

水解酸化-好氧法处理油田废水机理研究

闻岳, 黄翔峰*, 裘湛, 王峰, 章非娟, 周琪

(同济大学污染控制与资源化研究国家重点实验室, 上海 200092)

摘要: 采用水解酸化-好氧法对经物化预处理的油田废水进行试验研究. 当进水 COD 为 190~220 mg·L⁻¹ 时, 水解酸化段和好氧段停留时间均为 10h 的条件下, 出水 COD 为 65~75 mg·L⁻¹, 达到 GB3550-83 第一级 I 类标准. 运用 GC/MS 技术分析油田废水有机污染物在工艺流程中相对组分变化的规律, 揭示了水解酸化-好氧法处理油田废水过程中的污染物迁移和降解规律. 并运用 PCR-DGGE 技术, 考察不同生物反应器内微生物种群及其分布特征, 初步确定水解酸化和好氧反应器内的优势菌种.

关键词: 水解酸化; 好氧; 油田废水; GC/MS; 污染物迁移和降解; BTEX; PCR-DGGE; 微生物种群动态分析

中图分类号: X741 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2006)07-1362-07

Experimental Study on the Mechanism of Oilfield Wastewater Treatment by Using Hydrolysis-Acidification with Aerobic Biological Processes

WEN Yue, HUANG Xiang-feng, QIU Zhan, WANG Feng, ZHANG Fei-juan, ZHOU Qi

(State Key Laboratory of Pollution Control and Resources Reuses, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract: Hydrolysis-acidification + aerobic biological processes were conducted experimentally to treat oilfield wastewater pretreated with physical and chemical treatment in Xinjiang oilfield. The results showed that when the COD concentration in influent was 190~220 mg·L⁻¹, that in effluent reduced to 65~75 mg·L⁻¹ under HRT of 10h in both hydrolysis-acidification process and aerobic biological process, reaching the strictest requirement of Effluent Standards for Wastewater from Petroleum Development Industry (GB3550-83). Using GC/MS technology, the relative content of various organic pollutants was analyzed to discover the transfer and degradation law in the oilfield wastewater in biological treatment process. The system of DNA extraction technique, PCR and DGGE reacting systems were practical to analyze the microbial community in the hydrolysis-acidification and aerobic biological processes. The predominant sequences of several 16S rDNA DGGE fragments were determined and confirmed in comparison in GeneBank (NCBI).

Key words: hydrolysis-acidification; aerobic; oilfield wastewater; GC/MS; transfer and degradation of pollutants; BTEX; PCR-DGGE; analysis of microbial community

目前, 国内油田普遍采用“隔油-混凝-过滤”法处理油田废水, 该工艺对去除废水中的石油类、悬浮物等杂质效果理想, 但对于废水中溶解性的石油类和 COD 去除效果却不明显, 无法满足国家石油开发工业水污染物排放标准 (GB3550-83) 和回用标准. 根据近年来国外油田采出水处理技术的发展状况, 将生化法引入采出水的处理流程将是未来的发展方向^[1], 但学者们的研究结果差异较大^[2~11]. 本试验通过若干工况的研究, 获得经物化处理后的油田废水采用“水解酸化-好氧生物法”处理工艺的设计参数后, 运用 GC/MS 技术分析油田废水有机污染物在工艺流程中的相对组分变化规律, 以考察水解酸化-好氧法处理油田废水过程中的有机污染物迁移和降解规律. 并运用 PCR-DGGE 技术, 考察不同生物反应器内微生物种群及其分布特征; 初步确定不同生物反应器内优势菌种. 以期揭示微生物净化油田废水的内在机理, 同时也为提高生物法处理油田废水处理能力提供理论依据.

1 工艺研究

1.1 试验材料与方法

1.1.1 试验水质及接种污泥

试验用水为新疆油田某原油污水处理站经过隔油-混凝沉淀后的出水, 现场采集后置于 4℃ 环境保存. 废水水质见表 1. 试验用水按 COD:N:P=100:5:1 投加 NH₄Cl 和 KH₂PO₄.

接种污泥取自: ①上海市炼油厂, ②金山石油化工厂, ③曲阳水质净化厂的二沉池回流污泥. 按照体积比 1:1:1 混合均匀后投加于水解酸化反应器和好氧反应器, 投加量为反应器有效体积的 30%. 污泥性质见表 2. 其中, 水解酸化反应器采用好氧预挂膜

收稿日期: 2005-05-21; 修订日期: 2005-07-13

基金项目: 新疆维吾尔自治区科技攻关和重点科研项目 (200432109-2); 上海市科委西部开发科技合作资助项目 (045458058)

作者简介: 闻岳 (1974-), 男, 博士研究生, 主要研究方向为工业水污染控制与资源化、受污染水体的生态修复.

* 通讯联系人, E-mail: hxlf@mail.tongji.edu.cn

技术^[12].表 1 试验用水水质/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ Table 1 Water quality of wastewater/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

pH	石油类	COD	BOD ₅ /COD	TN	TP	矿化度
8.0	3.68	190~230	0.20	6.08	0.12	8 280.60

表 2 水解酸化、好氧反应器接种污泥性质

Table 2 Active sludge qualities

测试指标	活性污泥 1	活性污泥 2	活性污泥 3
接种污泥(MLSS)浓度/ $\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	3.8	3.6	3.4
MLVSS/MLSS	0.83	0.78	0.82

1.1.2 试验流程

反应器均采用有机玻璃柱制成,水解酸化反应器和好氧反应器串连运行,内置组合填料,反应器尺寸及填料放置见表 3.2 个反应器置于恒温箱内,控制温度 $40\text{ }^{\circ}\text{C}\pm 1\text{ }^{\circ}\text{C}$.

表 3 反应器尺寸特性

Table 3 Format feature of reactor

反应器	内径/mm	高度/mm	有效高度/mm	有效容积/L	填料个数	运行方式
水解酸化段	90	900	850	5.4	9	连续流
好氧段	100	500	350	2.8	7	连续流

1.1.3 分析方法

pH 用 Model AB15 精密酸度计测定; BOD₅ 用美国 Enovi 公司的 HI99724A-6 型 BOD 仪测定; 其余指标参照国家环保局推荐方法^[13].

1.2 试验结果与分析

1.2.1 试验结果

水解酸化-好氧法各工况运行的实际控制条件及运行结果汇总见表 4. 其中, 工况 H3-O3 出水委托上海市杨浦区环境监测站检测, 出水悬浮物为 31 mg/L ; 石油类 0.103 mg/L ; 挥发性酚 0.0073 mg/L ; 硫化物 0.0057 mg/L .

表 4 各工况运行结果

Table 4 Operational results of process experiment

工况	水解酸化段			好氧段		
	H1	H2	H3	H1-O3	H2-O3	H3-O3
停留时间/h	20	15	10	20~10	15~10	10~10
COD 容积负荷/ $\text{kg}\cdot(\text{m}^3\cdot\text{d})^{-1}$	0.235	0.326	0.487	0.245	0.264	0.290
出水 BOD ₅ /COD	0.14	0.20	0.12			
进水 pH	7.8~8.4	7.8~8.4	7.8~8.4	8.0~8.6	8.0~8.6	8.0~8.6
出水 pH	8.0~8.6	8.0~8.6	8.0~8.6	8.6~8.8	8.6~8.8	8.6~8.8
进水 COD/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	196±8	204±12	203±10	102±2	110±9	121±4
出水 COD/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	98±10	110±9	121±4	75±5	67±4	72±4
COD 去除率/%	50±3	45±5	40±2	26±6	39±5	41±3
COD 总去除率/%				62±4	66±3	63±2

1.2.2 试验分析

(1) 水解酸化段最佳停留时间 水解酸化最佳停留时间可用 BOD₅/COD 判断, 废水经水解酸化后, BOD₅/COD 越高, 则水解酸化的出水越容易被后续好氧处理的好氧菌降解^[14]. 与 HRT 为 10h 和 20h 相比, 当水解酸化段 HRT 为 15h 时, 虽然其 COD 去除率达 45%, 但 BOD₅/COD 仍为 0.2, 可见水解酸化段的 HRT 取 15h 时效果最佳, 既有较好的 COD 去除率, 还可提高废水可生化性.

(2) 水解酸化段容积负荷对 COD 去除率的影响 水解酸化反应器的容积负荷对其出水 COD 和 COD 去除率的影响符合生物法处理废水的一般规律, 但从表 4 好氧段出水 COD 看, 经这 3 种负荷的

水解酸化处理后, 其后续的好氧段出水 COD 均能达到排放标准, 因此水解酸化段停留时间可采用 10h, 即 COD 负荷率选用小于 $0.487\text{ kg}/(\text{m}^3\cdot\text{d})$. 当好氧反应器停留时间保持 10h, 水解酸化段 COD 容积负荷由 $0.235\text{ kg}/(\text{m}^3\cdot\text{d})$ 提高到 $0.487\text{ kg}/(\text{m}^3\cdot\text{d})$, 有机物去除率变化不大, 均能达到排放标准. 从达标排放以及缩小池容、降低工程投资考虑, 好氧段停留时间可采用 10h, COD 容积负荷率可选用小于 $0.290\text{ kg}/(\text{m}^3\cdot\text{d})$.

根据以上分析可知: 经物化处理后的油田废水采用水解酸化-好氧生物法处理工艺的设计参数为: 水解酸化段 COD 负荷率选用小于 $0.487\text{ kg}/(\text{m}^3\cdot\text{d})$, 好氧段 COD 负荷率选用小于 0.290

kg/(m³·d), 即工况 H3-O3.

2 污染物迁移降解研究^[15, 16]

2.1 研究方法

2.1.1 水样的预处理

分别准确量取工况 H3-O3 的进水、水解酸化段出水和好氧段出水各 1 000 mL, 加入 10.0 μg 三溴联苯和 100.0 μg 薄荷醇作内标, 用 10% NaOH 水溶液调节 pH ≥ 11, 分别用 50 mL 二氯甲烷萃取 3 次以萃取其中的碱中性有机成分. 水相再用 5 mol/L H₂SO₄ 调节 pH ≤ 2, 按上述同样方法萃取其中的酸性有机成分. 合并萃取液, 加入适量无水 Na₂SO₄ 干燥过夜, K-D (Kuderna-Danish 蒸发器) 浓缩至 1.0 mL. 取 1.0 μL 作 GC/MS 分析.

2.1.2 GC/MS 检测设备与条件

检测仪器: Finnigan Voyager 气相色谱-质谱联用仪; 色谱柱: HP-5 石英毛细管柱(30 m × 0.25 mm, 0.25 μm); 柱温: 50 °C (保持 2 min) ~ 300 °C (保持 10 min); 升温速度: 10 °C/min; 气化温度: 250 °C; 载气(流量): He(1.0 mL/min); 分流比: 15:1; 质谱检测器: EI 源, 电子能量 70 eV, 源温 200 °C; 扫描范围: 41~450 u; 质谱标准库: NIST 库+ NBS 库.

2.2 试验结果与分析

试验结果的定性与定量按 USEPA 625 法进行. 以样品的重现色谱图经图库检索并参考文献和标样而定性, 以仪器对十五烷的响应值(特征离子峰面积)确定相对含量.

图 1 和图 2 分别是物化预处理后的油田废水经水解酸化-好氧工艺处理前后有机物组成与生物降解性的关系和碳原子数分布与生物降解性关系. 由图 1, 图 2 可知, 油田废水中的有机物以 C₆~C₉ 为主, 废水中的有机物分子量主要集中在 100~140 的区域, 碳原子与分子量的分布相对集中, 水解酸化出水的有机物也以 C₆~C₉ 为主, 分子量也主要分布在 100~140 之间, 该段 COD 降解率为 40%. 说明水解酸化段对碳原子为 C₆~C₉ 的有机物均有较好的降解能力, 对 C₆、分子量在 100 左右的有机物降解优于 C₇~C₉ 的有机物. 而好氧出水中以 C₆ 或分子量在 100 左右的有机物为主, 占有有机物 85% 左右, 该段 COD 降解率为 41%. 说明经好氧生物处理后油田废水中 C₇~C₉ 和分子量在 120~140 的有机物得到大幅度的降解, 而以 C₆ 和分子量在 100 左右的有机物基本无降解或由 C₇~C₉、分子量在 120~140 的有机物降解生成. 由此可见, 水解酸化与好氧生物法在处理油田废水时的协同互补作用, 采用水解酸化-好氧工艺能有效提高对有机物的去除效率.

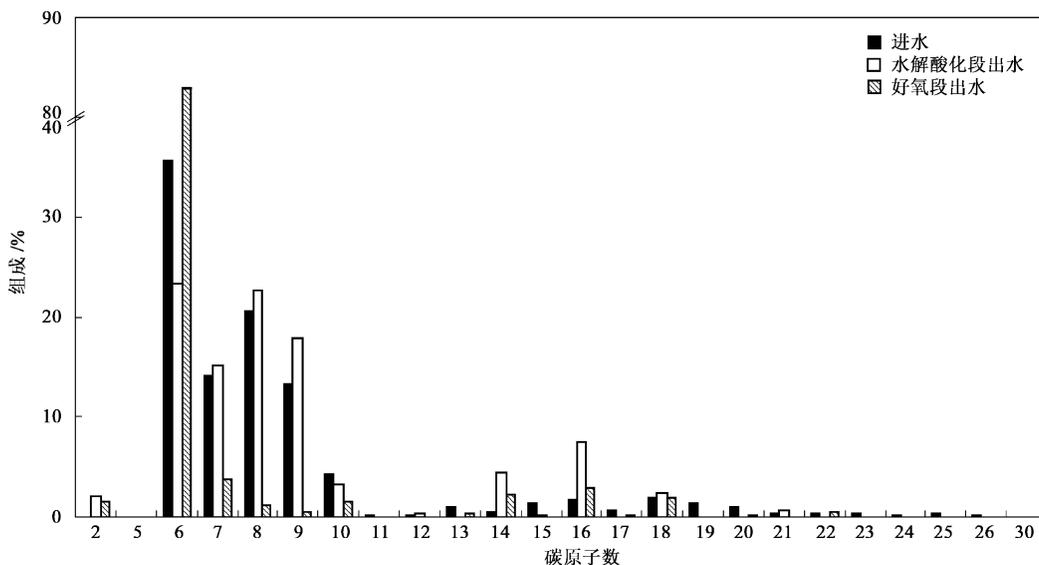


图 1 废水有机物组成与碳原子数分布关系

Fig. 1 Relation between wastewater component and carbon number

由表 5 可知, 废水经水解酸化-好氧工艺处理后其有机组成发生了较大的变化, 酚类化合物、酮类化合物、芳烃、烷烃、含氮化合物得到不同程度降解转化. 其中, 在水解酸化段中酮类、芳烃得到较好的降

解, 出水中醇类和酸类相对组成上的提高说明在该段确实发生了有机物水解和酸化. 其中, 水解酸化段芳烃大幅度的降解和出水烯烃组成比例的提高, 说明在厌氧条件下, 兼氧酸化菌确有特殊、高效的酶系

统,有将芳烃上苯环开环降解的能力.好氧段中酚类、酮类、酸类、烷烃和烯烃降解明显.其中,从2阶段烷烃比例上的差异说明烷烃在好氧段下更易生物

降解,这与烷烃在纯基质条件下生物降解性有着相同的结论.

以化合物响应值与内标物响应值的比值为单

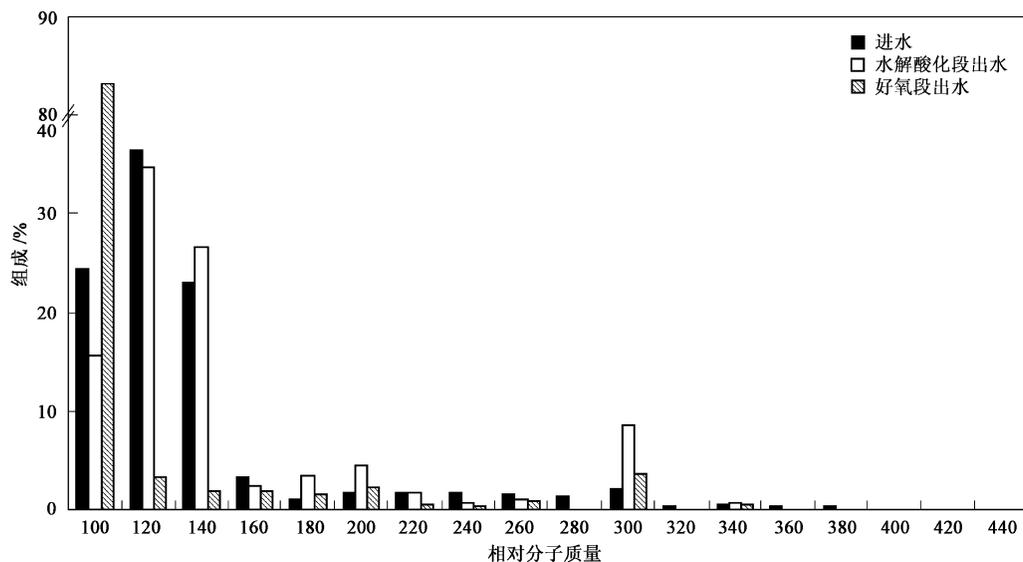


图 2 废水有机物组成与相对分子质量分布关系

Fig. 2 Relation between wastewater component and atomic weight distribution

表 5 废水的有机组成分析

Table 5 The analysis of wastewater component in different phase

类型	进水组成 / %	水解酸化段出水组成 / %	好氧段出水组成 / %
酚类化合物	14.01	21.65	0.30
醛类化合物	ND	ND	ND
酮类化合物	32.87	8.90	3.80
醇类化合物	23.92	26.50	82.60
酸类化合物	0.35	1.25	0.81
酯类化合物	ND	ND	ND
醚类化合物	1.71	1.78	3.20
芳烃	12.34	1.50	2.65
烷烃	10.09	15.45	1.02
烯烃	0.12	11.20	0.87
含氮化合物	4.58	8.00	3.16
其它	ND	3.77	1.58

位,表 6 列出了废水经水解酸化-好氧工艺处理后检出的 BTEX(即:苯、甲基苯、乙基苯和二甲基苯,是典型的石油污染物质)变化情况.可以发现水解酸化段可以很好地降解甲基苯、间二甲基苯和邻二甲基苯,其中间二甲基苯和邻二甲基苯的去除效果尤佳.

表 6 废水中 BTEX 降解情况

Table 6 Degradation of BTEX in wastewater

化合物种类	进水	水解酸化出水	好氧出水
甲基苯	0.335	0.234	0.065
间二甲基苯	1.074	ND	ND
邻二甲基苯	0.323	ND	ND

3 微生物研究

3.1 试验方法

3.1.1 活性污泥样本的采集

样品 1、2 分别取自于工况 H3-O3,水解酸化段和好氧段进入稳态后的污泥.

3.1.2 活性污泥总 DNA 的提取方法

结合土壤总 DNA 提取方法^[17]和活性污泥的特性,改进活性污泥 DNA 的提取方法:各称取 2g 污泥样品于三角瓶,与 13.5mL DNA 提取液(100 mmol/L Tris-HCl, 100 mmol/L EDTA, 100 mmol/L K₂HPO₄, 100 mmol/L KH₂PO₄, 1.5mol/L NaCl, 1% CTAB, pH8.0)混合,再加入 40μL 溶菌酶(20 mg/mL), 40μL 蛋白酶 K(20 mg/mL), 加入数颗灭菌玻璃珠,于 37℃, 225 r/min 摇床上摇动 30min,接着加入 1.5mL 20% SDS, 65℃水浴 2h, 每隔 15~20min 轻轻摇动几下, 室温 5 000r/min 离心 10min, 收集上清液, 转移到 50mL 离心管中. 沉淀中再加入 4.5mL 提取液和 0.5mL 20% 的 SDS, 振荡 10s 后 65℃水浴 10min, 5 000r/min 离心 10min. 收集上清液合并于上次上清液, 与等体积氯仿-异戊醇(24:1 体积比)混合, 5 000r/min 离心 10min, 取上层水层于另一 50mL 离心管中. 重复上步操作, 合并水层, 用 0.6 倍体积的异戊醇室温放置 1h, 9 000r/min 离心

20min, 收集沉淀溶解于 500 μ L TE 缓冲液中。

3.1.3 PCR 扩增

按文献[18]对污泥 DNA 进行 PCR 扩增引物设计, 引物 1 序列如下: 5'-CGCCCCGCGCGCGGC GGGCGGGGGGGCCCACGGGGGGCCTACGGG AGGAGCAG-3', 引物 2 的序列为: 5'-ATTA CCGCGGATGCTGG-3'。PCR 反应在 Thermolyne Ampliton^R II 上进行, PCR 试剂购自 Promega 公司。

PCR 反应体系为 39 μ L ddH₂O, 5 μ L 10 \times 反应缓冲液, 1 μ L PCR 引物 P1, 1 μ L PCR 引物 P2, 1 μ L dNTP, 1 μ L Taq 酶, 2 μ L 模板。PCR 扩增程序为: 起始 94 $^{\circ}$ C 预变性 5min; 94 $^{\circ}$ C 变性 45s, 72 $^{\circ}$ C 引物延伸 90s, 60 $^{\circ}$ C 引物复性 45s, 30 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 20min。

3.1.4 DGGE 分析

参照文献[19], 改进 DGGE 条件: 用 DGGE 仪 (Bio-RAD) 电泳分离 DNA, 制备变性梯度凝胶, 使其变性梯度为 30%~60%。使用的电泳缓冲液为 1 \times TAE, 电压 150V, 60 $^{\circ}$ C, 电泳 5h, 溴乙锭染色 20min。切下目标条带, 转移至微量离心管, 用吸头挤碎, 加入 30 μ L TE pH 7.6 溶解。重新进行 PCR 扩增, 参照步骤 3.1.3。

3.1.5 测序

送由上海博亚生物公司测序。

3.2 试验结果与分析

3.2.1 活性污泥总 DNA 的提取

从 2 个活性污泥样本中提取的 DNA 通过 1% 的琼脂糖凝胶电泳检验。通过 SmartView 软件分析提取出的 DNA 片段大小约为 5~6kb。电泳结果显示, 本研究采用的提取方法可以顺利地 from 复杂的环境样本中提取出 DNA 片段。

3.2.2 总 DNA 的 16S rDNA 片段扩增结果

本实验采用琼脂糖凝胶电泳, 可分离 0.1~60kb 的核酸片段。从污泥样品中获得的总 DNA 进行 16S rDNA 片段 PCR 扩增, 均获得特异扩增片段, 大小在 240bp 左右, 证实为 16S rDNA V3 区特异性片段。

3.2.3 变性梯度凝胶电泳分离扩增的 16S rDNA 片段结果

用 LG 产台式冷冻干燥机浓缩 16S rDNA 片段 PCR 产物 3~4h 后, 通过变性梯度凝胶电泳分离得若干条带, 见图 3。

(1) 密度分析 图 4 是水解酸化反应器和好氧反应器进入稳态后的活性污泥密度比较图, 从密度

图中可看出, 水解酸化污泥和好氧污泥中的微生物种群明显不同, 2 个反应器活性污泥中均有明显的优势菌群出现。

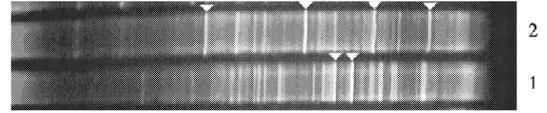


图 3 16S rDNA 的 DGGE 分离结果

Fig. 3 16S rDNA separated by DGGE

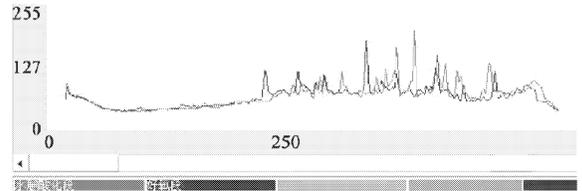


图 4 条带 1, 2 密度比较图

Fig. 4 Density comparison of band 1 and band 2

(2) 样品多样性指数分析 物种多样性不仅反映群落或生境中物种丰富度或变化程度, 也反映不同生态环境下群落的相互关系^[20]。这里选用常见的 Simpson 和 Shannon-Wiener 指数来定量地表征不同生境下生态系统的结构类型、发展阶段、稳定程度和生境差异等。用软件根据 DGGE 指纹图谱分析样品的多样性, 见表 7。

Simpson 多样性指数:

$$D = 1 - \left[\frac{\sum N_i \times (N_i - 1)}{N \times (N - 1)} \right]$$

其中, N_i 为第 i 种的个体数, N 为个体总数。

Simpson 多样性指数 D 是对富集种相对敏感的指数, 可用于度量群落优势度。

Shannon-Wiener 多样性指数:

$$H = - \sum \left[\frac{N_i}{N} \right] \times \log_2 \left[\frac{N_i}{N} \right]$$

Shannon-Wiener 多样性指数 H 是用来从群落中随机抽取的个体属于某个体的不确定性, 可反映群落多样性的高低。

表 7 污泥 Simpson, Shannon-Wiener 多样性指数

样品编号	D	H
1	0.965 7	5.592 6
2	0.987 3	5.706 5

分析 2 种活性污泥样本计算 Simpson 多样性指数和 Shannon-Wiener 多样性指数, 结果表明: 在生

物反应器进入稳态后,水解酸化反应器的微生物多样性较高,而生物菌落优势度较低,好氧反应器的微生物多样性较低,但生物菌群优势度较大.产生此差异的原因在于2个反应器中进水水质不同,且有机物降解的电子受体也不相同.

3.2.4 优势菌群16S rDNA 片段测序及入库比对结果

表8 部分优势菌16S rDNA DGGE 片断测序分析结果

Table 8 Sequences of several 16S rDNA DGGE fragments

样品	NCBI 比对结果	NCBI 登记号
1-1	Uncultured CFB group bacterium Identities = 99/103 (96%)	AF452597
	Uncultured CFB group bacterium Identities = 99/103 (96%)	AF449774
	Uncultured CFB group bacterium Identities = 99/103 (96%)	AF449773
1-2	uncultured cyanobacterium Identities = 128/134 (95%)	AY100329
	uncultured cyanobacterium Identities = 128/134 (95%)	AY100328
	uncultured cyanobacterium Identities = 128/134 (95%)	AY100327
2-1	Uncultured Thermotogales bacterium Identities = 150/152 (98%)	AY692052
	uncultured bacterium Identities = 150/152 (98%)	AY482446
	uncultured eubacterium AS12 Identities = 149/152 (98%)	AY275931
2-2	<i>Thiococcus</i> sp. AT 2206 Identities = 148/150 (98%)	AJ401203
	<i>Thiococcus</i> sp. AT 2217 Identities = 148/150 (98%)	AJ401211
	<i>Thioapsa</i> sp. Identities = 146/151 (96%)	TJ010125
2-3	<i>Rhodovulum</i> sp. Identities = 125/125 (100%)	D16420
	<i>Rhodovulum</i> sp. AR2002 Identities = 125/125 (100%)	AJ401214
2-4	Uncultured bacterium Identities = 123/132 (93%)	AY349569
	Uncultured bacterium Identities = 123/132 (93%)	AY525663
	Green non-sulfur bacterium OPB11 Identities = 121/132 (91%)	AY027031

4 结论

(1) 水解酸化-好氧法对经物化预处理后的油田废水具有理想的处理效果,好氧段各工况的出水COD均能达到《国家石油开发工业水污染物排放标准(GB3550-83)》第一级I类标准.水解酸化段停留时间为15h时,可作为水解酸化段的最佳停留时间.经物化处理后的油田废水采用水解酸化-好氧生物法处理工艺的设计参数为:水解酸化段COD负荷率选用小于 $0.487 \text{ kg}/(\text{m}^3 \cdot \text{d})$,好氧段COD负荷率选用小于 $0.290 \text{ kg}/(\text{m}^3 \cdot \text{d})$.

(2) 运用GC/MS技术分析油田废水有机污染物在工艺流程中的相对组分变化规律,可以获得水解酸化-好氧法处理油田废水过程中的有机污染物迁移和降解规律.其中,在水解酸化段中酮类、芳烃得到较好的降解,好氧段中酚类、酮类、酸类、烷烃和烯烃降解明显,生物法处理油田废水对于其中BTEX具有较好的降解能力.

(3) 本研究所采用的提取方法、PCR反应体系的设定及其DGGE的操作对于成分复杂的污泥样

将2个活性污泥样本割胶后的几条片段Band(见图3)进行PCR扩增并进行测序.通过NCBI比对,选取序列最为接近的部分菌种,列表8.对2个反应器中优势菌种16S rDNA序列分析,可初步判断水解酸化段优势菌种有CFB group bacterium和cyanobacterium,好氧段优势菌种有*Thiococcus*属和*Rhodovulum*属.

本中微生物种群动态的分析是可行的.对2个反应器中优势菌种16S rDNA序列分析,可初步判断水解酸化段优势菌种有CFB group bacterium和cyanobacterium,好氧段优势菌种有*Thiococcus*属和*Rhodovulum*属.为采用投菌法生物强化技术提高油田废水处理能力提供了理论依据.

参考文献:

- [1] 闻岳,章非娟,余志荣.稠油废水处理再生后回用热采锅炉的研究[J].给水排水,2004,30(1):43~45.
- [2] 邹可华,隋峰,曹明伟,等.高温优势菌生物膜法处理采油废水[J].城市环境与城市生态,2002,15(5):32~34.
- [3] 李哲,刘振华,张俊贞.SBR法处理油田采出水[J].城市环境与城市生态,2000,13(1):41~42.
- [4] 项勇,常斌.悬浮和附着生物厌氧好氧污水处理技术的应用[J].油气田地面工程,2001,21(1):50~60.
- [5] 项勇,常斌.大港油田东二污强化稳定塘生物处理技术[J].油气田地面工程,2000,21(2):56~57.
- [6] 陈进福.油田采出水处理技术与进展[J].环境工程,2000,18(1):18~20.
- [7] Tellez G T, Nirmalakhandan N, Jorge G L. Evaluation of biokinetic coefficient in degradation of oilfield produced water under varying salt concentrations [J]. Water Research, 1995, 29(7):1711~1718.

- [8] Tellez G T, Nirmalakhandan N, Jorge G L. Performance evaluation of an activated sludge system for removing petroleum hydrocarbons from oilfield produced water [J]. *Advances in Environmental Research*, 2002, **6**: 455~ 470.
- [9] 谢加才,王正江,李明义. 稠油污水处理现场小试[J]. *特种油气藏*, 2002, **9**(2): 69~ 73.
- [10] 竺建荣,沈海铭,汪诚文,等. 厌-好氧交替工艺处理辽河油田废水的试验[J]. *环境科学*, 1999, **20**(1): 62~ 64.
- [11] 邓波,祝威. 生化法处理高温、高盐油田采出水[J]. *中国给水排水*, 2003, **19**(4): 76~ 78.
- [12] 何强,龙腾锐,林刚. 好氧预膜加速厌氧生物膜反应器启动的试验研究[J]. *给水排水*, 2001, **27**(5): 27~ 29.
- [13] 国家环保局. 水与废水监测分析方法[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1998.
- [14] 张自杰. 废水处理理论与设计[M]. 北京: 中国建筑工业出版社, 2003.
- [15] 王凯军,贾立敏. 城市污水生物处理新技术开发与应用[M]. 北京: 化学工业出版社, 2001.
- [16] 陈近富,李忠涛,李海平,等. 采油废水的有机构成及其COD的处理技术研究[J]. *石油与天然气化工*, 2001, **30**(1): 47~ 49.
- [17] 陈灏,唐小树,林洁,等. 不经培养的农田土壤微生物种群构成及系统分类的初步研究[J]. *微生物学报*, 2002, **42**(8): 478~ 483.
- [18] Ian S Waite, Anthony G O' Donnell, Andrew Harrison, *et al.* Design and evaluation of nematode 18S rDNA primers for PCR and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of soil community DNA [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2003, **35**: 1165~ 1173.
- [19] Nico Boon, Wim De Windt, Willy Verstraete, *et al.* Evaluation of nested PCR-DGGE with group-specific 16S rDNA primers for the analysis of bacterial communities from different wastewater treatment plants [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2001, **39**: 101~ 112.
- [20] 高贤明,马克平,陈灵芝. 暖温带若干落叶阔叶林群落物种多样性及其与群落动态的关系[J]. *植物生态学报*, 2001, **25**(3): 283~ 290.