

聚合物驱后油藏内源微生物驱油研究与试验

乐建君, 柏璐璐, 王蕊, 郭盟华, 张继元, 侯兆伟, 伍晓林

大庆油田有限责任公司勘探开发研究院, 黑龙江 大庆 163712

乐建君, 柏璐璐, 王蕊, 等. 聚合物驱后油藏内源微生物驱油研究与试验. 生物工程学报, 2015, 31(7): 1129–1138.

Le JJ, Bai LL, Wang R, et al. Laboratory evaluation and field trial of activation indigenous microbial displacements in the reservoirs after polymer flooding. Chin J Biotech, 2015, 31(7): 1129–1138.

摘要: 我国大多数陆上主力油田已进入“双高”(高含水、高采出程度)开采阶段。为进一步提高聚合物驱后油藏的石油采收率,本研究发现了一种促进油藏内源微生物生长代谢的高效激活剂,且该激活剂已通过室内产气和物理模拟驱油实验及岩心电镜观察和454(Pyrosequencing)焦磷酸测序方法的评价。结果表明激活剂在高压容器中静置培养60 d后产气增压达到2 MPa,用量0.35 PV,浓度为1.8% (W/W)的激活剂溶液在聚合物驱后的天然岩心上石油采收率可再提高3%,并在电镜观察到岩心内部激活的内源微生物菌体及其代谢产物。现场于2011年12月在萨南南二区东块的1注4采井组开展了试验,监测到4口有效生产井的甲烷和二氧化碳气体 $\delta^{13}\text{C}$ (PDB)含量产生明显变化,与萨南南二区东块对照试验区产油量增幅35.9%,含水稳定在94%,在3年半期间阶段累计增油5 957 t,为同类油藏进一步提高石油采收率提供了一条有效途径。

关键词: 内源微生物, 激活剂, 聚合物驱后油藏, 性能评价, 现场应用

Laboratory evaluation and field trial of activation indigenous microbial displacements in the reservoirs after polymer flooding

Jianjun Le, Lulu Bai, Rui Wang, Menghua Guo, Jiyuan Zhang, Zhaowei Hou, and Xiaolin Wu

The Exploration and Development Research Institute, PetroChina Daqing Oilfield Limited Company, Daqing 163712, Heilongjiang, China

Abstract: Most main oilfields in China have already entered a “double high” development stage (high water cut, high

Received: December 2, 2014; **Accepted:** June 15, 2015

Supported by: National High Technology Research and Development Program of China (863 Program) (No. 2009AA063504).

Corresponding author: Jianjun Le. Tel: +86-459-5508342; E-mail: lej@petrochina.com.cn

国家高技术研究发展计划 (863 计划) (No. 2009AA063504) 资助。

网络出版时间: 2015-07-09

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1998.Q.20150709.1114.001.html>

recovery degree). To further enhance oil recovery in reservoirs after polymer flooding (RAPFs), an efficient activator formulation for promoting metabolism of endogenous microorganism was studied by aerogenic experiments, physical simulation experiments, electron microscopy scanning and pyrophosphate sequencing. Results show that the activator could activate the endogenous microorganisms in the injected water and make the pressurized gas reach 2 MPa after 60 d static culture of the activator in a high pressure vessel. The oil recovery efficiency of natural core physical simulation flooding can be improved by more than 3.0% (OOIP) in RAPFs when injected 0.35 PV activator with 1.8% mass concentration, and a lot of growth and reproduction of activated endogenous microorganism in the core was observed by electron microscopy scanning. Field trial with 1 injector and 4 producers was carried out in the east of south II block of Sa Nan in December 2011. By monitoring four effective production wells, changes of carbon isotope $\delta^{13}\text{C}$ (PDB) content of methane and carbon dioxide were -45% to -54% and 7% to 12% . Compared with east II of Sa Nan block, the oil amount increased by 35.9%, water cut stabled at 94%. The incremental oil was 5 957 t during the three and a half years, which provides an alternative approach for further improving oil recovery in similar reservoirs.

Keywords: indigenous microorganism, activator, typical reservoirs after polymer flooding, laboratory evaluation, field trial

我国大多数陆上主力油田已进入“双高” (高含水、高采出程度) 开采阶段, 如何进一步提高油气采收率、延长油藏开采寿命已成为石油工业界关注的热点和难点^[1-2]。为探索利用化学驱后进一步提高石油采收率技术, 近年来本研究组在大庆油田聚合物驱后油藏开展了内源微生物驱油室内及现场试验研究^[3-8]。内源微生物采油技术是利用油藏中原有的微生物群落, 通过注水井供给所需的营养剂与空气, 同时利用残余油作为部分营养物激活油藏中的微生物群落, 促进其在油藏内生长、运移, 并生产代谢产物与岩石/原油/水界面相互作用, 降低界面张力, 改善原油流动性, 达到提高原油采收率的目的^[9-11]。针对特定油藏所筛选的激活剂的有效性是内源微生物驱油技术的关键, 因此有必要对激活剂的驱油效果进行评价^[12]。

本文针对室内筛选的聚合物驱后油藏内源微生物激活剂^[7-8], 开展了物理模拟驱油和产气性能的评价实验, 运用电镜和 16S rRNA 基因的焦磷酸测序方法, 分析了内源微生物的群落结构变化, 并结合现场试验进一步验证激活剂的

性能和作用效果^[8]。

1 材料与方法

1.1 材料

实验用油样为大庆油田聚合物驱油层模拟油, 粘度 u_0 : 8.0 mPa·s (45 °C); 水样为聚合物驱油层注入污水; 岩心为天然岩心, 横截面 D : 2.5 cm, 长 L : 10 cm, 空气渗透率 k_g : 1 000 mD; 激活剂为室内筛选的聚合物驱油藏内源微生物专用激活剂^[8]。

1.2 仪器

实验仪器包括: 平流泵、压力传感器、岩心加持器、手摇泵、中间容器、恒温箱、不锈钢高压容器 (容积 500 mL, 压力表 2.5 MPa) 和注入泵等。岩心样品分析采用电镜观察和在 454 Life Sciences Genome Sequencer FLX Titanium 平台上进行 PCR 焦磷酸测序。

1.3 方法

1.3.1 激活剂的产气实验

用聚合物驱油层注入污水配制聚合物驱油藏内源微生物激活剂, 配制好后装入不锈钢高压容器, 装满后拧紧盖, 连接压力表, 置于 45 °C

恒温箱静置培养 37–45 d, 记录不同时间压力的变化。

1.3.2 激活剂驱油效果评价实验

1) 抽真空: 首先将烘干后的天然岩心称重, 再将称重的岩心进行抽真空, 在 -0.1 MPa 下抽真空 5 h 后结束。2) 饱和水: 用聚合物驱油层注入水饱和岩心, 测量出饱和水后的重量, 计算出岩心的孔隙体积和孔隙度。饱和水的天然岩心放置恒温室, 45 °C 老化润湿 12 h。3) 饱和油: 将原油经脱水后用煤油调至粘度 8.0 mPa·s, 进行饱和油, 驱替使饱和地层水的岩心原油饱和度达到 70% 左右为止。饱和后的天然岩心放置恒温箱中老化 24 h。4) 水驱: 将饱和油后老化好的岩心进行水驱, 水驱至 2 倍孔隙体积 PV (Pore volume) 的地层水, 当含水 98% 以上时, 结束水驱。5) 聚合物驱: 注入 0.5 PV 聚合物段塞后, 进行后续水驱跟进, 当含水 98% 以上时, 结束驱替实验, 评价聚合物驱效果。6) 注入激活剂: 注入 0.35 PV 的激活剂后, 关闭模型, 放恒温室 45 °C 培养 37–45 d。7) 后续水驱: 水驱含水 98% 以上时结束, 评价驱油效果^[4]。

1.3.3 内源微生物激活前后菌群结构变化

用 0.22 μm 水系滤膜 ($\Phi 50$ mm) 收集 200–250 mL 水样中的微生物, 滤膜被剪碎后根据 FastDNA[®] Spin Kit for soil (MP Biomedicals) 试剂盒的说明提取微生物的基因组 DNA^[10]。基于细菌和古菌 16S rRNA 基因 V3–V6 可变区, 采用通用引物进行 PCR 扩增, 分别构建同一个样品细菌和古菌焦磷酸文库。利用百泰克多功能 DNA 纯化回收试剂盒 (BioTeke, China) 分别回收细菌和古菌的 PCR 扩增产物。纯化后的 PCR 扩增产物被送至天津南开大学、泰达生物技术研究院进行测序分析^[11], 对比激活前后主

要功能菌 (群) 的变化特点。

1.3.4 激活剂驱油现场应用

用现场的注入水在搅拌罐中配制激活剂溶液, 浓度 1.80%。考虑到作用的有效期及经济成本, 设计注入激活剂溶液总量为 $6\ 000$ m^3 (0.022 PV)。在不影响试验区油水井正常生产及井组注采平衡的情况下, 监测激活剂溶液注入油层后的作用效果^[8]。

2 结果与分析

2.1 激活剂产气实验

产气是通过注入激活剂激活油藏内源微生物驱油的重要机理之一^[12]。油层中的内源微生物利用注入的营养剂代谢产生气体能将地层压力升高, 促使气体在原油中进行有效增溶, 形成气泡使原油膨胀, 带动原油流动的同时还将毛细孔道中的原油驱赶出来, 进一步提高油层渗透率, 因此有必要对激活剂激活内源微生物产气过程的特点进行分析^[7]。

图 1 给出了密闭容器中加入激活剂静置培养 60 d 后, 产气增压幅度达到 2 MPa。从升压曲线变化可以看出内源微生物产气分成两个阶

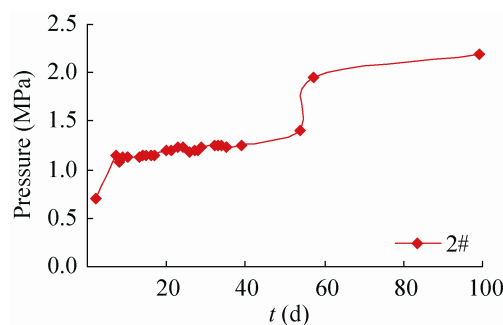


图 1 内源微生物激活后密闭容器压力变化
Fig. 1 Variation of pressure of indigenous microorganism in closed vessel after the activator injection

段。第一阶段初期 (7 d 内), 此时压力快速升高, 期间内源微生物中的好氧菌先被激活, 产生大量的 CO_2 气体, 注入水中携带的溶解氧被迅速消耗殆尽。7 d 后压力值上升开始平稳, 只有很小的波动, 厌氧发酵菌群处于稳定的渐增期, 利用激活剂中剩余的营养物质以及好氧菌产生的有机酸等代谢产物继续产生 CO_2 、 H_2 等气体。第二个阶段为激活后的第 57 天, 经过长时间缓慢上升后压力值迅速升高, 分析认为是油藏中的产甲烷菌被激活, 它利用好氧菌、厌氧发酵菌等代谢积累产生的甲酸、乙酸、甲醇等物质快速厌氧代谢产生 CH_4 的结果^[7,14]。上述产气增压曲线变化表明: 激活剂在激活内源微生物过程中具有好氧-厌氧两阶段的产气特点^[15]。

2.2 激活剂激活内源微生物驱油的效果评价

为验证激活剂激活内源微生物的驱油效果及作用机理, 开展了天然岩心驱油的物理模拟实验^[4]。实验油样为聚合物驱油层模拟油, 水样为聚合物驱油层注入污水, 采用天然均质岩心。按照驱油的物理模拟实验流程操作, 当聚合物驱替结束后, 注入 0.35 PV 的激活剂溶液后关闭模型, 在温度 45 °C 条件下静置培养 37–55 d 后, 进行后续水驱至驱替实验结束, 结果见表 1。

表 1 给出了激活剂在质量浓度为 1.8%、用量 0.35 PV 的条件下, 天然岩心物理模拟驱油可在聚合物驱油后的基础上再提高采收率 3.0% 以上, 且在静置培养过程中有明显的产气增压效果。这表明该激活剂不仅能够激活聚驱后油藏内源微生物, 而且由微生物代谢产生有利于驱油的物质, 用于进一步提高采收率是可行的。

将物理模拟驱油实验结束后的天然岩心从夹套中取出, 用镊子在不同截面处夹取碎片,

然后用电子扫描电镜进行观察, 见图 2。在天然岩心注入激活剂后, 观察到岩心孔隙中的内源微生物生长繁殖的菌体及其代谢产物^[16]。其中大量菌体均匀地充填在岩石的孔道中, 致使岩心从注入到采出各端处没有明显差异。这种在油藏岩石孔隙中“原位”扩增的微生物菌体局部聚集, 并产生代谢产物, 起到封堵高渗透条带、扩大波及体积的作用和效果, 是其他常规的物理化学驱油方法所不具备的^[17]。

通过扫描电镜还观察到在不同岩石矿物的表面和孔隙中的微生物及其代谢产物吸附滞留量存在一定差异。其中长石表面的吸附滞留量最多, 石英表面几乎没有菌体吸附, 而粘土矿物中高岭石表面的吸附滞留量较大, 伊利石表面覆盖的多是微生物的代谢产物, 菌体稀少^[18-20]。因此, 可根据不同区块的油藏物性及内源微生物群落结构和组成, 选择性激活优势菌群, 形成有特色的激活剂配方, 这一研究思路可能是利用油藏自身微生物驱油技术发展的主要方向^[21-22]。

2.3 激活剂激活内源微生物的菌群结构变化

利用 16S rRNA 基因的焦磷酸测序方法^[10], 对获得的原始序列经过如下步骤进行优化: 1) 目标序列长度为 200–1 000 bp; 2) 模糊碱基数低于 6 bp; 3) 必须有质量文件且序列长度大于 25 bp; 4) 碱基同聚体的数量低于 6 bp; 5) 引物没有错配碱基。序列进行比对分析, 按照相似性分为不同的门、纲、目、科和属, 按照 97% 的相似性定为一个 OTU_{0.03}。基于 OTU_{0.03} 水平分别计算各样品细菌和古菌群落的香农威纳指数 (Shannon-Weiner Index)、辛普森指数 (Simpson Index)、Chao 1 和 Good's Coverage 指数。以此对比分析天然岩心油藏物理模拟驱油

表 1 内源微生物物理模拟驱油实验结果

Table 1 The result of indigenous microorganism in the physical simulation flooding experiment

Core number	Air permeability k_g (md)	Core type	Oil saturation S_{or} (%)	Water flood recovery E_w (%)	Polymer flood recovery E_p (%)	Experimental scheme	Indigenous microbial displacement recovery E_{meor} (%)	Ultimate recovery E_d (%)
53	987	Natural homogeneous	69.3	49.1	10.4	Blank (Relative molecular weight of polymer is 14 million, mass concentration 1 000 mg/L)		
67	1 001	Natural homogeneous	67.9	48.7	10.8	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 37 d, gas produced in the model	4.6	57.2
29	1 007	Natural homogeneous	71.1	36.6	15.9	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 37 d, gas produced in the model	3.2	60.1
47	1 049	Natural homogeneous	65.5	48.5	8.3	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 55 d, gas produced in the model	2.2	62.8
128	1 207	Natural homogeneous	71.4	50.6	10.0	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 55 d, gas produced in the model	3.8	66.8
149	1 280	Natural homogeneous	70.0	52.7	10.3	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 40 d, gas produced in the model	2.6	62.4
95	970	Natural homogeneous	64.6	50.3	8.9	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 40 d, gas produced in the model	2.2	65.9
83	972	Natural homogeneous	65.7	52.2	11.5	Simulated oil 8.0 mPa·s (45 °C), injected sewage, cultured for 40 d, gas produced in the model	3.1	62.5
Average			68.2	48.6	10.8			

的驱替液中加入激活剂前后内源微生物群落的变化^[23], 其特点主要表现为以下 3 个方面。

1) 在添加激活剂后, 微生物群落的多样性明显降低, 如激活后细菌 NGF1-B 的 OTU_{0.03} 数量为 65, 明显低于激活前细菌 N-DQW-B 的数量 413; 激活后古菌 NGF1-A 的 OTU_{0.03} 数量为 28, 明显低于激活前古菌 N-DQW-A 的数量 131; 激活后细菌和古菌的多样性指数 (香农威纳指数和辛普森指数) 均比现场激活前要低 (表 2)。但所有微生物群落的 Good's Coverage 指数均高于 0.95, 表明本次样品测序深度能够代表完整的微生物群落。

2) 比较激活前后细菌群落的变化趋势, 激活前样品中富含大量的梭状芽胞杆菌纲 Clostridia、 β -变形菌纲 Betaproteobacteria、 ϵ -变

形菌纲 Epsilonproteobacteria 和 γ -变形菌纲 Gammaproteobacteria (图 3A 和 B), 其中不动杆菌属 *Acinetobacter* 和产碱杆菌科 Alcaligenaceae 中的无色杆菌属 *Achromobacter* 为已报道具有烷烃降解功能的微生物^[24]。而添加富营养的激活剂后, 发酵菌 Clostridia 中的栖热粪杆菌属 *Coprothermobacter* 增长较多, 得到富集。

3) 比较激活前后古菌群落的变化趋势, 激活前样品中的优势古菌为甲烷微菌纲 Methanomicrobia 中嗜乙酸的甲烷鬃菌属 *Methanosaeta*, 而激活后甲烷杆菌纲 Methanobacteria 中嗜氢的甲烷热杆菌属 *Methanothermobacter* 成为绝对优势菌^[25] (图 3C 和 D), 推测该现象可能由于激活出的细菌 Clostridia 中的栖热粪杆菌属 *Coprothermobacter* 发酵产生较多的氢气。

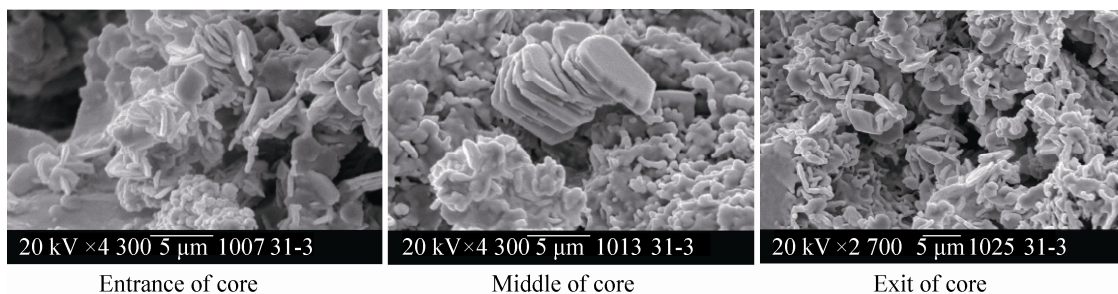


图 2 注激活剂后内源微生物在岩心中的生长情况

Fig. 2 The growth of indigenous microorganism in the cores after the activator injection.

表 2 细菌和古菌焦磷酸测序序列和多样性信息

Table 2 The sequencing and diversity information of bacterial and archaeal communities

Sample name	The optimized sequence	Detected the amount of OTU _{0.03}	Chao1	Good's coverage	Shannon weinerner	Simpson
N-DQW-B (bacteria)	4 125	413	1 194	0.96	4.29	0.96
NGF1-B (bacteria)	4 494	65	279	1.00	1.67	0.57
N-DQW-A (Archaea)	1 448	131	313	0.95	2.50	0.72
NGF1-A (Archaea)	3 330	28	42	1.00	0.56	0.19

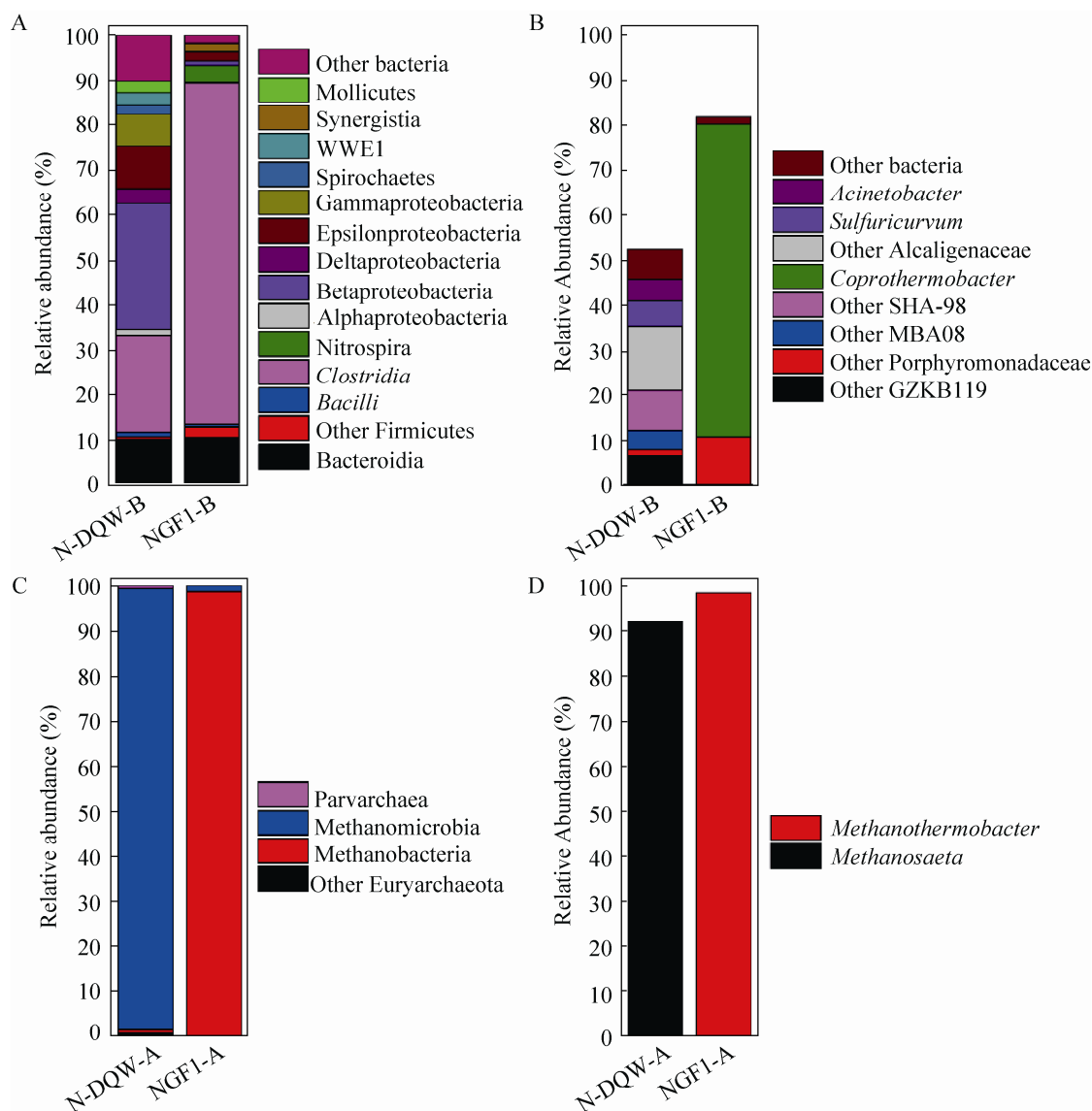


图3 天然岩心注激活剂前后细菌和古菌群落堆积图 (A和B分别基于class和genus (relative abundance 高于4%) 水平的细菌群落; C和D分别基于class和genus (Relative abundance 高于4%) 水平的古菌群落)

Fig. 3 Bacterial and Archaeal communities before and after the activator injection in nature core. A and B represent bacterial communities based on the class and genus levels, respectively. C and D represent archaeal communities based on the class and genus levels.

2.4 激活剂现场应用

为了验证筛选激活剂的有效性,研究团队在大庆油田聚合物驱油后的萨南南二区东块开展了1注4采井组激活内源微生物驱油的现场

试验^[8]。现场观察到激活剂在注入期间注入压力由11.3 MPa上升到13.5 MPa,累计升高幅度为2.2 MPa。改为后续水驱140 d后,压力降至注激活剂前的初始压力11.0 MPa,后续注水至280 d

时,压力逐渐回升到 12.5 MPa,随后压力又降为低于试验前的 10.5 MPa,至此注激活剂全过程试验结束。从现场注入压力的变化可以看出,在激活油藏内源微生物过程中,随地下培养时间的延续,产气过程具有明显的两个不同阶段特征,前一阶段产气增压幅度高,周期短;后一阶段厌氧产气周期长,产气增压缓慢,压力升高需有一个较长时间的积聚过程^[7]。

在注入了微生物激活剂后,油藏体系内部发生了产气作用,现场监测的 3 口见效采油井 N2-2-P140、N2-D2-P40 和 N2-D3-P40 井的气样中甲烷和二氧化碳含量变化趋于相同,甲烷含量先高后低,二氧化碳含量先低后高。同样甲烷和二氧化碳的 $\delta^{13}\text{C}$ (PDB) 碳同位素含量变化在 -45‰ — -54‰ 和 7‰ — 12‰ 之间波动,激活剂加入促进油藏内源微生物微氧和无氧代谢的交替进行,此现场试验结果与激活剂在室内条件下获得的产气实验结果相印证^[7-8]。

从注激活溶液前后采油井生产动态变化可以看出:2011 年 12 月注激活溶液期间及注后,试验区日产液量由 482 t 增加到 560 t,增加了 78 t/d;日产油由 18.1 t 最高增加到 31.5 t,增加 13.4 t/d;综合含水由 96.1%最低下降至 93.9%(现已稳定在 94%以上),下降了 2.2%。到 2014 年 6 月止,3 年半的时间内,试验区已阶段累计产油 16 593 t,扣除后续水驱的自然递减及机采井因设备故障影响的产量外,与萨南南二区东块未加入激活剂的采油井相比,实际增油 5 957 t,产油量增幅 35.9%,且仍在有效期内。

3 结论

本文通过物理模拟驱油和产气性能评价实验,阐述激活内源微生物驱油机理和特点。室内

优选的激活剂在高压容器中产气过程具有好氧-厌氧两阶段的产气特点,产气增压达到 2 MPa,经驱油实验效果评价,可在聚合物驱后基础上石油采收率再提高 3%以上。激活后的内源微生物在岩心孔隙“原位”中大量生长繁殖,导致菌体及其代谢产物局部聚集,起到封堵高渗透条带、扩大驱油波及体积的作用。利用 16S rRNA 基因的焦磷酸测序方法,对比岩心产出液激活前后内源微生物的菌群变化,发现添加激活剂后油藏中的某些微生物被特异地激活,激活后细菌和古菌的多样性明显降低,初步确认参与驱油过程中的一些主要功能菌群。经聚合物驱后的现场试验井组验证,注入激活剂后试验区实现阶段累计增油 5 957 t,增加采油量 35.9%,含水率下降 2.2%,驱油增产效果明显,为聚合物驱后油藏进一步提高石油采收率提供了一条有效途径。

致谢:北京大学工学院的聂勇和赵洁玉为本实验提供的内源微生物激活前后菌群结构变化的分析结果。

REFERENCES

- [1] Liu H. Current situation and prospect for oil recovery techniques after polymer flooding in Daqing Oilfield. *Oil Drill Prod Tech*, 2008, 33(3): 1-6 (in Chinese).
刘合. 大庆油田聚合物驱后采油技术现状及展望. *石油钻采工艺*, 2008, 33(3): 1-6.
- [2] Cao RB, Han PH, Gao SL. Reservoir adaptability analysis of different oil displacement agents in polymer flooding. *Special Oil Gas Reser*, 2012, 19(4): 100-103 (in Chinese).
曹瑞波, 韩培慧, 高淑玲. 不同驱油剂应用于聚合物驱油后油层的适应性分析. *特种油气藏*, 2012, 19(4): 100-103.

- [3] Bai LL. Evaluation of indigenous microbial resource in Daqing oilfield after polymer flooding by molecular biology. *J Daqing Petro Inst*, 2011, 35(5): 35–41 (in Chinese).
柏璐璐. 基于分子生物学的大庆油田聚合物驱后内源微生物资源评价. *大庆石油学院学报*, 2011, 35(5): 35–41.
- [4] Li LY. Indoors laboratory study on MEOR after polymer flooding. *Chem Bioeng*, 2012, 29(3): 82–88 (in Chinese).
李凌云. 聚合物驱后微生物驱提高采收率室内实验研究. *化学与生物工程*, 2012, 29(3): 82–88.
- [5] Zhao LX, Gao PK, Cao MN, et al. Research on population structure and distribution characteristic of indigenous microorganism in post-polymer-flooding oil reservoir. *Envir Sci*, 2012, 33(2): 625–632 (in Chinese).
赵玲侠, 高配科, 曹美娜, 等. 大庆聚合物驱后油藏内源微生物群落结构解析与分布特征研究. *环境科学*, 2012, 33(2): 625–632.
- [6] Guo MH, Lu YP, Dou XM, et al. Research of microbial community structure after polymer flooding in Daqing reservoir. *Biotechnology*, 2010, 20(6): 69–72 (in Chinese).
郭盟华, 陆原鹏, 窦绪谋, 等. 大庆聚合物驱后油藏微生物群落结构分析. *生物技术*, 2010, 20(6): 69–72.
- [7] Wu XL, Zhao LX, Ma T, et al. Screening and effect evaluating the activator for indigenous microbe of Daqing flowing Gel flood reservoir. *J Nankai Univ: Nat Sci*, 2012, 45(4): 105–111 (in Chinese).
伍晓林, 赵玲侠, 马挺, 等. 大庆油田聚合物驱后油藏内源微生物激活剂的筛选和效果评价. *南开大学学报: 自然科学版*, 2012, 45(4): 105–111.
- [8] Le JJ, Liu F, Zhang JY, et al. A field test of activation indigenous microorganism for microbial enhanced oil recovery in reservoir after polymer flood. *Acta Petrol Sin*, 2014, 35(1): 99–106 (in Chinese).
乐建君, 刘芳, 张继元, 等. 聚合物驱后油藏激活内源微生物驱油现场试验. *石油学报*, 2014, 35(1): 99–106.
- [9] Le JJ, Ma T, Hou ZW, et al. The Analysis of Microbial Community Structure in Sazhong Development Zone after Polymer Flooding of Daqing Oilfield. Beijing: Petroleum Industry Press, 2012: 295–302 (in Chinese).
乐建君, 马挺, 侯兆伟, 等. 大庆萨中开发区聚合物驱后油藏微生物的 PCR-DGGE 解析. 北京: 石油工业出版社, 2011: 295–302.
- [10] Tang YQ, Li Y, Zhao JY, et al. Microbial communities in long-term, water-flooded petroleum reservoirs with different in situ temperatures in the huabei oilfield, China. *PLoS ONE*, 2012, 7(3): e33535.
- [11] Ai MQ, Li H, Liu XB, et al. Bacterial community structure in production water from oil reservoirs in Daqing oilfield. *J App Ecol*, 2010, 21(4): 1014–1020 (in Chinese).
艾明强, 李慧, 刘晓波, 等. 大庆油田油藏采出水的细菌群落结构. *应用生态学报*, 2010, 21(4): 1014–1020.
- [12] Dai XC, Wang HB, Xu N, et al. Study on activation blend evaluation for indigenous microbial flooding. *Petro Geo Rec Eff*, 2012, 19(2): 37–40 (in Chinese).
代学成, 王红波, 许念, 等. 内源微生物驱油激活配方筛选评价指标探讨. *油气地质与采收率*, 2012, 19(2): 37–40.
- [13] Xiang TS, Liu XB, Zhang M, et al. The indigenous microorganism and mechanisms of their orientational activation in Daqing oilfield. *Sci China (Series D): Earth Sci*, 2008, 38(Supplement2): 117–122 (in Chinese).
向廷生, 刘小波, 张敏, 等. 大庆油田本源微生物分布与定向激活机制. *中国科学 (D 辑): 地球科学*, 2008, 38(S2): 117–122.
- [14] Shi M, Wang ZY, Chen ZY, et al. Organism distribution of source microbe in Daqing oil reservoirs. *Petroleum Geol Oilfield Dev Daqing*, 2004, 23(5): 100–102 (in Chinese).
石梅, 王志瑶, 陈宗运, 等. 大庆油藏本源微生物生态分布规律的研究. *大庆石油地质与开发*, 2004, 23(5): 100–102.

- [15] Nazina TN, Crigoryan AA, Xue YF, et al. Phylogenetic diversity of aerobic saprotrophic. *Microbiology*, 2002, 71(1): 91–97.
- [16] Feng QX, Dou SJ, Yang HJ, et al. Migration and growth of microorganism in porous medium. *J Nankai Univ: Nat Sci*, 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. *南开大学学报: 自然科学版*, 2003, 36(01): 126–128.
- [17] Bao MT, Wang WD, Wang XL, et al. Microbial enhanced oil recovery by activation of stratal microflora: a review. *Oilfield Chem*, 2002, 19(4): 382–386 (in Chinese).
包木太, 汪卫东, 王修林, 等. 激活内源微生物提高原油采收率技术. *油田化学*, 2002, 19(4): 382–386.
- [18] Tian ZY, Li FC, Li Y. Optimization of measurement method for bacterial number absorbed on the surface of clay minerals. *Bull Miner Petrol Geochem*, 2014, 33(6): 778–783 (in Chinese).
田智宇, 李福春, 李永. 细菌在黏土矿物表面吸附量测定方法的优化. *矿物岩石地球化学通报*, 2014, 33(6): 778–783.
- [19] Jiang DH. Studies on the adsorption of bacteria by clay minerals and soil particles [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2009 (in Chinese).
蒋代华. 细菌在黏土矿物及土壤颗粒表面的吸附研究[D]. 湖北: 华中农业大学, 2009.
- [20] Udegbunam EO, Adkins JP, Knapp RM, et al. Assessing the effects of microbial metabolism and metabolites on reservoir pore structure//SPE annual technical conference and exhibition. Dallas: SPE Publications, 1991.
- [21] Jenneman GE, Moffitt PD, Young GR. Application of a microbial selective-plugging process at the North Burbank Unit: prepilot tests. *SPE Product Facil*, 1996, 11(1): 11–17.
- [22] Vadie AA, Stephens JO, Brown LR. Utilization of indigenous microflora in permeability profile modification of oil bearing formations// SPE/DOE improved oil recovery symposium. Tulsa: SPE Publications, 1996.
- [23] Li H, Mu BZ. Recent advances in molecular microbial ecology of petroleum reservoirs. *Microbiol 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. *微生物学通报*, 2008, 35(5): 803–808.
- [24] Gu J, Shi CF, Wu XL, et al. Progress in methodological research of microbial community in oil fields. *Acta Ecol Sin*, 2007, 27(1): 323–328 (in Chinese).
谷峻, 石成芳, 吴晓磊, 等. 油藏微生物群落研究的方法学. *生态学报*, 2007, 27(1): 323–328.
- [25] Liu JF, Mu BZ. Extreme environment of oil reservoir and associated microorganisms. *J Microbiol*, 2004, 24(4): 31–34 (in Chinese).
刘金峰, 牟伯中. 油藏极端环境中的微生物. *微生物学杂志*, 2004, 24(4): 31–34.

(本文责编 郝丽芳)