

综述与专论

现代分子生物学技术在活性污泥 微生物菌群研究中的应用

徐 瑾,于萍萍,张红锋

(西藏大学农牧学院,西藏 林芝 860000)

摘要:活性污泥是活性污泥法处理污水系统的功能主体。人类对活性污泥微生物菌群的认识随着其研究技术的发展而不断深入。本文主要介绍了现代分子生物学技术在活性污泥微生物菌群研究中的应用,这些现代分子生物学技术包括 ERIC-PCR 技术、SSCP 技术、实时荧光定量 PCR 技术、DGGE/TGGE 技术、16S rRNA 序列比较、T-RFLP 技术、FISH 技术、宏基因组学技术等。最后强调今后活性污泥菌群的研究应以新方法的建立和多种现代分子生物学技术的综合运用为主。

关键词:活性污泥;微生物菌群;现代分子生物学技术

中图分类号:X703 文献标识码:A 文章编号:1006-8759(2016)01-0007-05

APPLICATION OF MODERN MOLECULAR BIOTECHNOLOGY TECHNIQUES IN THE RESEARCH OF MICROBIAL COMMUNITY IN ACTIVATED SLUDGE

XU Jin, YU Ping-ping, ZHANG Hong-feng

(Agricultural and Animal Husbandry College of Tibet University, Tibet Linzhi, 860000)

Abstract: Activated sludge is the key functional element of biological wastewater treatment plants which employ an activated sludge process. With the development of the research method, people's understanding on the microbial community in activated sludge is gradually deepened. This article summarized the application of modern molecular biology techniques in the research of microbial community in activated sludge. These modern molecular biology techniques include the ERIC-PCR technology, SSCP technology, real-time quantitative PCR, DGGE/TGGE technology, 16S rRNA sequence comparison, T-RFLP technique, FISH technology, Metagenomics technology and so on. Then emphasize the further research of microbial community of activated sludge should be the establishment of the new method and a variety of the integrated use of modern molecular biology techniques.

Key words: Activated sludge; Microbial community; Modern molecular biotechnology

污水生物处理技术的发展已有近 100 年的历史,而活性污泥法是目前应用最为广泛的生物处理技术之一。活性污泥是活性污泥法的核心部分,是有好气性微生物及其吸附、粘附的有机污染物

和无机物质组成,具有吸附和分解污水中有机物的能力^[1]。活性污泥微生物群落结构与生物处理的效果有着直接的关系^[2],污水中污染物的去除主要取决于微生物的种类、数量和活性^[3,4]。深入研究活性污泥微生物菌群,有助于进一步揭示过程的运行机理,从而达到提高处理效率和降低处理费用的目的。使用先进的检测方法,对活性污泥微生物

菌群进行研究,已经成为研究的热点问题。本文分析了传统法在活性污泥功能微生物研究中存在的问题,介绍了当前活性污泥微生物菌群研究中常用的现代分子生物学技术,并指出新方法的建立和多种现代分子生物学技术的综合运用是今后研究活性污泥微生物菌群的新趋势。

1 传统法在活性污泥功能微生物研究中的应用

传统的环境微生物研究方法主要包括富集、分离、选择、纯化、生理生化鉴定等。周康群等^[5]以浓缩池污泥为细菌分离的种泥,利用传统的培养技术分离出一株厌氧除磷功能菌(NA),该菌株既有反硝化功能,又有厌氧除磷产生磷化氢的功能。

传统的培养技术要求相对简单,经常被用于分离一些具有一定功能的微生物,只能用于一些科研工作者的初步研究。但随着对微生物研究的不断深入,该技术的缺陷也愈发明显,特别是在环境微生物研究方面,环境样品成分复杂,微生物种类繁多,采用传统的分析方法已无法对其进行全面的分析。为了研究和利用微生物对人类的价值,开发其他方法势在必行。

2 现代分子生物学技术在活性污泥微生物菌群研究中的应用

2.1 肠杆菌属基因间重复一致序列 PCR (ERIC-PCR)

肠杆菌属基因间保守重复序列(ERIC)是在肠道细菌基因组中发现的长为 126 个碱基对的非编码保守重复序列,该序列在细菌染色体上的分布呈现多态性。目前该技术已经被广泛应用于纯培养细菌的鉴别、分类、基因组多样性和系统进化等方面的研究^[6]。

陈敏等^[7]用此技术检测了活性污泥菌群结构及其变化,结果表明,在缺氧池和好氧池,各个采样点的 ERIC-PCR 图谱差异不大,悬浮污泥在各构筑物之间交流充分,同一采样点的图谱在不同采样时期具有明显差异。叶姜瑜等^[8]应用此技术对螺旋升流式反应器在低温下的微生物群落结构进行了分析,结果表明,螺旋升流式反应器良好的落选升流特质有利于菌群在不同温度下的功能发挥,特别是低温下脱氮除磷功能的维持。

此技术具有简易、快速、灵敏等诸多优点,对于新菌株的发现以及对已知菌株的深入分析有非常重要的现实意义。但作为一种方法,也存在一些局限性:①难以提供关于种群组成的详细信息;②重现性不是很好;③由于等长 DNA 片断序列组成可能不同,因此样品间的相似性有可能会被过高地估计。

2.2 变性/温度梯度凝胶电泳(DGGE/TGGE)

变性/温度梯度凝胶电泳(DGGE/TGGE)是一种利用双链 DNA 片段熔解行为的不同,分离 PCR 产物中长度相同但序列不同的 DNA 标记片段的方法。DGGE 的主要电泳条件都由微处理器控制,具有加样量小,重复性好,操作简便、快速等优点,广泛应用于活性污泥微生物多样性与结构的分析^[9]。

最先将 PCR-DGGE 应用到微生物群落结构研究中的是 Muyzer 等人,该研究人员认为 PCR-DGGE 技术在揭示微生物种群多样性及群落演替规律方面具有明显的优势^[10]。国内许玫英等^[11]首次采用 PCR-DGGE 技术对活性污泥中的氨氧化细菌作了比较研究,实验结果表明采用该技术将有助于更全面地了解氨氧化细菌的类群和功能,从而为提高污水生物处理系统的处理效果奠定了基础。刘新春等^[12]利用 PCR-DGGE 技术,对不同温度下接种的两套活性污泥系统中的微生物群落结构的动态变化进行追踪,结果表明,在相同的条件下,两系统的微生物群落结构的相似性随着运行时间的增加而增加。国外 Moura 等^[13]采用 DGGE 技术分析了两个污水处理厂曝气池中微生物菌群的变化,结果表明不同季节收集的样品中的微生物的变化很大,温度、溶解氧等均能影响微生物群落结构,并进一步确定了所研究样品中的主要微生物种群。Lee 等^[14]利用 DGGE 技术追踪处理高浓度废水的活性污泥中的细菌和古细菌的变化,对 DGGE 的图谱分析表明,细菌菌群随时间的变化而变化。

此技术也有一定的局限性:①能有效分离的 DNA 片段不是非常大,最多只能在 1 kb 左右,而一般情况下我们选用的片段仅几百个碱基,因而这些序列提供的系统发育信息非常有限;②如果实验条件选择不恰当,可能会出现 DGGE 的一条带代表几种菌的情况,这样就有可能低估自然群

落中微生物的多样性;③由于DNA异源复合体的形成或某些微生物16S rDNA有多个拷贝,就会出现一种纯菌有多条DGGE条带的情况,这样就有可能高估微生物的多样性;④一般来说,此技术只能显示微生物群落中占据优势的种群。

2.3 单链构象多态性研究

单链构象多态性研究(SSCP)是指呈复杂空间折叠构象的单链DNA或RNA片段,当有一个碱基发生改变时,空间构象便发生改变,根据不同空间构象的DNA分子受聚丙烯酰胺凝胶阻力的不同,可通过非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE),将其分离开^[15]。

Peters等^[16]用该法研究活性污泥菌群结构和演替,并同传统的培养方法比较指出SSCP方法避免了传统培养的费时费力以及误差大的干扰,适合对微生物群落结构和演替的分析。Dabert等^[17]利用SSCP法研究生物强化对EBPR实验室反应器的活性污泥除磷作用的影响,发现PAOs和GAOs的竞争是EBPR启动成败的关键。

尽管此技术具有简便、有效等优点,但此技术也存在一定的缺陷,例如重现性差,易受胶浓度和电泳温度等条件的影响,能够有效分离的DNA序列也非常短,仅150-400 bp。

2.4 实时荧光定量PCR

实时荧光定量PCR(RT-PCR)技术,是指在PCR反应体系中加入荧光基团,利用荧光信号积累实时监测整个PCR进程,最后通过标准曲线对未知模板进行定量分析的方法^[18]。

孙寓姣等^[19]利用该技术研究了活性污泥中真细菌和古细菌的数量关系,结果表明,3个活性污泥样品中,真细菌和古细菌在总细菌中的相对含量,随着反应器有机负荷的增加而增大;甲烷鬃毛菌在古细菌中的相对含量也是如此;当COD负荷增大到35 kg/(m³·d)时,产甲烷丝菌在总细菌中的比例上升到33%,增加了1倍。刘涛等^[20]用该法研究了CANON工艺在常温低氨氮基质条件下的宏观运行效能及功能微生物的群落特征,结果发现进水氨氮浓度对ANAMMOX菌群结构无明显影响,而ANAMMOX菌群丰度随氨氮浓度的降低而减少。

2.5 16S rRNA 序列比较

16S rRNA序列比较技术是提取微生物样本

16S rRNA的基因片段,通过克隆、测序、探针杂交,获取16S rRNA的序列信息,再将序列信息与16S rRNA数据库中的数据进行对比,从而确定其在进化树中的位置,进而对样本中可能存在的微生物种类进行鉴定^[21]。

Chouari等^[22]对活性污泥中浮霉菌门的多样性进行16S rRNA序列分析,发现了4个已知菌属Pirellula(32%)、Planctomyces(18.4%)、Gemmata(3.8%)和Isosphaera(0.4%)。Abed等^[23]利用16S rRNA序列比较技术研究了高盐的油污染活性污泥处理系统中好氧细菌的多样性,发现其中的细菌分别属于不同的纲,具有丰富的多样性。宋文哲等^[24]采用16S rRNA序列比较对降解五氯酚的微氧颗粒污泥形成过程中真细菌和古细菌的种群多样性和动态变化进行了研究,发现颗粒污泥中真细菌和古细菌都与不可培养的微生物相似性高,微氧颗粒污泥中同时存在好氧菌、微氧菌和厌氧菌。

2.6 末端限制性片段多态性(T-RFLP)

末端限制性片段多态性(T-RFLP)是由RFLP发展而来,是将聚合酶链反应物中的一条加以荧光标记,对扩增产物用限制性内切酶进行切割并电泳,根据片断的大小不同以及标记片断种类和数量的不同来分析群落的结构及组成^[25]。该方法与其它分子生物学技术相比,具有分辨率高、易于实现自动化等特点,广泛应用于活性污泥微生物群落多样性的研究^[26]。

张黎等^[27]借助T-RFLP技术分析了PCP降解菌群的微生物群落结构。Tsuneda等^[28]以亚硝酸盐还原酶基因(nirS)为基础对一个序批反应器(SBR)的反硝化聚磷菌(DNPAOs)进行RFLP分析,发现一个占70%所有克隆的nirS克隆,其序列相似于红环菌类群的两类细菌:陶厄氏菌属(83%相似性)和固氮弧菌属(83%相似性)。Garvin Collins等^[29]利用T-RFLP技术对种子活性污泥和接种后的活性污泥中微生物菌群变化研究时发现种子活性污泥中占优势的产甲烷菌群是Methanobacteria和Proteobacteria,而接种后第42天占优势的菌群是Methanosarcina vacuolata和Methanobacterium palustre。

2.7 荧光原位杂交技术(FISH)

荧光原位杂交技术(FISH)主要是基于被检测

染色体与带有荧光标记的核酸探针之间的同源互补性,通过对荧光物质的检测便可对待测样品进行定性或定量分析。一般的核酸抽提和 PCR 扩增会产生一定程度的偏差,而该技术恰好避免此偏差,且能同时检测几种微生物。该技术检测灵敏度高、安全便捷,能快速获得结果,已广泛应用于活性污泥微生物菌群研究。

目前,关于该技术在活性污泥微生物群落中的应用的报道较多。Flaherty 等^[30]将共聚焦激光扫描显微镜与 FISH 技术结合,对反应器中活性污泥的菌群组成、分布等方面进行研究,这种结合技术表现出了很大的应用优势。Sanctis 等^[31]利用 FISH 技术研究序批式生物滤池活性污泥形成过程中菌群结构的变化情况。Weber 等^[32]将 FISH 技术与扫描电镜、光学显微镜、共聚焦显微镜结合,研究了从生物膜的形成到活性污泥的形成过程中污泥的结构变化,并改良了 FISH 法。赵晶等^[33]采用该技术对昆明 3 个不同工艺流程的城市污水处理厂活性污泥微生物群落中的硝化细菌的组成和丰度进行了研究。张宇坤等^[34]采用高浓度氨氮污水富集培养 AOB,对富含 AOB 的污泥进行 FISH 分析表明 AOB 占细菌总数比例为(55±7)%。

FISH 技术也存在一些问题:①FISH 检测的特异性,探针的特异性关系到 FISH 检测的可信度,因此探针的设计至关重要;②FISH 检测的假阳性,由于某些微生物,如假单胞菌属、蓝细菌属等自身能够产生荧光色素,这些荧光物质的存在会干扰 FISH 检测;③FISH 检测的假阴性,细胞壁的结构会对探针的渗透造成一定的影响,有些微生物的细胞壁较厚,使得探针无法进入细胞,就有可能导致杂交信号强度降低,部分微生物难以被检测出来。

2.8 宏基因组学技术

宏基因组学(Metagenomics)又叫微生物环境基因组学、元基因组学。它通过直接从环境样品中提取全部微生物的 DNA,构建宏基因组文库,利用基因组学的研究策略研究环境样品所包含的全部微生物的遗传组成及其群落功能。它是在微生物基因组学的基础上发展起来的一种研究微生物多样性、开发新的生理活性物质(或获得新基因)的新理念和新方法。

宏基因组学研究的对象是特定环境中的总

DNA,不是某特定的微生物或其细胞中的总 DNA,不需要对微生物进行分离培养和纯化,这对我们认识和利用 95% 以上的未培养微生物提供了一条新的途径。该技术的产生和发展极大程度地揭示了环境样品中微生物群落中微生物多样性、功能多样性及代谢多样性,是评估环境样品中微生物组成结构的最精确方法之一。

宏基因组测序技术的应用推动了污水治理领域研究的发展,国内外有些研究者将此种方法用于某些污水生化处理系统中微生物群落的结构和功能解析过程中。Ju 等^[35]利用宏基因组技术描述一个市政污水处理厂长达 4 年的活性污泥微生物菌群随季节性变化的动态特征,结果表明,与真核生物(主要是轮虫纲和线虫纲)相比,这个市政污水处理厂活性污泥中细菌和古菌的丰度(主要是广古菌)在冬天明显比夏天高。Li 等^[36]利用 Illumina 公司高通量宏基因组的方法调查了在铜选择性压力 800 mg/L 下浓缩的活性污泥中微生物群落和铜抗性基因的多样性和丰度,结果表明,多相-铜氧化酶基因编码比流出的蛋白质编码扮演更重要的角色。

3 总结与展望

活性污泥法作为现代污水处理的主力已经越来越受到人们的重视,活性污泥中的微生物菌群随着现代研究方法的发展也逐渐被发现和认识,但是还没有被认识完全,有些重要的菌群还没有被发现。随着各种科学技术的发展,新的研究方法还将应用于污泥微生物菌群分析。就目前来看,单一的技术已经基本趋于成熟,但每种技术都有其局限性,所导致的一些误差是不可避免的,而将几种技术综合运用可以从一定程度上解决单一技术所带来的局限性,使结果更加准确,这也是研究活性污泥微生物菌群多样性的新趋势。总之,随着新方法的建立和多种现代分子生物学技术的综合运用,活性污泥的菌群结构会更好的为人们所认识。

参考文献

- [1] Carlo Tocchi, Ermanno Federici, Laura Fidati, et al. Aerobic treatment of dairy wastewater in an industrial three-reactor plant: Effect of aeration regime on performances and on protozoan and bacterial communities. *Water research* [J], 2012, 46: 3334-3344.
- [2] Paulina J, Agnieszka CK, Magdalena Z, et al. Configuration of biological wastewater treatment line and influent composition as the

- main factors driving bacterial community structure of activated sludge [J]. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, 2013, 29: 1145–1153.
- [3] Pholchan MK, Baptista J, Davenport RJ, et al. Systematic study of the effect of operating variables on reactor performance and microbial diversity in laboratory-scale activated sludge reactors [J]. *Water research*, 2010, 44: 1341–1352.
- [4] Wells GF, Park HD, Eggleston B, et al. Fine-scale bacterial community dynamics and the taxa-time relationship within a full-scale activated sludge bioreactor [J]. *Water research*, 2011, 45: 5476–5488.
- [5] 周康群, 刘晖, 孙彦富, 等. 一株源于污泥浓缩池厌氧除磷菌的分离、鉴定及特性研究[J]. *环境科学研究*, 2008, 21(4): 38–42.
- [6] Versalovic J, Koeuth T, Lupski JR. Distribution of repetitive DNA sequences in eubacteria and application fingerprinting of bacterial genomes [J]. *Nucleic acids research*, 1991, 19(24): 6823–6831.
- [7] Chen M, Wei GF, Gao PP, et al. Using ERIC-PCR and molecular hybridization for monitoring changes in the structure of microbial community in coking wastewater treatment system [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24:1330–1334.
- [8] 叶姜瑜, 王图锦, 罗固源, 等. ERIC-PCR 指纹图谱技术对低温下 SUFR 反应器中菌群结构分析 [J]. *环境科学学报*, 2008, 28(1): 101–107.
- [9] 余彬彬, 李钧敏, 金则新. 分析分子生物学技术在活性污泥微生物多样性研究中的应用[J]. *江苏农业科学*, 2009, 5: 313–315.
- [10] Muyzer G, Waal E C, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S RNA [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, 59(3): 695–700.
- [11] 许玫英, 曾国驱, 任随周, 等. 分子检测技术对活性污泥中氨氧化细菌的比较研究[J]. *微生物学报*, 2003, 43(3): 372–377.
- [12] 刘新春, 吴成强, 张昱, 等. PCR-DCGE 法用于活性污泥系统中微生物群落结构变化的解析[J]. *生态学报*, 2005, 25(4): 842–847.
- [13] Moura A, Tacao M, Henriques I, et al. Characterization of bacterial diversity in two aerated lagoons of a wastewater treatment plant using PCR-DGGE analysis [J]. *Microbiological Research*, 2009, 164(5): 560–569.
- [14] Lee C, Kim J, Shin SG, et al. Monitoring bacterial and archaeal community shifts in a mesophilic anaerobic batch reactor treating a high-strength organic wastewater [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 65(3): 544–554.
- [15] 洪安安, 刘德华, 刘灿明, 等. 活性污泥的主要微生物菌群及研究方法[J]. *工业水处理*, 2009, 29(2): 10–14.
- [16] Peters S, Koschinsky S, Schwioger F, et al. Succession of microbial communities during hot composting as detected by PCR-single-strand-conformation polymorphism-based genetic profiles of small-subunit rRNA genes [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(3): 930–936.
- [17] Dabert P, Delgenes J P, Godon JJ. Monitoring the impact of bioaugmentation on the start-up of biological phosphorus removal in a laboratory scale activated sludge ecosystem [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 66(5): 575–588.
- [18] 朱海霞, 陈林海, 张大伟, 等. 活性污泥微生物菌群研究方法进展[J]. *生态学报*, 2007, 27(1): 314–322.
- [19] 孙寓姣, 左剑恶, 李建平, 等. 厌氧颗粒污泥中微生物种群变化的分子生物学解析[J]. *中国环境科学*, 2006, 26(2): 183–187.
- [20] 刘涛, 李冬, 曾辉平, 等. 氨氮浓度对 CANON 工艺功能微生物丰度和群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2013, 34(2): 773–780.
- [21] 邱浩然, 赵霞, 王晓春, 等. 现代分子生物学技术在活性污泥微生物菌群多样性研究中的应用[J]. *四川环境*, 2013, 32(6): 129–132.
- [22] Chouari R, LePaslier D, Daegelen P, et al. Molecular evidence for novel planctomycete diversity in a municipal wastewater treatment plant [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(12): 7354–7363.
- [23] Abed RM, Zein B, Thukair A, et al. Phylogenetic diversity and activity of aerobic heterotrophic bacteria from a hypersaline oil-polluted microbial mat [J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2007, 30(4): 319–330.
- [24] 宋文哲, 陈竹, 陈元彩, 等. 16S rRNA 序列技术分析鉴定颗粒污泥中的微生物[J]. *华南师范大学学报*, 2013, 45(1): 100–104.
- [25] Hiraishi A, Iwasaki M, Shinjo H. Terminal restriction pattern analysis of 16S rRNA genes for the characterization of bacterial communities of activated sludge [J]. *Journal of bioscience and bioengineering*, 2000, 90(2): 148–156.
- [26] Kraigher B, Kosjek T, Heath E, et al. Influence of pharmaceutical residues on the structure of activated sludge bacterial communities in wastewater treatment bioreactors [J]. *Water Research*, 2008, 42(17): 4578–4588.
- [27] 张黎, 谭贵良, 堵国成, 等. 五氯苯酚厌氧生物降解及降解体系中细菌种群结构分析[J]. *微生物学通报*, 2008, 35(8): 1203–1208.
- [28] Tsuneda S, Miyauchi R, Ohno T, et al. Characterization of denitrifying polyphosphate-accumulating organisms in activated sludge based on nitrite reductase gene [J]. *Journal of bioscience and bioengineering*, 2005, 99(4): 403–407.
- [29] Collins G, Woods A, Mchugh S, et al. Microbial community structure and methanogenic activity during start-up of psychrophilic anaerobic digesters treating synthetic industrial wastewaters [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 46(2): 159–170.
- [30] Flaherty VO, Collins G, Mahony T. *Rev. Environ. Sci. Bio. Tech.*, 2006, 5: 39–55.
- [31] Sanctis De, Iaconi M Di, Lopez CA, et al. Granular biomass structure and population dynamics in Sequencing Batch Biofilter Granular Reactor (SBBGR) [J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(7): 2152–2158.
- [32] Weber SD, Ludwig W, Schleifer KH, et al. *Appl. Environmental Microbiology*, 2007, 73(19): 6233–6240.
- [33] 赵晶, 唐阳, 李勇, 等. 活性污泥污水处理厂硝化细菌的组成和丰度[J]. *昆明学院学报*, 2014, 36(3): 64–67.
- [34] 张宇坤, 王淑莹, 董怡君, 等. NaCl 盐度对氨氧化细菌活性的影响及动力学特性[J]. *中国环境科学*, 2014, 35(2): 465–470.

为:有机酸钠盐:30.0%,氢氧化钠:4.0%,碳酸钠:8.0%,水:58.0%。正常生产时流量约为5.5 m³/h。废液的LHV约为1500 kJ/kg, COD约为6.5×10⁵ mg/L。用重油做辅助燃料调节焚烧温度,

废液焚烧温度>1100℃。该装置副产中低压蒸气并利用电除尘回收烟气中的碳酸钠,经济效益好。焚烧后排放烟气能够满足环保要求。

从以上的各工程案例可以看出,焚烧工艺在

表5-2 医药装置有机废气组成

废气成分	烃类	苯	啶	NH ₃	N ₂	H ₂ O	CO	O ₂	其他	合计
体积含量(%)	11.0	21.8	5.0	21.5	15.2	8.8	6.8	4.7	5.2	100.0

处理有机废液中的应用更广,并且能够同时处理废气和废液,尤其适用于含盐的废液。但是焚烧属于有焰燃烧,对废液的热值有一定要求,若热值太低,将会消耗更多辅助燃料。

3 如何选择废物处理工艺

综上所述,蓄热氧化和催化氧化工艺主要应用于低热值大风量有机废气的处理,在废气中含有N、P、S、芳烃等有毒物质时使用蓄热氧化较多。催化氧化燃烧温度低,通常不需要辅助燃料,不易产生二次污染,但在设计时需考虑催化剂的消耗、中毒、堵塞等问题。和催化氧化相比,蓄热氧化不需要使用催化剂,固定投资和运营成本更低,运营简单,维护费用低,操作弹性非常大,是最为经济的有机废气处理工艺,但在设计时应考虑废气或

表6 某氟化工装置有机废气、废液组成

元素	C	H	O	S	Cl	F	合计
废气, %(w)	32.07	11.98	0.56	0.00	2.36	53.03	100
废液, %(w)	20.89	35.66	12.02	0.00	0.30	31.11	100

烟气中固体颗粒对蓄热载体的堵塞。区别于蓄热氧化和催化氧化,焚烧主要应用于有机废液特别是含盐有机废液的处理,能够同时处理有机废气和有机废液;该工艺适应性广,有机废物处理彻底,但装置设置及控制复杂,投资高,操作弹性低,综合热效率也不高。

4 结论

本文主要介绍了用于有机废气及废液处理的

热氧化工艺的分类,并且分别介绍了其工艺原理,技术特点和适用的范围,调查了各种氧化工艺在多个行业中的工程案例,简要分析了各装置特点,对有机废气或有机废液热氧化处理的工艺方案选择有重要的借鉴意义。选择合适的氧化工艺不仅能够减少装置的固定投资和运行成本,而且可以增加装置的可靠性及避免二次污染等。

参考文献

- [1] 蔡永奇,王飞等. PO/SM 废气催化氧化处理技术的工业应用[J]. 石油炼制与化工, 2013, 44(9):73-78
- [2] 程文红,袁晓华等. 催化氧化技术在橡胶废气处理中的应用[J]. 化工环保, 2012, 32(2):156-159
- [3] 王海波,宋安泰等. 汽油氧化脱硫醇尾气冷凝_蓄热燃烧技术[J]. 炼油技术与工程, 2010, 40(9):58-61
- [4] 马晓驰,陆勇兵等. 蓄热氧化器在顺酐行业中的应用[J]. 化工机械, 2010, 37(6):772-773
- [5] 蔡鹏山,马晓驰等. 顺酐行业中蓄热氧化器的应用[J]. 化工机械, 2013, 40(5):676-678
- [6] 张洁敏. 蓄热氧化系统处理高浓度有机废气的实例[J]. 广东化工, 2006, 33(6):90-91
- [7] 简力,孙昆. 蓄热式氧化炉在处理SBS生产废气中的应用[J]. 节能技术, 2014, 32(184):185-189
- [8] 高步新,蒋自平等. 丙烯腈装置废液焚烧炉的低NO_x燃烧设计[J]. 石油化工设备技术, 2004, 25(3):23-25
- [9] 张绍坤. 有机废液和废气联合焚烧处理技术的研究与应用[J]. 工业炉, 2004, 34(4):34-36
- [10] 邹平. 有机氟化工废物焚烧炉燃烧工艺及自动控制[J]. 氟化工, 2012, 19(2):4-6
- [11] 李方文,马淞江. 焚烧法处理环己酮生产中的皂化液[J]. 环境污染治理技术与设备, 2005, 06(1):81-83

(上接第11页)

[35] Ju F, Guo F, Ye L, et al. Metagenomic analysis on seasonal microbial variations of activated sludge from a full-scale wastewater treatment plant over 4 years [J]. Environmental Microbiology Reports, 2014, 6(1): 80-89.

[36] Li LG, Cai L, Zhang XX, et al. Potentially novel copper resis-

tance genes in copper-enriched activated sludge revealed by metagenomic analysis [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, 98(24): 10255-10266.