

油藏微生物的代谢特征和生态结构调控

高配科, 马挺*, 刘如林

南开大学生命科学学院, 分子微生物与技术教育部重点实验室, 天津 300071

摘要: 油藏环境中孕育着多种多样的微生物, 这些微生物代谢类型多、变异性大, 在微生物生态系统中占有重要位置。研究油藏中微生物的代谢特征和相互之间的生态关系, 有助于提升对微生物提高采收率机理的认识。本文对油藏环境中常见微生物类群的代谢特征与功能、生态结构与调控等进行了简要综述。

关键词: 油藏微生物, 代谢特征, 生态, 调控, 提高采收率

中图分类号: Q938.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 0001-6209 (2011)06-0711-07

目前, 我国高含水、高采出程度的油藏经过化学驱等 3 次采油后仍有大量的原油滞留在地下, 如何大幅度地提高油气采收率、延长油藏开发寿命已成为石油工业界关注的热点和难点。微生物提高原油采收率技术 (Microbial Enhanced Oil Recovery, MEOR) 与其他 3 次采油技术相比具有成本低、适应性强、对产层低伤害和无环境污染等优势, 尤其是在化学驱后的油藏和枯竭油藏再次进行强化采油的潜力, 已经引起世界各国的普遍重视^[1]。

经注水开发后的油藏中蕴藏着复杂的微生物区系, 油藏性质决定了油藏微生物特殊的群落结构, 而油藏微生物的生长和代谢作用又可以改变油藏的理化及地质学特性。油藏是个高压缺氧且极为贫瘠的生境, 通常缺乏微生物生长繁殖所必需的营养物质和各类电子受体, 同时地层水的高矿化度、高压和不同温度等也同样制约着油藏微生物的生长繁殖。即便如此, 油藏中仍孕育着丰富多样的微生物类群, 这些微生物代谢类型多、变异性大, 参与油藏中物质和能量的循环, 因而在地球生态系统中占有重要位置。按代谢类型划分, 油藏微生物主要包括烃氧化菌、好

氧腐生菌、厌氧发酵菌、硝酸盐还原菌、硫酸盐还原菌和产甲烷菌等, 这些微生物有的对提高采收率有益, 而有的则有害。

目前, 微生物采油的潜力远没有发挥出来, 主要原因是人们对油藏微生物的生态结构、功能和微生物驱油机制等缺乏系统认识^[2]。研究油藏微生物的代谢特征和相互之间的生态关系, 有助于提升对微生物提高采收率机理的认识, 有助于根据营养特征定向筛选激活剂, 选择性激活有益菌群, 优化油藏微生物生态结构, 最终达到提高原油采收率的目的。作者所在的实验室一直从事石油微生物的研究, 本文在参考国内外油藏微生物研究成果的基础上, 结合自己的工作体会, 对油藏环境中常见微生物类群的代谢特征、生态结构与调控及其与提高采收率的关系进行了综述。

1 油藏微生物类群及其代谢特征

1.1 烃氧化菌

烃氧化菌 (hydrocarbon oxidizing bacteria, HOB)

基金项目: 国家“863 计划” (2009AA063502); 国家自然科学基金 (50804024); 教育部博士点基金项目 (20070055049)

* 通信作者。Tel: +86-22-23498185; E-mail: tingma@nankai.edu.cn

作者简介: 高配科 (1987-), 男, 山东临沂人, 硕士研究生, 主要从事资源细菌及其工程学研究。E-mail: gpkyl-001@163.com

收稿日期: 2010-10-26; **修回日期:** 2011-01-21

是指好氧条件下可以利用石油烃作为生长底物的一类微生物。HOB 可以通过自身的代谢作用产生烃氧化酶,裂解烷烃的末端或次末端,打开芳香环。代谢过程中产生表面活性剂、有机酸、醇类和二氧化碳等有利于提高原油采收率的物质。烃降解菌广泛存在于自然环境中,现已发现有 100 多个属的微生物能够直接降解或辅助氧化一种或多种石油烃,这类微生物主要有: *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Achromobacter*, *Nocardia*, *Bacillus*, *Micrococcus*, *Actinomycet*, *Aureobasidium*, *Candida*, *Rhodotorula* 及 *Penicillium* 等^[3-4]。

石油烃的摄取是 HOB 生长繁殖的关键。目前,一般认为微生物摄取石油烃存在 3 种模式^[5-6]: (1) 微生物细胞摄取溶解在水相中的烃类;(2) 微生物细胞与比其大得多的烃类颗粒直接接触进而进行摄取;(3) 微生物细胞与比其小得多的假溶、拟溶或被包裹的烃类颗粒作用进行摄取。石油烃类在水中的溶解度非常小,难以提供足够的量来维持微生物的生长繁殖。为此,微生物进化出了 3 种对策以提高与烃类的接触效率:(1) 降低油水间的界面张力;(2) 特异性的附着机制;(3) 对烃类的乳化作用。在第 1 种模式中,微生物通过分泌表面活性剂促进油水互溶,或有利于微生物本身接近油相;在第 2 种模式中,微生物通过菌毛或细胞膜表面的脂类和疏水蛋白使细胞形成疏水表面而附着于油滴上;在第 3 种模式中,微生物代谢产生大量乳化剂,使油滴乳化成许多细小颗粒,以增大油滴可利用的表面积,从而利于微生物对烃的直接接触和利用^[7]。

微生物对石油烃类的降解主要包括好氧降解和厌氧降解两种途径。对直链烃的降解包括单末端氧化^[8]、双末端氧化^[9]、次末端氧化^[10]和双加氧氧化^[11]途径,其中单末端氧化是最主要的作用方式。石油烃厌氧生物降解代谢机制研究较少,近年来国外研究进展表明,在油藏地下厌氧环境中,由于营养物质和各类电子受体匮乏,石油微生物主要以硫酸盐、硝酸盐、Fe(III)、Mn(IV)和 CO₂ 等作为电子受体厌氧降解石油烃^[12-13]。烃厌氧代谢的初始反应机理主要有延胡索酸盐结合反应、羧化反应、羟基化反应和甲基化反应^[14]。

由于烃降解菌能够以石油烃为唯一碳源进行生长繁殖,代谢过程中产生表面活性剂、聚合物、有机酸、醇类和 CO₂ 等利于驱油的物质,因而被广泛应

用于石油污染修复^[15]、油田污水处理^[16]和提高原油采收率技术中。

1.2 腐生菌

腐生菌(saprophytic bacteria, TGB)是指在有氧条件下分解有机质以获得自身营养和能量的一类微生物的统称。TGB 通过分解作用将纤维素、淀粉等糖类物质水解成单糖,单糖进一步分解生成有机酸;将脂类水解为甘油和脂肪酸,脂肪酸降解为低级脂肪酸如丙酸、乙酸、丁酸和乙醇等,同时还生成 CO₂和 H₂;将核酸水解为嘌呤、嘧啶、戊糖和磷酸等,嘌呤和嘧啶又进一步裂解为低级脂肪酸^[17]。

笔者认为,TGB 的生长具有正、反两方面意义。一方面,水解产生的这些小分子代谢物质为油藏厌氧微生物的生长繁殖提供了营养基础;消耗掉的大部分氧气为厌氧菌的生长提供了无氧环境;生成的表面活性剂类物质可降低油水界面张力,或对原油起到一定的乳化、增溶作用;某些菌群在生长繁殖过程中能产生大量的粘性物质,对大孔道能起一定的封堵作用。但是另一方面,这些粘性物质进入地层后如果控制不好则会引起近井地带堵塞;消耗大量氧气和外部有机碳源也能竞争性抑制烃氧化菌的生长繁殖,并使厌氧菌失去更易利用的碳水化合物;同时消耗氧的过程中又会形成氧浓差电池而引起腐蚀,有时还会形成适合硫酸盐还原菌生长的局部厌氧环境而使腐蚀加剧。因此,在 MEOR 技术中应对这类菌群加强监控和引导,使其发挥对提高采收率有利的一面。

1.3 厌氧发酵菌

发酵是指在无氧条件下将有机物氧化释放的电子直接传递给底物本身未完全氧化的某种中间产物,同时释放能量并产生各种不同的代谢产物的过程。厌氧发酵菌(fermentation bacteria, FMB)是油藏微生物生态系统中一类非常重要的类群,处于油层好氧发酵阶段与厌氧发酵阶段的过渡带,大部分为兼性厌氧菌,可以将好氧阶段产生的大分子脂肪酸、氨基酸等物质进一步发酵降解,产生小分子的短链脂肪酸、H₂和 CO₂等物质。某些厌氧菌群产生的粘性物质及菌体累积还可堵塞地层部分大孔道,使水驱油在中等或较小的孔道内的作用得以加强,从而扩大注水波及面积,提高驱油效率。

FMB 在地下油藏中分布广泛,主要是一些嗜温、嗜热和超嗜热微生物^[18]。目前,从各种油藏中

分离到的发酵菌主要分布于热袍菌目 (*Thermotogales*)、热球菌属 (*Thermococcus*)、嗜热厌氧杆菌科 (*Thermoanaerobacter*) 和盐厌氧菌属 (*Haloanaerobium*) 中^[19]。热袍菌目细菌是一类非常古老、进化缓慢,并具有特征性的鞘状结构的极端嗜热微生物,生长温度 60℃ - 85℃^[20]。热球菌属菌为嗜热古菌,主要分布于高温油藏,生长温度 80 - 90℃^[21]。嗜热厌氧杆菌科又包括热厌氧杆菌属 (*Thermoanaerobacter*) 和嗜热厌氧杆菌属 (*Thermoanaerobacterium*),该类微生物以硫代硫酸盐作为电子受体,发酵葡萄糖产乙醇、乙酸、丙酸、H₂ 和 CO₂ 及少量的乳酸^[22]。从油藏中分离的盐厌氧菌属为中度嗜盐的嗜温菌,发酵葡萄糖产生乙酸、H₂ 和 CO₂^[23]。

最新研究结果表明,在地下营养物质匮乏或被过渡消耗时,FMB 可直接在厌氧条件下动用烃类物质,启动烃类厌氧降解,最终为产甲烷菌提供甲醇、乙酸、CO₂ 等营养底物,代表菌有热袍菌目的一些种^[20],以及互营菌中的一些种^[24]。

1.4 产甲烷菌

产甲烷菌 (methane producing bacteria, MPB) 是一类极端厌氧古菌,通常和其他细菌形成一种特殊的互营关系,能够将无机或有机化合物厌氧发酵转化成甲烷和二氧化碳,处于厌氧生物链的最末端,在油藏深处的厌氧环境中较为常见。近年来从油藏环境中分离出的 MPB 按营养类型可分为:(1) 氢营养型:氧化 H₂ 还原 CO₂ 产生甲烷,该类型包括能氧化甲酸的产甲烷古菌。已报道嗜温和嗜热氢营养型产甲烷古菌轻度或中度嗜盐,如耐盐甲烷卵圆形菌 (*Methanocalculus halotolerans*) 可在 0 - 12% NaCl, 25 - 45℃ 条件下生长^[25];(2) 甲基营养型:利用甲基化合物(甲醇、甲胺、二甲基硫化物)作为底物生长,该类型产甲烷古菌主要分布于甲烷八叠球菌科,如 *Methanolobus zinderi* sp.^[26];(3) 乙酸营养型:利用乙酸产甲烷,主要分布于甲烷鬃菌科,如 *Methanosaeta harundinacea* sp.^[27]。

在油藏内部环境中 FMB 分解复杂有机物所产生的有机酸和醇类,除甲酸、乙酸和甲醇外,均不能被 MPB 所利用。产氢产乙酸菌可将 FMB 分解产物进一步分解生成乙酸、CO₂ 和 H₂,为 MPB 生长代谢提供营养来源。在 MEOR 技术中,MPB 代谢产生的甲烷能够占据岩层孔隙空间,提高地层压力;部分溶

解在原油中,改善原油流动性能。由于产甲烷菌是一类极端厌氧古菌,处于油藏微生物生态链的最末端,因此,可以通过检测 MPB 的数量变化来评价油藏微生物生态链激活效果。

1.5 硫酸盐还原菌

硫酸盐还原菌 (sulfate-reducing bacteria, SRB) 是一类以硫酸盐为电子受体的细菌或古菌,还原硫酸盐、硫代硫酸盐、亚硫酸盐、元素硫为硫化氢。目前发现的 SRB 有 40 个属 137 种,按照 Alexander L 分类方法^[28]分为细菌界和古细菌界,常见的 SRB 主要有不产芽孢的脱硫弧菌属和产芽孢的脱硫肠状菌属。

硫酸盐促进 SRB 生长,但并非为 SRB 所必需。在缺乏硫酸盐的环境中,许多 SRB 能够利用硝酸盐为电子受体,将 NO₃⁻ 还原为 NH₃,或通过发酵作用利用某些有机物来产生能量或是作为最终电子受体;在富含硫酸盐的环境中,SRB 以 SO₄²⁻ 为电子受体氧化有机物,并从中获得能量。Fe²⁺ 是 SRB 细胞中各种酶的活性基成分^[29],降低 Fe²⁺ 离子浓度可以降低 SRB 的生长速度。

SRB 在油田污水回注系统和油层缺氧环境中广泛存在。SRB 代谢产生的 H₂S 气体增加了油管的腐蚀和人身安全问题,其代谢活动形成的次生产物 FeS 会对地层造成非选择性堵塞。因此,SRB 是 MEOR 技术中的有害菌群,必须予以严格控制。

1.6 硝酸盐还原菌

反硝化作用实质是一个硝酸盐的生物还原过程,通常把能够还原硝酸盐或亚硝酸盐,产生 N₂O 和 N₂ 的细菌称为硝酸盐还原菌 (nitrate-reducing bacteria, NRB)。NRB 电子受体主要是亚硝酸盐和硝酸盐,但电子供体(即能源)的种类极其多样。大多数 NRB 是兼性厌氧菌,当环境中存在氧时,它们优先利用氧进行好氧呼吸,只有当需氧受限制时,硝酸盐才能取代氧进行厌氧呼吸^[30]。由于硝酸盐还原酶在足量氧供应的环境下不能形成,这类细菌一般生活在较为厌氧的环境中,在油层缺氧环境中大量存在。

在硝酸盐和挥发性脂肪酸等有机物存在条件下,异养脱氮菌迅速繁殖,代谢产生大量 N₂、CO₂ 和 N₂O 等气体以及增粘剂等利于驱油的物质;同时,由于 NRB 与 SRB 具有类似的代谢底物,且 NRB 生态位高于 SRB,NRB 的大量生长竞争性的抑制了 SRB

的生长^[31]。当油层缺少挥发性脂肪酸等有机底物时,脱氮硫杆菌(*Thiobacillus denitrificans*)通过自氧反硝化作用可以清除掉体系中的硫化物^[32],此时脱氮硫杆菌和硫酸盐还原菌形成良好的共生关系。目前,通过 NRB 的激活防治 SRB 危害已成为油藏生物防治 SRB 的重要手段。

2 油藏微生物生态位及调控

2.1 油藏微生物激活的阶段性及生态关系

注水开发是决定微生物在油层分布状况的主要因素。油田注水开发过程中,部分氧气随注入水进入地层,在注水井及近井地带形成有氧区,随着注入水进入地层深部,氧气逐渐被微生物消耗利用,形成无氧区,二者之间为过渡区带。因此,油藏中既存在好氧菌,又存在大量厌氧菌和兼性厌氧菌,油藏微生物的激活也就分为有氧激活阶段和无氧激活阶段。

在有氧阶段,HOB 通过自身代谢作用产生降解酶,裂解重质烃类和石蜡,降低原油粘度,改善原油的流动性能,代谢过程中产生表面活性剂、聚合物、有机酸、醇类和 CO₂ 等利于提高原油采收率的物质,因此,HOB 的激活是 MEOR 技术的关键环节;HOB 的激活也是油藏微生物激活的基础环节,这是由于油藏内部可供微生物生长繁殖所需的营养物质通常只有石油烃和少量的无机盐;由于 HOB 代谢石油烃过程中产生的表面活性剂、聚合物、有机酸、醇类和二氧化碳等物质又可为后续微生物的生长提供底物,HOB 的激活又是油藏微生物整个生态链激活的起始环节。

在无氧阶段,激活的厌氧微生物中部分类群能够以石油烃为碳源生长,厌氧降解石油烃,产生表面活性物质、有机酸以及 H₂ 和 CO₂ 等利于驱油的物质^[24,33];大部分厌氧微生物类群利用好氧阶段产生的或未被消耗的营养物质为底物,代谢产生有机酸、醇和甲烷气等物质。因此,在 MEOR 技术中,厌氧微生物的激活是好氧微生物驱油的延续和补充,具有重要的理论和实践意义。

油藏环境主要是厌氧环境,孕育着大量的种类繁多的好氧、兼性厌氧和厌氧微生物,只有定向调控这些微生物,使之群体功能向着提高原油采收率的方向演变,同时避免腐蚀、产 H₂S 等有害微生物的过度繁殖,才对油田生产有实际意义。笔者建议,除

了有效控制有害微生物的生长繁殖,为加强油藏微生物的激活和调控,在内源微生物驱油时可注入适量好氧、兼性厌氧降解菌,加强水井近井地带微生物的作用,顺利启动整个油藏微生物生态链。

2.2 MEOR 技术中微生物的激活及有害菌群的防治

激活剂亦即油藏微生物生长繁殖所缺乏的营养物质,这类营养物质主要包括碳源、氮源、磷源和生长因子,向油层中注入这些营养和混气水能够将其中的微生物激活。目前,许多国家已经针对特定油田区块筛选出多种激活体系,这些激活体系为油藏微生物的生长提供了营养,实现营养平衡,成功的激活了油藏微生物,并且通过这些微生物本身及其代谢作用作用于油藏,提高原油采收效率。激活的这些微生物类群中即有有益于采油的微生物(HOB、FMB、NRB 和 MPB),也有不益于采油的微生物(TGB 和 SRB),因此,如何实现选择性激活、抑制有害微生物的生长繁殖是对油藏微生物生态结构进行调控的主要目的。

油藏中的有害微生物主要指 TGB 和 SRB。一般认为 TGB 低于 10⁴ cells/ml 不会引起大的问题。室内实验结果表明,可以通过降低培养体系中外部有机营养的量 and 增加原油的量,一定程度上限制该类微生物的生长繁殖,充分发挥其在油藏生态链中的作用,实现油藏微生物的选择性激活。SRB 的腐蚀作用是微生物腐蚀及环境污染的主要因素之一,据 Iverson WP 估计,在美国,油井的腐蚀 77% 以上由 SRB 造成,其特征是点蚀^[34],由于 SRB 的作用,钢的腐蚀速率可增加 15 倍。根据 SRB 的生长繁殖条件、腐蚀活动机理和作用对象等因素,SRB 腐蚀的防治可以分为物理方法、化学方法、阴极保护方法、微生物保护方法和防腐材料保护方法等几种^[35]。其中,生物法防治 SRB 主要是通过向油田地面系统中投加硝酸盐、亚硝酸盐和控制 SRB 电子受体达到刺激 NRB 生长,利用生物竞争淘汰的方法,提高反硝化作用的生态位,降低硫酸盐还原作用生态位,使 SRB 失去硫酸盐还原功能^[36];另外,油藏环境中的脱氮硫杆菌能够在不与 SRB 争夺营养源的同时抑制 H₂S 的积累^[32],使 SRB 由有害菌变成有益菌。目前,该项技术已经在油田进行了矿场试验,可行性得到了验证^[31,36]。

3 展望

油藏环境中孕育着物种多样的微生物,上述6类功能各异的菌群构成了油藏最基本的微生物生态系统,它们之间既相互依赖,又存在竞争排斥关系。研究油藏微生物的代谢特征和生态关系,有助于提升对微生物提高采收率机理的认识,有助于根据营养特征定向筛选激活剂,选择性激活有益菌群,优化油藏微生物生态结构,达到提高采收率的目的。

油藏环境是一个大而复杂的生态系统,油藏微生物代谢特征和生态关系目前尚不明确,这在很大程度上制约着微生物采油技术的发展和运用。笔者认为,进一步的研究重点应该集中在:(1)油藏微生物分离培养技术,只有获得微生物纯培养物才有可能对微生物的生长代谢特征进行研究;(2)油藏微生物群落结构及其生态关系的研究,这是实现油藏微生物选择性激活的理论基础;(3)高效激活剂的筛选和研究,只有获得高效激活剂,实现油藏微生物的选择性激活才能充分发挥内源微生物驱油的功效。油藏微生物代谢特征和生态关系的研究是微生物采油技术开发和应用至关重要的组成部分,具有重要的理论和实践意义。微生物采油技术必将成为继常规3次采油之后的又一大提高采收率技术,创造出巨大的经济效益。

参考文献

- [1] Lazar I, Petrisor IG, Yen TF. Microbial enhanced oil recovery (MEOR). *Petroleum Science and Technology*, 2007, 25(14): 1353-1366.
- [2] Al-Wahaibi Y, Al-Bemani A, Al-Bahry S, Al-Sulaimani H, Al-Mandhari M, Ghosh B. Microbial technology applications in wellbore stimulation and oil recovery enhancement: a review. *International Journal of Oil, Gas and Coal Technology*, 2009, 2(4): 315-330.
- [3] Nkwelang G, Kamga HFL, Nkeng GE, Antai SP. Studies on the diversity, abundance and succession of hydrocarbon utilizing microorganisms in tropical soil polluted with oily sludge. *African Journal of Biotechnology*, 2008, 7(8): 1075-1080.
- [4] Van Beilen JB, Li Z, Duetz WA, Smits THM, Witholt B. Diversity of alkane hydroxylase systems in the environment. *Oil & Gas Science and Technology-Revue d'IFP Energies Nouvelles*, 2003, 58: 427-440.
- [5] Wentzel A, Ellingsen TE, Kotlar HK, Zotchev SB, Throne-Holst M. Bacterial metabolism of long-chain n-alkanes. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2007, 76: 1209-1221.
- [6] 杨国君, 宋若海, 华兆哲, 李华钟, 陈坚. 两株假单胞菌对烷烃的摄取和降解. *过程工程学报 (The Chinese Journal of Process Engineering)*, 2005, 5(2): 188-192.
- [7] Rojo F. Degradation of alkanes by bacteria. *Environmental Microbiology*, 2009, 11: 2477-2490.
- [8] May SW, Katoposis AG. Hydrocarbon monooxygenase system of *Pseudomonas oleovorans*. *Methods in Enzymology*, 1990, 188: 3-9.
- [9] Rehm H, Reiff I. Mechanism and occurrence of microbial oxidation of long-chain alkanes. *Advances in Biochemical Engineering*, 1981, 19: 175-215.
- [10] Markovetz AT. Subterminal oxidation of aliphatic hydrocarbon in Microorganism. *Critical Reviews in Microbiology*, 1971, 1: 225-238.
- [11] Maeng JH, Sakai Y, Tani Y, Kato N. Isolation and characterization of a novel oxygenase that catalyzes the first step of n-alkane oxidation in *Acinetobacter sp.* strain M-1. *Journal of Bacteriology*, 1996, 178: 3695-3700.
- [12] So CM, Phelps CD, Young LY. Anaerobic transformation of alkanes to fatty acids by a sulfate-reducing bacterium, strain Hxd3. *Applied and Environment Microbiology*, 2003, 69(7): 3892-3900.
- [13] Grigoryan A, Voordouw G. Microbiology to Help Solve Our Energy Needs. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 2008, 1125: 345-352.
- [14] 黎霞, 承磊, 邓宇, 张辉. 石油烃厌氧生物降解研究进展. *应用与环境生物学报 (Chinese Journal of Applied & Environmental Biology)*, 2008, 14(2): 283-289.
- [15] Quatrini P, Scaglione G, De Pasquale C, Riela S, Puglia AM. Isolation of Gram-positive n-alkane degraders from a hydrocarbon contaminated Mediterranean shoreline. *Journal of Applied Microbiology*, 2008, 104: 251-259.
- [16] 张忠智, 管仁军, 卢晓艳, 赵云山, 戴安俊. 高矿化度油田污水的微生物处理中间实验. *石油化工高等学校学报 (Journal of Petrochemical Universities)*, 2006, 19(4): 19-22.
- [17] 宋永亭, 魏斌, 赵凤敏, 王静, 段传慧. 罗801区块油藏环境厌氧微生物链的形成及其对微生物驱采收率的影响. *油田化学 (Oilfield Chemistry)*, 2004, 21(2): 182-186.

- [18] Magot M, Ollivier B, Patel BKC. Microbiology of petroleum reservoirs. *Antonie van Leeuwenhoek*, 77: 103-116, 2000.
- [19] 承磊, 仇天雷, 邓宇, 张辉. 油藏厌氧微生物研究进展. 应用与环境生物学报 (*Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*), 2006, 12(5): 740-744.
- [20] Orphan VJ, Taylor LT, Hafenbrad D, Delong EF. Culture-dependent and culture-independent characterization of microbial assemblages associated with high-temperature petroleum reservoirs. *Applied and Environment Microbiology*, 2000, 66(2): 700-711.
- [21] Miroshnichenko ML, Hippe H, Stackebrandt E, Kostrikina NA, Nikolai A. Isolation and characterization of *Thermococcus sibiricus* sp. nov. from a Western Siberia high-temperature oil reservoir. *Extremophiles*, 2001, 5: 85-91.
- [22] Li X, Cheng L, Wang W, Deng Y, Yin X, Zhang H. Isolation and characterization of *Thermoanaerobacter mathranii* SC-2 from oil-field water. *Wei Sheng Wu Xue Bao*, 2008, 48(8): 995-1000.
- [23] Bhupathiraju VK, McInerney MJ, Woese CR, Tanner RS. *Haloanaerobium kushneri* sp. nov., an obligately halophilic, anaerobic bacterium from an oil brine. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1999, 49(3): 953-960.
- [24] Jones DM, Head IM, Gray ND, Adams JJ, Rowan AK, Aitken CM, Bennett B, Huang H, Brown A, Bowler BFJ, Oldenburg T, Erdmann M, Larter SR. Crude oil biodegradation via methanogenesis in subsurface petroleum reservoirs. *Nature*, 2008, 451(7175): 176-180.
- [25] Ollivier B, Fardeau ML, Cayol JL, Magot M, Patel BKC, Gérard Prensier, Garcial JL. *Methanocalculus halotolerans* gen. nov., sp. nov., isolated from an oil-Producing well. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1998, 48(3): 821-828.
- [26] Doerfert SN, Reichlen M, Iyer P, Wang MY, Ferry JG. *Methanolobus zinderi* sp. nov., a methylotrophic methanogen isolated from a deep subsurface coal seam. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, 59: 1064-1069.
- [27] Ma K, Liu X, Dong X. *Methanosaeta harundinacea* sp. nov., a novel acetate-scavenging methanogen isolated from a UASB reactor. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2006, 56: 127-131.
- [28] Loy A, Lehner A, Lee N. Oligonucleotide Microarray for 16S rRNA Gene-Based Detection of All Recognized Lineages of Sulfate-Reducing Prokaryotes in the Environment. *Applied and Environment Microbiology*, 2002, 68: 5064-5081.
- [29] 冯颖, 康勇, 孔琦, 范福州. 硫酸盐生物还原的温度效应及 Fe⁰ 的强化作用. 水处理技术 (*Technology of Water Treatment*), 2005, 31(7): 27-30.
- [30] Philippot L. Tracking nitrate reducers and denitrifiers in the environment. *Biochemical Society Transactions*, 2005, 3(1): 200-204.
- [31] Bødtker G, Lysnes K, Torsvik T. Microbial analysis of backflowed injection water from a nitrate-treated North Sea oil reservoir. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, 2009, 36: 439-450.
- [32] Voordouw G, Armstrong SM, Reimer MF, Fouts B, Telang AJ, Shen Y, Gevertz D. Characterization of 16S rRNA genes from oil field microbial communities indicates the presence of a variety of sulfatereducing, fermentative, and sulfide-oxidizing bacteria. *Applied and Environment Microbiology*, 1996, 62: 1623-1629.
- [33] 王立影, Maurice MS, 李峰, 刘金峰, 杨世忠, 牟伯中. 石油烃的厌氧生物降解对油藏残余油气化开采的启示. 微生物学通报 (*Microbiology China*), 2010, 37(1): 96-102.
- [34] 朱绒霞, 那静彦, 郭生武, 陈志昕. 硫酸盐还原菌的腐蚀机理. 空军工程大学学报 (*Journal of Air Force Engineering University, Natural Science Edition*), 2001, 3(1): 10-13.
- [35] 李苗, 郭平. 油田硫酸盐还原菌的危害与防治. 石油化工腐蚀与防护 (*Corrosion & Protection in Petrochemical Industry*), 2007, 24(2): 49-51.
- [36] Hitzman DO, Dennis M. New nitrate-based treatments control hydrogen sulfide in reservoirs. *World Oil*, 2004, 225(11): 51-54.

Microbial metabolic characteristics and ecological controlling in Petroleum Reservoir—A review

Peike Gao, Ting Ma*, Rulin Liu

Key Laboratory of Molecular Microbiology and Technology, Ministry of Education, College of Life Science, Nankai University, Tianjin 300071, China

Abstract: Petroleum reservoir has a variety of microbes with diverse metabolic characteristics and great diversity. These microbes play an important role in geochemical cycle. Research on their metabolism and ecological relationships enables the understanding of Microbial Enhanced Oil Recovery (MEOR). Based on the present researches, we review the microbial metabolic characteristics and ecological relationships in oil reservoir.

Keywords: petroleum reservoir microorganisms, metabolic characteristics, ecology, regulate, enhanced oil recovery

(本文责编:王晋芳)

Supported by the National Programs for High Technology Research and Development of China (2009AA063502), by the National Natural Science Foundation of China (50804024) and by the Doctor Fund Project of Ministry of Education (20070055049)

* Corresponding author. Tel: +86-22-23498185; E-mail: tingma@nankai.edu.cn

Received: 26 October 2010/ Revised: 21 January 2011

1953年创刊以来所有文章全文上网

从2008年1月开始《微生物学报》的所有文章开始全文上网了。欢迎广大读者登陆本刊主页(<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>)浏览、查询、免费下载全文! 由于《微生物学报》历史久远,为方便读者查阅,将刊期变化作以下统计。

《微生物学报》刊、期统计表

2011年6月统计

时间	刊期	卷号	期号
1953 - 1956	半年刊	1 - 4	1 - 2
1957 - 1958	季刊	5 - 6	1 - 4
1959	季刊	7	1 - 2
1959 - 1962	停刊3年		
1962	季刊	8	3 - 4
1963 - 1965	季刊	9 - 11	1 - 4
1966	季刊	12	1 - 2
1966 - 1972	停刊6年半		
1973 - 1988	季刊	13 - 28	1 - 4
1989 - 2007	双月刊	29 - 47	1 - 6
2008	月刊	48	1 - 12
2009	月刊	49	1 - 12
2010	月刊	50	1 - 12
2011	月刊	51	1 - 6