

加碱处理油田回注污水对硫酸盐还原菌群落的影响*

汪卫东^{1**} 李锋² 胡婧¹ 王静¹ 段传慧¹ 徐鹏¹

¹中石化胜利油田石油工程技术研究院 东营 257000

²中石化胜利油田临盘采油厂 临邑 251507

摘要 硫酸盐还原菌 (Sulfate-reducing bacteria, SRB) 是油田回注污水中的重要细菌, 会引起腐蚀和堵塞问题。在油田回注污水中加入碱, 将pH值从6.5-7.5升高到7.6-8.2, SRB总体数量浓度明显降低, 为了了解碱对污水中的SRB群落结构的影响, 本研究应用SRB功能基因分析方法, 构建污水中硫酸盐还原菌亚硫酸盐异化酶基因(*dsr*)系统发育树, 探讨加碱前后回注污水中SRB群落结构的变化。结果发现在没加碱之前, 污水中存在SRB高达15个属, 而长期加碱改变其pH值后, 污水中仅存6个属, 分别是脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)、脱硫状菌属(*Desulfacinum*)、脱硫杆菌属(*Desulfobacterium*)、脱硫念珠菌属(*Desulfomonile*)、脱硫微菌属(*Desulfomicrobium*)和脱硫盐菌属(*Desulfohalobium*)等, 另外还新出现两个属, 分别是脱硫叶菌属(*Desulfobulbus*)和脱硫豆菌属(*Desulfotignum*)。说明加碱处理改变了污水中的SRB生态结构, 很多SRB种类不能适应碱性环境, 这8个属的SRB具有耐碱性, 现场污水的腐蚀性测试结果表明, 碱性环境不仅减少了污水中的SRB种类, 同时还抑制了幸存的SRB的活性, 控制了污水的腐蚀速率。图3表2参20

关键词 油田回注污水; 硫酸盐还原菌; 耐碱性; 腐蚀率

CLC Q939.97 : TE357.9

Effects of alkali addition on the community structure of sulfate-reducing bacteria in oilfield reinjection water*

WANG Weidong^{1**}, LI Feng², HU Jing¹, WANG Jing¹, DUAN Chuanhui¹ & XU Peng¹

¹ Research Institute of Petroleum Engineering and Technology, Shengli Oilfield Company, Sinopec, Dongying 257000, China

² Linpan Oil Production Plant, Shengli Oilfield Company, Sinopec, Linyi 251507, China

Abstract Sulfate-reducing bacteria (SRB), important bacteria in oilfield rejection water, often cause corrosion and formation damage. Addition of alkali in oilfield rejection water can significantly decrease the overall concentration of SRB by elevating the solution pH from 6.5–7.5 to 7.6–8.2. This work constructed the phylogenetic tree from dissimilatory sulfite reductase genes of SRB and investigated the effect of alkali addition on the community structure of SRB in rejection water by analyzing their function genes. The results showed that only 6 genera (*desulfovibrio*, *desulfacinum*, *desulfobacterium*, *desulfomonile*, *desulfomicrobium*, and *desulfohalobium*) were detected after long-term alkali addition, in strong contrast to the number of genera (15) determined in the oilfield reinjection water before treatment. Among the preserved alkali-resistant genera, *desulfovibrio* and *desulfacinum* were two new genera found in the solution after alkali treatment. Our study indicated that most SRB could not adapt to the alkaline environment, which changed the community structure of SRB. The field erosion test suggested that addition of alkali not only reduces the SRB species, but also inhibits the activity of the surviving SRB, in general helps controlling the corrosion rate.

Keywords oilfield reinjection water; sulfate-reducing bacteria; alkali-resistant; corrosion rate

油田在开发后期, 为了保持油藏中的压力, 一般都向油藏注水进行注水开发, 油井生产出的含油污水, 经地面处理后也作为注入水的主要部分回注到油藏, 实现污水的循环利用。一般油田地面的流程是将各油井产出的流体通过管线收集起来, 先将油水分离, 原油外输到油罐储存, 污水经过除油、絮凝、过滤等工艺处理后, 由注水井回注到油藏, 这

整套地面流程基本是封闭的厌氧环境^[1-2]。由于油田污水来源于地下油藏, 所以具有较高的温度和矿化度, 一般水体温度30-70 °C, 多数为40-50 °C, 矿化度从几千到几万mg/L不等^[3]。在这种水体环境中, 有许多微生物存在, 其中硫酸盐还原菌(Sulfate-reducing bacteria, SRB)是油田污水中常见的细菌。由于这类细菌产生H₂S, 所以给生产带来了许多问题^[4-6], 如腐蚀管线设备, 腐蚀产生的反应物和细菌细胞一起形成水中的悬浮物, 悬浮物在注入时会引起油藏堵塞, 并进一步引起注水压力上升^[7], 另外, 在地面系统中产生H₂S也会引起安全和环境问题^[8]。

油田在生产过程中一般向污水中加入杀菌剂以控制

收稿日期 Received: 2015-08-03 接受日期 Accepted: 2015-09-06

*中石化胜利油田科研项目(YKS1206)资助 Supported by the Shengli Oilfield Company, Sinopec (YKS1206)

**通讯作者 Corresponding author (E-mail: wangweidong168@slyt@sinopec.com)

SRB含量,长期使用杀菌剂后,SRB会产生抗药性^[9],为了控制SRB的含量,杀菌剂的加量越来越高,从开始加 10^{-7} 到目前的 10^{-8} 以上,生产成本成倍增加^[4, 10]。油田一般使用MPN方法来测试SRB的含量,大量检测数据表明,SRB与腐蚀率之间存在有正相关性。所以制定了油田回注水行业标准,将SRB控制在25 cell/mL。腐蚀速率控制在0.076 mm/a,并按这个标准执行^[11]。

由于污水在地面和地下反复多次循环,一些老油田的污水成分变得非常复杂,处理难度也越来越大,主要是含油和悬浮物及细菌含量居高不下,在没有其他更好的方法的情况下,少数油田采取向污水中加入石灰乳的方法(油田称此为“污水改性”),以沉淀污水中所有的杂质,同时也可控制污水中的细菌含量^[12-14]。这为分析碱性条件对SRB的影响提供了一个极好条件。油田日常监测的MPN法测试结果仅能反映污水中SRB在加碱处理后数值的下降,但不清楚是哪类SRB发生了变化,本研究应用SRB功能基因分析方法,通过分析胜利油田临盘采油厂四净污水站在加碱前后水中的SRB群落的变化,揭示碱性环境对SRB群落的影响。

1 回注污水处理流程

四净污水站日处理污水5 600 m³,来水温度44 °C,矿化度3 200 mg/L。处理时,先向回注污水中加入石灰乳,加入浓度为100-300 mg/L,使其产生大量的CaCO₃和Fe(OH)₃沉淀,然后加入少量的NaOH调pH,最后加入混凝剂沉淀4 h。在沉淀过程中,污水中原有悬浮物和部分细菌也随着一起沉淀,从而使污水变得澄清,但也会产生大量的污泥(这是该工艺的一个明显缺点)。检测结果表明,加碱以后回注污水的pH升高到7.6-8.2,悬浮固体及含油明显降低,使用MPN方法测试污水中的SRB含量,发现下降近两个数量级,平均腐蚀率却大幅度下降。一般油田污水SRB含量越高,其腐蚀率也越大,油田通常加入杀菌剂来控制腐蚀率。表1列出了加碱处理前后回注法污水的主要指标。与SRB下降相比,腐蚀率的下降幅度要大得多,这与通常的油田污水不同。本研究试图应用分子微生物分析手段,研究污水中SRB群落结构在加碱前后的变化,进而分析腐蚀率大幅度下降的原因。

2 分析方法

2.1 回注污水取样点

在加碱之前的沉降罐取污水样A,污水在加碱之后进入沉降罐,在此沉降约4 h,取污水样B。沉降之后的污水通过管线输送到注水站,在此通过高压泵将污水注水井注入地下,在注水站取污水样C。污水从加碱处理到达注水站历时

超过6 h。

2.2 污水样的预处理

用无菌取样桶在现场流程取样口取污水样5 L,在4 h内运到实验室进行处理。油田污水都含有一定原油,含油污较多的污水样品先用1/5体积的石油醚去除其中的石油污染,然后通过高速(12 000 r/min × 15 min)离心收集菌体。含油量极低的污水样通过0.22 μm的过滤膜进行过滤,最后通过冲洗收集滤膜上的菌体。

B样进行了第二次采样,是在污水罐中悬挂弹性填料,富集一周后取下填料,从填料上收集细菌体。

2.3 总DNA的提取

将收集到的菌体利用DNA提取试剂盒(AxyPrep细菌基因组DNA小量试剂盒)进行细菌DNA的提取,提出的DNA溶解在100 μL缓冲液中,-4 °C保存备用。

2.4 *dsrA*基因分析硫酸盐还原菌多样性分析

因为SRB是一类细菌,其共同生理特征是还原硫酸盐、亚硫酸盐、硫代硫酸盐等为硫化氢,本研究选取SRB都具有的亚硫酸盐异化酶基因作为分子标记来分析水样中的SRB多样性^[15-16]。分析过程为:首先进行PCR扩增*dsrA*基因片段,扩增引物采用DSR1F/4R引物对^[17]。DSR1F: AC(GC)CACTGGAAGCACG; DSR4R: GTGTAGCAGTTACCGCA。PCR反应体系为:1×PCR buffer、400 μmol/L dNTPs、2 mmol/L MgCl₂、200 pmol/L上下游引物和1.25 U Taq DNA polymerase(Takara),反应程序为:95 °C 5 min,(95 °C 30 s, 54 °C 30 s, 72 °C 1 min 30 s) × 34个循环,72 °C 10 min; PCR结束后,将产物进行切胶纯化,然后与T4载体进行连接并进行大肠杆菌转化;转化后的大肠杆菌利用蓝白斑及抗性筛选挑取阳性克隆,提取阳性克隆内的质粒进行测序;测序得到的基因序列与NCBI中下载的已知种属的*dsrA*基因序列一起利用MEGA软件进行邻接树的构建,进行1 000次自展测试,利用得到的系统发育树分析样品中SRB的亲缘关系及多样性^[18]。

3 结果与讨论

由于胜利油田临盘采油厂四净污水站加碱处理的工业流程已运行多年,各节点污水的性质也基本稳定,所以理论上认为各节点微生物群落结构相对稳定。本研究选取亚硫酸盐还原酶基因(*dsrA*)基因作为研究环境样品SRB群落的分子标记,建立了水处理沿程3个节点样品的硫酸盐还原菌系统发育树(图1-3)。分析结果表明,未加碱处理的污水样品(A样)中包含种类丰富的硫酸盐还原菌,高达15个属,这说明油田污水中SRB具有较高的多样性,与很多报道结果^[19-20]一致;而经过碱处理的污水站样品(B样)中硫酸盐还原菌种类明显减少,只有4个属的SRB存在,其中脱硫

表1 加碱处理前后污水常规指标测试结果

Table 1 Indices of routine analysis for reinjection water

测试指标 Analysis index		悬浮固体含量 Suspended solid content (ρ/mg L ⁻¹)	含油 Oil content (ρ/mg L ⁻¹)	SRB (n/cell mL ⁻¹)	平均腐蚀率 Average corrosion rate (r/mm a ⁻¹)	pH
加碱前 Before alkali addition	实测值范围 Measured	15.4-7.3	36.7-10.6	10^4 - 10^5	0.873-0.051	6.5-7.5
	平均值 Average	9.2	15.2		0.2344	
加碱后 After alkali addition	实测值范围 Measured	6.3-0.2	4.2-0	10^1 - 10^2	0.079-0.013	7.6-8.2
	平均值 Average	3.0	1.0		0.0261	

弧菌属 (*Desulfovibrio*) 和脱硫状菌属 (*Desulfacinum*) 是污水中原来就存在的两个属，而脱硫叶菌属 (*Desulfobulbus*) 和脱硫豆菌属 (*Desulfotignum*) 是新出现的两个属。B样的污水经过管线输送到C时，C样的分析结果仍然是4个属的SRB，分别是脱硫杆菌属 (*Desulfobacterium*)、脱硫念珠菌属 (*Desulfomonile*)、脱硫微菌属 (*Desulfomicrobium*) 和脱硫盐菌属 (*Desulfohalobium*)，这4个属也是污水中原来就存在的但又与B样中的SRB不同。B点和C点SRB完全不同，可能是采样方式不同有关，推测B点富集到的是易于附着生长的SRB，这需要进一步研究。

经过加碱处理后，污水的pH发生了变化，SRB种类陡然下降，说明碱性条件抑制了多数种类的SRB，但SRB仍然存在。也说明脱硫弧菌属、脱硫状菌属、脱硫叶菌属、脱硫豆菌属、脱硫杆菌属、脱硫念珠菌属、脱硫微菌属和脱硫盐菌属等8个属的SRB具有一定的耐碱性。而脱硫嗜盐碱菌属 (*Desulfonatronum*)、脱硫酸弯曲杆菌属 (*Desulfonatronovibrio*)、脱硫八叠球菌属 (*Desulfoarculus*)、脱硫芽孢弯曲菌属 (*Desulfosporosinus*)、热脱硫杆菌属 (*Thermodesulfovibrio*)、热脱硫菌属 (*Thermodesulfovibrio*)、热脱硫弧菌属 (*Thermodesulfobacterium*)、热脱硫杆菌属 (*Thermodesulfatator*) 和古丸菌属 (*Archaeoglobus*) 不耐碱性。

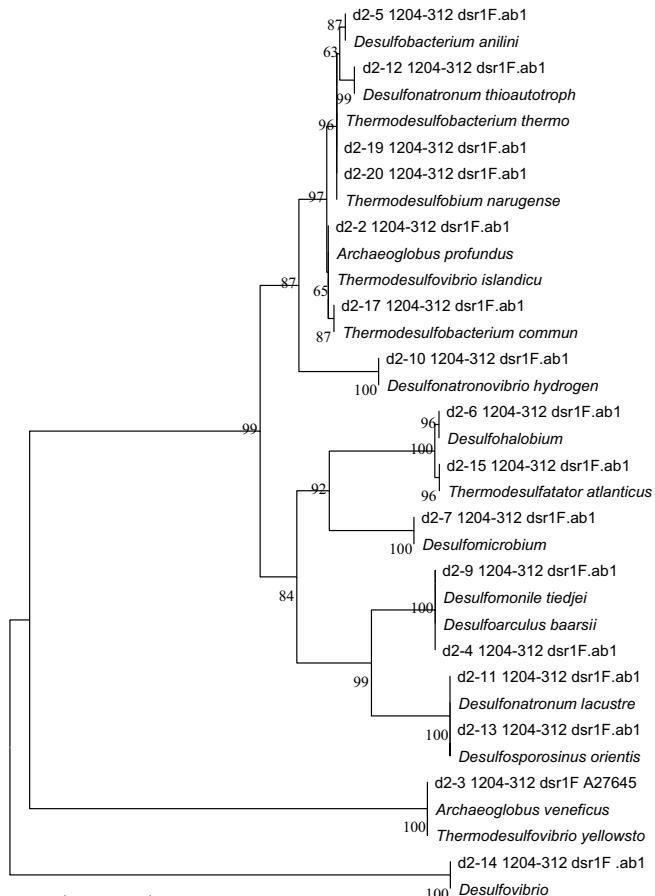


图1 加碱之前污水样品 (A样) 利用dsrA氨基酸序列构建的系统发育树。
Fig. 1 Phylogenetic tree based on the dsrA amino acid sequences of water sample before alkali addition (Sample A).

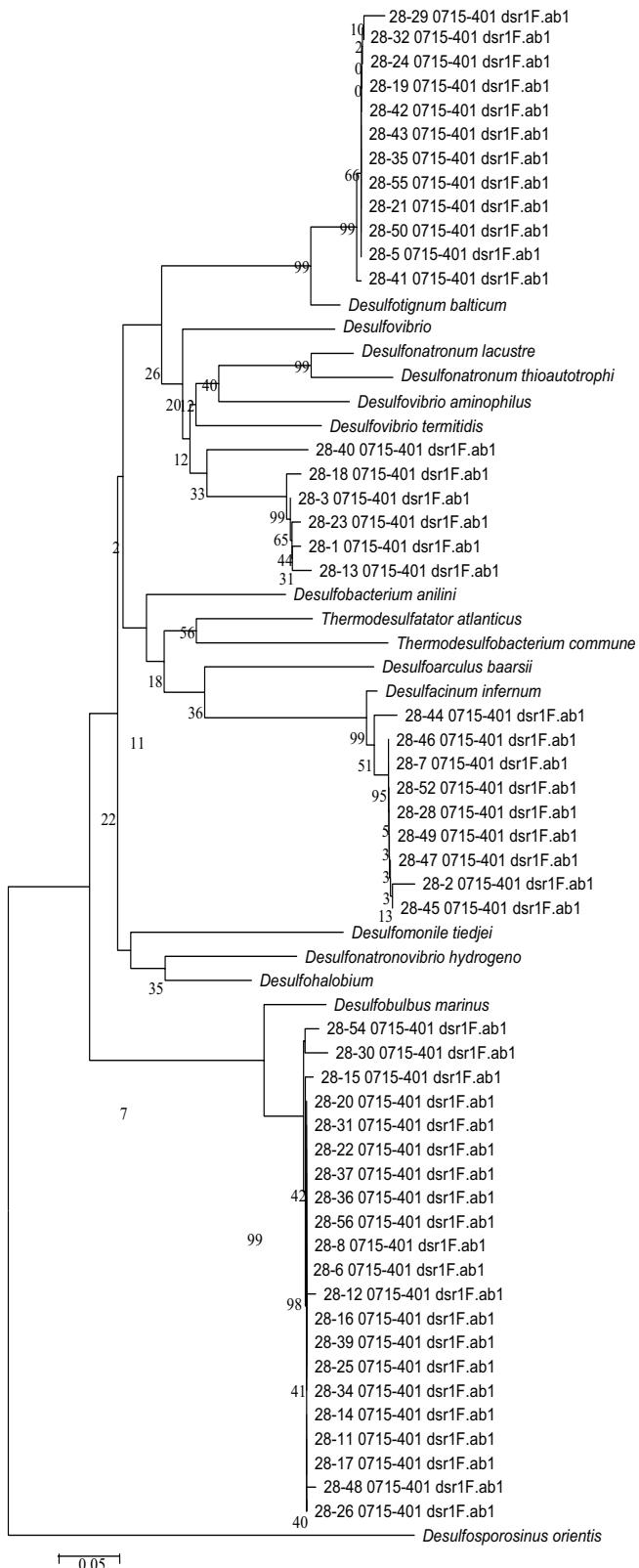


图2 加碱处理后样品 (B样) 利用dsrA氨基酸序列构建的系统发育树。
Fig. 2 Phylogenetic tree based on the dsrA amino acid sequences of water sample after alkali addition (Sample B).

在收集细菌体时，发现第一次采到的B样品污水中的菌明显少于A样品，无法继续分析，所以不得不进行第二次

采样，用弹性填料在取样点污水中富集细菌，说明经过碱处理后，细菌数量明显减少，SRB的减少有两方面的原因：一方面是加入石灰乳后产生大量的沉淀，细菌细胞体随沉淀沉到污泥中，污水中的细菌细胞减少，这种减少只是细菌总数的减少，其种类不会减少。另一方面就是碱的作用，这是细菌种类变化的主要原因，因为污水变为碱性，只有耐碱的SRB才能生存，MPN方法检测结果也表明污水在加碱处理后，细

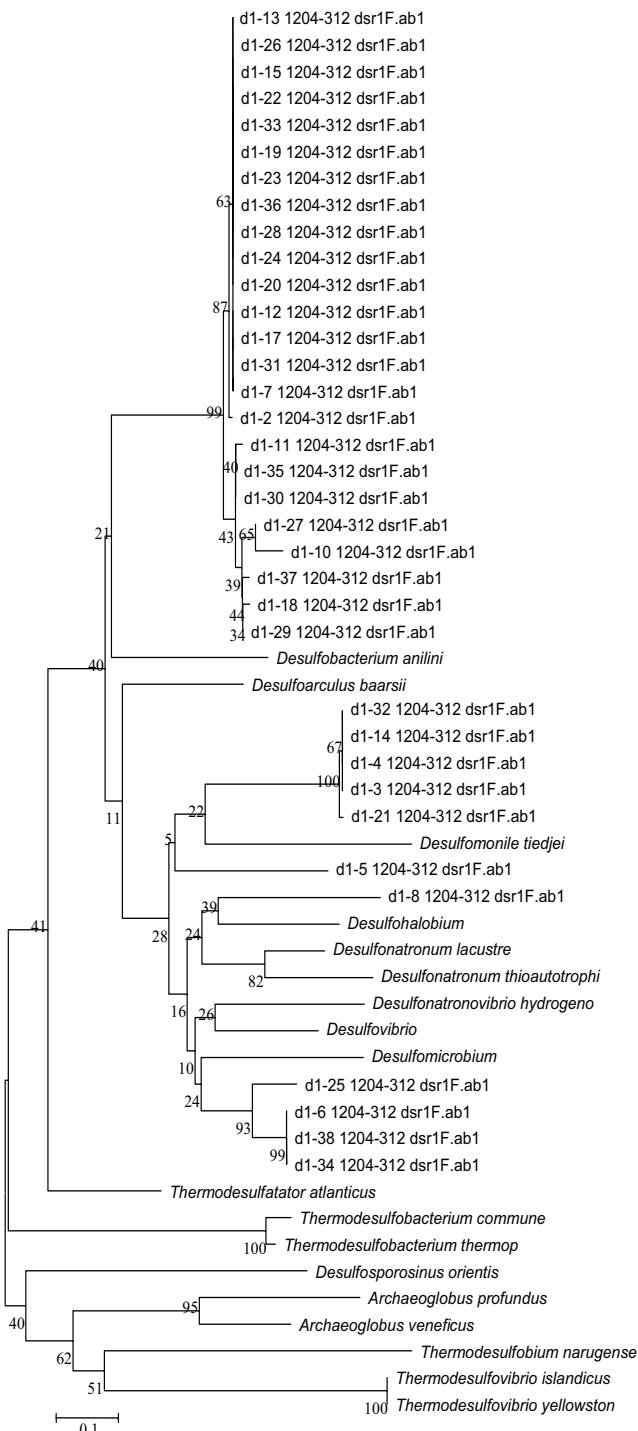


图3 注水站样品（C样）利用dsrA氨基酸序列构建的系统发育树。

Fig. 3 Phylogenetic tree based on the dsrA amino acid sequences of water sample from injection station (Sample C).

表2 3个样品中分布的硫酸盐还原菌种类

Table 2 Distribution of SRB in three samples

加碱之前水样（A样） Water sample before alkali addition	加碱之后水样（B样） Water sample after alkali addition	注水站水样（C样） Water sample from injection station
脱硫杆菌属 <i>Desulfobacterium</i> *	脱硫弧菌属 <i>Desulfovibrio</i> *	脱硫杆菌属 <i>Desulfobacterium</i> *
脱硫念珠菌属 <i>Desulfomonile</i> *	脱硫状菌属 <i>Desulfatimonium</i>	脱硫念珠菌属 <i>Desulfomonile</i> *
脱硫微菌属 <i>Desulfomicrobium</i> *	脱硫盐菌属 <i>Desulfobulbus</i> *	脱硫微菌属 <i>Desulfomicrobium</i> *
脱硫弧菌属 <i>Desulfovibrio</i> *	脱硫叶菌属 <i>Desulfovibrio</i>	脱硫盐菌属 <i>Desulfobulbus</i> *
脱硫状菌属 <i>Desulfovibrio</i>	脱硫豆菌属 <i>Desulfococcus</i>	脱硫盐菌属 <i>Desulfobulbus</i>
脱硫嗜盐碱菌属 <i>Desulfonatronum</i>	脱硫叶菌属 <i>Desulfovibrio</i>	脱硫嗜盐碱菌属 <i>Desulfotignum</i>
脱硫酸弯曲杆菌属 <i>Desulfonatronovibrio</i>	脱硫八叠球菌属 <i>Desulfovibrio</i>	热脱硫杆菌属 <i>Thermodesulfobacterium</i>
脱硫八叠球菌属 <i>Desulfovibrio</i>	脱硫芽孢弯曲菌属 <i>Desulfovibrio</i>	热脱硫菌属 <i>Thermodesulfobacterium</i>
脱硫弧菌属 <i>Desulfovibrio</i>	热脱硫弧菌属 <i>Thermodesulfobacterium</i>	热脱硫弧菌属 <i>Thermodesulfobacterium</i>
热脱硫杆菌属 <i>Thermodesulfatator</i> *	古丸菌属 <i>Archaeoglobus</i> *	热脱硫杆菌属 <i>Thermodesulfatator</i> *
		古丸菌属 <i>Archaeoglobus</i>

*油藏中常见的硫酸盐还原菌^[20]。*common sulfate reducing bacteria^[20]。

菌总数明显下降了2-3个数量级。虽然污水腐蚀率得到控制，但SRB含量仍然超标，加碱处理后SRB含量比加杀菌剂处理要高得多。正常情况下，SRB在 10^1 - 10^2 cell/L时，腐蚀率仍然很高，而该流程的污水腐蚀率却能控制在标准以内(0.076 mm/a)，一个可能的解释是当污水pH变成碱性时，尽管一些耐碱菌能生存，但其活性得到明显的抑制。根据这个推测，测试污水中二价硫离子的含量，结果表明A、B、C三点分别为2.5 mg/L、0.1 mg/L和0 mg/L，进一步说明，在加碱处理后污水中虽然有少数几个属的SRB生存，但其活性也得到了抑制，代谢速率很慢，所以腐蚀率很低。现场工作人员表示，在实施加石灰乳之后近6个月的时间，处理后的注入水中SRB数量几乎不能检出，但之后数量也慢慢回升，说明B、C点检测到的所谓耐碱菌也是逐渐适应碱性环境的。

MPN方法使用的是SRB测试瓶，由于测试瓶中是已配好的非常适合SRB生长培养基，即使在环境中活性不高的SRB进入测试瓶也能很好地生长，所以MPN法测试结果只能代表细菌的数量，不能代表细菌的活性，对于本研究的加碱处理的污水，MPN法测试结果只能作为参考指标。

4 结论

SRB是油田注水系统水质的一个重要指标，通常采用MPN方法对SRB进行监测，现在已经知道该方法不能全面真实反映注入水中SRB的影响实际情况。本研究应用分子生物学技术分析结果表明，在注入水中同时存在15个属的SRB，

这些细菌生理生化特征各不相同,对油田通常使用的季胺盐类杀菌剂的敏感度也不一样,这也可以从另一个角度解释目前油田长期使用同一杀菌剂效果不好的原因。

当在注入水中加入石灰乳,pH虽然升高幅度不大,但污水中大部分SRB菌种都消失了,在注水站中仅剩下脱硫杆菌属(*Desulfobacterium*)、脱硫念珠菌属(*Desulfomonile*)、脱硫微菌属(*Desulfomicrobium*)和脱硫盐菌属(*Desulfovhalobium*)等4个属,说明这4个属的SRB能忍耐碱性水环境。这4个属的SRB尽管存在于水中,但由于是碱性环境抑制了这些细菌的活性,虽然存在,活性较低,所以腐蚀速率降低。C点的微生物种群的检测结果和B点不同,说明碱性环境在保持水质的稳定性上一直起作用,改变着群落结构。由于C点污水受碱性影响时间更长,因此,可以认为C点测试出的4个属SRB具有更好的耐碱性。

现场加碱技术的应用和分析结果表明,在条件允许的情况下,可以通过这种简单可行的方法来控制工业用水中的SRB生长繁殖,从而降低其引起的危害程度。

由于油田污水都含原油,测试分析前需要除油处理,这会影响菌体收率。如果样品处理问题得到解决,就可以应用Real-time PCR技术进行定量分析,这是下一步研究的一个重要方向。

参考文献 [References]

- 冯建军, 鱼涛, 屈撑国, 邱晓翠. 延长油田冯坪集输站采油污水回注处理工艺研究[J]. 石油化工应用, 2015, 34 (2): 120-125 [Feng JJ, Yu T, Qu CT, Qiu XC. Technology research on oilfield reinjection water treatment in Fengping station of Yanchang oilfield [J]. *Pet Ind Appl*, 2015, 34 (2): 120-125]
- 吕慧超, 左岩. 油田回注水处理技术及其发展趋势[J]. 工业用水与废水, 2009, 40 (2): 15-18 [Lü HC, Zuo Y. Technology of oilfield reinjection water treatment and development trend [J]. *Ind Water Wastewater*, 2009, 40 (2): 15-18]
- 何潇. 油田回注水系统中的防腐阻垢技术研究[D]. 南京: 南京理工大学, 2009 [He X. Study on anticorrosion and scale inhibition in the oilfield reinjection water system [D]. Nanjing: Nanjing University of Science and Technology, 2009]
- 谭燕, 程杰成, 屈睿, 吴晓磊. 油井采出液中硝酸盐还原菌的分离培养及对硫酸盐还原的抑制[J]. 应用与环境生物学报, 2007, 13 (3): 390-394 [Tan Y, Cheng JC, Qu R, Wu XL. Isolation of nitrate reducing bacteria from oilfield produced water and their inhibition to sulfate reduction [J]. *Chin J Appl Environ Biol*, 2007, 13 (3): 390-394]
- 张胜中, 史有刚, 陈凯, 陈翠霞, 胡婧, 王继乾, 徐海. 油田回注水优势硫酸盐还原菌的分离鉴定与生理特性研究[J]. 环境工程学报, 2011, 5 (12): 2900-2904 [Zhang SZ, Shi YG, Chen K, Chen CX, Hu J, Wang JQ, Xu H. Study on isolation and identification of a dominant SRB from reinjection water of oilfield and its physiological characteristics [J]. *Chin J Environ Eng*, 2011, 5 (12): 2900-2904]
- 汪卫东. 油田污水中硫酸盐还原菌的变化规律及其控制技术[J]. 油气地质与采收率, 2013, 20 (6): 61-64, 115 [Wang WD. Change rule and control method of sulfate-reducing bacteria in oilfield produced water. *Pet Geol Recov Efficiency*, 2013, 20 (6): 61-64, 115]
- 陈昊宇, 汪卫东, 杜春安, 王新, 张秀霞. 生物竞争抑制油田回注水系统微生物腐蚀研究[J]. 工业水处理, 2013, 33 (6): 79-81 [Chen HY, Wang WD, Du CA, Wang X, Zhang XX. Study on the microbiological corrosion in oilfield reinjection water system inhibited by biological competition technology [J]. *Ind Water Treat*, 2013, 33 (6): 79-81]
- 王潜. 辽河油田H2S产生机理及防治措施[J]. 石油勘探与开发, 2008, 35 (3): 349-354 [Wang Q. Generation mechanism and control measures for H2S in oil wells, Liaohe Oilfield [J]. *Pet Expl Dev*, 2008, 35 (3): 349-354]
- Henry von Rè ge, Wolfgang Sand. Evaluation of biocide efficacy by microcalorimetric determination of microbial activity in biofilms. *J Microbiol Methods*, 1998, 33 (3): 227-235
- 周飞, 孙玉寒, 王钦钦, 张建华. 新型油田回注水杀菌剂的杀菌特性[J]. 西安石油大学学报(自然科学版), 2010, 25 (2): 65-68+112 [Zhou F, Cun YH, Wang QQ, Zhang JH. Study on the bactericidal performance of a novel bactericide used in oil-field reinjection water [J]. *J Xi'an Shiyou Univ (Nat Sci Ed)*, 2010, 25 (2): 65-68, 112]
- SY/T5329-2012 碎屑岩油藏注水水质推荐指标及分析方法[S]. [SY/T5329-2012 Recommended index and analysis method for injection water quality of clastic reservoir [S]]
- 纪云岭, 张爱社, 张丽, 傅绍斌. 中原油田注水水质改性技术[J]. 油田化学, 2003, 20 (1): 13-16 [Ji YL, Zhang AS, Zhang L, Fu SB. Injection water quality adjustment for reservoir flooding at Zhongyuan oil fields [J]. *Oilfield Chem*, 2003, 20 (1): 13-16]
- 王业飞, 丛洪良, 王冬梅, 曹方起, 由庆. 临南油田注入水改性pH值优化研究[J]. 西南石油学院学报, 2006, 28 (6): 81-84, 117 [Wang YF, Cong HL, Wang DM, Cao FQ, You Q. The pH value optimization of modified injection water in Linnan oilfield [J]. *J Southwest Pet Inst*, 2006, 28 (6): 81-84, 117]
- 韩红霞, 黄艳, 张辉, 范宝君, 王顺华, 丁世梅. 注入水改性技术在临南油田的应用[J]. 钻采工艺, 2004, 27 (1): 52-55, 4-5 [Han HX, Huang Y, Zhang H, Fan BJ, Wang SH, Ding SM. The application of the modified technique on injection water in Linnan oilfield [J]. *Drilling Technol*, 2004, 27 (1): 52-55, 4-5]
- Colin Y, Goñi-Urriza M, Caumette P, Guyoneaud R. Combination of high throughput cultivation and dsrA sequencing for assessment of sulfate-reducing bacteriiversity in sediments. *FEMS Microbiol Ecol*, 2013, 83 (1): 26-37
- Giloteaux L, Goñi-Urriza M, Duran R. Nested PCR and new primers for analysis of sulfate-reducing bacteria in low-cell-biomass environments. *Appl Environ Microbiol*, 2010, 76 (9): 2856-2865
- Wagner M, Roger AJ, Flax JL, Brusseau GA, Stahl DA. Phylogeny of dissimilatory sulfite reductases supports an early origin of sulfate respiration [J]. *J Bacteriol*, 1998, 180: 2975-2982
- Gittel A, Sørensen KB, Skovhus TL, Ingvorsen K, Schramm A. Prokaryotic community structure and sulfate reducer activity in water from high-temperature oil reservoirs with and without nitrate treatment [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2009, 75 (22): 7086-7096
- 埃利希. 地质微生物学[M]. 王增林译. 北京: 中国石化出版社, 2010 [Ehrlich HL. Geomicrobiology [M]. 5th ed. Translated by Wang ZL. Beijing: China Petrochemical Press, 2010]
- 汪卫东. 孤岛油田中一区馆3单元油藏微生物多样性分析[J]. 应用与环境生物学报, 2010, 16 (3): 415-419 [Wang WD. Microbial diversity of Guantao-3 member of Zhongyi Block Gudao Oil Field in China [J]. *Chin J Appl Environ Biol*, 2010, 16 (3): 415-419]