

# 华北宝力格油田水处理系统微生物群落 结构及多样性分析

游靖<sup>1,2</sup>, 徐建昌<sup>3</sup>, 余吉良<sup>2</sup>, 孙霜青<sup>3</sup>, 李春玲<sup>3</sup>, 胡松青<sup>3\*</sup>

(1.华东理工大学 化学与分子工程学院, 上海 200237; 2.中国石油华北油田分公司 采油工程研究院,  
河北 任丘 062552; 3.中国石油大学(华东) 理学院, 山东 青岛 266580)

**摘要:**在华北宝力格油田水处理系统的三相分离器与反应池之间加入激活剂,采用16S rDNA高通量测序技术,研究三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵4个水处理节点水样中微生物(细菌和古菌)群落结构及多样性,并分析不同水处理节点水样中驱油功能菌含量。研究表明,各水处理节点水样的细菌和古菌群落结构存在差异。三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵处水样中细菌群落中的优势菌分别为弯曲菌科、红长命菌属、红长命菌属和固氮弧菌属、地衣芽孢杆菌属;三相分离器 and 喂水泵处水样中古菌群落中的优势菌均为甲烷食甲基菌属。喂水泵处细菌和古菌多样性较前一个水处理节点减小,说明微生物群落结构由复杂向简单发展。喂水泵处驱油功能菌含量最大,这些驱油功能菌注入地下后可发挥驱油作用。

**关键词:**微生物群落结构 多样性 16S rDNA 高通量测序 驱油功能菌 激活剂

中图分类号:TE357.9

文献标识码:A

文章编号:1009-9603(2016)05-0076-07

## Analysis of microbial community structure and diversity of the water treatment system in Huabei Baolige oilfield

You Jing<sup>1,2</sup>, Xu Jianchang<sup>3</sup>, Yu Jiliang<sup>2</sup>, Sun Shuangqing<sup>3</sup>, Li Chunling<sup>3</sup>, Hu Songqing<sup>3</sup>

(1.School of Chemistry and Molecular Engineering, East China University of Science and Technology, Shanghai City, 200237, China; 2.Production Engineering Research Institute, PetroChina Huabei Oilfield Company, Renqiu City, Hebei Province, 062552, China; 3.College of Science, China University of Petroleum (East China), Qingdao City, Shandong Province, 266580, China)

**Abstract:** In the present work, the structures and diversities of the microbial communities (bacteria and archaeobacteria) in the water samples collected from the three-phase separator, the reaction tank, the filter and waterflood pump of the water treatment system in Baolige oilfield were studied through the high-throughput 16S rDNA sequencing technique when activating agents were added between the three-phase separator and reaction tank. In addition, the distribution and content of the oil recovery microbes in the four water samples were also analyzed. Results showed that the community structures of the bacteria and archaeobacteria varied with the site of the water sample collected. The dominant bacterial groups in three-phase separator, reaction tank, filter and waterflood pump were *Campylobacteraceae*, *Tepidicella*, *Tepidicella*, *Azoarcus* and *Bacillus licheniformis*, respectively. The dominant archaeobacterial groups in the three-phase separator and the waterflood pump were both *Methanomethylovorans*. The diversity of the bacteria and archaeobacteria in the water sample collected from the waterflood pump was lower than that in the previous site of sample collection, which indicates that the microbial community structure became simple compared with the previous water sample collection site. The concentration of the oil recovery

收稿日期:2016-06-15。

作者简介:游靖(1972—),男,河北任丘人,高级工程师,在读博士研究生,从事油气田开发技术研究。联系电话:13832729255, E-mail: cyy\_youjing@petrochina.com.cn。

\*通讯作者:胡松青(1967—),男,湖北松滋人,教授,博士。联系电话:18266636565, E-mail: ccupe@upc.edu.cn。

基金项目:中国石油重大科技专项“华北油田上产稳产800万吨关键技术研究与应用”(2014E-3507)。

microbes in the waterflood pump was the largest, which can be beneficial to the oil recovery when they are injected into the oil reservoir.

**Key words:** microbial community structure; diversity; high-throughput 16s rDNA sequencing technique; oil recovery microbes; activating agent

微生物广泛存在于高温、高盐等各种环境的油藏中,其类型多样,功能各异。微生物中的某些菌种,如芽孢杆菌<sup>[1-3]</sup>和假单胞菌<sup>[4]</sup>等,不仅能够降解原油,还能够产生具有驱油作用的表面活性剂<sup>[5]</sup>、酸和生物气等代谢产物。由于这些微生物具有提高采收率的作用,故被称为驱油功能菌<sup>[6-8]</sup>。由于它们在油藏微生物生态中的重要作用及对微生物采油的重要意义,驱油功能菌的分布与含量引起了微生物采油科研工作者的的高度重视。为了得到驱油功能菌的相关信息,科研工作者对微生物群落结构及多样性进行了大量研究,并取得了一定成果<sup>[9-12]</sup>。

20世纪70年代以来,微生物群落结构及多样性的解析主要依赖传统的分离培养方法<sup>[13]</sup>,但该方法存在分辨率低、对微生物群落结构及多样性认识不全面等缺点。20世纪80和90年代,现代分子生物学技术,特别是基于16S rDNA的分子生物学技术,因其具有能够精确直观地揭示微生物结构及多样性的优点被广泛应用于微生物群落结构及多样性的研究中<sup>[14]</sup>。艾明强等采用扩增性rDNA限制性酶片段多态性分析技术分析了大庆油区聚合物驱、水驱和过渡带3种油藏采出水中细菌群落的16S rDNA克隆文库,发现大庆油区油藏采出水中的优势菌群为不动杆菌属、弓形杆菌属、厚壁菌门、假单胞菌属和硫磺单胞菌属<sup>[9]</sup>;Li等通过建立16S rDNA克隆文库和限制性片段长度多态性分析技术,研究了华北油田高温油藏的微生物多样性,发现硫酸盐还原菌和产甲烷菌广泛分布于油藏中<sup>[10]</sup>;吴伟林等采用聚合酶链式反应和变性梯度凝胶电泳相结合技术,初步研究了油田某区块石油污染土壤中微生物群落及多样性,发现年代较久的石油重度污染土壤菌群数量少于轻度污染土壤<sup>[11]</sup>。目前,针对油田系统微生物群落结构及多样性的研究主要集中在油藏内和石油污染土壤中微生物的研究,而关于油田水处理系统中微生物群落结构及多样性的研究鲜有报道。

由于水处理系统的微生物群落结构与油藏内的微生物群落息息相关,研究水处理系统中微生物(细菌和古菌)群落结构,能够明确注入水中驱油功能菌的分布和含量,对保证驱油功能菌进入油藏后能够发挥关键的驱油作用具有重要意义。为此,针

对华北宝力格油田水处理系统中三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵4个水处理节点,采用16S rDNA高通量测序技术<sup>[14-16]</sup>,对比研究在三相分离器与反应池之间加入激活剂<sup>[17]</sup>后,不同水处理节点处微生物的群落结构和多样性<sup>[18]</sup>,并重点考察驱油功能菌的含量变化规律,以期为华北宝力格油田水处理系统中驱油功能菌定向激活提供一定的理论依据。

## 1 实验材料与方法

### 1.1 实验样品与取样点

华北宝力格油田水处理系统由三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵等组成(图1),其作用是将油田采出水进行油水分离、沉降和过滤等处理后回注于地层,使采出水循环利用。华北宝力格油田微生物驱油的一项重要工序是在三相分离器与反应池之间加入激活剂,其作用是激活采出水中的驱油功能菌。

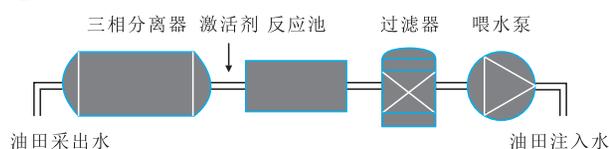


图1 华北宝力格油田水处理系统

Fig.1 Diagram of water treatment system in Huabei Baolige oilfield

4种实验水样分别取自华北宝力格油田水处理系统中三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵4个水处理节点。每个水样采集10 L装入灭菌的塑料桶中,置于4℃环境中保存待用。

### 1.2 实验方法

微生物群落基因组总DNA的提取 具体实验步骤为:①将6 L水样在温度为4℃、转速为10 000 r/min的条件下离心15 min后收集菌体;②将收集到的菌体转入2 mL的无菌离心管中,向离心管中依次加入360 μL SET缓冲液、70 μL质量浓度为5 g/L的溶菌酶溶液和2 μL质量浓度为40 g/L的Rnase溶液,混匀后在37℃恒温水浴中恒温1 h;再依次加入23 μL质量分数为10%的SDS溶液和5 μL质量浓度为40 g/L的蛋白质酶K,混匀后在37℃恒温水浴中恒温2 h;③加入80 μL物质的量浓度为5 mol/L的NaCl溶液混匀,再加入56 μL CTAB-NaCl溶液混

匀,在65℃恒温水浴中恒温20 min;④加入与上层清液等体积、体积比为25:24:1的酚-氯仿-异戊醇混合液,混匀后在4 000 r/min转速下离心30 min,将上层清液转移到新的离心管中;⑤将步骤④重复3次后,加入与上层清液等体积的氯仿-异戊醇(体积比为24:1)混合液,混匀后在4 000 r/min转速下离心30 min,将上层清液转移到新的离心管中;⑥加入0.8倍上层清液体积的异丙醇和0.1倍上层清液体积的NaAC(3 mol/L)沉淀DNA,颠倒数次混和均匀后置于-20℃环境中过夜;⑦将离心管中的液体在温度为4℃、转速为10 000 r/min的条件下离心20 min,去掉上层清液;⑧加入500 μL质量分数为70%的冷乙醇溶液清洗DNA,在温度为4℃、转速为10 000 r/min的条件下离心10 min,吸尽离心管中液体,于室温下干燥DNA;⑨加入60 μL pH值为8.0的TE缓冲液溶解DNA,用质量分数为0.8%的琼脂糖凝胶电泳检测提取的DNA,并利用NanoDrop2000超微量分光光度计测定DNA浓度,检测完成后置于-20℃的环境中保存待用。

**16S rDNA的PCR扩增和克隆文库的构建** 具体实验步骤为:①采用细菌16S rDNA扩增通用引物1492R(5'-GGTTA CCTTGTTACGACTT-3')和27F(5'-AGAGTTTG ATCCTGGCTCAG-3'),进行细菌16S rDNA的PCR扩增。PCR扩增的反应条件为94℃预变性4 min,94℃变性1 min,45℃退火1.5 min,72℃延伸2 min,总计26个循环,最后72℃延伸10 min。②采用通用引物w017(6F,5'-ATTCYG-GTTGATCCYGCRCG-3')和古菌通用引物w002(1509R,5'-GNTACCTT GTTACGACTT-3'),进行古菌16S rDNA的PCR扩增。PCR扩增的反应条件为94℃预变性4 min,94℃变性1 min,50℃退火1.5 min,72℃延伸2 min,总计30个循环,最后72℃延伸10 min。③将得到的PCR产物经纯化、补平和磷酸化后,连接到PTZ18质粒载体的Smal位点上,转化大肠杆菌细胞;在含有X-gal和氨苄青霉素的2YT培养基上选择具有氨苄青霉素抗性的白色转化子,构建16S rDNA文库。

**菌群结构及多样性分析** 具体分析步骤为:研究用16S rDNA高变区数据库由Ref SSU数据库中16S rDNA参考序列切割得到的高变区区域的序列构成。数据库的物种分类信息来源于Entrez genomes, RDP, SILVA和EMBL等数据库。每个水样被注释的标签序列按照界、门、纲、目、科、属、种进行等级分类统计。利用Mothur软件计算水样的Alpha多样性值,其中包括Shannon多样性指数、Simp-

son多样性指数和Pielou均匀度指数。

## 2 细菌群落结构及多样性

### 2.1 细菌群落种类和丰度

由各水处理节点水样中细菌在属水平的高通量相对丰度(图2)可以看出:反应池和过滤器水样的高通量相对丰度图颜色种类相似,但每种颜色对应条块的高度存在差异,表明水样的细菌种类相似而相对含量不同,即这2处水样中细菌群落结构相似;而三相分离器和喂水泵2处水样的高通量相对丰度图颜色及其相对应条块的高度均不相同,说明这2处水样中细菌的种类和相对含量与反应池和过滤器不同,即这2处水样中细菌群落结构与反应池和过滤器处水样的细菌群落结构存在差异。

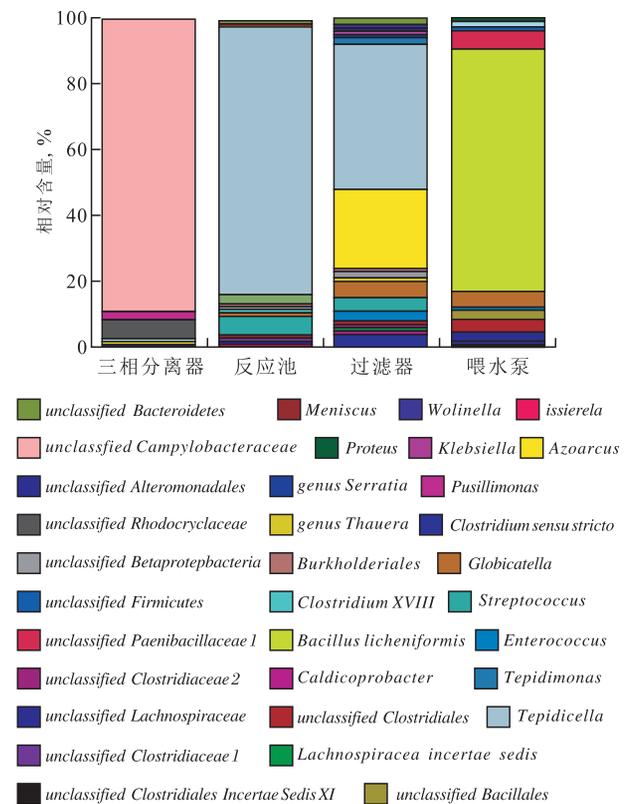


图2 不同水处理节点水样中细菌在属水平的高通量相对丰度

Fig.2 Bacterial community structures at genus level by pyrosequencing in water samples from various water treatment sites

高通量相对丰度图中高度较高的颜色条块代表微生物群落结构中含量较多的菌种,即优势菌<sup>[19]</sup>。由图2亦可看出:三相分离器处水样中细菌群落中的优势菌为ε-变形菌纲的弯曲菌科(*unclassified Campylobacteraceae*),其相对含量为88.57%;反应池处水样中的优势菌为β-变形菌纲的红长命

菌属细菌(*Tepidicella*),其相对含量为81.30%;过滤器处水样中的优势菌为β-变形菌纲的红长命菌属细菌(*Tepidicella*)和固氮弧菌属细菌(*Azoarcus*),其相对含量分别为44%和24%;喂水泵处水样中的优势菌为芽孢菌纲的地衣芽孢杆菌属细菌(*Bacillus licheniformis*),其相对含量为73.58%。因此,4个水处理节点水样中的优势菌存在明显差异。过滤器处水样中的固氮弧菌属<sup>[20]</sup>是一种脱氮细菌,能够通过N-C-2环断裂的方式降解原油中的脂杂环和芳杂环有机物,从而起到降低稠油粘度的作用。喂水泵处水样中的地衣芽孢杆菌属<sup>[21-22]</sup>能够产生脂肽类生物表面活性剂,具有降低油、水、岩石界面张力和乳化原油的能力,从而达到提高原油采收率<sup>[23-25]</sup>的目的。由于喂水泵处水样中的地衣芽孢杆菌属为该处的优势菌,因此最终注入水中的优势细菌有利于微生物驱油。

### 2.2 细菌群落多样性

Shannon, Simpson 和 Pielou 这3种指数能够反映细菌群落结构多样性变化情况。从图3中可以看出,在三相分离器与反应池之间加入激活剂后,3种指数在反应池处有所升高,在过滤器处达到最大值,而在喂水泵处有所下降。这表明,在三相分离器、反应池和过滤器处细菌群落结构多样性逐渐增加,而在喂水泵处有所降低。这可能是由于在三相分离器与反应池之间加入激活剂后,水样中各菌属开始繁殖,导致反应池和过滤器处细菌群落多样性增加;当各菌属繁殖达到一定程度,由于水样中优势菌对激活剂的竞争能力较强,使其他菌属含量相对降低甚至消失,导致喂水泵处细菌群落多样性降低。喂水泵处细菌多样性降低表明注入水中的细菌群落结构由复杂向简单发展,加上该处水样中的优势细菌为驱油功能菌,可从根本上保证大量的驱

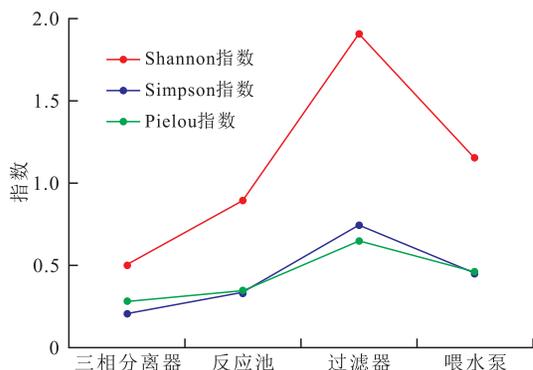


图3 不同水处理节点水样细菌群落多样性指数及均匀度指数

Fig.3 Variation curves of bacterial diversity and evenness indexes in water samples from various water treatment sites

油功能菌被注入到井下。

## 3 古菌群落结构及多样性

### 3.1 古菌群落种类和丰度

由于反应池和过滤器处水样中的氧气含量较高,不适合古菌的生存,古菌含量很低,因此这2处采样点无法扩增出古菌16S rDNA条带,因此仅分析三相分离器和喂水泵处水样中的古菌。从图4中可以看出:三相分离器处水样的颜色种类比喂水泵处多,说明三相分离器处水样中的古菌种类比喂水泵处的多;另外,三相分离器和喂水泵处2水样中古菌群落中的优势菌均为甲烷微球纲的甲烷食甲基菌属(*Methanomethylovorans*),其相对含量分别为56.82%和95.65%,说明这2处水样中古菌群落中的优势菌相同。甲烷食甲基菌属<sup>[26]</sup>是一种产甲烷古菌,可以利用乙酸、甲醇和甲胺等简单有机物合成甲烷生物气,而甲烷不仅能够溶于原油,降低原油粘度,还可为原油驱替提供动力,具有提高原油采收率的作用。由于喂水泵处的甲烷食甲基菌属为该处的优势菌,因此最终注入水中古菌群落中的优势菌也有利于微生物驱油。

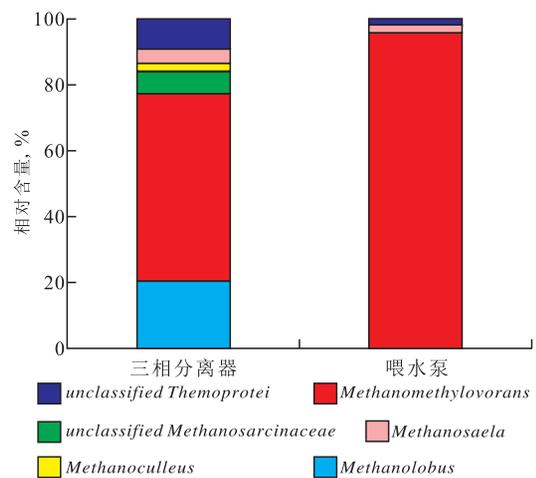


图4 不同水处理节点水样中古菌在属水平的高通量相对丰度

Fig.4 Archaeobacterial community structures at genus level by pyrosequencing in water samples from various water treatment sites

### 3.2 古菌群落多样性

三相分离器和喂水泵处水样中古菌群落3指数曲线(图5)表明,相对于三相分离器水样,喂水泵处水样中古菌群落的3种指数均较小,这说明喂水泵处古菌群落的多样性较少,进而表明喂水泵处的古菌群落结构也由复杂向简单发展,并且该处甲烷食甲基菌属相对含量增大,因此也会有大量驱油功能

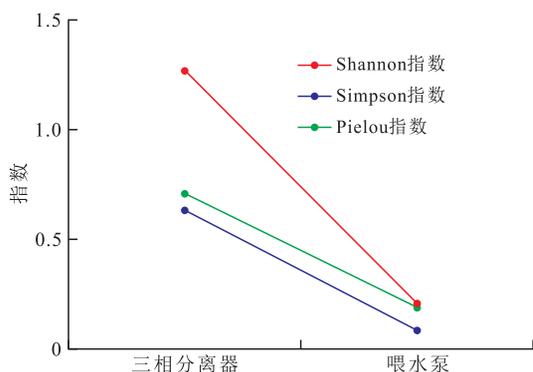


图5 三相分离器和喂水泵处水样中古菌群落多样性指数及均匀度指数

Fig.5 Archaeobacterial diversity and evenness indexes in water samples at three-phase separator and waterflood pump

古菌从喂水泵处注入到井下。

#### 4 驱油功能菌含量

不同水处理节点水样中微生物的DNA浓度测定结果表明:三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵4处水样中DNA浓度分别为102.95, 212.50, 298.15和475.05 ng/ $\mu$ L。由于DNA浓度能够反映样品中微生物的浓度,从三相分离器到喂水泵处水样中DNA浓度逐渐增大,说明激活剂对微生物的生长、繁殖具有促进作用;从反应池到过滤器处DNA浓度增幅较小,说明在激活剂加入初期,微生物生长、繁殖处于迟缓期;从过滤器到喂水泵处的DNA浓度增幅较大,说明此时微生物的生长、繁殖处于对数期或稳定期。虽然水处理系统中反应池和过滤器处水样中氧气含量过高会影响古菌的生长繁殖,但从微生物DNA浓度可以看出,水处理系统4个处理节点的处理工艺对微生物整体的生长、繁殖影响较小。

A260/A280为核酸纯度指示值,该值大于1.8说明样品的DNA纯度高。三相分离器、反应池、过滤器和喂水泵4处水样的A260/A280值分别为1.84, 1.88, 1.76和1.86,三相分离、反应池和喂水泵处水样的A260/A280值均大于1.8,仅过滤器处略低于1.8,说明4个处理节点处水样的DNA纯度均较高。

从细菌群落结构中可以发现,驱油功能细菌有地衣芽孢杆菌和固氮弧菌,根据图2中2种驱油功能细菌含量可得到不同水处理节点处驱油功能细菌含量。结果(图6)表明,从三相分离器至喂水泵处,驱油功能细菌含量逐渐增大,且喂水泵处驱油功能细菌含量远大于其他水处理节点处。这说明激活剂对驱油功能细菌的生长、繁殖具有促进作用,使其含量增大,并逐渐成为细菌群落中的优势

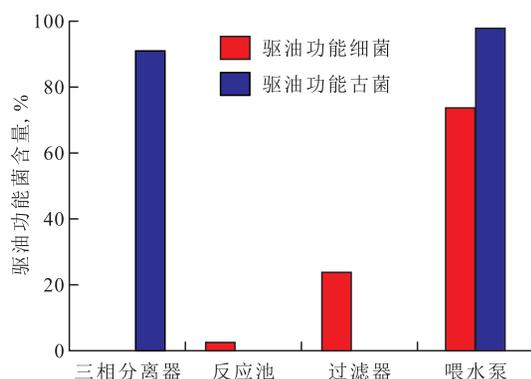


图6 不同水处理节点处水样中驱油功能细菌和古菌含量

Fig.6 Percentage contents of oil recovery bacteria and archaeobacteria in water samples from various water treatment sites

菌。这与细菌群落多样性分析结果一致。

从古菌群落结构中可知,驱油功能古菌为甲烷微球纲(*Methanomicrobia*)中所有菌属(产甲烷古菌)。根据图4可绘制驱油功能古菌含量图,从图6中可以看出,三相分离器和喂水泵处水样中驱油功能古菌含量均大于90%,且喂水泵处驱油功能古菌含量略高于三相分离器处。这说明激活剂对驱油功能古菌的生长、繁殖也具有一定的促进作用。

喂水泵处微生物浓度高于其他水处理节点,且其驱油功能细菌和古菌的含量均高于其他水处理节点,所以喂水泵处水样中的驱油功能菌含量高于其他水处理节点。喂水泵处水样中驱油功能细菌在细菌中的含量为73.58%,驱油功能古菌在古菌中的含量为97.84%,说明喂水泵处大多数细菌和古菌均为有利于微生物驱油的功能菌,这些功能菌注入地下后将会发挥驱油作用。这也证明在三相分离器后向水样中加入激活剂将有利于微生物提高原油采收率。

#### 5 结论

细菌群落结构及多样性分析结果表明:反应池与过滤器2处水样中的细菌群落结构具有相似性,但与三相分离器、喂水泵处水样中的细菌群落结构存在差异。三相分离器、反应池、过滤器、喂水泵处优势细菌分别为弯曲菌科、红长命菌属、红长命菌属和固氮弧菌属、地衣芽孢杆菌属。喂水泵处细菌多样性相对较低,说明细菌群落结构由复杂向简单方向发展。

古菌群落结构及多样性分析结果表明:三相分离器处的古菌种类多于喂水泵处,但2处的优势古菌(甲烷食甲基菌属)相同。喂水泵处古菌的多样

性较前一个水处理节点减小,说明古菌群落结构也由复杂向简单发展。

驱油功能菌含量分析结果表明:喂水泵处大多数细菌和古菌均为有利于微生物驱油的功能菌,且驱油功能菌含量高于三相分离器、反应池和过滤器3处水处理节点。喂水泵处的驱油功能菌注入地下后将发挥驱油作用。

#### 参考文献:

- [1] 黄学,伍晓林,侯兆伟.短短芽孢杆菌和蜡状芽孢杆菌降解原油烃机制研究[J].石油学报,2006,27(5):92-95.  
Huang Xue, Wu Xiaolin, Hou Zhaowei. Mechanism of degradation for petroleum hydrocarbon by *Brevibacillus brevis* and *Bacillus cereus* [J]. Acta Petrolei Sinica, 2006, 27(5): 92-95.
- [2] 杨雪莲,李凤梅,刘婉婷,等.高效石油降解菌的筛选及其降解特性[J].农业环境科学学报,2008,27(1):230-233.  
Yang Xuelian, Li Fengmei, Liu Wanting, et al. Isolation of petroleum-degrading strains and their degrading characteristics [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2008, 27(1): 230-233.
- [3] 李清心,康从宝,林建强,等.芽孢杆菌 L-32 发酵条件优化及提高原油采收率实验研究[J].石油大学学报:自然科学版,2004,28(3):52-55.  
Li Qingxin, Kang Congbao, Lin Jianqiang, et al. Laboratory experiment on optimization and application of fermentation condition of bacillus L-32 to enhance oil recovery [J]. Journal of the University of Petroleum, China: Edition of Natural Science, 2004, 28(3): 52-55.
- [4] Das K, Mukherjee A K. Crude petroleum-oil biodegradation efficiency of *Bacillus subtilis* and *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated from a petroleum-oil contaminated soil from North-East India [J]. Bioresource Technology, 2007, 98(7): 1 339-1 345.
- [5] 王崇阳,蒲万芬,赵田红,等.高温高盐油藏新型表面活性剂微球复配体系调驱实验[J].油气地质与采收率,2015,22(6):107-111.  
Wang Chongyang, Pu Wanfen, Zhao Tianhong, et al. Flooding experiment of new surfactant-microspheres system in high temperature and high salinity reservoir [J]. Petroleum Geology and Recovery Efficiency, 2015, 22(6): 107-111.
- [6] 陈星宏,王磊,刘彩青,等.微生物驱油复合菌性能评价及其应用[J].大庆石油地质与开发,2016,35(2):92-96.  
Chen Xinghong, Wang Lei, Liu Caiqing, et al. Performances evaluation and application of the more complex bacteria [J]. Petroleum Geology & Oilfield Development in Daqing, 2016, 35(2): 92-96.
- [7] 雷光伦,马继业,汪卫东,等.微生物提高采收率微观机制[J].中国石油大学学报:自然科学版,2009,33(3):108-113.  
Lei Guanglun, Ma Jiye, Wang Weidong, et al. Micromechanism of microbial enhanced oil recovery [J]. Journal of China University of Petroleum: Edition of Natural Science, 2009, 33(3): 108-113.
- [8] 赵琳,王增林,吴雄军,等.表面活性剂对超低渗透油藏渗流特征的影响[J].油气地质与采收率,2014,21(6):72-75.  
Zhao Lin, Wang Zenglin, Wu Xiongjun, et al. Effect of surfactant on seepage characteristics of ultra-low permeability reservoir [J]. Petroleum Geology and Recovery Efficiency, 2014, 21(6): 72-75.
- [9] 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):1 014-1 020.  
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): 1 014-1 020.
- [10] Li H, Yang S Z, Mu B Z, et al. Molecular analysis of the bacterial community in a continental high-temperature and water-flooded petroleum reservoir [J]. FEMS Microbiology Letters, 2006, 257(1): 92-98.
- [11] 吴伟林,张秀霞,单宝来,等.PCR-DGGE 技术用于石油污染土壤中微生物群落结构多样性的初步研究[J].石油学报:石油加工,2010,26(4):547-550.  
Wu Weilin, Zhang Xiuxia, Shan Baolai, et al. Primary study on the microbial diversity in oil polluted soils by the method of PCR-DGGE [J]. Acta Petrolei Sinica: Petroleum Processing Section, 2010, 26(4): 547-550.
- [12] 车玉伶,王慧,胡洪营,等.微生物群落结构和多样性解析技术研究进展[J].生态环境,2005,14(1):127-133.  
Che Yuling, Wang Hui, Hu Hongying, et al. Research progresses on analytical technologies used in microbial community structure and diversity [J]. Ecology and Environment, 2005, 14(1): 127-133.
- [13] 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(增刊):95-100.  
Yang Zhenyu, Shi Mei, Wang Dawei, et al. Study on authigenous microorganism community distribution and oil recovery mechanism in Daqing Oilfield [J]. Acta Petrolei Sinica, 2006, 27(Supplement): 95-100.
- [14] 张惠文,张倩茹,周启星,等.分子微生物生态学及其研究进展[J].应用生态学报,2003,14(2):286-292.  
Zhang Huiwen, Zhang Qianru, Zhou Qixing, et al. Introduction and progress of molecular microbial ecology [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2003, 14(2): 286-292.
- [15] 宋国奇,徐兴友,李政,等.济阳拗陷古近系陆相页岩油产量的影响因素[J].石油与天然气地质,2015,36(3):463-471.  
Song Guoqi, Xu Xingyou, Li Zheng, et al. Factors controlling oil production from Paleogene shale in Jiyang depression [J]. Oil & Gas Geology, 2015, 36(3): 463-471.
- [16] 徐瑛,孙永明,郑涛,等.高通量测序技术辅助筛选脱硫菌[J].化工学报,2014,65(5):1 808-1 814.  
Xu Ying, Sun Yongming, Zheng Tao, et al. Screening strains of desulfurization bacteria by high-throughput sequencing [J]. CIESC Journal, 2014, 65(5): 1 808-1 814.
- [17] 包木太,孔祥平,宋永亭,等.胜利油田 S12 块内源微生物群落选择性激活条件研究[J].石油大学学报:自然科学版,2004,28(6):44-48.  
Bao Mutai, Kong Xiangping, Song Yongting, et al. Selective activation condition of stratal microflora of S12 block in Shengli Oilfield [J]. Journal of the University of Petroleum, China: Edition of Natural Science, 2004, 28(6): 44-48.

- [18] 袁三青, 薛燕芬, 高鹏, 等. T-RFLP 技术分析油藏微生物多样性[J]. 微生物学报, 2007, 47(2): 290-294.  
Yuan Sanqing, Xue Yanfen, Gao Peng, et al. Microbial diversity in Shengli petroleum reservoirs analyzed by T-RFLP[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2007, 47(2): 290-294.
- [19] 孙远军, 聂麦茜, 黄廷林, 等. 石油降解优势菌的筛选和降解性能[J]. 水处理技术, 2007, 33(8): 47-49.  
Sun Yuanjun, Nie Maiqian, Huang Tinglin, et al. Screening and degrading behavior of crude oil-degrading strains [J]. Technology of Water Treatment, 2007, 33(8): 47-49.
- [20] Rhee S K, Lee G M, Yoon J H, et al. Anaerobic and aerobic degradation of pyridine by a newly isolated denitrifying bacterium [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1997, 63(7): 2 578-2 585.
- [21] 牛明芬, 李凤梅, 韩晓日, 等. 生物表面活性剂产生菌的筛选及表面活性剂稳定性研究[J]. 生态学杂志, 2005, 24(6): 631-634.  
Niu Mingfen, Li Fengmei, Han Xiaori, et al. Isolation of biosurfactant-producing microorganisms and their stability [J]. Chinese Journal of Ecology, 2005, 24(6): 631-634.
- [22] Jenny K, Käppeli O, Fiechter A. Biosurfactants from Bacillus licheniformis: structural analysis and characterization [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 1991, 36(1): 5-13.
- [23] 于龙, 李亚军, 宫厚健, 等. 非均质油层聚合物驱后粘弹性支化预交联凝胶颗粒驱提高采收率技术[J]. 油气地质与采收率, 2016, 23(1): 113-118.  
Yu Long, Li Yajun, Gong Houjian, et al. EOR of branched-preformed particle gel (B-PPG) flooding after polymer flooding in heterogeneous reservoirs [J]. Petroleum Geology and Recovery Efficiency, 2016, 23(1): 113-118.
- [24] 沈德煌, 张运军, 韩静, 等. 非常规稠油油藏多元热流体开发技术实验研究[J]. 特种油气藏, 2014, 21(4): 134-137.  
Shen Dehuang, Zhang Yunjun, Han Jing, et al. Experimental research on multiple thermal fluid technology for unconventional heavy oil reservoir [J]. Special Oil & Gas Reservoirs, 2014, 21(4): 134-137.
- [25] 张守鹏, 滕建彬, 尹玉梅, 等. 胜利探区低渗透油层产量不足的原因及改造对策[J]. 石油实验地质, 2015, 37(4): 518-524.  
Zhang Shoupeng, Teng Jianbin, Yin Yumei, et al. Causes and countermeasures for low liquid production in low-permeability reservoirs in Shengli region [J]. Petroleum Geology & Experiment, 2015, 37(4): 518-524.
- [26] 尤陆花, 史应武, 高雁, 等. 新疆低阶煤本源生物甲烷转化中微生物群落组成及变化[J]. 微生物学通报, 2014, 41(12): 2 423-2 431.  
You Luhua, Shi Yingwu, Gao Yan, et al. Microorganism community composition and changes during low rank coal authigenous microorganism methane conversion in Xinjiang [J]. Microbiology China, 2014, 41(12): 2 423-2 431.

编辑 常迎梅

(上接第 57 页)

- [18] 孙天建, 穆龙新, 赵国良. 砂质辫状河储集层隔夹层类型及其表征方法——以苏丹穆格莱特盆地 Hegli 油田为例[J]. 石油勘探与开发, 2014, 41(1): 112-120.  
Sun Tianjian, Mu Longxin, Zhao Guoliang. Classification and characterization of barrier-intercalation in sandy braided river reservoirs: Taking Hegli Oilfield of Muglad Basin in Sudan as an example [J]. Petroleum Exploration and Development, 2014, 41(1): 112-120.
- [19] 朱永进, 杜卫星, 张秀丽, 等. 准噶尔盆地白家海凸起三工河组岩性油气藏勘探[J]. 新疆石油地质, 2013, 34(3): 269-271.  
Zhu Yongjin, Du Weixing, Zhang Xiuli, et al. Exploration of Sangonghe lithologic reservoir in Baijiahai swell of Junggar basin [J]. Xinjiang Petroleum Geology, 2013, 34(3): 269-271.
- [20] 陈庆, 张继春, 赵宝顺, 等. 近岸水下扇储集体沉积结构单元划分——以彩 9 井区三工河组为例[J]. 新疆石油地质, 2008, 29(5): 603-606.  
Chen Qing, Zhang Jichun, Zhao Baoshun, et al. The method for partitioning sedimentary architectural elements in nearshore subaqueous fan system— an example from Sangonghe formation in Cai-9 wellblock [J]. Xinjiang Petroleum Geology, 2008, 29(5): 603-606.
- [21] Miall A D. Architectural elements and bounding surfaces in fluvial deposits: anatomy of the Kayenta Formation (Lower Jurassic) South-west Colorado [J]. Sedimentary Geology, 1988, 55(3/4): 233-240.
- [22] 孙天建, 李胜利, 许磊, 等. 长春岭油田 C107 区块扶余油层密网曲流河储层构型分析[J]. 地学前缘, 2012, 19(2): 126-132.  
Sun Tianjian, Li Shengli, Xu Lei, et al. Architectural analysis of meandering river reservoirs in Fuyu oil layer, C107 block, Changchunling oil field [J]. Earth Science Frontiers, 2012, 19(2): 126-132.
- [23] 王冠民, 李明鹏. 胜利油田永 8 断块沙二段辫状河三角洲前缘储层构型特征[J]. 地球科学与环境学报, 2015, 37(6): 10-21.  
Wang Guanmin, Li Mingpeng. Reservoir architecture characteristics of braided river delta front in the second member of Shahejie Formation, Yong8 fault block, Shengli oilfield [J]. Journal of Earth Sciences and Environment, 2015, 37(6): 10-21.
- [24] 桑林翔, 杨万立, 杨浩哲, 等. 重 18 井区 J<sub>3q3</sub> 层夹层分布对 SAGD 开发效果的影响[J]. 特种油气藏, 2015, 22(3): 81-84.  
Sang Linxiang, Yang Wanli, Yang Haozhe, et al. Influence of interbedding distribution on SAGD development effect in layer J<sub>3q3</sub>, Zhong-18 well field [J]. Special Oil & Gas Reservoirs, 2015, 22(3): 81-84.

编辑 邹澍滢