植物资源与环境学报，2026，**35**(5)：63-73
Journal of Plant Resources and Environment

宁夏第三排水沟岸边带植物根系土壤脱氮差异及影响因子分析

杜晓蕊，郑兰香①，祁若曈，孙华琳
（宁夏大学生态环境学院，宁夏 银川 750021）

摘要：为探究宁夏第三排水沟岸边带典型植物根系土壤脱氮贡献差异及影响因子，以第三排水沟岸边带的芦苇〔*Phragmites australis*（Cav.）Trin. ex Steud.〕、地肤〔*Bassia scoparia*（Linn.）A. J. Scott〕和马蔺（*Iris lactea* Pall.）为研究对象，采用^{15}N同位素示踪法，分析植物根系土壤的反硝化和厌氧氨氧化速率、脱氮贡献及相关影响因子。结果表明：芦苇根系土壤的NH_4^+-N含量、NO_3^--N含量、NO_2^--N含量、总有机碳含量、总氮含量和C/N比均显著（$P<0.05$）高于马蔺和地肤根系土壤，地肤根系土壤的pH值和电导率显著高于芦苇和马蔺根系土壤；3种植物根系土壤反硝化菌的丰富度和多样性均高于厌氧氨氧化菌。芦苇、马蔺、地肤根系土壤的反硝化速率分别为2.397、2.137和1.479 μmol·kg^{-1}·h^{-1}，厌氧氨氧化速率分别为0.650、0.479和0.405 μmol·kg^{-1}·h^{-1}，三者根系土壤的反硝化脱氮贡献率（78.52%~81.70%）均大于厌氧氨氧化（18.30%~21.48%）。土壤反硝化速率和厌氧氨氧化速率与NH_4^+-N含量、NO_3^--N含量、总有机碳含量和含水量呈显著或极显著（$P<0.01$）正相关，而与pH值和电导率呈显著或极显著负相关。反硝化菌优势属金黄杆形菌属（*Luteitalea*）、亚硝化球菌属（*Nitrososphaera*）、盖亚菌属（*Gaiella*）和红长命菌属（*Rubrivivax*）及厌氧氨氧化菌属 *Candidatus* Brocadia 和 *Candidatus* Jettenia 的相对丰度与对应的脱氮速率呈显著或极显著正相关。反硝化功能基因 *nirS* 和厌氧氨氧化功能基因 *AMX16S* 的丰度分别与对应的脱氮速率呈显著正相关。综上所述，反硝化是植物根系土壤主要脱氮途径，芦苇根系土壤脱氮速率最高，土壤理化性质、细菌群落及其功能基因共同调控土壤的脱氮过程。

关键词：根系土壤；反硝化速率；厌氧氨氧化速率；土壤理化性质；细菌群落；第三排水沟

中图分类号：Q948.12$^+$2.3；S718.52$^+$1.3　　**文献标志码**：A　　**文章编号**：1674-7895(2026)05-0063-11
DOI：10.3969/j.issn.1674-7895.2026.05.06

Analyses on the nitrogen removal differences and the influencing factors of soils around riparian plant roots in the Third Drainage Ditch in Ningxia　DU Xiaorui, ZHENG Lanxiang①, QI Ruotong, SUN Hualin　(College of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2026, **35**(5): 63-73

Abstract: To investigate the differences in nitrogen removal contribution and the influencing factors of soils around typical plant roots in the riparian zone of the Third Drainage Ditch in Ningxia, *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. in the riparian zone of the Third Drainage Ditch were taken as research materials, the denitrification and anaerobic ammonium oxidation rates, nitrogen removal contributions, and related influencing factors of soils around plant roots were analyzed by using the ^{15}N isotope tracer method. The results show that the NH_4^+-N content, NO_3^--N content, NO_2^--N content, total organic corbon content, total nitrogen content, and C/N ratio of soils around *P. australis* roots are significantly ($P<0.05$) higher than those of soils around *I.*

收稿日期：2025-09-30
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(2026AAC030138)
作者简介：杜晓蕊(2003—)，女，宁夏银川人，本科，主要从事水环境氮循环过程方面的研究。
①通信作者 E-mail：zhenglx@nxu.edu.cn
引用格式：杜晓蕊，郑兰香，祁若曈，等. 宁夏第三排水沟岸边带植物根系土壤脱氮差异及影响因子分析[J]. 植物资源与环境学报，2026，35(5)：63-73.

lactea and *B. scoparia* roots, while the pH value and electrical conductivity of soils around *B. scoparia* roots are significantly higher than those of soils around *P. australis* and *I. lactea* roots; the richness and diversity of denitrification bacteria in soils around the three plant roots are higher than those of anaerobic ammonium oxidation bacteria. The denitrification rates of soils around *P. australis*, *I. lactea*, and *B. scoparia* roots are 2.397, 2.137, and 1.479 $\mu mol \cdot kg^{-1} \cdot h^{-1}$, respectively, the anaerobic ammonium oxidation rates are 0.650, 0.479, and 0.405 $\mu mol \cdot kg^{-1} \cdot h^{-1}$, respectively, and the denitrification nitrogen removal contribution rates (78.52%-81.70%) of soils around the three plant roots are all greater than those of anaerobic ammonium oxidation (18.30%-21.48%). Soil denitrification rate and anaerobic ammonium oxidation rate show significant or extremely significant ($P<0.01$) positive correlations with NH_4^+-N content, NO_3^--N content, total organic carbon content, and water content, while showing significant or extremely significant negative correlations with pH value and electrical conductivity. The relative abundances of dominant genera of denitrification bacteria *Luteitalea*, *Nitrososphaera*, *Gaiella*, and *Rubrivivax*, and anaerobic ammonium oxidation bacterial genera *Candidatus* Brocadia and *Candidatus* Jettenia show significant or extremely significant positive correlations with the corresponding nitrogen removal rates. The abundance of the denitrification functional gene *nirS* and the anaerobic ammonium oxidation functional gene *AMX16S* show significant positive correlations with the corresponding nitrogen removal rates. In conclusion, denitrification is the main nitrogen removal pathway in soils around plant roots, with soils around *P. australis* roots having the highest nitrogen removal rate, and soil physical and chemical properties, microbial communities, and their functional genes jointly regulate the soil nitrogen removal process.

Key words: soil around roots; denitrification rate; anaerobic ammonium oxidation rate; soil physical and chemical properties; bacterial community; Third Drainage Ditch

随着人类活动增加,过量氮素流入水体,对全球生态系统产生负面影响[1-2]。岸边带能够有效截留和降低氮素浓度,是控制陆地氮素进入水体的重要自然屏障[3]。植物是岸边带阻控氮素迁移的核心要素[4]。反硝化和厌氧氨氧化是环境中氮脱除的核心途径,植物通过改变微生物活性和土壤理化性质等间接影响土壤反硝化和厌氧氨氧化过程,进而影响土壤脱氮过程。研究表明:植物根系分泌的糖类、氨基酸等物质为异养反硝化菌提供氮源与碳源,促进其繁殖,提高根际亚硝酸盐还原酶的基因丰度,富集反硝化微生物,进而影响反硝化作用[5]。同位素示踪结果显示:根际厌氧氨氧化过程对 N_2 产生的贡献率为12%~14%,显著高于非根际区的4%~7%[6]12。韩晓丽等[7]发现,不同植被覆盖导致土壤理化性质显著不同,柳树(*Salix* sp.)林和沙棘(*Hippophae rhamnoides* Linn.)林林下土壤反硝化酶活性明显高于山杨(*Populus davidiana* Dode)林、五花草甸等6种植被类型。Li等[8]发现,草地覆盖区的河岸带土壤反硝化速率低于灌木覆盖区,且该差异与土壤活性氮含量紧密相关。可见,植物可以通过根系分泌物刺激微生物活动并促进有机质分解与吸收,加快氮循环进程[9-10]。

宁夏地处中国西北干旱半干旱地区,排水沟在净化宁夏灌区农田排水,改善灌区水环境中发挥着重要作用。研究表明:宁夏第三排水沟不同形式岸边带的微生物存在差异[11],排水沟岸边的芦苇〔*Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud.〕带、砾石芦苇混合带以及马蔺(*Iris lactea* Pall.)护坡带的潜在硝化速率和 *amoA* 基因拷贝数均高于高盐地肤〔*Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott〕带和裸土带[12],岸边带和底泥的反硝化速率均显著高于厌氧氨氧化速率,其中反硝化的脱氮贡献率为83.91%~92.95%[13]。然而,目前有关第三排水沟岸边带不同植物根系土壤的氮循环过程研究还较为缺乏。野外调查发现,芦苇、地肤和马蔺是宁夏第三排水沟岸边带自然生长的典型植物,岸边带植物在水体氮循环中发挥着重要的作用。本研究对第三排水沟岸边带这3种植物根系土壤的反硝化和厌氧氨氧化速率进行分析,解析不同植物根系土壤的脱氮差异及影响因子,以期为丰富排水沟岸边带氮循环过程研究提供科学参考。

1 研究区概况和研究方法

1.1 研究区概况

宁夏第三排水沟地处银北灌区,呈西南—东北走向,与黄河平行。该沟始于银川市金凤区,贯穿贺兰

县、石嘴山市平罗县和惠农区，与第五排水沟汇合后注入黄河，靠近黄河宁夏段出境口[14]。选取第三排水沟贺兰县段为研究对象，该段全长 18.16 km，水面宽 3~13 m，水深 0.2~1.1 m。区域气候类型为温带大陆性干旱气候，年均温 8.4~9.9 ℃，年均降水量 160~190 mm；地势平坦低洼，土壤类型以灌淤土为主，盐碱化严重[15]。岸边带自然生长的主要植被为芦苇、地肤和马蔺等，周边区域以农业和渔业为主。

1.2　研究方法

1.2.1　*样品采集和预处理*　2024 年 8 月在第三排水沟岸边带进行采样，参考 GB/T 36197—2018 中土壤采样标准，每种植物随机选择 3 个面积 30 cm×30 cm 样方，采集健康植株根系周围 10 cm 的土壤样品。除去石块、植物根茎等杂质后充分混匀，装入无菌密封袋，迅速带入实验室。每个样品分成 3 部分，其中一部分新鲜样品用于反硝化和厌氧氨氧化速率测定，一部分样品风干后用于土壤理化指标测定；另取新鲜样品 3~5 g 于冻封管中，于-80 ℃冷冻保存，用于细菌生物信息学检测分析。芦苇、地肤和马蔺根系土壤样品分别标记为 G1、G2 和 G3。

1.2.2　*土壤理化指标测定*　植物根系土壤的氨氮（NH_4^+-N）、硝酸盐氮（NO_3^--N）、亚硝酸盐氮（NO_2^--N）含量均采用氯化钾溶液提取-分光光度法（HJ 634—2012）测定；总有机碳含量采用重铬酸钾氧化-分光光度法（HJ 615—2011）测定；总氮含量采用凯氏法（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；含水量采用重量法（HJ 613—2011）测定；C/N 比为总有机碳含量与总氮含量的比值。每个植物根系土壤样品设置 3 个重复。

1.2.3　*反硝化和厌氧氨氧化速率测定*　采用^{15}N 同位素示踪法[16]测定反硝化和厌氧氨氧化速率，所有操作均在充满氦气的厌氧培养箱（杭州川一实验仪器有限公司）中完成。将样品与原位水按质量比 1∶1 混匀，经高纯氦气曝气后密封于顶空瓶中，于 30 ℃（原位温度）恒温预培养 65 h，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。随后，样品分为 3 组：E_ctrl（控制组，添加 $^{15}NH_4Cl$）、E_amox（验证组，添加$^{15}NH_4Cl$和$Na^{14}NO_3$）和 E_denit（计算组，添加 $Na^{15}NO_3$），各组^{15}N 浓度均为 100 μmol · L^{-1}。在 E_denit 组中，定时取样终止反应，并利用 Delta Q 同位素质谱仪（美国 Thermo Fisher Scientific 公司）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 等[16]的方法计算反硝化和厌氧氨氧化速率及各自的脱氮贡献率。每个植物根系土壤样品设置 3 个重复。

1.2.4　*细菌群落结构及功能基因检测*　使用 E.Z.N.A.® Soil DNA Kit（美国 Omega Bio-tek 公司）提取总 DNA，使用 NanoDrop 2000 超微量紫外-可见分光光度计（美国 Thermo Fisher Scientific 公司）检测 DNA 纯度及浓度，利用质量体积分数 1%的琼脂糖凝胶电泳验证完整性。使用 Illumina NovaSeq 高通量测序平台（美国 Illumina 公司）进行双端宏基因组测序，使用实时荧光定量 qPCR 仪（美国 ABI 公司）测定 *nirS*、*nirK* 和 *AMX16S* 的基因拷贝数，均由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.3　数据处理和分析

使用 fastp v0.20.0 软件对下机序列进行质控，使用 Megahit v1.1.2 软件拼接、组装优化序列，选核酸长度大于或等于 100 bp 的基因，翻译成氨基酸序列；对预测结果进行聚类构建非冗余基因集。使用 SOAPaligner v2.21 软件进行序列比对，使用 Diamond v0.8.35 软件将非冗余基因集与 NR 数据库进行比对，获得物种注释。将注释给同一物种的基因丰度（比对上的序列数）进行加和，得到该物种丰度。某一物种丰度占该样本中所有物种总丰度的百分比，即为该物种的相对丰度。

使用 EXCEL 2019 软件处理数据，使用 IBM SPSS Statistics 26 软件进行统计分析，使用 Origin 2021 软件绘图。采用单因素方差分析比较不同植物根系土壤间的差异显著性（$P<0.05$）；使用美吉生信云平台对反硝化和厌氧氨氧化菌进行 α 多样性分析，包括 Ace、Chao、Shannon 和 Simpson 指数，并探究不同植物根系土壤中的 *nirK* 型和 *nirS* 型反硝化菌群落组成；采用基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析比较反硝化菌和厌氧氨氧化菌的 β 多样性差异；采用 Pearson 相关性分析探究脱氮速率与土壤理化因子、细菌菌属、功能基因间的相关性，采用冗余分析探究细菌群落与土壤理化因子间的关系。

2　结果和分析

2.1　不同植物根系土壤理化性质分析

结果（表 1）显示：宁夏第三排水沟岸边带芦苇、

地肤和马蔺根系土壤的 NH_4^+-N 含量、NO_3^--N 含量、NO_2^--N 含量、总有机碳含量、总氮含量和 C/N 比分别在2.01～6.69 mg・kg^{-1}、1.70～123.44 mg・kg^{-1}、0.47～1.66 mg・kg^{-1}、14.36～25.11 g・kg^{-1}、1.15～1.49 g・kg^{-1}和 16.61～20.11 之间,其中,芦苇根系土壤的 NH_4^+-N 含量、NO_3^--N 含量、NO_2^--N 含量、总有机碳含量、总氮含量和 C/N 比均显著(P<0.05)高于地肤和马蔺根系土壤;3 种植物根系土壤的 pH 值在 pH 8.22 至 pH 8.55 之间,均为弱碱性;其中,地肤根系土壤的 pH 值显著高于芦苇和马蔺根系土壤;土壤电导率在 920.53～7 467.67 μS・cm^{-1}之间,其中,地肤根系土壤电导率最大、马蔺根系土壤次之、芦苇根系土壤最小,三者间差异显著;土壤含水量在8.43%～14.76%之间,其中,马蔺根系土壤的含水量最大、芦苇根系土壤次之、地肤根系土壤最小,三者间差异显著。表明芦苇根系土壤具有较高的碳、氮含量,同时呈现出较低的 pH 值和电导率,与地肤和马蔺的根系环境存在明显差异。

表 1 宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤理化性质($\bar{X}$±SD)[1)]

Table 1 Physical and chemical properties of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia ($\bar{X}$±SD)[1)]

样品 Sample	NH_4^+-N 含量/(mg・kg^{-1}) NH_4^+-N content	NO_3^--N 含量/(mg・kg^{-1}) NO_3^--N content	NO_2^--N 含量/(mg・kg^{-1}) NO_2^--N content	总有机碳含量/(g・kg^{-1}) Total organic carbon content	总氮含量/(g・kg^{-1}) Total nitrogen content	pH 值 pH value	电导率/(μS・cm^{-1}) Electrical conductivity	含水量/% Water content	C/N 比 C/N ratio
G1	6.69±0.47a	123.44±2.89a	1.66±0.35a	25.11±0.64a	1.49±0.08a	8.22±0.15b	920.53±43.23c	14.43±0.17b	20.11±1.32a
G2	2.01±0.38c	1.70±0.42b	0.51±0.09b	14.36±0.25c	1.17±0.05b	8.55±0.02a	7 467.67±131.91a	8.43±0.01c	16.61±0.88b
G3	4.18±1.54b	2.46±0.28b	0.47±0.13b	17.14±0.66b	1.15±0.02b	8.32±0.08b	2 728.33±55.59b	14.76±0.01a	16.81±2.00b

[1)] G1,G2,G3: 分别表示芦苇、地肤和马蔺的根系土壤样品 Representing samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. roots, respectively. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).

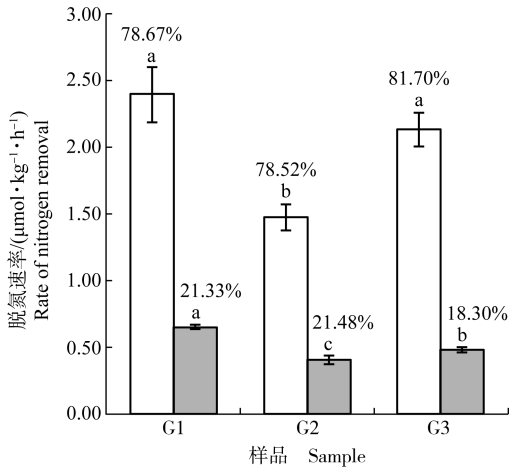
2.2 反硝化与厌氧氨氧化速率及脱氮贡献分析

结果(图 1)显示:宁夏第三排水沟岸边带芦苇、地肤和马蔺根系土壤的厌氧氨氧化速率均明显小于反硝化速率。其中,芦苇和马蔺根系土壤的反硝化速率较高,分别为 2.397 和 2.137 μmol・kg^{-1}・h^{-1},且与地肤根系土壤(1.479 μmol・kg^{-1}・h^{-1})间差异显著(P<0.05);芦苇、地肤和马蔺根系土壤的厌氧氨氧化速率分别为 0.650、0.405 和 0.479 μmol・kg^{-1}・h^{-1},且三者间差异显著。

从脱氮贡献看,芦苇、地肤和马蔺根系土壤的反硝化脱氮贡献率分别为 78.67%、78.52%和 81.70%,而厌氧氨氧化的脱氮贡献率分别为 21.33%、21.48%和 18.30%。3 种植物根系土壤反硝化的脱氮贡献率均远大于厌氧氨氧化,说明第三排水沟岸边带植物根系土壤脱氮以反硝化为主。

2.3 细菌群落结构及功能基因分析

2.3.1 细菌群落的 α 多样性和 β 多样性分析 结果(表 2)显示:宁夏第三排水沟岸边带芦苇、地肤和马蔺根系土壤中细菌群落具有较高的物种丰富度和多样性,反硝化菌的 Ace 指数、Chao 指数和 Shannon 指数均高于厌氧氨氧化菌,Simpson 指数反之,说明反硝



□: 反硝化速率 Denitrification rate; ■: 厌氧氨氧化速率 Anaerobic ammonium oxidation rate. G1,G2,G3: 分别表示芦苇、地肤和马蔺的根系土壤样品 Representing samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. roots, respectively. 柱子上方不同的小写字母表示同一反应不同样本间差异显著(P<0.05) Different lowercases above the bars indicate the significant differences (P<0.05) between different samples of the same reaction. 柱子上方的百分数为脱氮贡献率 The percentages above the bars are the contribution rates of nitrogen removal.

图 1 宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化与厌氧氨氧化速率及脱氮贡献

Fig. 1 Rates of denitrification and anaerobic ammonium oxidation and nitrogen removal contribution of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia

化菌的丰富度和多样性高于厌氧氨氧化菌。反硝化菌的 Ace 指数、Chao 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数在 3 种植物根系土壤间差异显著($P<0.05$)，其中，地肤根系土壤反硝化菌的 Ace 指数、Chao 指数和 Shannon 指数最大，Simpson 指数最小；厌氧氨氧化菌的 Ace 指数、Chao 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数呈相似规律，但 Ace 指数和 Chao 指数在芦苇与马蔺根系土壤间差异不显著。说明反硝化菌和厌氧氨氧化菌在各植物根系土壤间的丰富度和多样性存在显著差异。

主坐标分析(PCoA)结果(图 2)显示：根系土壤反硝化菌 PCoA1 轴的贡献率为 54.31%，PCoA2 轴的贡献率为 21.69%；厌氧氨氧化菌 PCoA1 轴的贡献率为 58.62%，PCoA2 轴的贡献率为 20.29%，均具有较好的解释度。3 种植物根系土壤反硝化菌和厌氧氨氧化菌均能形成置信椭圆，说明 2 类细菌均能在各植物根系土壤中较好地聚集。各椭圆相对独立，说明 2 类细菌在各植物根系土壤中的分布具有一定的差异。此外，反硝化菌和厌氧氨氧化菌在 3 种植物根系土壤间的距离较远，说明芦苇、地肤和马蔺根系土壤间 2 类细菌群落组成存在较大差异。

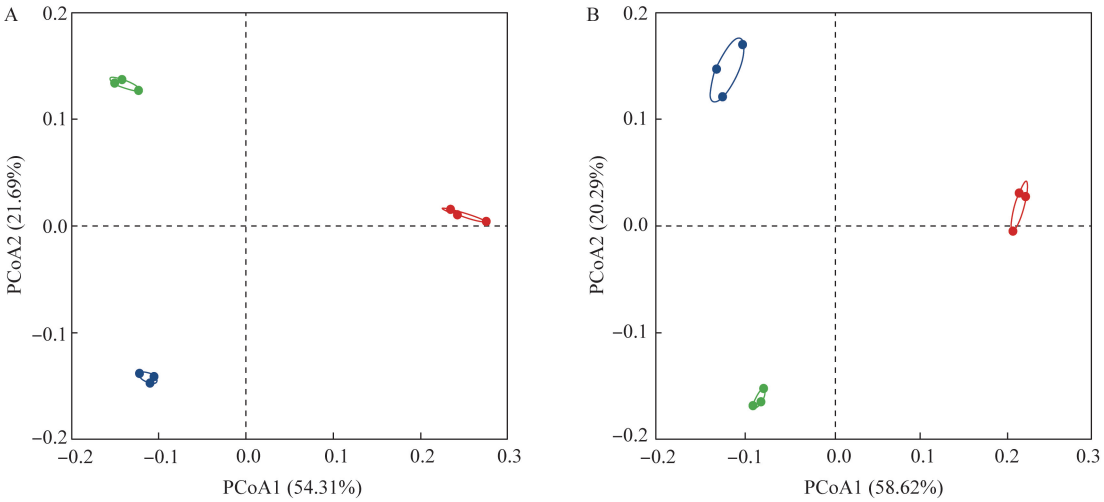
2.3.2　细菌群落结构分析　在门水平下，选取根系土壤中相对丰度排名前 10 的菌门绘制相对丰度柱形图，结果(图 3)显示：根系土壤反硝化菌优势门包括

表 2　宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化菌和厌氧氨氧化菌 α 多样性($\bar{X}\pm SD$)[1)]

Table 2　α diversity of denitrification bacteria and anaerobic ammonium oxidation bacteria of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia ($\bar{X}\pm SD$)[1)]

细菌类型 Bacterial type	样品 Sample	Ace 指数 Ace index	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
反硝化菌 Denitrification bacteria	G1	824.333±25.106c	824.333±25.106c	5.531±0.015c	0.011±0.000a
	G2	1 045.000±12.166a	1 045.000±12.166a	6.043±0.024a	0.005±0.000c
	G3	893.333±23.861b	893.333±23.861b	5.747±0.045b	0.009±0.001b
厌氧氨氧化菌 Anaerobic ammonium oxidation bacteria	G1	280.000±6.245b	280.000±6.245b	4.286±0.032c	0.036±0.001a
	G2	370.000±17.349a	370.000±17.349a	5.044±0.076a	0.013±0.001c
	G3	301.667±20.257b	301.667±20.257b	4.529±0.051b	0.031±0.003b

[1)] G1，G2，G3：分别表示芦苇、地肤和马蔺的根系土壤样品 Representing samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. roots, respectively. 同列中不同小写字母表示同类细菌不同处理组间差异显著($P<0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant differences ($P<0.05$) between different treatment groups of the same bacteria.



●：芦苇根系土壤样品 Samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud. roots；●：地肤根系土壤样品 Samples from soils around *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott roots；●：马蔺根系土壤样品 Samples from soils around *Iris lactea* Pall. roots. 括号中百分数为方差解释度 The percentages in the parentheses indicate the degree of variance explained.

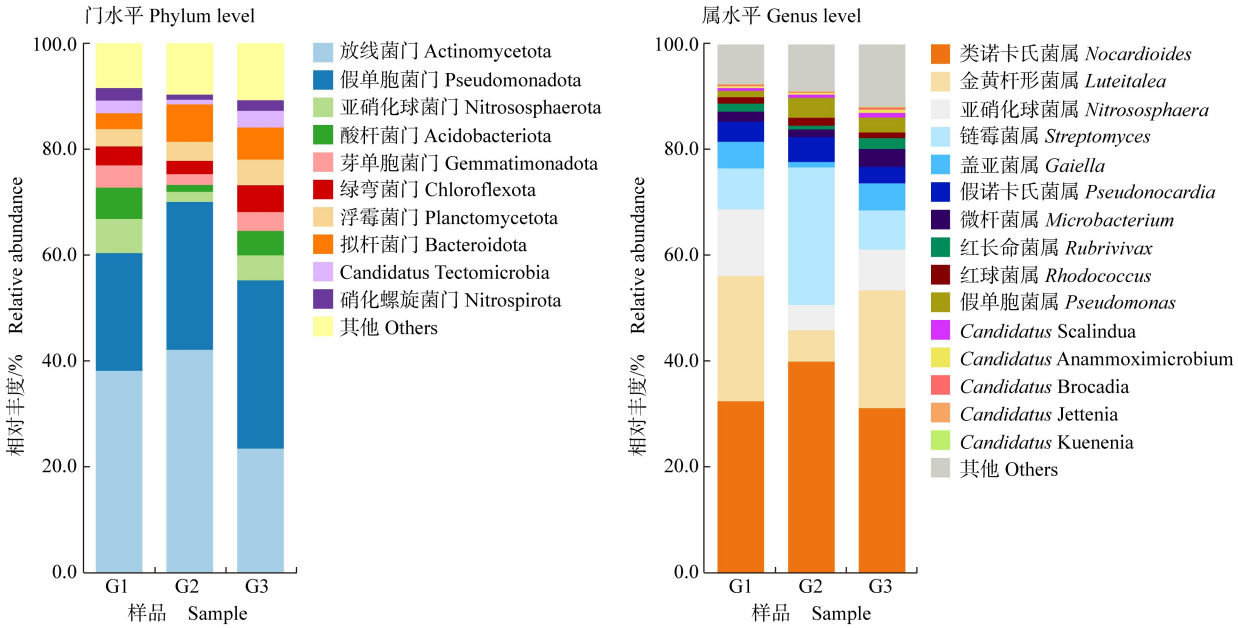
图 2　宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化菌(A)和厌氧氨氧化菌(B)群落主坐标分析(PCoA)

Fig. 2　Principal coordinate analysis (PCoA) of denitrification bacterial (A) and anaerobic ammonium oxidation bacterial (B) communities of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia

放线菌门(Actinomycetota)、假单胞菌门(Pseudomonadota)、亚硝化球菌门(Nitrososphaerota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、绿弯菌门(Chloroflexota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、Candidatus Tectomicrobia 和硝化螺旋菌门(Nitrospirota),相对丰度分别为 23.31%~42.05%、22.31%~31.89%、1.89%~6.47%、1.34%~5.94%、2.01%~4.22%、2.54%~5.06%、3.02%~7.06%、0.87%~3.18%和 0.99%~2.38%。其中,放线菌门的相对丰度在地肤根系土壤中最高,在马蔺根系土壤中最低;假单胞菌门的相对丰度在马蔺根系土壤中最高,在芦苇根系土壤中最低。在其他反硝化菌优势门中,拟杆菌门的相对丰度在地肤根系土壤中最高,在芦苇根系土壤中最低;亚硝化球菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、绿弯菌门、硝化螺旋菌门以及 Candidatus Tectomicrobia 的相对丰度均在芦苇和马蔺根系土壤中较高,在地肤根系土壤中较低。各样品中均检测到浮霉菌门(Planctomycetota),相对丰度为 3.25%~4.84%,且相对丰度在马蔺根系土壤中最高,在芦苇和地肤根系土壤中接近。

在属水平下,3 种植物根系土壤中相对丰度排名前 10 的反硝化菌属(优势属)为类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)、金黄杆形菌属(*Luteitalea*)、亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、盖亚菌属(*Gaiella*)、假诺卡氏菌属(*Pseudonocardia*)、微杆菌属(*Microbacterium*)、红长命菌属(*Rubrivivax*)、红球菌属(*Rhodococcus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*),相对丰度分别为 31.16%~39.96%、5.98%~23.75%、4.77%~12.64%、7.41%~21.60%、1.02%~5.15%、3.13%~4.75%、1.44%~3.37%、0.70%~2.07%、1.09%~1.50%和 1.20%~3.78%。各样品中均检测到厌氧氨氧化菌属 *Candidatus* Scalindua、*Candidatus* Anammoximicrobium、*Candidatus* Brocadia、*Candidatus* Jettenia 和 *Candidatus* Kuenenia,相对丰度分别为 0.55%~0.88%、0.37%~0.62%、0.16%~0.35%、0.07%~0.15%和 0.04%~0.09%,均低于排名前 10 的反硝化菌属的相对丰度,且这 5 个菌属的相对丰度均在马蔺根系土壤中最高。

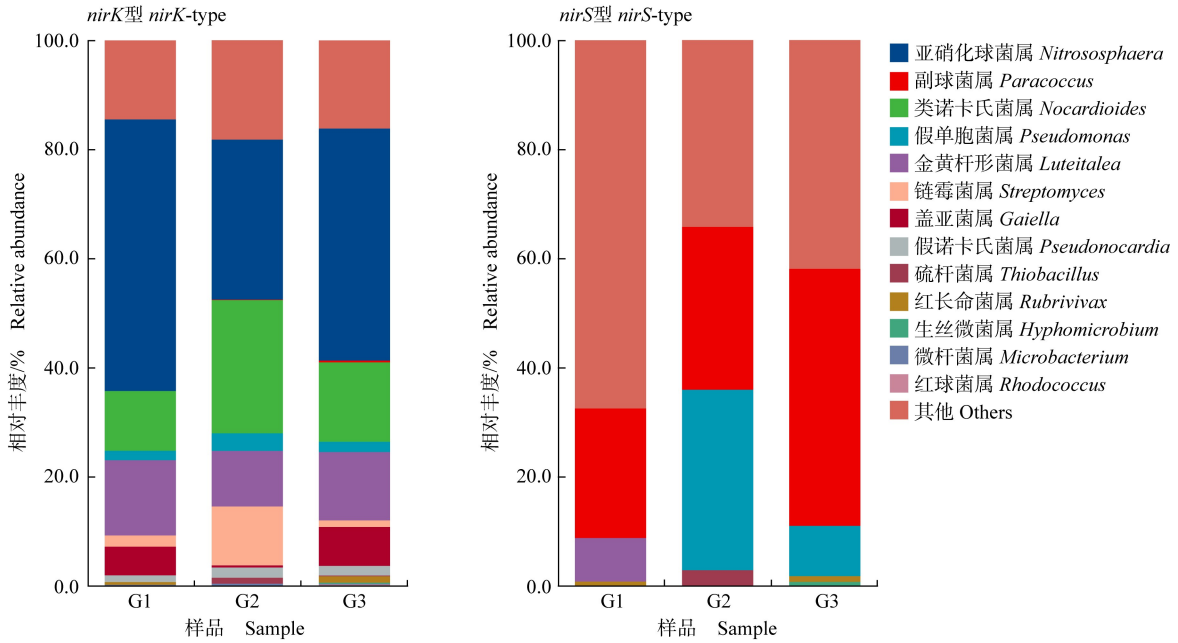
进一步分析 *nirK* 型和 *nirS* 型反硝化菌的群落组成,结果(图 4)显示:*nirK* 型和 *nirS* 型反硝化菌在 3 种植物根系土壤中的群落组成差异明显,*nirK* 型中亚硝化球菌属和金黄杆形菌属的相对丰度均在芦苇



G1,G2,G3:分别表示芦苇、地肤和马蔺的根系土壤样品 Representing samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. roots, respectively.

图 3 宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化菌和厌氧氨氧化菌的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of denitrification bacteria and anaerobic ammonium oxidation bacteria of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia



G1,G2,G3：分别表示芦苇、地肤和马蔺的根系土壤样品 Representing samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. roots, respectively.

图 4　宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤 *nirK* 型和 *nirS* 型反硝化菌群落组成(属水平)

Fig. 4　Composition of *nirK*-type and *nirS*-type denitrification bacteria community of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia (genus level)

和马蔺根系土壤中较高,而类诺卡菌属和链霉菌属的相对丰度均在地肤根系土壤中最高。*nirS* 型中副球菌属(*Paracoccus*)的相对丰度在马蔺根系土壤中最高,在芦苇和地肤根系土壤中差异不大;假单胞菌属在地肤根系土壤中的相对丰度远高于马蔺根系土壤,而芦苇根系土壤中无假单胞菌属。

2.3.3　功能基因丰度分析　结果(表 3)显示:厌氧氨氧化功能基因 *AMX16S* 的丰度总体较高,均值达到 3.16×10^7 copies · g^{-1},而反硝化功能基因 *nirK* 和 *nirS* 的丰度均值分别为 1.22×10^7 和 1.67×10^7 copies · g^{-1}。芦苇、地肤和马蔺根系土壤的 *nirK* 基因丰度差异不大;芦苇根系土壤的 *nirS* 基因丰度高于地肤和马蔺根系土壤,但三者间差异不显著;芦苇根系土壤的 *AMX16S* 基因丰度最大(5.48×10^7 copies · g^{-1}),马蔺根系土壤次之(2.29×10^7 copies · g^{-1}),地肤根系土壤最小(1.70×10^7 copies · g^{-1}),芦苇与地肤根系土壤间差异显著。整体来看,反硝化功能基因(*nirK* 和 *nirS*)丰度之和($2.04\times10^7\sim4.22\times10^7$ copies · g^{-1})高于厌氧氨氧化功能基因丰度($1.70\times10^7\sim5.48\times10^7$ copies · g^{-1}),说明反硝化功能基因丰度比厌氧氨氧化功能基因高。

表 3　宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤功能基因丰度($\bar{X}\pm SD$)[1)]

Table 3　Functional gene abundance of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia ($\bar{X}\pm SD$)[1)]

样品 Sample	基因丰度/(copies · g^{-1})　Gene abundance		
	nirK	*nirS*	*AMX16S*
G1	$1.16\times10^7\pm0.63\times10^7$a	$3.06\times10^7\pm2.69\times10^7$a	$5.48\times10^7\pm2.74\times10^7$a
G2	$1.29\times10^7\pm0.19\times10^7$a	$0.75\times10^7\pm0.22\times10^7$a	$1.70\times10^7\pm0.42\times10^7$b
G3	$1.22\times10^7\pm0.31\times10^7$a	$1.18\times10^7\pm0.60\times10^7$a	$2.29\times10^7\pm0.67\times10^7$ab
M	$1.22\times10^7\pm0.38\times10^7$	$1.67\times10^7\pm1.17\times10^7$	$3.16\times10^7\pm1.28\times10^7$

[1)] G1, G2, G3：分别表示芦苇、地肤和马蔺的根系土壤样品 Representing samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott, and *Iris lactea* Pall. roots, respectively. M：均值 Mean. 同列中不同小写字母表示差异显著($P<0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant differences ($P<0.05$).

2.4　根系土壤反硝化和厌氧氨氧化速率影响因子分析

2.4.1　根系土壤反硝化和厌氧氨氧化速率与土壤理化因子的相关性分析　Pearson 相关性分析结果(表 4)显示:宁夏第三排水沟岸边带芦苇、地肤和马蔺根系土壤反硝化速率与 NH_4^+-N 含量、总有机碳含量、含水量呈极显著正相关($P<0.01$),相关系数分别为 0.838、0.836、0.905;与 NO_3^--N 含量呈显著正相关

($P<0.05$),相关系数为0.683;与pH值呈显著负相关,相关系数为-0.769;与电导率呈极显著负相关,相关系数为-0.954;与NO_2^--N含量、总氮含量、C/N比无显著相关性。厌氧氨氧化速率与NH_4^+-N含量、NO_3^--N含量、NO_2^--N含量、总有机碳含量、总氮含量呈极显著正相关,相关系数分别为0.865、0.941、0.890、0.983、0.897;与土壤含水量、C/N比呈显著正相关,相关系数分别为0.689、0.779;与pH值呈显著负相关,相关系数为-0.789;与电导率呈极显著负相关,相关系数为-0.873。

表4 宁夏第三排水沟岸边带3种植物根系土壤反硝化速率(R1)和厌氧氨氧化速率(R2)与土壤理化因子的Pearson相关性分析

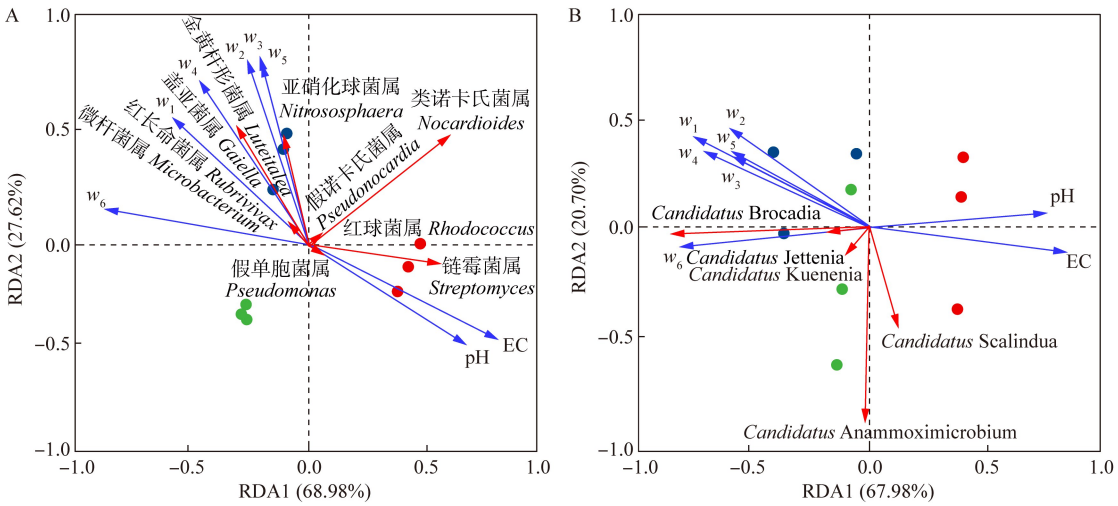
Table 4 Pearson correlation analysis of denitrification rate (R1) and anaerobic ammonium oxidation rate (R2) of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia with soil physical and chemical factors

土壤理化因子 Soil physical and chemical factor	相关系数[1)] Correlation coefficient[1)]	
	R1	R2
NH_4^+-N含量 NH_4^+-N content	0.838 **	0.865 **
NO_3^--N含量 NO_3^--N content	0.683 *	0.941 **
NO_2^--N含量 NO_2^--N content	0.578	0.890 **
总有机碳含量 Total organic carbon content	0.836 **	0.983 **
总氮含量 Total nitrogen content	0.564	0.897 **
pH值 pH value	-0.769 *	-0.789 *
电导率 Electrical conductivity	-0.954 **	-0.873 **
含水量 Water content	0.905 **	0.689 *
C/N比 C/N ratio	0.538	0.779 *

[1)] *: $P<0.05$; **: $P<0.01$.

2.4.2 土壤理化因子对细菌群落结构的影响 选取根系土壤相对丰度排名前10的反硝化菌属和5个厌氧氨氧化菌属与土壤理化因子进行冗余分析(RDA),结果见图5。结果(图5-A)显示:RDA的2个轴共解释了土壤反硝化菌结构变化的96.60%。pH值和电导率与类诺卡氏菌属、链霉菌属、假诺卡氏菌属、假单胞菌属和红球菌属的相对丰度呈正相关,与金黄杆形菌属、亚硝化球菌属、盖亚菌属、微杆菌属和红长命菌属的相对丰度呈负相关;NO_3^--N含量、NO_2^--N含量、总有机碳含量和总氮含量与金黄杆形菌属、亚硝化球菌属、盖亚菌属、微杆菌属和红长命菌属的相对丰度呈正相关,与链霉菌属和假单胞菌属的相对丰度呈负相关;NH_4^+-N含量和土壤含水量与金黄杆形菌属、亚硝化球菌属、盖亚菌属、微杆菌属和红长命菌属的相对丰度呈正相关,与类诺卡氏菌属、链霉菌属、假诺卡氏菌属、假单胞菌属和红球菌属的相对丰度呈负相关。

结果(图5-B)显示:RDA的2个轴共解释了土壤厌氧氨氧化菌结构变化的88.68%。pH值与



●: 芦苇根系土壤样品 Samples from soils around *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud. roots; ●: 地肤根系土壤样品 Samples from soils around *Bassia scoparia* (Linn.) A. J. Scott roots; ●: 马蔺根系土壤样品 Samples from soils around *Iris lactea* Pall. roots. w_1: NH_4^+-N含量 NH_4^+-N content; w_2: NO_3^--N含量 NO_3^--N content; w_3: NO_2^--N含量 NO_2^--N content; w_4: 总有机碳含量 Total organic carbon content; w_5: 总氮含量 Total nitrogen content; pH: pH值 pH value; EC: 电导率 Electrical conductivity; w_6: 含水量 Water content. 括号中百分数为方差解释度 The percentages in the parentheses indicate the degree of variance explained.

图5 宁夏第三排水沟岸边带3种植物根系土壤反硝化菌属(A)和厌氧氨氧化菌属(B)相对丰度与土壤理化因子的冗余分析(RDA)

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of relative abundance of denitrification bacterial genus (A) and anaerobic ammonium oxidation bacterial genus (B) of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia with soil physical and chemical factors

Candidatus Scalindua 的相对丰度呈正相关，与其他菌属的相对丰度呈负相关；电导率与 *Candidatus* Scalindua 和 *Candidatus* Anammoximicrobium 的相对丰度呈正相关，与其他菌属的相对丰度呈负相关；NH_4^+-N 含量、NO_3^--N 含量、NO_2^--N 含量、总有机碳含量和总氮含量与 *Candidatus* Brocadia、*Candidatus* Jettenia 和 *Candidatus* Kuenenia 的相对丰度呈正相关，与 *Candidatus* Scalindua 和 *Candidatus* Anammoximicrobium 的相对丰度呈负相关；土壤含水量与 *Candidatus* Scalindua 的相对丰度呈负相关，与其他菌属的相对丰度呈正相关。

2.4.3　根系土壤反硝化和厌氧氨氧化速率与细菌群落、功能基因的相关性分析　对根系土壤反硝化速率与相对丰度排名前 10 的反硝化菌属以及厌氧氨氧化速率与 5 种厌氧氨氧化菌属的相对丰度进行 Pearson 相关性分析，结果见表 5。结果显示：根系土壤反硝化速率与金黄杆形菌属、盖亚菌属、红长命菌属的相对丰度呈极显著正相关，相关系数分别为 0.828、0.935、0.843；与亚硝化球菌属相对丰度呈显著正相关，相关系数为 0.681；与链霉菌属和假单胞菌属的相对丰度呈极显著负相关，相关系数分别为 -0.856、-0.904。厌氧氨氧化速率与 *Candidatus* Brocadia 和 *Candidatus* Jettenia 的相对丰度呈极显著正相关，相关系数分别为 0.817、0.694。

根系土壤反硝化和厌氧氨氧化速率与功能基因丰度的 Pearson 相关性分析结果（表 6）显示：根系土壤反硝化速率与 *nirS* 基因丰度呈显著正相关，相关系数为 0.696；厌氧氨氧化速率与 *AMX16S* 基因丰度呈显著正相关，相关系数为 0.797。

表 5　宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化速率和厌氧氨氧化速率与对应菌属相对丰度的 Pearson 相关性分析

Table 5　Pearson correlation analysis of denitrification rate and anaerobic ammonium oxidation rate of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia with relative abundances of corresponding bacterial genus

属相对丰度 Relative abundance of genus	相关系数[1)] Correlation coefficient[1)]
反硝化菌 Denitrification bacteria	
类诺卡氏菌属 *Nocardioides*	-0.586
金黄杆形菌属 *Luteitalea*	0.828 **
亚硝化球菌属 *Nitrososphaera*	0.681 *
链霉菌属 *Streptomyces*	-0.856 **
盖亚菌属 *Gaiella*	0.935 **
假诺卡氏菌属 *Pseudonocardia*	-0.459
微杆菌属 *Microbacterium*	0.357
红长命菌属 *Rubrivivax*	0.843 **
红球菌属 *Rhodococcus*	-0.462
假单胞菌属 *Pseudomonas*	-0.904 **
厌氧氨氧化菌 Anaerobic ammonium oxidation bacteria	
Candidatus Scalindua	-0.241
Candidatus Anammoximicrobium	-0.354
Candidatus Brocadia	0.817 **
Candidatus Jettenia	0.694 **
Candidatus Kuenenia	0.282

1) *：$P<0.05$；**：$P<0.01$.

表 6　宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化速率（R1）和厌氧氨氧化速率（R2）与功能基因丰度的 Pearson 相关性分析

Table 6　Pearson correlation analysis of denitrification rate (R1) and anaerobic ammonium oxidation rate (R2) of soils around the three plant roots in the riparian zones of the Third Drainage Ditch in Ningxia with abundance of functional genes

基因丰度 Gene abundance	相关系数[1)] Correlation coefficient[1)]	
	R1	R2
nirK	0.113	-0.087
nirS	0.696 *	0.633
AMX16S	0.630	0.797 *

1) *：$P<0.05$.

3　讨论和结论

3.1　不同植物根系土壤脱氮速率和脱氮贡献差异

宁夏第三排水沟岸边带 3 种植物根系土壤反硝化速率在 1.479~2.397 μmol · kg^{-1} · h^{-1}之间，远低于玄武湖湿地植物根际沉积物反硝化速率（8.92 μmol · kg^{-1} · h^{-1}）[17]和野芷湖湖岸带植物根系土壤反硝化速率（31.43~142.14 μmol · kg^{-1} · h^{-1}）[18]；厌氧氨氧化速率在 0.405~0.650 μmol · kg^{-1} · h^{-1}之间，远低于太湖西部湖区沉积物厌氧氨氧化速率（10.11 μmol · kg^{-1} · h^{-1}）[19]。这可能是因为第三排水沟岸边带植物根系土壤的电导率较高（如地肤根系土壤电导率达 7 467.67 μS · cm^{-1}），而盐分胁迫可导致根系土壤微生物群落多样性和丰富度出现不同程度的降低，同时使微生物细胞脱水或产生离子毒性，降低酶活性，进而抑制反应速率[20]。3 种植物根系土壤反硝化速率均大于厌氧氨氧化速率，即反硝化作用对总 N_2 释放的贡献大于厌氧氨氧化，这是因为根系分泌物提供的有机碳可作为反硝化微生物的电子供体，从而驱动异养反硝化[21]。

3 种植物根系土壤的反硝化与厌氧氨氧化速率差异显著，芦苇（2.397 μmol · kg^{-1} · h^{-1}）和马蔺

(2.137 μmol · kg^{-1} · h^{-1})的反硝化速率显著高于地肤(1.479 μmol · kg^{-1} · h^{-1}),且厌氧氨氧化速率也呈现类似趋势。可能原因是芦苇和马蔺根系发达且具有通气组织,在排水沟岸边带常年淹水-落干交替环境中,其根系可形成更多厌氧微区,促进反硝化和厌氧氨氧化菌的富集;而地肤作为旱生植物,根系浅且稀疏,土壤氧化还原电位较高,抑制反硝化和厌氧氨氧化速率。芦苇根系土壤反硝化和厌氧氨氧化速率最大主要是因为植物根系的分泌物和脱落物是微生物生长的重要营养来源,芦苇的有机碳分泌能力较高,为反硝化菌提供了充足的电子供体,同时发达的根系为微生物生长提供了依附介质和环境[6]53-54。

3.2 植物根系土壤理化性质对脱氮速率的影响

宁夏第三排水沟岸边带3种植物根系土壤反硝化和厌氧氨氧化速率受土壤理化因子影响明显,其中,反硝化速率和厌氧氨氧化速率分别与pH值和电导率呈显著($P<0.05$)和极显著($P<0.01$)负相关。这是因为pH值会作用于细胞膜的电荷,影响酶活性,导致反硝化菌和厌氧氨氧化菌吸收和代谢营养物质的效率降低,进而影响反硝化和厌氧氨氧化作用[22]。土壤中过多的盐分会填充土壤孔隙,降低土壤通气性,减少氧气进入,影响反硝化和厌氧氨氧化过程中氧气供应和电子传递。而反硝化速率和厌氧氨氧化速率与NH_4^+-N、NO_3^--N和总有机碳含量及含水量呈显著或极显著正相关,与已有研究结果类似[19,23-24]。在自然环境中,NH_4^+-N经硝化过程被氧化为NO_3^--N,而NO_3^--N和NH_4^+-N是反硝化和厌氧氨氧化过程的底物,故无机氮含量高的环境有利于反硝化和厌氧氨氧化的进行。反硝化菌属于异养微生物,在进行硝酸盐还原(NO_3^-还原为N_2)的过程中,需要有机碳作为电子供体。一般来说,土壤中总有机碳含量越高,反硝化反应越活跃,反硝化速率也越快。而厌氧氨氧化菌属于化能自养菌,其生长过程虽然不直接依赖有机碳,但可能依赖反硝化菌代谢产生的中间产物(如NO_2^-),在这个过程中,总有机碳能够促进反硝化作用,进而间接为厌氧氨氧化提供支持[25]。

3.3 细菌群落结构与功能基因对脱氮速率的影响

宁夏第三排水沟岸边带3种植物根系土壤反硝化菌门中有放线菌门和假单胞菌门,这2个门在闽江河口湿地土壤[26]中也被检测出。在属水平分类上,*nirK*型反硝化菌占比最高的属为亚硝化球菌属和类诺卡菌属,亚硝化球菌属的相对丰度在芦苇和马蔺根系土壤中较高,在地肤根系土壤中最低,而类诺卡菌属的相对丰度在地肤根系土壤中最高,可能是因为亚硝化球菌属于泉古菌门(Crenarchaeota),其偏好微好氧环境,芦苇和马蔺根系通过径向氧损失(ROL)形成氧梯度,促进其生长;而地肤根际土壤电导率较高,抑制其活性。类诺卡菌属属于放线菌门,其代谢类型为严格好氧或兼性厌氧。在这样的特性下,地肤根系土壤环境成为类诺卡菌属发挥作用的重要场所。*nirS*型反硝化菌占比最高的属为副球菌属。在门水平上,研究发现厌氧氨氧化菌所属的浮霉菌门,其相对丰度低于大多反硝化优势菌门。在属水平上,厌氧氨氧化菌检测出*Candidatus* Scalindua、*Candidatus* Anammoximicrobium、*Candidatus* Brocadia、*Candidatus* Jettenia和*Candidatus* Kuenenia 5个菌属。说明河湖岸边带湿地生境中厌氧氨氧化菌属的核心类群具有共性,也验证了本研究中厌氧氨氧化菌属鉴定结果的可靠性。从相关性看,亚硝化球菌属、金黄杆形菌属等菌属的相对丰度与反硝化速率呈显著($P<0.05$)或极显著($P<0.01$)正相关,说明这类菌属是第三排水沟岸边带反硝化脱氮的核心功能菌属,其相对丰度的提升能直接驱动反硝化速率增加;而链霉菌属、假单胞菌属与反硝化速率呈极显著负相关,推测这类菌属可能通过竞争营养物质及占据生态位等方式,抑制反硝化菌的代谢活动,进而降低反硝化速率[27]。

*nirS*型基因丰度(均值1.67×10^7 copies · g^{-1})大于*nirK*型(均值1.22×10^7 copies · g^{-1}),说明*nirS*型反硝化菌基因丰度更高,在环境中占据优势。岸边带3种植物根系土壤反硝化速率与*nirS*基因丰度呈显著正相关,与*nirK*基因丰度无显著相关性,这与雷芊芊等[28]对野芷湖湖岸带土壤根系的研究结果一致。厌氧氨氧化速率与*AMX16S*基因丰度呈显著正相关,但由于*AMX16S*基因丰度整体低于反硝化功能基因,因此也导致了植物根系土壤的厌氧氨氧化速率低于反硝化速率。

3.4 结论

宁夏第三排水沟岸边带芦苇、地肤和马蔺的根系土壤的反硝化脱氮贡献率明显大于厌氧氨氧化,芦苇和马蔺根系土壤的反硝化作用明显大于地肤。反硝化速率和厌氧氨氧化速率与NH_4^+-N含量、NO_3^--N含量、总有机碳含量和含水量呈显著($P<0.05$)或极显著($P<0.01$)正相关,而与pH值和电导率呈显著或极显著负相关,盐碱化环境可能通过抑制微生物活性或

改变氮素形态，削弱了土壤的脱氮能力。宁夏第三排水沟岸边带土壤反硝化功能基因丰度整体高于厌氧氨氧化功能基因，反硝化菌优势属包括类诺卡氏菌属、金黄杆形菌属、亚硝化球菌属、链霉菌属、盖亚菌属、假诺卡氏菌属、微杆菌属、红长命菌属、红球菌属和假单胞菌属，微生物群落及其功能基因在脱氮过程中起着关键作用。

参考文献：

[1] Camargo J A, Alonso Á. Ecological and toxicological effects of inorganic nitrogen pollution in aquatic ecosystems: a global assessment[J]. Environment International, 2006, 32: 831-849.

[2] Howarth R W, Marino R. Nitrogen as the limiting nutrient for eutrophication in coastal marine ecosystems: evolving views over three decades[J]. Limnology and Oceanography, 2006, 51(1): 364-376.

[3] Lee K H, Isenhart T M, Schultz R C. Sediment and nutrient removal in an established multi-species riparian buffer[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2003, 58(1): 1-8.

[4] Hefting M M, Clement J-C, Bienkowski P, et al. The role of vegetation and litter in the nitrogen dynamics of riparian buffer zones in Europe[J]. Ecological Engineering, 2005, 24(5): 465-482.

[5] Hou Shengpeng, Ai Chao, Zhou Wei, et al. Structure and assembly cues for rhizosphere *nirK*- and *nirS*-type denitrifier communities in long-term fertilized soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 119: 32-40.

[6] 张少华. 乌梁素海湿地挺水植物根圈厌氧氨氧化菌群多样性及氮代谢调控机制的研究[D]. 呼和浩特：内蒙古大学，2023.

[7] 韩晓丽，黄春国，张芸香，等. 文峪河上游河岸带不同植被类型土壤 *nirS* 反硝化菌群结构及功能[J]. 生态学报，2020，40(6)：1977-1989.

[8] Li Yangjie, Chen Zhenlou, Lou Huanjie, et al. Denitrification controls in urban riparian soils: implications for reducing urban nonpoint source nitrogen pollution[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2014, 21(17): 10174-10185.

[9] Fontaine S, Bardoux G, Abbadie L, et al. Carbon input to soil may decrease soil carbon content[J]. Ecology Letters, 2004, 7: 314-320.

[10] Bengtson P, Barker J, Grayston S J. Evidence of a strong coupling between root exudation, C and N availability, and stimulated SOM decomposition caused by rhizosphere priming effects[J]. Ecology and Evolution, 2012, 2(8): 1843-1852.

[11] 郑兰香，杨桂钦，高　礼，等. 宁夏第三排水沟岸边带土壤微生物多样性及影响因素分析[J]. 干旱区资源与环境，2021，35(9)：164-170.

[12] 孙西燕，祁若曈，李宏旭，等. 宁夏盐碱区排水沟不同类型岸边带氨氧化过程及其影响因子[J]. 应用生态学报，2025，36(7)：2201-2212.

[13] 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.

[14] 郑兰香，赵　靖，黄凌霄. 宁夏第三排水沟底泥氮循环细菌群落结构特征[J]. 环境科学与技术，2024，47(2)：35-44.

[15] 李冬瑞，李广成，马广福. 贺兰县盐碱地农艺改良措施[J]. 宁夏农林科技，2021，62(1)：34-36.

[16] 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.

[17] 孙丽杰，苏　芮，何肖微，等. 南京典型城市湖泊湖滨带不同植物区脱氮过程及其影响因素[J]. 环境科学，2025，46(7)：4322-4334.

[18] 张　翎. 植物种类对野芷湖湖岸带土壤反硝化作用的影响[D]. 武汉：华中农业大学，2022：33.

[19] 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.

[20] 赵盈涵. 盐分对不同类型盐生植物根际与非根际土壤微生物群落特征的影响[D]. 泰安：山东农业大学，2022：60.

[21] 赵春宇，吴佳鹏，张雨欣，等. 氮添加对芦苇根系分泌及土壤硝化作用的影响[J]. 中国环境科学，2024，44(9)：5099-5107.

[22] 徐　硕，李玉双，魏建兵，等. 河岸带土壤反硝化作用研究进展[J]. 生态科学，2021，40(4)：229-236.

[23] 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.

[24] 吕　航. 乌梁素海湖滨湿地微生物脱氮过程及其机制研究[D]. 呼和浩特：内蒙古大学，2023：31.

[25] 王宁宁，薛冬梅，王义东，等. 自然生态系统中厌氧氨氧化和反硝化耦合反应研究进展[J]. 环境科学研究，2018，31(4)：616-627.

[26] 陈冰冰，孙志高，胡星云，等. 闽江河口互花米草不同入侵阶段湿地土壤 *nirK* 型反硝化微生物群落结构及多样性[J]. 应用生态学报，2022，33(11)：3007-3015.

[27] 王　云，郑西来，曹　敏，等. 滨海含水层咸-淡水过渡带反硝化性能与控制因素研究[J]. 生态环境学报，2023，32(5)：980-988.

[28] 雷芊芊，张　翎，胡荣桂，等. 植物种类对野芷湖湖岸带土壤反硝化作用的影响[J]. 生态学报，2024，44(3)：1116-1129.

（责任编辑：郭严冬）