



研究报告

模拟油藏条件下内源微生物群落空间分布规律

胡婧* 孙刚正 刘涛 吴晓玲 宋永亭 曹嫣妮 汪卫东

中国石油化工股份有限公司胜利油田分公司石油工程技术研究院 山东 东营 257000

摘要:【背景】油藏内源微生物群落是开展内源微生物驱油技术的物质基础,由于油藏多孔介质取样技术难度大、成本高,实施内源微生物驱油后从注入端到产出端多孔介质中的内源微生物空间分布规律尚不明确。【目的】通过室内长岩心连续驱替实验模拟油藏内源微生物驱油过程,分析实施后不同空间位点油砂上吸附的内源微生物群落结构,揭示从注入端到产出端内源微生物群落的空间分布规律。【方法】借助高通量测序技术及荧光定量 PCR 技术解析不同空间位点油砂原位微生物群落信息。【结果】注入端到产出端不同空间位点生态环境的差异及菌属间的相互作用造成油藏内源微生物群落空间分布差异,存在明显的好氧、厌氧空间演替变化规律。岩心前端主要存在一些好氧类的产生物表面活性剂类微生物如假单胞菌属,岩心中部主要存在兼性和厌氧类的微生物如地芽孢杆菌、厌氧杆菌属,岩心末端主要分布严格厌氧类细菌和产甲烷古菌,厌氧类微生物代谢产生的 H_2 、 CO_2 和乙酸分子可以为产甲烷古菌提供代谢底物。【结论】通过室内物模油砂研究,首次明确了内源微生物群落多孔介质中从注入端到产出端的空间分布规律,证实油藏内源微生物的好氧、厌氧空间接替分布规律,深化了对油藏内源微生物的认识。

关键词: 油砂, 微生物群落结构, 驱油功能菌, 空间分布规律

Spatial distribution of indigenous microbial communities under simulated reservoir conditions

HU Jing* SUN Gang-Zheng LIU Tao WU Xiao-Ling SONG Yong-Ting
CAO Yan-Bin WANG Wei-Dong

Petroleum Engineering Technology Research Institute, Shengli Oilfield Company, Dongying, Shandong 257000, China

Abstract: [Background] The indigenous microbial community in the porous medium of the reservoir is the basis for the indigenous microorganism enhanced oil recovery. Because of the difficulty and high cost of the sampling technique from porous media in the reservoir, the spatial distribution of indigenous microbes from the injected into the output of porous media after the indigenous microorganism flooding has not been clarified. [Objective] Simulation of indigenous microbial enhanced oil recovery process was done via long core dynamic continuous displacement experiment. The spatial distribution of the

Foundation items: National High Technology Research and Development Program of China (863 Program) (2013AA064401); Key Science-technology Project of Sinopec (P16101)

*Corresponding author: Tel: 86-546-8557248; E-mail: tomatohu@163.com

Received: 22-05-2018; Accepted: 04-09-2018; Published online: 15-09-2018

基金项目: 国家高技术研究发展计划(863 计划) (2013AA064401); 中国石化科技攻关项目(P16101)

*通信作者: Tel: 0546-8557248; E-mail: tomatohu@163.com

收稿日期: 2018-05-22; 接受日期: 2018-09-04; 网络首发日期: 2018-09-15

indigenous microbial communities from injection to output end was revealed by analysis the internal microbial community structure adsorbed on the oil sand of different spatial loci after implementation. **[Methods]** The microbial community structure adsorbed on the oil sand of different space sites of core was analyzed by the high-throughput sequencing and fluorescent quantitative PCR. **[Results]** From injection to output end, the difference in the ecological environment of porous media and microbiological interaction lead to the spatial difference of the microbial community. There has been a clear law of aerobic to anaerobic succession. Aerobic microbes are mainly distributed in the front of the core, such as *Pseudomonas*, which can drive the crude oil in the front of the core by producing the biological surfactants. Facultative and anaerobic microorganisms such as *Geobacillus* and *Anaerobaculum* are mainly in the middle of the core, while anaerobic bacteria and methanogens are mainly at the end of core. Anaerobic bacteria produce H_2 , CO_2 and small molecular acids through the anaerobic metabolism of organic nutrition, which provides a metabolic substrate for the methanogens at the end of the core. **[Conclusion]** Aerobic and anaerobic succession spatial distribution of indigenous microorganisms in the porous media was clarified for the first time, and the understanding of the indigenous microorganisms in the reservoir was further deepened.

Keywords: Oil sand, Microbial community structure, Oil recovery microbes, Spatial distribution law

油藏环境是一类厌氧、高压、高矿化度的极端环境,在该极端环境中孕育着种类丰富的微生物资源,它们之间通过复杂的信号、能量传递及相互作用,构成了油藏环境特有的微生物群落结构^[1-3]。油藏内源微生物群落是内源微生物驱油技术的物质基础,向油藏注入一定的营养物质激活其中部分有利于驱油的微生物种类,通过它们的代谢活动与油藏中的残余油发生相互作用,降低油水界面张力,改变原油流动性,达到提高原油采收率的目的。

实施内源微生物驱油技术的开发区块,从注水井到油井的地下生态环境存在明显差异,生态环境的不同决定了适合该环境的微生物群落结构不同,而不同微生物的代谢差异造成它们与原油的作用方式不同,因此,明确营养注入后油藏内源微生物群落的空间分布规律,是进一步深化内源微生物驱油机理和指导内源微生物驱油现场试验的基础。现阶段国内外开展油藏内源微生物群落研究时主要以油水井产出液为研究对象,通过产出液流体中的微生物群落信息反映油藏内源微生物群落特征^[4-8]。随着近几年研究的深入,越来越多的研究表明激活剂从注入端注入地层后,激活的油藏内源微生物随驱替流体在油藏多孔介质运移

过程中存在明显的吸附和滞留作用^[9-11],注水井水样中的微生物群落与油井产出液中的微生物群落存在明显差异^[12],所以油藏产出液的微生物信息无法准确反映油藏深部不同空间位点多孔介质中微生物群落的特点。受限于油藏多孔介质取样技术难度大及成本高,目前国内外还无法开展油藏原位多孔介质中微生物群落结构的分布规律研究,这也成为困扰该领域研究人员的瓶颈问题。

利用传统短岩心物模(60 cm)开展内源微生物驱油实验时,激活剂注入后必须静态培养 10–15 d,让微生物充分代谢激活剂后再进行连续水驱。该方法与现场连续驱替过程不同,而且二次水驱过程中驱替速度太快而岩心长度太短,微生物无法在空间上形成连续分布。本文针对以上问题,利用室内 1.8 m 长岩心物模装置开展内源微生物驱油连续驱替实验,模拟现场内源微生物驱油过程,在激活剂段塞注入后直接进行低速连续水驱,保证油藏内源微生物群落能被激活剂充分激活的同时,沿长岩心注入端到产出端形成空间分布梯度。4 轮次激活剂及后续水驱完成后拆除岩心管,利用物模管内充填的油砂模拟油藏多孔介质,通过分析从注入端到产出端不同空间位点油砂吸附的微生物

物群落结构,揭示油藏不同位点多孔介质中微生物群落的空间分布规律。本文长岩心连续驱替实验设计及油砂菌群分析在国内外相关领域均未见类似报道,研究成果对深化油藏内源微生物的认识具有重要的意义。

1 材料与方法

1.1 主要试剂和仪器

物模实验饱和水和原油均取自胜利油田沾3-26油井井口;实验过程中物模驱替水为沾3区块联合站的注入水;玉米浆干粉购自山东西王有限责任公司;磷酸氢二胺和硝酸钠购自国药集团化学试剂(北京)有限公司;DNA提取试剂盒购自Axygen公司;荧光定量SYBR Green Supermix PCR试剂盒购自Bio-Rad公司;物模石英砂购自邢台欣铨矿业有限公司。

长岩心物模设备,海安县石油科研仪器有限公司;物模恒流泵,北京卫星制造厂;台式冷冻高速离心机,Beckman公司;NanoDrop 2000c分光光度计,Thermo公司;iQ5实时荧光定量PCR仪,Bio-Rad公司。

1.2 长岩心连续驱替实验

为了实现油藏内源微生物在一维管式模型空间上的梯度分布,采用3根60 cm物模管串联的方式构建长岩心(1 800 mm×38 mm)物模装置,每节物模管之间采用可拆卸接头相连(图1)。岩心内填充石英砂模拟油藏多孔介质,整个岩心渗透率为 $1\,150\times 10^{-3}\,\mu\text{m}^2$,孔隙度28%,孔隙体积573 mL。

饱和水采用胜利油田沾3-26油井产出液水样,饱和油量550 mL,一次水驱3 PV后驱出油量331 mL,含水达到95%,采收率达到60.2%。

一次水驱后在油藏温度60 °C下开展内源微生物驱油连续动态模拟实验,在长岩心出口端施加7 MPa的回压模拟油藏高压环境。激活剂注入体系见文献[13]报道。物模采用4轮次激活剂段塞式注入,每轮次先注入前置激活剂段塞然后进行后续连续水驱,前置激活剂段塞以1 mL/min的速度注入0.05 PV的激活剂,后续以0.02 mL/min的速度连续注入现场注入水进行水驱,每轮次水驱体积0.6 PV。

1.3 从注入端到产出端油砂取样

长岩心连续驱替实验结束后拆除物模管,从注入端到产出端将岩心管内的油砂分成9份,对这9份油砂上吸附的微生物群落结构信息及3种驱油功能菌进行分析(取样点分布见图1)。具体实验步骤为:先将长岩心从接头处拆分为3根短岩心,每根短岩心的油砂分为3份,每份称量油砂100 g装入无菌的三角瓶中,向瓶中加入200 mL灭菌后的生理盐水及50 mL的石油醚。通过振荡搅拌清洗油砂,待黑色油砂洗至白色后,12 000 r/min离心15 min收集下层水相中的菌体,用于菌群DNA的提取。

1.4 油砂样品的菌群DNA提取

菌体DNA的提取使用DNA提取试剂盒,具体操作参照试剂盒说明书。提取后的DNA利用NanoDrop 2000c分光光度计进行浓度检测。样品

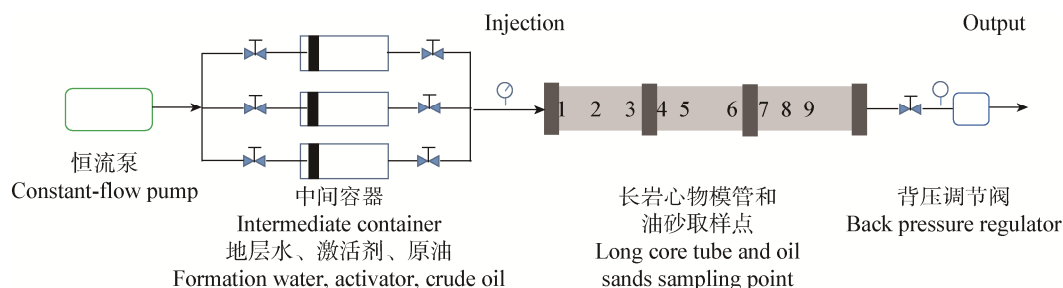


图1 长岩心驱替实验装置示意图

Figure 1 Schematic diagram of long-core device

DNA 保存在 -70°C 备用, 作为后期菌群分析及功能菌定量检测的模板。

1.5 微生物群落高通量测序分析

细菌和古菌 16S rRNA 基因 V4 区扩增及高通量测序委托深圳华大基因公司进行, 细菌采用通用引物 341F (5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCAAT-3')。PCR 反应条件: 95°C 5 min; 98°C 20 s, 51°C 20 s, 72°C 12 s, 循环 30 次; 72°C 1 min。古菌扩增采用通用引物 21F (5'-TTCCGGTTGATCYGCCGGA-3') 和 958R (5'-YCCGCGCTTGAMTCCAATT-3'), PCR 反应条件: 94°C 3 min; 94°C 30 s, 50°C 30 s, 72°C 30 s, 循环 30 次; 72°C 5 min。细菌和古菌的 PCR 反应体系(20 μL): 5×*FastPfu* buffer 4 μL , dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μL , 正、反向引物 (5 $\mu\text{mol/L}$) 各 0.8 μL , *TransStart FastPfu* DNA polymerase 0.4 μL , DNA 模板 10 ng, 超纯水补充体积至 20 μL 。Illumina 高通量测序(MiSeq)采用华大基因设计的测序接头融合引物。测序完成后进行相应的生物信息学分析, 首先进行序列质量筛选, 去除低质量的序列, 剩余高质量的序列通过之间的重叠关系, 利用 FLASH (Fast length adjustment of short reads, V1.2.11)对序列进行拼接, 然后将拼接的序列利用 USEARCH (V7.0.1090) 软件聚为可操作分类单元(Operational taxonomic unit, OTU), 通过 RDP classifier (V2.2)软件将 OTU 代表序列与数据库比对进行物种注释, 得到每个样品的群落结构信息。

1.6 驱油功能菌定量检测

利用荧光定量 PCR 标准曲线法对油砂样品中的驱油功能菌浓度进行定量检测, 选取好氧类产脂肽菌、兼性地芽孢杆菌及厌氧类产甲烷古菌作为检测目标菌。产脂肽菌和产甲烷的定量检测分别选用脂肽合成酶基因(*srfA*)和甲基辅酶 M 还原酶基因(*mcrA*); 地芽孢杆菌是一类可以产生生物乳化剂的驱油功能菌, 该类菌可以在高温条件下进行兼性生长, 由于缺乏对乳化剂功能基因的认识, 选择该属

细菌 16S rRNA 基因与 23S rRNA 基因序列间的一段特异性的保守序列对其进行定量检测, 3 种驱油功能菌的引物信息见文献[14-16]。定量反应试剂采用实时荧光定量 PCR 预混(SYBR green supermix)试剂盒, PCR 反应体系: 上、下游引物各 1 pmol/L, Supermix 10 μL , 待测样品或标准质粒 1 μL , 用灭菌的去离子水调整体系至 20 μL 。PCR 反应条件: 95°C 3 min; 95°C 10 s, 60°C 30 s, 40 个循环。收集荧光信号; 标准质粒与待测样品同时反应, 荧光定量 PCR 反应及数据分析在 iQ5 仪器上完成。

2 结果与分析

2.1 长岩心内源微生物驱油效果

为了模拟现场内源微生物驱油过程, 在室内开展了长岩心连续动态驱替实验, 共注入 4 轮次共 0.2 PV 的激活剂, 图 2 为一次水驱后内源微生物驱油阶段含水率及采出程度变化曲线。从图 2 中可以看出每轮激活剂注入后, 产出液均出现不同程度的降水漏斗, 尤其是第 3 轮和第 4 轮的降水漏斗非常明显, 含水率降幅最大达到 7%; 注入 4 个轮次后累计驱出原油 44.86 mL, 内源微生物驱油在一次水驱基础上提高驱替效率 8.2% (图 2), 采出程度达到 68.4%, 内源微生物驱油效果明显。该结果说明, 激活剂注入后内源微生物群落被激活剂激活并通过代谢活动与体系中的原油发生了相互作用。

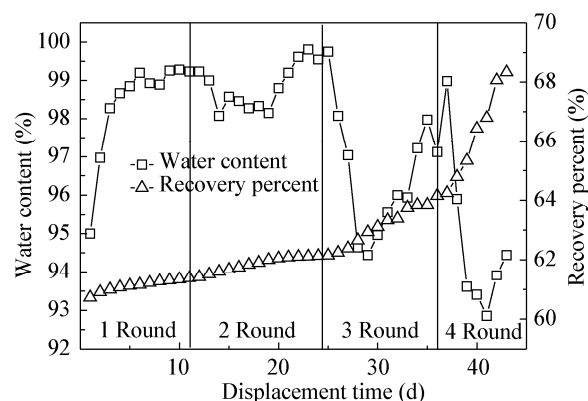


图 2 长岩心驱替实验的含水率与采出程度变化

Figure 2 Water content and recovery percent by continuous displacement of long-core experiment

2.2 内源微生物驱后多孔介质内的微生物群落空间分布

为了研究内源微生物驱油后从注入端到产出端内源微生物群落在多孔介质中的分布规律,在内源微生物驱油实验结束后,拆除长岩心物模管,对不同位点油砂内吸附的微生物群落结构进行 16S rRNA 基因高通量测序分析,数据已上传 NCBI 数据库(登录号为 PRJNA454769, SRP144544),群落结构解析结果见图 3 所示。其中图 3A 为入口到出口 9 个位点油砂吸附的细菌群落结构信息,不同位点油砂多孔介质中的细菌群落结构存在明显差异,优势细菌种属不同。注入端假单胞菌属(*Pseudomonas*)占主要优势,该菌在 1#位点占到 47.13%,沿注入端到产出端含量逐渐减少,到产出端 9#位点该菌的比例降低到 1.06%,该属内的大部分微生物都为好氧生长,是一类常见的驱油功能菌,具有嗜烃和产脂肽类生物表面活性剂的功能^[17]。厌氧杆菌属(*Anaerobaculum*)存在于整个岩心多孔介质中,从入口(1#位点)到岩心中后部(7#位点)比例逐渐升高,到 7#位点该菌比例占到 42.62%,从 7#位点开始,厌氧杆菌属比例开始逐渐降低,出口 9#位点的含量降低至 16.91%,厌氧杆菌是一类利用有机营养生长代谢的厌氧类微生物,广泛分布在油藏环境中^[18]。*Tepidimicrobium* 属细菌的含量从入口到出口逐渐增加,入口端该

菌的含量只有 0.01%,出口端该菌成为群落中的优势菌,含量达到了 52.70%,该属细菌也是一类利用有机营养厌氧生长的嗜热微生物,生长温度范围在 25–67 °C,最佳生长温度为 60 °C。代谢过程中可以产生小分子酸、CO₂ 和 H₂^[19]。

图 3B 为注入端到产出端油砂内的古菌群落结构,古菌种类明显少于细菌,甲烷嗜热杆菌属(*Methanothermobacter*)是该岩心油砂内的主要古菌属,该菌属具有严格厌氧、嗜热的特性,最适生长温度为 60 °C,可以利用 H₂/CO₂ 或甲酸盐生长,入口处该菌的含量只占 0.61%,出口处则达到 98.61%^[20]。通过内源微生物驱后油砂内的优势菌种属结果可以看出,不同空间位点的优势微生物种属存在较大差异,这可能与激活剂注入过程中所携带的水中溶解氧浓度以及菌属间相互作用有关。油砂内微生物群落信息可以从侧面反映微生物驱油过程中油藏内部微生物分布规律,这对揭示微生物驱油机理具有重要意义。

利用细菌群落结构数据计算各个位点油砂样品的 α 多样性,从表 1 可以看出,长岩心中部 4#、5#位点的细菌群落多样性最高,Shannon 指数达到 2.60–2.78,注入端和产出端油砂内吸附的细菌多样性明显低于物模中部油砂。该结果说明,适应兼性环境的微生物种类多于适应好氧和厌氧环境的微生物。

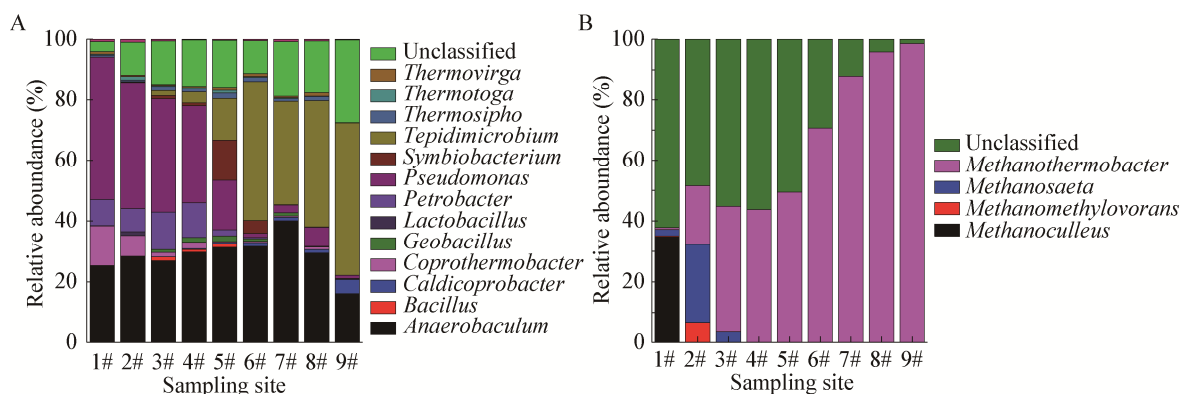


图 3 长岩心油砂微生物群落结构动态变化

Figure 3 The community structure of the microbe in the oil sands of long-core

注: A: 细菌; B: 古菌.

Note: A: Bacteria; B: Archaea.

表 1 不同位点油砂内的细菌群落 α 多样性指数

Table 1 Alpha diversity index of bacterial communities in different positions of oil sands

Sampling site	Sobs	Chao1	Shannon
1#	140	150.68	1.69
2#	158	171.12	2.06
3#	147	156.00	2.47
4#	173	182.62	2.60
5#	182	192.04	2.78
6#	156	174.57	2.31
7#	161	171.33	2.21
8#	145	163.10	2.07
9#	141	150.56	1.79

2.3 驱替过程中油砂中的驱油功能菌浓度

利用荧光定量 PCR 技术分析油砂不同位点 3 种不同驱油功能菌功能基因浓度的变化规律, 进一步明确内源微生物的空间分布规律。从图 4 可以看出, 好氧类的产脂肽功能基因在岩心的前中部浓度最高, 达到 10^8 copies/mL, 从 3#位点开始, 该功能基因拷贝浓度快速下降, 到产出端拷贝浓度降为 10^2 copies/mL。产乳化剂的地芽孢杆菌是一类兼性细菌, 它的基因拷贝峰值浓度分布在岩芯管的 5#、6#位点, 达到 10^6 copies/mL, 从 6#位点开始, 该菌的基因拷贝浓度同样呈现逐渐降低的趋

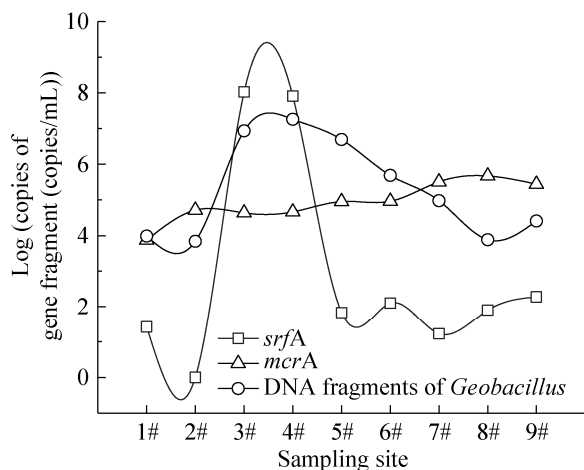


图 4 长岩心不同位点油砂的驱油功能菌基因拷贝数

Figure 4 Gene copies of functional bacteria in the oil sands at different loci of long-core

势, 但降低趋势较产脂肽菌平缓, 最终产出端的基因拷贝浓度维持在 10^3 copies/mL, 该结果与地芽孢杆菌能兼性生长, 适应的生态位范围广有关。产甲烷菌基因拷贝浓度在注入端最低, 从 5#位点开始, 随着油砂环境厌氧程度的增加, 产甲烷菌基因拷贝浓度逐渐升高, 该类细菌在出口端峰值浓度只有 10^6 copies/mL。以上驱油功能菌结果也证实, 物模管从注入端到产出端的油砂内吸附的内源微生物存在好氧、兼性厌氧的空间分布规律。

3 讨论与结论

内源微生物驱油技术主要是通过向油藏注入激活剂来激活油藏中的内源微生物, 实施内源微生物驱油技术后, 油藏不同空间位点多孔介质中的微生物群落呈现明显的差异。将岩心细菌群落结构数据在属水平上进行聚类热图分析(图 5), 从物模注入端注入激活剂时会带入少量的氧气, 岩心前端为好氧区, 好氧类的微生物如 *Pseudomonas* 在该部位被快速激活, 氧气在前端会被快速消耗, 环境的氧化还原电位降低^[21], *Anaerobaculum* 利用有机营养快速生长, 逐渐成为菌群结构中的优势菌。同时厌氧生长的 *Anaerobaculum* 和 *Tepidimicrobium* 存在分布差异, 在岩心前部营养较丰富时, *Anaerobaculum* 可以快速生长, 随着沿程营养的不断消耗, *Tepidimicrobium* 含量逐渐升高。多样性分析发现长岩心中部 4#、5#位点的菌群多样性最为丰富, 注入端和产出端的微生物多样性较低, 这是由于注入端激活剂浓度高, 体系中携带有氧气, 原位好氧类的微生物被快速激活成为优势菌, 岩心末端激活剂浓度降低, 而且该部分为厌氧环境, 在该生态条件下只有严格厌氧的细菌和古菌才能生存, 所以在两端的多样性低, 岩心中部是兼性环境, 是好氧到厌氧的过渡带, 好氧、兼性及部分厌氧微生物都可以在该区域存活, 所以岩心中部的微生物多样性高。

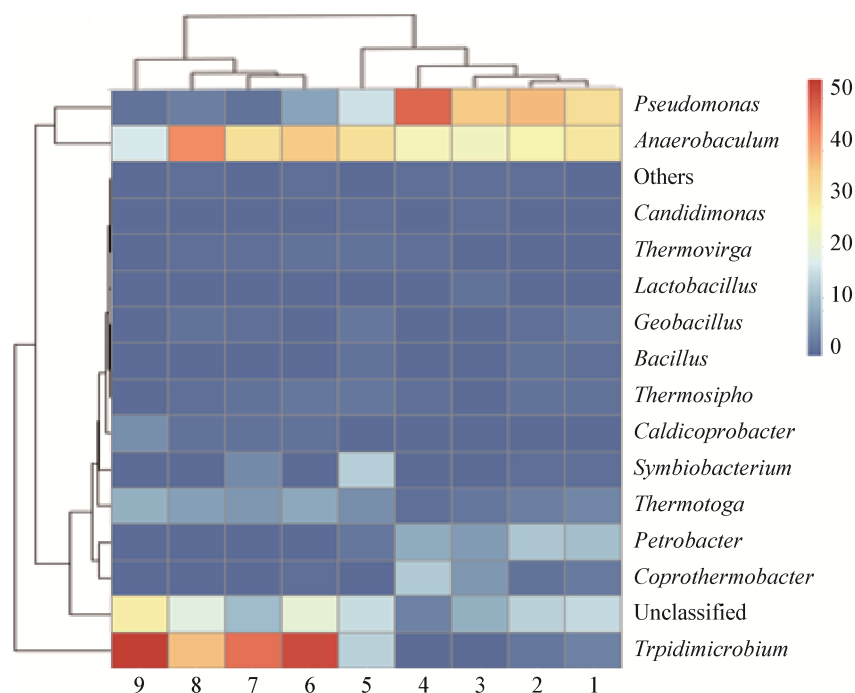


图5 细菌属水平的丰度热图

Figure 5 Genus abundance heat map of bacteria

不同空间上微生物群落结构的差异除了环境因素的影响外也会受到微生物种属间的相互关系影响,通过R语言Corrgram程序包分析不同位点油砂上吸附的微生物菌属间的相关性,揭示菌属间的相互关系。图6表征了该实验体系中微生物间的相关性,其中蓝色表示两菌属间为正相关,红色代表负相关,颜色深浅及扇形面积大小代表两菌属间相关性的程度,分析时将古菌中的*Methanothermobacter*与细菌种属一起分析。*Tepidimicrobium*和*Methanothermobacter*存在最大的正相关性(0.91),*Tepidimicrobium*是一类厌氧发酵细菌,可以代谢产生 H_2 和 CO_2 ,而*Methanothermobacter*是一类氢营养型的产甲烷古菌,可以利用 H_2 和 CO_2 合成 CH_4 ,两种菌在代谢功能上存在关联^[22]。*Petrobacter*与*Pseudomonas*之间也存在明显正相关性(0.89),其中*Petrobacter*

是一类油藏中普遍存在的微生物,具有嗜烃的作用,而*Pseudomonas*是一类具有嗜烃及产生生物类表面活性剂的微生物,两类微生物可能存在烷烃代谢上的协同作用^[23]。在该体系中还存在一类*Symbiobacterium*,该菌属的微生物是一类与其他微生物菌群联合发挥作用(依赖共生机制)的共生细菌,有研究表明该菌与*Bacillus*存在共生关系,从图6也可以看出*Symbiobacterium*与*Bacillus*和*Geobacillus*是正相关关系;除此之外,该菌与*Thermosipho*、*Thermotoga*也存在一定的正相关关系^[24],这些微生物种属与*Symbiobacterium*可能也存在一定的共生关系。*Tepidimicrobium*和*Methanothermobacter*、*Pseudomonas*和*Petrobacter*之间存在明显的负相关,这是由于这两类菌的生理特性在空间位点上存在分布的区域化。

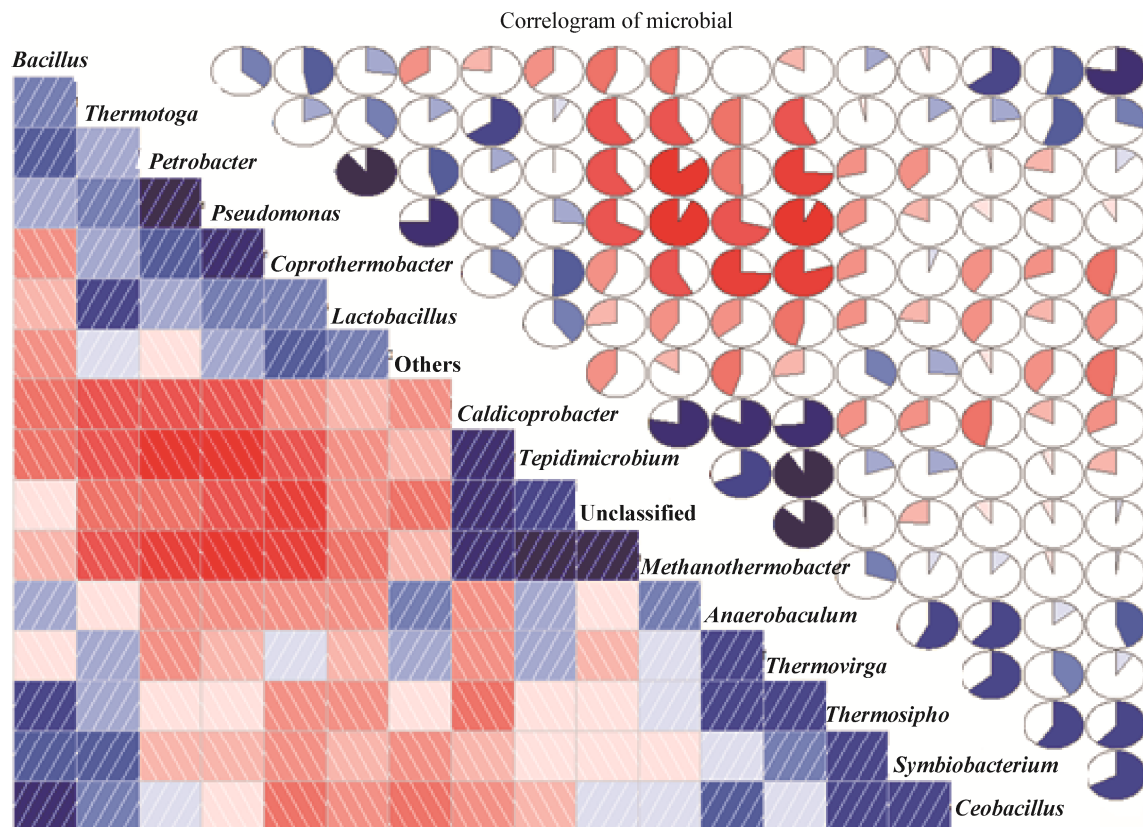


图6 不同空间位点微生物种属相关系数图

Figure 6 Correlation coefficient diagram of microbe species of different spatial loci

从以上分析可以总结,从注入端到产出端,油藏内源微生物存在好氧、兼性及厌氧微生物的空间接替分布规律,这种分布形成了完整的油藏微生物代谢链,激活剂注入后,好氧微生物代谢产生大分子脂肪酸、醇类、生物类表面活性剂,下游厌氧杆菌及 *Tepidimicrobium* 等厌氧发酵菌在消耗激活剂的同时也会消耗上游产生的大分子脂肪酸、醇类,产生小分子酸、 H_2 、 CO_2 等代谢产物^[25],这些代谢产物给下游的产甲烷古菌提供代谢底物, Jones 等证实产甲烷古菌是整个油藏内源微生物代谢链的终端^[26]。通过研究也证实了大庆油田由于环境条件的差异,油藏内源微生物从注水井到采油井存在好氧-兼性-厌氧的分布,而且好氧、厌氧菌在代谢上存在相关性,好氧菌-乙酸盐菌-产甲烷菌以共生体系存在^[27-28]。

长岩心不同空间微生物群落分布规律为内源

微生物驱油机理研究提供了理论指导,在注入水附近存在的好氧类驱油功能菌,可以通过产生物类表面活性剂降低油水界面张力,乳化原油,好氧区还存在很多好氧嗜烃类微生物,也可以通过好氧嗜烃作用改善原油物性,提高剩余油流动性。在油藏中部,兼性和厌氧类微生物并行存在,这些微生物可以通过厌氧发酵产生 H_2 、 CO_2 、小分子酸和醇类参与微生物驱油过程;油藏深部厌氧环境中产甲烷古菌通过产 CH_4 改善原油流动性^[29]。微生物驱油技术就是通过整个代谢链上微生物的协同作用达到提高水驱后原油采收率的目的。

REFERENCES

- [1] Liu JF, Mu BZ. Extreme environment of oil reservoir and associated microorganisms[J]. Journal of Microbiology, 2004, 24(4): 31-34 (in Chinese)
刘金峰, 牟伯中. 油藏极端环境中的微生物[J]. 微生物学杂志, 2004, 24(4): 31-34

- [2] Xiang TS, Wang L, Zhang M. Microorganism of petroleum reservoir and application in oil industry[J]. *Biotechnology*, 2005, 15(4): 87-90 (in Chinese)
向廷生, 王莉, 张敏. 油藏微生物及其在石油工业中的应用[J]. *生物技术*, 2005, 15(4): 87-90
- [3] Wang L, Nie Y, Song XM, et al. Microbial community in petroleum reservoir and its pressure adaptation mechanisms[J]. *Microbiology China*, 2016, 43(11): 2495-2505 (in Chinese)
王璐, 聂勇, 宋新民, 等. 油藏微生物及其压力适应机制[J]. *微生物学通报*, 2016, 43(11): 2495-2505
- [4] Zhou F. Microbial diversity of production fluids from oil reservoirs and their response to anaerobic cultivations[D]. Shanghai: Master's Thesis of East China University of Science and Technology, 2012 (in Chinese)
周昉. 油藏产出液菌群多样性及其对厌氧培养响应的分析[D]. 上海: 华东理工大学硕士学位论文, 2012
- [5] Wang H, Song ZY, Hao B, et al. Relationship between structures of microbial colony in produced fluids and oil production performance in microbial flooding oil field[J]. *Acta Petrolei Sinica*, 2013, 34(3): 535-539 (in Chinese)
王慧, 宋智勇, 郝滨, 等. 微生物驱产出液群落结构与现场生产动态的关系[J]. *石油学报*, 2013, 34(3): 535-539
- [6] Song ZY, Zhao FM, Sun GZ, et al. Long-term dynamics of microbial communities in a high-permeable petroleum reservoir reveals the spatiotemporal relationship between community and oil recovery[J]. *Energy & Fuels*, 2017, 31(10): 10588-10597
- [7] Li H, Mu BZ. Recent advances in molecular microbial ecology of petroleum reservoirs[J]. *Microbiology China*, 2008, 35(5): 803-808 (in Chinese)
李辉, 牟伯中. 油藏微生物多样性的分子生态学研究进展[J]. *微生物学通报*, 2008, 35(5): 803-808
- [8] Ren HY, Song ZY, Li FJ, et al. Comparison of bacterial community structures in Shengli oil reservoir of different time point[J]. *Microbiology China*, 2011, 38(4): 561-568 (in Chinese)
任红燕, 宋志勇, 李霏霏, 等. 胜利油藏不同时间细菌群落结构的比较[J]. *微生物学通报*, 2011, 38(4): 561-568
- [9] Bi YQ, Yu L, Xiu JL, et al. Migration and retention mechanism of microorganisms for oil recovery in porous media[J]. *Acta Petrolei Sinica*, 2017, 38(1): 91-98 (in Chinese)
毕永强, 俞理, 修建龙, 等. 采油微生物在多孔介质中的迁移滞留机制[J]. *石油学报*, 2017, 38(1): 91-98
- [10] Feng QX, Dou SJ, Yang HJ, et al. Migration and growth of microorganism in porous medium[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Nankaiensis*, 2003, 36(1): 126-128 (in Chinese)
冯庆贤, 窦松江, 杨怀军, 等. 采油微生物在多孔介质中的运移与生长实验研究[J]. *南开大学学报: 自然科学版*, 2003, 36(1): 126-128
- [11] Liu QQ, Zheng JT, Liu HC. Diversity analysis of microbial community in oil reservoir under artificial simulation of porous medium[J]. *China Biogas*, 2014, 32(2): 9-14 (in Chinese)
刘全全, 郑经堂, 刘海昌. 油藏微生物在人工模拟的多孔介质下的多样性分析[J]. *中国沼气*, 2014, 32(2): 9-14
- [12] Ren HY, Zhang XJ, Song ZY, et al. Comparison of microbial community compositions of injection and production well samples in a long-term water-flooded petroleum reservoir[J]. *PLoS One*, 2011, 6(8): e23258
- [13] Gao PK, Ma T, Zhao LX, et al. Screening, optimization and evaluation of indigenous microorganism activation system in Zhan 3 block, Shengli oilfield[J]. *CIESC Journal*, 2011, 62(7): 2005-2012 (in Chinese)
高配科, 马挺, 赵玲侠, 等. 胜利油田沾3区块内源微生物激活剂的筛选、优化及效果评价[J]. *化工学报*, 2011, 62(7): 2005-2012
- [14] Kuisiene N, Raugalas J, Stuknyte M, et al. Identification of the genus *Geobacillus* using genus-specific primers, based on the 16S-23S rRNA gene internal transcribed spacer[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2007, 277(2): 165-172
- [15] Geetha SJ, Banat IM, Joshi SJ. Biosurfactants: production and potential applications in microbial enhanced oil recovery (MEOR)[J]. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 2018, 14: 23-32
- [16] Steinberg LM, Regan JM. Phylogenetic comparison of the methanogenic communities from an acidic, oligotrophic fen and an anaerobic digester treating municipal wastewater sludge[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74(21): 6663-6671
- [17] Li CF, Li Y, Cao YB, et al. Distribution of the lipopeptide biosurfactant-producing microbes in oil reservoir environment[J]. *Acta Petrolei Sinica*, 2015, 36(9): 1122-1126 (in Chinese)
李彩凤, 李阳, 曹嫣妮, 等. 油藏环境产脂肽类表面活性剂微生物的分布[J]. *石油学报*, 2015, 36(9): 1122-1126
- [18] Rees GN, Patel BK, Grassia GS, et al. *Anaerobaculum thermoterrenum* gen. nov., sp. nov., a novel, thermophilic bacterium which ferments citrate[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 1997, 47(1): 150-154
- [19] Niu LL, Song L, Liu XL, et al. *Tepidimicrobium xylanilyticum* sp. nov., an anaerobic xylanolytic bacterium, and emended description of the genus *Tepidimicrobium*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, 59(11): 2698-2701
- [20] Cheng L, Dai LR, Li X, et al. Isolation and characterization of *Methanothermobacter crinale* sp. nov., a novel hydrogenotrophic methanogen from the Shengli Oil Field[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, 77(15): 5212-5219
- [21] Song YT. Regulation of microbial growth and metabolism and oil displacement under different gas distribution conditions[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2017, 23(6): 974-978 (in Chinese)
宋永亨. 不同配气条件下微生物驱油生长代谢规律[J]. *应*

- 用与环境生物学报, 2017, 23(6): 974-978
- [22] Fang XY, Li JB, Rui JP, et al. Research progress in biochemical pathways of methanogenesis[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2015, 21(1): 1-9 (in Chinese)
方晓瑜, 李家宝, 芮俊鹏, 等. 产甲烷生化代谢途径研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2015, 21(1): 1-9
- [23] He YL, She YH, Zhang F, et al. Research on the degradation of the crude oil after the polymer flooding in the north of the Xing4~6 block[J]. Science Technology and Engineering, 2013, 13(23): 6697-6704 (in Chinese)
何延龙, 余跃惠, 张凡, 等. 杏四~六面积北部聚驱后微生物对原油的降解作用研究[J]. 科学技术与工程, 2013, 13(23): 6697-6704
- [24] Ueda K, Beppu T. Lessons from studies of *Symbiobacterium thermophilum*, a unique syntrophic bacterium[J]. Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry, 2007, 71(5): 1115-1121
- [25] Gao PK, Ma T, Liu RL. Microbial metabolic characteristics and ecological controlling in petroleum reservoir — a review[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2011, 51(6): 711-717 (in Chinese)
高配科, 马挺, 刘如林. 油藏微生物的代谢特征和生态结构调控[J]. 微生物学报, 2011, 51(6): 711-717
- [26] Jones DM, Head IM, Gray ND, et al. Crude-oil biodegradation via methanogenesis in subsurface petroleum reservoirs[J]. Nature, 2008, 451(7175): 176-180
- [27] Yang ZY, Shi M, Wang DW, et al. Study on authigenous microorganism community distribution and oil recovery mechanism in Daqing Oilfield[J]. Acta Petrolei Sinica, 2006, 27(S1): 95-100,105 (in Chinese)
杨振宇, 石梅, 王大威, 等. 大庆油田本源微生物群落分布及采油机理研究[J]. 石油学报, 2006, 27(S1): 95-100,105
- [28] Zhao LX, Gao PK, Cao MN, et al. Research on population structure and distribution characteristic of indigenous microorganism in post-polymer-flooding oil reservoir[J]. Environmental Science, 2012, 33(2): 625-632 (in Chinese)
赵玲侠, 高配科, 曹美娜, 等. 大庆聚驱后油藏内源微生物群落结构解析与分布特征研究[J]. 环境科学, 2012, 33(2): 625-632
- [29] Kaster KM, Hiorth A, Kjeilen-Eilertsen G, et al. Mechanisms involved in microbially enhanced oil recovery[J]. Transport in Porous Media, 2012, 91(1): 59-79

征订启事

欢迎订阅《微生物学通报》

《微生物学通报》创刊于1974年,月刊,是中国科学院微生物研究所和中国微生物学会主办,国内外公开发行,以微生物学应用基础研究及技术创新与应用为主的综合性学术期刊。刊登内容包括:工业、海洋、环境、基础、农业、食品、兽医、水生、药物、医学微生物学和微生物蛋白质组学、功能基因组、工程与药物等领域的最新研究成果、产业化新技术和新进展,以及微生物学教学研究改革等。

本刊为中文核心期刊,中国科技核心期刊,CSCD核心期刊,曾获国家优秀科技期刊三等奖,中国科学院优秀科技期刊三等奖,北京优秀科技期刊奖,被选入新闻出版总署设立的“中国期刊方阵”并被列为“双效”期刊。

据中国科学技术信息研究所信息统计,本刊2012年至今以国内“微生物、病毒学类期刊”综合评价总分第一而蝉联“百种中国杰出学术期刊奖”,并入选“中国精品科技期刊”,成为“中国精品科技期刊顶尖学术论文(F5000)”项目来源期刊。

欢迎广大读者到邮局订阅或直接与本刊编辑部联系购买,2019年每册定价80元,全年960元,我们免邮费寄刊。

邮购地址:(100101)北京朝阳区北辰西路1号院3号中国科学院微生物研究所《微生物学通报》编辑部

Tel: 010-64807511; E-mail: bjb@im.ac.cn, tongbao@im.ac.cn

网址: <http://journals.im.ac.cn/wswxtbcn>

国内邮发代号: 2-817; 国外发行代号: M413