

# 短期放牧对草甸草原土壤微生物与 土壤酶活性的影响

曹淑宝<sup>2</sup> 刘全伟<sup>1</sup> 王立群<sup>2\*</sup> 王浩然<sup>2</sup> 王婧瑶<sup>2</sup>

- (1. 中国农业科学院呼伦贝尔草原生态系统国家野外科学观测研究站 内蒙古 呼伦贝尔 021008)  
(2. 东北农业大学 生命科学学院 黑龙江 哈尔滨 150030)

**摘要:** 【目的】为呼伦贝尔草甸草原生态系统的保护、恢复及重建提供微生物学基础数据。了解草原土壤微生物和酶活性对放牧强度的响应。【方法】分别采集六个不同放牧强度的土壤样品,测定土壤微生物数量、土壤微生物量和土壤酶活性,分析短时期不同放牧强度土壤微生物数量、土壤微生物量和土壤酶活性的变化特征及其相互关系。【结果】不同放牧强度下,菌群数量分布为细菌>放线菌>真菌;土壤微生物数量、微生物量均表现为放牧区高于对照区;在土壤表层(0-10 cm),土壤过氧化氢酶、转化酶和蛋白酶活性表现出随放牧强度的增加先上升后略降的趋势,且放牧区均高于对照区,与土壤表层比较,在较深层(10 cm-20 cm),土壤细菌、真菌的数量和微生物量碳、氮下降幅度随放牧强度的增大而增大。土壤微生物数量、微生物量及土壤酶活性的垂直分布为 0-10 cm>10 cm-20 cm。相关分析结果表明:放牧干扰条件下,土壤微生物数量与微生物量之间均存在显著或极显著的相关性。土壤酶活性与微生物数量、微生物量密切相关,过氧化氢酶、转化酶与细菌、放线菌极显著相关( $P<0.01$ )、与微生物量碳显著相关( $P<0.05$ );蛋白酶与真菌及微生物量碳、氮极显著相关( $P<0.01$ ),与细菌显著相关( $P<0.05$ )。【结论】适度放牧可使土壤微生物数量、微生物量和土壤酶活性增加。土壤微生物数量、微生物量与土壤酶活性之间具有密切关系。

**关键词:** 放牧强度, 微生物数量, 土壤微生物量, 土壤酶活性

基金项目: 中国农业科学院呼伦贝尔草原生态系统国家野外科学观测研究站开放课题(No. 2010-06)

\*通讯作者: ✉: caoshubao2@163.com

收稿日期: 2011-10-17; 接受日期: 2011-11-25

# Effect of short-term grazing on soil microorganisms and soil enzyme activities in Meadow Steppe

CAO Shu-Bao<sup>2</sup> LIU Quan-Wei<sup>1</sup> WANG Li-Qun<sup>2\*</sup> WANG Hao-Ran<sup>2</sup>  
WANG Jing-Yao<sup>2</sup>

(1. *Ecosystem National Observatory System of Hulunbeier Grassland Chinese Academy of Agricultural Science, Hulunbeier, Inner Mongolia 021008, China*)

(2. *College of Life Science, Northeast Agricultural University, Harbin, Heilongjiang 150030, China*)

**Abstract:** [Objective] In order to provide microbiology basis for protection, restoration and reconstruction of meadow steppe ecosystem in Inner Mongolian Region. To investigate the response of grassland soil microbes and enzyme activity in different grazing intensity. [Methods] Soil samples were collected from six different grazing intensity, the variation of different grazing intensities on the soil microorganisms, soil microbial biomasses (Carbon and nitrogen), soil enzyme activity and the interrelationship among them were analysed. [Results] The results showed that the number of microorganisms in different grazing areas had the same changing trends: bacteria>actinomycetes>fungi. The number of soil microorganisms and soil microbial biomass (Carbon and nitrogen) were higher in grazing areas than no-grazing areas. In 0–10 cm soil depth, the trend of the activities of catalase, invertase and protease was performed increased first and then decreased along with the increasing of grazing intensity. Moreover the activities of these enzymes in grazing areas was higher than no-grazing area. Compared with 0–10 cm, the descending range of the number of bacteria and fungi and the microbial biomasses (Carbon and nitrogen) were increased along with the increasing of grazing intensity in 10 cm–20 cm soil depth. The number of soil microorganism, soil microbial biomass, the activity of soil enzyme were higher in soil depth 0–10 cm than 10 cm–20 cm in the vertical distribution. Correlation analysis indicated that the number of soil microorganism was significantly correlated with soil microbial biomass. The soil enzyme activity was positively related to the number of soil microorganism and soil microbial biomass. The activities of catalase and invertase were extreme-significantly correlated with the number of bacteria and actinomycetes ( $P<0.01$ ), and significantly related to soil microbial biomass C ( $P<0.05$ ); the activity of the protease was extreme-significantly correlated with the number of fungi and soil microbial biomass C、N ( $P<0.01$ ), and significantly related to the number of bacteria ( $P<0.05$ ). [Conclusion] Moderate grazing increases soil microorganisms, soil microbial biomasses and soil enzyme activity. There were positive correlations between soil microorganisms, soil microbial biomasses and soil enzyme.

**Keywords:** Grazing intensity, Microorganism, Soil microbial biomass, Soil enzyme activity

呼伦贝尔草甸草原是世界草地资源研究和生物多样性保护的重要区域之一<sup>[1]</sup>, 也是我国主要畜牧业基地。近年来由于不合理管理和超限度的

开发利用, 草原退化日趋严重。草地退化的核心问题是土壤退化<sup>[2]</sup>。过度放牧是人类活动影响土壤退化的主要驱动因素<sup>[3]</sup>。因此研究不同放牧强

度对呼伦贝尔草原土壤的影响, 对该区域草地畜牧业可持续发展具有重要的指导意义。

土壤微生物是草地生态系统的重要组成, 通过分解动植物残体参与草地生态系统的能量流动和物质循环<sup>[4-5]</sup>, 影响着土壤活性, 即养分<sup>[6]</sup>。土壤微生物量只占土壤营养库的小部分, 是土壤养分转化的源和库, 影响着生态系统中植物营养和土壤肥力<sup>[7]</sup>, 可反映出土壤养分的有效性状况及土壤生物活性<sup>[8]</sup>。土壤酶参与土壤中的各种代谢过程和能量转化, 作为土壤生态系统变化的预警和敏感指标, 可客观地反映土壤肥力状况<sup>[9-10]</sup>。为此, 本研究拟通过围栏小区控制放牧强度, 研究不同放牧强度下草地土壤微生物数量、微生物量和酶活性变化及其相互关系, 为进一步认识退化草地, 改良草地提供参考依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域概况

研究区位于内蒙古呼伦贝尔市海拉尔区, 中国农科院呼伦贝尔草原生态系统国家野外科学观测研究站放牧样地, N: 49°19'349"-49°20'173"、E: 119°56'521"-119°57'854", 海拔 666 m-680 m, 属温带半干旱大陆性气候, 年均气温-5 °C- -2 °C, 最高、最低气温分别为 36.17 °C 和-48.5 °C, 无霜期 110 d 左右。年平均降水量 350 mm。土壤为黑钙土或栗钙土。植被类型为羊草+杂类草草甸草原<sup>[11]</sup>。

### 1.2 放牧样地设计

试验区围成面积相等的 6 个小区, 作为 6 个放牧强度, 每个小区面积 5 hm<sup>2</sup>, 试验区总面积 30 hm<sup>2</sup>。以 500 kg 肉牛为一个标准家畜肉牛单位, 在草地面积一定, 放牧天数相同条件下, 用 250-300 kg 的放牧肉牛头数来控制不同放牧强度的实施, 6 个放牧强度肉牛头数分别为 0、2、3、4、6、8 头, 即载畜率分别为 G 0.00: 0.00 Au/hm<sup>2</sup>、G0.23: 0.23 Au/hm<sup>2</sup>、G0.34: 0.34 Au/hm<sup>2</sup>、G0.46: 0.46 Au/hm<sup>2</sup>、G0.69: 0.69 Au/hm<sup>2</sup>、G0.92: 0.92 Au/hm<sup>2</sup><sup>[12]</sup>, 放牧试验于 2009 年 6-10 月、2010 年 6-10 月进行, 共经历两个放牧期。

### 1.3 试验方法

**1.3.1 样品采集与预处理:** 于 2010 年 8 月进行试验区采样, 各试验区分别用土钻采集 0-10 cm、10 cm-20 cm 土层深度的土样, 按混合采样法取 10 个点的混合样, 除根系和石砾, 过 2 mm 筛。将采集的土样分成两份: 一份 4 °C 冰箱保存, 用于土壤微生物数量及微生物量的测定; 另一份室内风干, 用于土壤酶活性的测定。

**1.3.2 测定及分析方法:** 土壤微生物各类群数量的测定采用稀释平板法。所用培养基: 细菌为牛肉膏蛋白胨培养基; 放线菌为改良高氏 1 号培养基; 真菌为马丁氏孟加拉红培养基。每一类群设 3 个重复, 3 个稀释度, 各类群培养基分别接种后, 细菌 30 °C 培养 2 d、真菌和放线菌 28 °C 培养 4 d 和 7 d 后, 进行计数。土壤微生物量的测定采用氯仿熏蒸-浸提法<sup>[13]</sup>。土壤酶活性测定法<sup>[10]</sup>: 过

G0.00	G0.34	G0.92	G0.46	G0.69	G0.23
0.00 Au/hm <sup>2</sup>	0.34 Au/hm <sup>2</sup>	0.92 Au/hm <sup>2</sup>	0.46 Au/hm <sup>2</sup>	0.69 Au/hm <sup>2</sup>	0.23 Au/hm <sup>2</sup>
0头	3头	8头	4头	6头	2头

图 1 不同放牧强度试验设计

Fig. 1 Experimental design of grazing intensity

注: 第一行字母为试验区编号; 第二行字母为家畜载畜率; 第三行为放牧肉牛的头数。

Note: The first row was grazing area code; The second row was carrying capacity; The third row was the number of beef cattles.

氧化氢酶采用高锰酸钾滴定;转化酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色;蛋白酶采用 Folin-Ciocalteu 比色;脲酶采用苯酚次氯酸钠比色。所得数据采用 Spss17.0 统计软件进行方差分析和相关性分析。

## 2 结果分析

### 2.1 微生物类群组成及其数量

土壤微生物类群组成及数量见表 1。微生物类群主要由细菌、真菌和放线菌组成,各放牧区细菌数量有绝对优势,占总数的 90.02%–95.58%;其次是放线菌,占 4.21%–8.90%;真菌最少,仅占 0.10%–0.26%。微生物总数在 0–10 cm 土层, G0.92 最高, 10 cm–20 cm, G0.34 最高, 两层均为 G0.00 最少。

从放牧强度对草原土壤微生物数量影响的显

著性分析来看,各类群微生物数量均在 G0.00 最低。细菌数量在 0–10 cm 和 10 cm–20 cm 土层表现为 G0.23、G0.34 显著高于 G0.00 ( $P<0.05$ ),与 0–10 cm 相比, 10 cm–20 cm 土层, G0.00 下降了 35.9%, G0.23 下降了 36.98%, G0.46 下降了 47.90%, G0.92 下降了 57.81%。真菌数量在 0–10 cm 土层随放牧强度增加而增加, G0.92 显著高于其他试验区( $P<0.05$ ), 是 G0.00 的 2.57 倍, 是 G0.34 的 1.59 倍, 而在 10 cm–20 cm 土层, 真菌数量表现为各放牧区均显著高于 G0.00 ( $P<0.05$ ), 且与 0–10 cm 相比, 在 10 cm–20 cm 土层 G0.00 下降了 56.42%, G0.23 下降了 54.34%, G0.46 下降了 57.65%, G0.92 下降了 72.63%。放线菌数量与细菌和真菌变化趋势并不一致, 其两层变化趋势相似, 随放牧强度的增加表现为先升后降, G0.34 最高。

表 1 不同放牧强度下土壤微生物数量变化  
Table 1 Changes of soil microorganism's quantity under different grazing intensities

土层深度 Soil depth (cm)	放牧强度 Grazing intensity	总数( $\times 10^6$ /g 干土) Total amount ( $\times 10^6$ /g dry soil)	细菌 Bacteria		真菌 Fungi		放线菌 Actinomyces	
			数量 ( $\times 10^6$ /g 干土) Number ( $\times 10^6$ /g dry soil)	比例 Per- centage (%)	数量 ( $\times 10^4$ /g 干土) Number ( $\times 10^4$ /g dry soil)	比例 Per- centage (%)	数量 ( $\times 10^5$ /g 干土) Number ( $\times 10^5$ /g dry soil)	比例 Per- centage (%)
0–10	G0.00	17.74	16.74a $\pm$ 3.16	94.15	2.80a $\pm$ 0.42	0.16	10.09a $\pm$ 1.32	5.69
	G0.23	31.56	29.92b $\pm$ 3.95	94.75	4.60b $\pm$ 0.55	0.15	16.11bc $\pm$ 3.31	5.11
	G0.34	31.31	29.43b $\pm$ 5.43	94.00	4.53b $\pm$ 0.84	0.14	18.33c $\pm$ 1.31	5.85
	G0.46	29.57	27.71ab $\pm$ 8.07	93.68	4.70b $\pm$ 0.26	0.16	18.23c $\pm$ 2.38	6.15
	G0.69	25.55	24.02ab $\pm$ 2.14	93.92	6.76c $\pm$ 0.70	0.26	14.85b $\pm$ 2.93	5.81
	G0.92	33.06	31.65b $\pm$ 10.64	95.58	7.20c $\pm$ 0.56	0.22	13.93b $\pm$ 1.04	4.21
10–20	G0.00	11.37	10.70a $\pm$ 0.64	94.09	1.22a $\pm$ 0.30	0.11	6.60a $\pm$ 0.49	5.80
	G0.23	20.06	18.84b $\pm$ 3.97	93.91	2.10b $\pm$ 0.11	0.10	12.03b $\pm$ 0.56	5.98
	G0.34	20.50	19.06b $\pm$ 4.37	92.99	2.03b $\pm$ 0.15	0.10	14.16b $\pm$ 1.57	6.91
	G0.46	15.86	14.43ab $\pm$ 1.90	90.98	1.99b $\pm$ 0.67	0.13	14.11b $\pm$ 2.16	8.90
	G0.69	15.04	13.84ab $\pm$ 2.28	92.02	1.87b $\pm$ 0.57	0.12	11.81b $\pm$ 3.29	7.85
	G0.92	14.59	13.33a $\pm$ 1.79	91.39	1.97b $\pm$ 0.22	0.14	12.36b $\pm$ 1.60	8.47

注: 同列不同小写字母表示不同放牧强度下差异显著( $P<0.05$ )。

Note: Different small letters in the same row are significantly different at the 0.05 level.

表 2 不同放牧强度下土壤微生物量碳、氮变化  
Table 2 Changes of soil micro-biomass under different grazing intensities(mg/kg)

放牧强度 Grazing intensity	微生物量碳 Soil microbial biomass C		微生物量氮 Soil microbial biomass N	
	0-10 cm	10 cm-20 cm	0-10 cm	10 cm-20 cm
	G0.00	385.96a±9.26	340.00b±12.04	27.22a±4.25
G0.23	491.52b±7.80	382.45c±10.64	36.03ab±4.46	33.70b±4.32
G0.34	482.46b±23.05	283.14a±27.79	38.92b±3.66	32.41b±4.57
G0.46	483.53b±28.69	262.18a±20.28	35.65ab±4.82	24.63a±2.94
G0.69	487.13b±11.42	255.66a±15.74	33.71ab±2.11	20.07a±2.20
G0.92	529.12c±7.68	254.17a±31.22	39.60b±7.14	19.12a±3.80

注: 同列不同小写字母表示不同放牧强度下差异显著( $P<0.05$ ).

Note: Different small letters in the same row are significantly different at the 0.05 level.

## 2.2 土壤微生物量

不同放牧强度下, 土壤微生物量碳、氮含量的变化如表 2。其中微生物量碳、氮含量分别在 254.17–529.12 mg/kg 和 19.12–39.60 mg/kg 之间, 受放牧强度的影响很明显, 在 0–10 cm, 微生物量碳、氮含量均以 G0.92 最高, 显著高于 G0.00 ( $P<0.05$ )。在 10 cm–20 cm 土层, 土壤微生物量碳在 G0.23 最高, 显著高于各试验区 ( $P<0.05$ ); 微生物量氮在 G0.23 和 G0.34 较高, 显著高于其他试验区 ( $P<0.05$ )。土壤微生物量碳、氮垂直方向有明显的下降趋势, 与 0–10 cm 土层比较, 10 cm–20 cm 土层微生物量碳在 G0.00 下降了 11.9%, G0.23 下降了 22.19%, G0.46 下降了 45.78%, G0.92 下降了 51.96%; 微生物量氮在 G0.00 下降了 11.83%, G0.23 下降了 14.89%, G0.46 下降了 30.8%, G0.92 下降了 46.66%。

## 2.3 土壤酶活性

土壤过氧化氢酶表征土壤腐殖化强度和有机质积累程度<sup>[14]</sup>, 脲酶和蛋白酶直接参与土壤含 N 有机化合物的转化, 其活性强度常用来表征土壤氮素供应强度<sup>[15]</sup>; 转化酶促进糖类的水解, 加速土壤碳素循环<sup>[16]</sup>; 各放牧区土壤酶活性如图 2, 在 0–10 cm 土层, 过氧化氢酶 G0.00 最低, 显著

低于各放牧区 ( $P<0.05$ ), 放牧区之间无显著差异; 转化酶在 0–10 cm 土层, G0.34 最高, 显著高于 G0.00; 在 10 cm–20 cm 土层, 过氧化氢酶和转化酶各试验区均无显著差异。蛋白酶在 0–10 cm 和 10 cm–20 cm 土层, 各放牧区均显著高于对照区 ( $P<0.05$ ), 脲酶在各土层各试验区均无显著差异。

## 2.4 土壤微生物数量、微生物量及酶活性的相互关系

### 2.4.1 土壤微生物数量与微生物量的相关性: 短期不同放牧强度下土壤微生物数量、微生物量相关性分析如表 3 所示: 细菌和真菌数量与微生物量碳极显著相关 ( $P<0.01$ ), 与微生物量氮显著相关 ( $P<0.05$ ); 放线菌数量与微生物量碳、氮均显著相关 ( $P<0.05$ )。微生物数量与微生物量碳、氮密切相关, 说明土壤微生物量能在一定程度上反映参与调控土壤中能量和养分以及有机物转化所对应的微生物数量, 是土壤微生物生物活性的一种表现。

### 2.4.2 土壤微生物数量、微生物量与酶活性的相关性: 微生物数量、微生物量及酶活性相关分析结果如表 3 所示: 细菌数量与过氧化氢酶、转化酶极显著相关 ( $P<0.01$ ), 与蛋白酶显著相关 ( $P<0.05$ ); 真菌数量与蛋白酶极显著相关 ( $P<0.01$ );

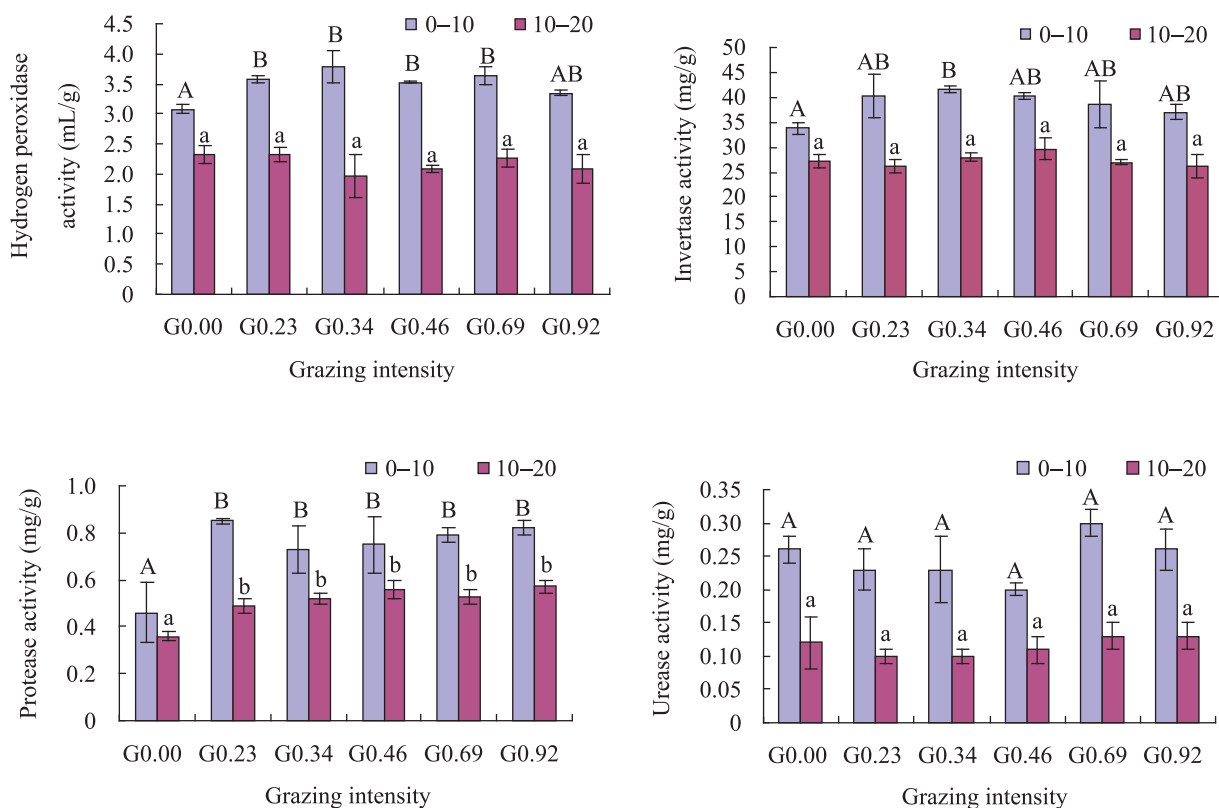


图2 不同放牧强度下土壤酶活性的变化

Fig. 2 Changes of soil enzyme activities under different grazing intensities

注: 不同大小写字母分别表示土壤酶活性在 0-10 cm 和 10 cm-20 cm 土层差异显著( $P < 0.05$ ).

Note: Different capital and lowercase letters indicated soil enzymatic activity at the 0-10 cm and 10 cm-20 cm depths of soil layers in different grassland types significant differences at  $P < 0.05$ .

表3 微生物数量、微生物量及土壤酶活性的相关性分析  
Table 3 The correlation coefficient among soil microbial quantity, microbial biomass and soil enzyme activities

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
A	1								
B	0.404	1							
C	0.695*	0.259	1						
D	0.718**	0.792**	0.615*	1					
E	0.663*	0.688*	0.617*	0.801**	1				
F	0.797**	0.393	0.819**	0.626*	0.506	1			
G	0.741**	0.301	0.837**	0.614*	0.562	0.787**	1		
H	0.624*	0.735**	0.531	0.887**	0.730**	0.660*	0.570	1	
I	0.064	0.296	0.402	0.096	0.498	0.185	0.339	0.118	1

注: A: 细菌; B: 真菌; C: 放线菌; D: 微生物量碳; E: 微生物量氮; F: 过氧化氢酶; G: 转化酶; H: 蛋白酶; I: 脲酶. \*: 显著相关( $P < 0.05$ ); \*\*: 极显著相关( $P < 0.01$ ).

Note: A: Bacteria; B: Fungi; C: Actinomyces; D: Microbial biomass carbon; E: Microbial biomass nitrogen; F: Hydrogen peroxidase; G: Invertase; H: Protease; I: Urease. \*: Remarkable correlation; \*\*: Extremely remarkable correlation.

放线菌数量与过氧化氢酶、转化酶极显著相关 ( $P<0.05$ ); 微生物量碳与蛋白酶极显著相关 ( $P<0.01$ ), 与过氧化氢酶、转化酶显著相关 ( $P<0.05$ ); 微生物量氮与蛋白酶极显著相关 ( $P<0.01$ )。土壤酶活性之间, 过氧化氢酶与转化酶极显著相关 ( $P<0.05$ ), 与蛋白酶显著相关, 转化酶、蛋白酶和脲酶之间相关性不显著。土壤酶活性在一定程度上反映土壤微生物活动的强度。

### 3 讨论

#### 3.1 放牧对土壤微生物组成、数量和生物量的影响

在草地生态系统中, 家畜通过采食、践踏及排泄物直接影响土壤, 或通过这三者对植被和微生物的作用间接影响土壤<sup>[14]</sup>。但土壤表现出的是三者综合作用的结果<sup>[17]</sup>。本研究中, 各放牧区微生物数量、微生物量碳、氮均高于对照区。因为放牧活动使植物根系分泌物量增加, 光合作用能量增加, 加之放牧牲畜排泄物的影响, 均使土壤养分增加, 故有利于微生物的生长繁殖。放牧对不同土层微生物的影响并不一致, 微生物数量及微生物量碳、氮在土壤表层(0–10 cm)以 G0.92 居高; 而在较深层(10 cm–20 cm), 则随放牧强度的增加呈先升高后降低的趋势。原因为: 土壤表层随放牧强度的增加, 牲畜的排泄物增加, 土壤养分增加, 微生物生长、繁殖迅速。而较深层排泄物的渗透作用降低, 加之高强度的放牧, 结果是排泄物对微生物的正面影响小于放牧践踏和啃食对其的负面影响, 所以在 G0.23 和 G0.34 居高。

由于放牧对土壤微生物的影响是双向的, 其负作用滞后于放牧行为。即短期高强度放牧对土壤表层微生物数量、微生物量的促进作用会随着放牧时间延长而逐渐降低<sup>[18]</sup>, 所以这种促进作用可能是暂时的。

#### 3.2 放牧对土壤酶活性的影响

研究表明, 土壤酶活性在 0–10 cm 土层, 各放牧区均高于 G0.00, 原因是放牧区动物的活动会加快植物体的凋落和分解, 促进了碳和养分的循环<sup>[19]</sup>, 从而影响土壤酶活性。土壤酶活性均随土层的加深而递减, 主要原因在于土壤表层累积了较多的枯枝落叶和腐殖质, 有机质含量高; 同时, 土壤表层水分、温度及通气等条件较好, 有利于微生物生长, 进而积聚了较高的土壤酶活性<sup>[1]</sup>。脲酶在各实验区没有显著差异, 可能是因为脲酶将尿素水解为 CO 和 NH<sub>3</sub>, NH<sub>3</sub> 反过来对脲酶的活性又有抑制作用<sup>[23]</sup>, 因而短期放牧还未使底物尿素含量有明显的变化。

#### 3.3 土壤微生物数量、微生物量及酶活性的相关性

本研究表明, 土壤微生物数量、微生物量和土壤酶活性之间呈显著或极显著相关, 这是土壤肥力、土壤微生物与土壤酶协同发展的结果。土壤营养物质的循环在很大程度上依赖于微生物的活动、以及土壤酶对底物的转化和生成作用, 而高有机质含量、高肥力水平的健康土壤可促进微生物的大量生长, 土壤酶活性增加。

在草地生态系统中, 土壤的稳定性是维持其结构和功能稳定的重要因素<sup>[20]</sup>, 而土壤本身又是一个复杂的动态平衡系统<sup>[17]</sup>。本研究中土壤微生物数量、微生物量及酶活性之间有着密切关系, 体现出土壤生态系统的复杂性和相关性。因此, 应加强草地生态系统中分解者(微生物)亚系统的动态规律研究, 为草地生态系统的恢复和重建提供土壤微生物学方面的理论基础和实践依据。

### 参 考 文 献

- [1] 文都日乐, 李刚, 张静妮, 等. 呼伦贝尔不同草地类型土壤微生物量及土壤酶活性研究[J]. 草业学报, 2010, 19(5): 94–101.

- [2] 周华坤, 赵新全, 周立, 等. 青藏高原高寒草甸的植被退化与植被退化特征研究[J]. 草业学报, 2005, 14(3): 52-56.
- [3] 高英志, 韩兴国, 汪诗平. 放牧对草原土壤的影响[J]. 生态学报, 2004, 24(4): 790-797.
- [4] 丁玲玲, 祁彪, 尚占环, 等. 东祁连山不同高寒草地型土壤微生物数量分布特征研究[J]. 农业环境科学学报, 2007, 26(6): 2104-2111.
- [5] 焦如珍, 杨承栋, 屠星南, 等. 杉木人工林不同发育阶段林下植被、土壤微生物、酶活性及养分的变化[J]. 林业科学研究, 1997, 10(4): 373-379.
- [6] Smith J L, Paul E A. The Significance of Soil Microbial Biomass Estimations[M]. New York: Marcel Dekker, 1990: 357-398.
- [7] 杨成德, 龙瑞军, 陈秀蓉, 等. 东祁连山高寒草甸土壤微生物量及其与土壤物理因子相关性特征[J]. 草业学报, 2007, 16(4): 62-68.
- [8] 俞慎, 李勇, 王俊华, 等. 土壤微生物生物量作为红壤质量生物指标的探讨[J]. 土壤学报, 1999, 36(3):413-422.
- [9] 郑文教, 王良睦, 林鹏. 福建和溪亚热带雨林土壤酶活性的研究[J]. 生态学杂志, 1995, 14(2): 16-20.
- [10] 关松荫. 土壤酶及其研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 296-339.
- [11] 闫瑞瑞, 辛小平, 张宝辉, 等. 肉牛放牧梯度对呼伦贝尔草甸草原植物群落特征的影响[J]. 中国草地学报, 2010, 32(3): 62-67.
- [12] 闫瑞瑞, 闫玉春, 辛小平, 等. 不同放牧梯度下草甸草原土壤微生物和酶活性研究[J]. 生态环境学报, 2011, 20(2): 259-265.
- [13] Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703-707.
- [14] 王启兰, 曹广民, 王长庭. 放牧对小嵩草草甸土壤酶活性及土壤环境因素的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2007, 13(5): 856-864.
- [15] 周玮, 周运超. 北盘江喀斯特峡谷区不同植被类型的土壤酶活性[J]. 林业科学, 2010, 46(1): 136-141.
- [16] 文都日乐, 张静妮, 李刚, 等. 放牧干扰对贝加尔针茅草原土壤微生物与土壤酶活性的影响[J]. 草地学报, 2010, 18(4): 517-522.
- [17] 侯扶江, 杨中艺. 放牧对草地的作用[J]. 生态学报, 2006, 26(1): 244-264.
- [18] 赵帅, 张静妮, 赖欣, 等. 放牧与围封对呼伦贝尔针茅草原土壤酶活性及理化性质的影响[J]. 中国草地学报, 2011, 33(1): 71-76.
- [19] Reeder JD, Schuman GE. Influence of livestock grazing on C sequestration in semi-arid mixed-grass and short-grass rangelands[J]. Environmental Pollution, 2002, 116(3): 457-463.
- [20] 王长庭, 龙瑞军, 王启兰, 等. 放牧扰动下高寒草甸植物多样性、生产力对土壤养分条件变化的响应[J]. 生态学报, 2008, 28(9): 4144-4152.