

## 石油污染土壤微生物治理技术发展方向

余素林<sup>1</sup>, 赵桂芳<sup>2</sup>, 刘芳<sup>1</sup>, 吕楠曦<sup>1</sup>, 郭斌<sup>1</sup>, 吴晓磊<sup>1</sup>

(1. 清华大学环境科学与工程系, 北京 100084; 2. 湖南省环境保护科学研究院重点实验室, 长沙 410004)

**摘要:**采油废水和含油固体废弃物的排放, 在一些区域造成了严重的土壤石油污染。经济而无二次污染的微生物石油污染土壤治理技术具有难以比拟的优势, 其实质是通过对石油污染土壤微生物群落进行定向调控, 充分发挥功能微生物的石油污染治理作用, 强化对石油烃类污染物质的转化, 从而达到石油污染治理和污染土壤修复的目的。

**关键词:**石油污染土壤; 微生物修复; 免培养技术; 提高微生物可培养性

**中图分类号:**X53      **文献标识码:**A      **文章编号:**1008-0864(2007)04-0055-06

## Strategy for Development of Technologies for Oil-contaminated Soil Bioremediation

YU Su-lin<sup>1</sup>, ZHAO Gui-fang<sup>2</sup>, LIU Fang<sup>1</sup>, LV Nan-xi<sup>1</sup>, GUO Bin<sup>1</sup>, WU Xiao-lei<sup>1</sup>

(1. Department of Environmental Science and Engineering, Tsinghua University, Beijing 100084;

2. Hunan Research Academy of Environmental Sciences, Changsha 410004, China)

**Abstract:** Oil pollution in soil caused by the oil extraction wastewater and oil-contained solid wastes is becoming serious. Bioremediation by microorganisms characterized by being environmental-friendly and low cost is widely applied all over the world. Bioremediation is an application of microbial functions of the oil-polluted soil microbial community. By analyzing and manipulating the oil polluted soil microbial community structure purposely, its functions of degrading petroleum hydrocarbon could be strengthened for effective microbial oil-polluted soil bioremediation.

**Key words:** oil-contaminated soil; bioremediation; culture-free technology; increasing microbial culturability

从人类开始开发石油资源, 石油泄漏、含油废水和固体废弃物排放就日益成为一个严重的环境问题。目前, 全球石油总产量每年约 22 亿 t, 其中约有 800 万 t 石油进入环境造成污染, 我国每年有近 60 万 t 石油进入环境, 污染土壤、地下水、河流和海洋<sup>[1]</sup>。石油类污染物主要化学成分包括烷烃、苯、甲苯、二甲苯、复杂芳香烃、胶质和沥青质等<sup>[2]</sup>, 这些物质中有些毒性很大, 具有致癌、致突变和致畸变作用, 能通过食物链在动植物体内富集, 因而已被列为必须控制的重点污染物<sup>[3]</sup>。除此之外, 石油污染物进入土壤后会影响到土壤的通透性, 降低土壤质量, 并阻碍植物根系的呼吸与吸收, 影响农作物产量; 海上溢油等会造成严重的石油污染和海洋生态系统的崩溃等<sup>[4-8]</sup>。石油污染治理和污染环

境修复因而成为世界范围内的重要课题。由于物理化学方法普遍存在消耗大、成本高和二次污染等问题, 经济性强且无二次污染的生物修复技术代表了石油污染治理技术的发展方向<sup>[9-11]</sup>。

### 1 石油污染土壤微生物治理技术

石油污染土壤微生物治理是利用广泛存在、功能多样、易于调控的土壤微生物对石油污染物进行降解、转化、转移等作用而减少土壤中石油污染物质的存在, 并恢复或部分恢复遭到破坏的土壤生态功能的过程。石油污染微生物土壤治理技术就是利用各种工程措施, 创造条件激活或者维持土壤中功能微生物的高活性, 使之发挥降解和

收稿日期: 2007-05-11; 修回日期: 2007-07-25

基金项目: 国家自然科学基金(30300008)资助。

作者简介: 余素林, 博士研究生, 主要研究方向为石油污染土壤微生物修复技术的开发和应用。E-mail: ysl03@mails.tsinghua.edu.cn。

通讯作者: 吴晓磊, 教授, 主要从事环境生物技术研究。E-mail: xiaolei\_wu@tsinghua.edu.cn

治理石油污染物质的作用,从而达到修复土壤的目的。

目前石油污染土壤治理措施主要包括:

### 1.1 土壤中引入具有石油降解功能的“外来”微生物

研究表明,环境中存在的能降解石油组分的各种微生物<sup>[12-14]</sup>,包括 *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Aeromicrobium*, *Aeromonas*, *Alcaligenes*, *Brevibacterium*, *Burkholderia*, *Corynebacterium*, *Gordonia*, *Dietzia*, *Enterobacteriaceae*, *Flavobacterium*, *Micrococcus*, *Mycobacterium*, *Vibrio*, *Ochrobactrum*, *Pseudomonas*, *Rhodococcus*, *Serratia*, *Xanthomonas maltophilia* 等属的细菌,以及 *Amorphoteca*, *Aspergillus*, *Corioliopsis rigida*, *Fusarium*, *Graphium*, *Neosartorya*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Pleurotus ostreatus*, *Talaromyces*, *Trametes villosus*, *Candida*, *Candida*, *Pichia*, *Yarrowia* 等真菌。这种措施将这些功能微生物大量培养后,直接投加到石油污染环境中,以求人为维持这些降解微生物的高数量和活性、获得高效降解石油污染物的效果。但是实践结果往往是,菌种投加后修复效果不能持久,仅在短时间内具有一定的效果。

### 1.2 激活土壤中原本存在的具有治理石油污染功能的微生物

尽管土壤中存在能够降解石油污染物质的微生物,但是在通常情况下,其种群大小和活性一般较低。向石油污染土壤中投加营养物质、电子受体、固体介质和表面活性剂等,目的在于提高土壤中原本存在的微生物的活性和作用,从而强化对石油污染土壤的治理和修复。例如,投加营养物质可以促进微生物的生长,从而加快石油烃类物质的降解<sup>[15]</sup>;投加电子受体可以增加土壤中氧气以及硝酸盐和碳酸盐等电子受体,从而促进氧化还原反应的进行以及石油烃类物质的降解和转化;投加表面活性剂可以增加石油烃类污染物质的表观溶解度,促进微生物对石油烃类物质的获取和降解<sup>[16]</sup>。

这些措施是目前石油污染土壤修复技术的主要方式,得到了广泛应用,并且为石油污染土壤修复做出了重要的贡献。但是总体上,这些方法对石油污染土壤修复效果一般为30%~50%,而无

法保持在更高水平。要提高石油污染土壤治理技术的效率,必须突破该技术发展的瓶颈,采用更适合微生物群落调控的技术方法来强化微生物治理石油污染物质的功能。

## 2 石油污染治理技术发展的瓶颈

石油污染土壤微生物治理技术也具有其他污染生物治理技术相类似的瓶颈。例如,在土壤等各种环境中,微生物通过信号转递,对空间和营养的相互竞争和依赖等而形成微生物群落。任何微生物的生长繁殖和功能发挥都是在微生物群落中发生和进行的,因此,土壤中石油污染物的降解和治理表现上也是土壤微生物群落的一种作用和功能的发挥。但是,到目前为止,很少有将石油污染土壤修复技术研究、开发和应用置于微生物群落背景下来进行。究其原因,是由于传统微生物培养方法和微生物群落分析手段难以全面研究土壤微生物的真实规律。

传统上对微生物的检测和认知是通过显微观察以及对微生物生理生化特性的研究来完成的。工作的前提是微生物已经被人工从其所处的环境中选择性地分离培养,并且具有相当的活性。这一要求使传统的方法具有以下致命缺陷:

①人类设定的富集培养条件不能完全反映微生物在自然界中所处的环境,在自然环境中具有活性的对污染治理起作用的微生物由于不能适合人类实验室环境和培养条件而无法在培养基中生长,所以人们无法分离培养自然界中所有的微生物。研究表明,能够或已培养分离的微生物只占可能微生物总种类的0.1%~1%<sup>[17]</sup>。

②人工选择性富集对不同微生物富集效果不完全相同,所以利用人为设定的培养基或者培养条件会优先选择和富集适合于这些培养基和培养条件的微生物,从而导致所培养富集的各种微生物的相对数量与实际环境中的相对数量出现偏差,使检测到的微生物在种类、数量和功能上并不一定准确地反映环境中的真实情况。

由于这些限制,人们无法准确了解所投放的“外来高效微生物”是否能够完全适合于各种石油污染土壤环境,更无法确定这些外来微生物是

否能够很好地为土壤微生物群落所“接纳”而长时间发挥高效的作用。另一方面,由于无法准确了解石油污染治理中占优势的“土著”功能微生物的种类、数量和分布,也就无法有的放矢地向石油污染土壤中投加营养元素等各种刺激物以对功能微生物进行定向激活,并维持其高效作用。其结果是,尽管我们知道微生物在生物修复技术中起着关键作用,是石油污染环境生物修复的主要实施者,但由于上述限制,微生物群落在传统生物技术研究发展中一直被当作“黑箱”<sup>[18]</sup>。所以不了解微生物群落结构和功能、及其随环境条件变化的演替规律,要找到最佳的微生物降解石油污染物质的条件是比较盲目的。总之,传统微生物检测和认知方法的缺陷严重限制了对污染治理和环境修复工艺中微生物群落的了解,导致了对各种微生物、尤其是难培养微生物的功能,以及微生物群落结构和演替规律缺乏系统的认知,这极大地制约了污染治理和环境修复技术的研发和应用,是阻碍这些技术发展的瓶颈。

要充分利用微生物降解石油烃类污染物质的功能,有的放矢地激活和强化微生物对石油污染物的降解作用,首先必须对土壤中的微生物群落构成及其功能进行详细的了解。最近以来发展的提高微生物可培养性技术手段、分子微生物生态学、以及环境基因组等理论、方法和技术为突破限制石油污染土壤微生物治理技术发展的瓶颈提供了可能。

### 3 研究污染土壤微生物群落结构和功能的新方法

#### 3.1 研究微生物群落结构的分子微生物生态学方法

分子微生物生态学自其名称于 1990 年在德国被提出以来,已经得到了长足的进步,并发展成为一门系统的科学,其各种方法已经成为微生物群落分析的有力手段。分子微生物生态学技术利用微生物自身组成成分(DNA/RNA 等)中“家族特异性”结构的种类和数量(拷贝数)来分析各种环境中微生物的种类和数量,从而分析微生物群落结构和生物多样性。并在此基础上,分析微生物群落

的变化和演替规律,研究和开发微生物群落定向调控措施,开发和应用相关环境微生物技术。

分子微生物生态学分析方法包括:基于 PCR 扩增的分析方法和不利用 PCR 的分析方法。其中基于 PCR 扩增的方法包括目前在微生物群落分析中被广泛应用的 DGGE/TGGE 技术,通过变性剂甲酰胺和尿素或温度形成的线性梯度丙稀酰胺凝胶电泳对双链 DNA 分子进行分离和分析,以确定自然环境中微生物群落结构和遗传多样性<sup>[19]</sup>;扩增性 rDNA 限制性酶切片段分析(ARDRA)技术是依据原核生物 rDNA 序列的保守性,将扩增的 rDNA 片段进行酶切,通过酶切图谱来分析菌间多样性<sup>[19]</sup>;末端限制性酶切片段长度多态性(T-RFLP)分析是将 PCR 扩增反应所用引物的一端或两端进行荧光标记,利用能识别特定 DNA 序列的限制性核酸内切酶处理群落 16S rDNA 的 PCR 扩增产物,基于不同种群 16S rDNA 序列的差异,得到长度与数量不同的末端被标记的 DNA 片段,并进行检测<sup>[20-23]</sup>。应用最为广泛的、不依赖于 PCR 的分子微生物生态学方法是荧光原位杂交(FISH)分析技术,利用荧光标记的特异核酸探针与细胞内相应的靶 DNA 分子或 RNA 分子杂交,通过荧光显微镜或共聚焦激光扫描仪下观察荧光信号,来确定与特异探针杂交后被染色的细胞或细胞器的形态和分布<sup>[19,24,25]</sup>,或者结合了荧光探针的 DNA 区域或 RNA 分子在染色体或其他细胞器中的定位。

尽管分子微生物生态学技术本身还存在诸如 PCR 反应误差等各种缺陷,由于其不受微生物是否可培养的限制,不受宿主状态的干扰,具备特异性强,效率高的特点,为突破石油污染治理技术发展瓶颈提供了有效的技术手段<sup>[26]</sup>。

#### 3.2 环境基因组学方法

环境基因组学方法则主要通过构建石油污染土壤中微生物群落元基因组文库,对文库中 16S rDNA 以及各种功能基因的分析,研究其中微生物种类、数量和各种功能微生物的存在和分布,为研究和开发环境微生物群落资源提供崭新的技术手段和方法。

#### 3.3 提高污染土壤微生物可培养性

微生物的不可培养性是由于对微生物生长条

件及其规律性的认识严重不足,而采取了偏离微生物生长实际需要的培养条件所造成的,这些偏离可以包括:

①采用了对很多微生物生长有害的高浓度营养基质。

②采用了诸如恒温、恒湿和非扰动培养环境等简化了的培养条件。

③割裂了环境中微生物之间的相互关系。

④忽视了生长缓慢的微生物。

这些偏差导致了环境中的微生物在实验室中不能生长和被培养,致使无法了解和发挥污染环境微生物的功能,也无法准确了解污染环境微生物群落结构和动态变化<sup>[27]</sup>。

同时,虽然分子生态学等免培养方法能够提供较为完整的微生物群落结构,但是要想得到某一具体种类微生物的生理生化性质和对特定污染物的降解功能,必须利用传统的培养分析方法进行确定。为了从环境中得到尽量多的目标微生物,一种可行的方法就是充分模拟微生物生长环境,提供微生物生长所必需的条件,提高微生物的可培养性,使难培养的微生物得以培养,进而利用这些微生物细胞来研究其功能特性。

提高微生物可培养性的方式包括改进培养措施和开发新型培养技术。其中改进培养措施的方法包括:利用贫营养培养基;维持微生物间的相互作用;供应适宜的电子供体和受体;分散微生物细胞;延长培养时间;利用琼脂替代物;改变培养温度等。新型的微生物培养技术包括:“稀释培养(dilution culture)”和“高通量培养(high-throughput culturing)”、“扩散盒(diffusion growth chamber)培养”、“细胞包囊(cell encapsulation)”和“序列引导分离(sequence-guiding isolation)”等方法和技术<sup>[27]</sup>。

采取这些措施和新技术能够极大地提高环境中微生物的可培养性,获取更多微生物,尤其是功能微生物细胞,有利于研究和利用污染土壤中微生物的功能。例如,在石油污染土壤修复技术的研发中,直接采用导致石油污染的采油废水为培养基,通过超声分散将聚集在内部的微生物分离,以及利用变化的温度对微生物进行培养获取了约2 000株石油污染土壤微生物菌株。对这些微生

物菌株的初步鉴定结果表明,其中约20%菌株的16S rDNA序列与已知微生物的16S rDNA序列同源性低于96%,可能代表了前人所未培养的微生物新种。这些结果证明了提高微生物可培养性思路的有效性。对获得的新型微生物进行各种石油污染治理功能的筛选,可以获得新型、高效的功能微生物。

#### 4 发展石油污染土壤微生物治理技术思路

如前所述,微生物社会在群落中,对一些微生物在空间占有、营养获取等方面施加影响就可能影响群落中其他的微生物,进而改变整个群落结构和总体功能表现,所以石油污染土壤治理技术实际上是对微生物群落的定向调控:限制抑制性微生物的种群大小和功能,增大和发挥功能微生物的种群大小和作用,使之成为对石油污染治理有利的群落<sup>[28,29]</sup>。

具体在工程应用上,首先应利用分子微生物生态学等免培养技术手段了解石油污染土壤中微生物群落结构,了解其中具有石油降解或者乳化等功能的微生物种类、数量和分布,从而确定对该微生物群落的定向调控方法。例如,根据微生物群落特异性基因分布的特征图谱,分析群落中占优势的、功能微生物组成。然后利用“序列引导分离”等通过微生物可培养性方法和手段,大量培养这些已培养或者未培养的微生物,获取这些微生物细胞,研究其功能特性以及影响其降解石油污染物功能的因素。在此基础上,有的放矢地开发相关工程技术措施,在石油污染土壤中创造相应的、能激活和维持微生物功能的环境条件,以发挥这些微生物的石油污染治理作用,强化对石油污染土壤的修复。

另一方面,也可根据微生物群落结构分析,了解其中各种微生物的相互关系和相对数量比例。在此基础上,对已经培养的功能微生物进行大量培养,并按土壤微生物群落中微生物的相对功能和数量进行配伍,形成“人造微生物群落”,将这些人造微生物群落引入石油污染土壤中。由于该人造微生物群落中各种微生物的相对数量与石油

污染土壤中实际情况相近,理论上,其在石油污染土壤中应该具有更好的适应性;根据这些微生物的生长特性和发挥功能的条件,开发维持微生物功能的高效的技术措施,强化对石油污染土壤的修复和治理。

总之,通过有效的调控微生物群落,最大程度地发挥微生物的环境友好作用,针对污染土壤和污染物的具体情况确定快速有效的解决方案,使得微生物修复技术能在工程上进行大面积的应用,是目前迫切需要解决的问题。开发和利用快速有效的生态学分析方法确定土壤中的微生物群落结构和功能组成,有助于有的放矢地激发具有石油污染降解效能的微生物,同时抑制对降解过程有害的微生物和环境因素,最大程度优化微生物修复系统。未来的研究发展中,应当根据土壤中的微生物群落构成和功能构成,结合对传统培养分析方法的改造,利用不同的强化措施及其组合对微生物进行激活和强化,多种技术手段优化组合,最终达到加快石油污染土壤的治理进程的目的。

#### 参 考 文 献

- [1] 陆秀君,郭书海,孙清,等. 石油污染土壤的修复技术研究现状及展望[J]. 沈阳农业大学学报, 2003, 34(1): 63-67.
- [2] 何良菊,魏德洲,张维庆. 土壤微生物处理石油污染的研究[J]. 环境科学进展, 1999, 7(3): 110-115.
- [3] 丁克强,孙铁珩,李培军. 石油污染土壤的生物修复技术[J]. 生态学杂志, 2000, 19(2): 50-55.
- [4] Barth H J. The influence of cyanobacteria on oil polluted intertidal soils at the Saudi Arabian Gulf shores[J]. Marine Pollution Bulletin, 2003, 46: 1245-1252.
- [5] Harayama S, Kasai Y, Hara A. Microbial communities in oil-contaminated seawater [J]. Environmental biotechnology, 2004, 4:205-214.
- [6] Capelli S M, Busalmen J P. Hydrocarbon bioremediation of a mineral-base contaminated waste from crude oil extraction by indigenous bacteria[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2001, 47: 233-238.
- [7] 任磊,黄延林. 土壤的石油污染[J]. 农业环境保护, 2000, 19(6):360-363.
- [8] 齐永强,王红旗. 微生物处理土壤石油污染的研究进展[J]. 上海环境科学, 2002, 21(3): 177-183.
- [9] Chaerun S K, Tazaki K, Asada R, et al. Bioremediation of coastal areas 5 years after the Nakhodka oil spill in the Sea of Japan; isolation and characterization of hydrocarbon-degrading bacteria[J]. Environment International, 2004, 30:911-922.
- [10] Radwan S S, Al-Hasan, R H, Salamah, S. Bioremediation of oily sea water by bacteria immobilized in biofilms coating macroalgae[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2002, 50: 55-59.
- [11] 龚利萍,张甲耀,罗宇煊. 土壤微生物降解石油污染物[J]. 上海环境科学, 2001, 20(4): 201-203.
- [12] Kapley A, Purohit H J, Chhatre S, et al. Osmotolerance and hydrocarbon degradation by a genetically engineered microbial consortium[J]. Bioresource Technology, 1999, 67:241-245.
- [13] Choi D H, Hori K, Tanji Y, et al. Microbial degradation kinetics of solid alkane dissolved in nondegradable oil phase[J]. Biochemical Engineering Journal, 1999, 3: 71-78.
- [14] Lazar I, Dobrota S, Voicu A, et al. Microbial degradation of waste hydrocarbons in oily sludge from some Romanian oil fields [J]. Journal of Petroleum Science and Engineering, 1999, 22: 151-160.
- [15] Obuekwe C O, Al-Zarban S S. Bioremediation of crude oil pollution in the Kuwaiti desert: the role of adherent microorganisms[J]. Environment international, 1998, 24(8):823-834.
- [16] Volkering F, Breure A M, Rulkens W H. Microbiological aspects of surfactant use for biological soil remediation[J]. Biodegradation, 1998, 8:401-417.
- [17] Torsvik V, Goksrud J, Daae F L. High diversity in DNA of soil bacteria [J]. Appl. Environ. Microbiol., 1990, 56: 782-787.
- [18] Tomotada I, Nasu N. Current bioremediation practice and perspective[J]. J. Bioscience and Bioeng., 2001, 92:1-8.
- [19] Amann R I, Ludwig W, Schleifer K H. Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation[J]. Microbiological Reviews, 1995, 59(1):143-169.
- [20] Liu W T, Marsh T L, Cheng H, Forney L J. Characterization of microbial diversity by determining terminal restriction fragment length polymorphisms of genes encoding 16S rRNA[J]. Appl. Environ. Microbiol., 1997, 63:4516-4522.
- [21] Wu X L, Chin K J, Conrad R. Effect of temperature stress on the structure and function of the methanogenic archaeal community in a rice field soil [J]. FEMS Microbiol. Eco., 2002, 39: 211-218.
- [22] Wu X L, Friedrich M W, Conrad R. Diversity and ubiquity of thermophilic methanogenic archaea in temperate anoxic soils [J]. Environmental Microbiology, 2006, 8,(3):394-404.
- [23] 余素林,吴晓磊,钱易. 环境微生物群落分析的 T-RFLP 技术及其优化措施[J]. 应用与环境生物学报, 2006, 12(6):861-868.
- [24] Wu X L, Chin K-J, Stubner S, Conrad, R. Functional patterns and temperature response of cellulose-fermenting microbial cultures containing different methanogenic communities [J]. Appl. Microbiol. Biotechnol., 2001, 56:212-219.
- [25] Wu X L, Conrad R. Functional and structural response of a cellulose-degrading methanogenic microbial community to multiple aeration stresses at two different temperatures [J]. Environmental Microbiology, 2001, 3:355-362.
- [26] 谷峻,石成芳,吴晓磊,等. 研究油藏微生物群落的方法学进展[J]. 生态学报, 2007, 27(1): 323-328.
- [27] 郭斌,吴晓磊,钱易. 提高微生物可培养性的方法和措施

- [J]. 微生物学报, 2006, 46:504-507.
- [28] Fernandez A, Huang S Y, Seston S, *et al.*. How stable is stable? Function versus community composition[J]. Appl. Environ. Microbiol., 1999, 65:3697-3704.
- [29] Fernandez A S, Hashsham S A, Dollhopf S L, *et al.*. Flexible community structure correlates with stable community function in methanogenic bioreactor communities perturbed by glucose [J]. Appl. Environ. Microbiol., 2000, 66:4058-4067.

## 2007年中国科学院生物能源与过程国际研讨会通知

随着环境问题,能源危机日趋加重,对于可再生的清洁能源的研究已成为各国关注的重点,能够找到适合大规模工业化生产替代石油资源的能源资源是各国开展可再生能源研究的热点。工业生物技术作为当前可以看到的具有现实可行性的技术路线,引起各国的极度关注。生物能源与过程研究成为新兴的科研热点。

为进一步加强中国在生物能源与过程领域的国际合作,通过对生物能源与过程开发利用重点研究领域、学科发展前沿、高新技术研发中的热点及难点进行研讨,促进科技人员,特别是中青年科技骨干与院外同行和海外学者之间的学术交流、合作和联系,及时沟通和了解国内外最新学术研究动态,中国科学院将召开“2007年中国科学院生物能源与过程国际学术研讨会”。大会将邀请国内外主要从事生物质能方面的专家、学者与会研讨在生物能源与过程领域中的重点、难点及热点。热诚欢迎国内外专家、学者参加此次研讨会。

**主办单位:**中国科学院人事教育局

**承办单位:**中国科学院青岛生物能源与过程研究所  
青岛市科技局

**会议时间:**会期3天,2007年9月17日~19日  
(9月16日报到,报到地点另行通知)

**会议地点:**山东省青岛市

### 会议主题:

- ☆国内外生物能源发展现状
- ☆生物液体燃料技术
- ☆生物制氢技术
- ☆生物质物理化学转化技术
- ☆大中型沼气工程技术
- ☆工业生物技术在生物能源领域中的应用
- ☆生物基材料与化学品制备技术
- ☆生物转化过程系统仿真

### 征集会议论文摘要:

稿件应是未在杂志上发表及全国学术会议上交流过的论文。论文请寄2000字详细摘要,摘要包括“目的、方法、结果、结论”四部分;论文摘要中文或英文均可。采用Word文档排版,摘要下方请附上第一作者简介。

### 联系方式:

秘书组:张瑞东(0532-81922792)

刘佳、苏繁星(0532-81922793)

E-mail: zhangrd@qibebt.ac.cn

liujia@qibebt.ac.cn

sufx@qibebt.ac.cn

传真:0532-81922776

欢迎访问中国科学院青岛生物能源与过程研究所网站 <http://www.qibebt.ac.cn>,及时了解会议的有关信息。