张浩锐,许华生,张卓毅,等.华北地区规模化养殖场氧化塘秋冬季甲烷排放特性与机制 [J]. 中国环境科学, 2026,46(3):1605-1616.
Zhang H R, Xu H S, Zhang Z Y, et al. Characteristics and mechanisms of methane emissions from slurry lagoons in concentrated animal feeding operations in North China during autumn and winter [J]. China Environmental Science, 2026,46(3):1605-1616.

华北地区规模化养殖场氧化塘秋冬季甲烷排放特性与机制

张浩锐[1],许华生[1],张卓毅[2],田彦锋[3],李 鑫[1],林立鸿[1],王 悦[1*],朱志平[1] (1.中国农业科学院,农业环境与可持续发展研究所,北京 100081；2.北京市畜牧总站,北京 100107；3.内蒙古优然牧业有限责任公司,内蒙古 呼和浩特 010100)

摘要：于 2024 年 10~11 月采用动态箱法对华北地区 5 个典型养殖场氧化塘 CH_4 排放通量进行监测,并结合气象、水质、微生物等数据探究 CH_4 排放的影响因素和机制.结果表明,5 个氧化塘 CH_4 排放通量范围为 4.3~99.8g/(m^2·d),其中密云猪场第二级氧化塘(MY_L2)排放水平显著偏低,主要归因于污水中有机质已在畜舍水泡粪系统及前端黑膜沼气池中大量分解.CH_4 排放通量与乙酸浓度呈极显著正相关(r=0.74, P<0.01),与 pH 值呈现极显著负相关(r=−0.70, P<0.01);CH_4 排放通量日变化与气温呈显著正相关(r=0.83,P<0.05).塘中产甲烷菌 *mcrA* 功能基因丰度(1.9×10^7~4.4×10^8copies/mL)显著高于甲烷氧化菌 *pmoA* 丰度(4.9×10^4~5.1×10^6copies/mL),结合氧化塘的开放式贮存管理促使氧化塘具有很高的甲烷排放潜力.在 5 个氧化塘中,3 个塘的主导产甲烷古菌群为甲烷八叠球菌属(*Methanosarcina*)与甲烷鬃菌属(*Methanosaeta*),二者均属乙酸营养型产甲烷菌,且此类塘富集产乙酸细菌及复杂有机物降解菌,为乙酸营养型产甲烷菌提供底物;CH_4 排放最高塘的主导菌群为氢营养型产甲烷菌(甲烷短芽孢杆菌属,*Methanobrevibacter*),塘中富集乙酸消耗菌,竞争限制乙酸营养型产甲烷菌;一塘中乙酸营养型产甲烷菌与氢营养型产甲烷菌均衡共存,由梭状芽孢杆菌属(*Clostridium*)同步供应乙酸与 H_2/CO_2.塘中乙酸营养型产甲烷菌(P<0.05)与细菌(P<0.01)群落结构变化对 CH_4 排放变化有重要影响.在关注粪污前端处理工艺如畜舍清粪技术和固液分离外,还需关注氧化塘中 pH 值调控技术或降低乙酸浓度等工艺的开发,以实现氧化塘 CH_4 有效控排.

关键词：CH_4；氧化塘；污水贮存；现场监测；产甲烷菌
中图分类号：X511 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)03-1605-12

Characteristics and mechanisms of methane emissions from slurry lagoons in concentrated animal feeding operations in North China during autumn and winter.

ZHANG Hao-rui[1], XU Hua-sheng[1], ZHANG Zhuo-yi[2], TIAN Yan-feng[3], LI Xin[1], LIN Li-hong[1], WANG Yue[1*], ZHU Zhi-ping[1] (1.Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China；2.Beijing Animal Husbandry General Station, Beijing 100107, China；3.Inner Mongolia Youran Dairy Limited, Hohhot 010100, China). *China Environmental Science*, 2026,46(3)：1605~1616

Abstract：CH_4 emission fluxes from five animal slurry lagoons in North China were quantified using the dynamic chamber method between October and November 2024. Meteorological conditions, water quality parameters, and microbial data were collected to identify key drivers and explore underlying mechanisms. Methane emission fluxes from the five lagoons ranged from 4.3 to 99.8g/(m^2·d). The second-stage lagoon at the Miyun pig farm (MY_L2) exhibited significantly lower emissions, which was attributed to extensive organic matter degradation in the on-farm deep-pit system and the preceding black-film biogas digester. Methane emission fluxes showed a strong positive correlation with acetic acid concentration (r=0.74, P<0.01) and a strong negative correlation with pH (r=−0.70, P<0.01). The diurnal (24h) variation in CH_4 emission flux was significantly positively correlated with air temperature (r=0.83, P<0.05). The abundance of the methanogenic marker gene *mcrA* in the lagoons (1.9×10^7 to 4.4×10^8copies/mL) was substantially higher than that of the methanotrophic marker gene *pmoA* (4.9×10^4 to 5.1×10^6copies/mL), indicating a high CH_4 emission potential under open-air storage conditions. Among the five slurry lagoons, three were dominated by the acetoclastic methanogenic archaea, *Methanosarcina* and *Methanosaeta*. These lagoons were also enriched with acetogenic bacteria as well as hydrolytic and fermentative bacteria that degrade complex organic matter, thereby providing essential substrates for acetoclastic methanogenesis. In contrast, the lagoon with the highest CH_4 emissions was dominated by the hydrogenotrophic methanogen *Methanobrevibacter* and was enriched with acetate-consuming bacteria, which may creat competitive inhibition of acetoclastic methanogens. The remaining lagoon exhibited a balanced coexistence of acetoclastic and hydrogenotrophic methanogens, potentially facilitated by *Clostridium* species capable of concurrently supplying acetate and H_2/CO_2. Shifts in the community

收稿日期：2025-08-05
基金项目：国家自然科学基金(32573289);中国农业科学院科技创新工程(CAAS-CSGLCA-202301);中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(Y2025YC40,Y2026YC54);国家生猪产业技术体系(CARS-35-030)
* 责任作者, 副研究员, wangyue08@caas.cn

structure of acetoclastic methanogens (P<0.05) and overall bacterial communities (P<0.01) across the lagoons significantly influenced the CH_4 emissions. To effectively mitigate CH_4 emissions, strategies should encompass not only front-end manure management (e.g., in-house manure removal practices and solid-liquid separation), but also the development of technologies to regulate lagoon pH or reducing acetic acid (acetate) concentrations.

Key words：methane；lagoon；slurry storage；on-site monitoring；methanogens

全球人为 CH_4 排放中,农业部门占 40%,其中畜禽粪便管理系统和肠道发酵产生的排放占全球人为 CH_4 排放总量的 32%[1].随着我国畜禽养殖业向规模化转型,大量畜禽污水需在养殖场内长期贮存,氧化塘污水内有机质含量高,贮存过程中有机质在厌氧条件下分解产生大量 CH_4 排放,成为畜禽粪便管理系统中 CH_4 排放的主要来源[2-3].2023 年底由生态环境部等 11 部委联合发布的《甲烷排放控制行动方案》中明确要求养殖场将逐步实现 CH_4 的定期数据报告[4],氧化塘作为养殖场 CH_4 排放的关键来源,充分掌握氧化塘的 CH_4 排放通量水平、特征、规律,厘清排放的影响因素,解析其排放机制,对控制农业 CH_4 排放进而缓解全球气候变化具有重要意义.

氧化塘 CH_4 排放现场监测为评估规模化养殖场的大气影响提供原位测量数据[5].多国养殖场氧化塘现场监测表明 CH_4 排放波动大(1.2~203g/(m^2·d))且受季节及管理方式的显著影响[6-8].国内养殖场污水贮存 CH_4 排放研究主要聚焦于获得排放通量数据及评估减排措施的效果,但是结合进行 CH_4 排放机制的研究相对缺乏.国内现有研究表明单级贮存池日均 CH_4 通量可达 4.2g/(m^2·d)[9],而多级贮存池的 CH_4 小时通量可达 5.1~35g/(m^2·h)[10-11].相较于对湖泊、河流等典型水体 CH_4 排放的大量研究[12-13],国内外对于养殖污水氧化塘 CH_4 排放通量的研究相对较少,而国内的研究也主要是聚焦于对小型贮存池的监测.规模养殖场氧化塘往往面积可达几千到上万 m^2,水深达到 5m 以上,基于 IPCC2019 年指南提供的参数[14],认为氧化塘的 CH_4 排放特性与如污水贮存池为代表的液态贮存可能存在一定差异,同时对大型氧化塘开展气体监测操作的安全性和复杂性等问题也制约了氧化塘现场监测的大量开展.部分研究探讨采用模型估算的方法对氧化塘 CH_4 排放进行评价,但是准确的 CH_4 估算需现场研究数据加以验证. 研究表明[8],美国环保署的氧化塘 CH_4 排放模型的计算结果相较于现场监测,CH_4 排放被低估了 48%~59%;这一偏差的主要原因在于,模型核心参数的设定基于有限的奶牛场气体监测数据,难以全面反映实际养殖场复杂的污水贮存条件[15-16].

氧化塘 CH_4 排放受底物浓度、环境因子及微生物群落的共同影响.爱荷华州 6 个不同养殖场氧化塘的监测结果表明化学需氧量(COD)及挥发性固体(VS)与 CH_4 排放通量相关性较强(R^2≈0.5)[6].已有研究表明,CH_4 排放通量随气温升高而增加[5],受高溶解氧(DO)[17]抑制,且产甲烷过程严格依赖于中性 pH 值 (6~8)[18].目前对氧化塘的 CH_4 排放相关微生物研究结果较少.不同氧化塘底泥中,产甲烷菌 16S rRNA 基因拷贝数(7.7×10^9~8.7×10^{10}copies/g)高于升流式厌氧污泥床(1.9×10^7~5.7×10^7copies/mL)及厌氧消化器(2.8×10^7~7.6×10^9copies/mL),因而说明氧化塘底泥具有较高的产 CH_4 活性[19-21].然而,高基因拷贝数仅能反映产 CH_4 潜力较高,而实际 CH_4 排放还受环境因子的调控[22].鉴于此,需结合现场监测技术深入研究氧化塘 CH_4 排放影响因素,探讨微生物群落动态与 CH_4 排放的耦合机制.

我国养殖业分布广泛,覆盖多个气候带,不同区域气候特性的差异对氧化塘 CH_4 排放有明显影响;同时不同养殖场在粪便管理各环节(收集、处理及利用)的实践存在显著差异[23],粪污管理方式的差异可能导致氧化塘污水性质及其 CH_4 排放潜力呈现高度差异.由于大面积水体气体排放的监测难度大,国内对氧化塘现场监测相对研究较少,氧化塘 CH_4 排放数据缺乏,不能满足当前双碳目标下对养殖场 CH_4 排放的高精度需求;此外当前对氧化塘 CH_4 排放机制的探讨缺乏,对于 CH_4 排放、关键水质参数、微生物群落三者间的生态关联缺乏研究,影响 CH_4 排放的关键因子不明,限制减排技术选择与开发.本研究采用多点监测策略,通过在秋冬季对华北地区北京与呼和浩特不同粪便管理模式下规模化养殖场的 5 个氧化塘的 CH_4 排放进行监测,旨在初步评测华北地区养殖场氧化塘 CH_4 排放通量情况、识别 CH_4

排放关键影响因子并初步揭示微生物群落的影响机制,为高精度 CH_4 排放清单的编制、减排策略的制定提供数据支持.

1　材料与方法

1.1　养殖场概况

在华北地区的 4 个规模化养殖场的 5 个氧化塘开展监测,监测时间为 2024 年 10 月 15 日~11 月 27 日,为典型的秋末冬初季节.具体监测场地为内蒙古呼和浩特市土默特左旗某奶牛场(TMT)、北京昌平区某奶牛场(CP)、大兴区某奶牛场(DX)和密云区某猪场(MY).养殖场粪污管理与氧化塘使用情况如表 1 所示,开展了 4 种典型清粪工艺下后端氧化塘 CH_4 排放的监测,同时氧化塘的选择综合考虑了各场粪便管理系统的实际情况.密云猪场采用水泡粪工艺,粪污在畜舍内贮存约 120d,随后固液分离后进入一级黑膜沼气池,有机质大量分解后再进入二级氧化塘;鉴于该场只有二级氧化塘为开放式管理系统,因而监测其二级氧化塘(MY_L2).土默特奶牛场采用铲车干清粪工艺,清粪后粪污直接输入固液分离机,可能导致分离后进入氧化塘的污水浓度较高;由于该厂一级氧化塘存在明显结壳,而结壳可能导致气体排放异常[11],因而监测其多级氧化塘的第二级(TMT_L2)和第三级(TMT_L3).昌平奶牛场采用人工干清粪,清粪后固体粪污用于堆肥或垫料,其他粪污经固液分离后较稀的液体粪污进入氧化塘;该场污水产生量较少,一级氧化塘常年使用,二级氧化塘仅在部分时段有污水贮存,监测第一级氧化塘(CP_L1).大兴奶牛场泌乳牛采用水冲粪,增加了原始粪污中水分含量,后备牛则采用干清粪,移除部分固体,因此两种工艺协同使用可降低进入氧化塘的污水浓度;该场监测第一级氧化塘(DX_L1)以表征较新鲜粪水的气体排放情况.各氧化塘的监测时间及对应的气温与水温见表 2.

表 1　养殖场粪污管理与氧化塘使用情况

Table 1　Status of manure management and slurry lagoons usage

养殖场名称	动物存栏量	粪污收集	污水状态*	氧化塘体积(m^3)	贮存时间(d)	监测氧化塘
密云猪场	4000	水泡粪	较稀污水	一级黑膜沼气池(7000) 二级氧化塘(6000)	一级池(180) 二级塘(120)	二级氧化塘(MY_L2)
土默特左旗奶牛场	4239	铲车干清粪	浓污水	一级氧化塘(10000) 二级氧化塘(15000) 三级氧化塘(15000)	均为 180	二级氧化塘(TMT_L2) 三级氧化塘(TMT_L3)
昌平奶牛场	2000	人工干清粪	较稀污水	一级氧化塘(8000) 二级氧化塘(7500)	大于 120	一级氧化塘(CP_L1)
大兴奶牛场	2933	泌乳牛水冲粪 后备牛人工干清粪	较稀污水	一级氧化塘(9000) 二级氧化塘(25000) 三级氧化塘(11000)	大于 120	一级氧化塘(DX_L1)

注:*污水状态指进入一级氧化塘的污水状态.

表 2　氧化塘的监测时间及其对应的温度

Table 2　Monitoring schedule and corresponding temperatures for slurry lagoons

氧化塘	起始日期	结束日期	平均水温(℃)	平均气温(℃)	最高气温(℃)	最低气温(℃)
MY_ L2	2024-10-15	2024-10-17	18.3	12.2	20.8	6.1
TMT_ L3	2024-10-27	2024-10-29	10.2	8.0	18.1	0.5
TMT_ L2	2024-11-1	2024-11-3	11.3	4.8	14.8	-4.8
CP_ L1	2024-11-16	2024-11-18	11.7	5.7	15.4	-2.4
DX_ L1	2024-11-24	2024-11-26	12.2	3.2	11.3	-7.5

1.2　气体监测方法

采用动态箱法进行气体采样,系统组成主要包括气泵、玻璃转子流量计、漂浮动态箱、气体分析仪和连接管.每个氧化塘设置 3 个动态箱采样点和 1

个空气背景值采样点.参考养殖场典型季节气体排放特征现场监测方法[24]每个氧化塘监测持续 3d 以表征该季节的 CH_4 排放情况.各动态箱间距 10m,且所有箱体与岸边的距离均超过 10m.背景值采样点选取 CH_4 浓度较低且稳定的区域.试验所用动态箱总容积为 150L,其中水下浸没部分容积为 25L,水上容积为 125L,覆盖污水表面 0.25m^2.使用气泵进行供气,空气通过转子流量计进入动态箱,箱内通风速率设定为 8L/min,因而每小时换气率为 4.8 次.进气气流携带污水表面挥发的 CH_4 等气体从出气口导出.出气口通过特氟龙管路连接到多通道采样仪(自制,中国农业环境与可持续发展研究所,中国)和 INNOVA 1412i 温室气体分析仪(LumaSense Technologies,丹麦)对 CH_4 浓度进行测量,测量间隔为 10min,每轮循环耗时 40min,每日约可获得 35~36 组排放数据.气体排放通量通过下式计算:

$$EF = (C_{out} - C_{in}) / A \cdot VR$$

式中:EF 表示从氧化塘污水中排放的 CH_4 通量(mg/(m^2·min));C_{in} 和 C_{out} 分别为进气和出气的气体浓度(mg/m^3);VR 是通风速率(m^3/min);A 是动态箱覆盖的面积(m^2).

1.3 气象与水质在线监测方法

当地气象条件采用高为 3m 的气象站(竞道光电,中国)进行测量,该气象站布设于氧化塘附近空旷区域.连续测定氧化塘区域的温湿度及风速风向等指标,测量间隔为 1min.水质在线监测仪布设于动态箱附近水体,在线监测的水质参数为溶解氧(DO)、pH 值及水温.DO 所用传感器为 LDO II(HACH, USA),pH 值及水温所用传感器为 AquaSensors™ (Thermo Fisher, USA),水质传感器测量间隔为 2min.

1.4 水样采集及理化指标分析

氧化塘监测期间,采用固定于 PVC 管的有机玻璃采样器于每个动态箱附近水深约 0.4m 处采集水样,因此每个氧化塘获取 3 份水样;整个监测周期覆盖 5 个氧化塘,共采集 15 份水样.所有水样采集后保存于 500mL 聚乙烯瓶中,并额外分装了两支 50mL 离心管.水样保存至−80℃超低温冰箱,其中,500mL 聚乙烯瓶中的水样用于测定化学需氧量(COD)、溶解性有机碳(DOC)、总固体(TS)和挥发性固体(VS);一支 50mL 离心管中的水样用于测定挥发性脂肪酸(VFA);另一支 50mL 离心管中的水样用于开展微生物学分析.

COD 通过 Hach DR6000 光度计进行测量,检测方法为 Hach 8000.DOC 通过 Multi N/C 3100 总有机碳分析仪(Analytikjena, Germany)进行测量.VFA 通过 GC 7890A 气相色谱仪(Agilent, USA)进行测量.TS 和 VS 采用恒重法测试,仪器为 DN610 烘箱(YAMATO, Japan),马弗炉(沈阳节能电炉厂,中国),万分之一天平(Sartorius, Germany).

1.5 水样微生物学分析

采用定量聚合酶链式反应(qPCR)技术测定功能基因的绝对丰度,功能基因包括产甲烷菌功能基因 *mcrA* 和甲烷氧化菌功能基因 *pmoA*.其中,*mcrA* 基因扩增采用引物 *MLfF* (5′−GGTGGTGTMGGATTCACACARTAYGCWACAGC−3′)与 *MLrR* (5′−TTCATTGCRTAGTTWGGRTAGTT−3′),*pmoA* 基因扩增采用引物 *A189F* (5′−GGNGACTGGGACTTCTGG−3′)与 *mb661R* (5′−CCGGMGCAACGTCYTTACC−3′).

利用高通量测序技术分析细菌及产甲烷古菌的群落结构.基于细菌 16S rRNA 基因的引物序列为 338F(5'−ACTCCTACGGGAGGCAGCAG−3')−806R(5'−GGACTACHVGGGTWTCTAAT−3').基于 *mcrA* 基因的引物序列为 MLf (5'−GGTGGTGTMGGATTCACACARTAYGCWACAGC−3')−MLr (5'−TTCATTGCRTAGTTWGGRTAGTT−3').产甲烷古菌营养类型占比基于其代谢途径分类,通过累加相同营养类型菌属的相对丰度获得[21].

1.6 数据分析方法

采用 Excel 2019、R 4.5.1 与 Python 3.9 对数据进行保存、处理与分析.多组间比较采用 Kruskal−Wallis H 检验,组间两两比较采用 Conover−Iman 检验.相关性分析采用斯皮尔曼相关性系数.采用 Mantel test 检验 CH_4 排放、水质参数(Euclidean 距离)与微生物群落(Bray−curtis 距离)之间的关系,揭示 CH_4 排放受水质参数及微生物群落的影响程度.

2 结果与讨论

2.1 氧化塘产 CH_4 参数

2.1.1 底物浓度分析 底物浓度是评估氧化塘 CH_4 排放潜力的关键指标.如表 3 所示,COD 为 1573~7583mg/L,DOC 为 249~1581mg/L,VS 为 0.07~

0.75 %FM,乙酸为 111~299mg/L.具体而言,氧化塘 TMT_L2 和 TMT_L3 的 COD、DOC 和 VS 浓度高于其他塘;而 MY_L2 的 COD、DOC、乙酸和 VS 浓度均为最低.这些浓度差异主要源于粪便管理系统的不同(表 1).TMT 的两个氧化塘底物浓度最高,原因是其采用铲车干清粪工艺,清出的粪便全部输入固液分离机进行处理,分离液则直接排放至氧化塘,导致大量有机物输入,形成高有机负荷.MY_L2 底物浓度最低,一方面是 MY 采用水泡粪清粪工艺,粪便在畜舍内贮存 120d 后排出,此过程已降解了部分有机质;另一方面是其氧化塘前端采用黑膜沼气池工艺,黑膜沼气池长达 180d 的水力停留时间使得粪便充分降解.研究表明黑膜沼气池具有较高的厌氧消化效率,可去除 90%的 COD、86%的 VS 以及 87%的 VFA[25].CP_L1 和 DX_L1 的低 COD 浓度则与部分或全部采用人工干清粪工艺有关,该方式能有效避免粪便混入污水,从而有效降低有机物浓度[26].

2.1.2　环境因子分析　温度是估算氧化塘 CH_4 排放通量的关键参数.如表 2 及图 1(a)所示,试验期间的平均水温(10.2~18.3℃)普遍高于平均气温(3.2~12.2℃),且气温波动幅度比水温大.MY_L2 的气温和水温范围分别为 12.2~20.8℃和 17.1~20.2℃,为所有氧化塘监测期间最高温度,主要是该氧化塘启动监测的时间最早.TMT_L3 的气温和水温范围分别为 0.5~18.1℃和 8.8~10.2℃. TMT_L2 的气温和水温范围分别为−4.8~14.8℃和 9.3~13.2℃.CP_L1 的气温和水温范围分别为−2.4~15.4℃和 9.7~13.4℃.DX_L1 在 11 月底开展监测,时间最迟,气温和水温范围分别为−7.5~11.3℃和 10.4~13.4℃. 5 个氧化塘平均水温比平均气温分别高 6.1,2.2,6.5,6.0,9.0℃.氧化塘水体中水温高于气温的现象与 Baldé 等[8]在混凝土粪便储罐的观测结果一致,即 8~11 月期间储罐内温度比空气温度高 3~8℃.该温差主要归因于污水具有较大的比热容,导致其温度变化速率滞后于气温[27].

如图 1(b)所示,MY_L2、TMT_L3、TMT_L2、CP_L1 和 DX_L1 的 pH 值均值分别为 8.24、8.34、7.91、7.53 和 7.59,该范围与 Leytem 等[6]6 个氧化塘污水的 pH 值均值(7.7~8.3)相似.氧化塘的 pH 值变化受到水体内缓冲物质的调控,NH_3 的排放会降低 pH 值,CO_2 的排放会增加 pH 值.5 个氧化塘均存在 NH_3 和 CO_2 排放,一般 CO_2 的排放通量是 NH_3 的 40~390 倍[28],因此随着贮存时间推移氧化塘污水的 pH 值一般均会增加.以同一家奶牛场的 2 个氧化塘为例,TMT_L3 的污水由 TMT_L2 的污水输入,在进入 TMT_L3 时污水已经经过较长时间贮存,释放的 CO_2 远多于 NH_3,这可能是 TMT_L3 的 pH 值相较于 TMT_L2 较高的原因.

表 3　氧化塘的污水底物浓度

Table 3　Substrate concentrations in lagoon slurry

氧化塘名称	COD(mg/L)	DOC(mg/L)	VS(% FM)	乙酸(mg/L)
MY_L2	1573±120^{c}	249±14^{d}	0.07±0.02^{b}	111±15^{c}
TMT_L2	7583±1104^{a}	1581±124^{a}	0.75±0.18^{a}	223±106^{b}
TMT _L3	7507±201^{a}	1298±140^{b}	0.75±0.01^{a}	123±9^{c}
CP _L1	4700±583^{b}	597±111^{c}	0.31±0.04^{b}	299±34^{a}
DX _L1	4747±964^{b}	559±62^{c}	0.34±0.02^{ab}	153±34^{b}

注:同列标不同小写字母表示差异显著, P<0.05.

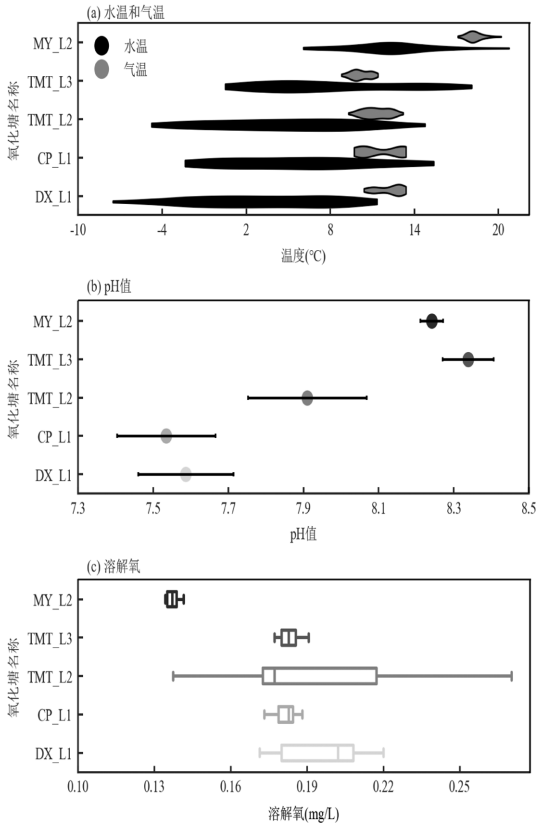


图 1　氧化塘环境参数变化

Fig.1　Variations in environmental parameters in slurry lagoons

如图 1(c)所示,各氧化塘的 DO 中位数为 0.14~0.20mg/L,总体处于厌氧状态.这与崔晓东等[29]的研究结果不同,其监测的覆膜贮存池污水 DO 浓度低于 0.02mg/L.与覆膜贮存池不同,氧化塘表面直接暴

露于空气,致使水体 DO 浓度相对较高.

2.2 氧化塘 CH_4 排放特性

2.2.1 排放通量水平 秋冬季氧化塘的 CH_4 排放通量范围为 4.3~99.8g/(m^2·d)(图 2).其中 MY_L2 和 TMT_L3 氧化塘 CH_4 排放处于较低水平.TMT_L3 氧化塘 CH_4 排放较低的原因在于前端 TMT_L2 氧化塘 180d 的水力停留时间,有机物已经大量分解.MY_L2 氧化塘的污水来自于前端一级黑膜沼气池的流出污水,黑膜沼气池消耗了大量的有机物,造成后续在氧化塘贮存中 CH_4 排放潜力较低.如 Martin 等[35]对加利福尼亚州黑膜沼气池的研究表明,该设施可使挥发性固体(VS)的去除率达到 62%,大量有机物在此环节已被分解;此外,该猪场采用水泡粪猪舍,粪污已在舍内贮存 120d,也消耗了大量有机质.根据 Wang 等[36]研究,水泡粪猪舍内的 CH_4 排放相当于干清粪猪舍的 6 倍,长时间贮存导致舍内 CH_4 持续排放且后续排出污水有机质浓度降低.综合上述原因 MY_L2 表现出较低乙酸浓度从而导致低 CH_4 排放.现有研究指出,对于采用水泡粪工艺的猪场,应同步监测氧化塘和畜舍 CH_4 排放,以准确计算生猪生产设施的排放系数.因此,为避免低估猪场污水管理系统 CH_4 排放,未来需要开展全过程的同步监测研究.

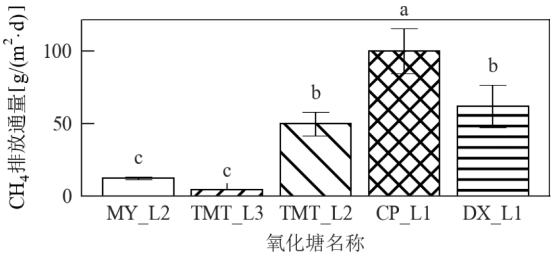


图 2 氧化塘 CH_4 排放通量

Fig.2 Methane emission fluxes from slurry lagoons

不同小写字母表示差异显著(P<0.05)

Qi 等[11]通过静态箱法监测猪场污水贮存池冬季平均 CH_4 排放通量为 192g/(m^2·d),该值相较本研究的 CH_4 排放水平更高,可归因于其测定的污水贮存池作用为短期贮存新鲜猪场污水,水力停留时间为 2d 以内,而本研究氧化塘作为末端污水贮存设施,水力停留时间通常大于 120d.Khan 等[30]通过微气象水平通量积分法在秋季 4d 监测新西兰奶牛场污水贮存池,测得该场 CH_4 排放通量范围为 0.2~0.7g/(m^2·d),远低于本研究.然而他们监测期间秋季污水贮存量较少,而本研究监测的氧化塘污水基本处于满塘状态,贮存深度较高,更多的贮水量可能促使氧化塘产生更多的 CH_4 排放.本研究通过多点监测,首次报道华北地区秋冬季氧化塘 CH_4 排放通量情况,填补了区域数据空白.

2.2.2 水质因子分析 相关性分析表明(图 3),CH_4 排放通量与乙酸(AcOH)浓度成极显著正相关(r=0.74, P<0.01),与 pH 值呈现极显著负相关(r=−0.70, P<0.01).VS、COD、DOC 均与 CH_4 排放通量无显著相关性.乙酸相较于 VS、COD、DOC 对于 CH_4 排放的影响更为直接,因为乙酸是产甲烷古菌可直接利用的底物.VS、COD、DOC 与乙酸无显著相关性(p>0.05),可能是因为这些指标是表示有机质的综合指标,不能直接表征乙酸等重要前体的浓度.

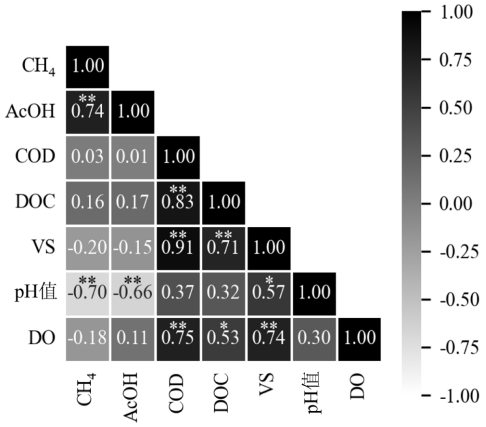


图 3 氧化塘 CH_4 排放通量及影响因素相关性

Fig.3 Correlations between CH_4emission fluxes and influencing factors in slurry lagoons

*, P<0.05; **, P<0.01

本研究中 pH 值与 CH_4 呈负相关,这可能是在碱性区间内,随着 pH 值逐渐升高,产 CH_4 活性受负面影响.Lay 等[31]探究 pH 值对高固体污泥消化过程 CH_4 产量的影响时发现,pH 值为 8.7 条件下的相对产 CH_4 活性仅达到 pH 值为 7 时的 36%;pH 值升高可能导致细胞中游离氨(FA)浓度上升,进而导致产甲烷过程依赖的乙酸激酶(ACK)和辅酶 M(CoM)失活,最终导致 CH_4 生成的抑制[32].本研究中 TMT_L3 的 pH 值最高同时乙酸浓度也比较低,因此不利于产甲烷过程最终导致 CH_4 排放较低.CP_L1 的 pH 值为 7.5 左右,乙酸浓度也最高,提供合适的产 CH_4 环境.尽管氧化塘前端处理工艺不同,但本研究通过相关

性分析发现乙酸浓度和 pH 值仍是解释 CH_4 排放差异的关联水质因子.

2.2.3　CH_4 排放日变化　在水质相对稳定的单季短期条件下,污水贮存中 CH_4 的瞬时排放量受到气温的一定影响.以 TMT_L3 氧化塘为例,如图 4 所示,0:00~6:00 气温逐渐降低,CH_4 排放通量随之下降;6:00~15:00 气温上升,CH_4 排放通量同步上升.CH_4 排放通量在 6:00~9:00 时最低(153mg/(m^2·h)),此时平均气温在 3℃;在 12:00~15:00 时最高(210mg/(m^2·h)),此时平均气温在 15℃.气温与 CH_4 排放通量呈显著正相关(r=0.83,P<0.05).而在监测期间,氧化塘平均水温为 10℃,日内基本无变化.此外,对于 CH_4 的日排放规律, Baldé 等[8]及 Leytem 等[6]均报道了氧化塘的 CH_4 排放可能会在清晨出现 CH_4 排放峰值,归因于氧化塘表层气泡的生成与释放.但在本试验监测期内,TMT_L3 始终未出现明显的气泡现象,因而并未出现清晨排放峰值.

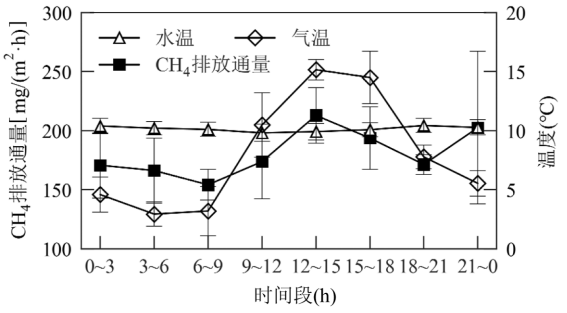


图 4　TMT_ L3 氧化塘监测期间内 3h 平均 CH_4 排放通量及温度日变化(3d 平均值)

Fig.4　Diurnal variation of 3−h mean CH_4 flux and temperature in TMT_L3 (3d average)

2.3　微生物学分析

2.3.1　*mcrA* 与 *pmoA* 关键基因分析　规模化养殖场氧化塘水体中产甲烷微生物数量均高于甲烷氧化微生物数量(图 5).水体中的 *mcrA* 基因丰度比 *pmoA* 高 1~2 个数量级.*mcrA* 基因丰度高于 *pmoA*,一定程度能说明氧化塘中产甲烷潜力高于甲烷氧化潜力.在好氧水体中,甲烷氧化微生物广泛存在.Bideree−Petit 等[33]发现在湖泊 20~63m 好氧区间中,*pmoA* 基因广泛存在,*mcrA* 基因无法检测到;活跃的产甲烷群落仅存在于近 70m 深的厌氧沉积物中.反观本试验的氧化塘水体 DO 在 0.2mg/L 及以下,整体呈现厌氧环境特征,这样的条件并不适宜 CH_4 氧化微生物生存,由此可推测水体中的 CH_4 氧化过程相对较弱.此外,Zhang 等[34]研究发现在 45d 的厌氧消化过程中,厌氧消化液中 *mcrA* 基因在 5.68×10^6~4.28×10^9copies/mL 之间.氧化塘中 *mcrA* 基因丰度(1.9×10^7~4.4×10^8copies/mL)与厌氧消化液相当,且同样具备厌氧环境,一定程度上说明氧化塘污水具有较大的 CH_4 产生潜力;同时相较厌氧消化器,氧化塘的开放状态致使氧化塘产生大量的 CH_4 排放.

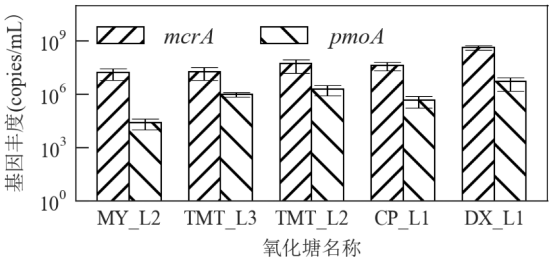


图 5　氧化塘 *mcrA* 和 *pmoA* 拷贝数

Fig.5　*mcrA* and *pmoA* copy numbers in slurry lagoons

2.3.2　氧化塘产甲烷菌群落结构分析　由图 6(a)可知,MY_L2 的主要组成菌属为 *Methanobrevibacter*(甲烷短芽孢杆菌,34.56%)、*Methanosaeta*(甲烷鬃菌属,25.12%)、*Methanosarcina*(甲烷八叠球菌属,18.96%).TMT_L3 和 TMT_L2 的主要菌属均为 *Methanosarcina*、*Methanosaeta* 和 *Methanosphaera*(甲烷球形菌属).TMT_L3 中各菌属丰度依次为 *Methanosarcina*(30.3%)>*Methanosaeta*(25.0%)>*Methanosphaera*(21.2%);TMT_L2 为 *Methanosarcina*(34.4%)>*Methanosphaera*(24.8%)>*Methanosaeta*(17.1%).CP_L1 的主要组成菌属为 *Methanobrevibacter*(41.23%)、*Methanosphaera*(15.91%)和 *Methanocorpusculum*(甲烷粒菌属,12.20%).DX_L1 的主要组成菌属为 *Methanosaeta*(36.91%)、*Methanosarcina*(27.07%)和 *Methanocorpusculum*(11.53%).进一步分析产甲烷古菌的营养型构成(图 6(b)),发现各氧化塘中产甲烷古菌的营养型呈现明显差异.MY_L2 中乙酸营养型(44.08%)与氢营养型(38.73%)的菌群丰度接近均衡分布.TMT_L3、TMT_L2 与 DX_L1 的乙酸营养型的菌群丰度分别为 55.34%、51.50%和 63.98%,为乙酸营养型主导.CP_L1 中氢营养型占比高达 55.64%,而乙酸营养型几乎不存在(1.99%).

乙酸营养型产甲烷菌以乙酸为底物,而氢营养

型产甲烷菌则以 H_2 和 CO_2 作为底物.*Methanosaeta* 和 *Methanosarcina* 同属乙酸营养型产甲烷菌,在监测的 5 个氧化塘中,有 3 个塘(TMT_L3、TMT_L2 与 DX_L1)以这两类菌群为主要产甲烷菌属.低乙酸浓度及低氨氮浓度是 *Methanosaeta* 和 *Methanosarcina* 广泛分布的主要原因.De Vrieze 等[35]研究总结,*Methanosaeta* 需在低浓度乙酸条件下生长,同时 NH_4^+不能太高(<3000mg/L);Lendormi 等[36]的研究表明以新鲜猪粪为原料的厌氧消化器中 *Methanosarcina* 及 *Methanosaeta* 丰度均较低,原因是新鲜猪粪中含有较高的氨及挥发性脂肪酸(VFA)浓度.本试验中 *Methanosaeta* 和 *Methanosarcina* 丰度较高的塘中乙酸浓度较低(111~223mg/L)且总氨氮(TAN)均低于 1000mg/L,并不会抑制 *Methanosaeta* 和 *Methanosarcina* 的乙酸代谢途径.

CP_L1 中氢营养型的 *Methanobrevibacter* 是优势产甲烷古菌;同时,其乙酸含量最高. 该现象可能与产甲烷古菌与细菌之间的群落互作有关.首先,乙酸不完全依赖于乙酸营养型产甲烷菌进行代谢,也可能通过乙酸氧化细菌与氢营养型产甲烷菌的互营合作而代谢.乙酸既可被乙酸型产甲烷菌转化为甲烷,又是部分乙酸氧化细菌的底物,可生成氢营养型产甲烷菌所需的氢气及二氧化碳[37-38];乙酸型产甲烷菌的丰度可能因受到微生物对乙酸的竞争性利用而受限[39-40],这也在一定程度上为氢营养型产甲烷菌成为优势菌群创造了条件.

此外,富集氢营养型产甲烷古菌的 CP_L1 还是 CH_4 排放最高的塘.氢营养型产甲烷途径的标准吉布斯自由能远低于乙酸营养型产甲烷途径[41],更容易产生 CH_4;Ma 等[42]发现氢营养型产甲烷菌富集的南极冰下沉积物在 1,4,12 ℃的产 CH_4 速率分别高于富集乙酸营养型产甲烷菌组的 17.3、8.3 和 1.7 倍,低温下氢营养型产甲烷菌的活性更高.鉴于此,CP_L1 高甲烷排放的原因之一有可能是氢营养型产甲烷菌的富集所致.

2.3.3 氧化塘细菌群落结构分析 在属分类水平对不同氧化塘污水细菌群落结构组成进行分析可知(图 7),氧化塘中细菌优势属的比例与产甲烷营养型途径存在显著关联.乙酸途径菌落主导的氧化塘中,TMT_L3 和 TMT_L2 的主要细菌组成均为 *Paeniclostridium*(索氏梭菌属,28.38%)、*Romboutsia*(罗姆布茨菌属,24.75%)和 *Turicibacter*(苏黎世杆菌属,14.65%).*Paeniclostridium* 可促进纤维素的分解,参与挥发性脂肪酸(VFA)的生成[43-44];*Romboutsia* 与 *Turicibacter* 的主要产物之一是乙酸[45-46],TMT_L3 和 TMT_L2 均存在支持乙酸生产的相关细菌群落,进而支持 CH_4 的产生.DX_L1 的菌属组成较为复杂,其中与甲烷代谢较为密切、丰度较高且已分类的菌群为 *Christensenellaceae R-7group* (克里斯滕森菌科 R-7 群,12.95%)、*Smithella* (史密斯氏菌属,7.12%)和 *Romboutsia*(6.25%).*Christensenellaceae R-7group* 与 *Smithella* 在低温厌氧系统中是长链脂肪酸降解的重要微生物类群之一[47-48].因此,此类塘体共同特征是富集产乙酸菌及复杂有机物降解菌,为乙酸营养型产甲烷菌提供底物基础.

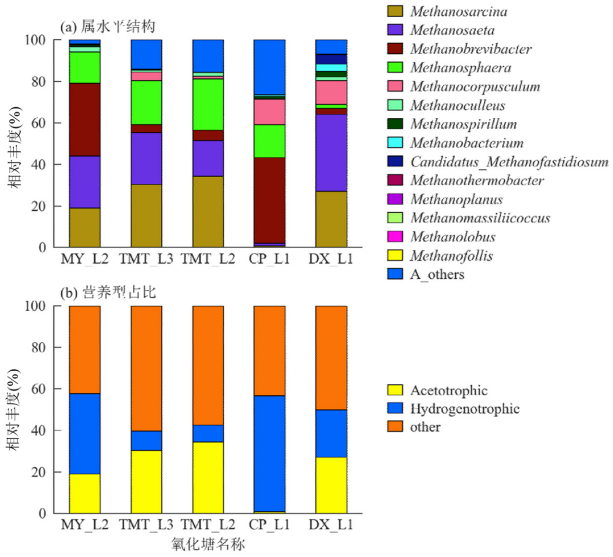


图 6 氧化塘产甲烷古菌组成特征

Fig.6 Methanogenic archaeal composition in slurry lagoons

氢营养途径主导的氧化塘 CP_L1 的细菌优势群落为 *Acinetobacter*(不动杆菌属,29.04%)、*Psychrobacter*(嗜冷杆菌属,17.23%)和 *Synergistaceae*(互养菌科,10.32%). *Methanosaeta* 和 *Methanosarcina* 是仅有的乙酸营养型产甲烷菌.研究发现厌氧膜生物反应器中 *Acinetobacter* 细菌富集时 *Methanosarcina* 未检出,*Methanosaeta* 丰度低[49].前期研究表明 *Acinetobacter* 可以利用乙酸作为其生长的碳源[50-51].CP_L1 的 *Acinetobacter* 细菌为优势属表明其与乙酸途径营养型的产甲烷古菌在乙酸利用方面存在竞争关系,限制乙酸营养型产甲烷古菌

生长.同时 *Synergistaceae*(10.32%)是主要的乙酸氧化菌[52],与乙酸营养型产甲烷菌竞争乙酸底物,也造成该氧化塘主要以氢营养型产甲烷路径为主的 CH_4 生成特征.

乙酸途径与氢营养途径均衡共存的塘 MY_L2 的细菌优势属为 *Clostridium*(55.14%)、*Romboutsia*(17.27%)与 *Turicibacter*(14.24%). *Clostridium* 属是一类革兰氏阳性细菌,可生成丁酸及氢气底物[53].如前文所述,*Romboutsia*(6.78%)和 *Turicibacter*(6.08%)是主要的乙酸生成菌[45-46],为塘内提供乙酸底物.多途径底物供给支撑了乙酸营养型与氢营养型产甲烷菌的均衡发展.

综上,细菌群落通过三类生态功能调控产甲烷路径,一是乙酸营养型产甲烷菌主导塘中产乙酸菌与复杂有机物降解菌协同提供乙酸底物;二是氢营养型产甲烷菌主导塘中乙酸消耗菌竞争限制乙酸营养型产甲烷菌;三是均衡共存塘中多功能发酵菌同步供应乙酸与 H_2/CO_2.

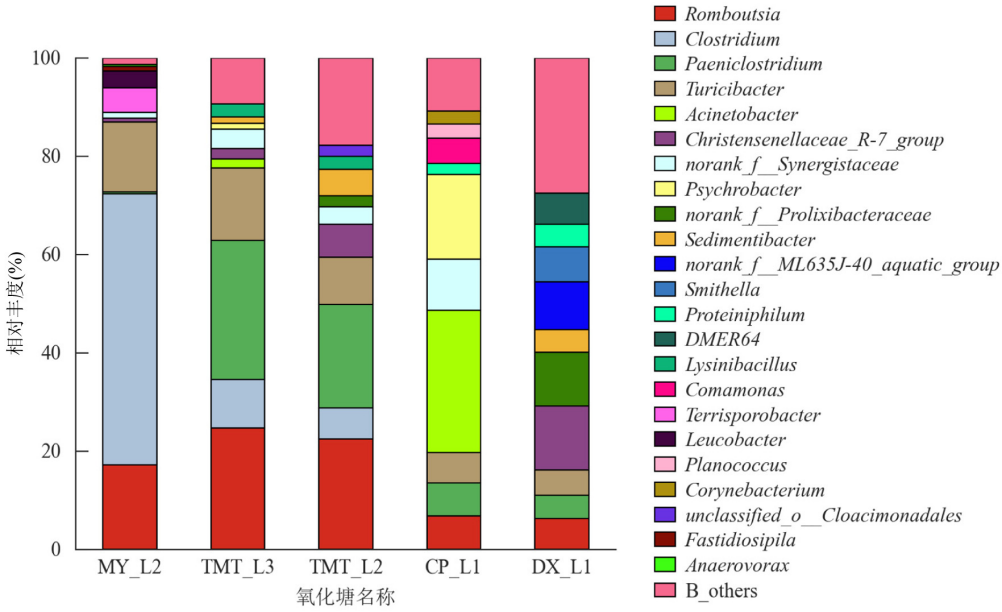


图 7　氧化塘细菌属水平群落结构

Fig.7　Genus-level bacterial community structure in slurry lagoons

2.3.4　氧化塘微生物群落与 CH_4 排放关联　利用 Mantel 检验分析微生物群落的差异是否与 CH_4 排放的变异存在显著关联,及水质参数的差异是否与微生物的变异存在显著关联.检验结果表明(图 8),乙酸营养型产甲烷菌群落与 CH_4 排放呈显著相关(P<0.05).一方面,自然界中约三分之二的生物产甲烷源于乙酸营养型产甲烷菌[54],表明其在产甲烷过程中占据主导地位,因此乙酸营养型产甲烷菌群落结构的变化对 CH_4 排放具有重要影响.另一方面,本研究中乙酸营养型产甲烷菌与乙酸呈显著相关(P<0.05),同时前文结果显示乙酸与 CH_4 排放存在极显著强正相关(r=0.74, P<0.01),表明乙酸是驱动乙酸营养型产甲烷菌群落结构演变的关键因素,并直接调控 CH_4 排放量.现有研究指出,由于不同乙酸营养型产甲烷菌的最大比生长速率(μ_{max})和半饱和系数(K_s)存在差异,其对乙酸浓度的适应性和代谢效率各异[55];这种菌株间的特性差异进一步改变群落整体的乙酸代谢速率,并最终影响 CH_4 生成量.细菌群落结构也与 CH_4 排放量之间呈现极显著相关性(P<0.01),这可能归因于 5 个不同氧化塘之间的水质差异(COD、DOC、VS 和 pH 值)导致细菌群落结构的极显著差异(P<0.01),从而影响细菌群落的生态功能,并进一步调控乙酸、氢气及 CO_2 的产生与消耗,最终影响 CH_4 排放.因此,在氧化塘微生物群落中,细菌与乙酸营养型产甲烷菌群落结构的变化对甲烷排放有重要的影响.本文探讨了菌群-乙酸-甲烷排放之间的关系,深化了对氧化塘中微生物驱动甲烷排放机制的理解;建议通过 pH 值调控技术或降低乙酸浓度等来减少氧化塘甲烷排放,为制定针对性的甲烷减排策略提供了理论依据.后续研究应选择代表性场点开展长期系统监测,以更精确地揭示氧

化塘 CH_4 排放的微生物学机制.

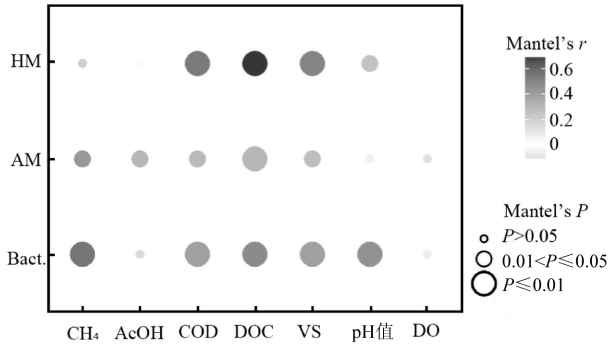


图 8 氧化塘微生物群落与 CH_4 排放 Mantel 检验

Fig.8 Mantel test between microbial communities and CH_4 emissions in slurry lagoons

HM:氢营养型产甲烷菌 AM:乙酸营养型产甲烷菌 Bact.:细菌

3 结论

3.1 氧化塘 CH_4 排放通量范围为 4.3~99.8g/(m^2·d).密云猪场二级氧化塘低排放的原因是有机质在畜舍水泡粪系统及前端黑膜沼气池中充分降解,说明合理的氧化塘前端处理工艺能够降低氧化塘中的有机质负荷从而减少氧化塘 CH_4 排放.

3.2 CH_4 排放通量与乙酸浓度呈极显著正相关(r=0.74, P<0.01),与 pH 值呈现极显著负相关(r=−0.70, P<0.01);CH_4 日内的排放通量变化与气温呈显著正相关(r=0.83,P<0.05).氧化塘内产甲烷菌丰度是甲烷氧化菌的 1~2 个数量级,结合氧化塘开放式管理,致使该设施具有较大的 CH_4 排放潜力.

3.3 乙酸营养型产甲烷菌 *Methanosarcina* 与 *Methanosaeta* 在多数塘均具有较高丰度,这类塘中富集产乙酸细菌及复杂有机物降解菌,为乙酸营养型产甲烷菌提供底物基础;氢营养型产甲烷菌主导塘中乙酸消耗菌竞争限制乙酸营养型产甲烷菌;乙酸营养型产甲烷菌与氢营养型产甲烷菌均衡共存塘中多功能发酵菌同步供应乙酸与 H_2/CO_2.

3.4 塘中乙酸营养型产甲烷菌(P<0.05)与细菌(P<0.01)群落结构变化对 CH_4 排放变化有重要影响.乙酸浓度的变化是驱动乙酸营养型产甲烷菌群落结构演变的关键因素,并直接调控甲烷排放量.

参考文献:

[1] Shindell D, Ravishankara A R, Kuylenstierna J C I, et al. Global methane assessment: benefits and costs of mitigating methane emissions [R]. Nairobi. United Nations Environment Programme, 2021.

[2] Baral K R, Jégo G, Amon B, et al. Greenhouse gas emissions during storage of manure and digestates: key role of methane for prediction and mitigation [J]. Agricultural Systems, 2018,166:26−35.

[3] Li J, Yang W, Liu L, et al. Development and environmental impacts of China's livestock and poultry breeding [J]. Journal of Cleaner Production, 2022,371:133586.

[4] 中华人民共和国生态环境部.甲烷排放控制行动方案 [Z]. 2023.
Ministry of Ecology and Environment of the People's Republic of China. Methane emissions control action plan [Z]. 2023.

[5] Sharpe R R, Harper L A, Byers F M. Methane emissions from swine lagoons in southeastern US [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2002,90(1):17−24.

[6] Leytem A B, Bjorneberg D L, Koehn A C, et al. Methane emissions from dairy lagoons in the western United States [J]. Journal of Dairy Science, 2017,100(8):6785−6803.

[7] Borhan M S, Capareda S, Mukhtar S, et al. Greenhouse gas emissions from ground level area sources in dairy and cattle feedyard operations [J]. Journal of the Air & Waste Management Association, 2011,61(7):786−795.

[8] Baldé H, VanderZaag A C, Burtt S, et al. Measured versus modeled methane emissions from separated liquid dairy manure show large model underestimates [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2016,230:261−270.

[9] 高新星,赵立欣.规模化猪场甲烷排放通量测量与分析 [J]. 农业工程学报, 2006,22(S1):248−252.
Gao X X, Zhao L X. Measurement and analysis of methane flux emitted from animal manure lagoon of livestock farm [J]. Transactions of the CSAE, 2006,22(Suppl 1):248−252.

[10] 李 娜,董红敏,朱志平,等.夏季猪场污水贮存过程中 CO_2、CH_4 排放试验 [J]. 农业工程学报, 2008,24(9):234−238.
Li N, Dong H M, Zhu Z P, et al. Carbon dioxide and methane emissions from slurry storage on a swine farm in summer [J]. Transactions of the CSAE, 2008,24(9):234−238.

[11] Qi X, Wu S, Wang Z, et al. Seasonal and daily emissions of methane and carbon dioxide from a pig wastewater storage system and the use of artificial vermiculite crusts [J]. Biosystems Engineering, 2015,131:15−22.

[12] Upadhyay P, Prajapati S K, Kumar A. Impacts of riverine pollution on greenhouse gas emissions: a comprehensive review [J]. Ecological Indicators, 2023,154:110649.

[13] Li L, Xue B. Methane emissions from northern lakes under climate change: a review [J]. SN Applied Sciences, 2021,3(12):883−883.

[14] Intergovernmental Panel on Climate Change. 2019refinement to the 2006IPCC guidelines for national greenhouse gas inventories. volume 4 [M]. 2019.

[15] Bryant M P, Varel V H, Frobish R A, et al. Biological potential of thermophilic methanogenesis from cattle wastes [M]//Microbial energy conversion. Pergamon, 1977:347−359.

[16] Mangino J, Bartram D, Brazy A. Development of a methane conversion factor to estimate emissions from animal waste lagoons

[C]//US EPA's 17th annual emission inventory conference. Atlanta, 2001:14.

[17] Pedizzi C, Regueiro L, Rodriguez-Verde I, et al. Effect of oxygen on the microbial activities of thermophilic anaerobic biomass [J]. Bioresource Technology, 2016,211:765-768.

[18] Lindau C W, Bollich P K, DeLaune R D, et al. Methane mitigation in flooded Louisiana rice fields [J]. Biology and Fertility of Soils, 1993,15(3):174-178.

[19] Song M, Shin S G, Hwang S. Methanogenic population dynamics assessed by real-time quantitative PCR in sludge granule in upflow anaerobic sludge blanket treating swine wastewater [J]. Bioresource Technology, 2010,101(1):S23-S28.

[20] Lee J, Hwang S. Single and combined inhibition of Methanosaeta concilii by ammonia, sodium ion and hydrogen sulfide [J]. Bioresource Technology, 2019,281:401-411.

[21] Yuan M, Zhu J, Wang C, et al. Latitudinal distribution of microbial communities in anaerobic biological stabilization ponds: effect of the mean annual temperature [J]. Microbial Biotechnology, 2016,9(6): 834-845.

[22] Zhang S, Ma X, Sun H, et al. Response of semi-continuous anaerobic digestion of food waste to progressively increasing temperature: methanogen community, correlation analysis, and energy balance [J]. Industrial Crops and Products, 2023,192:116066.

[23] 朱志平,董红敏,魏　莎,等.中国畜禽粪便管理变化对温室气体排放的影响 [J]. 农业环境科学学报, 2020,39(4):743-748.
Zhu Z P, Dong H M, Wei S, et al. Impact of changes in livestock manure management on greenhouse gas emissions in China [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2020,39(4):743-748.

[24] Dong H, Kang G, Zhu Z, et al. Ammonia, methane, and carbon dioxide concentrations and emissions of a hoop grower-finisher swine barn [J]. Transactions of the ASABE, 2009,52(5):1741-1747.

[25] Safley L M, Westerman P W. Performance of a dairy manure anaerobic lagoon [J]. Bioresource Technology, 1992,42(1):43-52.

[26] 黄　峰,史金才,冯文谦,等.猪场清粪工艺模式的综合比较分析 [J]. 农业环境科学学报, 2021,40(11):2330-2334.
Huang F, Shi J C, Feng W Q, et al. Comparative analysis of manure cleaning techniques in pig farms [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2021,40(11):2330-2334.

[27] Genedy R, Ogejo J. Dairy manure temperature dynamics during storage [C]//2020ASABE annual international virtual meeting, July 13-15, 2020. American Society of Agricultural and Biological Engineers, 2020.

[28] Leytem A B, Dungan R S, Bjorneberg D L, et al. Emissions of ammonia, methane, carbon dioxide, and nitrous oxide from dairy cattle housing and manure management systems [J]. Journal of Environmental Quality, 2011,40(5):1383-1394.

[29] 崔晓东,任　康,朱法江,等.夏季奶牛场污水覆膜存储池温室气体排放分析 [J]. 农业工程学报, 2018,34(9):210-215.
Cui X D, Ren K, Zhu F J, et al. Greenhouse gas emission from covered wastewater storage tank on a dairy farm in summer [J]. Transactions of the CSAE, 2018,34(9):210-215.

[30] Khan R Z, Sommer S G, Muller C. Micrometeorological mass balance technique for measuring CH_4 emission from stored cattle slurry [J]. Biology and Fertility of Soils, 1997,24(4):442-444.

[31] Lay J J, Li Y Y, Noike T. Influences of pH and moisture content on the methane production in high-solids sludge digestion [J]. Water Research, 1997,31(6):1518-1524.

[32] Qiu S, Zhang X, Xia W, et al. Effect of extreme pH conditions on methanogenesis: methanogen metabolism and community structure [J]. Science of the Total Environment, 2023,877:162702.

[33] Biderre-Petit C, Jézéquel D, Dugat-Bony E, et al. Identification of microbial communities involved in the methane cycle of a freshwater meromictic lake: methane cycle in a stratified freshwater ecosystem [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011,77(3):533-545.

[34] Zhang X, Gu J, Wang X, et al. Effects of tylosin, ciprofloxacin, and sulfadimidine on mcrA gene abundance and the methanogen community during anaerobic digestion of cattle manure [J]. Chemosphere, 2019,221:81-88.

[35] De Vrieze J, Hennebel T, Boon N, et al. Methanosarcina: the rediscovered methanogen for heavy duty biomethanation [J]. Bioresource Technology, 2012,112:1-9.

[36] Lendormi T, Jaziri K, Béline F, et al. Methane production and microbial community acclimation of five manure inocula during psychrophilic anaerobic digestion of swine manure [J]. Journal of Cleaner Production, 2022,340:130772.

[37] Demirel B, Scherer P. The roles of acetotrophic and hydrogenotrophic methanogens during anaerobic conversion of biomass to methane: a review [J]. Reviews in Environmental Science and Bio/Technology, 2008,7(2):173-190.

[38] Pan X, Zhao L, Li C, et al. Deep insights into the network of acetate metabolism in anaerobic digestion: focusing on syntrophic acetate oxidation and homoacetogenesis [J]. Water Research, 2021,190: 116774.

[39] Hao L P, Lü F, He P J, et al. Predominant contribution of syntrophic acetate oxidation to thermophilic methane formation at high acetate concentrations [J]. Environmental Science & Technology, 2011,45(2): 508-513.

[40] Liu Y, Chen L, Duan Y, et al. Recent progress and prospects for chain elongation of transforming biomass waste into medium-chain fatty acids [J]. Chemosphere, 2024,355:141823.

[41] 李　彤,丁立飞,魏文欣,等.太湖沉积物产甲烷速率时空变化与影响因素 [J]. 中国环境科学, 2025,45(1):519-527.
Li T, Ding L F, Wei W X, et al. Temporal and spatial variations of sediment methane production rates and their influencing factors in Lake Taihu [J]. China Environmental Science, 2025,45(1):519-527.

[42] Ma H, Yan W, Xiao X, et al. Ex situ culturing experiments revealed psychrophilic hydrogenotrophic methanogenesis being the potential dominant methane-producing pathway in subglacial sediment in Larsemann Hills, Antarctica [J]. Frontiers in Microbiology, 2018,9: 237.

[43] Xu W, Wang W, Ma R, et al. Dual mechanism of membrane covering on GHG and NH_3 mitigation during industrial-scale experiment on dairy manure composting: inhibiting formation and blocking emissions [J]. Journal of Environmental Management, 2024,370:122585.

[44] Zhang Z, Zhang R, Ma Y, et al. Improved volatile fatty acid production in anaerobic digestion via simultaneous temperature regulation and

persulfate activation by biochar: chemical and biological response mechanisms [J]. Environmental Research, 2025,264:120271.

[45] Maki J J, Looft T. Turicibacter bilis sp. nov., a novel bacterium isolated from the chicken eggshell and swine ileum [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2022,72(1): 005153.

[46] Gerritsen J, Fuentes S, Grievink W, et al. Characterization of Romboutsia ilealis gen. nov., sp. nov., isolated from the gastro-intestinal tract of a rat, and proposal for the reclassification of five closely related members of the genus Clostridium into the genera Romboutsia gen. nov., Intestinibacter gen. nov., Terrisporobacter gen. nov. and Asaccharospora gen. nov. [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2014,64(5):1600-1616.

[47] Liu Y C, Ramiro-Garcia J, O'Connor S, et al. Microbial community response to temperature reduction during anaerobic treatment of long chain fatty acids-containing wastewater [J]. Bioresource Technology, 2024,413:131529.

[48] Singh S, Keating C, Ijaz U Z, et al. Molecular insights informing factors affecting low temperature anaerobic applications: diversity, collated core microbiomes and complexity stability relationships in LCFA-fed systems [J]. Science of the Total Environment, 2023,874: 162420.

[49] Le T S, Bui X T, Nguyen P D, et al. Bacterial community composition in a two-stage anaerobic membrane bioreactor for co-digestion of food waste and food court wastewater [J]. Bioresource Technology, 2024,391:129925.

[50] Towner K J. The genus Acinetobacter [M]//Balows A, Trüper H G, Dworkin M, et al. The Prokaryotes. New York, NY: Springer New York, 1992:3137-3143.

[51] Ren X, Palmer L D. Acinetobacter metabolism in infection and antimicrobial resistance [J]. Infection and Immunity, 2023,91(6): e00433-22.

[52] Meng X, Cao Q, Sun Y, et al. 16S rRNA genes- and metagenome-based confirmation of syntrophic butyrate-oxidizing methanogenesis enriched in high butyrate loading [J]. Bioresource Technology, 2022, 345:126483.

[53] Detter J C. Clostridium: unveiling the versatile world of anaerobic bacteria [J]. Journal of Bacteriology and Infectious Diseases, 2023, 7(5):164.

[54] Liu Y, Whitman W B. Metabolic, phylogenetic, and ecological diversity of the methanogenic archaea [J]. Annals of the New York Academy of Sciences, 2008,1125(1):171-189.

[55] Conklin A, Stensel H D, Ferguson J. Growth kinetics and competition between Methanosarcina and Methanosaeta in mesophilic anaerobic digestion [J]. Water Environment Research, 2006,78(5):486-496.

作者简介：张浩锐(2000-),男,广东汕头人,中国农业科学院硕士研究生,主要研究方向为畜牧环境气体排放.HR_keepmoving@163.com.