王旭敏,潘晨辉,唐 飞,等.枯水期地表水流域 N_2O 产生潜势及其微生物驱动机制 [J]. 中国环境科学, 2026,46(2):945-952.
Wang X M, Pan C H, Tang F, et al. N_2O generation potential and microbial mechanisms in surface water basins during low-water periods [J]. China Environmental Science, 2026,46(2):945-952.

枯水期地表水流域 N_2O 产生潜势及其微生物驱动机制

王旭敏[1,2],潘晨辉[1],唐 飞[1],赵斯雯[1],孙立博[2],蒋佳益[2],宋佳秀[1*] (1.上海师范大学环境与地理科学学院,长江三角洲城市湿地生态系统国家野外科学观测研究站,上海 200234；2.中国科学院生态环境研究中心,北京 100085)

摘要：以淡水沉积物及岸边带土壤为研究对象,沿着漕河上游至下游进行沉积物和岸边带土壤样品的采集,通过测定 N_2O 产生潜势,结合理化性质和微生物群落特征,探讨了沉积物和岸边带土壤 N_2O 各产生途径的空间贡献率及微生物驱动机制.结果显示:硝化反应是漕河流域 N_2O 产生的主要途径;上游是漕河流域 N_2O 产生的热区;相比于岸边带土壤,沉积物为河流生态系统 N_2O 产生的主要贡献者.N_2O 各途径产生潜势不仅受环境因子(含水率、有机碳(TOC)、pH 值及氨氮(NH_4^+-N)浓度等)的影响,还受 N_2O 产生者和还原者的功能基因和微生物群落结构的影响.NH_4^+-N 浓度是决定群落组成差异性的最主要的环境因子. 亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)、纤维弧菌属(*Cellvibrio*)、披毛菌属(*Gallionella*)和还原硫酸盐互营杆菌属(*Syntrophobacter*)是驱动硝化过程的关键菌属.上述结果阐明了河流氨氮污染通过加强硝化过程促进 N_2O 释放的机制,为河流 N_2O 的减排控制提供了理论依据.

关键词：温室气体；硝化；反硝化；N_2O 产生潜势；功能基因
中图分类号：X522 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)02-0945-08

N_2O generation potential and microbial mechanisms in surface water basins during low-water periods. WANG Xu-min[1,2], PAN Chen-hui[1], TANG Fei[1], ZHAO Si-wen[1], SUN Li-bo[2], JIANG Jia-yi[2], SONG Jia-xiu[1*] (1.School of Environmental and Geographical Sciences, Shanghai Normal University/ Yangtze River Delta Urban Wetland Ecosystem National Field Scientific Observation and Research Station, Shanghai 200234, China；2.Research Center for Eco-Environmental Sciences Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China). *China Environmental Science*, 2026,46(2)：945~952

Abstract：Freshwater sediments and riparian zone soils were selected as research objects, with samples collected along the Caohe River from upstream to downstream. By determining N_2O generation potential and analyzing physicochemical properties as well as microbial community characteristics, the spatial contribution rates of various N_2O production pathways and the underlying microbial driving mechanisms in sediments and riparian zone soils were systematically investigated. The results demonstrated that nitrification was the dominant pathway for N_2O production in the Caohe River Basin. The upstream section of the river was identified as a hotspot of N_2O generation, and sediments—compared with riparian zone soils—acted as the primary contributors to N_2O emissions in the river ecosystem. The N_2O generation potential of each pathway was influenced not only by environmental factors (e.g., water content, total organic carbon (TOC), pH, and ammonia nitrogen (NH_4^+-N) concentration) but also by the functional genes and microbial community structures of N_2O producers and reducers. Among these environmental factors, NH_4^+-N concentration was the most critical factor regulating variations in microbial community composition. *Nitrosomonas*, *Cellvibrio*, *Gallionella*, and *Syntrophobacter* were confirmed as the key bacterial genera driving the nitrification process. These findings clarify the mechanism by which ammonia-nitrogen pollution in rivers promotes N_2O release through enhancing nitrification, thereby providing a theoretical foundation for the emission reduction and control of N_2O in river systems.

Key words：greenhouse gas；nitrification；denitrification；N_2O generation potential；functional gene

在全球氮肥使用量持续增加的背景下,N_2O 排放问题日益严峻,但其产生机理及关键控制因素仍需深入探究[1-2].河流受陆地输入污染物的影响,是重要的氮汇,同时也是大气 N_2O 的重要排放源[3].与自然河流相比,人类活动改变了农业型河流的营养条件和水文条件,影响了河流生态系统中 N_2O 产生和排放过程[4-5].农业流域被认为是迄今为止最大的人为 N_2O 来源[6].然而,农业性河流 N_2O 排放的研究较少,且 N_2O 排放时空变异剧烈、来源不一、过程复杂[7-8].

河流 N_2O 主要源于内部(沉积物及上覆水)的微生物氮循环过程,其中沉积物的贡献显著高于上覆水体[9-10].作为陆地与水生态系统的过渡带,岸边带

收稿日期：2025-07-01
基金项目：上海市自然科学基金面上项目(23ZR1446900)
* 责任工作者, 副教授, songjiaxiu@shnu.edu.cn

土壤不仅在氮污染去除中发挥关键作用[11],其内部活跃的氮循环过程(如硝化、反硝化)也使其成为自然环境中 N_2O 产生的热点区域[12-13].生态系统中 N_2O 产生的主要微生物途径包括氨氧化、亚硝酸盐氧化、异养反硝化、厌氧氨氧化及硝酸盐异化还原,参与氮循环的微生物多具有催化 N_2O 产生的潜力,且各途径相互关联、共享产物[14-15].其中,异养反硝化与硝化相关途径(氨氧化、硝化-反硝化)是 N_2O 净排放的核心途径:硝化过程中氨经生物氧化生成亚硝酸盐、硝酸盐时,N_2O 会以副产物形式产生,低氧环境下部分硝化微生物还可将亚硝酸盐还原为 N_2O;反硝化过程是低氧/厌氧条件下硝酸盐逐步还原为氮气的过程,若微生物缺乏 N_2O 还原酶或环境因素抑制 N_2O 还原,N_2O 会成为最终产物[16-17].N_2O 的产生受无机氮、温度、含水率、pH 值、有机碳等环境因素影响,硝化与反硝化微生物群落也会直接作用于相关过程速率及 N_2O 生成量[18-19].

本文采用乙炔抑制和宏基因组学测序技术等方法,针对典型农业流域型河流漕河,对上游到下游过程中的岸边带土壤和沉积物的 N_2O 产生潜势、N_2O 产生相关功能基因的丰度和群落结构进行了研究,量化由农田氮肥推动的农业流域的 N_2O 的产生潜势,探索环境因子对 N_2O 产生的影响,分析农业流域 N_2O 产生的空间特征和微生物学机制.

1 材料与方法

1.1 采样区域与样品采集

漕河是华北平原最大的淡水湖泊—白洋淀的汇入河流,在地貌上属于沙质河床类型[20].20 世纪 80 年代后,受区域气候干燥、地下水超采等因素影响,漕河枯水期上游断流,丰水期来水量亦显著减少[21-22].更严重的是,近几年由于上游造纸工业废水、满城镇向漕河排放污水和地下水的大量开采,使漕河一度成为一条排污河[23].

于 2021 年 2 月沿漕河上游到下游选取 5 个点,C1~C5(图 1),每个点分别采集了表层沉积物(0~10cm)和岸边带土壤样品(位于河岸,距离表层沉积物约 1~2m,采样深度为 0~10cm)一共 10 个样品.所有样品均设置 3 个平行样,混合均匀后形成 1 个复合样品,立即运往实验室.在实验室中,将样品分为 3 部分.一部分样品在 72h 内测定物理化学性质,另一部分立即进行培养以测定 N_2O 生成各途径的产生潜势;最后一部分储存在-80℃,用于 DNA 提取和测序分析.

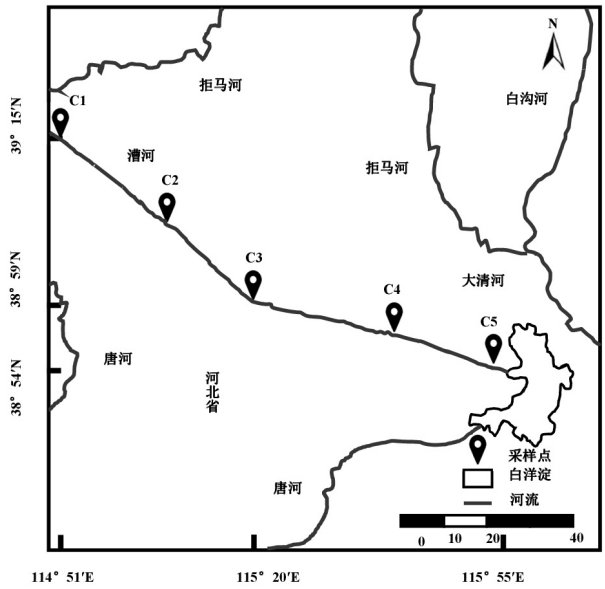


图 1 漕河采样点的位置

Fig.1 Location of sampling sites in the Caohe River

1.2 土壤和沉积物理化性质的测定

用 25mL 2mol/L 的 KCL 溶液从 5g 新鲜土壤中提取铵态氮(NH_4^+-N)、硝态氮(NO_3^--N)和总有机碳(TOC),上清液利用 0.45μm 的滤膜过滤,利用 SEAL Auto Analyzer 3HR 流动分析仪(Seal Analytical,UK)和总有机碳分析仪(岛津)测定.含水率(MC)通过在 105℃下将 2~3g 新鲜土壤烘烤至恒定重量来测量.总有机物(TOM)是将烘干水分后的样品放置于马弗炉中,在 550℃下烘烤 5h 以后测定.pH 值使用 DELTA 320pH 分析仪(Mettler Toledo, USA)在 1:5(w/v)的土壤-水悬浮液中测定总碳(TC)和总氮(TN)含量是将土壤或沉积物样品风干后,使用 Vario EL III 分析仪(Elementar Analysensysteme GmbH, Langenselbold,Germany)进行测定.每个样品的各项理化性质均按照一式 3 份的标准形式进行测量[24].

1.3 漕河沉积物和岸边带土壤 N_2O 产生潜势的测定

采用乙炔抑制法进行室内培养实验,测定硝化和反硝化过程对 N_2O 产生的贡献.称取 6g 筛过的新鲜土壤样品,放入 60mL 的血清瓶中,将瓶子用橡胶塞和铝盖密封.每个样品 3 个处理:处理 1)为反硝化组:向血清瓶中加入乙炔(硝化抑制剂),使其浓度达到 0.01%.处理 2)为非生物组:用注射器向血清瓶中

加入400~600uL 7mol/L的$ZnCl_2$溶液,使其达到微生物灭活的目的.处理 3)为对照组(在本实验中,对照组不添加乙炔和$ZnCl_2$溶液,仅进行与其他组相同的抽真空、注入氩气、氧气以及补充底物等操作,以此来观察自然状态下土壤样品中N_2O的产生情况).随后,将血清瓶进行抽真空处理,并注入氩气(Ar)来排除其他气体对培养实验的干扰,然后向瓶中注入一定体积的纯氧,以满足氧气处理要求,最终使瓶内气压与大气压平衡.最后用 1g N/L 的$(NH_4)_2SO4$和KNO_3溶液同时补充底物 NH_4^+−N 和 NO_3^-−N 浓度至20mg/kg.如果底物浓度超过 20mg/kg,则同时补至最大值.土壤样品根据其采样气温放入不同的摇床中进行培养,转速为 100r/min.在培养 0,3,12,24,36h 后,用带有三通阀的注射器从每个瓶子的顶部抽取20ml 气体样品导入 labao 瓶中.气体样品中 N_2O 的浓度,通过配备 ^{63}Ni 电子捕获检测器(ECD)的Agilent 7890A 气相色谱仪(Agilent, USA)进行测定.通过线性回归分别计算得到基于反硝化的 N_2O 产生速率、总的 N_2O 产生速率和非生物的 N_2O 产生速率,其中反硝化的 N_2O 产生速率和总的 N_2O 产生速率均要减去非生物的 N_2O 产生速率,此时所得到的反硝化的 N_2O 产生速率和总的 N_2O 产生速率的差值即为硝化驱动的 N_2O 产生速率[25].

1.4　宏基因组实验分析

使用 Fast DNA Spin kit for soil 试剂盒(MP Biomedicals,美国)提取土壤微生物总 DNA,并使用 Nanodrop ND−1000 超微量分光光度计和 1%的凝胶电泳检测 DNA 浓度和质量.后续的宏基因组测序工作委托广东美格基因科技有限公司完成.使用 Salmon 软件(一款 RNA−seq 数据量化工具)计算基因的每百万转录本转录本数(Transcripts Per Million, TPM),以表征基因相对丰度.以此来关注不同功能基因的多样性指数,了解 N_2O 产生相关微生物群落的丰富度和均匀度;分析功能基因的聚类情况,探究微生物群落的功能模块结构;研究基因的表达调控相关指标,如启动子区域的特征等,以深入了解功能基因在 N_2O 产生过程中的实际作用机制[26].

1.5　数据分析

利用 Origin 2019b 进行数据绘图.利用 SPSS 26.0 进行理化因子、功能基因丰度、微生物相对丰度和速率的斯皮尔曼相关性分析,并利用 *t* 检验进行空间上的差异检验.利用 R 和 CANOCO 4.5 进行理化因子,功能基因丰度和速率的冗余分析.使用 R 中的“psych”包进行网络分析.

2　结果

2.1　漕河沉积物和岸边带土壤的理化性质

冬季采样期间的平均温度为 10℃.所有样品的pH 值为 6.62~8.99(表 1),均呈弱碱性.空间上,沉积物和岸边带土壤的 C/N 比、TOC 和 NH_4^+−N 浓度沿漕河上游至下游逐渐下降,TOM 则递增.NO_3^-−N(P>0.05)的浓度沿流向未呈现出特定规律.岸边带土壤TN(P>0.05)沿流向逐渐增加,沉积物 TN 沿流向也有增加趋势.且沉积物C/N比和NH_4^+−N含量一般大于岸边带土壤.

表 1　漕河沉积物和岸边带土壤的理化性质

Table 1　Physicochemical factors of sediments and riparian zone soils in the Caohe River

样品	采样点	含水率 (%)	TOM (%)	NH_4^+−N (mg/kg)	NO_3^-−N (mg/kg)	pH 值	TOC (mg/kg)	TN (g/kg)	TC (g/kg)	C/N
岸边带土壤	C1	9.2±0.1	1.9±0.2	0.30±0.08	1.10±0.56	8.99±0.06	117.48±25.25	0.22±0.08	11.65±4.75	37.78±15.33
	C2	24.3±0.1	1.6±0.2	2.31±0.33	0.02±0.01	6.94±0.06	83.62±16.62	0.45±0.01	28.39±0.10	63.11±1.01
	C3	18.3±0.1	2.1±0.1	0.31±0.05	1.54±0.10	7.02±0.07	40.32±11.21	0.56±0.01	10.72±0.09	19.26±0.11
	C4	27.9±0.1	1.6±0.1	0.65±0.03	1.54±2.16	6.62±0.04	95.25±1.70	0.81±0.04	12.89±0.12	15.94±0.61
	C5	24.9±0.2	3.2±0.1	0.76±0.03	0.01±0.01	7.07±0.09	58.67±4.77	1.68±0.03	25.64±0.12	15.23±0.18
沉积物	C1	32.4±0.1	1.4±0.1	6.38±1.85	0.02±0.01	8.16±0.07	109.82±12.21	0.17±0.01	17.44±0.03	101.12±1.40
	C2	26.3±0.1	0.8±0.1	2.77±0.42	0.02±0.01	7.16±0.11	72.54±6.06	0.52±0.01	32.41±0.11	62.10±0.37
	C3	14.6±0.1	2.3±0.1	0.34±0.14	1.36±0.56	6.93±0.09	63.43±8.45	1.46±0.01	30.52±0.05	20.95±0.05
	C4	17.22±0.1	2.72±0.1	2.40±0.14	0.02±0.01	6.64±0.10	65.84±2.68	0.54±0.01	10.45±0.04	19.51±0.12
	C5	35.70±0.1	3.36±0.1	3.84±0.03	2.07±0.01	7.04±0.05	69.62±3.07	1.48±0.01	25.18±0.08	17.06±0.05

2.2　漕河沉积物和岸边带土壤总 N_2O 产生潜势、硝化和反硝化驱动的 N_2O 产生潜势

如图 2 所示,硝化驱动的 N_2O 产生潜势占总潜势的 93.5%,显著高于反硝化驱动的 6.7%,表明微生物硝化作用是 N_2O 产生的主要机制.

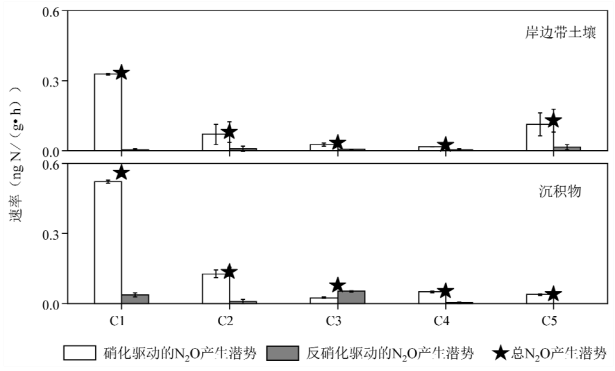


图 2 漕河沉积物和岸边带土壤总 N_2O 产生潜势、硝化和反硝化驱动的 N_2O 产生潜势

Fig.2 The N_2O potential production rate driven by nitrification and denitrification at sediments and riparian zone soils in the Caohe River

沿漕河流向,沉积物和岸边带土壤的总 N_2O 产生潜势及硝化驱动潜势均呈显著下降趋势($P<0.05$):总潜势平均值从 0.446ng N/(g·h)降至 0.084ng N/(g·h),硝化驱动潜势平均值从 0.425ng N/(g·h)降至 0.077ng N/(g·h).

对于沉积物,总 N_2O 产生潜势(0.484±0.006ng N/(g·h))和硝化驱动的 N_2O 产生潜势(0.522±0.007ng N/(g·h))的最大值均出现在漕河上游.同时,各采样点沉积物的总 N_2O 产生潜势(0.143±0.007ng N/(g·h))、硝化(0.153±0.006ng N/(g·h))和反硝化驱动的 N_2O 产生潜势(0.011±0.005ng N/(g·h))均大于岸边带土壤(0.107±0.212ng N/(g·h))、(0.111±0.020ng N/(g·h))和(0.008±0.006ng N/(g·h)).可见,漕河上游是 N_2O 产生的热区,沉积物是 N_2O 产生的主要贡献者.

漕河沉积物和岸边带土壤氮循环功能基因相对丰度由图 3 可见,对于沉积物和岸边带土壤,N_2O 产生相关基因的相对丰度均为 *hao*+AOB-*norB*>DB-*norB*(反硝化细菌一氧化氮还原酶基因),*hao* 和 AOB-*norB* 参与的是硝化驱动的 N_2O 产生,DB-*norB* 参与的是反硝化驱动的 N_2O 产生,可以得出 N_2O 的产生以硝化为主,这与乙炔抑制结果一致.进一步证实硝化过程是漕河生态系统 N_2O 产生的主要机制.

沿漕河流向,与 N_2O 产生相关基因的丰度呈现一定的规律性.例如 *hao* 基因在沉积物和岸边带土壤均呈下降趋势,而 AOB-*norB* 和 DB-*norB* 基因的丰度在沉积物和岸边带土壤沿着漕河上游到下游呈增加趋势.值得注意的是,N_2O 还原基因 *nosZ* 的丰度,在沉积物和岸边带土壤沿流向呈增加趋势.总体上,上游 N_2O 产生相关功能基因大于下游,这也与乙炔抑制实验结果一致,进一步证明漕河上游是 N_2O 产生的热区.

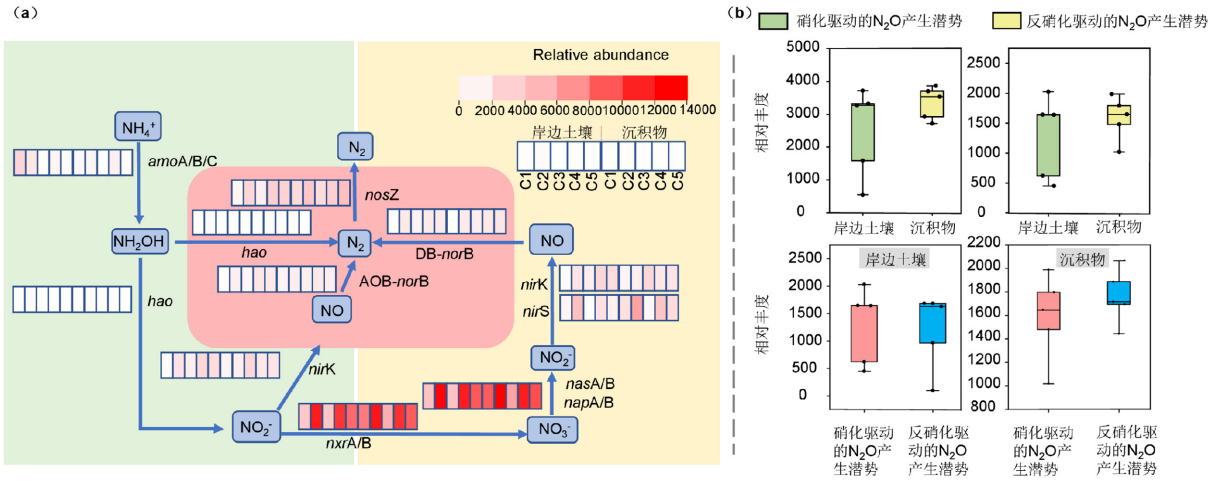


图 3 漕河沉积物和岸边带土壤氮循环功能基因的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of nitrogen cycle functional genes at sediments and riparian zone soils in the Caohe River

a.氮循环功能基因的相对丰度; b.与 N_2O 产生相关功能基因的箱线图

进一步分析发现,沉积物中 N_2O 产生相关基因 *hao*+AOB-*norB*+DB-*norB* 的丰度大于岸边带.同时硝化作用基因 *hao*+AOB-*norB* 的丰度和反硝化作用基因 DB-*norB* 的丰度均大于漕河岸边带,这与沉积

物 N_2O 产生速率大于土壤结果相一致,证明了沉积物是河流生态系统 N_2O 释放的主要贡献者.此外,也表明 N_2O 产生相关功能基因丰度越高可能越有利于微生物进行相关过程.

表 2　漕河沉积物和岸边带土壤 N_2O 产生途径与理化因子的相关性分析

Table 2　Correlation analysis between N_2O production pathways and physicochemical factors at sediments and riparian zone soils in the Caohe River

类别	含水率	TOM	pH 值	NH_4^+–N	NO_3^-–N	TOC	TN	TC	C/N
硝化驱动的 N_2O 产生潜势	0.042	−0.394	0.855**	0.345	−0.650*	0.467	−0.636*	0.103	0.588
反硝化驱动的 N_2O 产生潜势	−0.067	−0.345	0.115	−0.006	−0.344	−0.127	−0.067	0.576	0.345
总 N_2O 产生潜势	0.042	−0.394	0.855**	0.345	−0.650*	0.467	−0.636*	0.103	0.588

注:* P≤0.05; ** P<0.01.

Pearson 相关性分析表明,漕河生态系统总 N_2O 产生潜势和硝化驱动的 N_2O 产生潜势与环境因子有明显的相关性.如:总 N_2O 产生潜势与环境因子中的 pH 值(r=0.855,P<0.01,n=10)呈显著正相关,而与 NO_3^-N(r=−0.650,P<0.05,n=10)和 TN(r=−0.636,P<0.05,n=10)呈显著负相关.硝化驱动的 N_2O 产生潜势与环境因子中的 pH 值(r=0.855,P<0.01,n=10)呈显著正相关,而与 NO_3^-N(r=−0.650,P<0.05,n=10)和 TN (r=−0.636,P<0.05,n=10)呈显著负相关.反硝化驱动的 N_2O 产生潜势与环境因子未呈现明显的相关性.以上结果说明河流生态系统中的 pH 值可能是影响 N_2O 产生的关键因子.

2.4　硝化细菌群落组成和微生物间相互作用

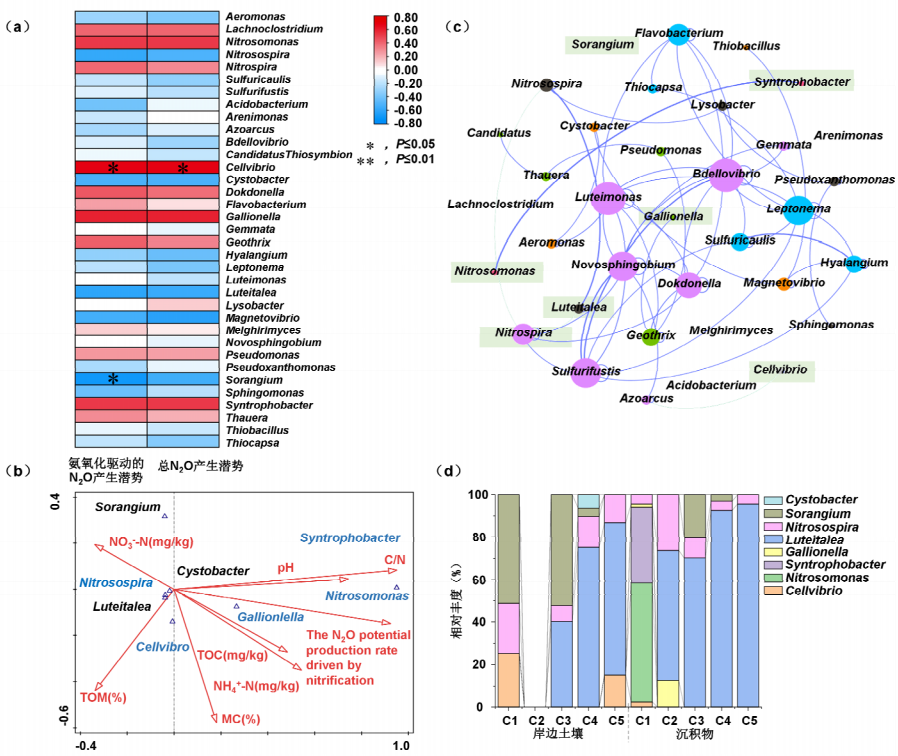


图 4　硝化微生物的群落分析

Fig.4　Microbial analysis of nitrification microorganisms involved in N_2O

a.硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势与硝化微生物的相关性热图;b.理化因子与硝化微生物的冗余分析;c.硝化微生物的网络分析图,紫色表示正相关,灰色表示负相关;d.硝化微生物的群落结构

选取带有 *hao* 和 *AOB–norB* 基因相关的菌属进行分析,如图 4 所示.利用相关性分析热图,挑选出与硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势相关的关键菌属进行分析(图 4a).可见,与硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势呈正相关的菌属有 *Cellvibrio*(r=0.679,P<0.05,n=10)、*Nitrosomonas*、

Gallionella 和 *Syntrophobacter*,分别占硝化微生物群落总数的 0.41%、0.27%、0.03%和 0.17%;与硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势呈负相关的菌属有 *Nitrosospira*、*Cystobacter*、*Luteitalea*、*Sorangium*(r=0.692,P<0.05,n=10;r=−0.55,P>0.05,n=10),分别占硝化微生物群落总数的 1.18%、0.14%、9.41%、和 0.96%.可以得出:与 N_2O 产生潜势相关的菌属虽然丰度占比小,但是功能显著.

利用菌属网络关系分析硝化驱动的微生物群落优势菌的共存模式(图 4(b)).与硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势呈正相关的关键菌属的度的大小均为 6,且 *Nitrosomonas* 和 *Syntrophobacter* 共处同一模块.与硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势呈负相关的菌属都处于不同的模块,且 *Sorangium* 的度最大.在微生物共生网络中,枢纽物种往往是具有通用生活方式的物种[27].本研究中,硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势相关的关键菌属是具有特定功能的物种,在网络图中不是关键节点,但是对 N_2O 的产生具有重要的贡献.

利用冗余(RDA)分析与硝化驱动的 N_2O 产生潜势和总 N_2O 产生潜势有显著相关性的关键菌属与环境因子的关系(图 4(c)).结果表明,处于同一模块的 *Nitrosomonas* 和 *Syntrophobacter* 菌属对 pH 值和 C/N 比呈正相关关系,二者相关关系显著.*Gallionella* 与 TOC 和 NH_4^+−N 浓度呈正相关关系,可能是耐污物种.*Cellvibrio* 与含水率、TOM 和 NH_4^+−N 浓度呈正相关关系,可能更适宜在氨氮污染的沉积物里面生存.*Sorangium* 与 NO_3^-−N 的浓度和硝化驱动的 N_2O 产生潜势呈正相关,可能参与的是 N_2O 的还原过程.

根据种群结构空间变化可知(图 4(d)),一些功能物种沿流向持续性变化.*Cellvibrio* 在上游的丰度较高,*Nitrosomonas*、*Syntrophobacter* 和 *Gallionella* 只出现在漕河上游的沉积物中.而 *Luteitalea* 沿漕河流动方向,丰度呈上升趋势.

3 讨论

3.1 硝化反应是 N_2O 产生的主要途径

人为氮输入的增加导致内陆水体 N_2O 的排放逐年升高[28-29].研究指出,NH_4^+−N 浓度是控制水环境中硝化微生物产生 N_2O 的主要因素之一[30].农田氮肥经径流和淋溶输入河流,导致流域 NH_4^+−N 浓度升高,进而促进硝化作用和 N_2O 的产生[31].同时漕河流域的碱性条件有利于硝化底物 NH_4^+−N 的残留和 AOB(氨氧化细菌)活性的增强[32].此外,河流枯水期水体较浅,表层沉积物和岸边带土壤为砂质类型,土壤透气空隙大,其溶解氧浓度较高,较易发生硝化反应[33].而水体溶解氧浓度较高时,O_2 会和氮氧化物竞争电子,较高的氧化还原电位不利于反硝化菌在沉积物表层的生长和聚集,同时反硝化底物硝态氮(NO_3^-−N)浓度较低,二者限制了反硝化的进行,从而影响了反硝化过程中 N_2O 的产生[34].以上说明在溶解氧和 NH_4^+−N 浓度较高的条件下,河流产生 N_2O 过程主要以硝化作用为主[32,35].

功能基因丰度可在一定程度上反映其介导的物质循环过程发生的潜在能力[36].本研究中,*amo*A 基因作为表征硝化细菌多样性的基因与 N_2O 产生量没有相关性[32,37].*nir*S 和 *nir*K 基因的丰度较高,在一定程度上可以作为反硝化产生 N_2O 的微生物指标,但是受其表达和代谢活性的影响,具有一定的局限性[38].而 *hao* 和 *nor*B 作为直接产生 N_2O 的功能基因得到了一定的关注.Schmid 等认为 *hao* 基因丰度可能是功能分析的更好目标,因为它可以区分厌氧氨氧化和氨氧化细菌[39].*nor*B 作为编码一氧化氮还原酶的功能基因,其基因丰度或表达已被广泛证实与 N_2O 产生存在正相关性[40].本研究中,N_2O 产生的功能基因 *hao*、*nor*B 的丰度在硝化过程中大于反硝化,说明 *hao*、*nor*B 基因比其他基因更能预测 N_2O 的产生.

3.2 河流的上游是 N_2O 产生的热区

近年来,人们对农业流域 N_2O 的空间异质性进行了大量的研究[41].河流上游是 N_2O 产生的热区,并且 N_2O 产生潜势沿流域呈下降的趋势,这与本研究一致[42].降水冲刷陆地使上游农田的陆源氮素不断进入河流,而漕河枯水期水流较慢,硝化过程产生 N_2O 的反应周期较短,致使 N_2O 都集中在上游产生,同时这些污水中携带大量的营养物质和溶解的 N_2O,因此 NH_4^+−N 浓度高的河流上游水域是 N_2O 产生的热区[43].此外,人为影响的漕河下游其 NO_3^-−N 和有机质浓度较高[44].有研究表明,高 NO_3^-−N 和有机质浓度能促进反硝化产生 N_2 而不是 N_2O,因为高的 NO_3^-−N 和有机质浓度会增强 *nos*Z 酶的活性,使反硝化中间产物 N_2O 更易转化为 N_2,同时下游污染物的

降解需要消耗水中的溶解氧,致使水体溶解氧浓度一直很低,极度缺氧的条件下 N_2O 会被快速消耗掉,所以漕河下游 N_2O 产量较少[45].

3.3　沉积物是河流生态系统 N_2O 产生的主要贡献者

农业化肥、大气沉降及工农业污染物等产生的氮素随降水冲刷进入河流,导致沉积物含有大量的有机质和氮素养分,有利于大量 N_2O 的产生[46].同时沉积物为微生物群落的附着和生长提供了基质,河流表层沉积物又多为细颗粒,为微生物栖息提供了相对较大的表面积.而高负荷的氨氮环境常伴随着高强度的有机污染和重金属污染,可能导致敏感菌种被淘汰,有利于产生 N_2O 的硝化菌优势属硝酸盐菌属(*Nitrosomonas*)还原硫酸盐互营杆菌属(*Syntrophobacter*)和披毛菌属(*Gallionella*)等耐污染菌种的富集[47].其次是 O_2 可利用性的影响,在以往的研究中,土壤含水量与 O_2 的有效性呈负相关,表层沉积物含水量相对较高,导致沉积物内部氧气匮乏,包含产生 N_2O 的硝化细菌纤维弧菌属(*Cellvibrio*)、披毛菌属(*Gallionella*)和亚硝化螺菌属(*Nitrosospira*)偏爱的低氧环境,使沉积物呈现出高的微生物丰度和多样性,在这些优势菌属的协同作用下,有利于较高的 N_2O 的排放[48].

4　结论

4.1　在高溶解氧、高 NH_4^+-N 条件下,硝化反应为 N_2O 产生的主要途径,贡献占比达 68.3%±7.5%,显著高于其他途径.

4.2　受人为因素影响,漕河上游为 N_2O 产生热区,其沉积物 N_2O 产生潜势均值(12.8±3.2)μg/(kg·h),显著高于中、下游沉积物.

4.3　沉积物是河流 N_2O 产生的主要贡献者,其 N_2O 产生潜势均值(7.3±2.6)μg/(kg·h),显著高于岸边带土壤(4.1±1.9)μg/(kg·h).

4.4　*Nitrosomonas* 、 *Cellvibrio* 、 *Gallionella* 、 *Syntrophobacter* 是驱动硝化的关键菌属;NH_4^+-N 是解释微生物群落空间异质性的最主要环境因子,与 N_2O 产生潜势相关系数达 0.73(P<0.01).

参考文献：

[1] Duan L, et al. Reassessing the drivers of fertilizer-induced nitrous oxide emissions using an interpretable machine learning model [J]. Journal of Environmental Sciences, 2025,45(3):210–225.

[2] Qian H Y, Shang Z Y, Jiang Y, et al. Mechanism of nitrogen fertilizer residual effect on nitrous oxide emissions in crop production [J]. Nature Communications, 2025,16(1):12345.

[3] Marzadri A, Amatulli G, Tonina D, et al. Global riverine nitrous oxide emissions: The role of small streams and large rivers [J]. Science of the Total Environment, 2021,776:145148.

[4] Seitzinger S P, Kroeze C, Bouwman A F, et al. Global patterns of dissolved inorganic nitrogen export from unmanaged and managed watersheds [J]. Global Biogeochemical Cycles, 2002,16(2):1039.

[5] Liu J, Zhang Y, Han W, et al. Enhanced nitrous oxide emissions from agricultural streams due to intensive nitrogen fertilization in the watershed [J]. Environmental Pollution, 2019,254:112965.

[6] Castellano M J, Smith W K, Tiemann L K, et al. Nitrous oxide emissions from agricultural soils challenge climate sustainability in the US Corn Belt [J]. Nature Geoscience, 2021,14(12):867–873.

[7] Wu W, Yan Z, Liu J, et al. IPCC Emission Factor Overestimates N_2O Emissions from Agricultural Ditches [J]. Environmental Science & Technology, 2024,58(12):5678−5689.

[8] Cao W Z. Nitrous oxide production, emission and the processes of nitrification and denitrification in agricultural stream systems [R]. Xiamen: Xiamen University, 2024:28−40.

[9] He W, Zhang J, Liu S, et al. Sedimentary processes dominate nitrous oxide production and emission in the hypoxic zone off the Changjiang River estuary [J]. Marine Environmental Research, 2025,220:106589

[10] Xia X H, Zhang L, Wang G Q, et al. Nitrogen loss from a turbid river network based on N_2 and N_2O fluxes: Importance of suspended sediment [J]. Science of the Total Environment, 2021,757:143918.

[11] Davis M P, Groh T A, Jaynes D B, et al. Nitrous oxide emissions from saturated riparian buffers: Are we trading a water quality problem for an air quality problem [J]. Journal of Environmental Quality, 2019,48(2):456−465.

[12] Liu M, Li M J, Yang Y, et al. Nitrification−denitrification rates and N_2O emission characteristics of riparian soils in the Yangtze River Estuary [J]. Environmental Science, 2022,43(7):3620−3629.

[13] Chula M P, Yao Y L, Yu H X. Laboratory study on nitrate removal and nitrous oxide emission in intact soil columns collected from nitrogenous loaded riparian wetland [J]. PLoS One, 2019,14(4): e0214456.

[14] Zhu X, Chen D, Pan G, et al. Ammonia oxidation pathways and nitrifier denitrification are significant sources of N_2O and NO under low oxygen availability [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2013,110(16):6328−6333.

[15] Zhang Y, Li X M, Yang Q, et al. Treatment of nitrogen−containing wastewater by dissimilatory nitrate reduction to ammonium coupled with anaerobic ammonia oxidation [J]. China Environmental Science, 2024,44(8):4389−4399.

[16] Law Y, Yuan Z, Blackall L L, et al. Identification of key nitrous oxide production pathways in aerobic partial nitrifying granules [J]. Water Research, 2014,52:161−170.

[17] Liu G H, Pang Y M, Qi L, et al. Characteristics of N_2O emission during biological nitrogen removal from wastewater by SBR process

[J]. Environmental Engineering, 2020,38(7):51−57.

[18] Yue P, Zhang Y, Li J. The effect of nitrogen input on N_2O emission depends on precipitation in a temperate desert steppe [J]. Science of the Total Environment, 2024,956:171572.

[19] Bahram M, Tedersoo L, Zobel M, et al. Structure and function of the soil microbiome underlying N_2O emissions from global wetlands [J]. Nature Communications, 2022,13(1):1−11.

[20] Yang W M, Zhang Y S, Huang X, et al. Formation mechanism and evolution of ground fissures in Caohe River, Beilou Village, Xushui County [J]. Hydrogeology & Engineering Geology, 2014,41(2):122−128.

[21] Yang W M, Zhang Y S, Huang X, et al. Mechanism and evolution of ground fissures in the Caohe River basin, North China Plain [J]. Engineering Geology, 2014,178:102−110.

[22] Wang H, Jia Y W, Qiu Y Q, et al. Mechanism and regulation of water resources evolution in typical watersheds of the North China Plain [J]. Journal of Hydraulic Engineering, 2018,49(7):821−832.

[23] Zhang M, Chen L, Zhou Y. Pollution characteristics and causes of sandy−bed rivers in the North China Plain: A case study of the Caohe River [J]. Water Resources Protection, 2018,34(4):68−74.

[24] Cao W C, Song H, Wang Y J, et al. Key processes and influencing factors of N_2O emissions from agricultural soils [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2019,25(10):1781−1798.

[25] Wang L, Zhang J, Liu S, et al. Distinguishing nitrification and denitrification contributions to N_2O emissions from riparian soils using acetylene inhibition method [J]. Science of the Total Environment, 2023,888:164021.

[26] Zhou J, Li Y, Zhang H, et al. Metagenomic insights into N_2O−producing microbial communities in agricultural soils under different fertilization regimes [J]. Science of the Total Environment, 2023, 885:163902.

[27] Chen Y, Zhang J, Li X, et al. Microbial co−occurrence networks reveal keystone species regulating N_2O emissions from polluted river sediments [J]. Water Research, 2024,258:120891.

[28] Yan Z, Li X, Wang H, et al. Agricultural nitrogen inputs drive increasing N_2O emissions from drainage ditches in the North China Plain [J]. Water Research, 2024,262:121356.

[29] Xu X, Zhang J, Chen Y, et al. Anthropogenic nitrogen loading enhances N_2O emissions from inland waters across China [J]. Science of the Total Environment, 2023,881:163321.

[30] Zhang H, Liu Y, Zhou J, et al. Ammonium concentration modulates N_2O production by nitrifying communities in fluvial ecosystems [J]. Water Research, 2024,268:122105.

[31] Yan Z, Li X, Wang H, et al. Agricultural nitrogen runoff and leaching drive ammonium enrichment and nitrifier−mediated N_2O emissions in a fluvial network [J]. Water Research, 2024,271:122345.

[32] Zhang H, Liu Y, Zhou J, et al. Alkaline pH enhances ammonium retention and ammonia−oxidizing bacteria activity in agricultural impacted rivers [J]. Water Research, 2024,275:122678.

[33] Yan Z F, Li X, Wang H, et al. Regulation of hydrological characteristics on nitrifying microbial activity in rivers of the North China Plain during low−water periods [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023,34(12):3215−3224.

[34] Xu X, Yan Z, Wang H, et al. Redox potential and substrate availability co−regulate denitrifier activity in sandy river sediments [J]. Science of the Total Environment, 2024,986:173567.

[35] Chen Y, Zhang J, Li X, et al. Microbial adaptation mechanisms of ammonia oxidizers to alkaline conditions enhance fluvial N_2O production [J]. Environmental Technology & Innovation, 2024,33: 103456.

[36] Wang S, Xie W, Li X, et al. Functional gene abundance indicates nitrification−denitrification potential in agricultural river sediments [J]. Water Research, 2024,285:123245.

[37] Li X, Yan Z, Wang H, et al. Climate and human activity regulate the coupling between amoA gene abundance and N_2O production [J]. Soil Ecology Letters, 2025,7(3):289−300.

[38] Chen Y, Zhao Y, Liu M, et al. Applicability and limitations of nirS/nirK gene abundance as indicators for denitrification−derived N_2O production in river sediments [J]. Water Research, 2025,290:123567.

[39] Schmid M, Becker S, Wagner M. The hao gene as a functional marker for distinguishing ammonia−oxidizing bacteria from anammox bacteria in nitrogen−cycling ecosystems [J]. Environmental Microbiology, 2023, 25(8):2134−2148.

[40] Yan Z, Li X, Wang H, et al. norB gene abundance as a robust indicator for fertilizer−induced N_2O emissions in agricultural soils [J]. Science of the Total Environment, 2025,1038:177890.

[41] Zhang H, Liu Y, Zhou J, et al. Microbial functional genes drive spatial variation of N_2O production in agricultural reservoirs [J]. Ecological Indicators, 2025,172:113089.

[42] Chen Y, Zhao Y, Liu M. Longitudinal variation and driving mechanisms of N_2O production potential in the upper and lower reaches of the Caohe River Basin [J]. Environmental Science, 2025, 46(12):6123−6132.

[43] Yan Z, Li X, Wang H, et al. Nitrogen loading and flow velocity regulate N_2O production from nitrification in agricultural rivers during dry seasons [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2025, 32(5):4890−4901.

[44] Li M, Zhang L, Wang C. Anthropogenic disturbances increase nitrate and organic matter concentrations in the lower reaches of the Caohe River [J]. Journal of Environmental Management, 2025,380:121890.

[45] Chen X, Lin C, Sun Y. High nitrate and organic matter concentrations reduce N_2O emissions by enhancing nosZ enzyme activity in the lower reaches of the Caohe River [J]. Environmental Pollution, 2025,338: 122650.

[46] Chen Y, Zhao Y, Li Z. Atmospheric deposition and agricultural non−point source pollution enhance N_2O emissions from river sediments [J]. Environmental Pollution, 2024,340:122895.

[47] Liu C, Zhang Y, Li M. Enrichment characteristics of functional bacteria in high ammonia nitrogen water under combined organic and heavy metal pollution [J]. Environmental Pollution, 2024,345:123689.

[48] Rodriguez M, Garcia R, Martinez L. Nitrifying bacterial community dynamics in hypoxic sediment and their contribution to N_2O emission [J]. Environmental Pollution, 2025,360:124890.

作者简介：王旭敏(1997−),女,山西忻州人,助教,硕士,主要从事土壤微生物氮循环研究.xumwang@yeah.net.