

内蒙古乌梁素海沉积物中厌氧氨氧化菌 群落结构分布特征*

王铭琪¹, 谢洪亮¹, 吴铁铮¹, 王永满¹, 赵佳林¹, 李俊依¹, 吕航¹, 武琳慧^{1,2}

(1. 内蒙古大学生态与环境学院, 呼和浩特 010021; 2. 内蒙古污染控制与低碳资源化研究
重点实验室, 呼和浩特 010021)

摘要:淡水湖泊沉积物中脱氮过程传统上主要关注反硝化、好氧氨氧化等途径, 而近年来研究发现厌氧氨氧化过程是湖泊氮素移除的重要途径。为进一步揭示湖泊沉积物中厌氧氨氧化菌群落的分布特征及其环境驱动机制, 以寒旱区典型湖泊乌梁素海为研究对象, 探究沉积物中厌氧氨氧化菌群落的生态分布特征。选取研究区不同功能区污染程度差异显著的7个采样点的沉积物样品, 对其理化指标进行测定, 采用巢式PCR方法扩增厌氧氨氧化菌16S rRNA基因片段, 并构建克隆文库。结果表明乌梁素海沉积物中厌氧氨氧化菌主要由三个属组成: 与不可纯培养的厌氧氨氧化菌同源性很高的Cluster I(占61.39%)、*Jettenia*属(占15.83%)以及*Brocadia*属(占22.78%)。空间分布上呈明显空间异质性, 湖区总排干入水口的优势属为Cluster I及*Brocadia*属, 湖区中部的优势属为Cluster I, 湖区退水口优势属为Cluster I、*Jettenia*属和*Brocadia*属。相关性分析进一步揭示出乌梁素海沉积物中TOC和NO₂⁻-N浓度是影响厌氧氨氧化菌群落分布的主要驱动因子。本文揭示了厌氧氨氧化菌在乌梁素海沉积物中的广泛分布, 明确了其群落组成及丰富度, 为湖泊氮污染治理及生态修复提供了理论支撑。

关键词: 乌梁素海; 沉积物; 厌氧氨氧化菌; 环境因子; 群落结构; 多样性

中图分类号: X172; Q938.8 **文献标志码:** A

探析湖泊中氮素的迁移转化过程以及水生生态系统中微生物对氮的代谢机制, 对减缓湖泊水体富营养化, 恢复其生态功能具有重要意义。湖泊氮循环的关键生物地球化学途径主要涉及: 固氮作用、亚硝化作用、硝化作用、反硝化作用、异化硝酸盐还原成氨以及厌氧氨氧化作用^[1-2]。尽管反硝化和厌氧氨氧化过程被认为是湖泊脱氮过程中的主要途径, 但反硝化过程会产生温室气体N₂O从而加剧全球气候变暖。厌氧氨氧化反应于1995年在废水处理厂首次被发现^[1], 在厌氧/缺氧的环境中厌氧氨氧化菌以NH₄⁺作为电子供体将NO₂⁻还原为N₂^[2]。自Mulder等^[1]首次发现厌氧氨氧化过程以来, 研究者在诸如河流沉积物^[3]、海洋生态系统^[4]、湿地生态系统^[5-6]等许多自然生境中都发现了厌氧氨氧化菌的存在, 为我们了解自然界的生物氮循环过程提供了广泛的依据。

随着工业化、城镇化进程的加快, 以及河套灌区农田退水的汇入, 大量的泥沙、养分汇入乌梁素海, 导致营养盐含量不断增加^[7]。沉积物是氮磷等营养盐在湖泊中蓄积的重要场所, 其中的氮磷元素极易被再次释放, 成为内源氮污染的主要来源, 因此在研究湖泊氮循环过程中应得到足够重视。目前针对乌梁素海水体富营养化的研究多集中在水质检测评估^[8-9]、营养盐的迁移转化^[10]以及水生

* 收稿日期: 2025-03-21; 修回日期: 2025-07-17

基金项目: 内蒙古自然科学基金项目(2024MS03027); 国家自然科学基金项目(42067037)

作者简介: 王铭琪(2000—), 女, 内蒙古呼和浩特人, 2023级硕士研究生。E-mail: wangmingqi2628@163.com

通信作者: 武琳慧(1982—), 女, 内蒙古包头人, 副教授, 博士。主要从事环境微生物方向研究。E-mail: imu-

wulinhui@163.com

植物群落变化^[11-13]等几个方面,对参与乌梁素海氮循环的相关功能微生物,尤其是关于厌氧氨氧化菌的研究还十分匮乏。对氮循环各类功能微生物进行研究有利于更好地解决湖泊氮污染问题,可为改善湖泊水质、有效修复湖泊生态提供理论支撑。

本研究以寒旱区典型湖泊乌梁素海为研究对象,采用分子生物学手段,系统分析了湖泊沉积物中厌氧氨氧化菌的群落分布特征、物种组成及多样性,并且与沉积物理化性质进行相关性分析,明确不同环境因子对厌氧氨氧化菌的驱动机制,研究结果可为全面了解寒旱区典型湖泊氮循环微生物过程提供参考,为改善湖泊氮污染提供科学依据。

1 材料及方法

1.1 研究区概况

乌梁素海(40°36′~41°03′N,108°43′~108°57′E)位于内蒙古自治区巴彦淖尔市乌拉特前旗境内,总面积约341 km²,是高原寒旱区的大型多功能湖泊。乌梁素海主要接纳河套灌区的农田退水、生活污水以及工业废水^[14],对黄河流域具有净化水质、调节水量、防止河套灌区水质盐碱化等多种生态功能^[15-16]。

1.2 样品的采集及预处理

样品的采集工作于2018年夏季进行,通过前期的湖泊水文特征及现场调查,在湖区总排干进水口——主要接受河套灌区排放的生活废水和农业排水的湖泊进水口(P1、P2样点)、湖区中部(P3、P4样点)、湖区退水口(P5、P6、P7样点)3个不同区域选取7个采样点(表1)。依据五点采样法使用柱状采泥器获取0~20 cm深度的表层沉积物样品,混匀后装入无菌密封袋,并置于干冰泡沫箱内迅速运回实验室。在实验室进行预处理,一部分经风干、研磨、过筛后用于理化性质的测定,一部分于一80℃冰箱内保存,用于分子生物学试验。

表1 沉积物样品采样点位置及坐标

Table 1 Locations and coordinates of sediment sampling sites

采样点	位置	经度/(°)	纬度/(°)
P1	总排干进水口	108.8619	40.9943
P2	总排干进水口	108.9037	40.9940
P3	湖区中部	108.9059	40.9566
P4	湖区中部	108.8177	40.8903
P5	湖区退水口	108.7905	40.8945
P6	湖区退水口	108.7751	40.8370
P7	湖区退水口	108.7751	40.7894

1.3 沉积物理化性质的测定

称取100 g新鲜沉积物样品在105℃条件下加热至恒重测定含水率。pH采用电极法测定(土水质量体积比wt:vol=1:2.5)。沉积物样品经处理后,经1 mol·L⁻¹ HCl预处理消除碳酸盐的干扰,之后使用元素分析仪测定沉积物中总有机碳(Total organic carbon, TOC)含量。向样品中加入2 mol·L⁻¹ KCl浸提液,使用连续流动分析仪对沉积物中的铵态氮(NH₄⁺)、亚硝态氮(NO₂⁻)和硝态氮(NO₃⁻)含量进行测定。沉积物中总磷(Total phosphorus, TP)采用高氯酸-浓硫酸消解后用钼锑抗分光光度法测定。

1.4 沉积物总DNA的提取、PCR、克隆文库的构建及测序

采用FastDNA SPIN Kit for Soil专用试剂盒从0.5 g沉积物样品中提取沉积物总DNA,并设置3个平行重复以确保实验数据的可靠性。

使用PCR技术对厌氧氨氧化菌16S rRNA基因进行扩增。扩增引物为Pla46F/630R(GGATTAGGCATGCAAGTC/CAKAAAGGAGGTGATCC),并对目的基因进行纯化回收。使用pGEM®-TEasy Vector System I试剂盒对PCR产物进行克隆并将克隆产物送到生工生物工程(上海)股份有限公司进行Sanger测序。

1.5 数据分析

使用CLC Sequence Viewer 8软件去除序列载体以及无效和低质量的序列,在NCBI数据库中进行BLAST对比。使用Mothur软件按照97%的相似性划分操作分类单元(Operational taxonomic unit, OTU),计算Chao1、香农指数(Shannon index)、辛普森指数(Simpson index)并使用MEGA6.0构建系统发育树。使用R Studio的heatmap函数绘制厌氧氨氧化菌丰度热图。使用SPSS软件对数据进行差异显著性分析,Mantel分析使用R语言的“vegan”“dplyr”和“ggplot2”程序包进行绘制和分析。

2 结果与分析

2.1 沉积物理化性质

各采样点沉积物理化数据如表2所示。沉积物中总磷(TP)含量为0.53~0.85 g·kg⁻¹,总有机碳(TOC)含量为0.71~3.35 g·kg⁻¹,整个湖区的TP和TOC在不同采样点间存在显著性差异($P < 0.05$)。NH₄⁺含量为17.09~65.54 mg·kg⁻¹,在湖区总排干进水口P1样点含量较高,且与其他样点有显著性差异。NO₃⁻含量为0.76~3.41 mg·kg⁻¹,且不同采样点NO₃⁻含量存在显著性差异。NO₂⁻含量为0.27~0.43 mg·kg⁻¹,样点间差异性不大。pH为7.12~8.47,湖泊沉积物属于弱碱性,从整个湖区来看pH变化不大,但样点之间存在一定的显著性差异。

表2 沉积物样品基本理化性质

Table 2 Physical and chemical properties of sediment samples

采样点	TP/(g·kg ⁻¹)	TOC/(g·kg ⁻¹)	NH ₄ ⁺ /(mg·kg ⁻¹)	NO ₃ ⁻ /(mg·kg ⁻¹)	NO ₂ ⁻ /(mg·kg ⁻¹)	pH
P1	0.85±0.02a	1.87±0.01c	65.54±9.66a	1.58±0.05d	0.29±0.02b	8.09±0.18ab
P2	0.70±0.03b	3.35±0.13a	17.09±1.87b	3.41±0.04a	0.27±0.01b	7.49±2.23cd
P3	0.66±0.02bc	2.30±0.01b	19.86±2.61b	2.31±0.01c	0.32±0.01b	7.43±0.48cd
P4	0.54±0.01e	0.71±0.01e	24.37±0.69b	0.76±0.06f	0.34±0.02b	7.12±0.07d
P5	0.59±0.01de	2.32±0.01b	23.43±9.56b	1.04±0.08e	0.41±0.03a	8.47±0.16a
P6	0.53±0.01e	1.43±0.02d	25.22±0.39b	1.42±0.07d	0.43±0.02a	8.36±0.12a
P7	0.61±0.01cd	1.50±0.03d	27.04±1.84b	2.60±0.05b	0.42±0.01a	7.87±0.03bc

注:1. 数值表示3次测定的平均值±标注误差;2. 同一列的不同字母表明不同采样点间存在显著性差异($P < 0.05$)。

2.2 沉积物厌氧氨氧化菌16S rRNA基因克隆文库

对沉积物中的厌氧氨氧化菌16S rRNA基因构建克隆文库,将测序的全部序列去载体后登录NCBI进行BLAST对比,去除错误和低质量序列后共获得259条有效序列。使用Mothur软件划分操作分类单元(OTU)后共得到24个OTUs并计算覆盖度,结果如表3所示。除P5和P7样点外,各样点覆盖度均在90%以上,说明所构建的克隆文库满足后续数据分析要求。对于P5和P7样点,增加取样量可能会达到更高的覆盖度。

2.3 沉积物厌氧氨氧化菌16S rRNA基因系统发育树分析

使用Mothur软件筛选各OTU的代表序列,基于NCBI数据库的BLAST同源性分析,在此基础上构建厌氧氨氧化菌16S rRNA基因系统发育树(图1)。系统发育分析表明,沉积物中厌氧氨氧化菌的16S rRNA基因序列可以分为3大簇,分别为Cluster I, *Jettenia* Cluster以及 *Brocadia* Cluster。其

中, Cluster I 与不可纯培养的厌氧氨氧化菌有很高的同源性, 相似度最高可达到 100%。系统发育聚类显示 Cluster I (159 条序列) 占比 61.39%, 为优势类群。 *Jettenia* Cluster 包含 41 条序列, 占比 15.83%, 其中包括 OTU13、OTU14、OTU16, 与已知的 *Candidatus Jettenia* sp. 有很高的同源性。 *Brocadia* Cluster 涵盖 59 条序列, 占比 22.78%, 它们与已知的 *Candidatus Brocadia fulgida* 有很高的同源性。

表 3 厌氧氨氧化菌 16S rRNA 基因克隆文库的测序数目及覆盖度

Table 3 The sequence numbers and coverage of 16S rRNA gene clone library of anammox bacteria

采样点	测序数目	有效序列数目	OTU 数	覆盖度/%
P1	40	38	3	97.37
P2	37	35	8	91.43
P3	40	38	1	100.00
P4	40	38	2	94.74
P5	35	32	8	71.88
P6	40	40	2	100.00
P7	40	38	11	81.21

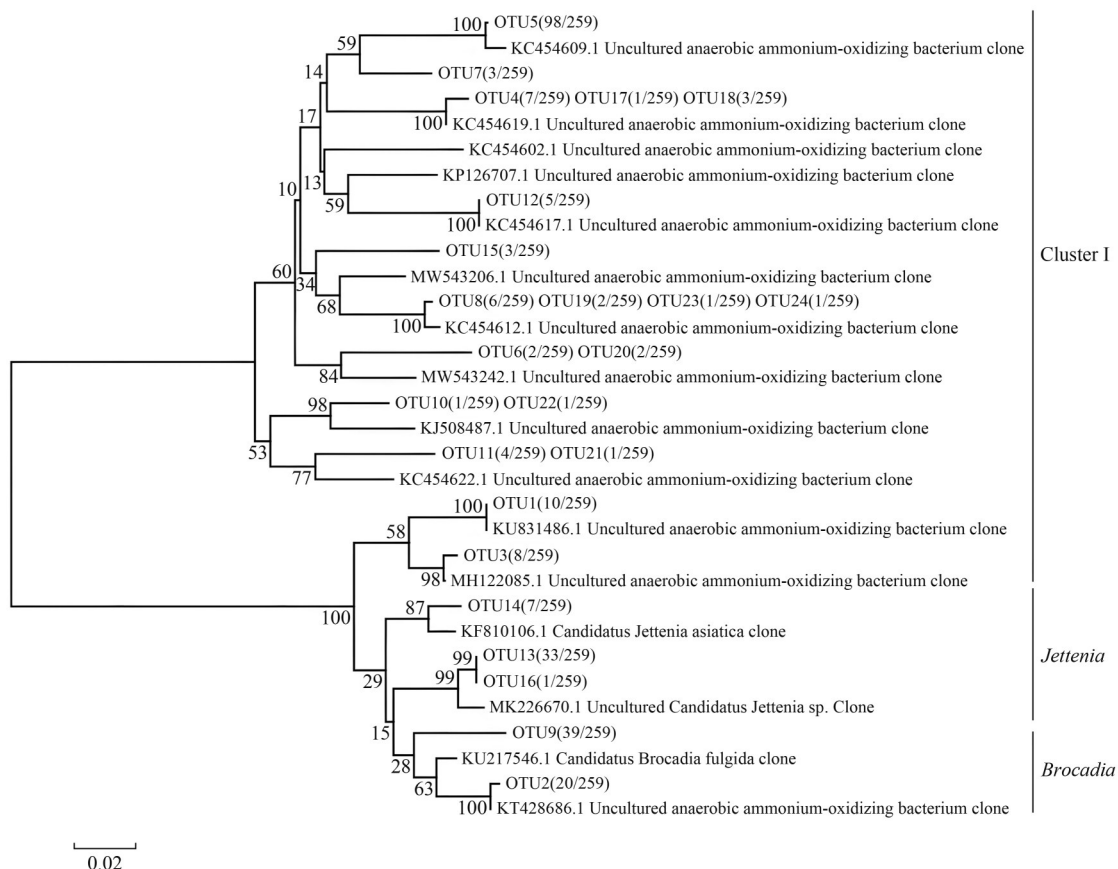


图 1 基于 16S rRNA 基因的厌氧氨氧化菌系统发育树

Fig. 1 Phylogenetic tree of anammox bacteria based on 16S rRNA gene

2.4 沉积物中厌氧氨氧化菌的多样性分析

图 2 是各个采样点的 Chao1、Shannon 和 Simpson 多样性指数。Chao1 指数在湖区退水口 P7 采样

点最大,达到12,在湖区中部的P3样点最小,说明在湖区退水口处,厌氧氨氧化菌的物种丰富度最高,在湖区中部厌氧氨氧化菌物种丰富度最低。此外,Simpson指数的变化范围是0~0.94,P5点优势物种分布较为突出,其Simpson指数为0.94,而P3点最小,表明该点微生物群落由少数优势物种主导。Shannon指数的变化范围为0~1.55,具体表现为点P7物种多样性最高,点P3物种多样性最低,表明该物种生态优势度较高,导致单一的群落物种组成以及较低的物种多样性。

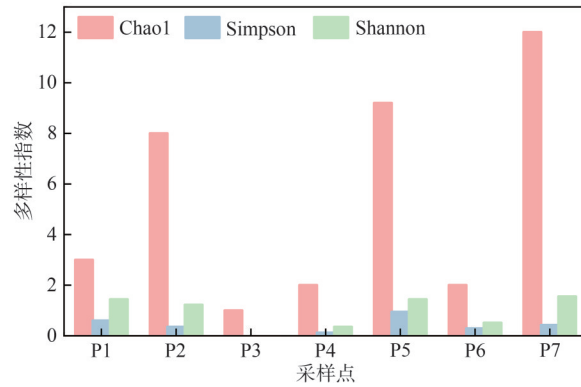


图2 乌梁素海沉积物中厌氧氨氧化菌群落 Alpha多样性指数分布特征

Fig. 2 Alpha diversity indices of anammox bacterial communities in the sediments of Ulansuhai Lake

2.5 厌氧氨氧化菌群落结构分析

采样点沉积物厌氧氨氧化菌 OTU 相对丰度热图,见图 3。在所有采样点中,湖区退水口 P7 样点包含的 OTUs 数目最多,共 11 个,其中,OTU5 的相对丰度最大,达到了 75.38%。湖区中部 P3 样点包含的 OTU 数目最少,仅有 OTU12。另外,湖区总排干进水口 P2 样点和靠近湖区出水口的 P5 样点所含 OTUs 数也相对较多。P2 样点包含 8 个 OTUs,OTU5 相对丰度最高,达 80.33%。P5 样点含 8 个 OTUs,OTU5 的相对丰度最高,达 64.90%。

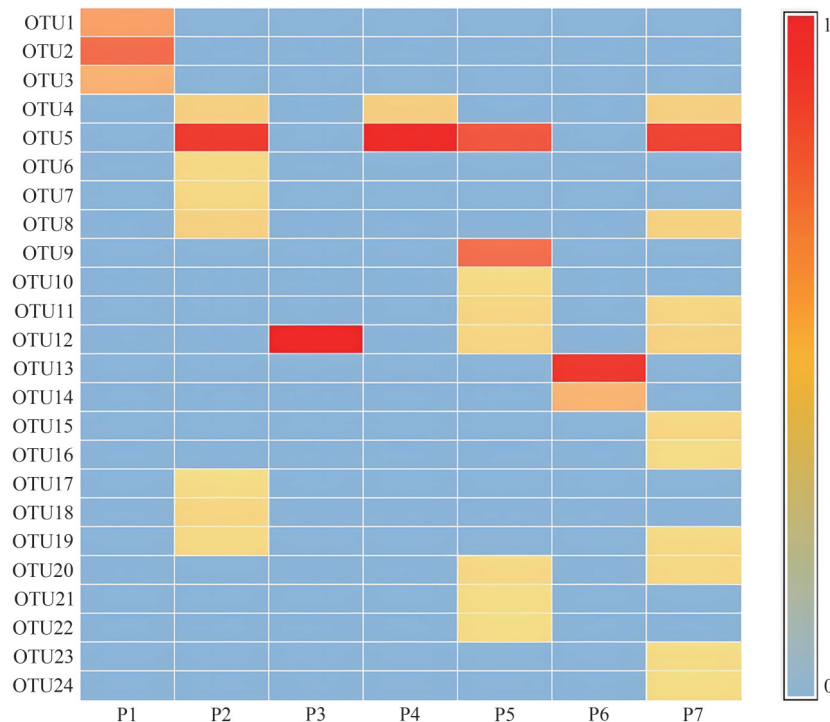


图3 沉积物厌氧氨氧化菌 16S rRNA 基因的 OTU 热图

Fig. 3 Heatmap of 16S rRNA gene of anammox bacteria

乌梁素海沉积物中厌氧氨氧化菌属水平群落组成见图 4。由图 4(a)可知,沉积物中厌氧氨氧化菌主要由 Cluster I、*Brocadia* 属以及 *Jettenia* 属共同组成,其中,Cluster I 占比最高,达 61%,其次是 *Brocadia* 属,占比 23%,*Jettenia* 属占比 16%。此外,沉积物厌氧氨氧化菌的群落组成存在一定空间异质性。由图 4(b)可知,湖区总排干进水口 P1 样点的厌氧氨氧化菌主要由 Cluster I 以及 *Brocadia* 属组成,其中 Cluster I 占比 45.95%,*Brocadia* 属占比 54.05%。湖区总排干入水口 P2 样点以及湖区中部 P3、P4 样点的厌氧氨氧化菌完全由 Cluster I 组成。在湖区退水口 P5 采样点中,厌氧氨氧化菌由 Cluster I 以及 *Brocadia* 属组成,其中 Cluster I 占比 74.17%,*Brocadia* 属占比 25.83%。湖区退水口 P6 样点厌氧氨氧化菌群落主要由 *Jettenia* 属组成,P7 样点主要由 Cluster I 组成。

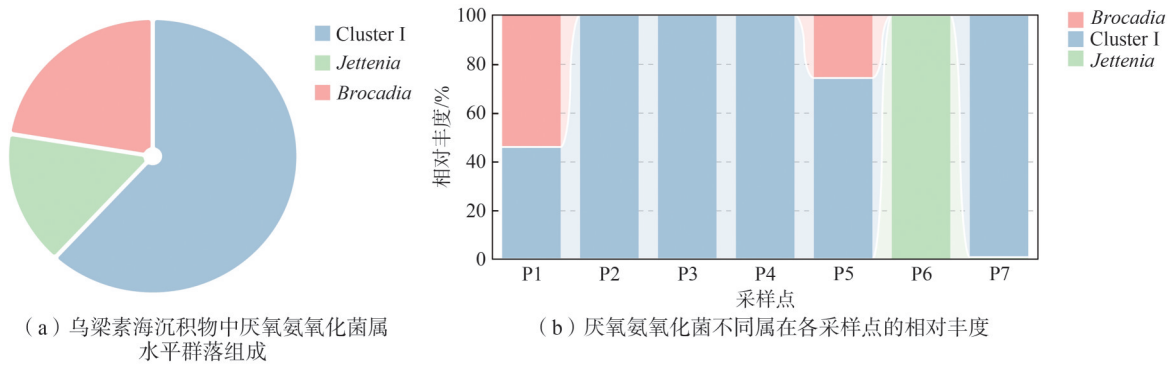


图 4 沉积物中厌氧氨氧化菌属水平群落组成

Fig. 4 Community composition of anammox bacteria at the genus level in sediments

2.6 厌氧氨氧化菌群落组成与环境因子相关性分析

对厌氧氨氧化菌群落组成与环境因子的相关性进行了 Mantel test 分析,结果见图 5。结果表明:*Jettenia* 属的相对丰度与 NO_2^- 呈正相关,与其他环境因子呈负相关;*Brocadia* 属与 TOC、pH、 NH_4^+ 呈正相关,与 TP、 NO_2^- 、 NO_3^- 呈负相关;Cluster I 与 TOC 呈正相关。综合来看,*Brocadia* 属和 Cluster I 可以更好地适应环境因子变化,因此,在厌氧氨氧化菌的群落组成中表现为优势菌属。

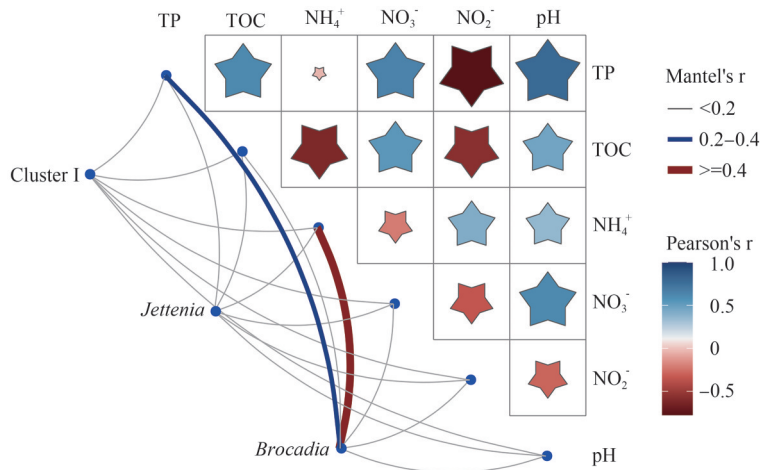


图 5 厌氧氨氧化菌群落结构与环境因子之间的 Mantel test 分析

Fig. 5 Mantel test analysis of community structure of anammox bacteria and environmental factors

3 讨论

基于 16S rRNA 基因克隆文库技术,揭示出乌梁素海沉积物中厌氧氨氧化菌的存在,并分析其群落组成,发现厌氧氨氧化菌在乌梁素海沉积物中的物种多样性较为丰富,得到的厌氧氨氧化菌序列

与已知的两个属相关(*Jettenia*属、*Brocadia*属),此外,基于系统发育树还检测到一个未知 Anammox 类群,即与已知的不可纯培养的厌氧氨氧化菌高度相似性的 Cluster I。Cluster I 是乌梁素海沉积物中的优势菌群,占获得基因序列的 61%,其次是 *Brocadia* 属、*Jettenia* 属,分别占总序列的 23%、16%。

乌梁素海优势菌群为 Cluster I,从退水入口到出口厌氧氨氧化菌属由 *Brocadia* 属变为 *Jettenia* 属,这与厌氧氨氧化菌的代谢特点和所处的自然环境紧密相关,*Brocadia* 属对于 NH_4^+ 和 NO_2^- 的亲合力较低,更倾向生长在高 NH_4^+ 和 NO_2^- 的生境中^[17]。Wu 等^[18]在研究珠江口沉积物厌氧氨氧化菌分布时,发现 *Brocadia* 属在人为扰动较大的水域是优势菌属。而 *Jettenia* 属则更倾向于生长在营养盐含量较低的生境中,由于湖泊的自净作用从湖区总排干进水口(P1)到退水口(P6、P7)营养盐含量逐渐降低,厌氧氨氧化菌,也由 *Brocadia* 属转变为 *Jettenia* 属。此外,在本研究中所检测到的一种与不可纯培养的厌氧氨氧化菌具有很高相似性的 Cluster I,是乌梁素海沉积物中厌氧氨氧化菌的优势属。若今后能对其进行富集培养和分离纯化,进一步探索其生长特性,对实现厌氧氨氧化技术工业化应用具有重要意义。

许多研究表明^[4-6,18-21],不同生态环境中厌氧氨氧化菌的多样性也存在一定差异。在本研究中,沉积物样点 P5、P7 的 Chao1 指数较高,与 Shannon 指数保持一致,Simpson 指数以 P6 较低,表明其多样性程度较高。不同采样点环境条件不同导致厌氧氨氧化菌群落组成存在一定差异。厌氧氨氧化菌的群落组成以及分布特征与 pH、溶解性有机碳、氮素等许多环境因子相关。本研究中 *Brocadia* 属分布与 NH_4^+ 含量成正相关,表明 *Brocadia* 属倾向于富含 NH_4^+ 的环境,Oshiki 等^[17]研究发现 *Ca. Kuenenia stuttgartensis* 的 NH_4^+ 半饱和常数比 *Ca. Brocadia* 小得多,这也很好地解释了样点 P1 中底物 NH_4^+ 浓度和 *Brocadia* 属生长呈正相关。Cai 等^[22]研究中国渤海和北黄海沉积物中导致厌氧氨氧化菌多样性和群落结构变化的环境因素时发现高浓度的 NO_2^- 可以改变厌氧氨氧化菌的群落组成。Fu 等^[23]有关长江口及邻近海域沉积物中厌氧氨氧化细菌群落结构和丰度的变化的研究得出在湖泊沉积物中厌氧氨氧化菌依赖于 NO_2^- 的供应来更好地氧化 NH_4^+ ,因此较低浓度的 NO_2^- 也就成为了本研究中 *Jettenia* 属生长的限制性因素,而在 P6 样点中 NO_2^- 含量最高故 *Jettenia* 属生长占据优势位。在本研究中,Cluster I 和 *Brocadia* 属都与 TOC 含量成正比,这与李欣容等^[24]2024 年在海河干流沉积物研究厌氧氨氧化对自然和人为因素的响应时的发现保持一致。同时在 Fu 等^[23]在 2019 年有关长江口及邻近海域沉积物中厌氧氨氧化细菌群落结构和丰度的变化发现沉积物中更多的有机质使得反硝化作用释放出更多的 NO_2^- 是 Cluster I 和 *Brocadia* 属与 TOC 保持正相关的原因。毛艳等^[25]在 2024 年研究红壤地下水厌氧氨氧化菌分布特征及环境响应时发现,pH 可以影响厌氧氨氧化菌的空间分布。在本研究中,Cluster I 与 pH 呈负相关,随着 pH 的降低 Cluster I 逐渐占据优势,而 *Brocadia* 属与 pH 呈正相关,这表明与 Cluster I 相比,*Brocadia* 属对碱性环境有更好的适应能力。未来可从不同盐度条件下乌梁素海沉积物厌氧氨氧化菌群落组成的变化以及盐度胁迫下厌氧氨氧化菌的生理、生化特性方面进行研究。

4 结论

文章选取寒旱区典型湖泊乌梁素海的沉积物作为研究对象,基于厌氧氨氧化菌的 16S rRNA 基因,采用巢式 PCR 和克隆文库测序技术对其群落结构和多样性进行了研究,并分析厌氧氨氧化菌对环境因子的响应,得到如下结论:

(1) 厌氧氨氧化菌在乌梁素海沉积物中分布广泛,主要包括与不可纯培养的厌氧氨氧化菌有很高相似性的 Cluster I、*Brocadia* 属和 *Jettenia* 属 3 个菌属。

(2) 不同采样点的厌氧氨氧化菌多样性存在一定差异。其中,湖区退水口 P7 采样点的物种多样性最高,湖区中部 P3 采样点的物种组成单一。

(3) 环境介质的差异导致厌氧氨氧化菌群落组成存在一定空间异质性,且沉积物中 NH_4^+ 、TOC 和 NO_2^- 是影响厌氧氨氧化菌群落分布的关键环境因子。

参考文献:

- [1] MULDER A, VAN DE GRAAF A A, ROBERTSON L A, et al. Anaerobic ammonium oxidation discovered in a denitrifying fluidized bed reactor[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1995, 16(3):177-183.
- [2] VAN NIFTRIK L, GEERTS W J C, VAN DONSELAAR E G, et al. Combined structural and chemical analysis of the anammoxosome: A membrane-bounded intracytoplasmic compartment in anammox bacteria[J]. *Journal of Structural Biology*, 2008, 161(3):401-410.
- [3] 曾巾, 杨柳燕, 肖琳, 等. 湖泊氮素生物地球化学循环及微生物的作用[J]. *湖泊科学*, 2007, 19(4):382-389.
- [4] 姚鹏, 于志刚. 海洋环境中的厌氧氨氧化细菌与厌氧氨氧化作用[J]. *海洋学报*, 2011, 33(4):1-8.
- [5] 李杰, 韩芸, 廖杰, 等. 红树林湿地污水消纳过程中厌氧氨氧化菌存在特征[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(2):509-517.
- [6] 陈宏, 王泓, 吴敏, 等. 淡水湿地生态系统中微生物驱动氮转化过程研究进展[J]. *水利学报*, 2020, 51(2):158-168.
- [7] 杨文焕, 杜璇, 姚植, 等. 基于VAR模型的乌梁素海富营养化影响因子评价[J]. *环境科学与技术*, 2021, 44(2):25-32.
- [8] 朱鹏航, 于瑞宏, 葛铮, 等. 乌梁素海长时序水质变化及其驱动因子[J]. *生态学杂志*, 2022, 41(3):546-553.
- [9] 尚士友, 杜健民, 李旭英, 等. 乌梁素海富营养化适度控制的研究[J]. *内蒙古大学学报(自然科学版)*, 2003, 34(5):588-592.
- [10] 张晓晶, 李畅游, 张生, 等. 乌梁素海表层沉积物营养盐的分布特征及环境意义[J]. *农业环境科学学报*, 2010, 29(9):1770-1776.
- [11] 张珍平, 肖博文, 姚容, 等. 乌梁素海不同芦苇斑块对湖水氮磷含量影响分析[J]. *内蒙古大学学报(自然科学版)*, 2016, 47(3):285-289.
- [12] 史中奇, 王猛, 谭军, 等. 植被缓冲带对乌梁素海区域农业面源污染的削减效果[J]. *水土保持学报*, 2022, 36(3):51-56.
- [13] 刘志勇, 吴晓光, 徐智超, 等. 乌梁素海湖滨湿地不同植物群落生态系统光合/呼吸动态研究[J]. *内蒙古大学学报(自然科学版)*, 2023, 54(4):408-415.
- [14] 代进锋, 李畅游, 张生, 等. 乌梁素海水质指标的主成分分析[J]. *农业环境科学学报*, 2007, 26(增刊):400-405.
- [15] 刘莹慧, 卢俊平, 赵胜男, 等. 基于长时间序列乌梁素海水环境变化趋势及生态补水等关键驱动因子分析(2011—2020年)[J]. *湖泊科学*, 2023, 35(6):1939-1948.
- [16] 姜慧琴. 乌梁素海营养盐在冰体中的空间分布及其在冻融过程中释放规律的试验研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学, 2011.
- [17] OSHIKI M, SATOH H, OKABE S. Ecology and physiology of anaerobic ammonium oxidizing bacteria[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(9):2784-2796.
- [18] WU J P, HONG Y G, WEN X M, et al. Activity, abundance, and community composition of anaerobic ammonia-oxidizing(anammox)bacteria in sediment cores of the Pearl River Estuary[J]. *Estuaries and Coasts*, 2020, 43(1):73-85.
- [19] SUN W, XU M Y, WU W M, et al. Molecular diversity and distribution of anammox community in sediments of the Dongjiang river, a drinking water source of Hong Kong[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2014, 116(2):464-476.
- [20] FU B B, LIU J W, GAO M H, et al. Progress in study on response of anammox bacterial species composition to environmental factors[J]. *Advances in Marine Science*, 2014, 32(3):427-434.
- [21] DANG H Y, CHEN R P, WANG L, et al. Environmental factors shape sediment anammox bacterial communities in hypernutrified Jiaozhou Bay, China[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(21):7036-7047.
- [22] CAI Y J, ZHANG X L, LI G H, et al. Spatiotemporal distributions and environmental drivers of diversity and community structure of nosZ-type denitrifiers and anammox bacteria in sediments of the Bohai Sea and North Yellow

- Sea, China[J]. *Journal of Oceanology and Limnology*, 2019, 37(4): 1211-1228.
- [23] FU L L, CHEN Y Y, LI S Q, et al. Shifts in the anammox bacterial community structure and abundance in sediments from the Changjiang Estuary and its adjacent area[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2019, 42(3): 383-396.
- [24] 李欣容, 薛冬梅. 海河干流沉积物反硝化与厌氧氨氧化对自然和人为因素的响应[J]. *天津师范大学学报(自然科学版)*, 2024, 44(2): 50-55.
- [25] 毛艳, 郎锋祥, 张洁, 等. 红壤地下水厌氧氨氧化菌分布特征及环境响应[J]. *微生物学报*, 2024, 64(6): 1735-1746.

(责任编辑 张 庆)

Distribution Characteristics of Anaerobic Ammonium Oxidation Bacterial Community Structure in Sediments of Ulansuhai Lake, Inner Mongolia

WANG Mingqi¹, XIE Hongliang¹, WU Tiezheng¹, WANG Yongman¹, ZHAO Jialin¹,
LI Junyi¹, LÜ Hang¹, WU Linhui^{1,2}

(1. *College of Ecology and Environment, Inner Mongolia University, Hohhot 010021, China;*

2. *Key Laboratory of Pollution Control and Low-Carbon Resource Utilization in Inner
Mongolia, Hohhot 010021, China*)

Abstract: Traditionally, research on nitrogen removal processes in freshwater lake sediments has primarily focused on denitrification and aerobic ammonia oxidation pathways. However, recent studies have identified anaerobic ammonium oxidation as a significant mechanism for nitrogen removal in lacustrine ecosystems. To further elucidate the distribution patterns of anammox bacterial communities in lake sediments and their environmental driving mechanisms, this study investigates the ecological characteristics of these communities. Sediment samples were collected from seven representative sampling sites with distinct pollution levels across different functional zones of the study area. After analyzing physico-chemical parameters, we amplified anammox bacterial 16S rRNA gene fragments using nested PCR and constructed clone libraries. Results demonstrate that the anammox bacterial community in Ulansuhai Lake sediments primarily comprises three taxa: Cluster I (61.39%), exhibiting high homology with uncultured anammox bacteria; *Jettenia* (15.83%); and *Brocadia* (22.78%). Spatial distribution analysis revealed significant heterogeneity: Cluster I and *Brocadia* dominated the inflow area of the main drainage channel, Cluster I prevailed in the central lake region, while Cluster I, *Jettenia*, and *Brocadia* coexisted as dominant taxa in the outflow area. Correlation analysis further identified sediment TOC and NO₂⁻-N concentrations as key environmental drivers shaping anammox bacterial community distribution. This study delineates the widespread occurrence of anammox bacteria in Ulansuhai Lake sediments, clarifies their community composition and abundance patterns within the lacustrine ecosystem, and provides theoretical foundations for nitrogen pollution control and ecological restoration in lake environments.

Key words: Ulansuhai Lake; sediment; anammox bacteria; environmental factor; community structure; bacterial diversity