

黄土丘陵区自然植被恢复下土壤微生物学质量演变特征

张 勇^{1,2}, 杜华栋^{1,3}, 张振国⁴, 冯 川⁵

(1. 西安科技大学 地质与环境学院, 西安 710054; 2. 陕西省水利厅, 西安 710004; 3. 中国科学院 水利部 水土保持研究所, 陕西 杨凌 712100; 4. 安徽科技学院 城建与环境学院, 安徽 蚌埠 233100; 5. 铜川市耀州区水务局, 陕西 铜川 727100)

摘 要:为了探讨黄土丘陵区自然植被恢复过程中土壤微生物学质量演变特征,用时空互代法对燕沟和县南沟典型小流域自然植被恢复下 5 个演替阶段(退耕 1~6 a、7~17 a、18~35 a、36~60 a、>60 a)土壤养分含量、微生物量和酶活性进行了研究。结果表明:随着地区植被退耕后自然演替的推进,土壤有机碳、全氮、有效氮与有效钾含量持续增加,土壤全磷含量在不同植被演替阶段变化不明显,有效磷含量在植被演替至多年生草本阶段(18~35 a)时含量最低;土壤细菌约占土壤微生物量的 65% 左右,且其数量在植被演替至多年生草本阶段时最多,土壤真菌和放线菌随退耕年限的延长呈现不断增加的趋势;土壤碱性磷酸酶、脲酶和蔗糖酶活性也随着植被自然演替的推进呈不断增加趋势,但脲酶和蔗糖酶在植被演替至灌木阶段(36 a)后增速放缓。相关性分析表明,自然恢复过程中土壤微生物数量与酶活性的提高程度比较一致,其与土壤养分关系密切,因此土壤微生物群落与土壤酶活性是反映植被恢复中土壤生物学质量变化的重要指标。

关键词:黄土丘陵区; 植被恢复; 土壤微生物; 土壤酶; 土壤养分

中图分类号: S154. 31

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2014)01-0006-06

Evolution Characteristics of Soil Biological Property in Loess Hilly Region under Natural Vegetation Restoration

ZHANG Yong^{1,2}, DU Hua-dong^{1,3}, ZHANG Zhen-guo⁴, FENG Chuan⁵

(1. College of Geology & Environment, Xi'an University of Science and Technology, Xi'an 710054, China; 2. Shaanxi Provincial Department of Water Resources, Xi'an 710004, China; 3. Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences, Ministry of Water Resources, Yangling, Shaanxi 712100, China; 4. College of Urban Construction and Environment, Anhui Science and Technology University, Bengbu, Anhui 233100, China; 5. Water Resources Bureau of Yaozhou District in Tongchuan, Tongchuan, Shaanxi 727100, China)

Abstract: In order to investigate evolution characteristics of soil biological property in loess hilly region during the process of natural vegetation restoration, soil nutrient content, microbial biomass and enzyme activities of the five natural vegetation successional stages (abandoned time 1~6 a, 7~17 a, 18~35 a, 36~60 a, >60 a) were studied by using spatio-temporal substitution method in Yangou and Xiannangou watershed. The results showed that soil organic carbon, total nitrogen, available nitrogen and available potassium increased during the natural process of vegetation succession after stop of cropping, but there was no significant difference for the contents of soil total phosphorus in different succession phases. The content of available phosphorus was the lowest during the vegetation succession progress of perennial herb stages (18~35 a). The amount of soil bacteria accounted for about 55% of soil microbial biomass during the natural vegetation succession of 18 ~ 35 a, there were more soil bacteria than at other stages. The amount of soil fungi and actinomycetes showed a rising trend with the development of vegetation succession. And the activity of soil alkaline phosphatase, urease and invertase increased with the advance of vegetation succession. However, the increase rates of activity of urease and invertase decreased after 36 a. The result of correlation analysis showed that the amount of soil microbes were consistent with soil enzyme activity in natural restoration process of a-

收稿日期: 2013-09-16

修回日期: 2013-10-11

资助项目: 国家自然科学基金重点项目“黄土丘陵区土壤侵蚀对植被恢复过程的干扰与植被的抗侵蚀特性研究”(41030532)

作者简介: 张勇(1974—),男,陕西陇县人,在读博士研究生,高级工程师,主要从事水土保持与生态环境综合治理工程研究。E-mail: szzy2088@aliyun.com

banoned farmland, and had a close relationship with soil nutrient. Soil microbes and enzyme can be chosen as biological indicators to evaluate soil biological quality during the process of natural vegetation restoration.

Key words: loess hilly region; vegetation restoration; soil microbe; soil enzyme; soil nutrient

黄土丘陵区坡耕地退耕撂荒后依靠自然植被演替来恢复已经退化的生态系统,对该区侵蚀退化土壤理化性质和生物学质量的改善和复原起重要作用^[1-2]。但目前针对该地区坡耕地撂荒后的研究主要集中于植被演替、生态系统服务价值、土壤水分养分效应等方面^[3-5],而对土壤生物学质量的动态变化研究较少^[6]。土壤微生物作为土壤中物质转化和养分循环的驱动力,直接参与养分循环、有机质分解等诸多生态过程,常被用来评价退化生态系统中生物群系与恢复功能之间的关系^[7]。由于具有高度的敏感性和较为全面的评价作用,土壤微生物学特性能较好地反映植被恢复过程中土壤质量的改善效果,土壤微生物量、酶活性被认为是土壤质量的重要指标^[8-9]。因而,开展侵蚀环境下退耕撂荒地土壤微生物学特性演变研究,对认识该地区生态恢复过程中土壤质量的演变及其效果评价具有重要意义。本文以时空互代法研究黄土丘陵区不同自然植被恢复阶段土壤养分、土壤微生物量和土壤酶活性的变化特征,以期揭示退化土壤在自然植被演替过程中土壤质量改善的动态变化,为该地区退化生态系统恢复与管理提供参考。

表 1 样地基本特征

退耕年限/a	样地重复数	坡度/(°)	植被类型	物种数	总盖度/%
1~6	7	19~26	猪毛蒿(<i>Artemisia scoparia</i>) + 狗尾草(<i>Setaria viridis</i>)	7	15
7~17	12	16~27	草木樨状黄耆(<i>Astragalus melilotoides</i>) + 阿尔泰狗娃花(<i>Heteropappus altaicus</i>)	22	40
18~35	13	19~38	铁杆蒿(<i>Artemisia gmelinii</i>) + 达乌里胡枝子(<i>Lespedeza davurica</i>) + 白羊草(<i>Bothriochloa ischcemum</i>)	25	45
36~60	5	27~42	狼牙刺(<i>Sophora davidii</i>) + 杠柳(<i>Periploca sepium</i>) + 黄刺玫(<i>Rosa xanthina</i>)	33	40
>60	5	23~35	辽东栎(<i>Quercus wutaishanica</i>)	14	80

由于微生物在土壤中分布极不均匀,因而在每块样地采用随机多点混合取样法采集土样,采样深度为 0—20 cm,将混合均匀的土样,用四分法取 500 g 左右土样带回实验室,并立即去除植物残体、根系和可见的土壤动物(如蚯蚓)等,然后迅速过筛(2 mm),放在低温下(2~4℃)保存备用,同时用土袋取另一份土样带回室内风干,用于土壤理化性质测定。

1.3 土壤样品测定^[14-16]

土壤有机质测定采用高锰酸钾氧化法;土壤全氮采用半微量开氏法测定;土壤全磷采用硫酸—高氯酸

1 材料与方法

1.1 样地概况

以陕西省延安市燕沟和县南沟小流域为研究样地,其代表黄土丘陵区典型的植被类型区和地貌气候条件。流域处于森林带向森林草原带过渡地带;以梁状丘陵沟壑区为主,海拔 900~1 400 m;属暖温带半湿润偏干旱季风气候区,多年平均气温 9.2℃;多年平均降水量 549.9 mm,年降水的季节分布极不平衡,其中 6—9 月降水量占全年降水量的 63%以上,且多以暴雨形式出现,春季和夏初降水量仅 70 mm 左右^[10];土壤以黄绵土为主^[11],其中粉粒占 64%~73%,黏粒占 17%~20%,土质疏松,抗蚀性差,水土流失严重。

1.2 样品采集

参考黄土丘陵沟壑区植被的演替规律^[12-13],采用时空互代法在流域内选择土壤与成土母质类型相同、坡向坡位相似、坡度相当的不同退耕撂荒年限(1~6 a,7~17 a,18~35 a,36~60 a,>60 a)的自然植被恢复坡面为样地,其基本特征见表 1。

消煮—钼锑抗比色法测定;土壤有效氮采用碱解扩散法(康惠法)测定;土壤速效磷用 0.5 mol/L 碳酸氰钠浸提—钼锑抗比色法测定;土壤速效钾采用醋酸铵浸提—原子吸收光谱法测定。

土壤微生物数量采用稀释平板涂抹法,其中土壤细菌用牛肉膏—蛋白胨培养基测定,土壤真菌用马铃薯葡萄糖琼脂培养基(简称 PDA)测定,土壤放线菌用高氏 1 号培养基测定,每次测定重复 3 次。

土壤蔗糖酶用 3,5—二硝基水杨酸比色法测定;土壤脲酶用比色法测定;土壤碱性磷酸酶用磷酸苯二

钠比色法测定。其中,脲酶活性以 37℃下培养 24 h 后 100 g 土壤中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 毫克数表示;蔗糖酶活性以 37℃下培养 24 h 后 1 g 土葡萄糖的毫克数表示;碱性磷酸酶活性以 37℃下培养 1 h 后 1 g 土壤释放的对硝基酚的质量(μg)表示。

1.4 数据统计分析

采用 SPSS 16.0 统计软件对数据进行统计检验:用单因素方差分析(one-way ANOVA)及最小显著差异法(LSD)比较不同数据组间的差异;用皮尔逊相关分析方法(Pearson Correlation Coefficient)分析土壤养分、微生物及酶之间的相互关系。

2 结果与分析

2.1 土壤养分的动态变化

由表 2 可以看出,在黄土区侵蚀环境下,随退耕年限的推移,自然恢复过程不同阶段土壤养分各指标表现为:全磷在植被演替各阶段保持一个相对稳定的水平,差异不显著($P>0.05$),其余养分指标均随着退耕年限变化差异比较显著($P<0.05$),并随退耕年限的延长而增大。在植被自然演替 36 a 后(灌木阶

段后),土壤有机碳、全氮和有效氮含量较演替前中期大幅增加,其中:土壤有机碳含量较演替初中期提高约 1 倍,尤其在植被演替 >60 a(乔木阶段后)土壤有机碳含量为 13.9 g/kg,较演替初期(一年生草本阶段)增加了 3.2 倍;全氮含量在植被演替 36 a 后较 36 a 前平均增加 96%;有效氮含量从演替初期的 29.17 mg/kg 增加至演替 >60 a 的 95.19 mg/kg,植被演替 36~60 a(灌木阶段)较 18~35 a(多年生草本阶段)增加约 1 倍。有效磷含量随着植被演替阶段的推进呈“V”字型变化趋势,在植被演替至多年生草本阶段含量最低为 2.32 mg/kg,而在植被演替前期和后期含量较高,植被演替后期有效磷含量较前期提高 1.19 mg/kg。土壤有效钾含量在植被演替前中期表现出一定程度的增加趋势且达到显著差异性($P<0.05$),在植被演替至乔木阶段有效钾含量迅速增加到139.85 mg/kg。依据黄土高原地区土壤养分的含量分级^[17],有机碳、全氮、有效氮与速效磷含量退耕 35 a前处于低水平,退耕 36~60 a 后达到中等水平;全磷和速效钾含量在不同植被演替阶段均处于中等偏上水平。

表 2 不同自然植被演替阶段土壤养分特征

土壤养分	1~6 a	7~17 a	18~35 a	36~60 a	>60 a
有机碳 OC/(g·kg ⁻¹)	4.31±0.61d	5.01±3.43c	5.83±1.84c	10.14±3.51b	13.9±7.29a
全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	0.54±0.06e	0.63±0.29d	0.72±0.18c	1.07±0.29b	1.39±0.57a
全磷 TP/(g·kg ⁻¹)	0.62±0.05a	0.61±0.02a	0.60±0.05a	0.63±0.06a	0.64±0.06a
有效氮 AN/(mg·kg ⁻¹)	29.17±4.89e	33.62±4.08d	44.57±5.35c	71.77±6.11b	95.19±11.26a
有效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	3.17±0.57b	2.41±0.54d	2.32±0.38d	2.78±0.62c	4.36±0.83a
有效钾 AK/(mg·kg ⁻¹)	87.48±15.77c	89.73±7.50c	106.36±24.58b	110.29±21.23b	139.85±34.02a

注:表中的数据为平均值±标准偏差;同一行中,具有相同字母平均数表示差异不显著($P<0.05$),下同。

2.2 土壤微生物群落结构

图 1 显示了不同演替阶段不同土壤微生物数量变化趋势。放线菌数量在退耕植被演替至多年生草本阶段后(17 a 后)数量大量增加,并与演替早期表现出显著差异性($P<0.05$),植被演替中后期趋于稳定变化不明显($P>0.05$),达到约 47 万个/g 土。退耕后随着植被演替的推进,土壤细菌数量呈抛物线趋势变化,在植被演替前期与后期较小且差异不显著($P>0.05$),多年生草本阶段土壤细菌数量最大为 102 万个/g 土,较其他演替阶段提高了 22.2%。土壤真菌数量大体上表现为随着演替阶段的推进不断增加,与土壤养分的变化规律基本一致,其中退耕 7~17 a 土壤真菌数量最少仅为 289 个/g 土,而在退耕 >60 a 植被演替至乔木阶段后土壤真菌数量提高了约 10 倍为 2 811 个/g 土。由图 1 还可以看出,土壤微生物数量以细菌为主,其约占土壤微生物数量的 65%左右,其

次为放线菌,真菌含量最少。由于细菌占总数的绝大多数,土壤微生物总数随退耕年限的变化规律与细菌基本一致。

2.3 土壤酶活性

图 2 显示了不同退耕年限土壤中 3 种代表性土壤酶:碱性磷酸酶、脲酶和蔗糖酶的活性。自然恢复过程中土壤酶活性随着植被演替推进都呈增大的趋势。碱性磷酸酶活性在植被演替前期(1~17 a)差异不明显,随后各演替阶段其活性差异显著($P<0.05$),由演替初期(1~6 a)至演替后期(>60 a)提高了约 3 倍达到 208.2 mg/(kg·h)。脲酶活性在演替前期变化亦不明显,但退耕至多年生草本阶段后(17~35 a),土壤中脲酶含量显著提高,演替至灌木阶段达到 359.2 mg/(kg·h),后随着植被演替的推进趋于稳定($P>0.05$)。土壤蔗糖酶活性较其它两种酶低,其在退耕后植被自然恢复前中期(1~60 a)不断增强,并在不同

植被演替阶段表现出显著性差异($P<0.05$),但在植被演替至灌木阶段后蔗糖酶趋于稳定($P>0.05$),达

到约 $111\text{ mg}/(\text{kg}\cdot\text{h})$,较退耕后 1~6 a 增加了约 3 倍。

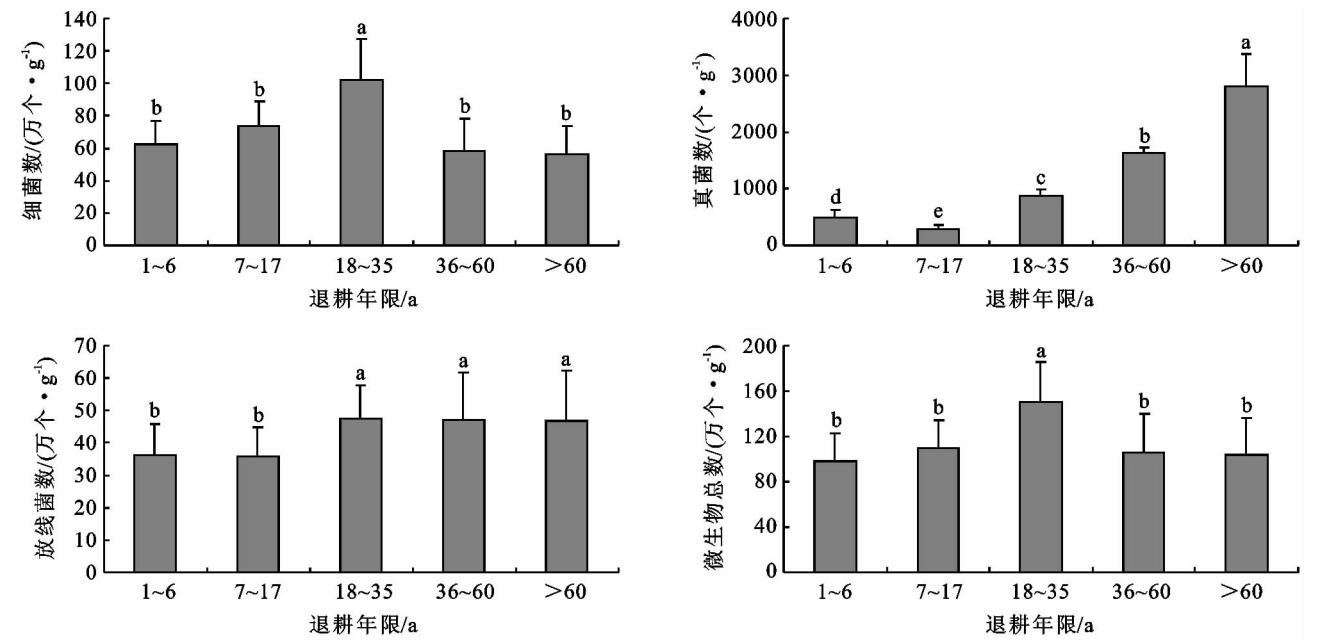


图 1 不同自然植被演替阶段土壤细菌、真菌与放线菌数量变化

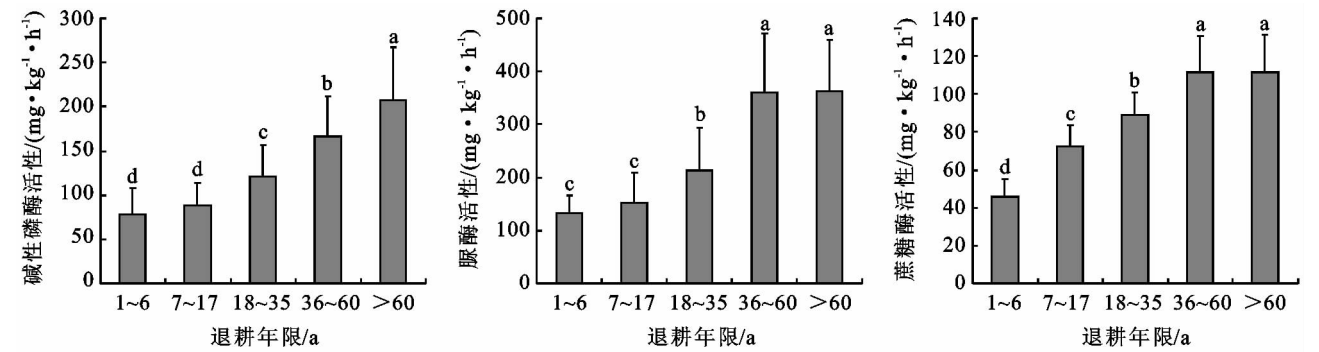


图 2 不同自然植被演替阶段土壤磷酸酶、脲酶与蔗糖酶活性变化

2.4 土壤微生物量及土壤酶与养分的相互关系分析

表 3 统计了土壤微生物量及土壤酶指标与土壤养分因子之间的相关系数。土壤微生物数量中细菌与 3 种土壤酶活性呈显著或极显著正相关,与土壤养分中除全磷以外的因子也呈显著或极显著正相关。真菌数量与磷酸酶、有机质、有效氮和有效磷呈显著正相关,与脲酶呈极显著正相关。放线菌与其它因子的相关性相对较低,只与有机质、有效氮呈显著正相关,相关系数分别为 0.78 和 0.76。3 种土壤酶两两

之间也达到显著正相关,表明在自然植被恢复过程中侵蚀退化土壤的微生物数量与酶活性的改善程度比较一致,并且与养分状况关系密切,土壤有机质和有效氮对土壤微生物和酶活动有着重要的影响。土壤微生物的代谢活动对土壤酶活性有着显著影响,并且二者对土壤肥力的演变反应敏感,因而在侵蚀退化黄土区的自然植被恢复过程中显示了较好的相关性,因此土壤微生物量和酶活性可以作为评价土壤质量的生物学指标。

表 3 土壤微生物量及土壤酶活性与养分因子相关性分析

R	细菌	真菌	放线菌	磷酸酶	脲酶	蔗糖酶	有机碳	全氮	全磷	有效氮	有效磷	有效钾
细菌	1	0.68	0.62	0.76*	0.83*	0.99**	0.95**	0.92**	0.09	0.92**	0.86*	0.93**
真菌		1	0.56	0.79*	0.88**	0.57	0.81*	0.75	0.35	0.79*	0.76*	0.57
放线菌			1	0.51	0.52	0.61	0.78*	0.76*	0.36	0.59	0.75	0.63
磷酸酶				1	0.97**	0.76*	0.90**	0.95**	0.16	0.95**	0.90**	0.81*
脲酶					1	0.78*	0.93**	0.96**	0.04	0.97**	0.88**	0.83*
蔗糖						1	0.91**	0.90**	0.19	0.89**	0.83*	0.96**

注: ** 极显著水平 $P<0.01$; * 显著水平 $P<0.05$ 。

3 结论与讨论

3.1 土壤养分的演变

黄土高原丘陵沟壑区坡耕地退耕自然恢复后,原来开放或半开放的农田生态系统物质循环结构转变为人工生态系统的封闭或半封闭物质循环结构^[18]。随着植被演替的进行,地上生物量的增多,一方面地上植被较大的枯落物归还量与根系大量生长能促使土壤积累较多的养分,且地上植被对枯落物的拦阻能力加强^[19];另一方面地上植被使得地表土壤环境改善,加速了土壤物质代谢能力和促进养分的积累。因此随植被演替的推进土壤养分累积速度远大于植物对其的吸收同化速度,土壤有机碳、全氮、有效氮、速效磷、速效钾含量在退耕演替至多年生草本阶段(36 a)后养分含量较退耕初期有了显著改善,这一结果与前人的研究基本一致^[20]。退耕后植被恢复过程中,由于凋落物数量、化学成分和分解速率的不同,导致对不同养分元素的积累速度不同^[21],所以各土壤养分因子含量最大的增长点出现在不同演替阶段,本研究发现有有机碳、全氮和有效氮出现在植被演替至灌木阶段,有效钾出现在多年生草本阶段。由于土壤中全磷含量主要受母质中矿物成分和有机质积累的影响,所以测定的全磷保持一个相对稳定的水平,随退耕年限和植被演替变化不明显,与 Peter^[22]论述的结果相似。但植被演替过程中,土壤有效磷含量在植被演替初期和末期含量较高,而在植被演替至多年生草本阶段含量最少,推测可能原因为退耕初期样地物种数少,植被对磷元素吸收量较小,而随着演替的进行,物种数量增加对磷元素的吸收同化作用显著,而磷元素循环速率较慢,因此其在演替中期含量降低,随着演替的继续进行,植被与土壤环境的改善促进了有效磷的积累,同时土壤速效磷随土壤侵蚀流失作用降低,因此退耕 40 a 后有效磷含量增加。

有机质、全氮、有效氮与速效磷含量在退耕 30 a 前处于低水平,退耕 40 a 后则达到中等水平,表明植被恢复对养分的积累作用明显。土壤养分的积累不仅能增强土壤的保肥力和供肥能力,提高土壤养分的有效性,而且可促进土壤团粒结构的形成,改善土壤的透水性、蓄水能力及通气性,增强土壤的缓冲性等^[23-24]。与此同时,土壤营养元素的增加,尤其是土壤有机碳含量的增加,反过来又可促进植物的生长和群落的发展,也使土壤微生物量和土壤酶活性得到提高^[25]。

3.2 土壤微生物量的演变

土壤微生物分解动植物推动着生态系统的能量

流动和物质循环,既是土壤中营养元素的“源”,又是营养元素的“库”,影响到整个生态系统功能的发挥^[26]。土壤水分、营养元素和结构的改善使得土壤微生物活性增强,因此随着退耕年限延长,土壤环境的改善,土壤真菌和放线菌数量不断增加,与前人研究坡耕地退耕后微生物量持续增大的结论^[27]相同。但是本研究发现,土壤细菌数量在植被演替至多年生草本阶段最多,植被演替前期和后期其数量差异不显著,推测可能由两个原因引起:一为土地退耕后植被演替初中期,地上植被物种数增多、枯落物增多、土壤环境改善,土壤细菌数量不断增加,当植被演替至灌木阶段后,常年累积在林下的枯枝落叶层中含有大量树脂类高分子有机物,再加上植物根系大量增加分泌产生的大量化感物质积累^[28],不易被细菌分解,改变了土壤微生物区系,抑制了土壤细菌的生长;二为黄土高原丘陵沟壑区由于水分承载力有限,地区乔灌木常呈离散的点状分布格局^[29],乔灌木过度耗水引起表层土壤干化^[30],表层土壤水分的降低限制了土壤细菌的活动,此两点原因使得植被演替后期土壤细菌数反而下降。由于土壤细菌占土壤微生物量较大,在本研究中达 65% 左右,因此细菌在土壤微生物中的变化趋势决定了土壤微生物总量的变化趋势。

本研究表明,真菌与土壤有机碳、有效氮和有效磷呈显著正相关,且细菌关系最大,真菌次之,放线菌最小。土壤细菌、放线菌和真菌三种土壤微生物均能参与土壤有机质的分解与腐殖质的形成,并且参与土壤中的氨化作用与团聚体的形成^[31],因此地上植被生长的好与坏和微生物的生长活动密切相关^[8]。土壤微生物数量增多,随着时间的推移,土壤表层的枯枝落叶腐解作用加强,可形成较厚的土壤有机质层,有效增加土壤肥力,从而反过来促进植被的正向演替。

3.3 土壤酶活性的演变

本研究探讨的 3 种代表性土壤酶(蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶)随植被演替推进呈现不断增加的演变特征,与前人研究结果基本一致^[12,32]。由于土壤酶参与土壤碳、氮和磷循环,有机质的分解和腐殖质的形成,因此其活性增加使土壤质量提高^[33]。但研究发现,脲酶和蔗糖酶活性在植被演替至灌木阶段后其活性增加速率降低,这种土壤酶活性变化趋势可能原因是退耕初期枯落物少,生物结皮中苔藓、地衣对土壤的影响还较弱,因而土壤酶活性较低;随着植被演替的推进,植被群落结构复杂化,植被根系和地表枯枝落叶层的增加使土壤养分含量增加,有充分的营养源支持微生物的活动,加之水热条件和通气状况好,使微生物生长旺盛,从而使土壤酶积累迅速。但当植被

群落逐渐趋于稳定,枯枝落叶在表层的积累,使表层土壤温度降低,一定程度上抑制了微生物的活动,从而导致了土壤酶活性增加速率降低。

相关性分析表明,土壤微生物数量与酶活性有较大的相关性,同时土壤酶与土壤有机碳、全氮、有效氮、有效磷和有效钾有极显著的相关关系,说明土壤酶在土壤养分的转化过程中有着较大的功能。土壤蔗糖酶能促进有机碳、全氮、有效磷等土壤养分的循环;脲酶活性在一定程度上决定了植物对尿素氮的利用程度;磷酸酶能酶促磷素的转化利用^[9]。因此,土壤酶的总体活性增加在一定程度上可增加土壤肥力,同时也有利于增加土壤微生物量,从而促进土壤结构的改善,加速退耕后植被的正向演替。

综上所述,黄土丘陵区退耕后随着植被自然演替,地上生物量和植被盖度的增加使得土壤环境得到提高,评价质量的土壤养分和土壤生物学指标(土壤微生物和酶)都有不同程度的增加,植被恢复后的土壤质量得到了改善。但土壤质量要恢复到破坏前该地区顶级群落时的水平,还需要一个漫长的阶段,因此应在以自然恢复为主的前提下,在土壤环境条件允许的情况下,可依据黄土高原植被区划、干旱少雨的气候条件及特定的地形条件,结合物种的生活型与水分生态类型^[34],适度种植灌乔林(乡土属种或地带性物种),人工干预调控促进植物群落的拓殖与演替,促进该区土壤生态系统快速、健康地恢复和发展。

参考文献:

- [1] 戴全厚,刘国彬,田均良,等. 侵蚀环境小流域生态经济系统健康定量评价[J]. 生态学报,2006,26(7):2220-2228.
- [2] 常庆瑞,安韶山,刘京,等. 黄土高原恢复植被防止土地退化效益研究[J]. 土壤侵蚀与水土保持学报,1999,5(4):6-9.
- [3] 郝仕龙,安韶山,李壁成,等. 黄土丘陵区退耕还林(草)土壤环境效应[J]. 水土保持研究,2005,12(3):29-30.
- [4] 张楠,王继军,崔绍芳,等. 黄土丘陵沟壑区退耕林生态系统服务价值评估:以陕西省安塞县为例[J]. 水土保持研究,2013,20(2):176-180.
- [5] 陈云明,梁一民,程积民. 黄土高原林草植被建设的地带性特征[J]. 植物生态学报,2002,26(3):339-345.
- [6] 薛莲,刘国彬,戴全厚,等. 黄土丘陵区人工灌木林恢复过程中的土壤微生物生物量演变[J]. 应用生态学报,2008,19(3):517-523.
- [7] Zak D R, Holmes W E, White D C, et al. Plant diversity, soil microbial communities, and ecosystem function: Are there any links[J]. Ecology, 2003, 84(8): 2042-2050.
- [8] Hayat R, Ali S, Amara U, Khalid R, et al. Soil beneficial bacteria and their role in plant growth promotion: A review [J]. Annals of Microbiology, 2010, 60(4): 579-598.
- [9] Paul E A. Soil Microbiology, Ecology and Biochemistry [M]. Burlington, USA: Academic Press, 2006.
- [10] 侯庆春,韩蕊莲,李宏平. 关于黄土丘陵典型地区植被建设中有关问题的研究. I: 土壤水分状况及植被建设区划[J]. 水土保持研究,2000,7(2):102-110.
- [11] 孟秦倩,王健. 延安丘陵沟壑区果园土壤储水量动态研究[J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2007,35(11):161-164.
- [12] 吕春花. 子午岭地区植被恢复对土壤质量的影响研究[D]. 陕西杨凌:西北农林科技大学,2006.
- [13] 唐龙,梁宗锁,杜峰,等. 陕北黄土高原丘陵区撂荒演替及其过程中主要乡土牧草的确定与评价[J]. 生态学报,2006,26(4):1165-1175.
- [14] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤物理性质测定法[M]. 北京:科学出版社,1978:34-88.
- [15] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤理化分析[M]. 上海:上海科学技术出版社,1980.
- [16] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社,1986.
- [17] 贾横义,彭琳,彭祥林. 黄土高原区土壤养分资源分区及评价[J]. 水土保持学报,1994,8(30):22-28.
- [18] Powlson D S, Brookes P C, Christensen B T. Measurement of soil microbial biomass provides an early indication of changes in total soil organic matter due to straw incorporation[J]. Soil Biology & Biochemistry, 1987, 19(2):159-164.
- [19] de Baets S, Poesen J, Reubens B, et al. Methodological framework to select plant species for controlling rill and gully erosion: application to a Mediterranean ecosystem[J]. Earth Surface Processes and Landforms, 2009,34(7):1374-1392.
- [20] Zhu H H, He X Y, Wang K L, et al. Interactions of vegetation succession, soil bio-chemical properties and microbial communities in a Karst ecosystem [J]. European Journal of Soil Biology, 2012,51(4):1-7.
- [21] Maisto G, de Marco A, Meola A, et al. Nutrient dynamics in litter mixtures of four Mediterranean maquis species decomposing in situ[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011,43(3):520-530.
- [22] Peter M V, Stephen P, Benjamin Z H, et al. Terrestrial phosphorus limitation: mechanisms, implications, and nitrogen-phosphorus interactions [J]. Ecological Applications, 2010,20(1):5-15.
- [23] Morgan R P C. Soil Erosion and Conservation [M]. New York: John Wiley & Sons, 2005.

- 沙特性的影响: I. 泥沙粒径变化[J]. 自然资源学报, 1997, 12(1): 1-9.
- [3] 王倩, 汪权方, 梅新. 分形理论在遥感图像分类处理中的应用评析[J]. 安徽农业科学, 2009, 37(7): 3325-3326.
- [4] 周银军, 陈立, 刘同宦. 分形理论在泥沙研究中的应用概述[J]. 泥沙研究, 2012(2): 73-80.
- [5] Gui D, Lei J, Zeng F, et al. Characterizing variations in soil particle size distribution in oasis farmlands: A case study of the Cele Oasis[J]. Mathematical and Computer Modelling, 2010, 51(11): 1306-1311.
- [6] 文星跃, 黄成敏, 黄风琴, 等. 岷江上游河谷土壤粒径分形维数及其影响因素[J]. 华南师范大学学报: 自然科学版, 2011(1): 80-86.
- [7] Posadas A N D, Giménez D, Bittelli M, et al. Multi-fractal characterization of soil particle-size distributions[J]. Soil Science Society of America Journal, 2001, 65(5): 1361-1367.
- [8] 王德, 傅伯杰, 陈利顶, 等. 不同土地利用类型下土壤粒径分形分析: 以黄土丘陵沟壑区为例[J]. 生态学报, 2007, 27(7): 3081-3089.
- [9] 李进峰, 宫渊波, 陈林武, 等. 广元市不同土地利用类型土壤的分形特征[J]. 水土保持学报, 2007, 21(5): 167-182.
- [10] 宋利珍, 常庆瑞. 秦巴山区不同地貌类型土地利用分形研究[J]. 江西农业学报, 2011, 23(10): 154-157.
- [11] 宋孝玉, 李亚娟, 李怀有, 等. 不同地貌类型及土地利用方式下土壤粒径的分形特征[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2009, 37(9): 155-167.
- [12] Zhao P, Shao M, Omran W, et al. A modified model for estimating the full description of soil particle size distribution[J]. Canadian Journal of Soil Science, 2013, 93(1): 65-72.
- [13] 武生智, 魏春玲, 马崇武, 等. 沙粒粗糙度和粒径分布的分形特性[J]. 兰州大学学报: 自然科学版, 1999, 35(1): 53-56.
- [14] 王向东, 谢树南, 陈海迟. 皇甫川流域产流产沙数学模型及水沙变化原因分析[J]. 泥沙研究, 1999(5): 56-66.
- [15] Tyler S W, Wheatcraft S W. Fractal scaling of soil particle-size distributions: analysis and limitations[J]. Soil Science Society of America Journal, 1992, 56(2): 362-369.
- [16] 苏维宜. 局部域上的调和分析与分形分析及其应用[M]. 北京: 科学出版社, 2011.
- [17] Montero E. Rényi dimensions analysis of soil particle-size distributions[J]. Ecological Modelling, 2005, 182(3): 305-315.
- [18] Kravchenko A N, Boast C W, Bullock D G. Multifractal analysis of soil spatial variability[J]. Agronomy Journal, 1999, 91(6): 1033-1041.
- [19] 雷阿林, 唐克丽. 坡沟系统土壤侵蚀研究回顾与展望[J]. 水土保持通报, 1997, 17(3): 37-43.
- [20] Miranda J G V, Montero E, Alves M C, et al. Multi-fractal characterization of saprolite particle-size distributions after topsoil removal[J]. Geoderma, 2006, 134(3): 373-385.
- [21] 管孝艳, 杨培岭, 吕焯. 基于多重分形的土壤粒径分布与土壤物理特性关系[J]. 农业机械学报, 2011, 42(3): 44-50.
- ~~~~~
- (上接第 11 页)
- [24] Binkley D, Fisher R. Ecology and Management of Forest Soils [M]. New York: John Wiley & Sons, 2013.
- [25] López-Garrido R, Deurer M, Madejón E, et al. Tillage influence on biophysical soil properties: The example of a long-term tillage experiment under Mediterranean rainfed conditions in South Spain[J]. Soil and Tillage Research, 2012, 118(1): 52-60.
- [26] Johansson M, Stenberg B, Torstensson L. Microbiological and chemical changes in two arable soils after long-term sludge amendments[J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, 30(1/2): 160-167.
- [27] Elhottová D, Szili-Kovács T, Triska J. Soil microbial community of abandoned sand fields[J]. Folia Microbiol, 2002, 47(4): 435-40.
- [28] 刘建国, 卞新民, 李彦斌. 长期连作和秸秆还田对棉田土壤生物活性的影响[J]. 应用生态学报, 2008, 19(5): 1027-1032.
- [29] Du H D, Jiao J Y, Jia Y F, et al. Phytogenic mounds of four typical shoot architecture species at different slope gradients on the Loess Plateau of China[J]. Geomorphology, 2013, 193(7): 57-64.
- [30] 李海防, 卫伟, 陈利顶, 等. 黄土高原林草地覆盖土壤水量平衡研究进展[J]. 水土保持研究, 2013, 20(1): 287-293.
- [31] 柴强, 黄鹏, 黄高宝. 间作对根际土壤微生物和酶活性的影响研究[J]. 草业学报, 2008, 19(8): 105-110.
- [32] Jiang J P, Xiong Y C, Jiang H M, et al. Soil microbial activity during secondary vegetation succession in semi-arid abandoned lands of Loess Plateau[J]. Pedosphere, 2009, 19(6): 735-747.
- [33] Haack S K, Garchow H M, Klug J, et al. Analysis of factors affecting the accuracy, reproducibility, and interpretation of microbial community carbon source utilization patterns[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1995, 61(4): 1458-1468.
- [34] 焦菊英, 张振国, 贾燕锋, 等. 陕北丘陵沟壑区撂荒地自然恢复植被的组成结构与数量分类[J]. 生态学报, 2008, 28(7): 2983-2997.