

内蒙古吉布胡郎图盐湖沉积物中白云石的沉积特征和细菌群落组成

张玮祎^{1,2}, 李杨^{1,2}, 金生平^{1,2}, 于广泉^{1,2}, 刘邓², 王红梅^{1,2}, 邱轩^{1*}

1 中国地质大学(武汉), 地质微生物与环境全国重点实验室, 湖北 武汉

2 中国地质大学(武汉) 环境学院, 湖北 武汉

张玮祎, 李杨, 金生平, 于广泉, 刘邓, 王红梅, 邱轩. 内蒙古吉布胡郎图盐湖沉积物中白云石的沉积特征和细菌群落组成[J]. 微生物学报, 2026, 66(6): 2958-2973.

ZHANG Weiyi, LI Yang, JIN Shengping, YU Guangquan, LIU Deng, WANG Hongmei, QIU Xuan. Sedimentary characteristics of dolomite and bacterial community composition in the sediments of Jibuhulangtu Salt Lake, Inner Mongolia[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(6): 2958-2973.

摘要: 【目的】探究内蒙古吉布胡郎图盐湖沉积物中白云石的沉积特征、细菌群落组成, 以及二者与环境因子之间的关系。【方法】以吉布胡郎图盐湖沉积物为研究对象, 运用 16S rRNA 基因高通量测序、X 射线衍射及 Rietveld 精修、扫描电镜-能谱联用、离子色谱等方法对远岸端至近岸端共 4 个沉积剖面的不同层位样品进行细菌群落、矿物特征和沉积物理化参数分析。【结果】去除可溶性盐分后, 沉积物中白云石含量高达 48.75%–75.28%。白云石矿物颗粒整体呈纳米级球状形貌, 且随采样深度增加其形貌特征由规则球状逐渐变为球状聚合物。沉积物中白云石的 Mg/Ca 摩尔比值(0.87–1.46)接近标准白云石的化学计量比(Mg/Ca=1.00)。细菌群落中门水平相对丰度位居前 5 位的分别为放线菌门(*Actinomycetota*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、出芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)、绿屈挠菌门(*Chloroflexota*)和酸杆菌门(*Acidobacteriota*), 能够进行硫酸盐还原代谢的脱硫杆菌门(*Desulfobacterota*)也具有较高丰度(4.23%)。多样性分析表明, 不同采样点的细菌群落 α 多样性存在显著差异($P < 0.05$)。其中, J4 采样点物种丰富度最高但均匀度最低。冗余分析表明, SO_4^{2-} 、 Mg^{2+} 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Cl^- 以及 F^- 的浓度是显著影响细菌群落结构的环境因子。【结论】吉布胡郎图盐湖沉积物中存在大量白云石, 其形成可能主要得益于盐湖极高的硫酸盐离子浓度和高 Mg/Ca 比值, 以及硫酸盐还原菌等核心类群的代谢作用。

关键词: 白云石; 细菌群落; 相关性分析; 矿物形貌; 理化因子; 盐湖

资助项目: 国家自然科学基金(42330201, 42072336)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (42330201, 42072336).

*Corresponding author. E-mail: qixuancug@126.com

Received: 2026-01-25; Accepted: 2026-04-08; Published online: 2026-04-29

Sedimentary characteristics of dolomite and bacterial community composition in the sediments of Jibuhulangtu Salt Lake, Inner Mongolia

ZHANG Weiyi^{1,2}, LI Yang^{1,2}, JIN Shengping^{1,2}, YU Guangquan^{1,2}, LIU Deng², WANG Hongmei^{1,2}, QIU Xuan^{1*}

1 State Key Laboratory of Geomicrobiology and Environmental Changes, China University of Geosciences (Wuhan), Wuhan, Hubei, China

2 School of Environmental Studies, China University of Geosciences (Wuhan), Wuhan, Hubei, China

Abstract: [Objective] To investigate the sedimentary characteristics of dolomite, the bacterial community structure, and their relationships with environmental factors in the sediments of Jibuhulangtu Salt Lake, Inner Mongolia. [Methods] Sediments were collected from four sites along an offshore-to-nearshore transect in Jibuhulangtu Salt Lake. Bacterial community composition, mineralogical characteristics, and physicochemical parameters of sediments were analyzed by 16S rRNA gene sequencing, X-ray diffraction with Rietveld refinement, and scanning electron microscopy with energy-dispersive spectroscopy, and ion chromatography. [Results] After removal of soluble salts, the dolomite content in the sediments ranged from 48.75% to 75.28%. The dolomite particles primarily exhibited a nano-spherical shape and transformed from regular spheres to spherical aggregates with the increase in depth. The Mg/Ca molar ratios of the dolomite ranged from 0.87 to 1.46, approaching the stoichiometric value (1.00) of ideal dolomite. At the phylum level, the five most abundant bacterial groups were *Actinomycetota*, *Pseudomonadota*, *Gemmatimonadota*, *Chloroflexota*, and *Acidobacteriota*. The sulfate-reducing phylum *Desulfobacterota* was also abundant (4.23%). Alpha diversity analysis revealed significant differences in bacterial community diversity among sampling sites ($P < 0.05$), with site J4 exhibiting the highest species richness but the lowest evenness. Redundancy analysis indicated that the concentrations of SO_4^{2-} , Mg^{2+} , K^+ , Ca^{2+} , Cl^- , and F^- were the key environmental factors significantly shaping the bacterial community structure. [Conclusion] Dolomite is abundant in the sediments of Jibuhulangtu Salt Lake. Its formation is likely attributable to the extremely high sulfate concentrations and high Mg/Ca ratio of the lake water, as well as the metabolic activities of key functional groups such as sulfate-reducing bacteria.

Keywords: dolomite; bacterial community; correlation analysis; mineral morphology; physicochemical factor; salt lake

白云石是沉积岩中常见的碳酸盐矿物，其化学式为 $\text{CaMg}(\text{CO}_3)_2$ ，是白云岩的造岩矿物^[1]。在各地质历史时期，白云石分布均较为广泛，但其丰度波动较大^[2-3]。尽管现代海水对白云石

矿物呈过饱和状态^[4-5]，但白云石沉积却极为少见。白云石的成因机理以及环境控制因素已困扰学界超过 2 个世纪，被称为“白云石之谜”^[6-8]。大量矿化实验表明白云石沉淀反应是一个受动

力学控制过程^[9-10], 该过程的难点主要包括以下 3 个方面: (1) Mg^{2+} 的脱水合过程难以实现^[11-14]; (2) 低浓度的 CO_3^{2-} 限制矿物生长^[15-17]; (3) SO_4^{2-} 对白云石结晶的抑制作用^[18]。

近年来, 室内培养实验已证实硫酸盐还原菌^[19]、嗜盐菌^[20]、产甲烷古菌^[21-22]、厌氧发酵菌^[23]等多种微生物纯菌株^[24-25]能够在地表温压条件下介导白云石沉淀, 从而建立了微生物白云石成因模式。然而, 在自然环境中微生物通常以复杂群落的形式存在^[26-27], 其对于白云石沉积的影响尚不明确。对现代白云石沉积环境的调查发现, 微生物与白云石沉积密切相关, 例如美国加利福尼亚 Springs 盐湖^[28]和我国青海湖^[29]中的白云石常与微生物伴生, 并形成薄的结壳^[3,30]; 在卡塔尔高盐萨布哈(盐沼)环境中也观察到微生物席(尤其是以蓝细菌为主的微生物席)与白云石的结晶度、形态等特征有关, 其中白云石多呈哑铃形。在盐湖沉积物这类典型环境中, 细菌群落通常是微生物群落的主体, 其数量庞大、多样性高、代谢能力强, 但它们与白云石的分布之间是否存在关联、具体如何关联等问题目前尚无定论。此外, 对盐湖沉积环境中白云石的相对含量和空间分布规律的认识也相对薄弱, 这些均制约了人们对现代白云石成因机制以及分布规律的深入理解。

基于现代白云石研究中的上述薄弱环节, 本研究系统采集了内蒙古吉布胡郎图盐湖由远岸端到近岸端 4 处沉积剖面各 3 层的沉积物样品, 通过分析矿物相、微观形貌、矿物相对含量变化以及沉积物中细菌群落的分布与组成, 探究盐湖中白云石分布规律、细菌群落组成以及二者与环境因子之间的关系, 为理解现生白云石成因机制提供研究实例。

1 材料与方法

1.1 采样点概况

本研究区域位于内蒙古东北部新巴尔虎

左旗的吉布胡郎图盐湖(图 1A)。该盐湖距新巴尔虎左旗县城北部约 72 km (48°53.214'N, 118°05.653'E, 海拔 545 m), 处于亚洲夏季风影响区域的北缘, 受西风强烈影响。年均蒸发量(1 700 mm)远高于年均降水量(260 mm), 强烈的蒸发浓缩作用、季节性降水以及地下水补给共同调控着湖水水量, 使湖泊在非冰冻期保持一定水量。丰水期, 该湖水域面积为 3.6 km², 水深为 0.3–0.8 m; 枯水期, 积水区面积和水深显著减少^[31]。根据历史监测数据, 2019 年 8 月湖水盐度为 52.6 g/L, pH 值为 9.0, 属于典型的盐碱湖^[32]。

1.2 样品采样

采样工作于 2023 年 8 月开展。在野外使用水质分析仪(Hach Lange 公司)直接测量表层湖水的 pH 值、溶解氧(dissolved oxygen, DO)和盐度。从远岸(采样时有上覆水)向近岸(采样时无上覆水)方向, 依次间隔约 10 m 设置 4 个采样点, 编号为 J1(最远岸端)、J2、J3、J4(最近岸端)。其中, J1 处有约 5 cm 上覆湖水, 而 J2、J3、J4 地表无上覆水(图 1B)。在每个采样点, 使用无菌铲挖掘深度约为 35 cm 的剖面(图 1C), 按 0–5 cm(表层, 编号 A1)、11–15 cm(中层, 编号 A2)、26–30 cm(深层, 编号 A3) 3 个层位采集沉积物。每个层位分别采集 3 份平行样品, 共获得 36 份沉积物样品, 每份约 200 g。所有样品在后续的矿物学分析、地球化学测定及微生物测序中均作为独立样本进行处理与分析。样品采集后立即用干冰冷冻, 返回实验室后保存于–80 °C超低温冰箱中。

1.3 阴阳离子及溶解态有机碳测定

沉积物样品冷冻干燥后取 1.00 g, 加入 30 mL 去离子水, 220 r/min 振荡 24 h, 随后将悬混液以 8 000 r/min 离心 10 min, 获得的上清液经 0.22 μm 水系滤膜过滤后, 用超纯水稀释至各仪器测试允许的浓度范围。处理后的样品, 使用电感耦合等离子体发射光谱仪(ThermoFisher

Scientific 公司)测定可溶态阳离子(Na^+ 、 K^+ 、 Mg^{2+} 、 Ca^{2+})浓度;使用离子色谱(Dionex 公司)测定阴离子浓度(F^- 、 Cl^- 、 SO_4^{2-});使用总有机碳分析仪(Elementar 公司)测定溶解态有机碳(dissolved organic carbon, DOC)。所有指标均进行 2 次平行测试,以确保结果准确性。

1.4 DNA 提取以及 16S rRNA 基因高通量测序

取冷冻干燥后的盐湖沉积物样品 0.5 g,使用 Power Soil DNA 提取试剂盒(深圳市安必胜科技有限公司)提取总 DNA,使用微量核酸蛋白检测仪检测 DNA 浓度和质量,以确保提取的 DNA 浓度大于 $10 \text{ ng}/\mu\text{L}$,且 OD_{260}/OD_{280} 值介于 1.8–2.0 之间。之后将提取的 DNA 送至上海派森诺生物科技股份有限公司进行细菌 16S rRNA 基因 V3–V4 区扩增子双端测序,测序平台为 Illumina PE250,引物为 338F (5'-ACTCCTACG GGAGGCAGCA-3')和 806R (5'-GGACTACHVG GGTWTCTAAT-3')。

1.5 测序数据和统计分析

扩增子测序得到的原始数据经 Trimmomatic v0.33 去除低质量碱基和接头,然后通过 Cutadapt v1.17 识别并切除引物序列。处理后的双端序列导入 QIIME 2 平台,利用 DADA2 插件对双端序列进行质量控制、去噪、拼接,并移除嵌合体序列,从而获得单核苷酸精度的扩增子变异代表序列(representative amplicon sequence variant, ASV)。随后,使用 feature-classifier 插件,以 SILVA 138.1 16S rRNA 基因数据库为参考,采用朴素贝叶斯分类器对 ASV 代表序列进行物种分类学注释,置信度阈值设定为 0.7。基于注释后的 ASV 表对数据进行抽平处理后,使用 QIIME 2 计算每个样品的 α 多样性指数与 β 多样性距离矩阵(Bray-Curtis)。利用 Canoco 5.0 软件进行冗余分析以探究细菌群落结构与环境因子的关系。样品 α 多样性差异的显著性检验采用单因素方差分析(analysis of variance, ANOVA),冗余分析的显著性检验方法为蒙特卡

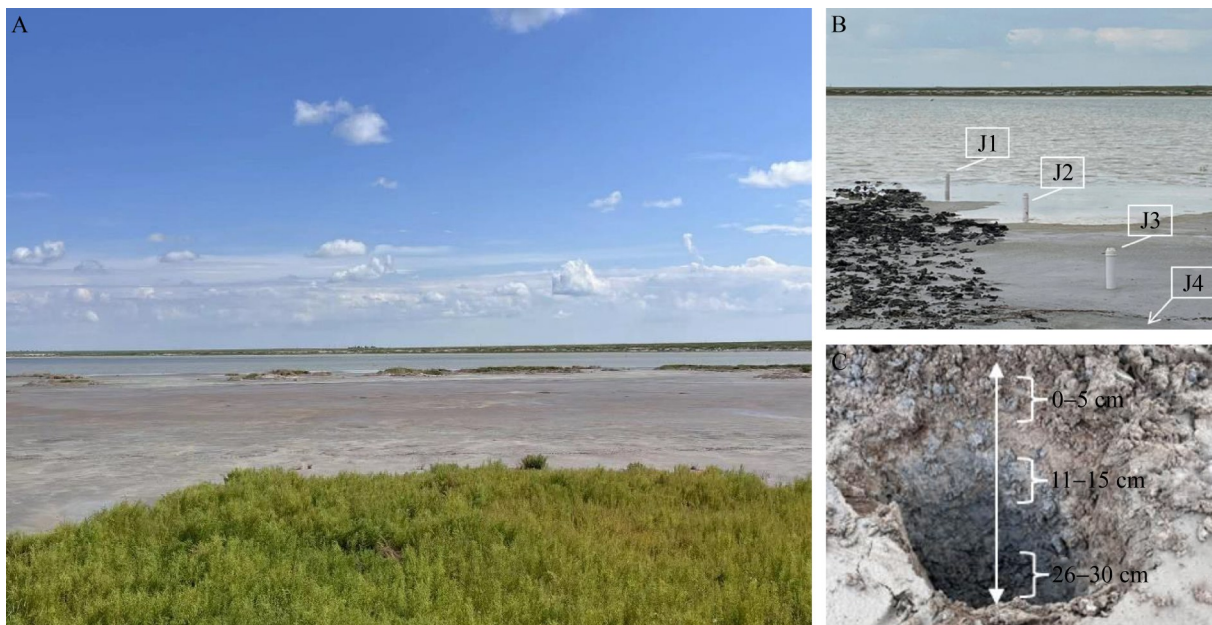


图1 研究区吉布胡郎图盐湖地理位置与采样示意图

Figure 1 Location and sampling sites of Jibuhulangtu Salt Lake. A: Actual view of the Salt Lake; B: Distribution of sampling points; C: Sediment profile.

洛置换检验, 显著性水平均设定为 $P < 0.05$ 。使用星号表示显著性水平: *代表 $P < 0.05$, **代表 $P < 0.01$ 。

1.6 沉积物矿物形貌及元素组成分析

使用去离子水清洗沉积物样品 3 次以除去可溶性盐类, 经冷冻干燥后, 用无水乙醇将干燥后的样品重悬, 并涂抹在导电胶上, 待其完全干燥后, 将其固定在铜制样品台上并喷涂铂金。之后使用扫描电镜(Hitachi 公司)和能量色散 X 射线光谱仪(energy dispersive spectrometer, EDS)(Oxford 公司), 在 15 kV 加速电压下进行高分辨率二次电子成像和元素分析。

1.7 沉积物矿物相定性和定量分析

将沉积物样品用去离子水洗涤 3 次后, 4 000 r/min 离心 5 min 获得沉淀物, 冷冻干燥, 研磨并过 200 目筛。使用 X 射线衍射仪(Cu-K α 辐射, Bruker 公司)进行沉积物的物相鉴定。样品扫描速度为 2 ($^{\circ}$)/min, 2θ 范围 5° – 90° 。使用 Jade 软件(MDI 公司)对所得 XRD 数据进行矿物组成分析, 使用 Fullprof 软件按仪器参数、峰形参数和结构参数的顺序对矿物相各参数进行精修, 达到最佳拟合度($R_{wp} \leq 15\%$), 并获得各矿物相的相对定量数据。

2 结果与分析

2.1 环境化学参数特征

采样期间, 表层湖水温度为 25.1°C , pH 为 9.17, 电导率为 48.43 mS/cm , 盐度为 34.0 g/L 。沉积物中主要可溶态阳离子 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 、 K^{+} 的平均浓度分别为 726.63 、 $3\ 956.20$ 、 291.73 mg/L , Mg/Ca 摩尔比值约为 6.00; 主要阴离子 F^{-} 和 SO_4^{2-} 的平均浓度依次为 52.37 mg/L 、 $36\ 136.80\text{ mg/L}$; 沉积物中溶解性有机碳(DOC)的平均浓度为 0.27 mg/L (图 2)。在 4 个采样剖面中, 表层(0–5 cm)沉积物的孔隙水 Mg/Ca 摩尔比值最高(平均比值为 6.36), 且最接近湖水的 Mg/Ca 摩尔比值; 而在深层(26–30 cm)该值则有

所降低(平均比值为 3.20)。 K^{+} 浓度从远岸端(J1) 向近岸端(J4)呈现先升高后降低的趋势, 在 J4 点降至最低(J1–J4 点平均浓度依次为 241.32 、 345.53 、 245.70 、 150.36 mg/L), F^{-} 浓度则在 J4 点达到最高(J4 平均浓度为 62.37 mg/L)。DOC 浓度在 4 个采样点之间无显著差异, 但表层(A1) 沉积物中 DOC 的平均浓度(0.33 mg/L)略高于其他 2 个深度(A2、A3 平均浓度分别为 0.25 mg/L 和 0.22 mg/L)。

2.2 沉积物的矿物组成

沉积物总体为灰黑色粉砂-泥沙(图 1C)。远岸端(J1)由于上覆浅层湖水, 整体质地偏软, J2、J3、J4 采样点整体质地偏干。各采样点在 0–10 cm 深处沉积物均为灰黑色, 10–35 cm 逐渐变为灰褐色, 并伴随臭鸡蛋气味。XRD 结果表明, 吉布胡郎图沉积物中的主要矿物为石英和白云石, 还有少量的钠长石和岩盐(图 3A–3C)。此外, 谱图中识别到微量单水钙芒硝 [$\text{Na}_2\text{Ca}(\text{SO}_4)_2 \cdot \text{H}_2\text{O}$]、含钙碳酸盐(如高镁方解石)及石膏 [$\text{CaSO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$] 等成分, 但因其含量低且结晶度差未形成明显衍射峰。所有样品的 XRD 图谱中白云石(104)主峰均位于 $2\theta = 30.994^{\circ}$ 左右, 表明其 Mg/Ca 摩尔比值接近 1:1; 但均未观察到代表白云石阳离子有序排布的(101)、(015)和(021)等超结构衍射峰(图 3A–3C), 表明这些白云石均为“无序白云石”。

基于 XRD-Rietveld 精修获得的白云石相对含量在不同采样点和深度呈现差异(图 3D)。远岸端 J1 点白云石的相对含量在中层(A2)最低(57.31%), 而 J2 和 J4 点则在中层达到最高(分别为 69.38% 和 61.32%)。近岸端 J4 点的白云石的相对含量随深度增加而升高, 在深层(A3)高达 75.28%。从空间分布看, 表层(A1)白云石的相对含量从远岸端(J1)向近岸端(J4)逐渐减少(J1–J4 点的表层白云石含量分别为 68.51%、63.58%、59.61%、48.75%), 而深层(A3)则呈现相反趋势(J1–J4 点的深层白云石的相对含量分别为 66.80%、69.28%、59.13%、75.28%)。

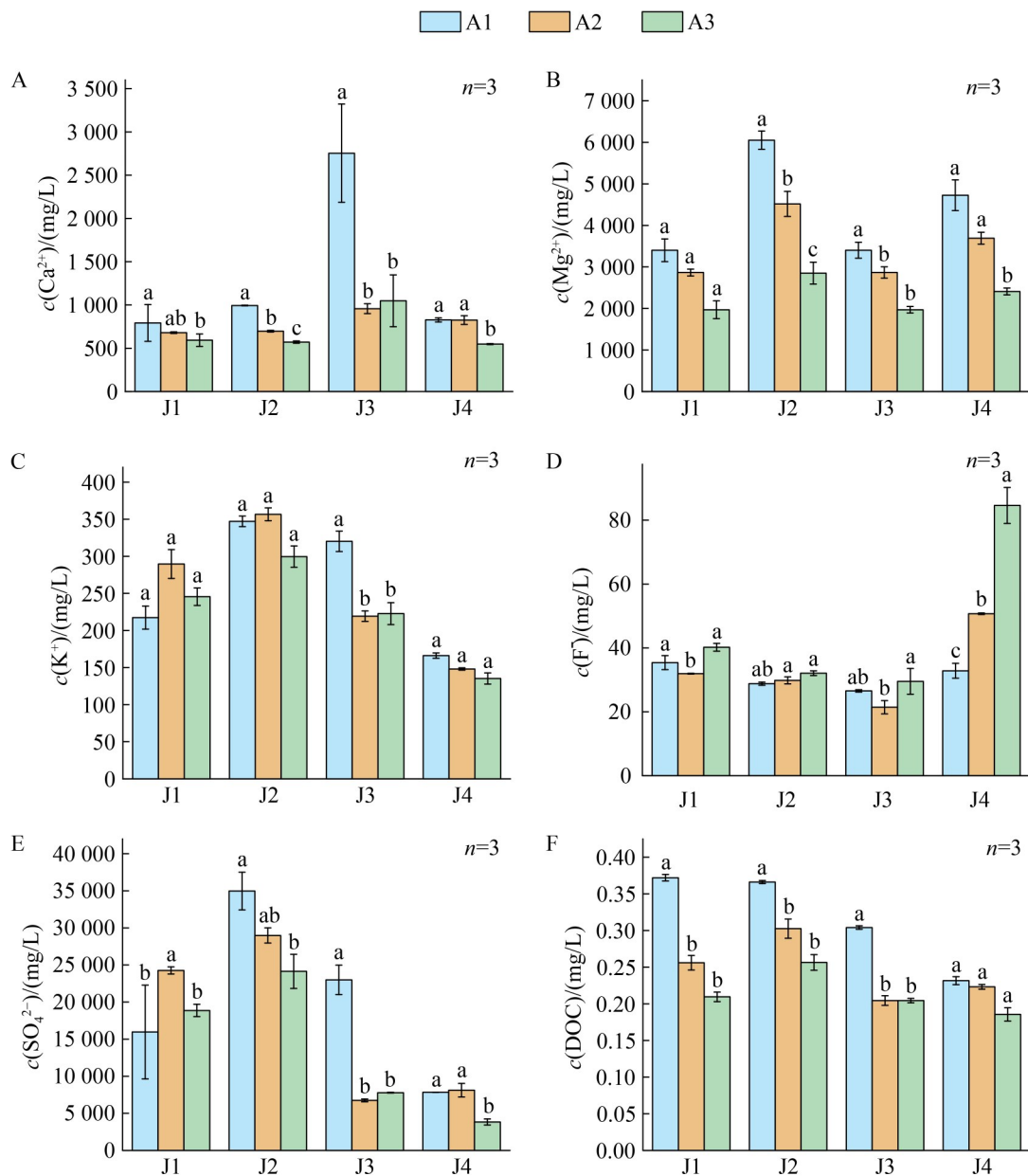


图2 内蒙古吉布胡郎图盐湖不同采样点沉积物的理化参数

Figure 2 Physicochemical parameters of sediments from different sampling points in Jibuhulangtu Salt Lake, Inner Mongolia. A: Soluble Ca^{2+} concentration; B: Soluble Mg^{2+} concentration; C: Soluble K^+ concentration; D: Soluble F^- concentration; E: Soluble SO_4^{2-} concentration; F: Dissolved organic carbon (DOC) concentration. J1–J4: Sampling sites; A1–A3: Correspond to depths of 0–5, 11–15, and 26–30 cm, respectively; $n=3$ means the sample size is 3, and the source of error is standard deviation; The significance of pairwise differences among samples (A1, A2, A3) is indicated by lowercase letters (a, b, c, ab) above the bars. Different letters above the bars indicate the differences between the two samples are significant ($P<0.05$). A bar labeled ab means not significantly different from bar labeled a or b, but significantly different from bar labeled with c. The same below.

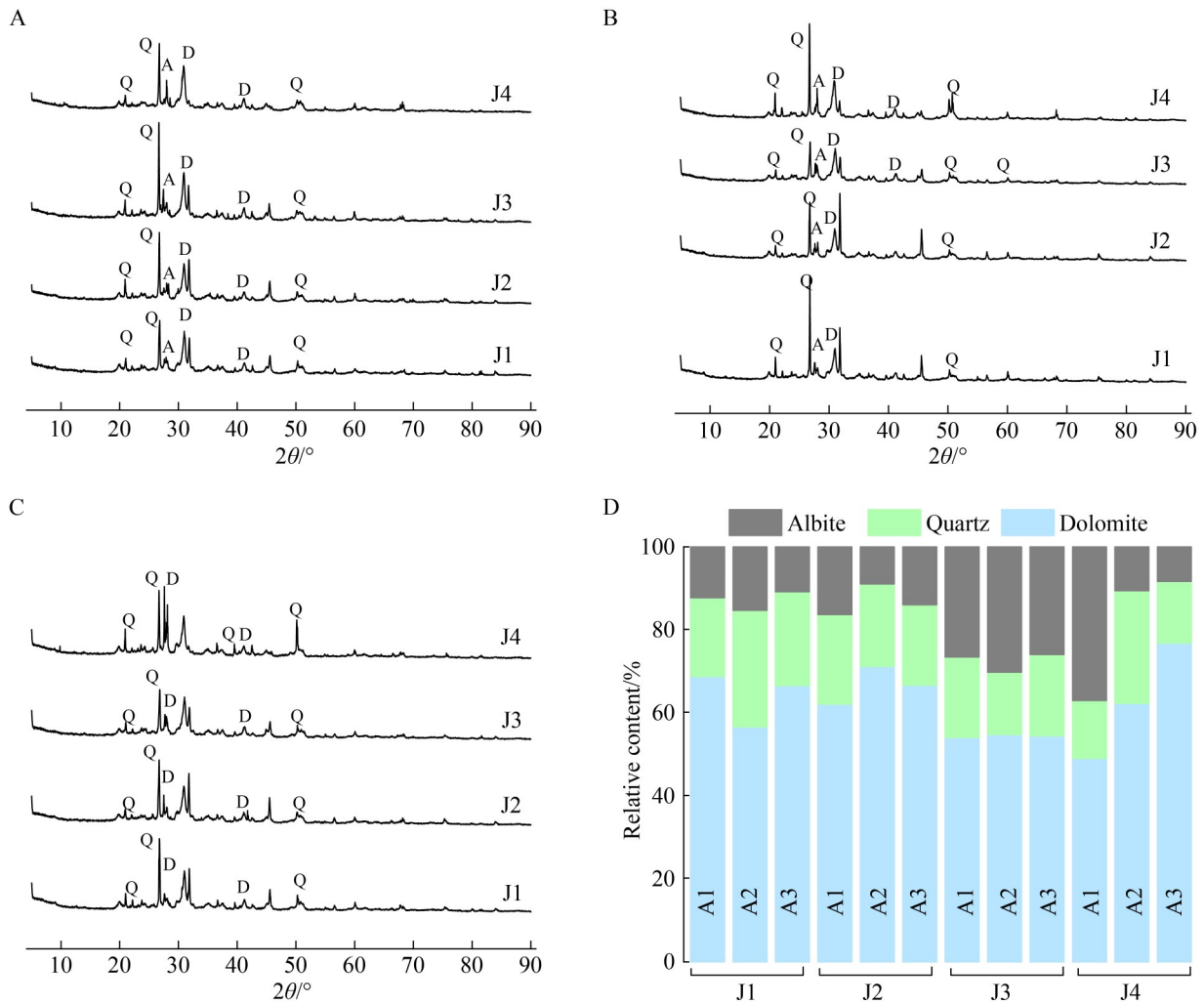


图3 吉布胡郎图盐湖沉积物不溶性矿物XRD图谱及矿物的相对含量

Figure 3 Insoluble mineral XRD patterns and relative contents in Jibuhulangtu Salt Lake sediments. A: 0–5 cm; B: 11–15 cm; C: 26–30 cm; D: Relative content of insoluble minerals at different depths in sediment cores J1 to J4. The capital letters of D, Q and A on the peaks of the XRD spectra represent mineral phases of dolomite [CaMg(CO₃)₂], quartz (SiO₂) and albite (NaAlSi₃O₈), respectively.

扫描电镜观察显示,白云石矿物多以纳米球形态存在。在表层沉积物中形貌规则完整(图 4A–4C、4E、4I),随着沉积物深度的增加逐渐演变为较大的层叠状聚合物(图 4D、4F–4H、4J–4L)。矿物表面 EDS 能谱结果显示 J1–J4 点表层(A1)白云石颗粒的 Mg/Ca 摩尔比值依次为 1.19、1.12、1.29、1.08;中层(A2)依次为 1.16、1.24、1.46、1.02;深层(A3)依次为 1.03、0.98、

0.87、0.96,呈现出随沉积柱深度的增加而逐渐趋近于白云石物理想镁钙化学计量比(1.00)的趋势(图 4)。

2.3 沉积物细菌群落特征

吉布胡郎图盐湖沉积柱中细菌群落分析结果表明,在门水平上,相对丰度位居前 5 位为放线菌门 (*Actinomycetota*, 28.07%)、假单胞菌门 (*Pseudomonadota*, 27.12%)、出芽单

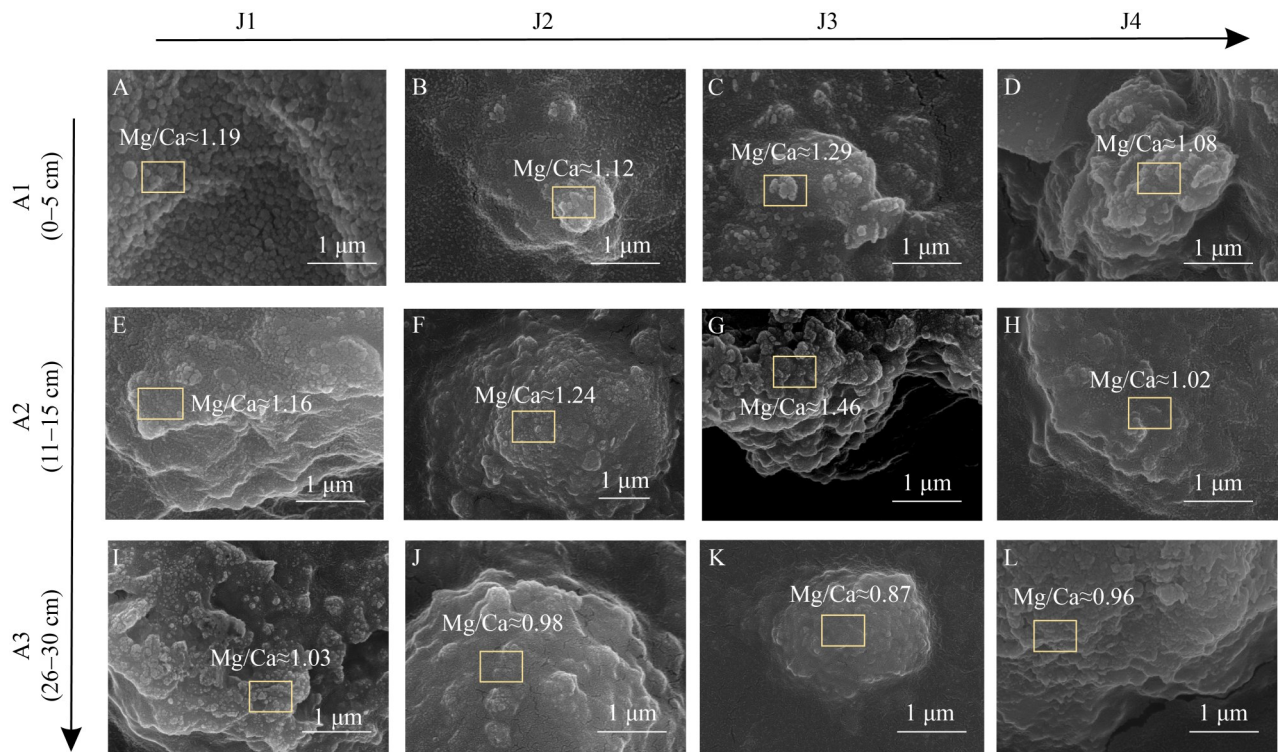


图4 吉布胡郎图沉积物中矿物的SEM形貌特征与元素组成图

Figure 4 Morphology and elemental composition of the sedimentary mineral in Jibuhulangtu Lake.

胞菌门 (*Gemmatimonadota*, 11.02%)、绿屈挠菌门 (*Chloroflexota*, 7.05%) 和酸杆菌门 (*Acidobacteriota*, 6.64%) (图 5A)。另外, 脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*) 也具有较高丰度 (4.23%)。在属水平上, 前 5 位的菌群为酸栖热菌属 (*Acidothermus*, 7.42%)、BD2-11_terrestrial_group (6.63%, 属于出芽单胞菌门, 未培养)、PAUC43f_benthic_group (2.86%, 属于浮霉状菌门, 未培养)、希瓦氏菌属 (*Shewanella*, 2.74%) 和 SBR1031 (2.71%, 归属绿屈挠菌门, 未培养) (图 5B)。

α 多样性分析表明 (图 6A–6D), 各采样点细菌群落多样性存在显著差异 ($P < 0.05$), 其中, J4 点位的物种丰富度指数 (Observed species 指数: 1 696.76、Chao1 指数: 1 792.24) 在所有点位中最高, 但其物种均匀度 (Simpson 指数: 0.93) 最低, 表明该点位群落由少数优势类群主导。相比之下, 长期被湖水覆盖的 J1、J2、J3 点位整

体丰富度较低 (Chao1 指数依次为 515.74、417.32、359.38), 但均匀度较高 (Simpson 指数依次为 0.94、0.99、0.98)。多样性在垂向上的变化呈现出 2 种类型。在长期暴露、蒸发强烈的 J4 点位, 其细菌群落的整体丰富度随深度增加而降低 (Chao1 指数由表层 2 036.67 降至深层 1 411.85), 但优势度的集中在垂向上保持稳定 (Simpson 指数由表层至深层依次为 0.97、0.98、0.98)。与此相反, 在较为湿润的 J1、J2、J3 点位, 群落的优势度随深度增加而逐渐增强 (Simpson 指数依次为 0.94、0.98、0.98), 即物种分布越来越不均匀。此外, 所有点位的表层 (A1) 均显示出相对较高的群落丰富度。

2.4 沉积物中细菌群落和环境因子之间的关系

为揭示环境因子对细菌群落结构的驱动作用, 本研究对门水平的相对丰度前 20 位的菌群

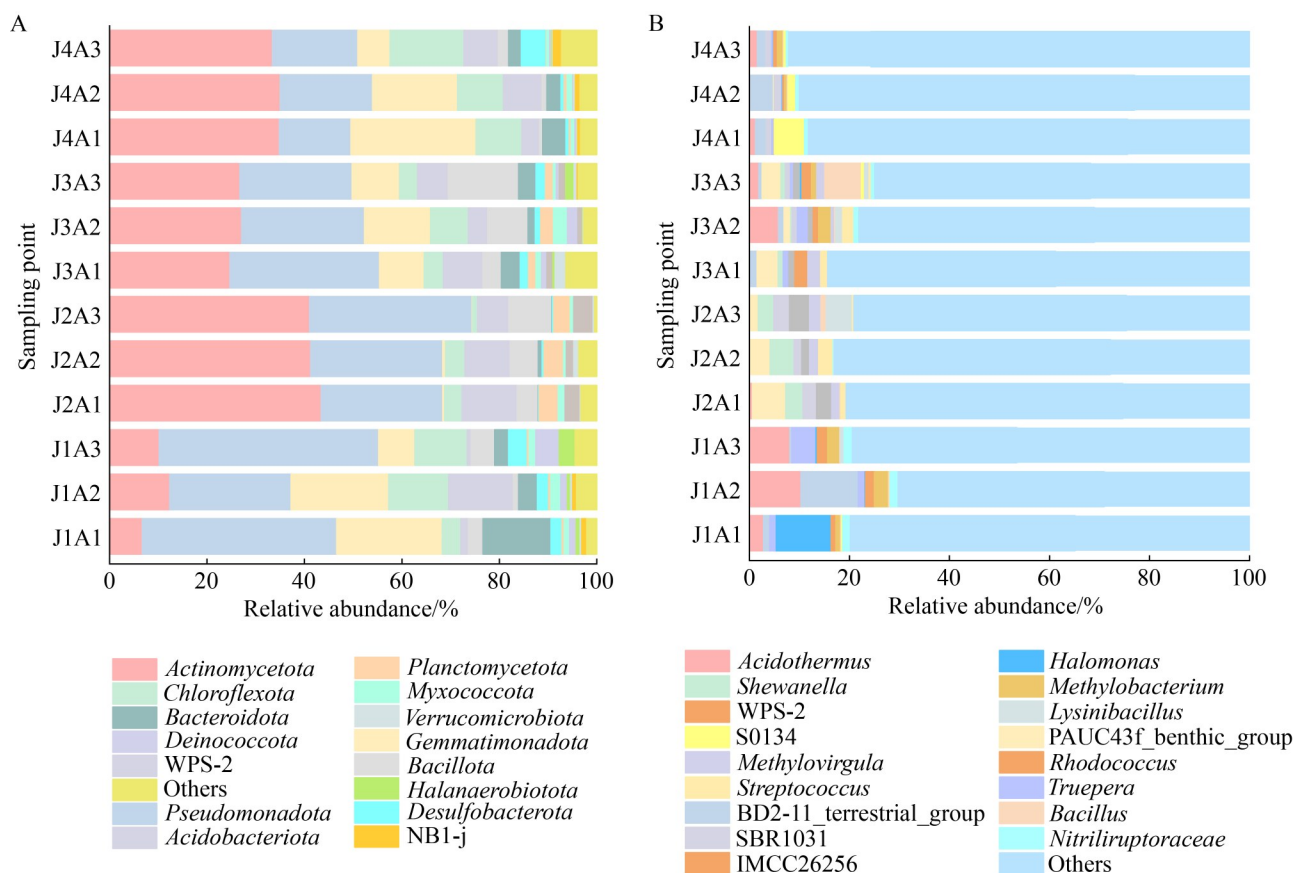


图5 沉积物细菌群落在门水平(A)和属水平(B)组成

Figure 5 Compositions of bacterial communities in sediments at the phylum level (A) and at the genus level (B).

与沉积物理化因子进行了冗余分析(图 7)。RDA 排序轴的第一轴和第二轴分别解释了群落变异度的 26.31% 和 14.79%，累计解释率为 41.10%。基于蒙特卡洛置换检验(999 次置换)的显著性筛选结果表明， SO_4^{2-} ($P=0.002$)、 Mg^{2+} ($P=0.008$)、 K^+ ($P=0.015$)、 Ca^{2+} ($P=0.023$)、 Cl^- ($P=0.031$)、 F^- ($P=0.042$)是显著影响细菌群落结构的环境因子($P<0.05$)。从菌群与环境因子的响应关系来看，假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、嗜盐厌氧菌门(*Halanaerobium*)、奇异球菌门(*Deinococcota*)、拟杆菌门(*Bacteroidota*)、浮霉状菌门(*Planctomycetota*)和芽孢杆菌门(*Bacillota*)的相对丰度与 SO_4^{2-} 、 Mg^{2+} 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Cl^- 浓度呈显著正相关，而与 F^- 浓度呈显著负相关。上述研究表明，盐湖沉积物中细菌群落的分布与离子浓

度梯度密切相关， SO_4^{2-} 和 Mg^{2+} 是该沉积环境微生物群落结构的关键环境驱动因子。

3 讨论

3.1 细菌群落特征及其在白云石形成中的潜在作用

细菌群落组成及其与环境因子的 RDA 分析表明， SO_4^{2-} 、 Mg^{2+} 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Cl^- 以及 F^- 浓度与细菌群落显著相关。其中 SO_4^{2-} 和 Mg^{2+} 作为关键环境变量，与多个菌门的分布具有显著相关性。特别值得注意的是， SO_4^{2-} 与假单胞菌门(*Pseudomonadota*, 27.12%)、浮霉状菌门(*Planctomycetota*, 1.61%) 和脱硫杆菌门(*Desulfobacterota*, 4.23%) 等多个菌门具有显著相

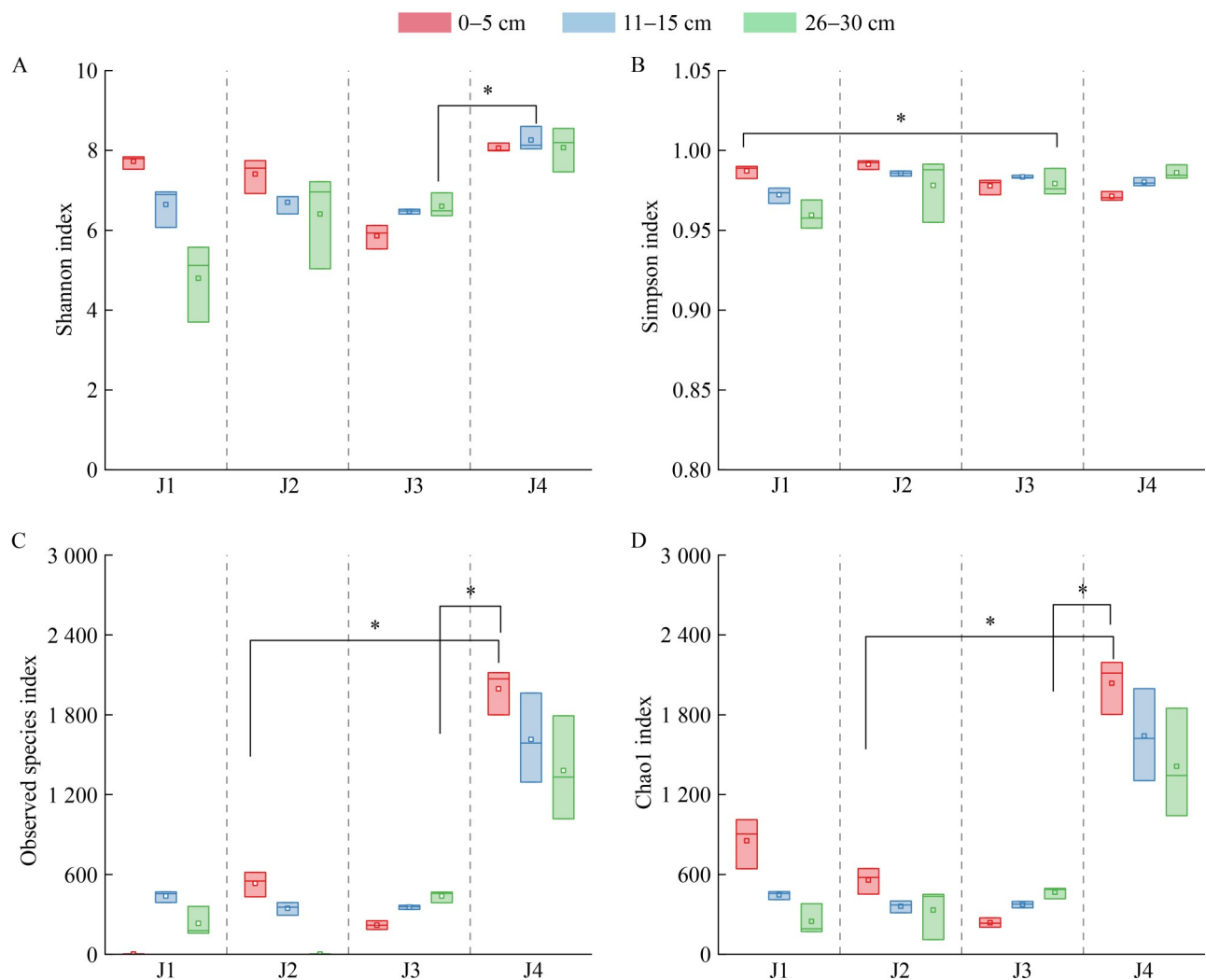


图6 沉积物细菌群落 α 多样性

Figure 6 Alpha diversity of sediment microbial communities. A: Shannon index; B: Simpson index; C: Observed species index; D: Chao1 index. * indicates $P < 0.05$. The sample size is $n=3$, and the source of error is standard deviation (SD).

关性。研究已证实, 这些菌门中包含多种硫酸盐还原菌(SRB)^[33-34]。例如, 假单胞菌门中的脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)、脱硫杆状菌属(*Desulfobacter*), 以及脱硫杆菌门下的脱硫弓菌属(*Desulfarculus*)、脱硫球菌属(*Desulfococcus*)、脱硫丝菌属(*Desulfonema*)等典型 SRB 类群^[35-36](部分数据库将后三者仍归入假单胞菌门的 δ -变形菌纲)。文献报道, 脱硫弓菌属(*Desulfarculus*)的模式种巴氏脱硫弓菌(*Desulfarculus baarsii*)也

是脱硫弓菌科(*Desulfarculaceae*)的代表菌株, 广泛分布于淡水及海洋沉积物环境中, 其基因组中包含完整的异化型硫酸盐还原基因(*sat*、*aprAB*、*dsrAB*)^[37]。脱硫杆菌门也是海洋沉积物中的活跃菌群, 已有研究证实其具有硫酸盐还原酶基因(*dsrAB*), 且具有硫酸盐还原活性^[33,38-39]。上述多种 SRB 类群的存在及其与硫酸盐的显著关联为探讨硫酸盐还原菌在白云石形成过程中的潜在作用提供了重要的细菌群落基础。

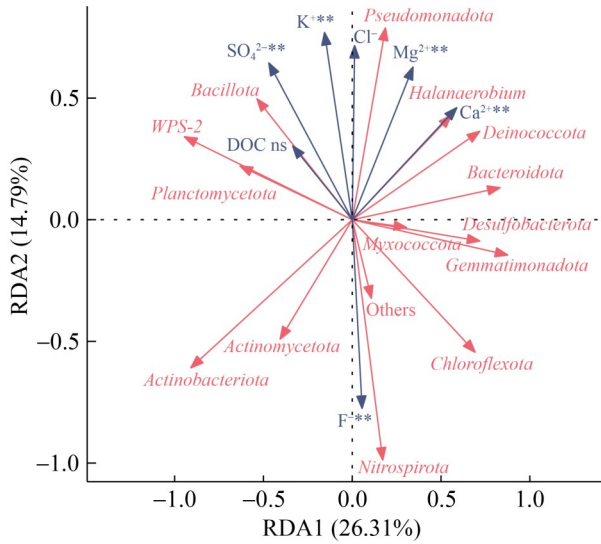


图7 沉积物细菌群落中相对丰度前20位的细菌门与环境因子RDA分析

Figure 7 RDA analysis of the top 20 bacterial phyla and environmental factors in sediments. **: $P < 0.01$; ns: No significant difference.

吉布胡郎图盐湖沉积物呈现灰黑色并伴有硫化氢的“臭鸡蛋”气味，这2项特征指示硫酸盐还原菌(SRB)的活跃代谢^[40]，为理解该环境中微生物主导的硫循环与白云石形成机制提供了关键线索。本研究结果显示，湖水和沉积物中硫酸根浓度分别高达 20 562.78 mg/L 和 36 136.86 mg/L (约为现代海水的 10–15 倍)，为 SRB 的代谢活动提供了丰富的电子受体，可能是驱动白云石沉淀的核心因素。结合本研究结果以及前人研究，其潜在作用机制可归纳为以下 2 个方面。(1) 创造碱性微环境：SRB 在还原硫酸盐(SO_4^{2-})的过程中会消耗水体中的质子(H^+)，其代谢过程可导致局部 pH 值升高至 9.5 左右，这种碱性的微环境一方面促进碳酸盐矿物沉淀，另一方面还能促使溶解性硫化氢(H_2S)更多地解离为 HS^- 等离子形态，从而减轻其毒性^[41–42]。(2) 促进白云石成核：SRB 及其伴生的微生物群落所产生的 EPS 能有效吸附和络合溶液中的 Mg^{2+} 与 Ca^{2+} ^[43–44]。这种作用不仅局部富集了白云石的关键成矿离子，而且 EPS 提供的

有机模板可能降低了白云石成核的能量屏障，从而直接促进白云石晶核的形成与稳定^[45]。综上所述，在吉布胡郎图盐湖这一以硫酸盐型^[46]为主导的水化学环境中，SRB 及其耦合的微生物群落可能主要通过消耗氢离子形成碱性微环境，以及通过 EPS 介导的离子吸附与络合作用，促进原生白云石的形成。

此外，J1 和 J4 点也检出少量蓝细菌门(Cyanobacteriota，门水平相对丰度 0.61%)和盐单胞菌属(*Halomonas*，属水平相对丰度 0.99%)微生物。尽管这些微生物并非优势类群，但其在白云石形成过程中仍可能发挥协同作用。文献报道，蓝细菌的光合作用可提升局部 pH 值，为碳酸盐过饱和沉淀创造碱性条件^[47]；同时，嗜盐菌分泌的 EPS 携带大量负电荷，能够有效络合 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 并充当白云石成核的有机基质。研究指出，非硫酸盐还原菌(如嗜盐古菌)同样可在实验室条件下诱导白云石沉淀，其机制同样依赖于 EPS 上羧基官能团对 Mg^{2+} 的去水合催化作用^[24]。进一步研究表明，不同细菌群落(包括结合态 EPS、溶解态 EPS 乃至细菌细胞本身)均具备诱导无序白云石沉淀的能力，其核心在于官能团密度而非代谢活性^[48–49]。因此，在吉布胡郎图盐湖沉积环境中，蓝细菌和嗜盐菌可能通过以下方式参与白云石形成：(1) 光合作用提升微环境 pH，促进碳酸盐过饱和；(2) 为白云石成核提供有机模板；(3) 分泌 EPS 富集成矿离子并催化 Mg^{2+} 去水合。这些作用在早期成岩阶段与 SRB 的主导机制相互补充，共同维持了沉积物中白云石的持续沉淀^[50]。

3.2 白云石的空间分布规律

吉布胡郎图盐湖沉积物中白云石的半定量结果显示，除 J4 点位外，原生白云石丰度在垂向上未呈现显著的规律性变化。这一现象由多种因素共同导致，核心在于研究区域维持了一个相对稳定且持续活跃的白云石形成环境。

本研究采样点集中于湖心-湖岸过渡带，该区域在宏观上受湖水蒸发浓缩和地下水补给的

共同控制, 沉积环境(如盐度、离子组成)在空间和垂向上可能保持相对均一。类似地, 对柴达木盆地巴仑马海盐湖的研究也表明, 其沉积水体处于相对均一的非海相半咸水环境与弱氧化-弱还原条件, 且物质来源与风化条件保持长期稳定^[50]。这种大尺度的环境稳定性为白云石的持续形成提供了背景条件。更为关键的是, 硫酸盐还原菌(SRB)参与的微生物矿化作用可能作为一个强大的“引擎”, 持续作用于沉积物(详见 3.1 节)。尽管从表层(未闻到 H₂S 气味)到深层(有明显 H₂S 气味)的宏观氧化还原电位存在变化, 但这恰恰指示了 SRB 活跃的代谢微域主要分布在沉积物中下部。这个由微生物活动营造的、pH 值升高的局部碱性还原环境能够持续促进白云石成核, 可能抵消了因埋藏加深带来的某些物理化学条件的梯度变化, 从而导致矿物组成的垂向均一化^[51-52]。此外, XRD-Rietveld 精修虽然能较为准确量化矿物相, 但无法区分生物成因与无机成因白云石在纳米尺度晶体结构上的差异, 这可能使得微生物活动的特异性贡献被掩盖在宏观的定量数据中^[53]。白云石含量在 48.75%–75.28% 之间波动(最高值约为最低值的 1.5 倍), 在 Rietveld 精修方法的典型误差范围(通常为 5%)内, 这一波动更可能反映了沉积微环境的自然涨落, 而非系统性、趋势性的垂向变化。

在长期暴露、含水量低的 J4 点位, 本研究观察到白云石丰度随深度增加而升高的趋势。这一现象暗示, 在缺乏湖水持续补给条件下, 蒸发泵效应可能转变为主导性的成矿机制。强烈的蒸发作用使地下毛细水持续向上运移并浓缩, 导致成矿离子(如 Mg²⁺、Ca²⁺、CO₃²⁻)在沉积物孔隙中不断富集。这个过程与典型的淡水湖向盐湖演化过程中蒸发浓缩驱动离子浓度增高、矿物按溶解度由小到大的序列依次沉淀的现象^[54]。持续的蒸发泵作用不仅整体提高了矿化强度, 还可能造成了成矿流体化学性质在垂向上的梯度变化, 从而形成了白云石丰度随深

度增加的模式。除此之外, 在干早期, 强烈的垂向蒸发浓缩占主导; 而在雨季, 短暂的湖水外泛或地表径流带来的侧向物质补给则会影响表层沉积物的组成。这种蒸发干旱与降雨的交替提示了物质输入与沉淀效率在深度上有所差异^[55-56]。

3.3 白云石形貌特征

由研究结果可知, 吉布胡郎图湖水体化学组成受到地下水补给和蒸发浓缩作用的共同影响, 长期维持高盐碱特征, 且具有高 Mg/Ca≈6.00、高 SO₄²⁻含量(>36 000 mg/L)等特征。沉积物中的白云石呈纳米球状(图 4A), 并与石英和钠长石等矿物共存。0–5 cm 层白云石为规则的纳米球状, 表明其快速成核但生长受限^[57]。随着深度的增加, 纳米球状形态转变为聚合体, 在不淹水的 J2、J3 和 J4 采样点这种形态的转变尤为显著(图 4B–4D、4F–4H、4J–4L)。该现象与奥地利名为 Neusiedl 的盐碱性湖泊相似^[58], 因此可能与埋藏环境中物理化学条件的梯度变化有关。Neusiedl 湖泊白云石可能经历了低镁方解石溶解、纳米白云石形成、纳米白云石长大等过程。随着沉积深度的增加, 矿物结构由球状转变为聚集体, 层叠状生长, 这种转变现象可能有以下三点原因。(1) 地球化学条件的转变: 表层沉积物中孔隙水离子活度的快速变化(如干湿交替、温度波动)驱动了白云石以亚稳态纳米球状体大量成核。随着埋藏加深, 环境趋于稳定, 这些高表面能的纳米颗粒通过奥斯特瓦尔德熟化(即小颗粒溶解、大颗粒生长)和定向附着机制聚集生长, 最终转变为更稳定的聚合体^[59]。(2) 微生物代谢作用的转变(详见 3.1 节): 在浅层, 活跃的硫酸盐还原菌等活动通过代谢提升局部 pH, 并以其胞外聚合物(EPS)作为有机模板, 主导了白云石的成核, 形成分散的纳米球状结构。随着深度增加, 虽然微生物活性降低, 但其遗留的有机质模板仍主导着后续矿物的形貌转变与聚集过程, 促使颗粒结合成聚合体^[60]。(3) 蒸发泵效应主导深层成矿^[61]: 在干旱气候

下, 强烈的蒸发作用如同一个“泵”, 使沉积物孔隙水中的 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 和 CO_3^{2-} 等成矿离子发生浓缩, 从而显著提升剩余孔隙流体的 Mg/Ca 值。

综上所述, 本研究表明吉布胡郎图盐湖白云石的形成是环境与微生物共同作用的结果。吉布胡郎图盐湖的水化学组成(高盐、高碱、高 SO_4^{2-} 等)、周期性干涸及早期成岩作用等因素为白云石持续沉淀提供了基本的水化学条件, 而以硫酸盐还原菌为优势群落的细菌则通过还原硫酸盐、产生 H_2S , 或者产生 EPS 等方式促进原生白云石的形成。

4 结论与展望

4.1 结论与创新点

本研究综合运用 XRD-Rietveld 精修、SEM-EDS 及 16S rRNA 基因高通量测序等技术, 对内蒙古吉布胡郎图盐湖沉积物中白云石的分布特征、矿物形貌演变及细菌群落结构开展了系统分析。研究表明, 沉积物中白云石含量为 48.75%–75.28%, 整体上呈纳米球状形貌, 其 Mg/Ca 值(0.87–1.46)接近理想化学计量比。放线菌门、假单胞菌门、出芽单胞菌门、绿屈挠菌门和酸杆菌门为优势菌门, 硫酸盐还原菌在白云石富集层位具有较高相对丰度。冗余分析表明, SO_4^{2-} 、 Mg^{2+} 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Cl^- 、 F^- 是显著影响细菌群落结构的环境因子。

本研究的主要创新与贡献: (1) 将 Rietveld 定量矿物分析与扩增子测序应用于同一盐湖沉积物样品, 实现了白云石含量、形貌特征与细菌群落结构的协同分析; (2) 基于环境因子与细菌群落的关联分析及矿物学证据为硫酸盐还原菌参与现代白云石形成提供了原位间接证据, 拓展了“细菌引擎”这一说法的适用范围——即使在传统理论认为抑制白云石沉淀的高硫酸盐环境中, 硫酸盐还原菌仍可能作为核心功能类群驱动白云石沉淀。

4.2 研究局限性及未来展望

虽然本研究揭示了吉布胡郎图盐湖沉积物中白云石分布与细菌群落的关联, 但仍存在若干不足。首先, 关于 SRB 驱动白云石沉淀的推论主要基于群落丰度与环境因子的相关性分析, 尚未通过宏基因组学或 qPCR 对 SRB 关键功能(如 *dsrAB*、*aprA*)进行功能分析和定量, 未能直接验证其代谢活性与白云石形成的因果关系。其次, 本研究虽测定了沉积物孔隙水的主要阴阳离子, 但缺乏沉积剖面 pH、氧化还原电位、碱度等关键成矿环境参数; 另外, 单一时间的采样也难以捕捉干湿交替、温度波动等水文过程对微生物群落及成矿作用的动态影响。未来相关研究需要整合宏基因组、功能基因定量、宏转录组及稳定性同位素示踪等技术直接评估 SRB 功能基因丰度与表达活性, 同时开展长期野外理化监测以系统揭示微生物驱动白云石形成的过程与机制。

作者贡献声明

张玮祎: 实验方案撰写、实地采集样品、样品前处理、理化参数测定、分子生物学实验、生物信息学分析、矿物学分析、数据处理、文章撰写及修改; 李杨: 协助完成实地采集样品、样品前处理及理化参数测定, 并参与文章修改; 金生平: 协助完成分子生物学实验及生物信息学分析; 于广泉: 协助完成实地样品采集、生物信息学分析、矿物学分析(XRD 及 SEM); 刘邓: 前期实验设计指导, 文章成稿后对矿物学分析方面理论指导; 王红梅: 提供实验资源与平台支持, 参与多轮文章修改和定稿指导; 邱轩: 实验方案撰写、实验设计指导, 实地样品采集指导、实验过程监督及指导, 参与文章撰写及多轮修改, 提供实验资源、资金以及平台支持。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] Cai WK, Liu JH, Zhou CH, Keeling J, Glasmacher UA. Structure, genesis and resources efficiency of dolomite: new insights and remaining enigmas[J]. *Chemical Geology*, 2021, 573: 120191.
- [2] Hardie LA. Dolomitization; a critical view of some current views[J]. *Journal of Sedimentary Research*, 1987, 57(1): 166-183.
- [3] Petrash DA, Bialik OM, Bontognali TRR, Vasconcelos C, Roberts JA, McKenzie JA, Konhauser KO. Microbially catalyzed dolomite formation: from near-surface to burial[J]. *Earth-Science Reviews*, 2017, 171: 558-582.
- [4] Pina CM, Pimentel C, Crespo Á. The dolomite problem: a matter of time[J]. *ACS Earth and Space Chemistry*, 2022, 6(6): 1468-1471.
- [5] Zheng WL, Liu D, Yang SS, Fan QG, Papineau D, Wang HM, Qiu X, Chang B, She ZB. Transformation of protodolomite to dolomite proceeds under dry-heating conditions[J]. *Earth and Planetary Science Letters*, 2021, 576: 117249.
- [6] 李茜, 胡安平, 沈安江, 张建勇, 乔占峰, 段军茂. 白云岩的成因、储集空间及实验技术研究新进展[J]. *石油与天然气地质*, 2024, 45(5): 1456-1482.
- Li X, Hu AP, Shen AJ, Zhang JY, Qiao ZF, Duan JM. Recent advances in the study of the origin and reservoir space of Dolomites and emerging experimental techniques[J]. *Oil & Gas Geology*, 2024, 45(5): 1456-1482 (in Chinese).
- [7] Kim J, Kimura Y, Puchala B, Yamazaki T, Becker U, Sun WH. Dissolution enables dolomite crystal growth near ambient conditions[J]. *Science*, 2023, 382(6673): 915-920.
- [8] Han ZZ, Li J, Zhao YY, Chen QY, Gao X, Hu KM, Guo N, Wei XY, Meng RR, Zhu CL, Tucker ME, Han C. Dissolved Mn^{2+} promotes microbially-catalyzed protodolomite precipitation in brackish oxidized water[J]. *Chemical Geology*, 2024, 650: 121986.
- [9] Warren J. Dolomite: occurrence, evolution and economically important associations[J]. *Earth-Science Reviews*, 2000, 52(1/2/3): 1-81.
- [10] Kaczmarek SE, Thornton BP. The effect of temperature on stoichiometry, cation ordering, and reaction rate in high-temperature dolomitization experiments[J]. *Chemical Geology*, 2017, 468: 32-41.
- [11] Xu J, Yan C, Zhang FF, Konishi H, Xu HF, Teng HH. Testing the cation-hydration effect on the crystallization of Ca-Mg-CO₃ systems[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, 110(44): 17750-17755.
- [12] 张亦凡. 类白云石结构碳酸盐的低温合成及微结构研究[D]. 合肥: 中国科学技术大学, 2020.
- Zhang YF. Study on the low-temperature syntheses and microstructure of dolomite-analogous carbonates[D]. Hefei: University of Science and Technology of China, 2020 (in Chinese).
- [13] Astilleros JM, Fernández-Díaz L, Putnis A. The role of magnesium in the growth of calcite: an AFM study[J]. *Chemical Geology*, 2010, 271(1/2): 52-58.
- [14] 赵东方, 谭秀成, 罗冰, 王小芳, 乔占峰, 罗思聪. 微生物诱导白云石沉淀研究进展及面临的挑战[J]. *沉积学报*, 2022, 40(2): 335-349.
- Zhao DF, Tan XC, Luo B, Wang XF, Qiao ZF, Luo SC. A review of microbial dolomite: advances and challenges[J]. *Acta Sedimentologica Sinica*, 2022, 40(2): 335-349 (in Chinese).
- [15] Gregg JM, Bish DL, Kaczmarek SE, Machel HG. Mineralogy, nucleation and growth of dolomite in the laboratory and sedimentary environment: a review[J]. *Sedimentology*, 2015, 62(6): 1749-1769.
- [16] 由雪莲, 孙枢, 朱井泉, 刘玲, 何凯. 微生物白云岩模式研究进展[J]. *地学前缘*, 2011, 18(4): 52-64.
- You XL, Sun S, Zhu JQ, Liu L, He K. Progress in the study of microbial dolomite model[J]. *Earth Science Frontiers*, 2011, 18(4): 52-64 (in Chinese).
- [17] Machel HG, Mountjoy EW. Chemistry and environments of dolomitization: a reappraisal[J]. *Earth-Science Reviews*, 1986, 23(3): 175-222.
- [18] Zhang FF, Xu HF, Konishi H, Kemp JM, Roden EE, Shen ZZ. Dissolved sulfide-catalyzed precipitation of disordered dolomite: implications for the formation mechanism of sedimentary dolomite[J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2012, 97: 148-165.
- [19] Braissant O, Decho AW, Dupraz C, Glunk C, Przekop KM, Visscher PT. Exopolymeric substances of sulfate-reducing bacteria: interactions with calcium at alkaline pH and implication for formation of carbonate minerals[J]. *Geobiology*, 2007, 5(4): 401-411.
- [20] Qiu X, Yao YC, Wang HM, Shen AJ, Zhang J. Halophilic Archaea mediate the formation of proto-dolomite in solutions with various sulfate concentrations and salinities[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 480.
- [21] Roberts JA, Bennett PC, González LA, MacPherson GL, Milliken KL. Microbial precipitation of dolomite in methanogenic groundwater[J]. *Geology*, 2004, 32(4): 277.
- [22] Kenward PA, Goldstein RH, González LA, Roberts JA. Precipitation of low-temperature dolomite from an anaerobic microbial consortium: the role of methanogenic Archaea[J]. *Geobiology*, 2009, 7(5): 556-565.
- [23] Zhang F, Xu H, Shelobolina ES, Konishi H, Converse B, Shen Z, Roden EE. The catalytic effect of bound extracellular polymeric substances excreted by anaerobic microorganisms on Ca-Mg carbonate precipitation: implications for the “dolomite problem” [J]. *American Mineralogist*, 2015, 100(2/3): 483-494.
- [24] Sánchez-Román M, Vasconcelos C, Schmid T, Dittrich M, McKenzie JA, Zenobi R, Rivadeneyra MA. Aerobic microbial dolomite at the nanometer scale: implications for the geologic record[J]. *Geology*, 2008, 36(11): 879.
- [25] Deng SC, Dong HL, Lv G, Jiang HC, Yu BS, Bishop ME. Microbial dolomite precipitation using sulfate reducing and halophilic bacteria: results from Qinghai Lake, Xizang Plateau, NW China[J]. *Chemical Geology*, 2010, 278(3/4): 151-159.
- [26] McKenzie JA, Vasconcelos C. Dolomite Mountains and the origin of the dolomite rock of which they mainly

- consist: historical developments and new perspectives[J]. *Sedimentology*, 2009, 56(1): 205-219.
- [27] Wright DT. Benthic microbial communities and dolomite formation in marine and lacustrine environments: a new dolomite model[M]//Glenn CR, Prévô-Lucas L, Lucas J. *Marine Authigenesis: from Global to Microbial*. SEPM Society for Sedimentary Geology, 2000, 66: 7-20.
- [28] Meister P, Reyes C, Beaumont W, Rincon M, Collins L, Berelson W, Stott L, Corsetti F, Nealson KH. Calcium and magnesium-limited dolomite precipitation at Deep Springs Lake, California[J]. *Sedimentology*, 2011, 58(7): 1810-1830.
- [29] 于炳松, 董海良, 蒋宏忱, 李善营, 刘英超. 青海湖底沉积物中球状白云石集合体的发现及其地质意义[J]. *现代地质*, 2007, 21(1): 66-70.
- Yu BS, Dong HL, Jiang HC, Li SY, Liu YC. Discovery of spheric dolomite aggregations in sediments from the bottom of Qinghai Lake and its significance for dolomite problem[J]. *Geoscience*, 2007, 21(1): 66-70 (in Chinese).
- [30] Geske A, Lokier S, Dietzel M, Richter DK, Buhl D, Immenhauser A. Magnesium isotope composition of sabkha porewater and related (Sub-) recent stoichiometric Dolomites, Abu Dhabi (UAE)[J]. *Chemical Geology*, 2015, 393/394: 112-124.
- [31] Zheng MP, Tang JY, Liu JY, Zhang FS. *Chinese Saline Lakes*[C]. Dordrecht, 1993.
- [32] Liu D, Yu N, Papineau D, Fan QG, Wang HM, Qiu X, She ZB, Luo GM. The catalytic role of planktonic aerobic heterotrophic bacteria in protodolomite formation: Results from Lake Jibuhulangu Nuur, Inner Mongolia, China[J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2019, 263: 31-49.
- [33] Zheng RK, Wang C, Sun CM. Deep-sea *in situ* and laboratory multi-omics provide insights into the sulfur assimilation of a deep-sea *Chloroflexota* bacterium[J]. *mBio*, 2024, 15(4): e00004-24.
- [34] Zhao YY, Wei XY, Han ZZ, Han C, Gao X, Meng RR, Wang QY, Tucker ME, Li MH, Sánchez-Román M. Lacustrine-evaporitic microbial dolomite from a Plio-Pleistocene succession recovered by the SG-1 borehole in the Qaidam Basin, NE Xizang Plateau[J]. *Chemical Geology*, 2023, 622: 121376.
- [35] Parks DH, Chuvochina M, Waite DW, Rinke C, Skarshewski A, Chaumeil PA, Hugenholtz P. A standardized bacterial taxonomy based on genome phylogeny substantially revises the tree of life[J]. *Nature Biotechnology*, 2018, 36(10): 996-1004.
- [36] Waite DW, Chuvochina M, Pelikan C, Park DH, Yilmaz P, Wagner M, Loy A, Naganuma T, Nakai R, Whitman WB, Hahn MW, Kuever J, Hugenholtz P. Proposal to reclassify the *Proteobacterial* classes *Deltaproteobacteria* and *Oligoflexia*, and the phylum *Thermodesulfobacteria* into four phyla reflecting major functional capabilities[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2020, 70(11): 5972-6016.
- [37] Sun H, Spring S, Lapidus A, Davenport K, Del Rio TG, Tice H, Nolan M, Copeland A, Cheng JF, Lucas S, Tapia R, Goodwin L, Pitluck S, Ivanova N, Pagani I, Mavromatis K, Ovchinnikova G, Pati A, Chen A, Palaniappan K, et al. Complete genome sequence of *Desulfarculus baarsii* type strain (2st14T)[J]. *Standards in Genomic Sciences*, 2010, 3(3): 276-284.
- [38] Kanter RD, Tyler EJ, Converse JC. A denitrification system for domestic wastewater using sulfur oxidizing bacteria[Z]. Sievers DM. 8th National Symposium on Individual and Small Community Sewage Systems, 1998: 509-519.
- [39] Brioukhanov AL, Kadnikov VV, Rusanov II, Novigatskiy AN, Kanapatskiy TA, Politova NV, Ravin NV, Pimenov NV. Phylogenetic diversity in sulphate-reducing bacterial communities from oxidised and reduced bottom sediments of the Barents Sea[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2022, 115(6): 801-820.
- [40] Chen S, Wang LR, Deng ZX. Twenty years hunting for sulfur in DNA[J]. *Protein & Cell*, 2010, 1(1): 14-21.
- [41] Wang R. Physiological implications of hydrogen sulfide: a whiff exploration that blossomed[J]. *Physiological Reviews*, 2012, 92(2): 791-896.
- [42] Judith CV. Microbial mediation of modern dolomite precipitation and diagenesis under anoxic conditions (*Lagoa vermelha*, Rio de Janeiro, Brazil)[J]. *SEPM Journal of Sedimentary Research*, 1997, 67(3): 378-390.
- [43] 王金艺, 金振奎. 微生物白云岩形成机理、识别标志及存在的问题[J]. *沉积学报*, 2022, 40(2): 350-359.
- Wang JY, Jin ZK. Formation mechanism, identification markers, and questions regarding microbial dolomite[J]. *Acta Sedimentologica Sinica*, 2022, 40(2): 350-359 (in Chinese).
- [44] 范明, 徐良发, 刘伟新, 俞凌杰, 张文涛, 李志明, 腾格尔, 李嵩阳. 碳酸盐岩白云岩化作用实验地质学研究[J]. *石油实验地质*, 2012, 34(6): 635-640.
- Fan M, Xu LF, Liu WX, Yu LJ, Zhang WT, Li ZM, Teng GE, Li SY. Experiment geology research of carbonate dolomitization[J]. *Petroleum Geology & Experiment*, 2012, 34(6): 635-640 (in Chinese).
- [45] 沈国平, 韩睿, 缪增强, 邢江娃, 李永臻, 王嵘, 朱德锐. 青藏高原4类典型水化学特征湖泊的细菌多样性差异及影响因素[J]. *生物多样性*, 2022, 30(4): 85-99.
- Shen GP, Han R, Miao ZQ, Xing JW, Li YZ, Wang R, Zhu DR. Bacterial diversity differences and influence factors of four types of hydrochemical characteristic lakes in the Qinghai-Xizang Plateau[J]. *Biodiversity Science*, 2022, 30(4): 85-99 (in Chinese).
- [46] Lu Y, Chow AT, Liu LJ, Wang YL, Zhang XQ, Huang SB, Zhang YQ. Effects of *Vallisneria natans* on H₂S and S²⁻ releases in black-odorous waterbody under additional nitrate: comprehensive performance and microbial community structure[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 316: 115226.
- [47] Dupraz C, Reid RP, Braissant O, Decho AW, Norman RS, Visscher PT. Processes of carbonate precipitation in modern microbial mats[J]. *Earth-Science Reviews*, 2009, 96(3): 141-162.
- [48] Zhao YY, Wei XY, Gao X, Guo N, Li J, Hu KM, Han C, Wang QY, Han ZZ. A comparison of the proto-dolomite induced by cyanobacteria and halophilic bacteria: implications for dolomite-inducing microbe

- identification[J]. *Journal of Palaeogeography*, 2025, 14(1): 277-290.
- [49] Zhang F, Qin XW, Ma YL, Yang S, Pan T, Chen JZ, Liu CL, Ding CW, Jiang ZW, Zhang D, Li QK, Wang GH, Feng N, Liu RB, Ding ZP, Ren EF. Material source and genesis analysis of lithium-rich claystone in Balun Mahai Salt Lake, Qaidam Basin[J]. *Journal of Geochemical Exploration*, 2026, 281: 107935.
- [50] Han ZZ, Qi PL, Zhao YY, Guo N, Yan HX, Tucker ME, Li D, Wang JJ, Zhao H. High Mg/Ca molar ratios promote protodolomite precipitation induced by the extreme halophilic bacterium *Vibrio harveyi* QPL2[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 821968.
- [51] 庞安冉, 张晓丹, 刘淼, 刘洪艳. 不同pH值条件下硫酸盐还原菌组成及硫酸盐还原机制分析[J]. *微生物学报*, 2024, 64(4): 1081-1094.
Pang AR, Zhang XD, Liu M, Liu HY. Dominant sulfate-reducing bacteria at different pH and mechanism of sulfate reduction[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(4): 1081-1094 (in Chinese).
- [52] Frisia S, Borsato A, Hartland A, Faraji M, Demeny A, Drysdale RN, Marjo CE. Crystallization pathways, fabrics and the capture of climate proxies in speleothems: examples from the tropics[J]. *Quaternary Science Reviews*, 2022, 297: 107833.
- [53] Guo P, Wen HG, Sánchez-Román M. Constraints on dolomite formation in a Late Palaeozoic saline alkaline lake deposit, Junggar Basin, north-west China[J]. *Sedimentology*, 2023, 70(7): 2302-2330.
- [54] 华祖林, 王苑. 水动力作用下河湖沉积物污染物释放研究进展[J]. *河海大学学报(自然科学版)*, 2018, 46(2): 95-105.
Hua ZL, Wang Y. Advance on the release of pollutants in river and lake sediments under hydrodynamic conditions[J]. *Journal of Hohai University (Natural Sciences Edition)*, 2018, 46(2): 95-105 (in Chinese).
- [55] Li ZY, He MY, Li BK, Wen XQ, Zhou JD, Cheng YY, Zhang N, Deng L. Multi-isotopic composition (Li and B isotopes) and hydrochemistry characterization of the Lakko Co Li-rich salt lake in Xizang, China: origin and hydrological processes[J]. *Journal of Hydrology*, 2024, 630: 130714.
- [56] Gomes JPB, Bunevich RB, Tonietto SN, Alves DB, Santos JF, Whitaker FF. Climatic signals in lacustrine deposits of the Upper Yacoraite Formation, Western Argentina: evidence from clay minerals, analcime, dolomite and fibrous calcite[J]. *Sedimentology*, 2020, 67(5): 2282-2309.
- [57] Li GJ, Chen J, Chen Y, Yang JD, Ji JF, Liu LW. Dolomite as a tracer for the source regions of Asian dust[J]. *Journal of Geophysical Research: Atmospheres*, 2007, 112(D17): 2007JD008676.
- [58] Meister P, Frisia S, Dódy I, Pekker P, Molnár Z, Neuhuber S, Gier S, Kovács I, Demény A, Pósfai M. Nanoscale pathway of modern dolomite formation in a shallow, alkaline lake[J]. *Crystal Growth & Design*, 2023, 23(5): 3202-3212.
- [59] 王新月, 杨少鹏, 王海, 赵国忠. 奥斯特瓦尔德熟化机制及其在二元合金中的进展[J]. *现代物理*, 2022, 12(2): 31-37.
Wang XY, Yang SP, Wang H, Zhao GZ. Ostwald ripening mechanism and its development in binary alloys[J]. *Modern Physics*, 2022, 12(2): 31-37 (in Chinese).
- [60] Sasse J, Martinoia E, Northen T. Feed your friends: do plant exudates shape the root microbiome?[J]. *Trends in Plant Science*, 2018, 23(1): 25-41.
- [61] Lin YJ, Knapp WJ, Li WQ, Zheng MP, Ye CY, She JX, Xia ZG, Power IM, Zhao Y, Tipper ET. Magnesium isotope constraints on the Holocene hydromagnesite formation in alkaline Lake Dujiali, central Qinghai-Xizang Plateau[J]. *Journal of Geophysical Research: Earth Surface*, 2023, 128(3): e2022JF006907.