potentilla chinensis*)、杜鹃(*Rhododendron* spp.)等为主。

1.2 材料与方法

1.2.1 土壤样品采集及理化性质测定

(1) 样地设置 在研究地选择围栏内草地、围栏外草地和鼠丘地作为研究对象, 测定并记录样地植物的主要种类、总盖度(针刺法)、高度和鲜草量等。

(2) 土壤样品采集 2003年9月在研究地(与1982年9月赵勇斌先生等^[2]相同地段的草地)以5点法采集0~20cm土壤样品, 将同一样地各样点土样混合, 按四分法除去多余土样, 留1kg左右装入灭菌信封袋或无菌聚乙烯袋后密封, 土壤带回实验室立即进行土壤微生物分离(4℃保存不超过24h)、计数^[1]。

(3) 土壤样品理化性质测定 按常规法测定土壤含水量、pH值、有机质、全磷及全氮等理化性质^[3]。

1.2.2 土壤各类微生物数量测定

(1) 真菌数量测定 采用马丁-孟加拉红培养基, 以平板表面涂抹法(稀释倍数与赵勇斌先生等一致, 下同)计数, 按公式(1)计算真菌数量^[1]。

$$\text{菌数}(\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1} \text{dry soil}) = \frac{\text{菌落平均数} \times \text{稀释倍数}}{\text{干土 \%}} \quad (1)$$

(2) 放线菌数量测定 采用改良高氏一号培养基, 以平板表面涂抹法计数, 按公式(1)计算放线菌数量^[1]。

(3) 细菌数量测定 采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基, 以平板表面涂抹法计数, 按公式(1)计算细菌数量^[1]。

(4) 硝化细菌数量测定 采用改良斯蒂芬逊培养基, 以稀释法计数, 按公式(2)计算硝化细菌数量^[1]。

$$\text{菌数}(\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1} \text{dry soil}) = \frac{\text{近似数} \times \text{稀释倍数}}{\text{干土 \%}} \quad (2)$$

(5) 好气性纤维素分解菌数量测定 采用赫奇逊(Hutchinson)氏培养基, 以平板表面涂抹法计数, 按公式(1)计算好气性纤维素分解菌数量^[1]。

(6) 好气性自生固氮菌数量测定 采用改良阿须贝(Ashby)无氮琼脂培养基, 以平板表面涂抹法计数, 按公式(1)计算好气性自生固氮菌数量^[1]。

(7) 反硝化细菌数量测定 采用组合培养基, 以稀释法计数, 按公式(2)计算反硝化细菌数量^[1]。

数据处理利用DPS软件(浙江大学, 6.05版本)。

2 结果

2.1 草地植被变化特点

对同是围栏内草地1982年和2003年的植被状况进行了对比研究, 结果见表1。

表1 1982年与2003年天祝高寒草地植被状况变化比较

Table 1 Vegetations change between 1982 and 2003 in alpine grassland of Tianshu

年份 Year	草地主要植物 Dominant species of grassland	植被盖度 Coverage (%)	鲜草量 Fresh grass mass (kg/hm ²)	可利用率 Edible(%)	备注 Remarks column
1982	早熟禾 <i>Poa</i> spp., 披碱草 <i>Elymus nutans</i> , 鹅冠草 <i>Rogneria</i> spp., 针茅 <i>Stipa capillata</i> , 莎草 <i>Carex</i> spp., 珠芽蓼 <i>Polygonum viviparum</i> , 火绒草 <i>Leontopodium leontopodioides</i> , 蒲公英 <i>Taraxacum mongolicum</i> , 委陵菜 <i>Potentilla chinensis</i> , 花苜蓿 <i>Trigonella rutenica</i> , 狼毒 <i>Potentilla fruticosa</i> , 秦艽 <i>Gentiana macrophylla</i> , 甘肃棘豆 <i>Oxytropis kansuensis</i>	90	3750~4500	80	牧草稠密, 根系交错, 每年进入土壤中有机质较多 Forage and plant roots were denseness, and more organic matter was brought into soil per year
2003	嵩草 <i>Kobresia bellardii</i> , 莎草 <i>Carex</i> spp., 针茅 <i>Stipa capillata</i> , 火绒草 <i>Leontopodium leontopodioides</i> , 秦艽 <i>Gentiana macrophylla</i> , 莎草 <i>Cyperus</i> spp., 珠芽蓼 <i>Polygonum viviparum</i> , 金露梅 <i>Potentilla fruticosa</i> , 棘豆 <i>Oxytropis</i> spp., 狼毒 <i>Potentilla chinensis</i> , 委陵菜 <i>Potentilla dianensis</i>	80	2250~3000	60	草层较低, 有毒有害植物占有较大比例 Average height of forage is lower, and the proportion of poisonous plant is higher

* 因赵勇斌先生等1982年只对围栏内草地进行研究^[2], 为便于对比, 表中2003年的数据亦均为围栏内草地, 下同 The data in the table involved in fenced grassland only; the same below

由表1可以看出: 与1982年相比, 2003年天然草地主要优良牧草种类已有明显变化, 一些种类(如早熟

禾、披碱草、鹅冠草、花苜蓿等)已退出草地主要植物种类;草地植被总盖度由1982年的90%下降至2003年的80%,产草量下降了40%~50%,可利用率由80%下降至60%。同时,草地有毒有害植物(棘豆、狼毒等)增多。由此可见,目前该地区天然草地植被状况发生了很大变化,草地植被状况及其利用价值均劣于21a前,草地已出现了明显的退化现象。

2.2 草地土壤理化性质变化特点

对围栏内草地1982年与2003年的土壤理化性质变化进行了对比研究,结果见表2。

表2 1982年与2003年天祝高寒草地土壤理化性质变化比较

Table 2 Change of soil physical and chemical characters between 1982 and 2003 in alpine grassland of Tianshu

年份 Year	pH	水分 Water content (%)	有机质 Organic matter (%)	全氮 Total N (%)	全磷 Total P (%)
1982	7.5	38.43	14.02	0.802	0.071
2003	8.0	25.94	13.25	0.680	0.062

由表2可以看出:1982年与2003年相比,天然草地土壤理化性质发生了明显变化。与21a前相比,草地土壤pH升高,土壤含水量下降了32.5%,土壤有机质含量降低了5.5%,虽然土壤全磷与全氮含量属较为稳定的一类指标,但也有一定程度的变化,如全氮含量降低了15.25%,全磷含量降低了12.7%。上述结果表明该地区草地土壤环境已明显退化。

2.3 围栏内草地土壤微生物变化特点

对1982年与2003年围栏内草地土壤三大类微生物(细菌、放线菌和真菌)及各生理群微生物数量变化进行了对比研究,结果见表3、表4。

表3 1982年与2003年天祝高寒草地土壤三大类微生物数量变化($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)

Table 3 The number of soil microorganisms between 1982 and 2003 in alpine grassland of Tianshu ($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)

年份 Year	细菌 Bacteria	放线菌 Actinomycetes	真菌 Fungi	微生物总数 Total
1982	9.49×10^8 a	8.29×10^6 a	7.89×10^3 a	9.57×10^8 a
2003	6.18×10^6 b	1.51×10^6 b	1.92×10^3 b	6.33×10^6 b

* 因赵勇斌先生等1982年只测定9月份微生物数量,为便于对比,表中2003年的数据亦为9月份的测定值(表4同);各处理间字母相同表示差异不显著,不同表示差异显著($p < 0.05$),下同 The data in the table involved in September only (the same as table 4); The same or different letters mean no significant or significant difference between the treatments ($p < 0.05$); the same below

由表3、表4可以看出:1982年与2003年相比,天然草地土壤三大类微生物和各生理群微生物数量变化十分明显。1982年土壤细菌、放线菌和真菌及微生物总数分别是2003年的153.6、5.5、4.1和151.2倍;1982年土壤硝化细菌、好气性固氮菌和好气性纤维素分解菌数量分别是2003年的5.7、43.3和94.4倍。

2.4 不同退化程度草地土壤微生物数量变化特点

为了解草地不同退化程度土壤微生物的变化情况,2003年7、8和9月在研究地选取不同退化程度的草地,即:轻度退化草地(围栏内草地)与严重退化草地(围栏外草地和鼠丘地),测定土壤三大类微生物和各生理群微生物数量的变化,结果见表5和表6。

由表5、表6可以看出:不同退化程度草地土壤三大类微生物和各生理群微生物数量变化虽各有特点,但总趋势均为:轻度退化草地(围栏内草地)数量均高于严重退化草地(鼠丘地和围栏外草地),其数量一般前者为后者的1.5~4.5倍。如三大类微生物总数:围栏内草地分别为鼠丘地和围栏外草地的1.3和1.8倍;硝化细菌:围栏内草地分别为鼠丘地和围栏外草地的2.3倍和4.4倍;纤维素分解菌:围栏内草地分别为鼠丘地和围栏外草地的1.9倍和2.3倍。

表4 1982年与2003年天祝高寒草地土壤各生理群微生物数量变化($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)

Table 4 The number of microorganism physiological groups between 1982 and 2003 in alpine grassland of Tianshu ($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)

年份 Year	硝化细菌 Nitro bacteria	好气性固氮菌 Aerobic nitrogen fixing bacteria	好气性纤维素分解菌 Aerobic cellulose de composer
1982	1.99×10^4 a	3.51×10^5 a	4.53×10^5 a
2003	3.52×10^3 b	8.10×10^3 b	4.80×10^3 b

表 5 不同退化程度草地土壤微生物数量变化($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)Table 5 The number of microorganisms in different degraded grassland ($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)

样地 Sample site	真菌 Fungi ($\times 10^3$)	放线菌 Actinomycetes ($\times 10^6$)	细菌 Bacteria ($\times 10^6$)	微生物总数 Amount of microorganisms ($\times 10^6$)
围栏外草地 Unfenced grassland	1.91a	1.50a	6.97a	8.47a
鼠丘地 Rodent hill	2.55b	1.69a	10.46b	12.15b
围栏内草地 Fenced grassland	2.85c	2.55b	12.80c	15.35c

表中数据为 2003 年 7 月 5 日、8 月 19 日和 9 月 26 日 3 次采样的平均值 (表 6 同) The data in the table is average value of 5 July, 19 August and 26 September (the same as table 6)

表 6 不同退化程度草地土壤各生理群微生物数量变化($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)Table 6 The number of microorganism physical groups in different degraded grassland ($\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ dry soil)

样地 Sample site	硝化细菌 Nitrobacteria ($\times 10^3$)	好气性固氮菌 Aero-nitrogen fixing bacteria ($\times 10^4$)	反硝化细菌 Denitrobacteria ($\times 10^4$)	纤维素分解菌 Celluloses decomposer ($\times 10^3$)
围栏外草地 Unfenced grassland	1.39a	4.60a	1.38a	12.21a
鼠丘地 Rodent hill	2.63b	5.94b	1.44a	10.16b
围栏内草地 Fenced grassland	6.13c	7.31c	2.08b	23.62c

3 讨论

(1) 本研究表明, 与 1982 年相比, 该区草地植被、土壤已明显退化。出现这一现象的主要原因是过度放牧、不合理利用及鼠害等。如该区目前草地超载幅度达 23.85%, 畜均草地占有量由建国初的 2.25 hm^2 减少到现在的 0.62 hm^2 , “三化”草地占草地总面积的 36.25%。在可利用草地面积减少(垦草种田、鼠害及毒杂草入侵等)、放牧压力急剧增大的同时, 草地气候状况也逐渐向不利于牧草生长的方向变化(如年均温增长、年均降雨量减少、年均草原湿润度值下降等^[4]), 导致草地植被盖度减小, 草层高度降低, 产草量下降, 一些地方出现裸地, 遮荫程度和涵养水源能力变差, 地表水分蒸发较快, 土壤湿度下降, 其盐基离子的淋溶被削弱, 甚至会随水分蒸发而出现表层盐分累积的趋势, 引致 pH 值上升^[5], 同时土壤有机质及全磷、全氮含量下降(表 2), 最终导致草地植被和土壤环境明显退化。

(2) 与 1982 年相比, 目前该区天然草地土壤微生物数量变化十分明显(表 3~ 表 6), 主要原因是草地植被及土壤退化引起凋落物、根系分泌物及土壤养分等减少, 微生物生存与繁殖环境变劣, 土壤微生物数量和活性大幅下降。三大类微生物中, 细菌变化最大, 其次是放线菌, 真菌变化最小, 这是因为草地退化导致土壤偏碱性, 有机质含量降低, 这种环境对于喜欢偏酸性、好氧的真菌不太适应, 故真菌数量较少, 而存活下来的真菌具有较强的适应性(如青霉、曲霉等), 适应环境变化的幅度较大, 在导致草地退化的干扰压力下数量变化较小; 相对于细菌, 放线菌具有较强适应性(如能够适应较低的土壤湿度等), 同时由于凋落物多为家畜难以啃食的含木质成分较高、难以分解的物质, 这对于更多地参与植株中较难分解物质分解的放线菌影响不是很大^[6], 但是对细菌影响很大。另外, 退化草地植物种类较为简单, 且有毒植物(如狼毒等)种类增多、盖度较大, 其化感作用对其他植物乃至草地微生物也有影响^[7]。此外, 由于草地凋落物累积少, 好气性纤维素分解菌数量下降明显, 而土壤中的纤维素分解菌与固氮菌之间存在着相互依存, 共同消长的相辅相成关系^[8~9], 且土壤中这两类菌的数量状况和土壤有机质的含量之间存在密切的正相关性, 故纤维素分解菌数量减少必然会引起好气性固氮菌数量减少。同时, 草地凋落物减少使得生物体含氮物质(主要是蛋白质)的分解物(氨基酸和氨)减少, 引起将氮转化为硝酸(硝化作用)的硝化细菌数量减少^[11]。由此可见, 草地土壤各类微生物之间存在着一定的互作与千丝万缕的联系, 一个或一些因素的改变往往会导致整个微生物系统的变化, 甚至引起整个草地生态系统的一些变化。因此, 在草地生态系统的管理及开发利用中, 不但要注重草地植被, 同时更要关注土壤环境变化, 如土壤微生物等的变化, 要有全局的观点。

(3) 同一时间内, 轻度退化草地(围栏内草地)土壤微生物数量均高于严重退化草地(鼠丘地和围栏外草地, 表 3、表 4), 这与大多数学者的研究结果一致^[9~12]。轻度退化草地植物种类相对围栏外草地较为丰富(表 7), 枯草层较厚, 植物生长旺盛, 根际分泌物较多, 故土壤微生物数量也较大; 鼠丘地虽土壤疏松, 但植被和凋

落物少, 土壤有机质含量低, 盐碱较大, 土壤含水量变化大, 对微生物生存不利, 数量较少; 围栏外草地样品主要取自于牧道周围, 由于家畜过度采食和践踏, 草地退化严重, 植被及凋落物很少, 土壤较紧实, 通气性差, 偏碱性, 有机质含量低(表7), 故微生物数量更少。

表7 不同退化程度草地植物种类和土壤状况

Table 7 Vegetation and soil physical-chemical characters of different degraded grassland in Tianshu

样地 Sample site	主要植物种类 Main plant species	盖度 Coverage (%)	高度 Height (cm)	植物鲜重 Fresh mass (kg/hm ²)	pH	水分 Water content (%)	有机质 Organic matter (%)	全氮 Total N (%)	全磷 Total P (%)	备注 Remark column
围栏外草地 Unfenced grassland	嵩草 <i>Kobresia bellardii</i> ,									
	苔草 <i>Carex</i> spp., 马蔺									
	<i>Iris ensata</i> , 珠芽蓼									
	<i>Polygonum viviparum</i> ,									
	棘豆 <i>Oxytropis</i> spp., 狼毒 <i>Stellera chamaejasme</i> , 委陵菜	40	20	1200	8.2	18.81	11.25	0.49	0.048	牧道周围, 土壤紧实 Nearby animal road, tight soil
	<i>Potentilla chinensis</i>									
鼠丘地 Rodent hill	微孔草 <i>Microula sikkimensis</i> , 香薷 <i>Elsholtzia aliate</i> , 珠芽蓼									
	<i>Polygonum viviparum</i> ,	35	30	1350	8.2	21.87	11.68	0.53	0.047	原生植被已遭破坏 Original vegetation damaged
	棘豆 <i>Oxytropis</i> spp., 委陵菜 <i>Potentilla dinensis</i>									
	嵩草 <i>Kobresia bellardii</i> ,									
	苔草 <i>Carex</i> spp., 针茅									
	<i>Stipa capillata</i> , 珠芽蓼									
围栏内草地 Fenced grassland	<i>Polygonum viviparum</i> ,									
	金露梅 <i>Potentilla fruticosa</i> , 棘豆	80	40	2250	8.0	25.94	13.25	0.68	0.062	
	<i>Oxytropis</i> spp., 火绒草									
	<i>Leontopodium leontopodioides</i> , 委陵菜 <i>Potentilla chinensis</i>									

此外, 植物群落类型也影响土壤微生物的数量分布, 因为微生物主要以植物残体为营养源, 植物残体质和量的差异必然导致土壤微生物在各植物群落中分布的不均一性^[10, 13~18]。同时, 人为活动和其他干扰(如放牧家畜践踏^[19~22]、施肥等)也对土壤微生物的数量分布产生较大影响^[9, 22]。而研究地不同退化程度草地土壤环境因子(包括微环境)、植物群落类型、植被量与凋落物量、干扰类型与程度各不相同, 因而导致不同退化程度草地土壤各类微生物之间数量上的较大差异。

References:

- [1] Xu G H, Zheng H Y. Manual on analysis methods of soil Microbiology. Beijing: Agriculture Press, 1986. 246~248
- [2] Zhao Y B, Hu M R, Shao Y T. A study on soil fertility and microbial ecology in the Yongfengtan alpine grassland in Tianshu of Gansu. Grassland of China, 1984, 6 (3): 65~73.
- [3] Lu R K. Method of soil agricultural chemistry analysis. Beijing: Chinese Agricultural Science and Technology Press, 2000. 147~195.
- [4] Bai X M, Pu X P. The analyses of climate change of alpine meadow grassland in Jinjianghe of Gansu Province. Praticultural Science, 2003, 20 (7): 51~53
- [5] Zhang D G. Study on *Rhododendron* shrub land ecosystem in eastern Qian Mountains. Lanzhou: Gansu Education Press, 2003. 162~170.
- [6] Liao Y N, Zhang G Z, Zhao J. The microbial characteristics of decomposing on plant material of *Anemonelepidium dinense* and *Stipa grandis* in different phonological periods in steppe. Research on grassland ecosystem (No. 4), Beijing: Science Press, 1992. 151~158.
- [7] Zhang B S, Bai X F, Gu L H, et al. Study on allelopathy and natural degeneration phenomena of artificial grassland on alpine meadow. Acta Ecologica Sinica, 1989, 9 (2): 115~120.
- [8] Tan D N, Hua Z L, Wang Y H, et al. Analysis of main soil microorganisms and its fertility in Gansu. Acta Agriculturae Universitatis Gansu, 1986, 21 (8) 1994-2012 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. <http://www.cnki.net>

(1): 63~ 69.

- [9] Ma L P, Zhang D G, Yao T. Study on the dynamic of soil cellulose decomposer in alpine grassland under disturbance in Tianshu. Grassland and turf, 2005, (1): 29~ 33.
- [10] Guo J X, Zhu T C. Study on numbers and biomass of soil microorganism in *Anemonepudicum Chinense* Grassland. Acta Ecologica Sinica, 1997, 17(1): 78~ 82.
- [11] Liu S G, Long Zhang F, Ge S R. Studies on soil Microorganism Numbers and Microbiota of Degenerated Range lands in Northwest Region of Sichuan, China. Acta Prataculturae Sinica, 1994, 3(4): 70~ 76.
- [12] Nehl D B, Allen S J, Brown J F. Deleterious rhizosphere bacteria: an integrating perspective. Appl. Soil Ecol., 1996, 5: 1~ 20.
- [13] Christie P, Newman E I, Campbell R. The influence of neighboring grassland plants on each other's endomycorrhizas and root surface microorganisms. Soil Biol Biochem, 1978, 10: 521~ 527.
- [14] Wardle D A, Nicholson K S. Synergistic effects of grassland plant species on soil microbial biomass and activity: implications for ecosystem-level effects of enriched plant diversity. Funct Ecol, 1996, 10: 410~ 416.
- [15] Luo M, Qin W. The ecological distribution of soil microorganisms in desert saline grassland in Xinjiang. Grassland of China, 1995, 17(5): 29~ 33.
- [16] Yao T, Yang J X, Jing Y, et al. Population and ecological characteristics of soil fungi in larch plantation on Qinling Mountains. Chinese Journal of Ecology, 1998, 17(4): 7~ 13.
- [17] Werner D. Organic signals between plants and microorganisms. In: Pinton R, Varanini Z, Nannipieri P. eds. The Rhizosphere, Biochemistry and Organic Substances at the Soil-Plant Interface. Marcel Dekker, Inc. N.Y., 2001. 197~ 222.
- [18] Antony J B, Janice L S, Heather M K, et al. Studies on the microbial populations of the rhizosphere of big sagebrush (*Artemesia tridentata*). J. Ind. Microbiol. and Biotechnol, 2004, 31(6): 278~ 288.
- [19] Holt J A. Grazing pressure and soil carbon, microbial biomass and enzyme activities in semi arid northeast Australia. Applied Soil Ecology, 1997, 5, 143~ 149.
- [20] Gao Z Y, Han X G, Wang S P. The effects of grazing on grassland soils. Acta Ecologica Sinica, 2004, 24(4): 790~ 797.
- [21] Hou F J, Chang S H, Yu Y W, et al. A review on trampling by grazed livestock. Acta Ecologica Sinica, 2004, 24(4): 784~ 789.
- [22] Zhao J, Liu P, Shao Y Q, et al. Effect of artificial factors on microorganism and biological activity in soil of steppe. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Neimonggol, 1996, 27(4): 568~ 572.

参考文献:

- [1] 许光辉, 郑洪元主编. 土壤微生物分析方法手册. 北京: 农业出版社, 1986. 246~ 248.
- [2] 赵勇斌, 胡美蓉, 邵煜庭. 甘肃天祝永丰滩高山草原土壤肥力状况及微生物生态的研究. 中国草原, 1984, 6(3): 65~ 73.
- [3] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000. 147~ 195.
- [4] 白小明, 蒲小鹏. 金强河地区高寒草地气候变化分析. 草业科学, 2003, 20(7): 51~ 53.
- [5] 张德罡著. 东祁连山杜鹃灌丛生态系统研究. 兰州: 甘肃教育出版社, 2003. 162~ 170.
- [6] 廖仰南, 张桂枝, 赵吉. 草原羊草(*Anemonepudicum chinense*)和大针茅(*Stipa grandis*)不同物候期植株分解的微生物特性. 草原生态系统研究(第4集). 北京: 科学出版社, 1992. 151~ 158.
- [7] 张宝深, 白雪芳, 甄润德. 生化他感作用与高寒草甸人工草场自然退化现象的研究. 生态学报, 1989, 9(2): 115~ 120.
- [8] 谭东南, 华珠兰, 王月华, 等. 我省主要土壤微生物数量及其肥力状况分析. 甘肃农大学报, 1986, 21(1): 63~ 69.
- [9] 马丽萍, 张德罡, 姚拓. 天祝高寒草地不同扰动生境纤维素分解菌数量动态研究. 草原与草坪, 2005(1): 29~ 33.
- [10] 郭继勋, 祝廷成. 羊草草原土壤微生物的数量和生物量. 生态学报, 1997, 17(1): 78~ 82.
- [11] 刘世贵, 葛绍荣, 龙章富. 川西北退化草地土壤微生物数量与区系研究. 草业学报, 1994, 3(4): 70~ 76.
- [12] 罗明, 邱沃. 新疆平原荒漠盐渍草地土壤微生物生态分布的研究. 中国草地, 1995, 17(5): 29~ 33.
- [13] 姚拓, 杨俊秀, 景耀, 等. 秦岭落叶松林土壤真菌种群及其生态特性研究. 生态学杂志, 1998, 17(4): 7~ 13.
- [14] 高志英, 韩兴国, 汪诗评. 放牧对草地土壤的影响. 生态学报, 2004, 24(4): 790~ 797.
- [15] 侯扶江, 常生华, 于应文, 等. 放牧家畜的践踏作用作用研究评述. 生态学报, 2004, 24(4): 784~ 789.
- [16] 赵吉, 刘萍, 邵玉琴, 等. 人为因素对草原土壤微生物和生物活性的影响. 内蒙古大学学报(自然科学版), 1996, 27(4): 568~ 572.