

油藏内源微生物演替规律及其对驱油效果的影响

胡婧^{1,2}, 束青林³, 孙刚正^{1,2}, 刘涛^{1,2}, 宋永亭^{1,2}, 曹嫣嫔^{1,2}, 汪卫东^{1,2}

(1. 中国石化胜利油田分公司石油工程技术研究院, 山东东营 257000;

2. 中国石化微生物采油重点实验室, 山东东营 257000;

3. 中国石化胜利油田分公司, 山东东营 257000)

摘要: 利用长岩心连续动态驱替实验模拟现场微生物驱油过程, 通过高通量测序及荧光定量 PCR 技术定量描述物模驱出液菌群结构、多样性指数及驱油功能细菌浓度的动态变化规律, 并分析生物特征动态变化规律与含水率变化之间的对应关系。结果表明: 激活剂多轮次段塞注入方式下, 内源菌群呈现连续动态演替变化, 菌群结构趋于简单化, 多样性指数逐渐降低, 不动杆菌、厌氧小杆菌及甲烷嗜热杆菌逐渐成为群落中的优势菌属; 内源总细菌浓度及驱油功能细菌浓度随激活剂的注入逐渐升高, 在时间尺度上存在明显的好氧、兼性及厌氧驱油功能菌级联激活规律, 厌氧产甲烷古菌激活时整个代谢链被启动, 驱油效率最高; 在兼性及厌氧驱油功能细菌浓度提高 2 个数量级后, 产出液细菌群落多样性指数与含水率变化之间存在明显的相关性, 可以作为内源微生物驱油生物特征指标, 指导内源微生物驱油现场效果的分析及方案的针对性调整。

关键词: 内源微生物驱油; 长岩心; 动态连续驱替; 微生物特征; 驱替效率

中图分类号: TE 357 **文献标志码:** A

引用格式: 胡婧, 束青林, 孙刚正, 等. 油藏内源微生物演替规律及其对驱油效果的影响[J]. 中国石油大学学报(自然科学版), 2019, 43(1): 108-114.

HU Jing, SHU Qinglin, SUN Gangzheng, et al. Succession of indigenous microbe in reservoirs and its effect on displacement efficiency[J]. Journal of China University of Petroleum (Edition of Natural Science), 2019, 43(1): 108-114.

Succession of indigenous microbe in reservoirs and its effect on displacement efficiency

HU Jing^{1,2}, SHU Qinglin³, SUN Gangzheng^{1,2}, LIU Tao^{1,2}, SONG Yongting^{1,2},
CAO Yanbin^{1,2}, WANG Weidong^{1,2}

(1. Petroleum Engineering Technology Research Institute, Shengli Oilfield Company, SINOPEC, Dongying 257000, China;

2. Key Laboratory of Microbial Oil Recovery, SINOPEC, Dongying 257000, China;

3. Shengli Oilfield Company, SINOPEC, Dongying 257000, China)

Abstract: The continuous flooding test with long core was used to simulate the field flooding process of MEOR. The high-throughput sequencing and fluorescent quantitative PCR technique were employed to quantitatively characterize the dynamic changes of the structure of microbial community, the diversity index and the concentration of functional bacteria. And the correlation between the dynamic changes of the microbe and the water content changes was analyzed. The results show that under the multiple rounds of slug injection of activator the structure of microbial community presents continuous dynamic succession, the community structure tends to be simplified, and the diversity index reduces gradually. *Acinetobacter*, *Anaerobaculum* and *Methanotermobacter* gradually become to the predominant bacteria in the community. The concentration of endogenous microorganisms and the functional bacteria gradually increase with the injection of activator. There are obvious rules of cascade activation of aerobic, facultative and anaerobic bacteria in the time scale. The whole metabolic chain is activated by the activation of the methanogen and the oil displacement efficiency is the highest. It is also found that there is a significant positive correlation be-

收稿日期: 2018-05-20

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

作者简介: 胡婧(1980-), 女, 工程师, 博士, 研究方向为微生物采油过程分子生态学。E-mail: tomatohu@163.com。

tween microbial community diversity and water cut when the concentration of the facultative and anaerobic functional bacteria is increased by 2 orders of magnitude, which can be used as a key biological indicator to guide field effect analysis and scheme adjustment.

Keywords: indigenous microbe oil displacement; long core; dynamic continuous displacement; microbial characteristics; displacement efficiency

油藏环境具有高温、高压、高矿化度、贫营养及厌氧等特点,在该极端环境中存在着种类多样、代谢类型丰富的微生物,它们之间通过信号和能量的传递、空间营养物的相互竞争与依赖等作用形成复杂的内源微生物群落结构^[1]。内源微生物驱油技术就是选择性激活油藏内源驱油功能菌群,利用其代谢过程和代谢产物来提高原油产量和采收率。内源微生物群落是该技术的基础,其中具有不同代谢功能的内源菌在原始油藏微生物群落结构中相对稳定,只有通过改变外界环境才能打破已经形成的稳定的微生物群落结构,使之朝向驱油功能菌群占优势的方向演替,实现提高采收率的目的^[2-10]。内源微生物驱油技术利用分子生物学方法对实施区块的内源微生物群落结构进行检测分析^[11-12],了解该区块开展内源微生物驱油的生物基础。但在实施过程中通常只侧重跟踪分析现场生产动态数据,而忽视油藏内源微生物的动态变化规律^[13-14]。外界注入的激活剂会改变油藏原有的生态环境,油藏内源稳定的微生物群落结构被打破,在重新构建群落结构的过程中油藏微生物菌群在时间、空间上演替,演替过程中微生物浓度、群落多样性、优势种群以及驱油功能细菌浓度等生物特征动态变化规律及与驱油效率关系等,是该领域的关键问题。笔者设计长岩心物模实验,模拟胜利油田沾 3 区块内源微生物驱油现场连续动态驱替过程,通过产出液群落结构等生物特征的连续监测分析,揭示内源微生物驱油体系中生物特征随时间的动态变化规律,明确生物特征与驱油效率之间的对应关系。

1 实验材料与方法

1.1 长岩心连续驱替实验

采用 3 根 60 cm 物模管串联的方式构建长岩心(1 800 mm×38 mm)物理模型装置,每节物理模型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 $1\,150\times 10^{-3}\,\mu\text{m}^2$,孔隙度为 0.28,孔隙体积为 573 mL。饱和水采用胜利油田沾 3-26 油井产出液水样,饱和油量为 550 mL,一次水驱 $3V_p$ (V_p 为孔隙体积)后驱出油量 331 mL,含水率达到 95.0%,采收率达到 60.2%。

内源微生物驱油连续动态模拟实验在油藏温度 60℃ 下进行,为了模拟油藏高压环境,在长岩心出口端施加 7 MPa 的回压。激活剂^[15]注入采用多轮次段塞式注入,共开展 4 轮次激活剂注入,每轮次实验包括前置激活剂段塞注入及后续连续水驱过程,其中前置激活剂段塞阶段快速注入 $0.05V_p$ 的上述激活剂,注入速度 1 mL/min;激活剂注入后,后续采用沾 3 注入水进行连续水驱,每轮次水驱采用新取沾 3 注入水水样,水驱速度为 0.02 mL/min。1 轮次水驱运行 12 d(水驱体积 $0.6V_p$),此时激活剂已运移至岩心出口。连续驱替过程中,每天从岩心末端产出约 30 mL 产出液用于油水计量及生物特征分析。

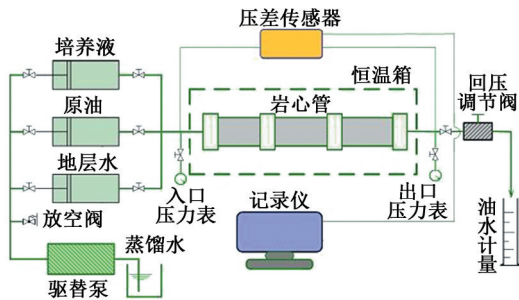


图 1 长岩心驱替实验装置示意图

Fig.1 Schematic diagram of long-core device

1.2 产出液生物特征

驱替过程中每天收集并计量产出液的液量、油量,计算产出液含水率。用微量注射器吸取少量产出液,通过显微细菌计数板确定细菌浓度,最后通过高速离心(12 000 r/min,15 min)收集 25 mL 产出液中的菌体并提取菌体 DNA,用于微生物群落结构及驱油功能菌的定量检测分析。

样品菌体 DNA 的提取采用 AxyPrep 基因组提取试剂盒,提取后的 DNA 利用 Nanodrop 微量紫外检测仪进行浓度检测后用于细菌 16S rRNA 扩增。为了保证群落特征检测的准确度和覆盖度,所有样品微生物群落结构的分析都采用目前最先进的高通量测序技术^[16],测序及分析工作由深圳华大基因公司完成。测序完成后进行相应的生物信息学分析,解析每个样品的微生物群落结构并计算样品的多样性指数。生态学上通常利用多样性指数如香浓指数 H' (shannon index) 来定量表征群落中物种的多样

性, H' 计算方法为

$$H' = - \sum_{i=1}^s p_i \ln p_i \quad (1)$$

式中, p_i 为第 i 个物种占总数的比例; s 为样品总物种数。

香浓指数越小, 说明群落中的微生物多样性越低, 部分物种分布的优势性越明显^[17]。依据样品 OTU 的统计结果对样品进行主成分分析 (PCA), 以判断不同产出液样品微生物群落结构的差异, PCA 分析采用 R 语言 (V3.0.3) 中 ade4 包。

功能菌定量检测采用荧光定量 PCR 标准曲线定量检测方法, 产甲烷和产脂肽菌的定量检测分别选用 *mcrA* 基因和 *srfA* 基因; 由于目前对乳化剂产生的功能基因还不明确, 无法选择一个功能基因对所有的产乳化剂菌进行研究, 本研究中选择一类产乳化剂的模式微生物地芽孢杆菌属 (*Geobacillus*) 作为检测对象, 根据该属细菌内的一段特异性的保守序列对产乳化剂菌进行定量检测^[18-19]。定量反应试剂为 Bio-rad 公司的 SYBR Green supermix, 反应体系包括上下游引物各 1 pmol/L, supermix 10 μ L, 待测样品或标准质粒 1 μ L, 用灭菌的去离子水调整体系到 20 μ L。反应程序: 95 $^{\circ}$ C, 3 min $\rightarrow$ 95 $^{\circ}$ C, 10 s $\rightarrow$ 60 $^{\circ}$ C, 30 s。收集荧光, 扩增 40 个循环; 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 Bio-rad 公司的 IQ5 仪器上完成。

2 结果分析

2.1 长岩心驱替效果

长岩心连续动态驱替累计注入 4 轮次的激活剂, 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。可以看出, 每轮激活剂注入后均出现不

同程度的降水漏斗, 第 3 轮和第 4 轮的降水漏斗明显, 含水率降幅最大达到 7%; 注入 4 轮以后累计驱出原油 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%, 采出程度达到 68.4%。

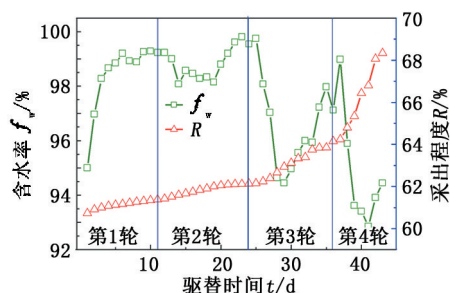


图 2 长岩心驱替实验的含水率与采出程度变化

Fig. 2 Water cut and oil enhancement by continuous displacement of long-core experiment

2.2 微生物群落结构动态变化

利用高通量测序技术解析 4 轮现场注入水及长岩心产出液中的群落结构, 选取 7、14、21、28、35、42 和 47 d 的数据进行分析, 结果见图 3。从图 3(a) 看出, 4 轮次注入的现场水样具有相似的细菌群落结构, 除了未分类菌属外, 注入水中的优势菌为脱硫葡萄状菌属 (*Desulfacinum*)、热硫还原杆菌属 (*Thermodesulfarhabdus*)。注入激活剂后, 物模产出液的细菌群落结构与物模注入水样品的群落结构呈现明显的差异, 随着激活剂的注入和驱替时间的延长, 产出液中的细菌群落呈现连续的动态演替变化, 除去未分类菌属外, 产出液中的优势菌属成为不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 和厌氧小杆菌属 (*Anaerobaculum*), 其中不动杆菌是一类具有产生生物表面活性剂及嗜烃作用的驱油功能菌^[20], 厌氧小杆菌属是一类嗜热厌氧生长的发酵菌, 可以利用有机营养代谢产生乙酸分子, 促进产甲烷菌的激活^[21-22]。

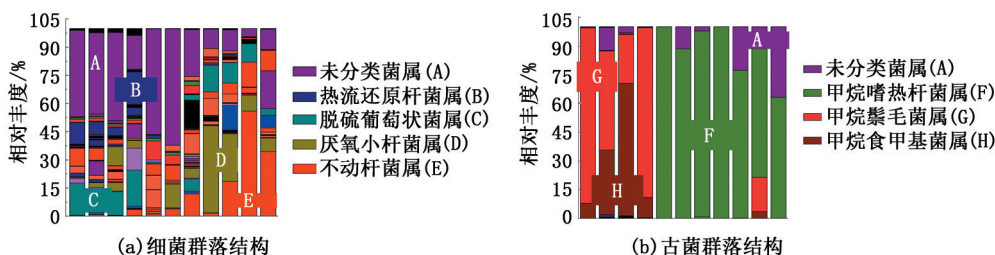


图 3 长岩心产出液群落结构动态变化

Fig. 3 Community structure in produced fluids of long-core

图 3(b) 为古菌群落结构解析结果, 实验体系中的古菌主要以产甲烷古菌为主, 物模产出液的古菌群落结构与物模注入水样品的古菌群落结构呈现明显的差异。注入水中的优势古菌为甲烷食甲基菌属

(*Methanomethylovorans*) 和甲烷鬃毛菌属 (*Methanoseta*), 注入激活剂 7 d 后, 物模产出液中古菌群落结构发生明显改变, 甲烷嗜热杆菌属 (*Methanothermobacter*) 成为优势古菌, 该类古菌是一类氢营养型

产甲烷菌,可以利用细菌代谢产生的 H_2/CO_2 产生甲烷气体,最适生长温度为 $60\text{ }^{\circ}\text{C}$ 。由于古菌的种类明显少于细菌,群落多样性分析主要针对细菌进行。

2.3 产出液生物特征动态变化与含水率变化

分析 4 轮次内源微生物驱油过程中产出液的细菌群落多样性指数、总细菌浓度、3 种驱油功能细菌浓度动态变化规律,并进一步分析以上生物特征动态变化与含水率之间的关系,结果见图 4。可以看出,激活剂的注入明显改变了产出液中的生物特征,其中产出液总细菌浓度随着每轮次激活剂的注入和消耗呈现先升高后降低的周期变化,在 $10^4 \sim 10^9$ 个/mL 间波动;细菌群落多样性指数呈现先降低后升高的周期变化,从最初的 2.3 降低到 1.2。总细菌浓度和细菌多样性指数的变化趋势相反。通过与物模产出液含水率变化进行对比分析发现,前 2 轮次随着总细菌浓度升高和多样性指数降低,产出液的含水率变化不明显,从第 3 轮开始,总细菌浓度升高和多样性指数降低后含水率随之呈现明显降低,并且含水率的变化滞后于生物特征的变化。

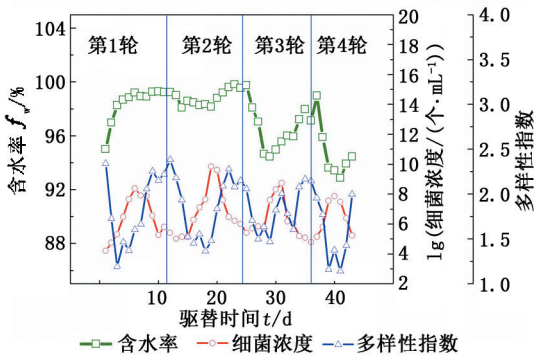


图 4 产出液总细菌浓度和菌群多样性指数与含水率变化

Fig. 4 Microbial concentration, bacterial diversity and water cut in production fluid

利用荧光定量 PCR 技术检测产出液中 3 种关键驱油功能细菌浓度的动态变化,结果见图 5。可以看出,驱油功能细菌浓度在激活剂注入后呈现逐渐升高的趋势,每轮次中随着激活剂的注入和消耗呈现升高降低的波动。3 种驱油功能菌中产脂肽菌最早被激活,但浓度较低,7 d 后峰值浓度达到 10^4 个/mL,产乳化剂菌在产脂肽菌之后被激活,峰值浓度在 20 d 达到 10^7 个/mL,产甲烷古菌从 20 d 开始被明显激活,浓度快速升高,最后一轮激活剂注入后,产甲烷古菌的浓度从最初的 10^2 个/mL 升高到 10^6 个/mL。随着 3 种驱油功能菌的激活尤其是兼性及厌氧类驱油功能菌的激活,含水率明显降低。

综合分析以上生物特征动态变化与含水率之间的关系可以发现,激活剂注入后,细菌多样性指数比初始值降低 50% 时,内源微生物驱油开始起效;兼性及厌氧驱油功能菌被激活且浓度升高 2 个数量级后,多样性指数和总细菌浓度的动态变化规律与产出液含水率变化之间呈现明显对应关系。

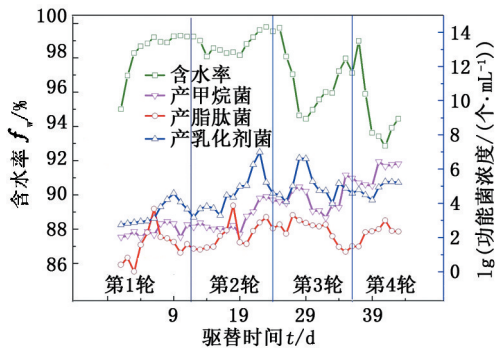


图 5 产出液中 3 种驱油功能细菌浓度与含水率的变化

Fig. 5 Gene concentration of 3 kinds of functional bacteria and water cut in production fluid

3 讨 论

分子生物学技术的快速发展为油藏微生物群落结构的研究提供了更为准确的分析方法,对于那些培养法难以检测到的油藏微生物,可以通过基因序列的高通量测序来进行准确解析^[16]。本研究利用高通量测序技术检测了产出液中的内源微生物群落结构的动态变化规律,利用荧光定量 PCR 技术连续监测了 3 种驱油功能细菌浓度随驱替时间的变化规律,并在此基础上明确了内源微生物驱油过程中生物特征变化与驱油效率之间的关系。

3.1 驱替过程群落结构的演替变化规律

在前期产出液微生物群落结构分析的基础上,进一步开展了主成因分析(PCA)分析,结果见图 6。注入的 4 个现场注入水样品群落结构聚在一起,说明这 4 个现场注水样品具有稳定的细菌群落结构。同时这 4 个样品与岩心产出液样品的群落结构距离较远,说明在激活剂的作用下,原始注入水中的细菌菌群在驱替过程中发生了明显的改变。每轮次激活剂注入后的岩心产出液聚集在同一象限内,说明同一轮次的产出液样品间具有很高的细菌群落结构相似性。另外,相邻注入轮次的样品间也具有一定的相关性,第 1 轮样品与第 2 轮激活剂注入后产出液样品聚集在 PC1 的正轴上;第 2 轮与第 3 轮激活剂注入后产出液样品都聚集在 PC2 的正轴上;第 3 轮与第 4 轮激活剂注入后产出液样品都聚集在 PC1

的负轴上。通过以上分析证实,在多轮次激活剂注入的内源微生物驱替过程中,产出液样品中的微生物群落结构具有明显的连续演替变化规律;随着驱替轮次的增加,样品间的距离越来越小,说明实验体系中的内源微生物群落结构在激活剂的作用下趋于稳定,重新构建新的群落稳态。中科院渗流所通过 DGGE 法分析了激活剂注入后不同时期采出水中菌群结构的变化,同样发现激活剂注入后菌群结构趋向简单化,菌群结构发生连续改变,微生物驱油后期菌群中假单胞菌属和梭菌成为优势菌^[22]。大港油田与俄罗斯科学研究院对微生物采油过程中注水井近井地带的微生物群落的长期变化进行了检测分析,结果表明油藏中的微生物群落存在动态变化过程。

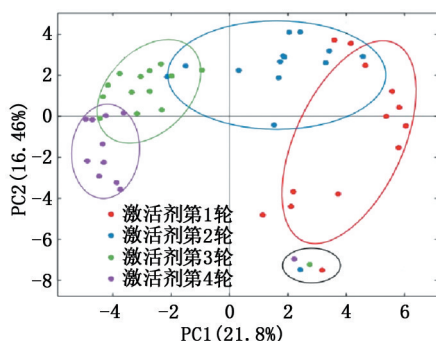


图6 4轮激活剂注入后产出液中的细菌群落结构PCA分析

Fig. 6 PCA analysis of bacterial community structure in output solution after 4 rounds of activator injection

3.2 驱替过程中细菌浓度及多样性变化规律

油藏在开发之前为还原性环境,注水开发后,注入水向油藏内带入溶解氧和地表微生物,这些微生物在油藏中逐渐形成相对稳定的群落结构,由于地层中氮、磷等营养元素浓度很低,注水开发中的内源微生物浓度一般较低。实施内源微生物驱油后,外界激活剂的注入改变了油藏内部的营养环境,再一次打破油藏内源微生物菌群结构的稳态。从细菌浓度和菌群多样性指数动态变化数据可以看出,激活剂注入后,油藏内源微生物特征会随之发生改变,表现为细菌浓度升高、菌群多样性降低。这是由于激活剂注入后,特异性激活了原始群落中的部分驱油功能菌,使其逐渐成为群落中的优势菌属。随着激活剂的消耗,优势菌生长代谢速率降低,总细菌浓度逐渐下降,优势菌的比例降低后,群落中的其他微生物恢复生长,多样性指数随之升高。基于以上原因,每轮次激活剂注入后,细菌浓度和多样性指数都会呈现出相同的变化规律。

3.3 驱油功能菌激活规律

利用荧光定量PCR技术定量监测了驱替过程中3种驱油功能菌的浓度变化规律。这3种驱油功能菌在内源微生物代谢链中占据不同代谢位置,好氧类产脂肽菌位于代谢链的最前端,先于其他功能菌被激活;兼性产乳化剂菌在好氧菌和厌氧菌之间的过渡阶段被激活;随着代谢链前端微生物代谢产物的积累及对体系中氧气的消耗,末端厌氧类产甲烷古菌才能被激活。在3种驱油功能菌中,产甲烷古菌可以将前端微生物代谢产生的 CO_2 和 H_2 转化为 CH_4 ,处在整个内源微生物代谢链的末端,有研究证实通过检测产甲烷细菌浓度的变化可以评价油藏微生物代谢链的激活效果^[23]。从图5功能菌与含水的对应关系可以看出,在前期只激活产脂肽菌时,含水率降低并不明显,随着兼性菌和厌氧菌尤其是产甲烷古菌的激活,含水率的降低幅度增加,从油藏微生物代谢链角度分析,产甲烷古菌的激活说明完整的微生物代谢链被启动,通过多种驱油功能菌的高效协同作用下驱油效率显著提高。

3.4 生物特征与生产动态的对应关系

微生物驱油技术的物质基础是油藏内源微生物群落,但目前的研究多侧重于生产动态的分析,对驱油过程中生物特征的变化规律研究很少,生物特征与生产动态之间的关系也不明确。胜利油田先后利用末端标记限制性片段长多态性技术(T-RFLP)和高通量测序技术对微生物驱油现场试验的油井产出液微生物群落结构进行了跟踪分析,发现激活剂注入后油井产出液中的菌群优势度增加,群落多样性指数降低,而且多样性指数与油井产量之间存在一定的负相关关系,但是由于现场试验过程中外界影响因素复杂,多样性指数与生产动态之间的关系还需要进一步的室内实验证实^[14,24-26]。本研究通过长岩心连续动态驱替实验,模拟现场微生物驱油过程的同时消除了现场各种工艺措施的影响,研究发现随着激活剂的段塞注入,内源微生物菌群响应外界环境的改变,总细菌浓度升高的同时菌群多样性指数降低,内源菌群发生重组,细菌和古菌菌群出现新的优势菌。从驱油功能菌方面,激活剂的多轮次注入可以逐渐激活内源好氧、兼性及厌氧驱油功能菌的代谢链,但只有在产甲烷古菌激活后,整个代谢链才能高效启动,这时内源微生物驱油的效果达到最好。

驱替过程中在兼性和厌氧驱油功能菌被显著激活、浓度升高2个数量级的前提下,总细菌浓度和多样性指数与产出液含水率变化呈现明显的对应关

系,随着总细菌浓度的升高和细菌多样性指数的降低,含水率随之降低。其中镜检方法得到的总细菌浓度数据受人为主观因素影响较大,只能作为一项参考性指标;细菌多样性指数依托目前高通量测序技术,具有很高的准确性,该指数与含水率之间的对应关系明确,而且其变化先于含水率的变化。因此可以将产出液细菌多样性指数作为一项关键的内源微生物驱油特征指标,指导微生物驱油现场实施的生产动态分析,为后期的方案调整提供理论依据。

4 结 论

(1)随着激活剂的注入,产出液中的总细菌浓度及驱油功能细菌浓度升高,菌群多样性指数降低。

(2)随着激活剂多轮次的段塞注入,产出液中的微生物群落结构呈现连续的演替变化,相邻样品间差异逐渐缩小,菌群逐渐稳定,出现明显的优势菌属。

(3)连续驱替过程中存在明显的好氧、兼性及厌氧驱油功能菌的接替激活规律,代谢链末端产甲烷古菌的激活意味着整个代谢链的启动,驱油效率明显提高。

(4)物模产出液中的生物特征动态变化与驱油效率之间存在明显的对应关系,在兼性及厌氧驱油功能细菌浓度提高2个数量级后,产出液细菌群落多样性指数与含水率变化之间存在明显的相关性,可以作为内源微生物驱油生物特征指标,指导内源微生物驱油现场效果的分析及方案的针对性调整。

参考文献:

- [1] 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.
LIU Jinfeng, MU Bozhong. Extreme environment of oil reservoir and associated microorganisms[J]. Journal of Microbiology, 2004,24(4):31-34.
- [2] 修建龙,俞理,郑承纲,等. 群落结构分析在微生物采油中应用[J]. 油气田地面工程,2010,29(2):48-50.
XIU Jianlong, YU Li, ZHENG Chenggang, et al. Application of community structure in the microbial[J]. Oil-Gasfield Surface Engineering, 2010,29(2):48-50.
- [3] 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.
XIANG Tingsheng, WANG Li, ZHANG Min. Reservoir microorganism and its application in petroleum industry[J]. Biotechnology, 2005,15(4):87-90.
- [4] 李彩凤,李阳,吴昕宇,等. 胜利油田沾3区块油藏中 *Geobacillus* 菌的激活研究[J]. 中国石油大学学报(自然科学版),2016,40(1):163-167.

- LI Caifeng, LI Yang, WU Xinyu, et al. Study on the activation *Geobacillus* species species in Zhan 3 blocks of Shengli Oilfield[J]. Journal of China University of Petroleum (Edition of Natural Science), 2016,40(1):163-167.
- [5] LIU J, MA L, MU B, et al. The field pilot of microbial enhanced oil recovery in a high temperature petroleum reservoir[J]. Journal of Petroleum Science & Engineering, 2005,48(3):265-271.
- [6] 王学忠,杨元亮,席伟军. 油水过渡带薄浅层特稠油微生物开发技术:以准噶尔盆地西缘春风油田为例[J]. 石油勘探与开发,2016,43(4):630-635.
WANG Xuezhong, YANG Yuanliang, XI Weijun. Microbial enhanced oil recovery of oil-water transitional zone in thin-shallow extra heavy oil reservoirs: a case study of Chunfeng Oilfield in western margin of Junggar Basin[J]. Petroleum Exploration and Development, 2016,43(4):630-635.
- [7] HUANG L, YU L, LUO Z, et al. A microbial-enhanced oil recovery trial in Huabei Oilfield in China[J]. Petroleum Science & Technology, 2014,32(5):584-592.
- [8] LE J J, WU X L, WANG R, et al. Progress in pilot testing of microbial-enhanced oil recovery in the Daqing oilfield of North China[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2015,97:188-194.
- [9] LI C F, LI Y, LI X M, et al. The application of microbial enhanced oil recovery technology in Shengli Oilfield[J]. Petroleum Science & Technology, 2015,33(5):556-560.
- [10] 程明明,夏添,雷光伦,等. 低渗透油藏多段塞微生物驱开发指标预测[J]. 中国石油大学学报(自然科学版),2014(6):113-120.
CHENG Mingming, XIA Tian, LEI Guanglun, et al. Development index prediction of multi-slug microbial flooding in low permeability reservoir[J]. Journal of the University of Petroleum, China (Edition of Natural Science), 2014(6):113-120.
- [11] 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[J]. 应用生态学报,2010,21(4):1014-1020.
AI Mingqiang, LI Hui, LIU Xiaobo, et al. Bacterial community structure in production water from oil reservoirs in Daqing Oilfield[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2010,21(4):1014-1020.
- [12] 何延龙,张凡,柴陆军,等. 注采水样微生物群落与高凝原油的相互作用[J]. 中国石油大学学报(自然科学版),2015,39(4):131-139.
HE Yanlong, ZHANG Fan, CHAI Lujun, et al. Interaction between high-wax crude oil and the microorganism

- inhabiting injection and production water[J]. Journal of China University of Petroleum (Edition of Natural Science), 2015, 39(4): 131-139.
- [13] 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.
- WANG Hui, SONG Zhiyong, HAO Bin, 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.
- [14] 宋智勇, 郭辽原, 高光军, 等. 内源微生物驱油物模实验及其群落演变研究[J]. 石油钻采工艺, 2010, 32(1): 89-93.
- SONG Zhiyong, GUO Liaoyuan, GAO Guangjun, et al. Succession of microbial community in physical simulation of indigenous microorganism flooding[J]. Oil Drilling & Production Technology, 2010, 32(1): 89-93.
- [15] 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.
- GAO Peike, MA Ting, ZHAO Lingxia, et al. Screening, optimization and evaluation of indigenous microorganism activation system in Zhan 3 block, Shengli Oilfield[J]. Journal of Chemical Industry and Engineering (China), 2011, 62(7): 2005-2012.
- [16] 宋永亭, 胡婧, 吴晓玲, 等. 室温条件下油藏采出液微生物群落结构稳定性[J]. 应用与环境生物学报, 2017, 23(3): 495-501.
- SONG Yongting, HU Jing, WU Xiaoling, et al. Stability of microbial community structure in reservoir water samples at room temperature[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2017, 23(3): 495-501.
- [17] 王永繁, 余世孝, 刘蔚秋. 物种多样性指数及其分形分析[J]. 植物生态学报, 2002, 26(4): 391-395.
- WANG Yongfan, YU Shixiao, LIU Weiqiu. A new species diversity index and its fractal analysis[J]. Acta Phytocologica Sinica, 2002, 26(4): 391-395.
- [18] 胡婧, 吴晓玲. 内源微生物驱油功能菌定量分析技术[J]. 生物加工过程, 2016, 14(3): 23-26.
- HU Jing, WU Xiaoling. Quantification of bacteria responsible for endogenous microbial enhanced oil recovery[J]. Chinese Journal of Bioprocess Engineering, 2016, 14(3): 23-26.
- [19] RAUGALAS N J, STUKNYTE M. Identification of the genus *Geobacillus* using genus-specific primers, based on the 16S 23S rRNA gene internal transcribed spacer[J]. Fems Microbiology Letters, 2010, 277(2): 165-172.
- [20] 张雪梅, 余跃惠, 黄金凤, 等. 大庆油田聚合物驱后油藏微生物多样性研究[J]. 应用与环境生物学报, 2008, 14(5): 668-672.
- ZHANG Xuemei, SHE Yuehui, HUANG Jinfeng, et al. Microbial diversity of the Daqing Oilfield after polymer flooding[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2008, 14(5): 668-672.
- [21] MAUNE M W, TANNER R S. Description of *Anaerobaculum hydrogeniformans* sp. nov., an anaerobe that produces hydrogen from glucose, and emended description of the genus *Anaerobaculum* [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2012, 62: 832-838.
- [22] MENES R J, MUXI L. *Anaerobaculum mobile* sp. nov., a novel anaerobic, moderately thermophilic, peptide-fermenting bacterium that uses crotonate as an electron acceptor, and emended description of the genus *Anaerobaculum* [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2002, 52: 157-164.
- [23] 伊丽娜, 崔庆峰, 俞理, 等. 内源微生物驱后油藏理化性质变化及细菌群落结构解析[J]. 科学技术与工程, 2013, 13(24): 6984-6989.
- YI Lina, CUI Qingfeng, YU Li, et al. Physical and chemical properties change of reservoir and analysis of indigenous microbial community after original microbe flooding[J]. Science Technology and Engineering, 2013, 13(24): 6984-6989.
- [24] 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.
- GAO Peike, MA Ting, LIU Rulin. Microbial metabolic characteristics and ecological controlling in petroleum reservoir [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2011, 51(6): 711-717.
- [25] 程海鹰, 肖生科, 马光东, 等. 营养注入后油藏微生物群落 16S rRNA 基因的 T-RFLP 对比分析[J]. 石油勘探与开发, 2006, 33(3): 356-359, 373.
- CHENG Haiying, XIAO Shengke, MA Guangdong, et al. 16S rRNA genes comparative analysis of microbial community in nutrient injected oil reservoir by the T-RFLP method[J]. Petroleum Exploration and Development, 2006, 33(3): 356-359, 373.
- [26] 胡婧, 曹功泽, 王文杰, 等. 沾3内源微生物驱的生物特征变化及其对驱油效果的影响[J]. 中国石油大学学报(自然科学版), 2017, 41(4): 174-179.
- HU Jing, CAO Gongze, WANG Wenjie, et al. Change of biological features and its impact on flooding effect of indigenous MEOR in Zhan 3 block[J]. Journal of China University of Petroleum (Edition of Natural Science), 2017, 41(4): 174-179.