

近自然修复湿地反硝化脱氮微生物学机制研究

祁妍雯, 谢子豪, 王 储, 訾 润, 朱玲玲, 陈永娟*

滁州学院智能建造与水利工程学院, 安徽 滁州

收稿日期: 2026年6月8日; 录用日期: 2026年7月8日; 发布日期: 2026年8月18日

摘 要

水体氮污染已成为当前水环境治理的重要问题, 湿地生态系统凭借其独特的生境条件, 成为氮素截留与转化的关键场所, 微生物驱动的反硝化脱氮过程更是实现水体氮素永久性去除的核心途径。近自然修复湿地作为河流污染防控的重要生态屏障, 融合了自然湿地的生态功能与人工修复的针对性措施, 但其反硝化脱氮的微生物学机制尚未得到系统梳理与解析。本文通过系统回顾国内外关于湿地氮循环、反硝化脱氮过程、影响因素及近自然修复湿地研究的相关成果, 总结当前湿地反硝化脱氮的研究现状, 分析近自然修复湿地反硝化脱氮研究中存在的不足, 为后续深入探究其微生物学机制提供研究思路与方向, 也为近自然修复湿地的构建与高效运行提供理论参考。

关键词

近自然修复湿地, 反硝化脱氮, 微生物群落, 氮循环

Research on the Microbiological Mechanism of Denitrification for Nitrogen Removal in Near-Naturally Restored Wetlands

Yanwen Qi, Zihao Xie, Chu Wang, Run Zi, Lingling Zhu, Yongjuan Chen*

School of Intelligent Construction and Hydraulic Engineering, Chuzhou University, Chuzhou Anhui

Received: June 8, 2026; accepted: July 8, 2026; published: August 18, 2026

Abstract

Nitrogen pollution in water bodies has become a critical issue in current water environment management. Wetland ecosystems, with their unique habitat conditions, serve as key sites for nitrogen interception and transformation. The microbially driven denitrification process is the core pathway for

*通讯作者。

文章引用: 祁妍雯, 谢子豪, 王储, 訾润, 朱玲玲, 陈永娟. 近自然修复湿地反硝化脱氮微生物学机制研究[J]. 环境保护前沿, 2026, 16(8): 1344-1352. DOI: 10.12677/aep.2026.168135

achieving permanent nitrogen removal from water. As important ecological barriers for river pollution control, near-naturally restored wetlands integrate the ecological functions of natural wetlands with targeted measures of artificial restoration. However, the microbiological mechanisms underlying denitrification for nitrogen removal in such wetlands have not yet been systematically reviewed and elucidated. This paper systematically reviews domestic and international research achievements on wetland nitrogen cycling, denitrification processes, influencing factors, and near-natural restoration wetlands. It summarizes the current research status of denitrification for nitrogen removal in wetlands, analyzes the shortcomings in existing studies on near-naturally restored wetlands, and provides research ideas and directions for future in-depth investigations into their microbiological mechanisms. The review also aims to offer theoretical references for the construction and efficient operation of near-naturally restored wetlands.

Keywords

Near-Naturally Restored Wetland, Denitrification for Nitrogen Removal, Microbial Community, Nitrogen Cycle

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

合成氮肥的大规模使用虽推动了农业增产，但也导致大量氮素通过径流和排放进入自然水体，氮污染成为当前水环境治理的重要问题[1]。湿地作为水陆交错的特殊生态系统，富含有机质且存在规律的缺氧土壤环境，是全球公认的反硝化脱氮热点区域，其通过植物吸收、微生物代谢、物理吸附等多种过程实现氮素的转化与去除，其中微生物驱动的反硝化作用是湿地脱氮的主导机制[2]。

相较于传统人工湿地高强度填料铺设、恒定水位管控的强人工改造模式，近自然修复湿地保留原地貌与土壤基底，仅通过河道岸线重塑、本土植被补植、水系连通修复等适度人工干预构建生态缓冲带[3]。可分为入库口水质净化湿地、河岸带生境修复湿地、洪泛区连通修复湿地三类，现已广泛应用于流域面源氮拦截与河道内源氮削减工程[1]。这类湿地依据修复目标可划分为两大亚型：(1) 水质净化型近自然湿地——核心目标为削减面源径流氮污染，配套底质改良、耐污先锋挺水植物种植、闸坝水文调控等人工措施；(2) 生境恢复型近自然湿地——核心目标为恢复本土动植物群落，仅适度重塑河道岸线、补植本土低矮草本，无外源碳添加及人工水位管控措施。两类亚型在水文条件、基质特性与微生物群落响应规律上存在明显分异，现有综述多忽视这一差异，导致结论的针对性与适用性不足[3][4]。

近自然修复湿地现已广泛应用于流域面源氮拦截与河道内源氮削减工程[5]。这类湿地同样依赖微生物驱动的氮循环过程实现脱氮，但相较于自然湿地，其反硝化脱氮的微生物驱动机制、关键影响因素及脱氮贡献率尚未明确，相关研究仍处于起步阶段。此外，由于近自然修复湿地的人工干预特征(如修复年限、植物配置、水文调控等)，其反硝化微生物群落及功能可能与自然湿地存在显著差异[2]。

现有湿地氮循环相关综述多侧重自然湿地、人工湿地的通用基础理论，普遍存在三点局限：一是缺少近年前沿分子组学文献整合，对不同研究存在的矛盾结论缺少对比评判与成因解析；二是未区分近自然修复湿地内部亚型，忽视水质净化、生境恢复两类湿地微生物响应规律差异；三是未建立串联全修复周期的多因子耦合理论框架。基于此，本文梳理国内外湿地反硝化脱氮相关研究成果，锚定近自然修复湿地人工干预属性展开分析，从差异化氮转化路径、分亚型调控因子、近自然湿地专属研究短板、阶段

化理论框架、精细化前沿技术研究展望五大模块展开综述，旨在明确近自然修复湿地反硝化脱氮微生物学机制的研究重点与方向，为后续开展针对性研究奠定基础，也为近自然修复湿地的生态调控与流域氮污染治理提供科学依据。

2. 湿地氮循环与反硝化脱氮过程研究

氮素在生物圈中的循环转化主要由微生物群落的代谢活动主导，其转化过程受环境条件影响显著。在好氧环境下，铵态氮会通过硝化作用被转化为硝态氮；而在缺氧环境中，硝态氮则可通过反硝化、厌氧氨氧化等途径，最终转化为 N_2 或 N_2O 等气体释放到大气中，实现氮素从水体生态系统的永久性去除[6][7]。

反硝化作用是微生物在缺氧条件下以硝态氮为电子受体进行的呼吸作用，也是湿地生态系统去除硝酸盐的主要过程[2]。在河岸带湿地中，反硝化、硝酸盐异化还原成铵(DNRA)与厌氧氨氧化共同构成了氮的自然衰减过程，其中反硝化是主导途径，占比可达 59.6% [8]。近自然修复湿地存在原生底土与人工改良基质复合分层结构，硝化 - 反硝化耦合界面厚度远大于单一原生自然湿地；同时入库口、河岸带修复湿地持续承接外源径流氮输入，氮底物供给强度高于偏远原生湿地，反硝化速率对氮负荷梯度变化的响应敏感度更高。

当前学界主要从三个维度对反硝化过程进行解析：一是经典氮循环路径，即固氮 - 硝化 - 反硝化的完整过程；二是微生物代谢类型，分为同化过程(微生物固定氮素)与异化过程(微生物分解氮素释放能量)；三是环境响应单元，将氨化、厌氧氨氧化、反硝化等视为独立的反应模块，分析其对环境变化的响应。上述关于自然湿地氮循环的认知，为理解近自然修复湿地的脱氮过程提供了理论框架，但其适用性仍需针对性验证[9]。

在河口、河岸带等湿地生态系统中，无机氮的最终归宿主要取决于反硝化与 DNRA 的竞争平衡，二者的占比变化直接影响湿地的脱氮效率[10]。已有河口滩涂的研究结论无法直接套用于近自然修复湿地。太湖流域试验表明，修复未满 3 年的近自然湿地反硝化速率仅为原生湿地 62%，人工湿地短期脱氮效率更高但存在填料淤堵衰退问题；修复年限、湿地亚型与水文周期是造成各研究数据分歧的主要原因[11]。

三类湿地微生物特征差异明显(表 1)：自然湿地菌群多样稳定，*Sterolibacterium*、*Thauera* 占优，*nirS* 持续高表达；近自然修复湿地菌群需 3~5 年完成演替，修复初期以 *Pseudomonas*、*nirK* 为主，成熟期富集 *Thauera*、*Azoarcus*、*nirS*，前期 DNRA 竞争强烈、内源释氮风险高[12]；人工湿地菌群同质化，常年富集 *Pseudomonas*、*Paracoccus*，*nirS* 峰值高，但 3~5 年后脱氮效能大幅衰减[13]。

辽河口湿地的研究表明，携带 *nirS*、*nirK* 和 *nosZ* 基因的细菌群落组成存在显著差异，*nirS* 和 *nirK* 型群落的优势分类单元均属于变形菌门；与这两类相比，*nosZ* 型群落的多样性更高[10]。研究还发现，氧化还原电位、亚硝态氮和盐度是解释 *nirS* 多样性的潜在变量[14]，而总氮和亚硝态氮是预测温暖条件下 *nirS* 相对丰度的重要变量。禁牧恢复实验进一步表明，*nirS* 型反硝化菌的丰度随恢复时间延长而增加，而 *nirK* 型则保持不变，表明 *nirS* 型群落比 *nirK* 型更适合作为指示湿地恢复进程的指标[15]。上述分异规律为后文构建修复演替理论框架提供了支撑。

Table 1. Comparison of denitrification microbiological characteristics among natural wetlands, near-naturally restored wetlands, and constructed wetlands

表 1. 自然湿地、近自然修复湿地与人工湿地反硝化微生物学特征对比

对比维度	自然湿地	近自然修复湿地	人工湿地
微生物群落多样性	高，菌群多样稳定[16]	中 - 高，需 3~5 年演替完成[16]	低，菌群同质化明显[16]

续表

优势反硝化菌属	<i>Sterolibacterium</i> 、 <i>Thauera</i>	修复初期: <i>Pseudomonas</i> ; 成熟期: <i>Thauera</i> 、 <i>Azoarcus</i> [17]	<i>Pseudomonas</i> 、 <i>Paracoccus</i> [17]
关键功能基因特征	<i>nirS</i> 持续高表达	修复初期 <i>nirK</i> 占优, 成熟期 <i>nirS</i> 富集	<i>nirS</i> 峰值高, 3~5 年后大幅衰减[17]
反硝化酶活性	中等, 稳定	修复初期较低(约为原生湿地 62%), 随修复年限升高	较高($p < 0.05$), 但长期衰退 [18]
主导脱氮途径	反硝化为主 (~60%) [18]	反硝化 + DNRA 竞争, 初期 DNRA 强烈	反硝化为主
主要影响因素	水文、盐度、有机质[18]	修复年限、植被演替、水文调控、人工干预强度[17]	填料类型、碳源供给、水力负荷
时间稳定性	高	中等, 随修复进程渐趋稳定	低, 3~5 年后效能大幅衰减

3. 湿地反硝化脱氮的影响因素研究

湿地反硝化脱氮速率并非由单一因素决定, 而是受非生物因素与生物因素的协同调控, 二者的交互作用直接影响湿地的脱氮效能。需特别指出的是, 水质净化型与生境恢复型两类近自然湿地对环境驱动因子的响应敏感度存在显著分层, 下文结合亚型特征分非生物、生物因素展开分析。

3.1. 非生物因素的调控作用

非生物因素中, 水文条件是调控湿地反硝化脱氮的关键因子。水力停留时间的长短直接影响氮素与微生物的接触时间, 延长水力停留时间(如枯水期)可显著提升湿地的硝酸盐去除率, 而丰水期短水力停留时间则会限制脱氮效率; 水流速度也与反硝化速率呈显著负相关, 较慢的水流速度能让沉积物更好地截留氮素, 同时为反硝化菌营造稳定的缺氧环境[12], 其对反硝化速率的影响甚至大于温度、pH 等其他因素[10][11]。此外, 土壤水分波动、淹没频率也会影响反硝化过程, 短期淹没频率的变化会改变湿地的氧化还原环境, 进而影响硝化与反硝化的耦合过程, 且土壤水分波动对反硝化速率的影响远大于对硝化速率的影响[19]。

氧化还原电位(Eh)、pH、碳氮比、硝态氮与铵态氮浓度等理化参数, 也会直接影响湿地的反硝化脱氮过程。辽河口湿地的研究表明, 氧化还原电位、亚硝态氮和盐度是影响 *nirS* 基因多样性的关键环境变量, 而总氮和亚硝态氮则是预测温暖条件下 *nirS* 相对丰度的重要因子[20]。碳氮比则为反硝化菌提供电子供体, 充足的碳源是反硝化作用顺利进行的基础; pH 则会影响反硝化菌的活性, 适宜的 pH 范围能显著提升反硝化速率[15]。

两类湿地对理化参数的响应模式存在明显差异: 水质净化型湿地因外源碳添加(如植物残体、有机质补充)可使碳氮比在短期内达到适宜反硝化的水平, 加速功能菌群定植; 而生境恢复型湿地完全依赖本土植被自然枯落与分解提供碳源, 碳氮比的提升过程缓慢, 反硝化速率的提升受限于碳源供给的时序节奏[21]。但目前关于理化参数的研究多集中于单一因子对反硝化过程的影响, 对于多因子协同作用如何驱动氮循环整体模式, 尚未形成明确结论[22]。

3.2. 生物因素的调控作用

生物因素是湿地反硝化脱氮的内在驱动因子, 主要包括反硝化功能微生物的群落结构、丰度及功能基因表达等方面。反硝化过程由一系列功能基因依次调控, 这些功能基因的丰度直接反映了反硝化菌的脱氮潜力[23]。

两类近自然湿地微生物群落演替规律差异显著：水质净化型湿地搭配改良基质、人工耐污菌群辅助定植，修复 1~2 年即可形成稳定反硝化功能菌群；生境恢复型完全依赖土著微生物自然拓殖，完整成熟菌群演替周期长达 4~5 年。部分单一测序研究笼统提出“修复年限越长脱氮效率越高”，但未区分湿地亚型；若为生境恢复型湿地，修复前期植被覆盖率不足，仅依靠年限延长无法显著提升脱氮能力[3] [5]。

近年来的研究发现，微生物的功能属性比分类属性更能决定氮素转化过程，即使是不同种类的微生物，若其功能属性相似，对氮素的转化效率也相近；而同一类微生物，若所处环境不同，其功能表达也会存在差异。禁牧恢复实验表明，总氮和盐度是影响 *nirS* 和 *nirK* 反硝化菌丰度与群落组成的关键环境因子[24]。

湿地植物也会通过间接方式影响反硝化脱氮过程，植物根系可分泌有机物质，为反硝化菌提供碳源，同时根系的呼吸作用能营造局部缺氧微环境，促进反硝化菌的生长与繁殖，提升湿地脱氮效能[15]。植被类型对反硝化菌群落结构具有显著调控作用——不同植物物种及其根系分泌物的差异可导致 *nirS*、*nirK* 和 *nosZ* 型反硝化菌群落的组成分化[25]。此外，近自然修复湿地的修复时长(建成年限)、植被恢复程度及底质改良措施等人工干预因素，也会显著影响反硝化微生物群落的演替与功能表达[26]。

4. 近自然修复湿地反硝化脱氮研究现状及不足

4.1. 研究现状

当前关于湿地反硝化脱氮的研究多聚焦于自然湿地、河口湿地、人工湿地，对于近自然修复湿地的研究较少，且多集中于脱氮效能的初步监测。已有研究仅分析了太湖流域部分河岸带近自然修复湿地的氮素截留率与季节变化[2]，未深入探究其脱氮的微生物学机制。我国南方丘陵区因地形、气候独特，相关研究更为匮乏，仅少数研究提及入库口湿地的脱氮效果，未涉及优势菌群、功能基因等微生物学核心内容。

部分研究表明，近自然修复湿地与自然湿地类似，其脱氮过程也以微生物反硝化作用为主，且脱氮效能受修复时长、水文条件的影响，修复时长越久的湿地，生境条件越稳定，脱氮效率也越高。半人工湿地(如西溪湿地)的研究揭示了不同修复模式对活性氮去除的显著影响——异化硝酸盐还原是沉积物中的关键氮转化途径，*Methylobacter* 和 *Nitrospira* 是岸滨沉积物中的优势硝化菌，而 *Methylocystis* 则在底层沉积物和根际土壤中富集[27]。

在研究方法上，现有近自然修复湿地的相关研究多采用常规水质监测方法，对湿地氮素含量、理化指标进行测定，少数研究结合了微生物培养法测定反硝化速率，但鲜少运用高通量测序、宏基因组、定量 PCR 等分子生物学技术，对反硝化功能微生物群落结构、功能基因特征进行系统解析，难以揭示近自然修复湿地反硝化脱氮的内在微生物学机制[3] [5]。

4.2. 研究不足

第一，对近自然修复湿地氮素时空格局及“源-汇”功能认知模糊。目前尚未有研究系统分析近自然修复湿地在旱季、雨季等不同水文期，上覆水、沉积物中氮素的分布特征及变化规律，也未明确其在流域氮循环中作为氮素“源”“汇”或“转运体”的功能定位，无法精准评估其在流域氮污染防治中的实际贡献[28]。同时缺少分亚型、分修复年限的氮源汇定量对比，无法差异化评估两类近自然湿地的流域氮削减贡献。

第二，反硝化脱氮的微生物学机制解析不深入。传统研究方法仅能检测少数反硝化功能基因，无法全面揭示近自然修复湿地中反硝化微生物的分类与功能组成，对于哪些微生物类群是近自然修复湿地反硝化脱氮的优势菌群、核心功能基因有哪些、微生物群落结构与脱氮速率如何耦合等关键问题，尚未形

成明确答案[3][5]。现有研究未区分湿地修复阶段、修复亚型解析菌群演替规律,缺乏菌群-功能基因-脱氮速率三者耦合关联的定量证据,使得湿地修复工程的微生物定向调控缺乏科学依据。

第三,未明确驱动反硝化脱氮的关键因素及贡献率。现有研究仅初步发现水文条件、理化参数会影响近自然修复湿地的脱氮效能,但对于非生物因素与生物因素如何协同调控反硝化脱氮过程、各因素对脱氮速率的具体贡献率是多少、不同修复时长的湿地其驱动因素是否存在差异等问题,尚未开展定量研究[29]。现有研究多采用简单相关性分析,缺少结构方程模型、机器学习等手段量化各因子独立效应与交互效应,无法区分不同修复阶段的主导驱动因子。

第四,缺乏针对不同区域近自然修复湿地的专项研究。近自然修复湿地的脱氮效能受区域地形、气候、流域特征的影响显著,目前的研究未结合丘陵区、平原区等不同地域特征开展专项研究,难以揭示不同区域近自然修复湿地反硝化脱氮的独特规律,研究成果的区域适用性较差[9][17]。现有成果未建立区域差异化调控方案,无法为不同地貌流域的近自然湿地修复工程提供分区技术指导。

5. 近自然修复湿地反硝化脱氮的理论概念框架

基于上述文献梳理与分析,本文尝试构建一个以“修复进程”为主线的近自然修复湿地反硝化脱氮理论概念框架,旨在系统阐释各因素如何协同作用、共同塑造反硝化微生物群落的结构与功能,并最终决定系统的脱氮效能。

(一) 修复进程的时间轴线。近自然修复湿地的反硝化功能恢复并非线性过程,而是经历三个阶段:

(1) 初始扰动期(0~1年)-施工扰动导致原生微生物群落结构破坏,反硝化功能基因丰度降至最低,DNRA过程可能占据优势,内源释氮风险较高;(2) 快速演替期(1~3年)-植被逐步恢复,根系分泌物与凋落物输入增加碳源供给,*Pseudomonas*等机会主义反硝化菌率先定植,*nirK*型反硝化菌丰度上升,反硝化速率逐渐回升但尚未达到自然湿地水平;(3) 功能成熟期(3~5年及以上)微生物群落完成演替,*Thauera*、*Azoarcus*等慢生型优势菌群占据主导,*nirS*型反硝化基因成为主流,反硝化功能趋于稳定。

(二) 多因子的协同作用机制。反硝化微生物群落的结构与功能受到水文条件、基质特性、污染负荷与生物交互四类因素的协同调控:(1) 水文条件(水力停留时间、淹没频率、水流速度)决定缺氧环境的时空格局与硝酸盐的供给速率;(2) 基质特性(有机质含量、碳氮比、pH)直接调控反硝化菌的代谢底物可用性;(3) 污染负荷(氮输入强度与形态)决定反硝化过程的底物竞争强度,高氮负荷条件下DNRA与反硝化的竞争加剧;(4) 生物交互(植被类型与根系活动、微生物间竞争与协作)通过碳源供给、微环境改造与功能基因水平转移等途径影响群落组装。四类因素随修复进程呈动态变化-修复初期人工干预(基质改良、植被补植)起主导作用,修复中后期自然生态过程(水文节律、生物演替)的影响权重逐渐上升。

(三) 脱氮效能的阶段化响应。反硝化脱氮效能是上述多因子协同作用的结果呈现。在修复初期,人工干预强度决定脱氮效能的起点;在快速演替期,碳源供给与微生物群落组装的匹配程度成为效能提升的瓶颈;在功能成熟期,系统脱氮效能趋于稳定,但仍受季节性水文波动与极端气候事件的干扰。这一框架强调:近自然修复湿地的反硝化功能恢复不能简单地等同于“时间的函数”,而是修复措施、环境条件与生物过程在特定时序上耦合的结果。

(四) 亚型分异规律。水质净化型与生境恢复型湿地在上述框架中处于不同的演化轨道-前者因人工干预强度大、碳源补充充分,可快速跨越初始扰动期进入快速演替期;后者则需经历完整的自然演替过程,功能成熟周期更长,但最终形成的微生物群落多样性与稳定性可能更接近自然湿地。

6. 研究展望

针对当前近自然修复湿地反硝化脱氮研究的不足,结合水环境治理的实际需求,未来的研究可从以

下几个方面展开：

第一，系统研究近自然修复湿地氮素的时空格局及“源-汇”功能。以典型流域的近自然修复湿地为研究对象，结合野外原位监测，在不同水文期对近自然修复湿地的上覆水、沉积物进行连续采样，分析氮素的分布特征及变化规律，结合流域氮负荷数据，明确近自然修复湿地在流域氮循环中的功能定位，精准量化其硝酸盐去除通量及流域脱氮贡献。

第二，运用分子生物学技术解析反硝化脱氮的微生物学机制。建议采用以下技术路径：(1) 通过宏基因组 binning 技术重构关键反硝化微生物的完整基因组，解析其代谢潜力与环境适应策略，突破传统扩增子测序仅能获取分类信息的局限；(2) 结合宏转录组学分析功能基因的真实表达活性，区分“存在”与“功能表达”的差异；(3) 运用定量 PCR 与微滴式数字 PCR 对 *nirS*、*nirK*、*nosZ* 等核心功能基因进行绝对定量，建立功能基因丰度与反硝化速率的定量关系模型。通过上述手段系统分析近自然修复湿地中反硝化功能微生物的群落结构、优势菌群及核心功能基因，揭示反硝化脱氮的内在微生物学机制。

第三，定量分析驱动反硝化脱氮的关键因素及贡献率。建议引入以下前沿统计方法：(1) 结构方程模型(SEM) - 量化非生物因素与生物因素对反硝化速率的直接与间接效应，区分各因子的独立贡献与交互效应；(2) 随机森林算法 - 在众多环境因子中识别影响反硝化功能基因丰度与多样性的关键预测变量；(3) 微生物共现网络分析 - 揭示反硝化菌群内部的种间互作关系及其对环境扰动的响应规律。通过上述方法筛选影响近自然修复湿地反硝化脱氮的关键非生物因素与生物因素，量化各因素对脱氮速率的贡献率，明确不同修复时长、不同水文期湿地反硝化脱氮的主导驱动因素。

第四，开展不同区域近自然修复湿地的专项研究。结合东南丘陵区、长江中下游平原区等不同地域的地形、气候、流域特征，开展近自然修复湿地反硝化脱氮的专项研究，揭示不同区域湿地脱氮的独特规律，构建适用于不同区域的近自然修复湿地脱氮效能调控体系，提升研究成果的实际应用价值。

此外，未来还可结合流域水文模型与机器学习算法，构建近自然修复湿地反硝化脱氮模型，预测不同水文条件、修复措施下湿地的脱氮效能，为近自然修复湿地的科学构建、长效运营及流域氮污染防控提供精准的技术支撑。

基金项目

滁州学院大学生创新创业训练计划资助项目 - 近自然修复湿地反硝化脱氮微生物学机制研究(项目编号：S202510377101)。

参考文献

- [1] Martínez-Espinosa, C., Sauvage, S., Al Bitar, A., Green, P.A., Vörösmarty, C.J. and Sánchez-Pérez, J.M. (2021) Denitrification in Wetlands: A Review towards a Quantification at Global Scale. *Science of the Total Environment*, **754**, Article 142398. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.142398>
- [2] Hansen, A.T., Dolph, C.L., Foufoula-Georgiou, E. and Finlay, J.C. (2018) Contribution of Wetlands to Nitrate Removal at the Watershed Scale. *Nature Geoscience*, **11**, 127-132. <https://doi.org/10.1038/s41561-017-0056-6>
- [3] Damashek, J. and Francis, C.A. (2017) Microbial Nitrogen Cycling in Estuaries: From Genes to Ecosystem Processes. *Estuaries and Coasts*, **41**, 626-660. <https://doi.org/10.1007/s12237-017-0306-2>
- [4] Jani, J. and Toor, G.S. (2018) Composition, Sources, and Bioavailability of Nitrogen in a Longitudinal Gradient from Freshwater to Estuarine Waters. *Water Research*, **137**, 344-354. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2018.02.042>
- [5] Wang, Q., Han, Y., Lan, S. and Hu, C. (2021) Metagenomic Insight into Patterns and Mechanism of Nitrogen Cycle during Biocrust Succession. *Frontiers in Microbiology*, **12**, Article ID: 633428. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.633428>
- [6] Thamdrup, B. (2012) New Pathways and Processes in the Global Nitrogen Cycle. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, **43**, 407-428. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-102710-145048>
- [7] Upreti, K., Rivera-Monroy, V.H., Maiti, K., Giblin, A.E. and Castañeda-Moya, E. (2022) Dissimilatory Nitrate

- Reduction to Ammonium (DNRA) Is Marginal Relative to Denitrification in Emerging-Eroding Wetlands in a Subtropical Oligohaline and Eutrophic Coastal Delta. *Science of the Total Environment*, **819**, Article 152942. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.152942>
- [8] Wang, J., Kan, J., Qian, G., Chen, J., Xia, Z., Zhang, X., *et al.* (2019) Denitrification and Anammox: Understanding Nitrogen Loss from Yangtze Estuary to the East China Sea (ECS). *Environmental Pollution*, **252**, 1659-1670. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2019.06.025>
 - [9] Sgouridis, F., Heppell, C.M., Wharton, G., Lansdown, K. and Trimmer, M. (2011) Denitrification and Dissimilatory Nitrate Reduction to Ammonium (DNRA) in a Temperate Re-Connected Floodplain. *Water Research*, **45**, 4909-4922. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2011.06.037>
 - [10] Czuba, J.A., Hansen, A.T., Foufoula-Georgiou, E. and Finlay, J.C. (2018) Contextualizing Wetlands within a River Network to Assess Nitrate Removal and Inform Watershed Management. *Water Resources Research*, **54**, 1312-1337. <https://doi.org/10.1002/2017wr021859>
 - [11] Hu, W., Zhang, W., Zhang, L., Lin, X., Tong, C., Lai, D.Y.F., *et al.* (2019) Short-Term Changes in Simulated Inundation Frequency Differentially Affect Inorganic Nitrogen, Nitrification, and Denitrification in Estuarine Marshes. *Ecological Indicators*, **107**, Article 105571. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2019.105571>
 - [12] Peralta, A.L., Ludmer, S. and Kent, A.D. (2013) Hydrologic History Influences Microbial Community Composition and Nitrogen Cycling under Experimental Drying/Wetting Treatments. *Soil Biology and Biochemistry*, **66**, 29-37. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.06.019>
 - [13] Rütting, T., Boeckx, P., Müller, C. and Klemetsson, L. (2011) Assessment of the Importance of Dissimilatory Nitrate Reduction to Ammonium for the Terrestrial Nitrogen Cycle. *Biogeosciences*, **8**, 1779-1791. <https://doi.org/10.5194/bg-8-1779-2011>
 - [14] Bouskill, N.J., Eveillard, D., Chien, D., Jayakumar, A. and Ward, B.B. (2012) Environmental Factors Determining Ammonia-Oxidizing Organism Distribution and Diversity in Marine Environments. *Environmental Microbiology*, **14**, 714-729. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2011.02623.x>
 - [15] Malique, F., Ke, P., Boettcher, J., Dannenmann, M. and Butterbach-Bahl, K. (2019) Plant and Soil Effects on Denitrification Potential in Agricultural Soils. *Plant and Soil*, **439**, 459-474. <https://doi.org/10.1007/s11104-019-04038-5>
 - [16] Huang, F., Lin, X., Hu, W., Zeng, F., He, L. and Yin, K. (2021) Nitrogen Cycling Processes in Sediments of the Pearl River Estuary: Spatial Variations, Controlling Factors, and Environmental Implications. *CATENA*, **206**, Article 105545. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105545>
 - [17] Larson, J.H., Evans, M.A., Fitzpatrick, F.A., Frost, P.C., Xenopoulos, M.A., James, W.F., *et al.* (2021) Benthic and Planktonic Inorganic Nutrient Processing Rates at the Interface between a River and Lake. *Biogeochemistry*, **155**, 189-203. <https://doi.org/10.1007/s10533-021-00821-8>
 - [18] Marko, K.M., Rutherford, E.S., Eadie, B.J., Johengen, T.H. and Lansing, M.B. (2013) Delivery of Nutrients and Seston from the Muskegon River Watershed to Near Shore Lake Michigan. *Journal of Great Lakes Research*, **39**, 672-681. <https://doi.org/10.1016/j.jglr.2013.08.002>
 - [19] You, A., Hua, L., Hu, J., Tian, J., Ding, T., Cheng, N. and Hu, L. (2023) Patterns of Reactive Nitrogen Removal at the Waters in the Semi-Constructed Wetland. *Journal of Environmental Management*, **344**, Article 118733.
 - [20] Wei, C., Su, F., Yue, H., Song, F. and Li, H. (2023) Spatial Distribution Characteristics of Denitrification Functional Genes and the Environmental Drivers in Liaohe Estuary Wetland. *Environmental Science and Pollution Research*, **31**, 1064-1078. <https://doi.org/10.1007/s11356-023-30938-2>
 - [21] Li, N., Li, J., Nie, M., Wu, M. and Wu, J. (2023) Effects of Grazing Prohibition on *nirK*- and *nirS*-Type Denitrifier Communities in Salt Marshes. *Frontiers in Microbiology*, **14**, Article ID: 1233352. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1233352>
 - [22] Cao, Q., Wang, H., Chen, X., Wang, R. and Liu, J. (2017) Composition and Distribution of Microbial Communities in Natural River Wetlands and Corresponding Constructed Wetlands. *Ecological Engineering*, **98**, 40-48. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2016.10.063>
 - [23] Duncan, C.P. and Groffman, P.M. (1994) Comparing Microbial Parameters in Natural and Constructed Wetlands. *Journal of Environmental Quality*, **23**, 298-305. <https://doi.org/10.2134/jeq1994.00472425002300020012x>
 - [24] Ye, F., Duan, L., Sun, Y., Yang, F., Liu, R., Gao, F., *et al.* (2023) Nitrogen Removal in Freshwater Sediments of Riparian Zone: N-Loss Pathways and Environmental Controls. *Frontiers in Microbiology*, **14**, Article ID: 1239055. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1239055>
 - [25] Boyd Cohen, D. and Kent, A. (2016) Tracking Temporal Patterns in Denitrification and Microbial Community Composition Following Wetland Restoration in Illinois. *Ecological Applications*, **26**, 1234-1245.
 - [26] Huang, L., Zhang, G., Bai, J., Xia, Z., Wang, W., Jia, J., Wang, X., Liu, X. and Cui, B. (2021) Desalinization via Freshwater Restoration Highly Improved Microbial Diversity, Co-Occurrence Patterns and Functions in Coastal Wetland

Soils. *Science of the Total Environment*, **765**, Article 142769.

- [27] Zhang, C., Zheng, X., Qiu, X., Muhammad, T., Wei, M., Guo, K., *et al.* (2025) Herbaceous Plants Reshape Rhizosphere Microbial Communities and Enhance Nitrogen Removal Efficiency in Riparian Buffer Zones: A Quantitative Study from Simulated Experiments. *Rhizosphere*, **34**, Article ID: 101114. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2025.101114>
- [28] Sun, H., Zhou, Y. and Jiang, C. (2024) Regulating Denitrification in Constructed Wetlands: The Synergistic Role of Radial Oxygen Loss and Root Exudates. *Water*, **16**, Article No. 3706. <https://doi.org/10.3390/w16243706>
- [29] Li, N., Zhou, J., Zhang, C., Tang, Y., Wu, M., Shao, X., *et al.* (2026) Hydrological Restoration Reshapes Nitrogen Cycling in Alpine Wetlands: Contrasting Denitrification and Anammox Responses to Rewetting. *Ecological Engineering*, **223**, Article ID: 107845. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2025.107845>