

污水管道沉积物-水界面温室气体产生与释放驱动机制

马玉莹, 杨丽航, 刘文宗*

(哈尔滨工业大学(深圳)生态环境学院 深圳市有机物污染防控重点实验室, 广东 深圳 518055)

摘要: 城市污水管道是温室气体排放的主要来源之一。由于城市不同区域管网水质条件复杂且差异显著, 当前对管网温室气体排放特征的研究仍显不足。此外, 沉积物与水界面的动态过程及其驱动机制对温室气体的生成和释放至关重要。于 2024 年 11—12 月期间, 采集了深圳市多个典型污水管道的沉积物及上覆水样品, 结合水质分析、溶解性温室气体测定及微生物功能基因分析, 系统研究了界面处温室气体的产生与释放规律。研究结果揭示, 溶解性甲烷的变化未能实时反映水质的变化, 沉积物-水界面的传质过程对甲烷和二氧化碳的产生与释放表现出显著的差异, 进而影响了管网中温室气体的组成与分布变化。微生物分析结果表明, 有机负荷通过影响微生物群落结构, 从而调控碳代谢路径。功能基因丰度及群落互作关系揭示了微生物群落中的互营-竞争稳态特征及其对 CH_4 与 CO_2 的碳流动影响。研究结果为深入理解污水管道温室气体排放机制提供了重要依据。

关键词: 污水管道; 沉积物; 微生物群落; 功能基因; 温室气体

中图分类号: X831

文献标识码: A

Driving Mechanisms of Greenhouse Gas Production and Emission at the Sediment-Water Interface in Sewer Pipelines

MA Yuying, YANG Lihang, LIU Wenzong*

(Shenzhen Key Laboratory of Organic Pollution Prevention and Control, School of Eco Environment, Harbin Institute of Technology (Shenzhen), Shenzhen 518055, China)

Abstract: Urban sewage pipelines are significant sources of greenhouse gas (GHG) emissions. However, the mechanisms underlying GHG production and release at the sediment-water interface, particularly in real-world sewage networks characterized by highly variable water quality, remain under-researched. This study aims to clarify the dynamic patterns and driving mechanisms of these processes. From November to December 2024, sediment and overlying water samples were collected from representative sewage pipelines in Shenzhen. A comprehensive approach was adopted, incorporating water quality analysis, headspace gas chromatography measurements of dissolved GHGs (CH_4 , CO_2 , N_2O), 16S rRNA gene amplicon sequencing, and quantitative PCR, to systematically investigate the physicochemical and microbial processes at the sediment-water interface. The results showed that the dissolved methane (CH_4) concentration did not respond immediately to changes in water quality, exhibiting significant metabolic lag effects. This indicates that CH_4 production and release at the sediment-water interface follow a delayed response to environmental changes. In contrast, the generation of dissolved carbon dioxide (CO_2) showed distinct patterns: in the overlying water, CO_2

收稿日期: 2025-09-16

修回日期: 2025-12-08

接受日期: 2025-12-10

DOI: 10.20078/j.eep.20251208

基金项目: 深圳市有机物污染防控重点实验室资助项目(SYSPG20241211173609007); 深圳市重点资助项目(JCYJ20241202123900001)

第一作者: 马玉莹(1996—), 女, 吉林长春人, 硕士研究生, 主要研究方向为污水管道碳排放。E-mail: 842087455@qq.com

*通讯作者: 刘文宗(1983—), 男, 山东泰安人, 教授, 主要研究方向为污水处理资源化与碳减排。E-mail: liuwenzong@hit.edu.cn

was positively correlated with several water quality indicators, such as chemical oxygen demand (COD), volatile fatty acids (VFAs), and nitrogen compounds, suggesting that its source is linked to various microbial and biochemical processes. In the sediment, CO₂ was primarily associated with COD and VFAs, indicating production mainly through fermentation. Nitrous oxide (N₂O) was detected only in pipeline sections with relatively higher dissolved oxygen (DO) levels, confirming that DO is a critical environmental factor governing the types of greenhouse gases produced. Microbial analysis further highlighted that organic load is a central factor driving the differentiation of microbial community structure and the distribution of carbon metabolism pathways. High organic load conditions favored the enrichment of microbial communities specializing in the degradation of large organic molecules, with representative genera such as *Syntrophorhabdus*, leading to increased carbon flow toward CO₂ production. Under moderate organic load conditions, microbial communities that utilize small-molecule substrates, including genera like *Lactivibrio*, became more abundant. These communities showed a significant positive correlation with the abundance of the methane-producing gene *mcrA-1*, which is associated with increased CH₄ emissions in the overlying water. The microbial communities appear to regulate the balance of CH₄ and CO₂ emissions through a "synergy-competition steady-state" mechanism. This dynamic regulation is influenced by both the type and amount of organic matter present in the system. Finally, daily dynamic monitoring of GHG emission fluxes further confirmed that microbial community function plays a crucial role in regulating the timing and magnitude of greenhouse gas emissions.

Keywords: Sewage pipeline; Sediment; Microbial communities; Functional genes; Greenhouse gas

0 引 言

为应对全球气候变暖和极端天气频发的挑战,2015年《巴黎协定》明确提出将全球温升控制在社会工业化前水平2℃以内,并努力限制在1.5℃以内。作为积极响应,我国承诺于2030年前实现碳达峰、2060年前实现碳中和。随着城市化进程加快和污水处理量不断增加^[1],对城市排水系统温室气体产生和排放的认识越来越迫切。污水中的有机物在管道输运过程中发生多种生物反应,显著促进了甲烷(CH₄)、二氧化碳(CO₂)和氧化亚氮(N₂O)等温室气体的产生,其整体产排体量与污水处理厂碳排放量相当。例如,西安市城区37 km市政管网每日CO₂和CH₄排放量高达199 t^[2];上海市某居民污水管中CH₄平均浓度达到(10.52 ± 9.39)mg/L^[3]。

目前,针对污水管道温室气体的研究主要集中于沿程排放规律与量化分析。例如,SHORT等^[4]对澳大利亚污水处理厂进水口的CH₄浓度进行了监测;JIN等^[2]研究了西安市不同功能区和管段中有机物及CH₄、CO₂的分布特征。在生物转

化机制方面,现有研究主要聚焦于生物膜的作用。例如,XU等^[5]通过重力流模拟管道分析了生物膜结构与组成。然而,沉积物作为微生物富集的重要场所,其CH₄排放量与管壁生物膜CH₄排放量相当^[6],却尚未得到充分关注^[7]。尤其是沉积物-上覆水界面区域的传质过程,以及该过程对水力条件变化的响应机制尚不明确。由于居民生活作息污水流量呈现显著的昼夜波动,这种动态条件对沉积物-水界面温室气体产生与释放的影响,亟待深入探讨。

基于此,本研究通过实地采集深圳市典型污水管道沉积物及上覆水样品,系统解析沉积物-水界面温室气体的产生与释放机制。重点在于揭示溶解性CH₄与CO₂在沉积物-上覆水剖面中的空间分异规律及其对水质变化的差异化响应;进而通过微生物功能基因与群落结构分析,阐明有机负荷如何驱动微生物群落形成互营-竞争稳态,从而调控CH₄与CO₂之间的碳代谢路径分流;同时,结合上覆水温室气体浓度的日动态监测,揭示其与污染物输入时序的耦合关系。本研究旨在为污水系统碳排放的精准核算与减排策略制定提供

数据与理论支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区域及样本采集

本研究在深圳市龙岗区选取 5 段污水管道作为采样点(编号 S1~S5)。所有采样工作于 2024 年 11—12 月期间进行,并确保采样当日及此前 24~72 h 内无降雨,以排除降雨对管道流态与水质的干扰。使用采样铲采集沉积物样品,并于采样日 8:00~21:00 期间,每隔 2~3 h 采集 1 次沉积物上

覆水样品。采样点污水来源多样,包括生活污水、餐饮废水、农产品加工废水、塑料制品工业废水及公建排放污水,各点位基本情况见表 1。样品采集后立即送至实验室进行水质指标分析。沉积物样品分为 2 份:一份用于制备渗滤液以分析水质;另一份样品于-80 ℃ 冷冻保存,用于后续高通量测序。为深入探究 N₂O 排放机制,本研究同步在深圳市南山区深圳大学城南门出口及其上游 5 个点位(编号 C1~C5)采集水样,用于不同溶解氧(DO)水平下 N₂O 浓度的测定分析。

表 1 样本点基本情况
Table 1 Basic information of sampling sites

编号	管道直径/mm	污水性质	经纬度E.N
S1	400	农业加工废水、少量生活污水	114.280 0, 22.725 2
S2	400	塑料制品工业废水	114.280 5, 22.725 1
S3	400	生活污水	114.282 3, 22.725 1
S4	400	餐饮废水、生活污水	114.281 6, 22.725 7
S5	600	公建污水、生活污水	114.285 2, 22.714 6

1.2 样本分析

水质指标测定中,DO 和水温使用便携式溶解氧测定仪(雷磁 JPB-607A,中国)现场测定,pH 使用笔式 pH 计(雷磁 PH-30,中国)现场测量。沉积物渗滤液制备流程如下:称取适量沉积物样品置于离心管中,以转速 10 000 r/min 离心 15 min 实现固液分离,吸取上清液经 0.45 μm 微孔滤膜过滤,所得滤液立即测定化学指标,以避免组分变化。上覆水样品同样经 0.45 μm 滤膜过滤后进行分析。

化学指标测定采用如下方法:化学需氧量(COD)、挥发性脂肪酸(VFA)、NO₃⁻、NO₂⁻及 NH₄⁺-N 浓度使用哈希 DR6000 分光光度计测定;SO₄²⁻ 浓度采用离子色谱法(盛翰 CIC-100,中国)测定;总有机碳(TOC)和总氮(TN)使用德国耶拿 N/C 2100S 总有机碳分析仪测定,测试前样品经超纯水稀释至线性范围内,并经 0.22 μm 滤膜过滤。溶解态 CH₄、CO₂ 和 N₂O 浓度采用顶空气相色谱法测定,将样品注入真空玻璃采血瓶,经充分摇晃后静置过夜,待气液两相达到平衡;随后使用配备火焰离子化检测器(FID)的气相色谱仪(GC)测定顶空气体中各目标气体分压;最后依据质量平衡原理和亨利定律计算样品中溶解态气体浓度。

微生物群落分析委托广东美格基因科技有限

公司进行。本研究整合 16S rRNA 基因扩增子测序与定量 PCR(qPCR)技术,系统解析沉积物微生物群落结构及功能菌群丰度。通过 16S rRNA 基因测序分析细菌和古菌的相对丰度与群落组成;利用 qPCR 对碳、氮、硫循环关键功能基因进行绝对定量,靶基因包括如下:氨氧化功能基因(*AOA-amoA*^[8]、*AOB-amoA*^[9])、反硝化功能基因(*nirS*^[10]、*nirK*^[11])、产甲烷功能基因(*mcrA*^[12])、甲烷氧化功能基因(*pmoA*^[13])及硫酸盐还原功能基因(*dsrA*^[14]、*apsA*^[15])。

1.3 数据处理

利用 SPSS20 对沉积物的理化性质进行差异性分析。统计图采用 Origin 2021 软件绘制。通过 R 语言进行 Mantel test 分析。微生物数据结果在美格在线云平台进行交互分析。

2 结果与讨论

2.1 沉积物-水界面中污染物与温室气体的空间共分异特征

如图 1 所示,不同点位水质特征存在显著差异。塑料加工废水(S2)的 COD 日均浓度最高,达 1 630 mg/L,公建污水(S5)有机物浓度最低,仅为 105 mg/L,表明污水水质明显受汇水区用地功能影响。在 CH₄ 分布方面,上覆水(W)中溶解性

甲烷(WCH_4)与沉积物渗滤液(S)中溶解性甲烷(SCH_4)呈负相关关系(皮尔逊相关系数 $r=-0.818$, 显著性 $P=0.091$),这可能是甲烷生成位于厌氧发酵链末端,其产生存在代谢滞后性,营养物质与气体在剖面上的传质亦存在延迟,导致溶解性甲烷无法实时反映水质变化。从溶解性有机物赋存浓度来看,沉积物中有机物浓度普遍低于上覆水,WVFA 平均值(227.5 mg/L)约为 SVEA 平均值(8.8 mg/L)的 26 倍。仅餐饮废水管网 S4 点有机

物浓度与其他管网样点不一致,说明在管网有限停留时间内,污水中溶解性有机碳普遍没有被微生物快速降解^[16]。相关研究表明,63.1%~74.9%的管道输入碳源被用于沉积物中微生物的自身生长^[17]。进一步,对一段长度为 90 m、无沉积物且沿程无污水汇入的管段进行监测,结果显示其 VFA 降解率低于 1%,其上覆水中溶解性 CH_4 的浓度仅为 0.12 mg/L 。这进一步说明,无沉积物管段中有机物向气体的转化极为有限。

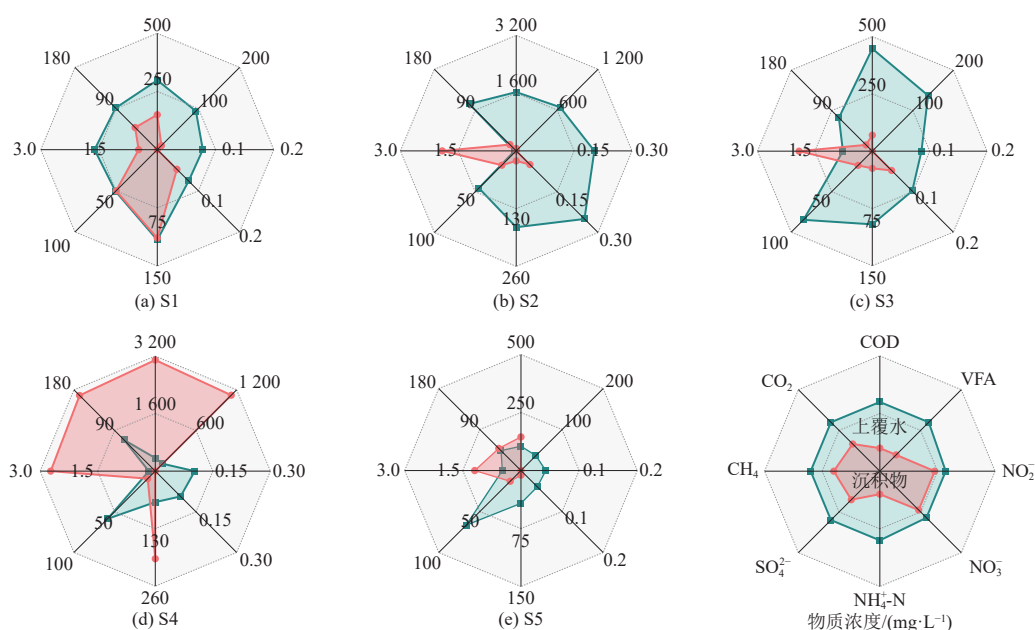


图 1 不同点位上覆水及沉积物渗滤液水质特征

Fig. 1 Characteristics of overlying water and sediment leachate at different sampling sites

研究管网中较为特别的是餐饮废水, S4 沉积物中有机物浓度高于上覆水, SVFA($1\ 120.0 \text{ mg/L}$)约为 WVFA 平均值(108.7 mg/L)的 10.3 倍,其沉积物中 CH_4 、 CO_2 、COD 和 VFA 均显著高于上覆水。研究发现,由于餐饮废水中富含脂类、淀粉和蛋白质等易沉降、易降解的有机颗粒物,其在水流过程中会迅速富集于沉积物中,形成一个高度浓缩的有机基质库。一方面该类型管网沉积物表面覆盖一层明显的油脂层,该层可以隔离空气并形成厌氧环境,有助于 VFA 产生和积累;另一方面可增加有机物转化为甲烷,并降低甲烷扩散和溢出。

与 CH_4 不同, CO_2 的释放表现出显著差异的规律。 SCO_2 与 WCO_2 无显著相关性,但分别与各自介质中的水质指标密切相关: WCO_2 与 WCOD ($r=0.683$, $P<0.001$)、 WVFA ($r=0.660$, $P<0.001$)、 WNO_3^- ($r=0.492$, $P=0.003$)、 WNO_2^- ($r=0.638$, $P<$

0.001)及 WNH_4^+-N ($r=0.638$, $P<0.001$)呈显著正相关; SCO_2 则与 SCOD ($r=0.905$, $P=0.035$)和 SVFA ($r=0.878$, $P=0.050$)显著正相关,该结果表明上覆水与沉积物中 CO_2 的生成分别由不同区域的微生物群落及环境驱动。上覆水中 CO_2 对水质变化的快速响应,说明其主要来源于悬浮微生物代谢,并随水团迁移;相关性结果还显示 WCO_2 兼具发酵、硝酸盐呼吸和普通代谢等多重来源。沉积物中因硝酸盐等离子浓度较低, CO_2 更可能来自发酵过程。此外,所有 W 与 S 样本中均未检测到 N_2O 。

表 2 揭示了 DO 水平对温室气体产生的整体调控作用,本研究监测了一段高氧、无沉积物的管道段(平均 DO 浓度为 4.65 mg/L)。该高氧环境下的温室气体构成与前述厌氧段(平均 DO 浓度为 0.03 mg/L)截然不同:好氧条件下未检出 CH_4 ,表明 DO 对产甲烷过程具有决定性抑制作用;同时, CO_2 与 VFA 仍呈高度正相关($r=0.9$, $P=0.037$),说

明异养好氧代谢对高氧段 CO₂ 的产生具有重要贡献。此外,该段检出低浓度 N₂O(平均 0.004 mg/L),其浓度水平与 SHORT 等^[18] 在类似 DO 条件下的 N₂O 浓度接近,与本研究厌氧段均未检出 N₂O 的现象形成鲜明对比。以往研究多认为 N₂O 是硝化

或反硝化过程的副产物^[19],本研究发现 N₂O 与 CH₄ 分布上的互斥性格局,提示二者可能共同受控于 DO 的调控。综上所述,DO 是调控污水管道温室气体种类与产量的关键环境因子。

表 2 C1~C5 水质参数
Table 2 Water quality parameters of sites C1–C5

采样点	水质参数/(mg·L ⁻¹)							
	COD	VFA	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻	DO	CO ₂	CH ₄	N ₂ O
C1	209.0	36.0	37.4	0.1	3.2	13.8	0	7.0
C2	84.0	15.0	32.3	0.3	5.3	3.5	0	1.2
C3	76.0	19.0	0.4	0	7.0	8.6	0	1.1
C4	252.0	28.0	0.1	0.1	5.5	6.0	0	1.7
C5	206.0	47.6	46.6	0.1	2.2	16.9	0	8.9

2.2 功能基因驱动下产甲烷菌与互营细菌的协同机制

图 2 为各沉积物样本在属水平上(去除“unclassified”和“others”后取相对丰度前 20)的微生物群落热图,以及各点位功能基因的绝对定量结果。总体而言,优势菌群以发酵细菌为主,功能菌如硫酸盐还原菌 *Desulfovulbus* 和产甲烷菌 *Methanosaeta* 占比较小。在功能基因组成方面,产甲烷基因丰度最高,反硝化基因次之。受管道

厌氧环境限制,氨化基因与甲烷氧化基因检出极低,甚至近乎缺失。值得注意的是,不同点位之间功能基因绝对拷贝数总量存在明显差异。其中, S2 点位(塑料工业废水)的基因总量最低。这可能源于其过高的碳氮负荷导致微生物群落结构异常,抑或是工业废水中的特定组分抑制了微生物的功能代谢活性。相比之下,接纳农业加工废水、公建污水及生活污水的 S1、S3 和 S5 采样点,其微生物功能代谢较为活跃,功能基因总丰度较高。

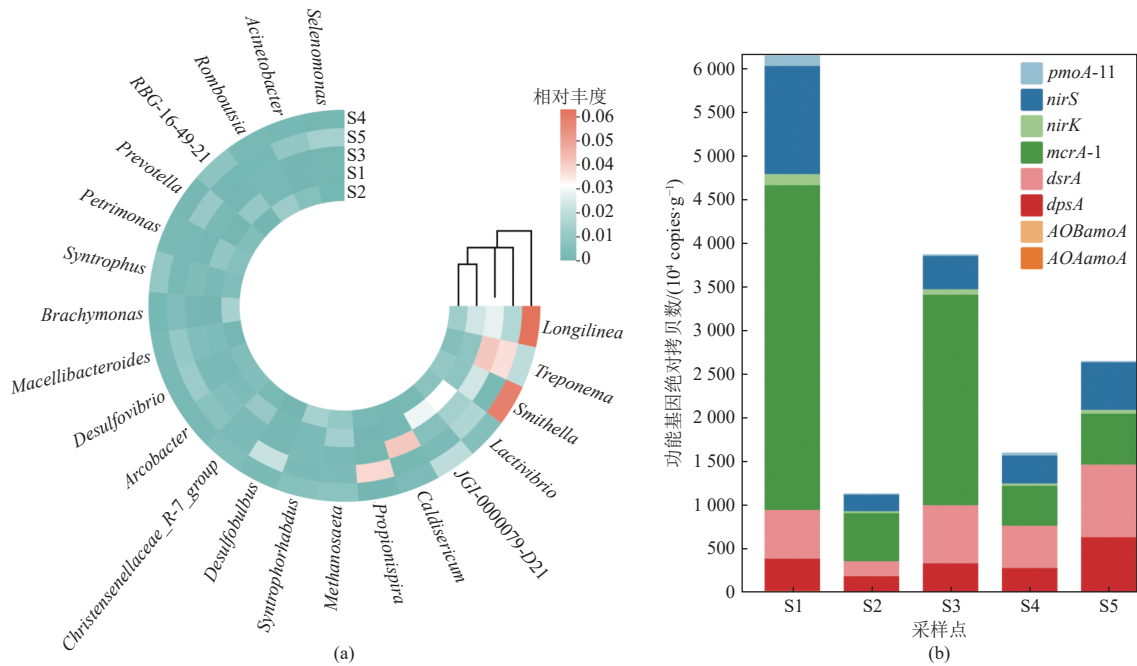


图 2 各采样点沉积物微生物属水平相对丰度(a)与功能基因绝对拷贝数(b)
Fig. 2 Genus-level microbial relative abundance (a) and absolute copy numbers of functional genes (b) in sediments at different sampling sites

为明确污水管道沉积物中产甲烷过程的关键驱动因子,本研究分析了主要产甲烷菌属(*Methanosaeta*, 相对丰度前 20 中唯一产甲烷菌)的相对丰度与功能基因 *mcrA-1* 的绝对拷贝数,及其分别与不同相态 CH_4 的相关性(图 3)。结果表明, SCH_4 、 WCH_4 及总 CH_4 与 *Methanosaeta* 的相

对丰度均无显著相关性,而 *mcrA-1* 基因拷贝数可显著解释 WCH_4 的排放变异($R^2=0.88$)。这说明在该沉积物环境中,产甲烷功能潜能比单一菌属的相对丰度更能有效反映实际产甲烷活性,提示产甲烷过程可能由功能基因主导,且物种之间存在功能冗余或复杂的协作关系。

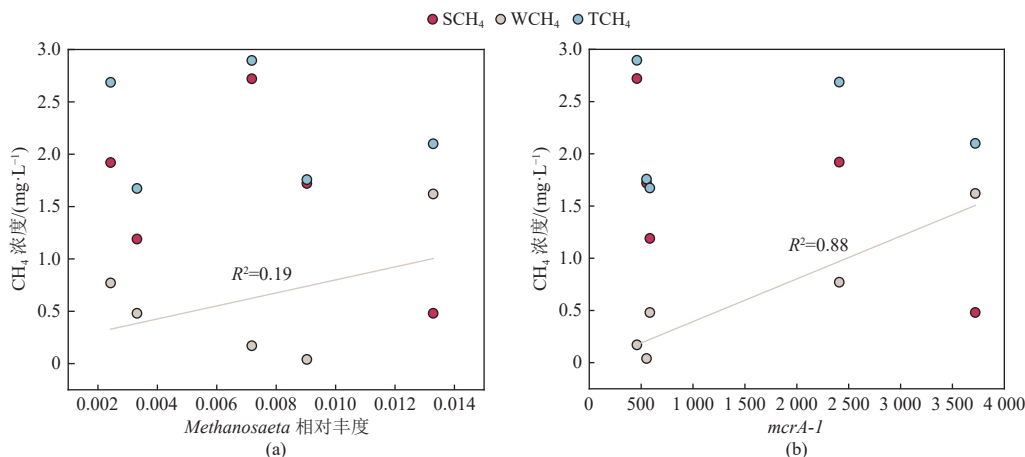
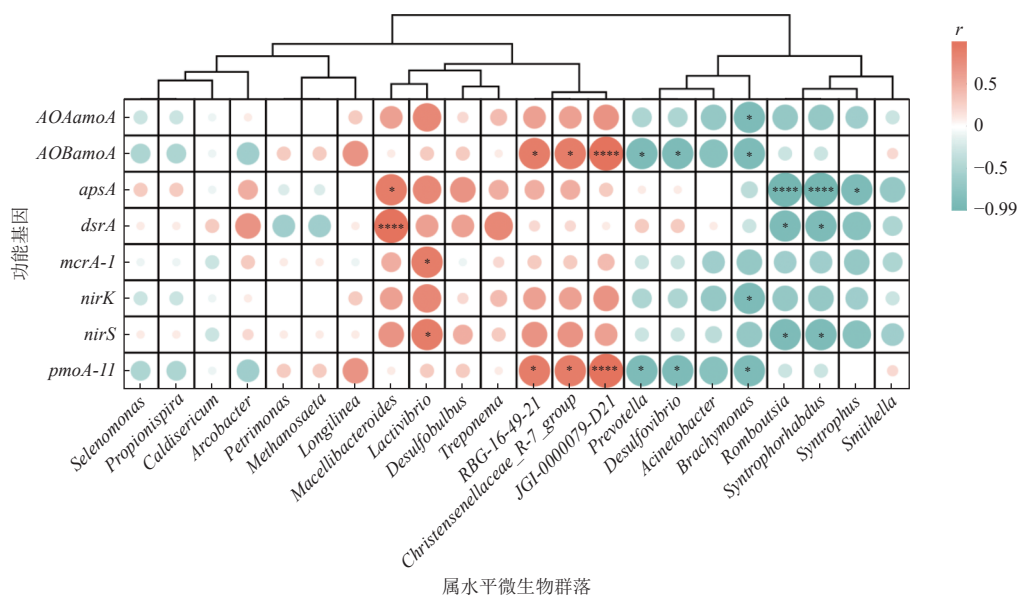


图 3 产甲烷菌相对丰度(a)及产甲烷基因基因拷贝数(b)与 CH_4 浓度相关性分析

Fig. 3 Correlation analysis between relative abundance of methanogens (a) and methanogenic gene copy number (b) with CH_4 concentration

进一步通过聚类分析(图 4)发现, *mcrA-1* 与多个具有水解和发酵功能的细菌属具有强相关关系,包括 *Christensenellaceae_R-7_group*(蛋白质和多糖水解菌^[20])、*Lactivibrio*(发酵菌^[21],参与氮代谢并可能产生信号分子^[22])、*Macellibacteroides*(水解酸化菌^[23])等。这暗示 *mcrA-1* 所代表的产甲烷

功能可能与这些细菌的代谢活动密切耦合。为验证上述关系,对功能基因与属水平微生物群落进行相关分析,发现 *mcrA-1* 与 *Lactivibrio* 呈显著正相关($r=0.9$, $P=0.037$),而 *Lactivibrio* 也与 WCH_4 高度相关($r=0.92$),表明该菌是潜在的关键互营物种,可能通过提供产甲烷前体驱动甲烷生成。



注: *为 $P<0.05$; **为 $P<0.01$; ***为 $P<0.001$; ****为 $P<0.0001$ 。

图 4 属水平微生物群落组成与功能基因相关性聚类热图

Fig. 4 Cluster heatmap of the correlation between genus-level microbial communities and functional gene abundances

Lactivibrio 在 S1 点位丰度最高, 与该点 *mcrA-I* 基因丰度及 WCH_4 浓度最大相一致, 进一步支持了这一推断。从其代谢功能来看, *Lactivibrio* 可发酵葡萄糖产生乙酸和氢气^[24], 为产甲烷古菌提供直接底物; 同时它还可能通过氮代谢和信号分子介导微生物群落互作^[22], 间接调控产甲烷过程。以上结果说明, 以基因绝对定量结合群落相对组成初步推断功能机制具有一定合理性, 但仍需宏基因组测序以校正微生物绝对生物量带来的偏差。

各类功能基因所聚集的微生物物种组成呈现较高相似性, 表明在污水管道沉积物这一复杂生境中, 不同功能模块的微生物群落并非独立存在, 而是形成了功能耦合、代谢互作的群落结构。在沉积物微生物群落与管道起端有机物浓度所构成的特定量比关系下, 微生物间可能尚未表现出明显的竞争抑制。以硫代谢为例, 传统研究多强调硫酸盐还原与产甲烷过程之间存在底物竞争抑制, 但本研究发现在实际管道环境中, 二者关系并非完全拮抗。例如, *Macellibacteroides* 不仅与硫酸盐还原基因 *dsrA* ($r=0.99$, $P<0.01$) 和 *apsA* ($r=0.90$, $P=0.037$) 呈显著正相关, 其作为一类可发酵多糖和单糖产生乙酸、乳酸和丁酸等产物的细菌^[23], 体现出硫酸盐还原菌可利用多种发酵底物, 说明硫酸盐还原过程可与多种发酵途径相耦联, 显示出功能菌群在底物利用上的代谢灵活性。值得注意的是, *Macellibacteroides* 亦与其他功能基因(包括产甲烷基因)呈正相关。另一方面, *Syntrophorhabdus* 和 *Romboutsia* 则与硫酸盐还原基因表达呈显著负相关(如 *Romboutsia* 与 *dsrA*: $r=-0.9$, $P=0.037$; 与 *apsA*: $r=-1$, $P<0.01$)。 *Romboutsia* 可抑制淀粉水解及吡啶合成^[25]; 而吡啶作为群体感应信号分子, 参与调控微生物细胞分裂和抗生素耐受性等过程^[26]。本研究中该菌对多数功能基因均表现出负效应, 推测其可能通过干扰群体感应抑制其他菌群的代谢功能。

以上结果表明, 污水管道沉积物中形成了以功能模块为基础的微生物共现集群, 微生物间存在包括正协作与负抑制在内的复杂互作关系, 反映出该系统内功能网络具有代谢多功能性和生态位分异策略。

2.3 有机负荷决定了“互营-竞争稳态”: CH_4 与 CO_2 碳分流

为揭示水质环境对微生物功能潜力及群落互作的调控机制, 本研究对 5 个点位的水质指标与

功能基因进行了 Mantel test 分析(图 5)。结果表明, 多项水质指标与硫酸盐还原关键基因 *dsrA* 显著相关, 说明硫代谢是系统微生物功能代谢的重要环节, 且对环境变化响应敏感, 同时与碳、氮代谢存在密切关联。通过 Spearman 相关性分析发现, 与以往认知不同的是, 有机物负荷与多数功能基因的绝对定量呈负相关, 而非传统认为的挥发酸等易分解有机物促进产甲烷及硫酸盐还原等过程。且各功能基因之间未表现出任何负相关, 这也与 2.2 节功能基因所聚集的微生物物种组成存在较高相似性这一现象相印证。这说明功能代谢之间未表现出明显的竞争关系。

为进一步探究其微生物群落层面的原因, 对水质指标与属水平微生物群落进行 Mantel test 分析(图 6), 识别出 *Syntrophorhabdus*、*Brachymonas* 和 *Romboutsia* 为碳、氮、硫循环中的关键物种。上覆水与沉积物中有机物、铵态氮及硝态氮促进了这些菌属的增殖, 同时与 *Syntrophus*、*Smithella* 等属聚类相近。这些菌属均与各类功能基因呈负相关, 且多为降解大分子有机物的发酵细菌, 其中 *Syntrophorhabdus* 和 *Brachymonas* 还具有降解芳香族化合物的能力^[27-28]。本研究将这类与高碳氮负荷正相关的种群定义为模块 A。与此相反, *Macellibacteroides*、*Treponema*、*Arcobacter*、*Desulfobulbus* 及 *Lactivibrio* 与碳氮负荷呈负相关, 称为模块 B。该类群更倾向于利用小分子有机物。以上结果表明, 有机物负荷及其分子量大小可能是驱动微生物功能分群的关键环境因子, 促使系统形成以不同发酵类型为核心的碳分流模式, 进而引导 CO_2 和 CH_4 生成路径的分异。

在高碳氮负荷条件下, 模块 A 占据优势, 负责将大分子有机物降解为小分子、难降解物质转化为易降解物质, 该过程驱动了 SCO_2 的生成, 同时也贡献了 SCH_4 , 成为沉积物中 CH_4 向上覆水传质的主要来源。如图 6 所示, 模块 A 与 SCO_2 和 SCH_4 正相关。然而, 模块 A 并未与 *mcrA-I* 基因呈正相关, 反而对多数功能基因表现出抑制效应, 主要原因包括生态位竞争与环境酸化、底物偏好与营养生态位分化。首先, 模块 A 菌群在高负荷下快速抢占生态位, 发酵产酸过程可能导致环境 pH 下降。例如 S2 点位 COD 日均值高达 1 630 mg/L, pH 仅 6.75, 显著低于其他点位(约 7.2)。该点 VFA 浓度虽高, 但 CH_4 排放并不显著, 说明酸性环境可能抑制了产甲烷菌等对 pH 敏感的功能菌

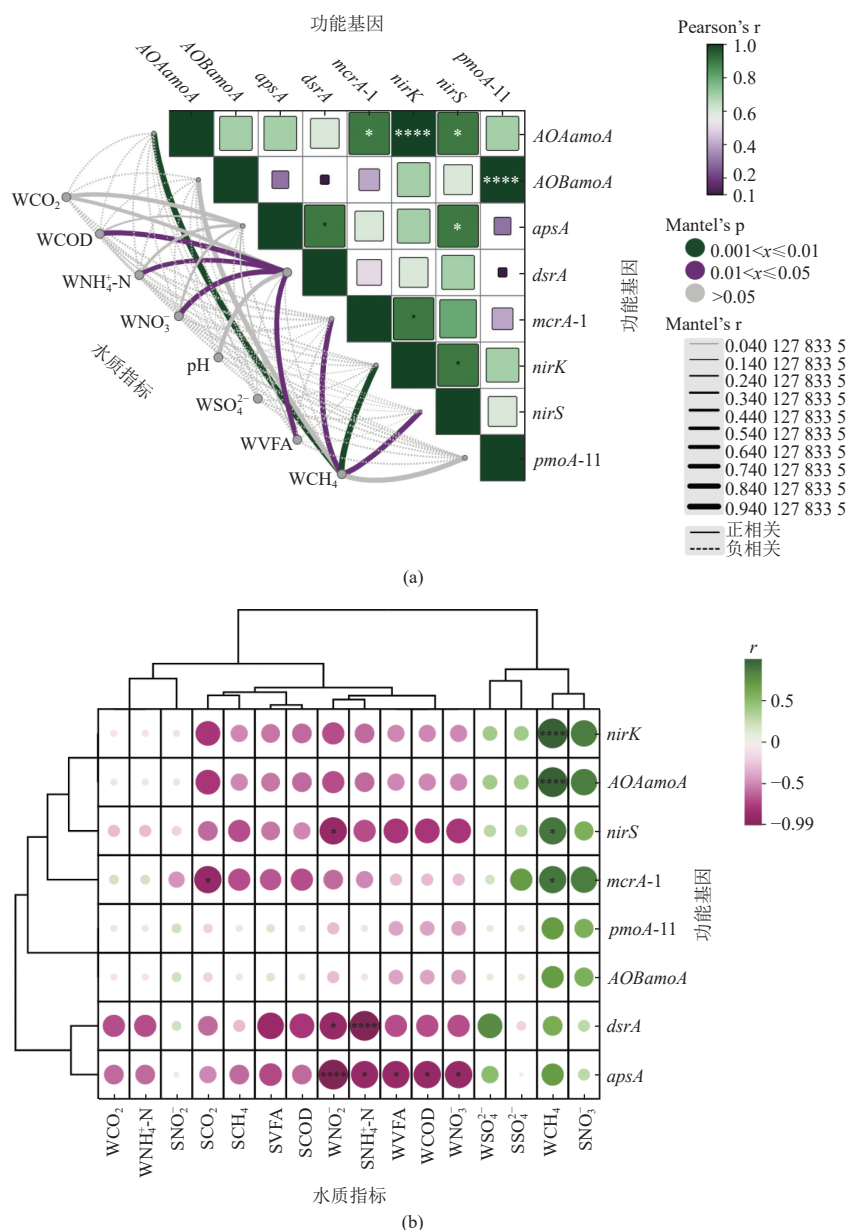


图 5 水质指标与功能基因的 Mantel 检验(a)及相关性聚类热图(b)

Fig. 5 Mantel test (a) and correlation cluster heatmap (b) between water quality parameters and functional genes

群活性。其次,功能菌群(如产甲烷菌和硫酸盐还原菌)通常偏好特定底物(如乙酸、短链脂肪酸),从而造成其生态位弱势。已有研究指出芳香类难降解有机物更易被异化为 CO₂^[29],也从侧面支持该推断。此外, S2 点位的工业废水难降解大分子有机物可能进一步促进底物广泛模块 A 的富集并抑制更加敏感的模块 B 的生长,强化了碳流向 CO₂ 的分流。

综上,有机负荷及底物分子特性共同驱动了微生物功能集群的分化,形成以模块 A 和模块 B 为代表的互营-竞争稳态,系统性地调控 CH₄ 和 CO₂ 的生成路径。未来需增加不同水质特征的

样本量,以进一步提升该推论普适性。

2.4 综合概念模型:从水质到气体的驱动机制

本研究通过系统解析污水管道沉积物-水界面系统中水质参数、微生物功能基因、群落结构及温室气体行为的复杂关系,揭示了一个动态的驱动框架。以往观点认为有机底物浓度直接促进微生物活性,进而提高温室气体产量。然而,本研究发现,水质参数碳氮负荷首先塑造了截然不同的微生物群落结构,而群落结构所决定的功能效率与代谢路径分流,才是最终调控温室气体“产生-扩散-排放”全过程的关键枢纽。

就 CO₂ 而言, SCO₂ 与 WCO₂ 表现出明显的介

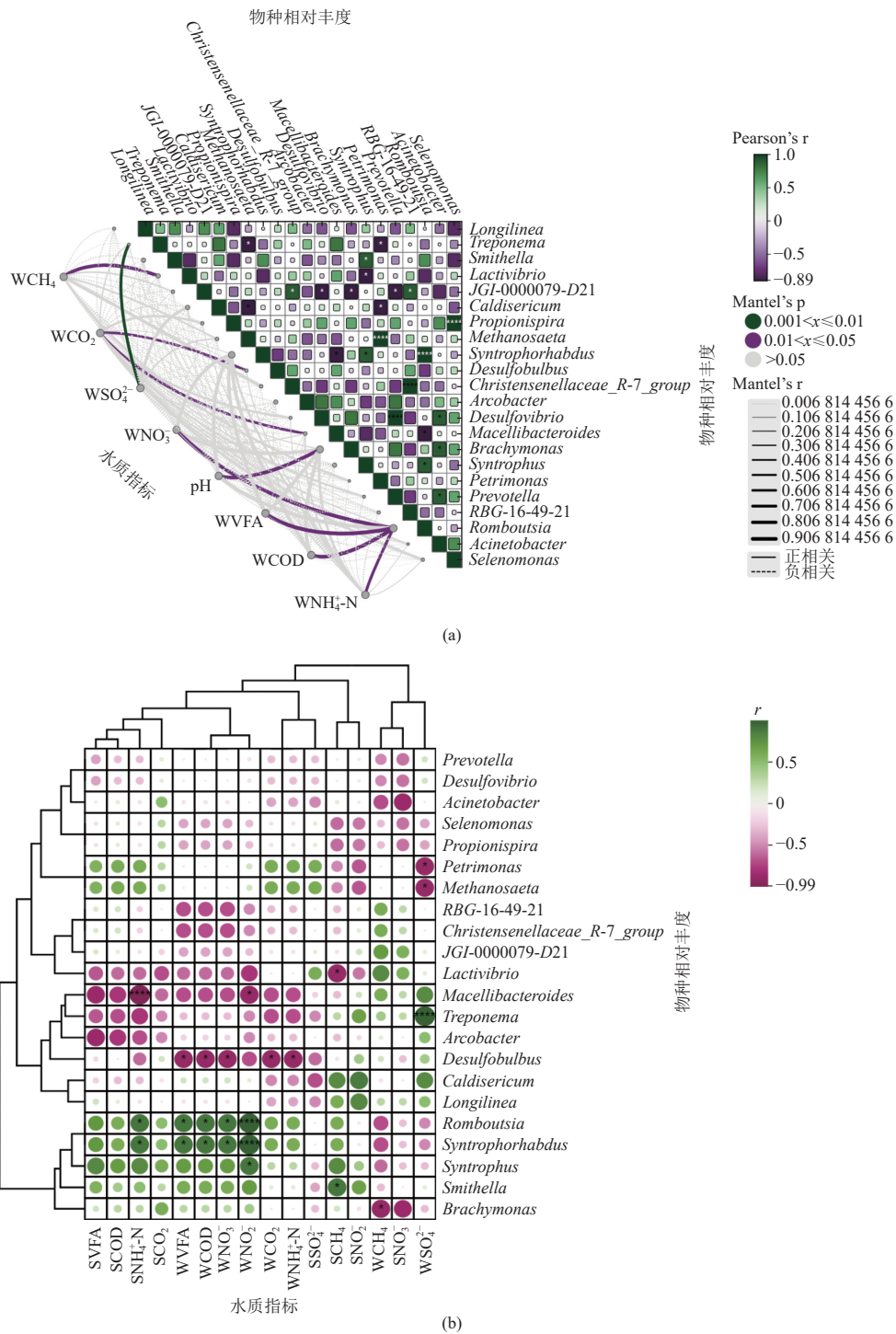


图 6 水质指标与物种相对丰度的 Mantel 检验(a)及相关性聚类热图(b)

Fig. 6 Mantel test (a) and correlation cluster heatmap (b) between water quality parameters and species-level relative abundance

质分异特征。尽管部分 WCO_2 必然来源于沉积物中 CO_2 的扩散传质, 但上覆水中悬浮微生物及生物膜的好氧和厌氧代谢对 WCO_2 的产生具有重要贡献, 这与 YE 等^[17] 认为悬浮污水中碳更易流向 CO_2 的结论一致。未来需进一步区分生物膜和上覆水微生物对 CO_2 生成的贡献机制。在高碳氮负

荷条件下, 沉积物中 SCO_2 主要来源于发酵过程, 这一推断可从其与功能基因及模块 B 菌群呈负相关中得到支持。

CH_4 的生成与排放途径呈现出复杂的互营与竞争关系, 其模式并非上覆水与沉积物相互独立, 而是由微生物功能联盟之间的动态互作与底物传

递所共同决定。从代谢机制来看, WCH_4 与沉积物中的 *Lactivibrio* 及 *mcrA-I* 基因显著正相关, 而与产甲烷古菌的属水平丰度无显著相关, 反映出微生物生态功能常与系统发育分类脱钩。在适中的碳氮负荷下, *Lactivibrio* 等发酵细菌成为优势菌群, 其代谢产生的乙酸和氢气为产甲烷古菌提供直接底物; 同时, 产甲烷菌多定植于沉积物表层^[6], CH_4 的生成更易在沉积物-水界面附近发生, 从而导致 CH_4 快速进入上覆水中。从空间尺度上看, 上游段高碳氮负荷区域通常由模块 A 菌群主导, 负责大分子有机物的水解和发酵, 一方面推动沉积物内 SCH_4 的生成并向水相释放, 另一方面也对以模块 B 为基础、倾向于产生 WCH_4 的代谢路径产生竞争抑制。然而, 模块 A 的输出产物小分子有机物可能为下游模块 B 菌群的生长与产甲烷过程创造有利条件^[30]。因此, 沿污水管道的流向, 碳转化和甲烷排放模式可能呈现明显的空间分异: 上游段表现为高 SCO_2 和高 SCH_4 释放, 而下游段则更易出现高 WCH_4 排放。这一机制表明, 污水管道中 CH_4 的产生和排放并非由底物浓度直接线性驱动, 而是由不同区段的微生物功能群落的构成、互作所调控。因此, 对温室气体排放的评估必须超越简单的线性模型, 纳入空间动态变化和功

能群落分异的影响, 才能更真实地反映其产生与排放规律。

不同群落功能也显著影响气体的日排放模式(图 7)。S2、S3、S4 点位 WCO_2 日动态与 COD 输入变化趋势基本一致, 而 S1、S5 则存在一定差异。就 WCH_4 而言, S1、S3、S5 的排放峰值与 COD 输入同步或略滞后, 尤其体现在 20:00 前, 这与这些点位以模块 B 为主、碳流更易导向 WCH_4 有关; 相反, S2、S4 因高负荷促进模块 A 占优, WCH_4 峰值显著滞后于 COD 输入。S3 点的 WCH_4 与 WCO_2 峰值均与 COD 相对同步, 可能反映该点模块 A 与模块 B 处于某种功能平衡状态。值得注意的是, COD 在 19:00–21:00 常出现峰值, 但 WCH_4 与 WCO_2 并未同步上升, 推测与该时段排放污水性质有关, 如洗碗水、洗浴废水中洗涤剂化学物质对微生物活性产生抑制。

3 结 论

污水管道沉积物-水界面温室气体的产生与释放受多因素系统调控, 其驱动机制复杂且具有显著的时空动态特征。溶解性 CH_4 浓度不能实时反映水质变化, 存在明显的代谢与传质滞后性; 而 CO_2 的生成则表现出介质分异性, 上覆水中 CO_2

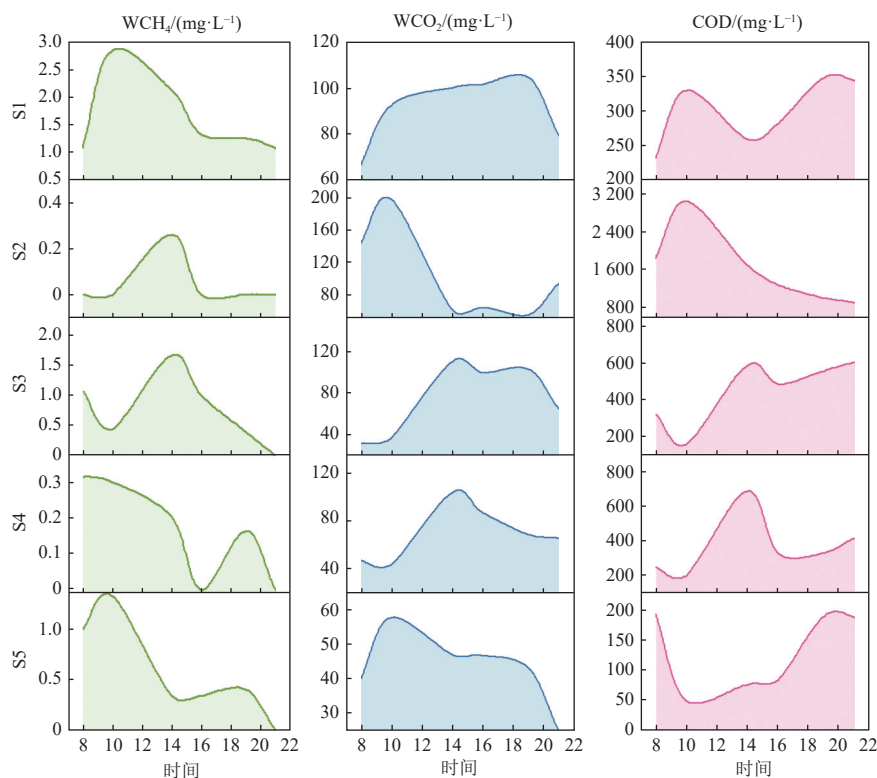


图 7 不同采样点 CH_4 与 CO_2 排放通量的日变化特征

Fig. 7 Diurnal variations of CH_4 and CO_2 emission fluxes at different sampling sites

主要来源于悬浮微生物的快速代谢,并与多种水质参数显著相关,沉积物中 CO_2 则更倾向于由发酵过程驱动。有机负荷是驱动微生物群落结构分异和碳代谢路径分流的关键环境因子。高负荷条件促进以降解大分子有机物为特征的菌群富集,引导碳流向 CO_2 转化;而适中负荷则有利于利用小分子底物的菌群增殖,增强 CH_4 排放潜能。微生物群落通过互营-竞争稳态机制调控碳分流,本研究更新了有机底物浓度直接线性促进气体产生的认知。需要指出的是,本研究主要基于秋冬季节稳定天气条件下的观测。未来研究有必要涵盖不同气候季节,以揭示年际尺度上温室气体排放的动态规律。此外,需结合水力参数以及其他水质参数,从而为构建普适性的碳排放模型与制定精准的减排策略提供更全面的理论依据。

参考文献 (References) :

- [1] 牛子帆, 赖春宇, 赵和平. 中国污水处理温室气体排放量估算与分析[J]. 能源环境保护, 2023, 37(4): 109–120.
NIU Zifan, LAI Chunyu, ZHAO Heping. Estimation and analysis of greenhouse gas emissions from wastewater treatment in China[J]. Energy Environmental Protection, 2023, 37(4): 109–120.
- [2] JIN Pengkang, GU Yonggang, SHI Xuan, et al. Non-negligible greenhouse gases from urban sewer system[J]. *Biotechnology for Biofuels*, 2019, 12(1): 100.
- [3] LIU Feng, TIAN Yu, DING Yi, et al. The use of fermentation liquid of wastewater primary sedimentation sludge as supplemental carbon source for denitrification based on enhanced anaerobic fermentation[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 219: 6–13.
- [4] SHORT M D, DAIKELER A, WALLIS K, et al. Dissolved methane in the influent of three Australian wastewater treatment plants fed by gravity sewers[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 599: 85–93.
- [5] XU Jingwei, HE Qiang, LI Hong, et al. Modeling of methane formation in gravity sewer system: The impact of microorganism and hydraulic condition[J]. *AMB Express*, 2018, 8(1): 34.
- [6] LIU Yiwen, NI Bingjie, GANIGUÉ R, et al. Sulfide and methane production in sewer sediments[J]. *Water Research*, 2015, 70: 350–359.
- [7] 陈浩. 市政排水管道 CH_4 产排及其影响因子研究综述[J]. 能源环境保护, 2020, 34(6): 14–20.
CHEN Hao. A research overview on production, emission and influencing factors of methane in municipal drainage pipeline[J]. Energy Environmental Protection, 2020, 34(6): 14–20.
- [8] FRANCIS C A, ROBERTS K J, BEMAN J M, et al. Ubiquity and diversity of ammonia-oxidizing Archaea in water columns and sediments of the ocean[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2005, 102(41): 14683–14688.
- [9] MAO Yuejian, YANNARELL A C, MACKIE R I. Changes in N-transforming Archaea and bacteria in soil during the establishment of bioenergy crops[J]. *PLoS One*, 2011, 6(9): e24750.
- [10] CATHRINE S J, RAGHUKUMAR C. Anaerobic denitrification in fungi from the coastal marine sediments off Goa, India[J]. *Mycological Research*, 2009, 113(1): 100–109.
- [11] PALMER K, BIASI C, HORN M A. Contrasting denitrifier communities relate to contrasting N_2O emission patterns from acidic peat soils in Arctic tundra[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(5): 1058–1077.
- [12] CERRILLO M, VIÑAS M, BONMATÍ A. Overcoming organic and nitrogen overload in thermophilic anaerobic digestion of pig slurry by coupling a microbial electrolysis cell[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 216: 362–372.
- [13] ETTWIG K F, VAN ALLEN T, VAN DE PAS SCHOONEN K T, et al. Enrichment and molecular detection of denitrifying methanotrophic bacteria of the NC10 Phylum[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(11): 3656–3662.
- [14] WAGNER M, ROGER A J, FLAX J L, et al. Phylogeny of dissimilatory sulfite reductases supports an early origin of sulfate respiration[J]. *Journal of Bacteriology*, 1998, 180(11): 2975–2982.
- [15] FRIEDRICH M W. Phylogenetic analysis reveals multiple lateral transfers of adenosine-5'-phosphosulfate reductase genes among sulfate-reducing microorganisms[J]. *Journal of Bacteriology*, 2002, 184(1): 278–289.
- [16] REGUEIRO PICALLO M, SUÁREZ J, SAÑUDO E, et al. New insights to study the accumulation and erosion processes of fine-grained organic sediments in combined sewer systems from a laboratory scale model[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 716: 136923.
- [17] YE Jianfeng, ZHU Yi, CHEN Hao, et al. Carbon flow allocation patterns of CH_4 , CO_2 , and biomass production vary with sewage and sediment microbial and biochemical factors in the anaerobic sewer environment[J]. *Chemosphere*, 2024, 368: 143744.
- [18] SHORT M D, DAIKELER A, PETERS G M, et al. Municipal gravity sewers: An unrecognised source of nitrous oxide[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, 468: 211–218.
- [19] GU Dongmei, LIU Yiwen, ZHAO Weigao, et al. Status of research on greenhouse gas emissions from wastewater collection systems[J]. *Water*, 2023, 15(14): 2512.
- [20] ZHANG Qianqian, WU Linyu, HUANG Jianghao, et al. Recovering short-chain fatty acids from waste sludge via biocarriers and microfiltration enhanced anaerobic fermenta-

- tion[J]. *Resources, Conservation and Recycling*, 2022, 182: 106342.
- [21] CARNEIRO R B, MUKAEDA C M, SABATINI C A, et al. Influence of organic loading rate on ciprofloxacin and sulfamethoxazole biodegradation in anaerobic fixed bed biofilm reactors[J]. *Journal of Environmental Management*, 2020, 273: 111170.
- [22] REN Bo, SHI Xuan, GUO Jianbo, et al. Novel insights on biofilm development in sewers: Cross-Kingdom exchange of quorum-sensing signaling molecules[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2024, 484: 144302.
- [23] JABARI L, GANNOUN H, CAYOL J L, et al. *Macellibacteroides fermentans* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Porphyromonadaceae* isolated from an upflow anaerobic filter treating abattoir wastewaters[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, 62(Pt_10): 2522–2527.
- [24] QIU Yanling, HANADA S, KAMAGATA Y, et al. *Lactivibrio alcoholicus* gen. nov., sp. nov., an anaerobic, mesophilic, lactate-, alcohol-, carbohydrate- and amino-acid-degrading bacterium in the phylum *Synergistetes*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2014, 64(Pt_6): 2137–2145.
- [25] GERRITSEN J, UMANETS A, STANEVA I, et al. *Romboutsia hominis* sp. nov., the first human gut-derived representative of the genus *Romboutsia*, isolated from ileostoma effluent[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2018, 68(11): 3479–3486.
- [26] LEE J H, WOOD T K, LEE J. Roles of indole as an inter-species and interkingdom signaling molecule[J]. *Trends in Microbiology*, 2015, 23(11): 707–718.
- [27] QIU Yanling, HANADA S, OHASHI A, et al. *Syntrophorhabdus aromaticivorans* gen. nov., sp. nov., the first cultured anaerobe capable of degrading phenol to acetate in obligate syntrophic associations with a hydrogenotrophic methanogen[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74(7): 2051–2058.
- [28] ROUVIÈRE P E, CHEN M W. Isolation of *Brachymonas petroleovorans* CHX, a novel cyclohexane-degrading β -proteobacterium[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2003, 227(1): 101–106.
- [29] CHEN Hao, YE Jianfeng, ZHOU Yafei, et al. Variations in CH_4 and CO_2 productions and emissions driven by pollution sources in municipal sewers: An assessment of the role of dissolved organic matter components and microbiota[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 263: 114489.
- [30] 王宁, 李美, 李媛, 等. 乙醇发酵预处理耦合生物炭强化城镇有机固废厌氧产甲烷 [J]. *能源环境保护*, 2024, 38(5): 166–174.
- WANG Ning, LI Mei, LI Yuan, et al. Enhancing methane production during anaerobic digestion of municipal organic solid wastes by ethanol-type fermentation pretreatment coupled with biochar addition[J]. *Energy Environmental Protection*, 2024, 38(5): 166–174.