

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2023.17.017

臭氧催化氧化/BAF深度处理高含硫气田采出水

苏三宝¹, 尚红超¹, 李春红¹, 李慧宇¹, 商剑峰²

(1. 中国石化集团中原石油勘探局有限公司 水务分公司, 河南 濮阳 457001; 2. 中国石化化工股份有限公司中原油田 普光分公司, 四川 达州 635002)

摘要: 为了探索高盐采出水深度处理机理,基于生产规模装置,监测关键水质指标,探寻水质变化规律;开展高通量测序和荧光定量PCR分析,探索曝气生物滤池(BAF)中细菌、氨氧化细菌(AOB)和氨氧化古菌(AOA)特征。结果表明,在进水氯离子、COD和氨氮浓度分别为9 912、223和44.0 mg/L条件下,当臭氧投加量为200~350 mg/L、BAF曝气量为150~300 m³/h时,臭氧催化氧化和BAF对COD的去除率分别为49.3%和15.8%,对氨氮的去除率分别为38.2%和54.3%;BAF出水COD和氨氮的浓度分别为77.8和3.29 mg/L,满足下游工艺要求。氨氮通过硝化作用全部转化为亚硝态氮或硝态氮,没有反硝化代谢。系统中的细菌主要为红杆菌、鞘脂菌、固氮弓菌、红环菌和 *Planktosalinus*; AOB的绝对优势菌是亚硝化单胞菌;AOA的优势菌是 *Nitrososphaera* 和 *Nitrosocosmicus*,均隶属于奇古菌门。细菌、AOB和AOA的含量分别为(0.63~1.33)×10⁹、(2.00~4.21)×10⁸和(4.14~9.84)×10⁴ 拷贝数/g填料;细菌和AOB含量丰富,AOA含量较低,说明细菌和AOB在有机物和氨氮降解过程中发挥主力作用。

关键词: 臭氧催化氧化; 曝气生物滤池; 高含硫气田; 高盐采出水; 深度处理

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2023)17-0106-07

Catalytic Ozonation/Biological Aerated Filter Combined Process for Advanced Treatment of Effluent from High Sour Gas Field

SU San-bao¹, SHANG Hong-chao¹, LI Chun-hong¹, LI Hui-yu¹, SHANG Jian-feng²

(1. Water Service Branch, Sinopec Zhongyuan Oilfield, Puyang 457001, China; 2. Puguang Branch, Sinopec Zhongyuan Oilfield, Dazhou 635002, China)

Abstract: This paper explored the variation in water quality by monitoring the key water quality indexes, investigated the characteristics of bacteria such as AOB and archaea such as AOA in biological aerated filter (BAF) by high-throughput sequencing and fluorescence quantitative PCR, so as to reveal the mechanism of a full-scale catalytic ozonation/BAF process for advanced treatment of hypersaline effluent from a gas field. When the chloride ion concentration, COD and ammonia nitrogen in influent were 9 912 mg/L, 223 mg/L and 44.0 mg/L, respectively, the ozone dosage was in the range of 200–350 mg/L and the BAF aeration rate was between 150 m³/h and 300 m³/h, the COD removal rates of ozone catalytic oxidation and BAF were 49.3% and 15.8%, respectively, and the removal rates of ammonia nitrogen were 38.2% and 54.3%, respectively. The COD and ammonia nitrogen in effluent from BAF were 77.8 mg/L and 3.29

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(51574038); 中原油田博士后课题(2020BY01); 中石化科技项目(320022)
通信作者: 商剑峰 E-mail: zyyq.sjf@126.com

mg/L, respectively, which met the influent requirements of downstream process. All ammonia nitrogen was converted to nitrite nitrogen or nitrate nitrogen through nitrification, and there was no denitrification. The dominant bacteria were *Rhodobacter*, *Sphingobium*, *Azoarcus*, *Rhodocyclus* and *Planktosalinus*. The most dominant AOB genus was *Nitrosomonas*. The dominant AOA genera were *Nitrososphaera* and *Nitrosocosmicus*, both of which belong to phylum of *Thaumarchaeota*. The contents of bacteria, AOB and AOA were $(0.63\text{--}1.33)\times 10^9$ copies/g filler, $(2.00\text{--}4.21)\times 10^8$ copies/g filler and $(4.14\text{--}9.84)\times 10^4$ copies/g filler, respectively. The content of bacteria and AOB was abundant, while the content of AOA was low, indicating that bacteria and AOB played a major role in the degradation of organic contaminants and ammonia nitrogen.

Key words: catalytic ozonation; biological aerated filter (BAF); high sour gas field; hypersaline wastewater; advanced treatment

高含硫天然气是优质高效、绿色清洁的低碳能源,是国家天然气发展战略的重要支持,是国家稳步推进“碳达峰、碳中和”目标的重要基础。然而,伴随气田开发,采出的大量高含硫、高含盐、高含COD、高含氨氮污水需要妥善处置。随着科学技术和环保要求的不断提高,深度处理后资源化回用成为主要方向。臭氧催化氧化/曝气生物滤池(BAF)组合工艺在深度处理复杂难降解有机物污水方面具有独特优势。一方面,臭氧在过渡金属催化剂NiO、TiO₂或Fe₂O₃等辅助下,通过直接氧化作用,将低浓度、难降解有机物开环断链,降低了污水毒性,提高了可生化性^[1];另一方面,BAF利用好氧微生物的降解功能,可高效去除臭氧催化氧化开环断链的复杂污染物。该组合工艺已广泛应用于工业废水的深度处理,如煤化工废水^[1]、农药废水^[2]、制药废水^[3-4]和PVC离心母液废水^[5]等。

基于生产规模的臭氧催化氧化/BAF组合工艺,笔者持续监测了关键水质指标,分析了水质变化规律,针对BAF填料中附着的生物膜、靶标物种分类特征基因16S rDNA和氨氧化功能基因氨单加氧酶 $amoA$ 基因,开展了高通量测序和荧光定量PCR分析,研究了COD降低的关键作用功能菌和氨氮降解的关键功能菌(氨氧化细菌AOB、氨氧化古菌AOA)的组成和含量,探究了生物代谢机理,以期的高盐采出水深度处理的高效、稳定运行提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验试剂:重铬酸钾、硫酸汞、硫酸银、浓硫酸、硫酸亚铁铵、硫酸亚铁、邻菲罗啉等,均为分析纯。

试验仪器:COD微波消解仪、氨氮测定仪、离子色谱仪、高通量测序仪、实时荧光定量PCR仪等。

1.2 工艺概况

川东北某高含硫气田采出水具有高含硫化物(1 500~3 500 mg/L)、高含COD(1 200~3 000 mg/L)、高含氨氮(150~500 mg/L)和高含氯离子(8 000~15 000 mg/L)特点。采出水在进入臭氧催化氧化/BAF工艺之前,需要进行前处理:首先采用“气提-化学氧化”去除硫化物;然后采用NaOH-Na₂CO₃除硬度,使钙离子<50 mg/L、镁离子<20 mg/L;最后采用缺氧/好氧-膜生物反应器(A/O-MBR)进行生物处理,使COD<250 mg/L、氨氮<50 mg/L。采出水经臭氧催化氧化/BAF深度处理后,要求COD<100 mg/L、氨氮<10 mg/L,进入下游RO-MVR系统进行脱盐处理,脱盐水作为循环水以实现资源化回用。

现场臭氧催化氧化装置包括臭氧反应池2座,单座容积约为130 m³,池内填充柱状活性炭复合多金属催化剂。臭氧反应静置池1座,容积约为180 m³。配套设备包括制氧机、臭氧发生器和尾气破坏装置。BAF装置包括两级反应池2组,单级反应池容积约为90 m³,反应池中填充聚氨酯海绵填料,作为生物膜附着的载体。

在臭氧催化氧化/BAF工艺运行时,污水流量为25~35 m³/h,臭氧投加量为200~350 mg/L,BAF曝气量为150~300 m³/h。监测周期中,进水pH为8.26,氯离子、COD和氨氮分别为9 912、223和44.0 mg/L,硝酸根、亚硝酸根、钙离子、镁离子分别为2.75、8.34、36.5和16.1 mg/L,水温为25~40℃。

1.3 检测项目及方法

pH的测定方法参照《水质 pH值的测定 玻璃电极法》(GB 6920—1986)。因为采出水的氯离子含量高,采用硫酸汞屏蔽-微波消解法^[6]测定COD。氨氮的测定方法参照《水质 氨氮的测定 纳氏试剂分光光度法》(HJ 535—2009)。亚硝酸根和硝酸根采用离子色谱仪进行测定,方法参照《水质 无机阴离子(F^- 、 Cl^- 、 NO_2^- 、 Br^- 、 NO_3^- 、 PO_4^{3-} 、 SO_3^{2-} 、 SO_4^{2-})的测定 离子色谱法》(HJ 84—2016)。

1.4 微生物组成分析

根据运行情况,分别于2020年11月15日和12月15日采集了BAF反应池中的海绵填料,用于生物膜中细菌DNA的提取。取约0.5 g BAF填料,剪碎,然后使用PowerSoil DNA Isolation Kit提取细菌基因组DNA^[7-8],进行电泳检测,在-20℃下保存,用于高通量测序和荧光定量PCR分析。

使用515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')/806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增细菌16S rDNA V3-V4高变区^[8]。使用 $amoA$ -1F(5'-GGGGTTTCTACTGGTGGT-3')/ $amoA$ -2R(5'-CCCCTCTGCAAAGCCTTCTTC-3')扩增AOB的 $amoA$ 基因^[9]。使用Arch- $amoA$ 26F(5'-GACTACAT-MTTCTAYACWGAYTGGGC-3')/Arch- $amoA$ 417R(5'-GGKGTCA TRTATGGWGGYAAAYGTTGG-3')扩增AOA的 $amoA$ 基因^[10]。扩增产物使用Illumina MiSeq PE300高通量测序,测序由上海派森诺生物科技有限公司完成。

1.5 微生物定量分析

分别使用引物515F/806R、 $amoA$ -1F/ $amoA$ -2R、Arch- $amoA$ 26F/Arch- $amoA$ 417R开展荧光定量PCR扩增,定量分析细菌、AOB和AOA的含量。分别使用含有280 bp 16S rDNA V4片段、500 bp AOB- $amoA$ 片段、415 bp AOA- $amoA$ 片段的dsDNA(双链DNA)质粒作为标准物质,制备标准曲线。使用实时荧光定量PCR仪,选用AceQ qPCR SYBR Green Master Mix试剂盒(JZ121-02,吉真生物)进行荧光定量PCR扩增。最后使用Bio-Rad CFX Manager软件,计算循环阈值(Ct值),Ct值与检测样品中目标DNA起始拷贝数的对数存在线性关系,可进行定量分析。

2 结果与分析

2.1 对COD的去除效果

臭氧催化氧化/BAF系统中COD浓度的变化如图1所示。进水COD浓度波动较大,12月初达到最高值336 mg/L。而臭氧催化氧化出水COD浓度保持稳定,仅有3次超过150 mg/L。BAF出水COD浓度进一步降低,可保持低于100 mg/L的设计要求。试验进水、臭氧催化氧化出水和BAF出水的COD浓度平均值分别为223、113和77.8 mg/L,臭氧催化氧化和BAF对COD的平均去除率分别为49.3%和15.8%,系统COD去除率合计为65.1%。BAF出水COD浓度低于制药废水深度处理的出水结果^[4],说明臭氧催化氧化/BAF组合工艺能稳定、高效地去除含硫气田高盐采出水中的复杂有机物。

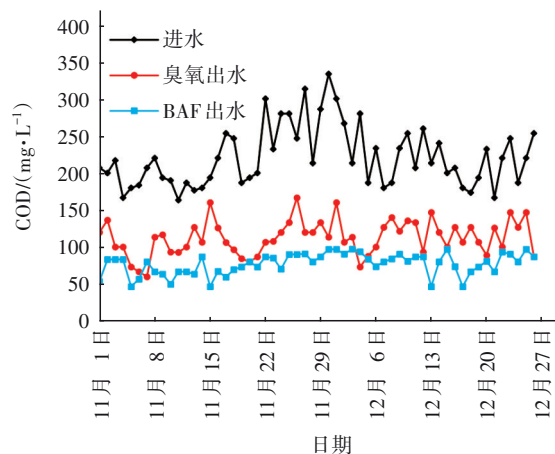


图1 臭氧催化氧化/BAF系统中COD浓度的变化

Fig.1 Change of COD concentration in catalytic ozonation/BAF process

2.2 对氨氮的去除效果

臭氧催化氧化/BAF系统中氨氮浓度的变化如图2所示。可以看出,臭氧催化氧化单元进水和出水的氨氮浓度变化趋势相近,说明臭氧催化氧化单元保持了相对稳定的氨氮去除能力。BAF出水中氨氮浓度首先快速下降,11月1日—5日,氨氮浓度从超过20 mg/L快速下降至5 mg/L以下,说明此阶段BAF对氨氮的降解能力逐渐增强。11月6日—12月底,出水氨氮浓度保持稳定,基本维持在5 mg/L以下的低水平,优于<10 mg/L的设计要求。试验进水、臭氧催化氧化出水和BAF出水的氨氮浓度平均值分别为44.0、27.2和3.29 mg/L,臭氧催化氧化和BAF对氨氮的平均去除率分别为38.2%和

54.3%,系统氨氮去除率合计为92.5%。BAF出水中氨氮浓度虽与煤化工废水深度处理出水相当,但氨氮去除效率显著提高^[1],说明臭氧催化氧化/BAF组合工艺可高效降解高盐采出水中的氨氮。

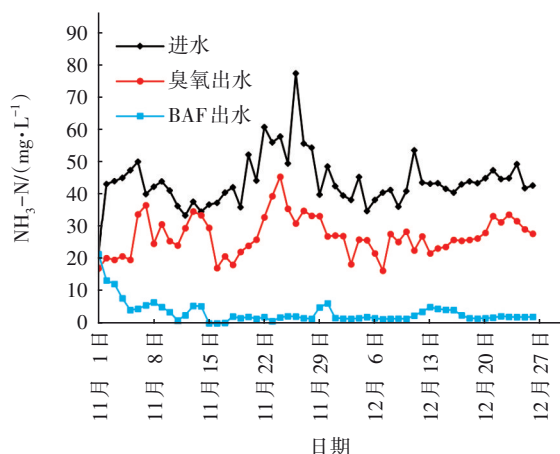


图2 臭氧催化氧化/BAF系统中氨氮浓度的变化

Fig.2 Change of ammonia nitrogen concentration in catalytic ozonation/BAF process

氨氮的生物降解首先是自养型氨氧化细菌的作用^[9-10],产物为亚硝酸根,见式(1)。



由式(1)可知,氨氮被氧化会产生 H^+ ,消耗碱度,这解释了臭氧催化氧化进水pH平均值为8.26,而BAF出水pH平均值为7.08的原因。

然后利用亚硝酸盐氧化菌的代谢作用,将亚硝酸根氧化为硝酸根,见式(2)。

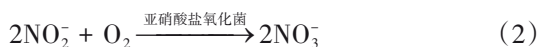


图3为亚硝酸根和硝酸根浓度的变化。BAF降解氨氮的历程可分为3个阶段。第I阶段为11月1日—20日,此阶段BAF出水中的亚硝酸根先快速增加,从约20 mg/L增加至约100 mg/L,这与同期BAF降解氨氮能力较快一致。11月9日起,亚硝酸根稳定在100 mg/L左右,形成了平台期,这主要是因为同期臭氧催化氧化单元进水氨氮浓度保持相对稳定,氨氮的降解产物亚硝酸根也保持相对稳定。在此阶段,硝酸根含量保持稳定,没有增加的趋势。因此,第I阶段主要发生式(1)所示的反应,即主要是氨氧化细菌的作用,式(2)所示反应可忽略。

第II阶段为11月21日—27日,该阶段亚硝酸根浓度再次快速增加,并在11月25日达到最大值约200 mg/L,这主要与同期臭氧催化氧化系统进水

氨氮浓度大幅增加有关。该阶段硝酸根浓度开始增加,说明进行了式(2)所示的反应,亚硝酸盐氧化菌开始发挥作用。在此阶段,仍然是以式(1)所示的反应为主,同时开始进行式(2)所示的反应,但式(1)所示反应产生的亚硝酸根显著大于式(2)消耗的,亚硝酸根出现了积累。

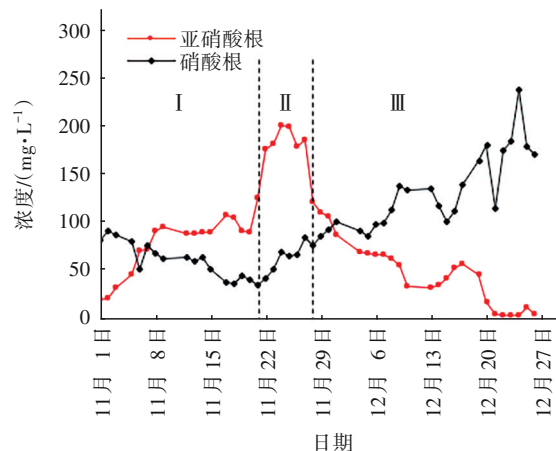


图3 亚硝酸根和硝酸根浓度的变化

Fig.3 Change of NO_2^- and NO_3^- concentrations

第III阶段为11月28日—12月底,该阶段亚硝酸根浓度快速下降,稳定后保持在50 mg/L以下的较低水平。硝酸根浓度则快速增加,最高值出现于12月底,接近250 mg/L。该阶段亚硝酸盐氧化菌的活性较好,有利于式(2)所示的反应,能够快速将亚硝酸盐转化为硝酸盐,因此亚硝酸根浓度保持较低水平。

基于臭氧催化氧化单元进水亚硝酸根和硝酸根的检测结果(平均浓度分别为8.34和2.75 mg/L),分析氨氮减少值与代谢产物(亚硝酸根和硝酸根)增加值的变化,结果如图4所示(以N计)。

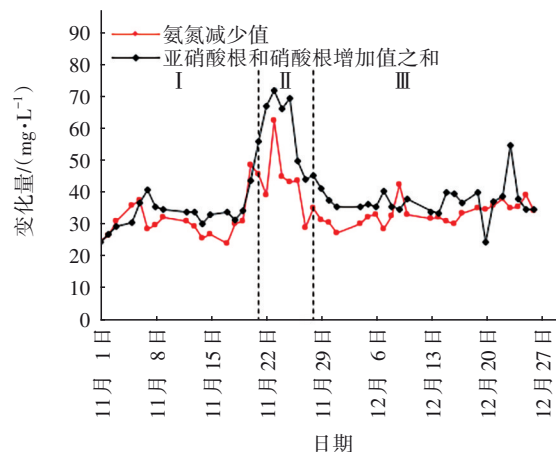


图4 氨氮减少值与产物增加值的变化

Fig.4 Change of ammonia nitrogen decrease value and product increase value

由图4可知,氨氮减少值与代谢产物增加值的变化曲线基本重叠,说明降解的氨氮全部转化为亚硝酸根或硝酸根(亚硝态氮或硝态氮),没有反硝化代谢。经计算(以N计),氨氮减少值平均为34.1 mg/L,而亚硝酸根和硝酸根增加值之和平均为39.5 mg/L,产物总量略高于氨氮降解量,说明还存在其他氮源。分析原因,一是臭氧催化氧化单元进水中含有少量的有机氮污染物被转化为氨氮代谢产物;二是BAF的生物膜中存在固氮微生物。

2.3 微生物组成特征

基于细菌的16S rDNA、AOB和AOA的*amoA*基因,对11月15日(BAF1)和12月15日(BAF2)采集的BAF填料进行Illumina高通量测序,结果如图5所示。可知,对于不同时间采集的样品,细菌组成差异较小,说明BAF填料中生物膜的细菌组成稳定,这是BAF出水中COD浓度能够持续稳定的基础。在门分类水平上,主要包含了 α -变形菌门、 β -变形菌门、拟杆菌门、浮霉菌门和 γ -变形菌门,也有少量的 δ -变形菌门和蓝细菌门,见图5(a)。

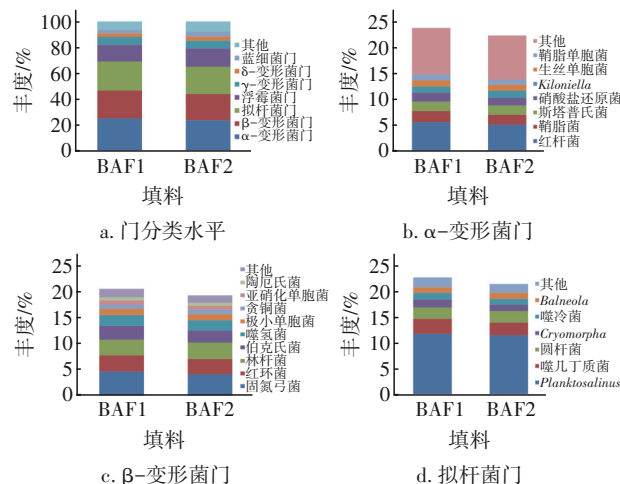


图5 BAF填料的细菌组成

Fig.5 Bacterial community of biofilm in BAF filler

由图5(b)可知,在含量最丰富的 α -变形菌门中,主要包含红杆菌、鞘脂菌、斯塔普氏菌等,其中红杆菌、鞘脂菌丰度分别为5.07%~5.56%和1.91%~2.14%,其他菌的丰度在0.98%~1.85%范围内。Giebel等人^[11]从石油烃污染海水中分离到可以降解石油烃的红杆菌,并进一步开展了基因组测序来解析代谢机理。Raina等人^[12]发现,在污染的土壤中使用鞘脂菌可以增强六氯环己烷的生物降解。因此,红杆菌和鞘脂菌可能在BAF有机物生

物降解过程中发挥了重要作用。

由图5(c)可知, β -变形菌门中固氮弓菌含量最高,丰度为4.14%~4.67%;红环菌、林杆菌、伯克氏菌和噬氢菌大体相当,丰度范围为2.00%~3.11%。极小单胞菌的丰度较低(1.17%~1.18%)。另外,贪铜菌、亚硝化单胞菌和陶厄氏菌的丰度也较低(0.51%~0.90%)。固氮弓菌是固氮模式菌^[13],可以在BAF运行过程中进行生物固氮,推断这是导致氨氮减少值略低于产物增加值的主要原因。另外,有文献报道^[14],固氮弓菌可以降解芳烃污染物;Táncics等人^[15]发现,红环菌可以降解甲苯;Jayamani等人^[16]使用高通量测序技术发现红环菌在乙苯降解过程中发挥了重要作用。可见,固氮弓菌和红环菌在BAF的芳烃污染物降解过程中发挥了重要作用。

由图5(d)可知,拟杆菌门中*Planktosalinus*丰度最高,为11.72%~11.44%;噬几丁质菌、圆杆菌、*Cryomorpha*、噬冷菌和*Balneola*丰度相当,基本在1.02%~2.88%。蔡丽云等人^[17]研究处理垃圾渗滤液的SBR污泥微生物组成时发现,*Planktosalinus*丰度高达16.84%,说明其可能在工业废水处理过程中发挥了重要作用。因此,对于BAF填料的细菌组成,优势功能菌是红杆菌、鞘脂菌、固氮弓菌、红环菌和*Planktosalinus*,它们是BAF出水COD浓度能够保持稳定的基础。

根据AOB和AOA组成的分析结果,发现对于氨氮降解关键功能菌AOB来说,绝对优势菌是亚硝化单胞菌,对于BAF1和BAF2,丰度分别为97.69%和98.92%,差异不大;另外,还有少量亚硝化螺菌,丰度分别2.31%和1.08%。陈泽斌等人^[18]分析了滇池沉积物中AOB的组成,发现主要也是亚硝化螺菌和亚硝化单胞菌。因此,本研究中优势AOB是亚硝化单胞菌。

对于AOA,发现*Nitrososphaera*为优势菌,在BAF1和BAF2中丰度分别为63.14%和68.46%,二者差异相对较小。但是对于*Nitrosocosmicus*,丰度分别为14.23%和23.91%,BAF1显著低于BAF2。然而对于*Nitrosopumilus*,丰度分别为22.6%和7.63%,BAF1显著高于BAF2。这一现象的出现可能与BAF降解氨氮机理发展阶段不同有关系。*Nitrososphaera*、*Nitrosocosmicus*和*Nitrosopumilus*均隶属于奇古菌门,刘国辉等人^[19]研究了南海北部陆坡

表层沉积物 AOA 的多样性,发现其也全部隶属于奇古菌门。然而,贺帅兵等人^[10]发现,艾比湖湿地芦苇根际土壤样品中 AOA 群落的优势菌隶属于泉古菌门。因此,本研究 AOA 的组成中 *Nitrososphaera* 和 *Nitrosocosmicus* 为优势菌。

2.4 微生物含量特征

使用荧光定量 PCR 分析了 BAF 填料生物膜中细菌、AOB 和 AOA 的含量,结果表明 11 月 15 日和 12 月 15 日分别采集的 BAF1 和 BAF2 样品差异较小,这是 BAF 功能稳定的基础。分析结果显示,细菌含量为 $6.29 \times 10^8 \sim 1.33 \times 10^9$ 拷贝数/g 填料, AOB 含量为 $(2.00 \sim 4.21) \times 10^8$ 拷贝数/g 填料, AOA 含量为 $(4.14 \sim 9.84) \times 10^4$ 拷贝数/g 填料。孙旭等人^[20]定量分析了江苏 7 个湖泊沉积物中 AOB 和 AOA 的含量,结果表明 AOB 和 AOA 的含量分别为 $(3.82 \sim 6.07) \times 10^6$ 和 $3.91 \times 10^6 \sim 1.30 \times 10^7$ 拷贝数/g 底泥, AOB 含量较本研究的低 2 个数量级,而 AOA 则高 2 个数量级,这可能是因为本研究中高盐采出水氨氮浓度较高,所以 AOB 含量亦较高。从定量分析结果可以看出,在 BAF 填料中,细菌和 AOB 含量丰富, AOA 含量较低,说明在 BAF 降解有机物和氨氮过程中,分别是细菌和 AOB 发挥主力作用。

3 结论

① 臭氧催化氧化/BAF 组合工艺能稳定、高效地去除高含硫气田高盐采出水的复杂有机物,可高效地将氨氮转化为亚硝酸根,并进一步转化为硝酸根。BAF 出水水质可持续满足下游工序要求。

② BAF 填料中优势细菌种类为红杆菌、鞘脂菌、固氮弓菌、红环菌和 *Planktosalinus*, 它们是 BAF 出水 COD 浓度持续稳定的基础。BAF 填料中 AOB 的绝对优势菌是亚硝化单胞菌。AOA 的优势菌是 *Nitrososphaera* 和 *Nitrosocosmicus*, 隶属于奇古菌门。BAF 填料中细菌和 AOB 含量丰富, AOA 含量较低,细菌和 AOB 在有机物和氨氮降解过程中发挥了主力作用。

参考文献:

- [1] 王文豪, 高健磊, 高镜清. 预处理+A/O+臭氧氧化+BAF 深度处理煤化工废水[J]. 工业水处理, 2019, 39(6): 103-106.
- [2] 张耀辉, 李军, 周军, 等. 厌氧消化—A/O—臭氧催化氧化—BAF 工艺处理农药废水生化出水的中试研究[J]. 化工环保, 2020, 40(2): 137-141.
- [3] 魏健, 何锦垚, 宋永会, 等. 臭氧催化氧化—BAF 深度处理抗生素废水效能及微生物群落结构分析[J]. 环境科学学报, 2020, 40(6): 2090-2100.
- [4] 刘钰钦, 洪志强, 王京刚, 等. 微电解—AO—臭氧氧化—BAF 组合工艺处理制药废水[J]. 水处理技术, 2017, 43(7): 89-93.
- [5] 王顺, 孙杰, 陈宇萌. 水解+接触氧化+臭氧+BAF 处理 PVC 离心母液废水[J]. 中国给水排水, 2019, 35(16): 90-93.
- [6] 张力, 辛来举, 郑雪丹, 等. 环境监测中 4 种 COD 测定方法的对比实验[J]. 桂林工学院学报, 2004, 24(2): 231-234.
- [7] 苏三宝, 王林海, 林军, 等. 海上石油终端生产污水 A/O 处理中的微生物构效关系[J]. 科技通报, 2020, 36(3): 124-129.
- [8] ZHANG Yaohui, LI Jun, ZHOU Jun, et al. Pilot scale study on treatment of biochemical effluent from pesticide wastewater by anaerobic digestion—A/O—catalytic ozonation—BAF process[J]. Environmental Protection of Chemical Industry, 2020, 40(2): 137-141 (in Chinese).
- [9] WEI Jian, HE Jinyao, SONG Yonghui, et al. Advanced treatment of antibiotic wastewater by catalytic ozonation combined with BAF process and an analysis of the bacterial community structures[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, 40(6): 2090-2100 (in Chinese).
- [10] LIU Yuqin, HONG Zhiqiang, WANG Jinggang, et al. Pharmaceutical wastewater treatment by microelectrolysis—AO—ozonation—BAF combined process[J]. Technology of Water Treatment, 2017, 43(7): 89-93 (in Chinese).
- [11] WANG Shun, SUN Jie, CHEN Yumeng. Treatment of PVC centrifugal mother liquor wastewater by hydrolytic acidification+contact oxidation+ozone+BAF process[J]. China Water & Wastewater, 2019, 35(16): 90-93 (in Chinese).
- [12] ZHANG Li, XIN Laiju, ZHENG Xuedan, et al. Comparative test of four COD measure methods in environmental monitoring[J]. Journal of Guilin Institute of Technology, 2004, 24(2): 231-234 (in Chinese).
- [13] SU Sanbao, WANG Linhai, LIN Jun, et al. The microbial structure activity relationship in the waste treatment of coal chemical wastewater[J]. Industrial Water Treatment, 2019, 39(6): 103-106 (in Chinese).

- water treatment by A/O process on an offshore oil and gas terminal[J]. *Bulletin of Science and Technology*, 2020, 36(3): 124-129(in Chinese).
- [8] 苏三宝, 张凡, 喻高明, 等. 油藏环境异化铁还原菌的生物多样性[J]. *科学技术与工程*, 2018, 18(30): 30-34.
- SU Sanbao, ZHANG Fan, YU Gaoming, *et al.* The biological diversity of dissimilated iron reducing bacteria in oil reservoirs [J]. *Science Technology and Engineering*, 2018, 18(30): 30-34(in Chinese).
- [9] YU L F, WANG Y, LI R, *et al.* The differential proliferation of AOB and NOB during natural nitrifier cultivation and acclimation with raw sewage as seed sludge [J]. *RSC Advances*, 2020, 10 (47) : 28277-28286.
- [10] 贺帅兵, 胡文革, 靳希桐, 等. 艾比湖湿地芦苇根际土壤氨氧化古菌的多样性和群落结构[J]. *微生物学报*, 2019, 59(8): 1576-1585.
- HE Shuaibing, HU Wenge, JIN Xitong, *et al.* Diversity and community structure of ammonia oxidizing archaea in rhizosphere soil of reed in Ebinur Lake Wetland[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, 59(8): 1576-1585(in Chinese).
- [11] GIEBEL H A, KLOTZ F, VOGET S, *et al.* Draft genome sequence of the marine *Rhodobacteraceae* strain O3.65, cultivated from oil-polluted seawater of the Deepwater Horizon oil spill [J]. *Standards in Genomic Sciences*, 2016, 11: 81.
- [12] RAINA V, SUAR M, SINGH A, *et al.* Enhanced biodegradation of hexachlorocyclohexane (HCH) in contaminated soils via inoculation with *Sphingobium indicum* B90A [J]. *Biodegradation*, 2008, 19 (1) : 27-40.
- [13] HUREK T, REINHOLD-HUREK B. *Azoarcus* sp. strain BH72 as a model for nitrogen-fixing grass endophytes [J]. *Journal of Biotechnology*, 2003, 106 (2/3) : 169-178.
- [14] DURANTE-RODRÍGUEZ G, ZAMARRO M T, GARCÍA J L, *et al.* Oxygen-dependent regulation of the central pathway for the anaerobic catabolism of aromatic compounds in *Azoarcus* sp. strain CIB [J]. *Journal of Bacteriology*, 2006, 188(7): 2343-2354.
- [15] TÁNCICS A, SZALAY A R, FARKAS M, *et al.* Stable isotope probing of hypoxic toluene degradation at the Siklós aquifer reveals prominent role of *Rhodocyclaceae* [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2018, 94(6): fy088.
- [16] JAYAMANI I, CUPPLES A M. Stable isotope probing and high-throughput sequencing implicate *Xanthomonadaceae* and *Rhodocyclaceae* in ethylbenzene degradation [J]. *Environmental Engineering Science*, 2015, 32(3): 240-249.
- [17] 蔡丽云, 黄泽彬, 须子唯, 等. 处理垃圾渗滤液的SBR中微生物种群与污泥比阻[J]. *环境科学*, 2018, 39(2): 880-888.
- CAI Liyun, HUANG Zebin, XU Ziwei, *et al.* Microbial communities and sludge specific resistance in two SBRs treating leachate [J]. *Environmental Science*, 2018, 39 (2): 880-888(in Chinese).
- [18] 陈泽斌, 李冰, 夏体渊, 等. 滇池沉积物中好氧氨氧化细菌群落多样性研究[J]. *西南农业学报*, 2016, 29 (3): 689-694.
- CHEN Zebin, LI Bing, XIA Tiyan, *et al.* Community diversity of aerobic ammonium-oxidizing bacteria in sediments of Dianchi Lake [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2016, 29 (3) : 689-694 (in Chinese).
- [19] 刘国辉, 吴后波. 南海北部陆坡表层沉积物氨氧化古菌多样性初探[J]. *热带地理*, 2016, 36(1): 108-113.
- LIU Guohui, WU Houbo. Diversity of ammonia-oxidizing archaea in the surface sediments of the northern continental slope of the South China Sea [J]. *Tropical Geography*, 2016, 36 (1) : 108-113 (in Chinese).
- [20] 孙旭, 胡志新, 杨柳燕. 湖泊水体营养状态对沉积物好氧氨氧化菌异质性的影响[J]. *水资源保护*, 2018, 34(4): 86-92.
- SUN Xu, HU Zhixin, YANG Liuyan. Effect of lake trophic state on heterogeneity of aerobic ammonia-oxidizing archaea and bacteria in sediments [J]. *Water Resources Protection*, 2018, 34 (4) : 86-92 (in Chinese).

作者简介: 苏三宝(1986-), 男, 湖北宜昌人, 博士, 助理研究员, 主要研究方向为高含硫气田高盐采出水深度处理技术与应用。

E-mail: 527406156@qq.com

收稿日期: 2021-10-12

修回日期: 2022-03-13

(编辑: 任莹莹)