祁若曈,孙西燕,李宏旭,等.宁夏盐碱区排水沟岸边带和底泥脱氮贡献及驱动因素 [J]. 中国环境科学, 2025,45(8):4551-4562.
Qi R T, Sun X Y, Li H X, et al. Study on nitrogen removal contributions and driving factors of riparian zones and sediments in drainage ditches of Ningxia saline-alkali areas [J]. China Environmental Science, 2025,45(8):4551-4562.

宁夏盐碱区排水沟岸边带和底泥脱氮贡献及驱动因素

祁若曈[1],孙西燕[1],李宏旭[1],郑兰香[1,2*] (1.宁夏大学生态环境学院,宁夏 银川 750021；2.宁夏回族自治区黄河水联网数字治水重点实验室,宁夏 银川 750021)

摘要：以宁夏第三排水沟为研究对象,采用 ^{15}N 同位素技术,测定了不同采样断面岸边带和底泥的反硝化、厌氧氨氧化速率及其脱氮贡献;结合宏基因组测序和功能基因 PCR 定量分析,探讨理化特征、功能基因及微生物群落结构对岸边带和底泥脱氮过程的影响.结果显示,宁夏第三排水沟岸边带和底泥的反硝化速率(1.22~3.75μmol N_2/(kg·h)均显著高于厌氧氨氧化速率(0.16~0.48μmol N_2/(kg·h)(P<0.05),反硝化的脱氮贡献占 83.91%~92.95%,厌氧氨氧化的脱氮贡献占 7.05%~16.09%,反硝化为宁夏第三排水沟岸边带和底泥中主要的脱氮途径.排水沟底泥的反硝化速率显著高于岸边带(P < 0.05),而厌氧氨氧化速率在岸边带和底泥中的差异不显著(P > 0.05).反硝化功能基因 *nirK* 在岸边带的丰度显著高于底泥(P < 0.05);*nirS* 则反之;岸边带和底泥的反硝化功能基因(*nirK* 和 *nirS*)丰度之和均显著高于厌氧氨氧化功能基因丰度(P < 0.05).亚硝化球菌属是岸边带中最优势的 *nirK* 型反硝化微生物,脱氯菌属是底泥中最优势的 *nirS* 型反硝化微生物.理化因子通过调控微生物活性影响功能基因的丰度及表达进而驱动脱氮过程;底泥中更高的 TOC 含量、更为厌氧的环境及更高的功能基因丰度是其反硝化能力显著优于岸边带的核心驱动因素.

关键词：岸边带；底泥；反硝化；厌氧氨氧化；同位素；宏基因组
中图分类号：X143,X52 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)08-4551-12

Study on nitrogen removal contributions and driving factors of riparian zones and sediments in drainage ditches of Ningxia saline-alkali areas. QI Ruo-tong[1], SUN Xi-yan[1], LI Hong-xu[1], ZHENG Lan-xiang[1,2*] (1.School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, China；2.Ningxia Hui Autonomous Region Yellow River Integrated Water Network Digital Water Management Key Laboratory, Yinchuan 750021, China). *China Environmental Science*, 2025,45(8)：4551~4562

Abstract：In this study, the rates of denitrification and anammox, as well as their contributions to nitrogen removal, were quantified using the ^{15}N isotope labeling technique in the riparian zones and sediments of different sampling sections within the 3rd Drainage Ditch in Ningxia's saline-alkali region. By integrating metagenomic sequencing and quantitative PCR (qPCR) analysis of functional genes, the influences of physicochemical properties, functional gene abundances, and microbial community structures on nitrogen removal processes in these two matrixes were systematically investigated. The results revealed that denitrification rates (1.22~3.75 μmol N_2/(kg·h) were significantly higher than anammox rates (0.16~0.48μmol N_2/(kg·h) in both riparian zones and sediments (P<0.05), contributing 83.91%~92.95% and 7.05%~16.09% to total nitrogen removal, respectively. This indicates that denitrification is the dominant nitrogen removal pathway in the studied drainage ditch system. Sediments exhibited significantly higher denitrification rates than riparian zones (P<0.05), while no significant difference in anammox rates was observed between the two zones (P>0.05). Regarding functional genes, the abundance of the denitrification gene *nirK* was significantly higher in riparian zones than in sediments (P<0.05), whereas the opposite trend was found for *nirS*. Notably, the combined abundances of denitrification genes (*nirK* + *nirS*) were significantly greater than those of anammox-related genes in both matrixes (P<0.05). Microbial community analysis showed that *Nitrososphaera* was the most dominant genus among *nirK*-type denitrifiers in riparian zones, while *Dechloromonas* dominated the *nirS*-type denitrifier community in sediments. Environmental factors regulated microbial activity by influencing the abundance and expression of functional genes, thereby driving nitrogen removal processes. Higher total organic carbon (TOC) content, more anaerobic micro-environments, and greater functional gene abundances in sediments were identified as core driving factors contributing to their significantly enhanced denitrification capacity compared to riparian zones.

Key words：riparian zone；sediment；denitrification；anammox；isotope；metagenomics

反硝化和厌氧氨氧化在全球氮循环中均扮演着关键角色,对硝酸盐移除和维持生态系统稳定性具有重要意义[1].全球范围内,学者们对不同生境的反硝化和厌氧氨氧化进行了广泛而深入的研究.据

收稿日期：2024-12-25
基金项目：国家自然科学基金项目(42267011);宁夏自然科学基金项目(2023AAC03113,2021AAC03176);宁夏重点研发项目(2019BFG02032)
* 责任作者, 副教授, zhenglx@nxu.edu.cn

报道,中国东北部海湾沉积物的反硝化和厌氧氨氧化可共同去除约 20%的氮源输入,其中反硝化过程的贡献约占 90%[2];太湖沉积物[3]、红树林沉积物[4]和长江河口沉积物[5]中反硝化贡献率分别达到 60%~70%、90%和 87.1%~93%,农田土壤/沉积物中反硝化更是贡献了高达 99.7%的 N_2 产量[6].尽管研究表明厌氧氨氧化在河口(5%~24%)[7]、湖泊(13%~40%)[8]和河流(0.8%~10.7%)[9]等生境中贡献率较低,但也有研究证实厌氧氨氧化在海洋生态系统中的脱氮贡献可高达 79%[10].陈志浩等[6]发现反硝化速率与 TOC、无机氮、*nirS* 和 *nirK* 功能基因丰度均显著相关.Yin 等[2]发现反硝化和厌氧氨氧化过程都与沉积物中有机质的生物可利用性密切相关.据以往研究,TOC[11-12]、硝酸盐含量[10,13-14]、温度[15]、pH 值、盐度[13]和 DO[16]对反硝化和厌氧氨氧化的影响显著.微生物是氮迁移和转化的重要介质[16-17].反硝化功能微生物多为异养兼性厌氧细菌,*nirS* 和 *nirK* 是亚硝酸还原酶的两个关键编码基因.厌氧氨氧化细菌 16S rRNA 基因和功能基因(*hzo*、*nir* 和 *hzs*)被应用于不同环境中厌氧氨氧化细菌多样性和群落构成的检测和研究[18].环境因子可通过改变脱氮功能基因丰度,进而影响脱氮能力[19-21].

岸边带和底泥是河流生态系统的重要组成部分[22-24].岸边带作为生物地球化学循环的热区,在去除氮污染以维持河流生态系统的健康方面发挥着关键作用[25].根据 meta 分析,全球岸边带平均可以达到 43%~68%的氮去除率[23,26-27],被认为是控制农业面源污染的最佳管理区域之一[28].底泥是河流生态系统中氮的重要蓄积库,氮素经过沉降、降解、堆积进入底泥,形成内源负荷,并表现出较高的氮去除率[29-32].近年来,盐碱区氮循环研究多聚焦于海岸及湿地生态系统.海岸滩涂[33]、西北干旱区湿地[34]和哈德逊河岸湿地[35]等研究表明,高盐分环境显著抑制土壤反硝化速率.盐碱胁迫不仅通过生理压力改变反硝化微生物的群落组成与生态功能[36],还会加剧农田肥料向沟渠系统的迁移,导致外源氮输入量升高[37].然而,关于盐碱区水体岸边带和底泥的脱氮贡献研究仍较为有限.从代谢机制来看,高 pH 值可能通过降低酶的催化效率,抑制微生物的氮代谢过程[38];同时,盐度升高会显著降低亚硝酸盐还原酶的相对丰度[39],并导致反硝化功能基因(如 *nirK*、*nosZ*)的丰度随盐度增加而显著下降[40].

排水沟道作为农田非点源污染物田间产出和受纳水体(湖泊、江河)间的过渡带,污染物在其中的迁移转化对控制其最终输出负荷具有重要作用[41].宁夏第三排水沟(简称“三排”)位于盐碱区,是宁夏银北灌区中负担排水面积最大、距离出境口最近的排水沟.与非盐碱区相比,其土壤盐分和 pH 值较高.土壤水溶性盐组成中阳离子以钠离子含量最高,镁、钙离子含量次之;其阴离子以氯离子含量最高,硫酸根离子含量次之[42].灌溉与排水过程中盐分易在岸边带积累,水体中溶解盐分和氨氮浓度往往更高.本文采用 ^{15}N 同位素示踪技术,系统地测定了三排不同类型岸边带与底泥中的反硝化和厌氧氨氧化速率及其对氮去除的贡献率;结合 PCR 定量分析和宏基因组测序,探讨了理化特征、功能基因丰度与微生物群落结构对岸边带和底泥脱氮过程的影响;旨在为盐碱区排水沟岸边带和底泥的脱氮机制研究提供参考.

1 材料与方法

1.1 样品采集

三排主要汇集宁夏银北平原的农业灌溉排水,以及部分沿途生活和工业排水[43].为了量化岸边带和底泥的脱氮贡献,于 2024 年 3 月在三排沿线设置 5 个采样断面,每个断面采集岸边带土壤(R1~R5)和排水沟底泥(S1~S5).采样断面地理坐标如表 1 所示.用灭菌铲将土壤、底泥迅速装入灭菌采样袋中并编号,每个样点均采集 3 个平行样.采样袋放入装有冰块的保温箱中避光低温保存并带回实验室.一部分保存于 4°C 冰箱,用于理化因子检测,一部分放入冻封管中保存于−80℃冰箱中,用于后续微生物检测.采集水样用聚乙烯塑料瓶保存于 4°C 冰箱,用于理化因子检测.

表 1 采样断面地理坐标

Table 1 Geographic coordinates of sampling sections

采样断面	经纬度坐标
1	38°39′16.23″ N, 106°18′40.05″ E
2	38°39′29.03″ N, 106°18′37.61″ E
3	38°39′55.77″ N, 106°18′32.84″ E
4	38°41′59.24″ N, 106°19′46.84″ E
5	38°44′7.47″ N, 106°21′51.11″ E

1.2　理化性质测定

在采样现场测定原位水的 pH 值和电导率等理化性质,其余指标均在实验室测定.

岸边带土壤和底泥中的 NH_4^+−N、NO_3^-−N、NO_2^-−N 均采用氯化钾溶液提取−分光光度法(HJ 634−2012)测定;TOC 采用重铬酸钾氧化−分光光度法(HJ 615−2011)测定;TN 采用凯氏法(HJ 717−2014)测定;pH 值采用电位法(HJ 962−2018)测定;电导率采用电极法(HJ 802−2016)测定;含水率采用重量法(HJ 613−2011)测定.

1.3　反硝化和厌氧氨氧化速率的测定

反硝化和厌氧氨氧化速率的测定采用 ^{15}N 同位素示踪法[12],所有操作均在充满氦气的厌氧培养箱中完成.将样品与原位水按质量比 1:1 混合制成泥浆,经高纯氦气曝气后密封于顶空瓶中,于 14℃(原位温度)恒温预培养 65h,以去除硝酸盐和氧气.预培养后,分析硝态氮残余并计算同位素标记比例(Fn).随后,样品分为三组:E_ctrl(控制组,添加 $^{15}NH_4Cl$)、E_amox(验证组,添加 $^{15}NH_4Cl$+$Na^{14}NO_3$)和 E_denit(计算组,添加 $Na^{15}NO_3$),各组 ^{15}N 浓度均为 100μmol/L.在 E_denit 组中,定时取样终止反应,并利用膜进样质谱仪(Membrane Inlet Mass Spectrometry,MIMS)检测溶解性气体 $^{28}N_2$、$^{29}N_2$ 和 $^{30}N_2$ 的起始与终止浓度.按照 Thamdrup[12]的分析方法计算厌氧氨氧化反应和反硝化反应的速率及各自对氮气生成的贡献率.

1.4　宏基因组测序和实时荧光定量 PCR

利用 E.Z.N.A.® Soil DNA Kit (Omega Bio−tek,美国)试剂盒进行样品 DNA 抽提.完成 DNA 抽提后,检测 DNA 浓度和纯度,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性.通过 Covaris M220(基因公司,中国)将 DNA 片段化,筛选约 400bp 的片段,使用 NEXTFLEX® Rapid DNA−Seq(Bioo Scientific,美国)构建 PE 文库.文库构建完成后进行桥式 PCR,最后利用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行宏基因组测序.结果显示,原始序列条数均值为 43247739,质控后序列条数均值为 42719168,每个样本序列长度均值为 6.425Gbp.上述原始数据已上传至 NCBI SRA 数据库,BioProject 登录号为 PRJNA1223680.采用 Diamond 工具将非冗余基因集的氨基酸序列与 NR 数据库进行 BLASTP 比对,e−value 设置为 1e−5,并结合 NR 库的分类学信息,进行物种注释和丰度计算,从而得到微生物群落结构.此外,采用实时荧光定量 PCR 方法测定反硝化功能基因 *nirS*、*nirK* 和厌氧氨氧化功能基因 anammox bacterial 16S rRNA (*AMX16S*)的基因拷贝数,由上海美吉生物医药科技有限公司完成.反硝化与厌氧氨氧化功能基因引物如表 2 所示.

表 2　反硝化与厌氧氨氧化功能基因引物

Table 2　Primers for functional genes of denitrification and anammox

目标基因	引物名称	序列(5′−3′)	参考文献
nirS	cd3aF	GTSAACGTSAAGGARACSGG	[44]
	R3cdR	GASTTCGGRTGSGTCTTGA	
nirK	nirk−F	TCATGGTGCTGCCGCGYGANGG	[45]
	nirk−R	GAACTTGCCGGTKGCCCAGAC	
AMX16S	AMX808−F	ARCYGTAAACGATGGGCACTAA	[46]
	AMX−1040−R	CAGCCATGCAACACCTGTRATA	

1.5　数据分析

使用 Excel 对实验数据进行预处理,利用 SPSS 进行理化因子与功能基因丰度、脱氮速率的 spearman 相关性分析,并利用 t 检验进行空间的差异分析;通过 Amos 绘制结构方程模型(SEM),对岸边带和底泥的部分理化因子、功能基因、脱氮速率之间的效应关系进行拟合;利用 OriginPro 进行数据绘图.宏基因组数据在美吉生信云平台进行分析(www.majorbio.com).

2　结果与分析

2.1　样品的理化性质

三排岸边带、底泥的理化特征呈现出明显的空间差异(图 1).在 5 个采样断面的氮素分布中,底泥的 NH_4^+−N 含量(16.18~198.97mg/kg)显著高于岸边带(2.91~6.17mg/kg)(P<0.05),底泥的 NO_2^-−N 含量(60.76~154.91mg/kg)也显著高于岸边带(37.79~64.54mg/kg)(P<0.05),但底泥的 NO_3^-−N 含量(0.38~2.55mg/kg)显著低于岸边带(3.82~50.89mg/kg)(P < 0.05),NO_2^-−N 是三排岸边带和底泥的主要无机氮存在形式.TN 的分布表现出不均匀性,在 1、2、5 号断面,底泥的 TN 含量略高于岸边带,而在 3、4 号断面则相反.其他指标中,底泥的 TOC、C/N 和 WC 高于岸边带,而岸边带的电导率(EC)显著高于底泥(P<

0.05).各样品的 pH 值均为弱碱性,且岸边带的 pH 值(8.07~8.49)高于底泥(7.87~8.08),与三排所处盐碱地区的特征相符.

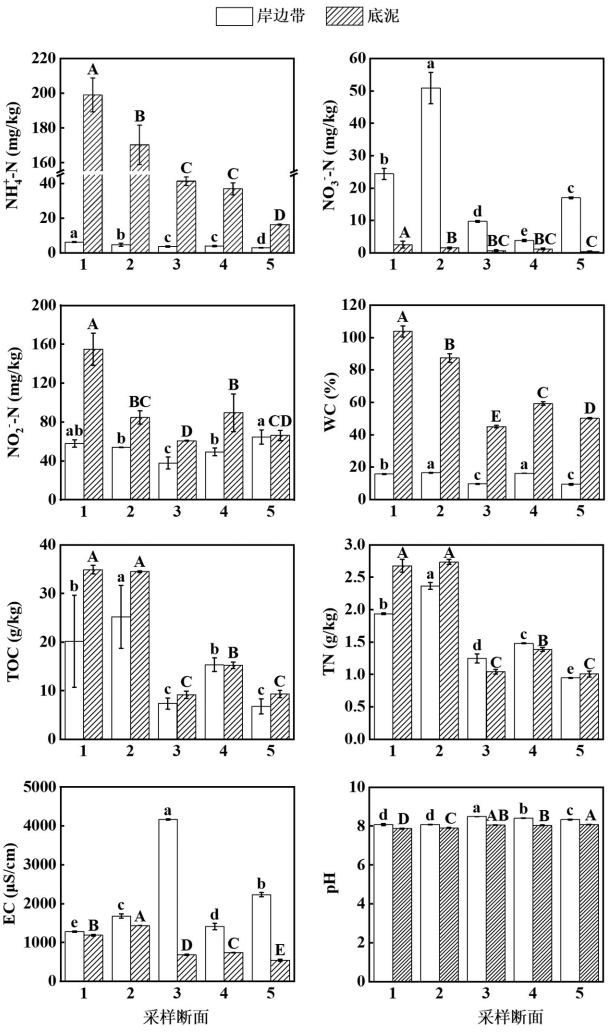


图 1 岸边带和底泥的理化特征

Fig.1 Physicochemical characteristics of riparian zones and sediments

大、小写字母分别表示每个理化因子分别在底泥和岸边带中的差异性分析结果(P<0.05)

2.2 反硝化、厌氧氨氧化速率及脱氮贡献

根据添加不同同位素的底泥泥浆严格厌氧培养 12h 过程中产生的 $^{29}N_2$ 和 $^{30}N_2$ 气体估算厌氧氨氧化和反硝化活性.E_ctrl 组内均未检测到 $^{29}N_2$ 和 $^{30}N_2$,表明预培养期间本底硝酸盐被完全消耗.E_amox 组内检测到 $^{29}N_2$,但未检测到 $^{30}N_2$,表明样品中存在厌氧氨氧化过程.根据 E_denit 组 $^{29}N_2$ 和 $^{30}N_2$ 的积累量计算得到各样品中反硝化和厌氧氨氧化速率(图 2).

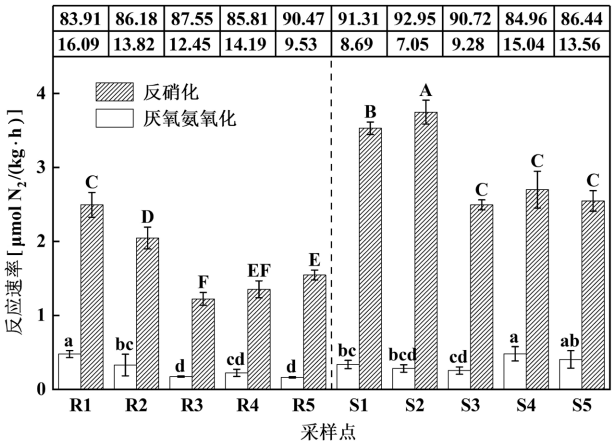


图 2 岸边带与底泥的反硝化和厌氧氨氧化速率

Fig.2 Rates of denitrification and anammox in riparian zones and sediments

图上方第 1 行和第 2 行数字分别为对应样品的反硝化和厌氧氨氧化脱氮贡献,单位均为%.柱状上大、小写字母分别表示不同采样点之间反硝化和厌氧氨氧化速率的差异性分析结果(P < 0.05)

可见,岸边带与底泥的反硝化和厌氧氨氧化速率展现了显著的空间异质性.整体来看,各采样点的反硝化速率(1.22~3.75μmol N_2/(kg·h)均显著高于厌氧氨氧化速率(0.16~0.48μmol N_2/(kg·h)(P<0.05);反硝化的脱氮贡献占 83.91%~92.95%,厌氧氨氧化的脱氮贡献为 7.05%~16.09%,说明三排的岸边带和底泥中,反硝化比厌氧氨氧化具有更高的脱氮贡献.各采样断面中,岸边带反硝化速率为 1.22~2.5μmol N_2/(kg·h),底泥反硝化速率为 2.49~3.75μmol N_2/(kg·h),底泥反硝化速率均显著高于岸边带(P<0.05).岸边带厌氧氨氧化速率为 0.17~0.48μmol N_2/(kg·h),底泥厌氧氨氧化速率为 0.26~0.48μmol N_2/(kg·h),二者差异不显著(P> 0.05).

2.3 反硝化和厌氧氨氧化功能基因丰度及微生物群落结构

功能基因 *nirK*、*nirS* 和 *AMX16S* 在岸边带与底泥中的丰度表现出明显差异(图 3).各采样断面中,*nirK* 在岸边带(7.87×10^7~5.62×10^8copies/g)的基因丰度显著高于底泥(1.30×10^7~6.62×10^7copies/g)(P < 0.05),而 *nirS* 在岸边带(9.76×10^6~1.11×10^8copies/g)的基因丰度显著低于底泥(8.18×10^7~4.04×10^8copies/g)(P<0.05). *AMX16S* 在岸边带(2.03×10^7~9.29×10^7copies/g)的基因丰度普遍略高于底泥(7.46×10^6~2.10×10^7copies/g),但差异不显著.岸边带

的 *nirK* 基因丰度高于 *nirS* 和 *AMX16S* 的基因丰度;而底泥的 *nirS* 基因丰度显著高于 *nirK* 和 *AMX16S* 的基因丰度(P<0.05).整体来看,岸边带和底泥的反硝化功能基因(*nirK* 和 *nirS*)丰度之和(9.48×10^{7}~6.73×10^{8}copies/g)均显著高于厌氧氨氧化功能基因丰度(7.46×10^{6}~9.29×10^{7}copies/g)(P<0.05).

α 多样性分析表明,岸边带的微生物群落(尤其是反硝化微生物)具有较高的物种丰富度和多样性,且分布更均匀.在门水平下,选取反硝化微生物丰度排名前 5 的优势菌门和厌氧氨氧化微生物所属的浮霉菌门[47]绘制相对丰度柱形图(图 4(a)).岸边带和底泥中反硝化优势菌门有放线菌门(Actinomycetota,6.7%~53.7%)、假单胞菌门(Pseudomonadota,26.6%~60.8%)、绿弯菌门(Chloroflexota,4.1%~31.7%)、拟杆菌门(Bacteroidota,5.2%~12.4%)和酸杆菌门(Acidobacteriota,2.0%~9.2%),其中放线菌门和假单胞菌门分别是岸边带和底泥中的最优势菌门.岸边带的放线菌门相对丰度(30.8%~53.65%)整体高于底泥(6.70%~12.49%);而底泥的假单胞菌门和绿弯菌门(相对丰度分别为 44.6%~60.8%和 15.81%~31.69%)高于岸边带(相对丰度分别为 26.63%~40.74%和 4.11%~10.91%).

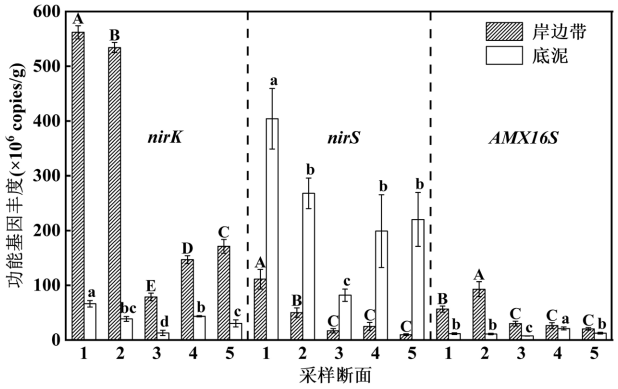


图 3　反硝化和厌氧氨氧化功能基因丰度

Fig.3　Abundance of functional genes for denitrification and anammox

大、小写字母分别表示每个功能基因丰度分别在岸边带和底泥中的差异性分析结果(P<0.05)

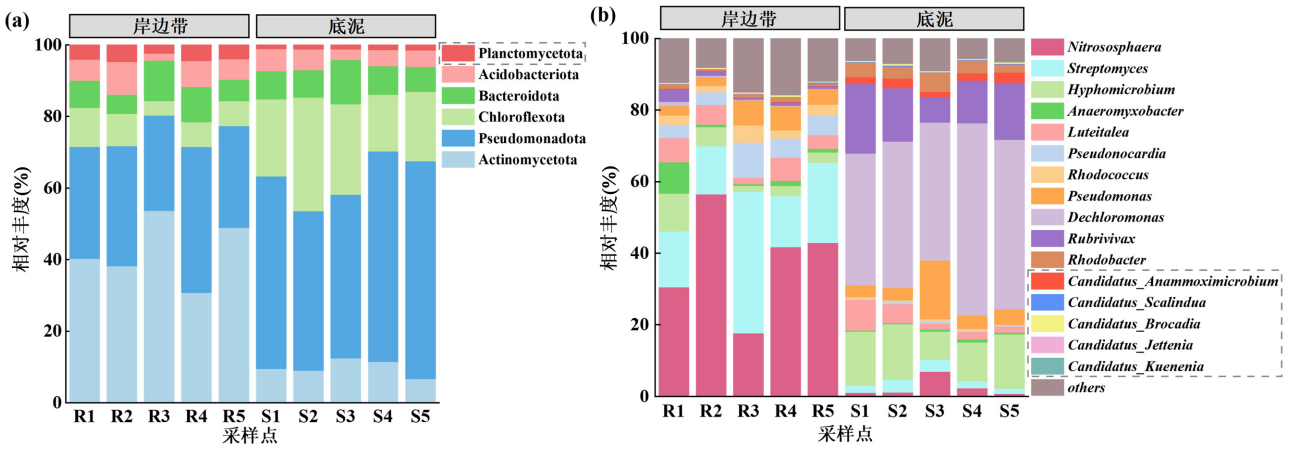


图 4　反硝化和厌氧氨氧化微生物群落的门、属水平组成

Fig.4　Composition of microbial communities for denitrification and anammox at phylum and genus level

(a):门水平;(b):属水平.虚线框内为厌氧氨氧化微生物所在门或属

各样品中均检测到浮霉菌门微生物(Planctomycetes,1.1%~4.7%),并且在岸边带的丰度(2.43%~4.69%)高于底泥(1.10%~1.45%),浮霉菌门相对丰度显著低于反硝化各优势菌门.在属水平下,选取反硝化微生物丰度排名前 30 的优势菌属和所检测到已知的厌氧氨氧化菌属绘制相对丰度柱形图(图 4(b)),不考虑未分类的其他菌属.岸边带的反硝化优势菌属有亚硝化螺旋菌属(*Nitrososphaera*,17.7%~56.5%)和链霉菌属(*Streptomyces*, 13.5%~39.5%)等.底泥的反硝化优势菌属有脱氯菌属(*Dechloromonas*,36.9%~53.6%)和红活菌属(*Rubrivivax*,7.23%~19.5%)等.各样品中均检测到 5 个已知的厌氧氨氧化菌属 *Candidatus Brocadia* (0.17%~0.42%)、*Candidatus Kuenenia* (0.03%~0.16%)、*Candidatus Scalindua*(0.09%~0.42%)、*Candidatus Jettenia*(0.05%~0.17%)、*Candidatus Anammoximicrobium*(0.10%~2.84%), 并

且均低于反硝化菌属相对丰度.其中 *Candidatus Anammoximicrobium* 是R1和所有底泥样品中丰度最高的厌氧氨氧化菌属,且在底泥(1.4%~2.8%)中的丰度整体高于岸边带(0.1%~0.3%).*nirK* 型和 *nirS* 型反硝化微生物在岸边带和底泥中的群落组成差异显著(图 5).*nirK* 型中亚硝化球菌属在岸边带占比最高(2.72%~20.74%),而在底泥中丰度较低(0.83%~6.97%).*nirS* 型中脱氯菌属在底泥占比最高(8.73%~14.85%),而在岸边带中丰度较低(0%~0.93%).

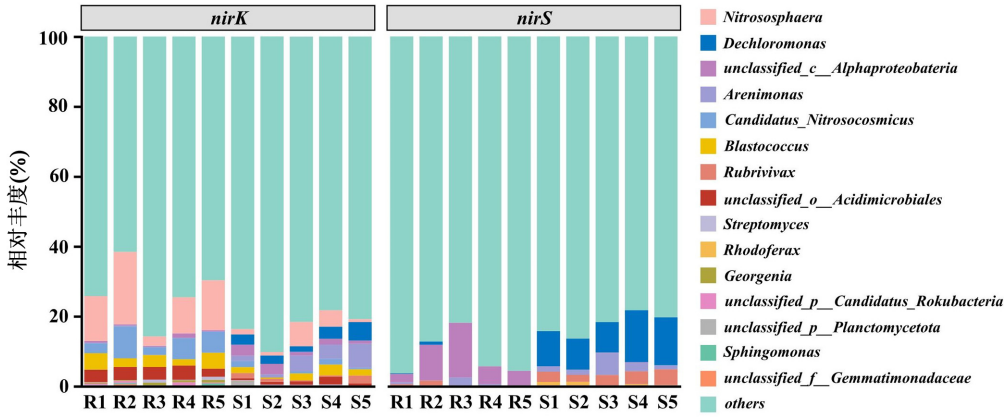


图 5 *nirK* 型和 *nirS* 型反硝化微生物群落组成(属水平)

Fig.5 Composition of *nirK*-type and *nirS*-type denitrifying microbial communities (genus level)

2.4 理化因子、功能基因丰度及脱氮速率之间的相关性

理化因子、功能基因和脱氮速率之间相关性在岸边带和底泥中呈现出较大差异(图 6).在岸边带中,反硝化速率与 NO_3^-–N、NH_4^+–N、TOC 和 WC 呈显著正相关(P<0.05),与 TN、*nirS*、*nirK* 和厌氧氨氧化速率呈极显著正相关(P<0.01),与 EC 和 pH 值均呈极显著负相关(P<0.01).厌氧氨氧化速率与 *AMX16S* 呈显著正相关(P<0.05),与 NH_4^+–N、WC、TN 呈极显著正相关(P<0.01),分别与 EC 和 pH 值呈显著负相关(P<0.05)和极显著负相关(P<0.01).*nirS*、*nirK* 和 *AMX16S* 三者之间呈不同程度的正相关.在底泥中,反硝化速率与 TOC、NO_3^-–N、NH_4^+–N、NO_2^-–N、WC、*nirK* 和 *nirS* 呈极显著正相关(P<0.01),与 pH 值呈极显著负相关(P<0.01).厌氧氨氧化速率与 *AMX16S* 呈极显著正相关(P<0.01),与理化因子、反硝化速率之间相关性不显著.*nirS* 和 *nirK* 呈极显著正相关(P<0.01),但二者与 *AMX 16S* 之间相关性不显著.

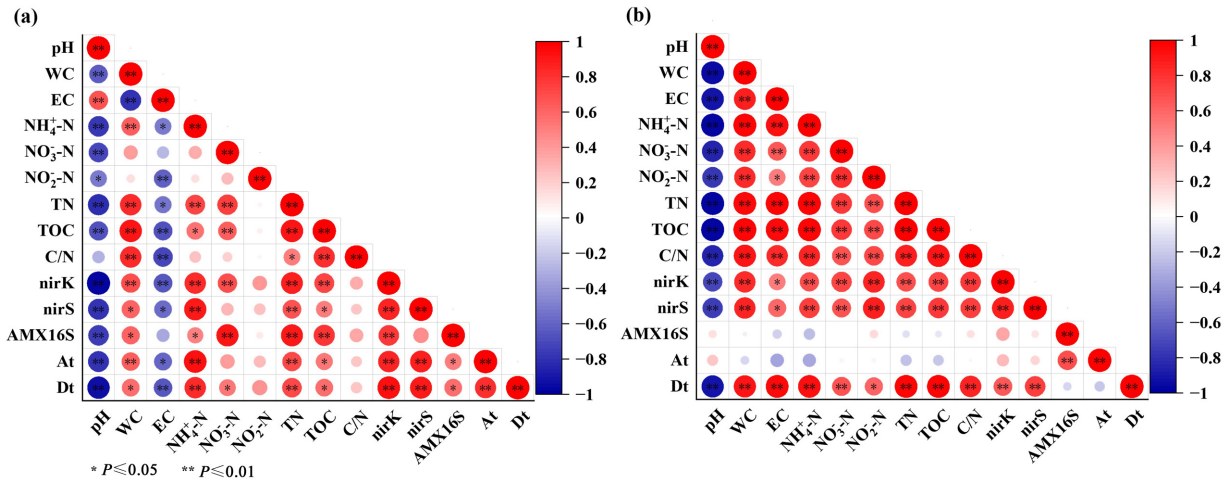


图 6 岸边带和底泥理化因子、功能基因和脱氮速率的相关性

Fig.6 Correlation of physicochemical factors, functional genes and nitrogen removal rates in riparian zones and sediments

(a):岸边带;(b):底泥.“EC”、“WC”、“Dt”和“At”分别代表电导率、含水率、反硝化速率和厌氧氨氧化速率.红色代表正相关,蓝色代表负相关,颜色越深,相关性越强,圆圈的大小为相关系数,*和**分别代表 P < 0.05 和 P < 0.01 时的显著性统计量

2.5　理化因子通过功能基因驱动脱氮的差异机制

结构方程模型显示(图 7),理化因子主要通过直接影响功能基因进而间接驱动脱氮过程,但岸边带和底泥的影响路径和关键功能基因存在差异.在岸边带中,NO_3^-−N 对 *nirK* 表现出显著正效应(路径系数=0.614;*P*<0.001),EC(路径系数= −0.267;*P*<0.001)和 pH 值(路径系数= −0.243;*P*<0.001)对 *nirK* 具有显著负效应;*nirK*(路径系数=0.347;*P*<0.01)对反硝化速率的影响比 *nirS* 更显著.此外,NH_4^+−N 对 *AMX16S* 的显著正效应(路径系数= 0.863;*P*<0.01)进一步促进了厌氧氨氧化过程.在底泥中,NO_3^-−N(路径系数=0.476;*P*<0.01)和 TOC(路径系数=0.821;*P*<0.001)对 *nirS* 表现出显著正效应,而 pH 值对 *nirS* 具有显著负效应(路径系数= −0.408;*P*<0.001). 与岸边带相反,*nirS*(路径系数= 0.446;*P*<0.01)对反硝化速率的贡献显著高于 *nirK*.同时,NH_4^+−N 通过促进 *AMX16S*(路径系数=0.876;*P*<0.001)间接驱动厌氧氨氧化.整体来看,岸边带的理化因子通过调控 *nirK* 驱动反硝化,而底泥则主要通过影响 *nirS* 发挥作用,二者均通过 *AMX16S* 间接影响厌氧氨氧化.

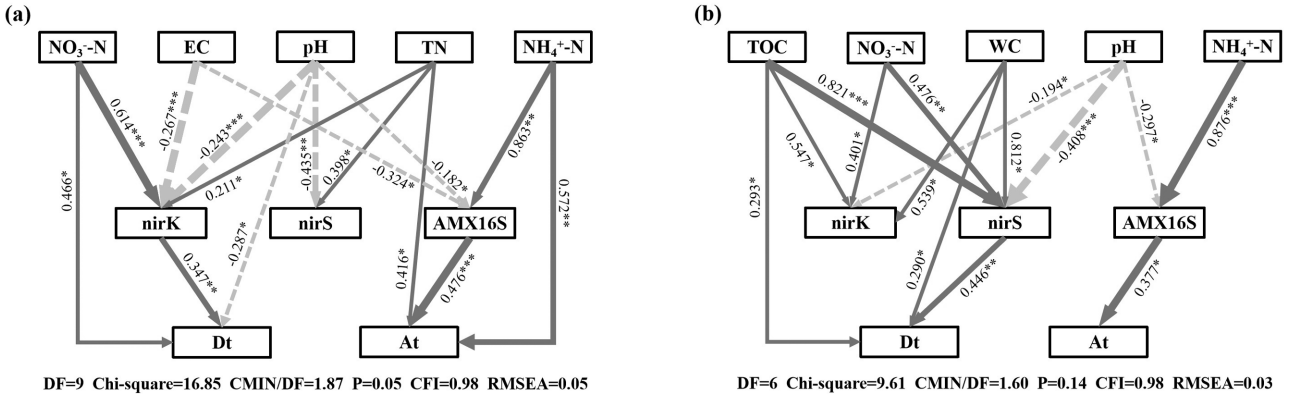


图 7　理化因子、功能基因和脱氮速率的结构方程模型

Fig.7　Structural equation modelling of physicochemical factors, functional genes and nitrogen removal rates

(a):岸边带;(b):底泥,实线表示正效应,虚线表示负效应,线条粗细表示显著性水平(*表示 $P < 0.05$,**表示 $P < 0.01$,***表示 $P < 0.001$).未达显著性水平的路径已剔除.在图下方标注了模型参数,其中 1< CMIN/DF < 3,RMSEA < 0.08,且 CFI > 0.9,说明两个模型拟合效果良好

3　讨论

3.1　理化因子对反硝化和厌氧氨氧化速率的影响

与其他地区的脱氮速率相比,地处盐碱区的三排的反硝化和厌氧氨氧化速率低于渭南河岸带[11]、长江沿岸湿地[48]等区域,但与纽约中部河岸带[49]、中国南部稻田[50]等区域脱氮速率接近.相关性分析表明(图 6),岸边带和底泥的反硝化、厌氧氨氧化脱氮速率受到多种理化因子的影响.本研究结果显示岸边带和底泥的反硝化速率均与 TOC、NH_4^+−N 和 NO_3^-−N 呈显著正相关(*P*<0.05),与前人研究结果一致[6,28,50].这是由于大部分反硝化菌需要充足的有机碳来充当电子供体以完成反硝化过程,TOC 被认为是限制氮转化的关键因素[51-52];自然环境中的 NH_4^+−N 经硝化过程被氧化为 NO_3^-−N,而 NO_3^-−N 是反硝化过程的底物,故无机氮和 TOC 含量高的环境有利于反硝化的进行[6,53].尽管底泥的 NO_3^-−N 较低(图 1),但 TOC、NH_4^+−N 和 NO_2^-−N 高于岸边带,大量 TOC 提供的电子可能优先流向 NO_2^-−N 进行反硝化(亚硝酸盐还原),而岸边带较低的 TOC 和较高的氧含量导致反硝化和厌氧氨氧化受到抑制[11].此外,底泥的高 WC 特别是饱和水分可显著提高反硝化微生物 *nirS* 和 *nosZ* 的丰度,反硝化相关微生物丰度的增加促进 N_2O 还原成 N_2[54],因此 WC 进一步强化了底泥的反硝化过程.较高的 NH_4^+−N 和 NO_2^-−N 可利用性以及较低的氧含量是厌氧氨氧化过程的理想条件[55].本研究中厌氧氨氧化速率整体较低,与 NH_4^+−N 和 NO_2^-−N 等因子在底泥中的正相关性不如在岸边带中显著,这可能是由于底泥中较高的 TOC 抑制了厌氧氨氧化过程,导致其厌氧氨氧化速率过低[56-57].

三排位于干旱盐碱区,岸边带的 EC 显著高于底泥,表明岸边带的盐分积累更多.研究表明盐度较高的区域反硝化和厌氧氨氧化速率通常较低[58-61].本

研究中岸边带的反硝化、厌氧氨氧化速率均与 EC 呈极显著负相关(P<0.01);底泥的反硝化速率与 EC 呈极显著正相关(P<0.01),这表明岸边带的盐度对反硝化和厌氧氨氧化的抑制作用更强.Wang 等[40]发现反硝化微生物对底泥盐碱化有一定耐受性,当盐度达到一定值时才会发生抑制,Meng 等[34]也得出一致的结论,这或许能解释底泥反硝化速率显著高于岸边带的现象.此外,反硝化细菌比厌氧氨氧化菌有更多的能量盈余来应对高盐度引起的压力,这使得前者在高盐度区域中比后者更占优势也更活跃[62].岸边带的反硝化、厌氧氨氧化速率和底泥的反硝化速率均与 pH 值呈极显著负相关(P<0.01).反硝化菌和厌氧氨氧化菌的最适 pH 值为 7.0~7.5[6,63],而岸边带和底泥的 pH 值均超出此范围且岸边带的 pH 值显著高于底泥,这表明岸边带更强的碱性可能导致其脱氮微生物活性被抑制,从而引起脱氮速率低于底泥.

3.2 反硝化、厌氧氨氧化功能基因和微生物群落结构对理化因子的响应

量化反硝化功能基因能够更准确地评估环境中的反硝化作用及其动态变化[64].*nirK* 和 *nirS* 编码亚硝酸盐还原酶,是反硝化过程中的两个关键功能基因[65].三排岸边带和底泥的反硝化速率均与 *nirK* 和 *nirS* 功能基因丰度呈极显著正相关(P<0.01),这与 Ding 等[66]和 Zhi 等[67]的研究结论一致.已有研究表明,*nirK* 在陆地生态系统的丰度显著高于 *nirS*,特别在农田和根际土中占主导地位;而 *nirS* 在沼泽、海底等水环境中比 *nirK* 丰富,并在间歇泉和废水中占主导[68].此外, *nirK*往往在有氧气的环境中占优势[69], *nirS* 型反硝化细菌则更适合低盐度、中性和较厌氧的底泥环境[70].考虑到三排岸边带的盐分、pH 值和氧含量均高于底泥,可以推测三排岸边带中 *nirK* 丰度显著高于 *nirS*,而底泥中 *nirS* 丰度显著高于 *nirK* 的现象,可能是 *nirK* 与 *nirS* 型反硝化微生物在环境中的生态位差异而导致[65].亚硝化球菌属是主要的 *nirK* 型反硝化微生物,脱氯菌属是主要的 *nirS* 型反硝化微生物,它们分别在岸边带和底泥中有最高丰度,这表明 *nirK* 和 *nirS* 的丰度差异与不同环境中反硝化过程的主导菌群密切相关[68].反硝化功能基因 *nirK* 和 *nirS* 丰度均明显高于厌氧氨氧化菌 *AMX16S* 丰度(P<0.05),说明三排岸边带和底泥中反硝化微生物丰度显著高于厌氧氨氧化微生物丰度.岸边带的厌氧氨氧化速率与 *AMX16S* 之间呈显著正相关(P<0.05),NH_4^+−N 和 NO_2^-−N 等可直接或间接地提高厌氧氨氧化功能基因丰度,进而促进厌氧氨氧化潜在速率.但在底泥中 *AMX16S* 与厌氧氨氧化速率呈极显著正相关(P<0.01),而与其他理化因子并无显著相关性,可能是底泥的厌氧氨氧化速率太低且差异性不显著[6],也可能是由于引物覆盖不全和 PCR 扩增偏差,所选 *AMX* 不能全面覆盖厌氧氨氧化微生物的多样性,有报道称是 mRNA 而不是基因丰度与 N_2 通量密切相关[50].

研究发现,假单胞菌门与溶解氧和盐度呈显著负相关[71],而与含水率呈强正相关[54].放线菌在有机物丰富、含水率低、呈中性或微碱性的土壤中数量最为丰富,且大多数放线菌为好氧菌,需充足的通气量以促进其生长[72].本研究中放线菌门和假单胞菌门分别是岸边带和底泥中的最具优势的菌门,这与三排所处的盐碱区环境特征相符.亚硝化螺旋菌属和链霉菌属为岸边带的反硝化优势菌属,其中亚硝化螺旋菌属属于奇古菌门,奇古菌门是土壤古菌的主要优势菌群,能够影响 *nirK* 基因,促进 NO_2^-向 NO 的转化[73];链霉菌属是放线菌门的代表属,它主要生长在含水量较低、通气较好的土壤中[72],具有良好的嗜盐嗜碱特性,因此能在盐碱干旱环境中生存[74].脱氯菌属是底泥的最优势菌属,这可能与三排底泥中较高的氨氮含量有关[75].各样品中均检测到厌氧氨氧化菌所属的浮霉菌门,且岸边带的丰度高于底泥,但其相对丰度显著低于反硝化优势菌门.浮霉菌门下的菌属 *Candidatus Anammoximicrobium* 在岸边带的丰度低于底泥,且在电导率最高的 R3 处有最低丰度,推测此菌属不耐盐,岸边带的高盐环境可能抑制了其活性[65].

3.3 岸边带和底泥的反硝化、厌氧氨氧化脱氮贡献及驱动机制

三排的岸边带和底泥中,反硝化(贡献占比 83.91%~92.95%)比厌氧氨氧化(贡献占比 7.05%~16.09%)具有更高的脱氮贡献,这种差异除了与反硝化和厌氧氨氧化功能基 pH 值因丰度以及微生物群落结构的显著差异有关,还与理化因子的共同作用密切相关.SEM 结果表明,岸边带中 NO_3^-−N 对 *nirK* 表现出显著正效应,EC 和对 *nirK* 具有显著负效

应,*nirK* 对反硝化速率的贡献比 *nirS* 更显著;底泥中 NO_3^-−N 和 TOC 对 *nirS* 表现出显著正效应,而 pH 值对 *nirS* 具有显著负效应,*nirS* 对反硝化速率的贡献显著高于 *nirK*.同时,岸边带和底泥的 NH_4^+−N 对 *AMX16S* 的显著正效应进一步促进了厌氧氨氧化过程.岸边带和底泥的脱氮过程以反硝化为主,且底泥较岸边带表现出更强的反硝化能力,这主要得益于底泥中较高的 TOC、NO_3^-−N 和 WC 等理化因子通过影响 *nirS* 和 *nirK*,显著提高了反硝化速率.*nirK* 和 *nirS* 分别在岸边带和底泥的反硝化中起主导作用.岸边带中,*nirK* 对较高的盐度、pH 值和氧气的耐受性比 *nirS* 更强[37,69-70],因而表现出更显著的生态适应性优势,有研究表明 *nirK* 在陆地生态系统中的丰度显著高于 *nirS*[68],进一步佐证了其在岸边带反硝化中的主导地位.底泥中,高 TOC 为反硝化微生物提供了充足的电子供体[53],高 WC 创造了有利的传质和厌氧条件[54],显著促进了 *nirS* 型反硝化微生物的生长及基因表达,增强了反硝化能力[53-54],因此 *nirS* 型反硝化微生物在底泥中占主导作用.类似的,厌氧氨氧化的速率和贡献也受理化因子及 *AMX16S* 的调控.岸边带的高盐碱环境[60,63]和底泥的高 TOC 含量[56-57]直接影响 *AMX16S* 丰度,导致二者的厌氧氨氧化速率较低且差异较小.可见,理化因子通过调控微生物活性影响功能基因的丰度及表达,进而驱动了三排岸边带和底泥的脱氮过程.

4　结论

4.1　盐碱区排水沟岸边带和底泥具有明显的脱氮过程.三排岸边带和底泥的反硝化速率[1.22~3.75 μmol N_2/(kg·h)]均显著高于厌氧氨氧化速率[0.16~0.48μmol N_2/(kg·h)],反硝化的脱氮贡献占 83.91%~92.95%,厌氧氨氧化的脱氮贡献占 7.05%~16.09%,反硝化为三排岸边带和底泥中主要的脱氮途径.其中底泥的反硝化速率显著高于岸边带,而厌氧氨氧化速率在岸边带和底泥中的差异不显著.

4.2　岸边带和底泥的优势脱氮功能基因和优势功能微生物不同.反硝化功能基因 *nirK* 在岸边带的基因丰度显著高于底泥,*nirS* 在岸边带的基因丰度显著低于底泥;岸边带和底泥的反硝化功能基因(*nirK* 和 *nirS*)丰度之和均显著高于厌氧氨氧化功能基因丰度.*nirK* 型反硝化微生物和 *nirS* 型反硝化微生物分别在岸边带和底泥的反硝化中起主导作用,亚硝化球菌属是最优势的 *nirK* 型反硝化微生物,脱氯菌属是最优势的 *nirS* 型反硝化微生物.

4.3　三排岸边带和底泥的理化因子通过调控微生物活性影响功能基因的丰度及表达,进而驱动脱氮过程.底泥中更高的 TOC 含量、更为厌氧的环境及更高的功能基因丰度是其反硝化能力显著优于岸边带的核心驱动因素.

参考文献:

[1] Zhang X, Ward B B, Sigman D M. Global nitrogen cycle: critical enzymes, organisms, and processes for nitrogen budgets and dynamics [J]. Chemical Reviews, 2020,120(12):5308−5351.

[2] Yin G, Hou L, Zong H, et al. Denitrification and anaerobic ammonium oxidization across the sediment–water interface in the hypereutrophic ecosystem, Jinpu Bay, in the Northeastern Coast of China [J]. Estuaries and coasts, 2015,38:211−219.

[3] 罗跃辉,阮晓红,李荣富,等.太湖西部湖区沉积物厌氧氨氧化潜在速率及其脱氮贡献研究 [J]. 环境科学学报, 2017,37(11):4187−4194.
Luo Y H, Ruan X H, Li R F, et al. The study of potential anammox rate and its contribution to the nitrogen loss in the sediments of west Taihu Lake [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017,37(11):4187−4194.

[4] Xiao K, Wu J, Li H, et al. Nitrogen fate in a subtropical mangrove swamp: Potential association with seawater−groundwater exchange [J]. Science of the Total Environment, 2018,635:586−597.

[5] Hou L, Zheng Y, Liu M, et al. Anaerobic ammonium oxidation (anammox) bacterial diversity, abundance, and activity in marsh sediments of the Yangtze Estuary [J]. Journal of Geophysical Research: Biogeosciences, 2013,118(3):1237−1246.

[6] 陈志浩,覃云斌,丁帮璟,等.宛山荡农田土壤氮迁移过程反硝化与厌氧氨氧化 [J]. 环境科学, 2020,41(1):412−419.
Chen Z H, Qin Y B, Ding B J, et al. Denitrification and anaerobic ammonium oxidation in soil nitrogen migration process in a farmland of Wanshandang Lake [J]. Environmental Science, 2020,41(1):412−419.

[7] Risgaard−Petersen N, Meyer R L, Schmid M, et al. Anaerobic ammonium oxidation in an estuarine sediment [J]. Aquatic Microbial Ecology, 2004,36(3):293−304.

[8] Schubert C J, Durisch−Kaiser E, Wehrli B, et al. Anaerobic ammonium oxidation in a tropical freshwater system (Lake Tanganyika) [J]. Environmental Microbiology, 2006,8(10):1857−1863.

[9] Zhao Y, Xia Y, Kana T M, et al. Seasonal variation and controlling factors of anaerobic ammonium oxidation in freshwater river sediments in the Taihu Lake region of China [J]. Chemosphere, 2013, 93(9):2124−2131.

[10] Engström P, Dalsgaard T, Hulth S, et al. Anaerobic ammonium oxidation by nitrite (anammox): implications for N_2production in coastal marine sediments [J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2005,69(8):2057−2065.

[11] Ye F, Duan L, Sun Y, et al. Nitrogen removal in freshwater sediments of riparian zone: N-loss pathways and environmental controls [J]. Frontiers in Microbiology, 2023,14(1):1239055.

[12] Thamdrup B, Dalsgaard T. Production of N_2 through anaerobic ammonium oxidation coupled to nitrate reduction in marine sediments [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002,68(3):1312-1318.

[13] Deng F, Hou L, Liu M, et al. Dissimilatory nitrate reduction processes and associated contribution to nitrogen removal in sediments of the Yangtze Estuary [J]. Journal of Geophysical Research: Biogeosciences, 2015,120(8):1521-1531.

[14] Thamdrup B, Dalsgaard T, Jensen M M, et al. Anaerobic ammonium oxidation in the oxygen-deficient waters off northern Chile [J]. Limnology and Oceanography, 2006,51(5):2145-2156.

[15] Rysgaard S, Glud R N, Risgaard-Petersen N, et al. Denitrification and anammox activity in Arctic marine sediments [J]. Limnology and Oceanography, 2004,49(5):1493-1502.

[16] Liu X, Hu S, Sun R, et al. Dissolved oxygen disturbs nitrate transformation by modifying microbial community, co-occurrence networks, and functional genes during aerobic-anoxic transition [J]. Science of the Total Environment, 2021,790:148245.

[17] Kuypers M M M, Marchant H K, Kartal B. The microbial nitrogen-cycling network [J]. Nature Reviews Microbiology, 2018,16(5):263-276.

[18] Schmid M C, Hooper A B, Klotz M G, et al. Environmental detection of octahaem cytochrome c hydroxylamine/hydrazine oxidoreductase genes of aerobic and anaerobic ammonium-oxidizing bacteria [J]. Environmental Microbiology, 2008,10(11):3140-3149.

[19] Wang S, Zhu G, Peng Y, et al. Anammox bacterial abundance, activity, and contribution in riparian sediments of the Pearl River Estuary [J]. Environmental Science & Technology, 2012,46(16):8834-8842.

[20] Guo Q, Xing B S, Li P, et al. Anaerobic ammonium oxidation (anammox) under realistic seasonal temperature variations: characteristics of biogranules and process performance [J]. Bioresource Technology, 2015,192:765-773.

[21] Rich J J, Dale O R, Song B, et al. Anaerobic ammonium oxidation (anammox) in Chesapeake Bay sediments [J]. Microbial Ecology, 2008,55(2):311-320.

[22] Webster A J, Groffman P M, Cadenasso M L. Controls on denitrification potential in nitrate-rich waterways and riparian zones of an irrigated agricultural setting [J]. Ecological Applications, 2018,28 (4):1055-1067.

[23] Liu W, Xiong Z, Liu H, et al. Catchment agriculture and local environment affecting the soil denitrification potential and nitrous oxide production of riparian zones in the Han River Basin, China [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2016,216:147-154.

[24] 黄加忠,张 龙,庞 咏,等.长江上游河流底泥沉积物重金属及生态风险评价——以滇中大姚县主要河流为例 [J]. 环境生态学, 2024, 6(6):1-9.
Huang J Z, Zhang L, Pang Y, et al. Heavy metal and ecological risk assessment of river sediment in the upper reaches of the Yangtze River—taking Dayao County in Yunnan Province for example [J]. Environmental Ecology, 2024,6(6):1-9.

[25] Meng Y, Wu Y, Zhu Y. The study on removing nitrogen in runoff water by riparian buffer strips [J]. Wetland Science, 2016,14(4):532-537.

[26] Ma L, Xiong Z, Yao L, et al. Soil properties alter plant and microbial communities to modulate denitrification rates in subtropical riparian wetlands [J]. Land Degradation & Development, 2020,31(14):1792-1802.

[27] Mayer P M, Reynolds S K, McCutchen M D, et al. Meta-analysis of nitrogen removal in riparian buffers [J]. Journal of Environmental Quality, 2007,36(4):1172-1180.

[28] Lyu C, Li X, Yu H, et al. Insight into the microbial nitrogen cycle in riparian soils in an agricultural region [J]. Environmental Research, 2023,231:116100.

[29] Hong Y, Wu J, Guan F, et al. Nitrogen removal in the sediments of the Pearl River Estuary, China: evidence from the distribution and forms of nitrogen in the sediment cores [J]. Marine Pollution Bulletin, 2019, 138:115-124.

[30] Wu J, Hong Y, Liu X, et al. Variations in nitrogen removal rates and microbial communities over sediment depth in Daya Bay, China [J]. Environmental Pollution, 2021,286:117267.

[31] 刘 峰,董佩谕,高云芳,等.参虾生态养殖池塘系统氮磷收支、赋存与分布特征研究 [J]. 海洋与湖沼, 2024,55(4):931-941.
Liu F, Dong P Y, Gao Y F, et al. Research on budgets, occurrence, and distribution of nitrogen and phosphorus in ecological aquaculture ponds for sea cucumber and shrimp [J]. Oceanologia et Limnologia Sinica 2024,55(4):931-941.

[32] 杨书月,唐庆蝉,詹印波.飞云江河口沉积物氮磷及重金属污染评价 [J]. 环境科学导刊, 2024,43(4):77-82.
Yang S Y, Tang Q C, Zhan Y B. Assessment of pollution from nitrogen, phosphorus and heavy metal in the sediments of the Feiyunjiang River Estuary [J]. Environmental Science Survey, 2024,43(4):77-82.

[33] 史祯琦,佘冬立,陈心逸,等.盐分对土壤氨挥发与反硝化速率的影响 [J]. 生态与农村环境学报, 2021,37(11):1458-1464.
Shi Z Q, She D L, Chen X Y, et al. Effects of salinity on soil ammonia volatilization and denitrification rates [J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2021,37(11):1458-1464.

[34] Meng Y, He Z, Liu B, et al. Soil salinity and moisture control the processes of soil nitrification and denitrification in a riparian wetlands in an extremely arid regions in northwestern China [J]. Water, 2020, 12(10):2815.

[35] Osborne R I, Bernot M J, Findlay S E G. Changes in nitrogen cycling processes along a salinity gradient in tidal wetlands of the Hudson River, New York, USA [J]. Wetlands, 2015,35(2):323-334.

[36] Herbert E R, Boon P, Burgin A J, et al. A global perspective on wetland salinization: ecological consequences of a growing threat to freshwater wetlands [J]. Ecosphere, 2015,6(10):1-43.

[37] Pan Y, She D, Shi Z, et al. Salinity and high pH reduce denitrification rates by inhibiting denitrifying gene abundance in a saline-alkali soil [J]. Scientific Reports, 2023,13(1):2155.

[38] Anderson C, Peterson M, Curtin D. Base cations, K^+ and Ca^{2+}, have contrasting effects on soil carbon, nitrogen and denitrification dynamics as pH rises [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017,113: 99-107.

[39] Li X, Wang A, Wan W, et al. High salinity inhibits soil bacterial community mediating nitrogen cycling [J]. Applied and Environmental

Microbiology, 2021,87(21):e01366-21.

[40] Wang H, Gilbert J A, Zhu Y, et al. Salinity is a key factor driving the nitrogen cycling in the mangrove sediment [J]. Science of the Total Environment, 2018,631:1342-1349.

[41] 佘冬立,陈心逸,高雪梅,等.外源氮输入对不同土地利用排水沟底泥反硝化和 N_2O 排放影响 [J]. 环境科学, 2018,39(8):3689-3695.
She D L, Chen X Y, Gao X M, et al. Impact of exogenous nitrogen import on sediment denitrification and N_2O emissions in ditches under different land uses [J]. Environmental Science, 2018,39(8):3689-3695.

[42] 何文寿,刘阳春,何进宇.宁夏不同类型盐渍化土壤水溶盐含量与其电导率的关系 [J]. 干旱地区农业研究, 2010,28(1):111-116.
He W S, Liu Y C, He J Y. Relationship between water-soluble salt content and electrical conductivity in different types of saline-alkali soils in Ningxia [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2010,28(1):111-116.

[43] 杨桂钦,常　洁,郑兰香,等.宁夏第三排水沟底泥细菌群落结构特征和空间分布 [J]. 微生物学通报, 2022,49(7):2457-2469.
Yang G Q, Chang J, Zheng L X, et al. Microbial community structure and spatial distribution in sediment of the Third Drainage Ditch in Ningxia [J]. Microbiology China, 2022,49(7):2457-2469.

[44] Throbäck I N, Enwall K, Jarvis Å, et al. Reassessing PCR primers targeting nirS, nirK and nosZ genes for community surveys of denitrifying bacteria with DGGE [J]. FEMS microbiology ecology, 2004,49(3):401-417.

[45] Yan T, Fields M W, Wu L, et al. Molecular diversity and characterization of nitrite reductase gene fragments (nirK and nirS) from nitrate- and uranium-contaminated groundwater [J]. Environmental Microbiology, 2003,5(1):13-24.

[46] Hamersley M R, Lavik G, Woebken D, et al. Anaerobic ammonium oxidation in the Peruvian oxygen minimum zone [J]. Limnology and Oceanography, 2007,52(3):923-933.

[47] 刘　兰,明语真,吕爱萍,等.厌氧氨氧化细菌的研究进展 [J]. 微生物学报, 2021,61(4):969-986.
Liu L, Ming Y Z, Lyu A P, et al. Recent advance on the anaerobic ammonium oxidation bacteria [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021,61(4):969-986.

[48] Deng D, Ding B, He G, et al. The contribution of anammox to nitrogen removal is greater in bulk soils than in rhizosphere soils in riparian wetlands along the Yangtze River [J]. Global Biogeochemical Cycles, 2023,37(5):e2022GB007576.

[49] McPhillips L E, Groffman P M, Goodale C L, et al. Hydrologic and biogeochemical drivers of riparian denitrification in an agricultural watershed [J]. Water, Air, & Soil Pollution, 2015,226(6):169.

[50] Shan J, Zhao X, Sheng R, et al. Dissimilatory nitrate reduction processes in typical Chinese paddy soils: rates, relative contributions, and influencing factors [J]. Environmental Science & Technology, 2016,50(18):9972-9980.

[51] Wang L, Wang Y, Li Y, et al. Effect of water chemistry on nitrogen transformation, dissolved organic matter composition and microbial community structure in hyporheic zone sediment columns [J]. Environmental Research, 2022,215:114246.

[52] Niswonger R, Naranjo R, Smith D, et al. Nutrient processes at the stream‐lake interface for a channelized versus unmodified stream mouth [J]. Water Resources Research, 2017,53(1):237-256.

[53] Li W, Liu S, Zhang M, et al. Oxidation of organic electron donor by denitratation: performance, pathway and key microorganism [J]. Chemical Engineering Journal, 2018,343:554-560.

[54] 丛兢兢,马君玲,李顺和,等.不同水分含量下黑土硝化反硝化微生物群落结构的变化 [J]. 植物营养与肥料学报, 2023,29(8):1400-1410.
Cong J J, Ma J L, Li S H, et al. Variation of nitrification and denitrification microbial community structures in black soil under different moisture content [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2023,29(8):1400-1410.

[55] Zhu G, Jetten M S M, Kuschk P, et al. Potential roles of anaerobic ammonium and methane oxidation in the nitrogen cycle of wetland ecosystems [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2010,86:1043-1055.

[56] Güven D, Dapena A, Kartal B, et al. Propionate oxidation by and methanol inhibition of anaerobic ammonium-oxidizing bacteria [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005,71(2):1066-1071.

[57] 张诗颖,吴　鹏,宋吟玲,等.厌氧氨氧化与反硝化协同脱氮处理城市污水 [J]. 环境科学, 2015,(11):6.
Zhang S Y, Wu P, Song Y L, et al. Nitrogen removal using anammox and denitrification for treatment of municipal sewage [J]. Environmental Science, 2015,(11):6.

[58] 周　慧,史海滨,张文聪,等.有机无机氮配施对不同程度盐渍土硝化和反硝化作用的影响 [J]. 环境科学, 2021,42(10):5010-5020.
Zhou H, Shi H B, Zhang W C, et al. Effects of combination of organic and inorganic nitrogen on nitrification and denitrification in two salinized solis [J]. Environmental Science, 2021,42(10):5010-5020.

[59] Chen S, Gao D, Zhang J, et al. Gross nitrogen transformations in intertidal sediments of the Yangtze Estuary: distribution patterns and environmental controls [J]. Geoderma, 2023,429:116233.

[60] Wang J, Kan J, Qian G, et al. Denitrification and anammox: understanding nitrogen loss from Yangtze Estuary to the east China sea (ECS) [J]. Environmental pollution, 2019,252:1659-1670.

[61] Zheng Y, Hou L, Liu M, et al. Diversity, abundance, and distribution of nirS-harboring denitrifiers in intertidal sediments of the Yangtze Estuary [J]. Microbial Ecology, 2015,70:30-40.

[62] Oren A. Thermodynamic limits to microbial life at high salt concentrations [J]. Environmental Microbiology, 2011,13(8):1908-1923.

[63] 孙洪伟,彭永臻,王淑莹,等.厌氧氨氧化生物脱氮技术的演变、机理及研究进展 [J]. 工业用水与废水, 2008,39(1):7-11.
Sun H W, Peng Y Z, Wang S Y, et al. Evolution, mechanism and research progress of anaerobic ammonium oxidation technology for biological denitrification [J]. Industrial Water & Wastewater, 2008,39(1):7-11.

[64] Zhou S, Huang T, Zhang H, et al. Nitrogen removal characteristics of enhanced in situ indigenous aerobic denitrification bacteria for micro-polluted reservoir source water [J]. Bioresource Technology, 2016,201:195-207.

[65] 杨雪琴,连英丽,颜庆云,等.滨海湿地生态系统微生物驱动的氮循环研究进展 [J]. 微生物学报, 2018,58(4):633-648.
Yang X Q, Lian Y L, Yan Q Y, et al. Microbially-driven nitrogen cycling in coastal ecosystems [J] Acta Microbiologica Sinica,

2018,58(4):633−648.

[66] Ding B, Chen Z, Li Z, et al. Nitrogen loss through anaerobic ammonium oxidation coupled to Iron reduction from ecosystem habitats in the Taihu estuary region [J]. Science of the Total Environment, 2019,662:600−606.

[67] Zhi W, Ji G. Quantitative response relationships between nitrogen transformation rates and nitrogen functional genes in a tidal flow constructed wetland under C/N ratio constraints [J]. Water Research, 2014,64:32−41.

[68] Pold G, Bonilla−Rosso G, Saghaï A, et al. Phylogenetics and environmental distribution of nitric oxide−forming nitrite reductases reveal their distinct functional and ecological roles [J]. ISME Communications, 2024,4(1):ycae020.

[69] C D, Vd M, A W, et al. Seasonal and diel distributions of denitrifying and bacterial communities in a hypersaline microbial mat (Camargue, France) [J]. Water Research, 2007,41(15):3407−3419.

[70] 王 鹏,吴 莹,刘素美,等.长江口外低氧区及其邻近海域表层沉积物反硝化微生物多样性和分布特征 [J]. 微生物学报, 2021,61(6):1474−1487.
Wang P, Wu Y, Liu S M, et al. Diversity and distribution of denitrifying microorganisms in the surface sediments of the hypoxic zone near the Changjiang Estuary and its offshore [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021,61(6):1474−1487.

[71] 王彩霞,王毅波,刘鹏远,等.渤海三湾表层水域细菌群落结构多样性及其环境因子分析 [J]. 微生物学通报, 2018,45(9):1956−1971.
Wang C X, Wang Y B, Liu P Y, et al. Diversity of bacterial community structure and its driving factors in three bays of Bohai Sea [J]. Microbiology China, 2018,45(9):1956−1971.

[72] Thirup L, Johnsen K, Winding A. Succession of indigenous Pseudomonas spp. and actinomycetes on barley roots affected by the antagonistic strain Pseudomonas fluorescens DR54 and the fungicide imazalil [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001,67(3):1147−1153.

[73] 朱启明.秸秆源黄腐酸调控根际氮素转化及其微生物机制 [D]. 北京:中国农业科学院, 2023.
Zhu Q M. Stalk fulvic acid regulates rhizosphere nitrogentrans formation and its microbial mechanisms [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2023.

[74] 李善家,王福祥,从文倩,等.河西走廊荒漠土壤微生物群落结构及环境响应 [J]. 土壤学报, 2022,59(6):1718−1728.
Li S J, Wang F X, Cong W Q, et al. Microbial community structure and environmental response of desert soil in Hexi Corridor [J]. Acta Pedologica Sinica, 2022,59(6):1718−1728.

[75] 梁伟光,黄廷林,张海涵,等.李家河水库春季分层期 nirS 型反硝化菌群特征分析 [J]. 环境科学, 2022,43(1):306−313.
Liang W G, Huang T L, Zhang H H, et al. Characteristic analysis of nirS−type denitrifying bacterial community in Lijiahe Reservoir during thermal stratification [J]. Environmental Science, 2022,43(1):306−313.

作者简介：祁若曈(2001−),女,宁夏吴忠人,宁夏大学硕士研究生,主要从事水环境氮循环过程研究.1249239209@qq.com.