

某油田高含水油藏内源微生物分布特征及微生物提高采收率应用潜力

马艳清¹, 魏凤丹², 薛鹏¹, 刘晓丽¹, 吴丛文¹, 陈玉琨¹, 闫泽云²,
陈富林^{2*}

1 中国石油新疆油田分公司, 新疆 克拉玛依

2 西北大学 生命科学学院, 陕西 西安

马艳清, 魏凤丹, 薛鹏, 刘晓丽, 吴丛文, 陈玉琨, 闫泽云, 陈富林. 某油田高含水油藏内源微生物分布特征及微生物提高采收率应用潜力[J]. 微生物学报, 2026, 66(6): 3052-3068.

MA Yanqing, WEI Fengdan, XUE Peng, LIU Xiaoli, WU Congwen, CHEN Yukun, YAN Zeyun, CHEN Fulin. Indigenous microbial distribution and microbial enhanced oil recovery potential in high water-cut reservoirs of an oilfield[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(6): 3052-3068.

摘要: 某油田已进入高含水开发阶段, 常规水驱效果递减, 亟需发展微生物提高采收率(microbial enhanced oil recovery, MEOR)技术以挖潜剩余油。【目的】解析各主力油藏的内源微生物群落特征并识别其中的内源驱油功能菌, 为内源微生物激活型 MEOR 提供科学依据。【方法】采集 K₁h₂、J₂x 和 J₂t 3 个高含水油藏的采出液样品, 采用 16S rRNA 基因高通量测序, 结合 α 多样性分析、 β 多样性分析、线性判别分析效应大小(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)差异物种识别及典型相关性分析(canonical correspondence analysis, CCA)环境因子关联分析, 系统解析微生物群落结构及其驱动机制, 并通过岩心驱替实验验证本源驱油菌株的驱油潜力。【结果】三组共享 174 个操作分类单元, 但群落组成显著分化, 温度、矿化度、含水率是主要的环境影响因子。K₁h₂ 组群落多样性突出, 以假单胞菌属(*Pseudomonas*)、红细菌科未分类属(*unclassified_f_Rhodobacteraceae*)等潜在的表面活性剂产生菌为主; J₂x 组富集耐盐烃降解海杆菌属(*Marinobacter*), 并显著富集硫酸盐还原类群; J₂t 组以嗜微温菌属(*Tepidiphilus*)、伯克霍尔德氏菌目(*Burkholderiales*)等嗜高温烃降解菌为主导。岩心驱替实验表明, 分离自 K₁h₂ 油藏的铜绿假单胞菌(*P. aeruginosa*) LD8 在模拟油藏环境下可提高原油采收率 9.61%。【结论】不同油藏之间理化环境与微生物环境的差异决定了针对性制定 MEOR 策略的重要性。本文为某油田定向激活优势驱油菌、规避腐蚀风险及优化现场实施方案提供了研究基础。

关键词: 细菌群落分布; LEfSe 分析; 细菌多样性; 高含水油藏; 微生物提高采收率; 三次采油

*Corresponding author. E-mail: chenfl@nwu.edu.cn

Received: 2026-03-02; Accepted: 2026-05-08; Published online: 2026-05-15

Indigenous microbial distribution and microbial enhanced oil recovery potential in high water-cut reservoirs of an oilfield

MA Yanqing¹, WEI Fengdan², XUE Peng¹, LIU Xiaoli¹, WU Congwen¹, CHEN Yukun¹, YAN Zeyun², CHEN Fulin^{2*}

1 PetroChina Xinjiang Oilfield Company, Karamay, Xinjiang, China

2 College of Life Sciences, Northwest University, Xi'an, Shaanxi, China

Abstract: An oilfield has entered the stage of high water-cut development, and the conventional water flooding effect is declining. It is urgent to develop microbial enhanced oil recovery (MEOR) technology to tap the remaining oil. **[Objective]** To analyze the indigenous bacterial community characteristics of different oil reservoirs and identify the indigenous oil-displacing bacteria, thus providing a scientific basis for the activation-type MEOR involving indigenous bacteria. **[Methods]** Produced fluid samples were collected from three high water-cut reservoirs (K₁h₂, J₂x, and J₂t). The 16S rRNA gene high-throughput sequencing combined with alpha diversity analysis, beta diversity analysis, linear discriminant analysis effect size (LEfSe)-based differential species identification, and canonical correlation analysis (CCA) of environmental factor correlations was employed to systematically reveal the bacterial community structure and analyze its driving mechanism. Additionally, the oil-displacement potential of the indigenous strain was assessed by core flooding test. **[Results]** A total of 174 OTUs were shared among the three groups, while the community composition was significantly different. Temperature, salinity, and water content were the main environmental influencing factors. The K₁h₂ group demonstrated prominent diversity, mainly consisting of bacteria with the potential to produce biosurfactants, such as *Pseudomonas* and unclassified_f_Rhodobacteraceae. The J₂x group enriched salt-tolerant hydrocarbon-degrading *Marinobacter* and significantly enriched sulfate-reducing groups. The J₂t group was dominated by thermophilic hydrocarbon-degrading bacteria such as *Tepidiphilus* and *Burkholderiales*. Core flooding test indicated that *P. aeruginosa* LD8 isolated from the K₁h₂ reservoir increased the oil recovery by 9.61% in the simulated reservoir environment. **[Conclusion]** The differences in physicochemical and microbial environments among different reservoirs emphasize the necessity of developing particular MEOR strategies. This study provides a research basis for the targeted activation of dominant oil-displacing bacteria, the avoidance of corrosion risks, and the optimization of on-site implementation plans.

Keywords: bacterial community distribution; linear discriminant analysis effect size (LEfSe); bacterial diversity; high water-cut reservoir; microbial enhanced oil recovery; tertiary oil recovery

随着注水开发的持续推进, 某油田大部分油藏已进入高含水开发阶段, 油井综合含水率已达 80.3% 以上, 部分区块甚至超过 95%, 剩

余油高度分散, 常规水驱开发效果明显下降, 稳产与增产难度不断加大^[1]。在高含水条件下, 储层中可动用原油比例显著降低, 仅依赖一

二次采油技术难以满足油田高效开发的需求,微生物提高采收率技术(microbial enhanced oil recovery, MEOR)作为剩余油挖潜的储备三次采油手段,对延长油田开发寿命具有重要意义^[2-3]。

根据菌种来源不同,MEOR可分为内源微生物驱油技术和外源微生物驱油技术,该技术主要依赖于驱油微生物对原油组分的降解作用,以及微生物产生的次级代谢产物对油水的两相增溶作用,从而降低原油黏度、改善流体渗流,最终提高原油采收率^[4-5]。研究表明,假单胞菌属(*Pseudomonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、黄单胞菌属(*Xanthomonas*)、海杆菌属(*Marinobacter*)、红球菌属(*Rhodococcus*)等菌属普遍具备芳烃、烷烃组分降解能力^[6-7]。Xu等^[8]报道,嗜麦芽寡养单胞菌(*Stenotrophomonas maltophilia*) WGB211可有效降解C16-C36之间的多种烷烃组分,7d内对C32的降解率超过75%,能有效降低原油中长链烷烃的占比。地芽孢杆菌属(*Geobacillus*)、施氏假单胞菌(*Pseudomonas stutzeri*)可以高效降解原油中的胶质、沥青质等重质组分,有效降低原油黏度,提高原油流动性^[9-10]。微生物产生的驱油次级代谢产物可分为小分子生物表面活性剂和大分子生物乳化剂,其中小分子生物表面活性剂具有显著的界面活性,主要通过降低界面张力增强油相洗脱能力;大分子生物乳化剂具有突出的乳液稳定性,增强油水乳化^[11-13]。据Shaimerdenova等^[14]报道,枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*) A9分泌的表面活性素可将表面张力降低至(32.76±0.30)mN/m,有效促进原油的乳化剥离,辅助提高石油采收率。近年来,国内各大油田围绕MEOR技术开展了大量针对性研究与现场实践。胜利油田沾3区块通过定制化富营养激活剂,定向唤醒油藏内源驱油菌,使区块采收率提升23.59%;大庆油田室内岩心驱替试验证实,聚驱后微生物调驱技术可稳定提高采收率3.9%–8.7%^[15-16]。

尽管MEOR在理论研究和室内实验中均展现出广阔的应用前景,但微生物在油田现场的

实施效果受多种因素影响,包括地层流体适应性、储层匹配度以及微生物群落间的竞争与协同关系等^[17-20]。因此,MEOR技术在现场的应用需建立在充分掌握油藏原生生物信息的基础上,以适应目标油藏环境的内源驱油微生物为重点开发菌种,从而构建高度适应现场环境的微生物驱油体系,有效提高现场应用效果^[21]。然而,目前鲜有研究聚焦于探究新疆某油田K₁h₂、J₂x、J₂t油藏的微生物群落结构与MEOR潜力。本研究以上述3个高含水油藏为研究对象,利用16S rRNA基因高通量测序技术解析内源细菌分布特征,使用线性判别分析效应大小(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)分析明确不同油藏的差异菌属,并探讨环境因子对微生物分布的影响规律,以期为以内源微生物激活为核心的MEOR技术实施提供前导研究依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究于准噶尔盆地某油田的K₁h₂、J₂x、J₂t油藏高含水油井中分散采集11个来自不同油井的产出液样品。样品根据来源油藏不同分别记作K组、X组、T组。样本采集后,于4℃条件下运输至实验室,随后转入-80℃储存,用于样品总DNA提取。

1.2 主要试剂和仪器

VAMNE Magnetic Stool/Soil DNA Extraction Kit, 南京诺唯赞生物科技股份有限公司; E.Z.N.A Gel Extraction Kit, Omega Bio-tek公司; ALFA-SEQ DNA 建库试剂盒, 方舟生物安全科技(广州)有限公司。

NanoDrop One 微量紫外-可见分光光度计、Qubit 4.0 核酸定量仪, ThermoFisher Scientific公司; Qsep400 高通量核酸蛋白分析仪, 杭州厚泽生物科技有限公司; Illumina HiSeq X Ten 测序仪, Illumina公司。

1.3 培养基

LB 培养基(g/L): 胰蛋白胨 10.0, 酵母粉 5.0, NaCl 5.0。相应的 LB 固体培养基中另需添加 16.0 g/L 琼脂粉。121 °C 灭菌 30 min, 室温冷却后保存。

最小无机盐培养基(mineral salt medium, MSM) (g/L): MgSO₄ 0.1, K₂HPO₄ 7.0, NaCl 0.5, (NH₄)₂SO₄ 2.0, KH₂PO₄ 3.0。121 °C 灭菌 30 min, 室温冷却后保存。

血琼脂固体培养基(g/L): 酪蛋白胰酶消化物 10.0, 心胰酶消化物 3.0, 玉米淀粉 1.0, 肉胃酶消化物 5.0, 酵母粉 5.0, 氯化钠 5.0, 琼脂 15.0, 无菌脱纤维羊血 50–100 mL。无菌脱纤维羊血需在其他培养基成分溶解, 121 °C 灭菌 15 min 并水浴冷却至 45–50 °C 时加入, 随后混匀培养基成分并倾注平板。

1.4 产出液细菌 16S rRNA 基因提取

采用 VAMNE Magnetic Stool/Soil DNA Extraction Kit 提取产出液样本中的微生物总 DNA, 并使用 NanoDrop One 微量紫外-可见分光光度计检测 DNA 的浓度和纯度, 所有 DNA 样品检验合格后储存于 -80 °C 备用^[22]。

使用 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTA A-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAA T-3') 引物扩增细菌 16S rRNA 基因 V4 区, PCR 反应由广东美格基因科技有限公司完成。PCR 反应体系(50 μL): 2×*Premix Taq* 25 μL, DNA 模板 2 μL, 上、下游引物(10 μmol/L)各 1 μL, 去离子水 21 μL。PCR 反应条件: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 52 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 共 30 个循环; 72 °C 终延伸 10 min; 4 °C 保温 10 min 终止反应。获得的目标产物通过琼脂糖凝胶电泳检验片段长度和浓度。使用 E.Z.N.A Gel Extraction Kit 回收 PCR 混合产物, 利用 TE 缓冲液回收目标片段^[23-24]。

1.5 高通量测序与数据分析

使用 ALFA-SEQ DNA 建库试剂盒制备 DNA 文库, 经 Qsep400、Qubit 4.0 检验文库片

段大小和浓度后, 使用 Illumina 平台进行 PE250 测序。经引物去除、片段拼接、数据过滤后获得有效拼接片段。获得的有效片段使用 UPARSE 10.0.240 进行操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类, 使用 usearch-SINTAX 结合 BLAST 将每个 OTU 代表序列与 SILVA 数据库进行对比注释, 以获取物种注释信息, 置信度阈值设置为 0.8^[25]。使用 R 软件进行物种统计、群落组成分析及物种丰度聚类分析。组间主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)聚类与样本距离热图聚类均采用 Bray-Curtis 算法, 采用 one against one 比较进行 LEfSe 分析, 线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)分数阈值设置为 2^[26]。采用 SPSS Statistics 25.0 进行 Spearman 相关性分析, 并设置渗透率、孔隙度、含油饱和度、含水、矿化度等环境因子, 基于 CANOCO 5.0 进行典型相关性分析(canonical correspondence analysis, CCA)^[27]。采用 R 软件计算 Spearman 相关系数以获取物种相关性信息, 物种丰度设置为 50, 相关系数阈值设置为 0.8^[28]。

1.6 驱油菌株的筛选与鉴定

以目标区块原油样品作为碳源和菌剂来源, 取 5 g 原油样品加入 95 mL MSM 培养基中, 在目标区块油藏温度下 150 r/min 培养 7 d。梯度稀释获得菌株单克隆后, 基于 3 次平板划线进行菌株纯化, 将纯化后的菌株使用牛奶管保存在 -80 °C 备用。使用血琼脂固体培养基溶血圈验证各菌株的表面活性剂产生性能。

使用细菌通用引物 27F (5'-AGAGTTTGAT CCTGGCTCAG-3') 和 1492R (5'-TACGACTTAA CCCCAATCGC-3') 扩增细菌的 16S rRNA 基因。PCR 扩增体系(10 μL): 2×*Rapid Taq* Master Mix 5 μL, DMSO 0.5 μL, DNA 模板 0.4 μL, 上、下游引物(5 μmol/L)各 0.3 μL, 去离子水 3.5 μL。PCR 反应条件: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 45 s, 52 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 90 s, 共 30 个循环; 72 °C 终延伸 8 min; 12 °C 保温 10 min 终止反应。将 PCR 产物的测序结果通过 BLAST

与 GenBank 中已知序列进行同源性比较,并在 MEGA 软件中使用邻接法构建系统发育树。

1.7 排油圈实验

使用 LB 液体培养基在油藏温度下制备细菌发酵液,接种量为 1%,培养时间为 2 d。向玻璃培养皿中加入 5 mL 蒸馏水,随后在水面上加入 40 mL 液体石蜡。将 10 μ L 发酵液缓慢滴加在液体石蜡表面,观察排油情况。

1.8 岩心驱替实验

基于油藏渗透率参数构建人造岩心,岩心样本在实验前烘干至恒重,而后使用地层水进行饱和水处理,确定孔隙体积。将已经饱和地层水的岩心安装在岩心夹持器中,以饱和脱水脱气原油,实验温度设置为目标油藏温度,回压设置为油藏压力,用于模拟目标油藏的储层环境。为建立剩余油饱和度,进行一次水驱至出口处无油采出。向岩心中注入 1% 驱油菌株发酵液 0.5 PV,注入模式为 0.05 mL/min 恒速驱替,而后进行二次水驱,至出口处无油采出。实验过程中持续监测采收率。

2 结果与分析

2.1 研究区地理位置与基本信息

研究区位于新疆准噶尔盆地北部,主要开

发油藏为 K_{1h2}、J_{2x}、J_{2t} 油藏。K_{1h2} 油藏温度为 37 °C,样品平均渗透率为 $1\ 801.9 \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$,有效孔隙度为 29.9%,平均剩余含油饱和度为 46.9%,地层水矿化度 9 382 mg/L,目前油藏综合含水率为 95.2%,平均采出程度为 35.3%。J_{2x} 油藏温度为 63.3 °C,样品渗透率在 $(12.1-225.0) \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$ 之间,平均渗透率为 $100.3 \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$,有效孔隙度为 18.9%,平均剩余含油饱和度为 54.9%,地层水矿化度为 19 709 mg/L,目前综合含水率为 95.4%。J_{2t} 油藏温度为 58 °C,样品渗透率在 $(73.3-318.0) \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$ 之间,平均渗透率为 $167.2 \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$,有效孔隙度为 18.0%,平均剩余含油饱和度为 58.5%,地层水矿化度为 17 287 mg/L,目前综合含水率为 95.0%。

2.2 产出液菌群多样性与细菌组成

分别在 K_{1h2}、J_{2x}、J_{2t} 油藏的 11 个不同油井产出液样本中共识别出 1 403 857 个有效序列片段,平均每个样本注释到 127 623 个序列片段。UPARSE 聚类显示,所有样本中共注释到 3 365 个不同的 OTUs(表 1)。随着测序量的不断增加,样本丰富度逐渐趋于平稳,表明测序量充足,可以有效反映研究区样本中的细菌群落分布情况(图 1A)。 α 多样性指数中,K_{1h2} 组产

表1 样品测序数据处理结果统计

Table 1 Processing results of sample sequencing data

Sample	Raw reads	Effective reads	Q20/%	Q30/%	G+C/%	OTUs
K1	127 930	127 930	99.6	98.7	54.4	388
K2	131 137	131 137	99.5	98.4	54.1	643
K3	120 280	120 280	99.6	98.8	54.8	390
K4	128 337	128 337	99.6	98.5	54.7	381
K5	122 399	122 399	99.5	98.4	54.5	382
X1	120 446	120 446	99.5	98.3	53.4	436
X2	129 928	129 928	99.5	98.4	53.4	789
X3	131 154	131 154	99.5	98.5	53.9	398
T1	131 846	131 846	99.5	98.4	52.9	385
T2	131 061	131 061	99.4	98.1	56.3	367
T3	129 339	129 339	99.5	98.5	56.3	322

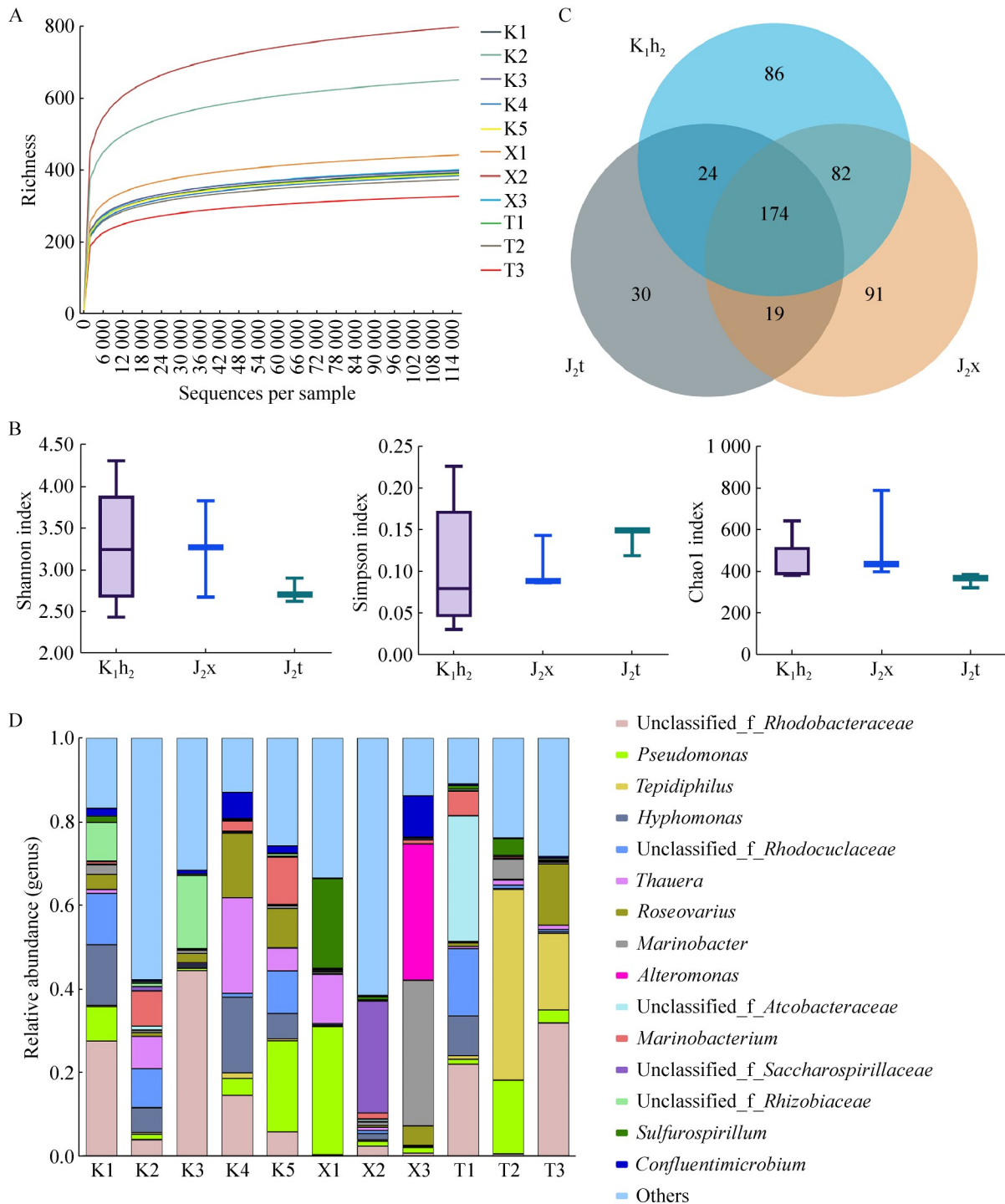


图1 不同产出液中的细菌群落组成特征

Figure 1 The composition characteristics of bacterial communities in different production fluids samples. A: Sample rarefaction curves; B: Boxplot of bacterial community alpha diversity indices for groups K_{1h_2} , J_{2x} , and J_{2t} ; C: Venn diagram of bacterial community OTU levels for groups K_{1h_2} , J_{2x} , and J_{2t} ; D: Column accumulation diagram of bacterial genera levels for groups K_{1h_2} , J_{2x} , and J_{2t} .

出液样本的 Shannon 指数最高(3.27)、Simpson 指数最低(0.10), 表明 K_{1h_2} 组的菌群物种丰富度、群落多样性和分布均匀度显著高于 J_{2x} 和 J_{2t} 组(图 1B)。韦恩图展示了 K_{1h_2} 、 J_{2x} 、 J_{2t} 组产出液样本中的物种数目分别为 366、366、247, 群落共有 OTUs (174 个) 分别占 K_{1h_2} 、 J_{2x} 、 J_{2t} 组产出液 OTU 总数的 47.54%、47.54%、70.45% (图 1C)。丰度排名前 15 的菌属均为 3 组共有菌, K_{1h_2} 组的优势菌属为红细菌科未分类属(*unclassified_f_Rhodobacteraceae*, 3.88%–44.35%, 平均 19.17%)、生丝单胞菌属(*Hyphomonas*, 0.45%–18.10%, 平均 9.02%)、假单胞菌属(0.48%–21.76%, 平均 7.18%), 而索氏菌属(*Thauera*)、未分类红环菌科(*unclassified_f_Rhodocyclaceae*) 在部分样本中的占比也超过了 10.00% (图 1D)。 J_{2x} 组内不同样本之间有显著的优势菌差异, X1 样本中的优势菌属为假单胞菌属(30.64%)、索氏菌属(11.72%)、硫化螺旋菌属(*Sulfurospirillum*, 21.47%), X2 样本中未分类糖小螺菌科(*unclassified_f_Saccharospirillaceae*, 26.77%) 占比突出, X3 样本中海杆菌属(34.83%)、交替单胞菌属(*Alteromonas*, 32.66%) 丰度最高。 J_{2t} 组中, 嗜微温菌属(*Tepidiphilus*, 0.89%–45.65%, 平均 21.63%)、红细菌科未分类属(0.48%–31.79%, 平均 18.05%)、假单胞菌属(1.22%–17.64%) 占比最为突出, 在部分样本中丰度较大的还有未分类弓形菌科(*unclassified_f_Arcobacteraceae*, 0.04%–30.05%)、玫瑰变色菌属(*Roseovarius*, 0.23–14.70%)、未分类红环菌科(0.55%–16.12%)。

2.3 产出液菌群差异特征

为进一步探究某油田不同油藏的菌群组成差异, 基于 Bray-Curtis 距离进行了主坐标分析, PCoA1 和 PCoA2 轴分别解释了 23.3% 和 18.8% 的方差, 分析结果将 K_{1h_2} 、 J_{2x} 、 J_{2t} 聚类为 3 个独立的簇(图 2A)。热图聚类分析表明 K_{1h_2} 组内部样本多呈现较低的距离值(0.51–0.67), 表明其组内群落组成相似度较高; 而 J_{2x} 组内部样本之

间离散性强, 样本距离在 0.89–0.94 之间; J_{2t} 组中 T2 与 T3 距离较近(0.69), 而 T1 与 K_{1h_2} 组中的 K1 和 K5 距离小(分别为 0.48 和 0.61), 表明 T1 样本群落结构与 K_{1h_2} 组具有相似性。此外, J_{2x} 与 J_{2t} 组间所有样本的距离均大于 0.74, 且 J_{2x} 与 K_{1h_2} 组间距离也普遍高于 0.70, 表明 J_{2x} 与其他 2 组的群落结构差异较大(图 2B)。细菌属水平聚类也得到了相似结果, K_{1h_2} 组样本整体聚类为一支, 以红细菌科未分类属和假单胞菌属为主要优势菌, 表现出较高的群落一致性, 反映出该油藏环境稳定且微生物生态趋于平衡; J_{2x} 组内部群落结构差异显著, 各样本优势菌种各异, 表明其受局部扰动影响较大, 群落组成不稳定; J_{2t} 组中 T1、T3 与 K_{1h_2} 聚成一类, 而 T2 与 X1 聚成一类(图 2C)。

2.4 LEfSe 分析

采用 LEfSe 分析(LDA 阈值>2.5, $P<0.05$) 在 3 个油藏采出液中鉴定出高贡献的差异细菌类群(图 3)。*Hyphomicrobiales* 目(LDA=4.84)、根瘤菌科(*Rhizobiaceae*, LDA=4.57)、根瘤菌科未分类属(*unclassified_f_Rhizobiaceae*, LDA=4.38)、斯塔普氏菌科未分类属(*unclassified_f_Stappiaceae*, LDA=4.33)、异根瘤菌属(*Allorhizobium*, LDA=3.92)、*Lutibaculaceae* 科(LDA=3.22)、潘隆尼亚碱湖杆菌属(*Pannonibacter*, LDA=3.25) 和泥棒菌属(*Lutibaculum*, LDA=3.24) 显著富集于 K_{1h_2} 组; J_{2x} 组以碱土菌属(*Geoalkalibacter*, LDA=4.07)、脱硫单胞菌科(*Desulfuromonadaceae*, LDA=4.09)、脱铁杆菌属(*Deferribacter*, LDA=3.35)、*Desulfotomaculales* 目(LDA=3.15)、*Desulfotomaculia* 纲(LDA=3.19)、未分类的 *Acetothermiia* 纲(LDA=2.76) 以及 *Acetothermiia* 纲中未分类的目、科、属(LDA 在 2.75–2.76 之间) 为特征; J_{2t} 组则特异性富集斯塔普氏菌属(*Stappia*, LDA=4.53)、脱铁杆菌科(*Deferribacteraceae*, LDA=5.06)、嗜微温菌属

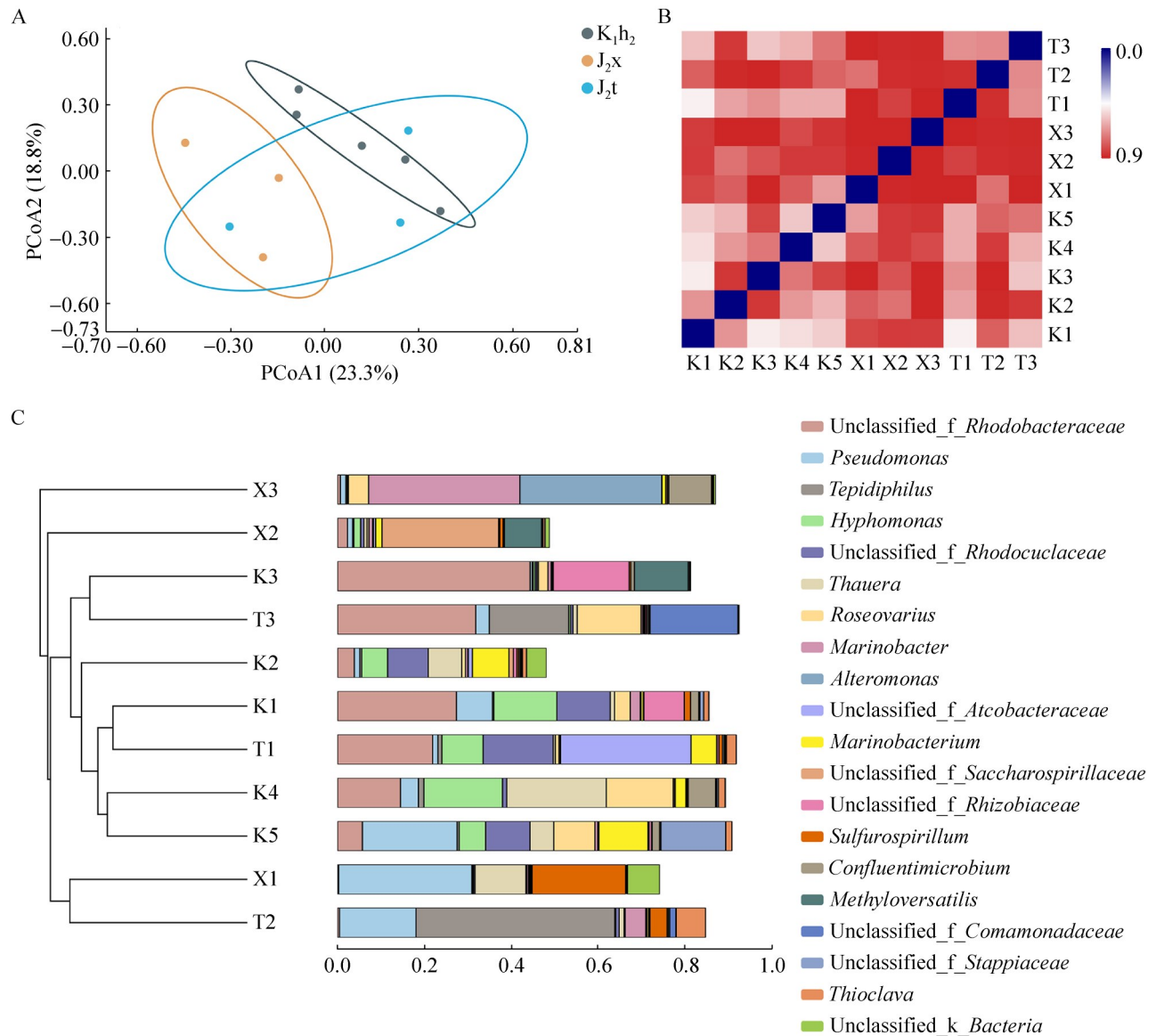


图2 细菌群落差异分析

Figure 2 Analysis of differences in bacterial communities. A: Principal coordinate analysis diagram based on Bray-Curtis distance; B: Heatmap of taxonomic distance among K₁h₂, J₂x, and J₂t groups; C: Cluster bar chart of bacterial genera level for K₁h₂, J₂x, and J₂t groups.

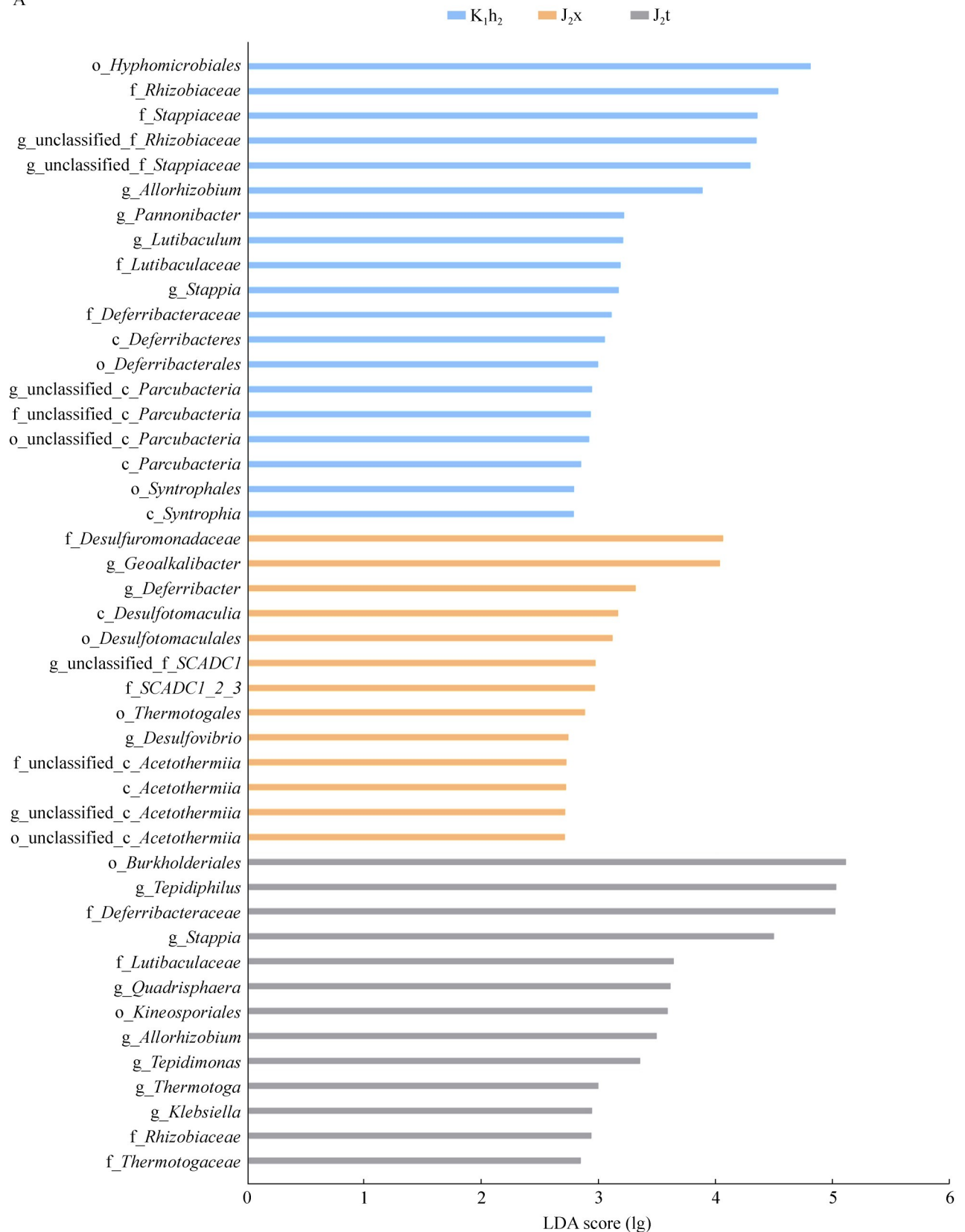
(LDA=5.07)、伯克霍尔德氏菌目(*Burkholderiales*, LDA=5.14)、四球状菌属(*Quadrisphaera*, LDA=3.65)、*Lutibaculaceae* 科(LDA=3.68)及异根瘤菌属(LDA=3.53)。斯塔普氏菌属在 K₁h₂ 中也有富集(LDA=3.21), 但其在 J₂t 中的 LDA 值更高(LDA=4.53), 表明其在 J₂t 中更具判别性。树状

图进一步显示, 这些标志类群在进化分支上高度聚集, 3 组之间几乎不重叠。

2.5 环境因子相关性分析

通过 CCA 分析探讨了影响菌群组成变化的主要环境因子, CCA1 和 CCA2 分别解释了 26.9%、22.7% 的变异(图 4A)。储层物性和流体

A



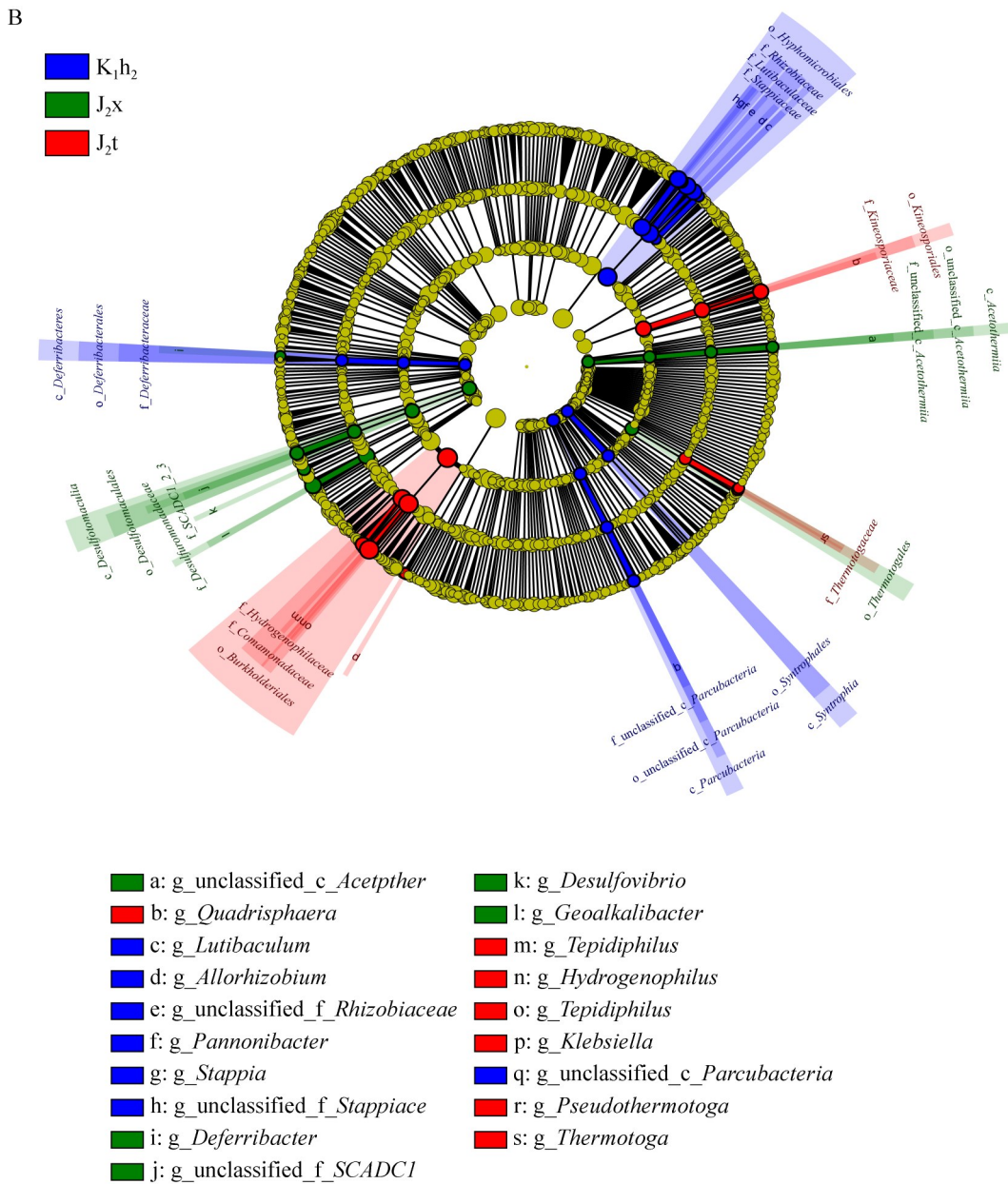


图3 LEfSe差异分析中LDA值分布柱状图(A)和树状图(B)

Figure 3 Column (A) and branch (B) charts of LDA value distribution for LEfSe difference analysis.

因素不同程度地影响了菌群的分布，其中矿化度、温度和含水率是起主导作用的环境因子。 K_1h_2 组样本位于左上区域，主要受孔隙度和渗透率影响； J_2x 组样本主要分布右侧区域，与温度和矿化度正相关； J_2t 组相对集中于左下区，与含油饱和度和含水率密切相关。热图进一步揭示了各环境因子与优势菌属的关联性(图 4B)。

Hyphomicrobiales 目、玫瑰变色菌属、海滨小杆菌属(*Actibacterium*)等在高孔隙度、低含油饱和度条件下富集，而硫膨大杆菌属(*Thioclava*)、硫化螺旋菌属、假单胞菌属等在高含水率、高温环境中相对丰度较高；海杆菌属、交替单胞菌属与矿化度呈强正相关，生丝单胞菌属、索氏菌属则在中等矿化度条件下占据优势。

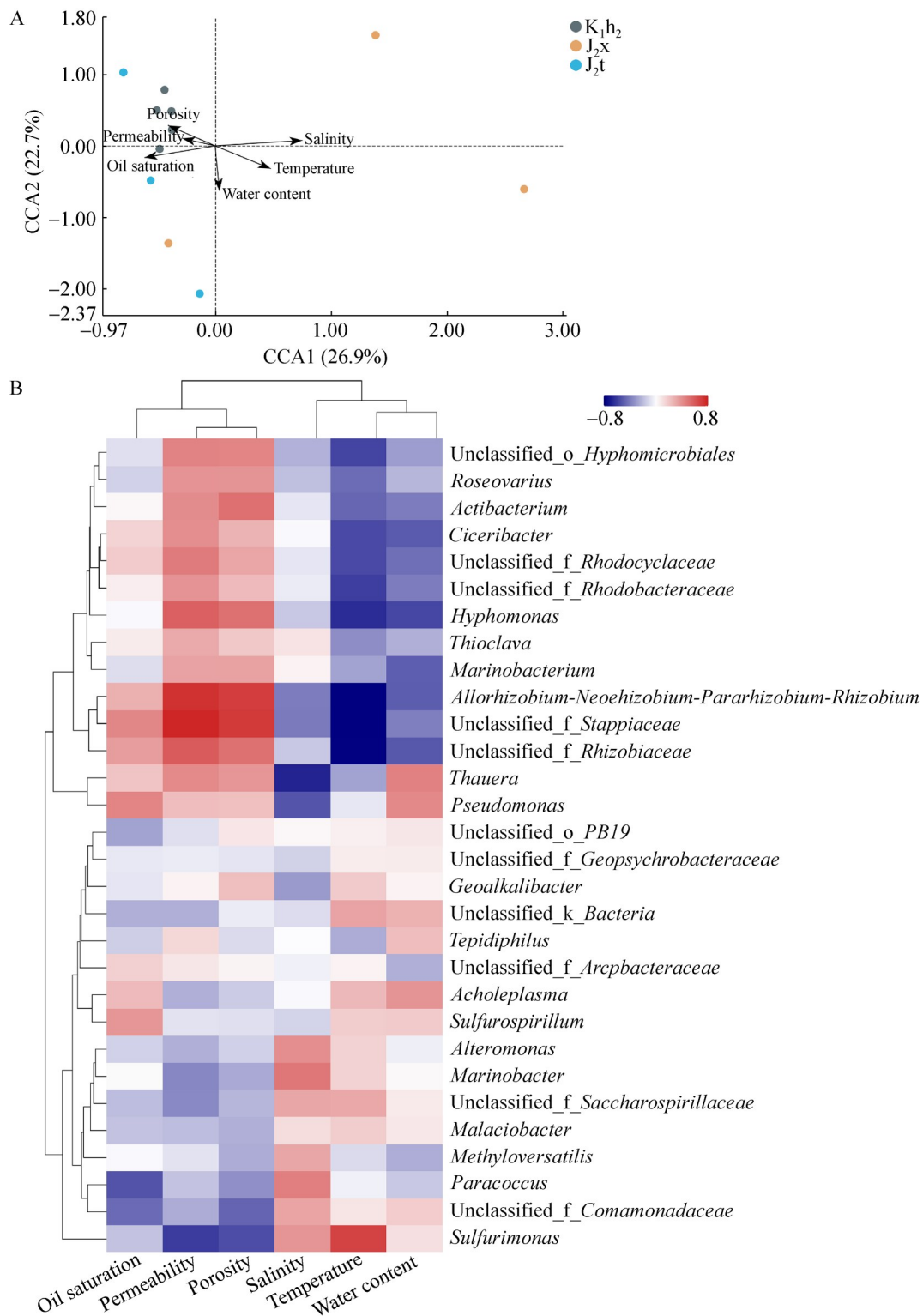


图4 环境因子对细菌群落的影响

Figure 4 Effects of environmental factors on bacterial communities; A: CCA analysis of environmental factors and bacterial communities; B: Environmental factor heatmap.

2.6 物种相关性网络分析

以丰度前 50 的菌属作为分析对象计算 Spearman 相关性, 选取相关系数阈值大于 0.8 且 *P* 值小于 0.05 的物种构建相关性网络图(图 5)。结果表明 31 个相互作用的菌属共形成了 7 个相关性网络, 组成 28 个边, 其中 23 个正相关, 5 个负相关, 涉及 11 个门。物种相关性分析中的主要核心菌门是假单胞菌门(*Pseudomonadota*), 涉及 4 个网络、10 个节点、6 条边。

2.7 K_1h_2 油藏内源微生物提高采收率潜力评价

由于 J_2x 和 J_2t 油藏样本间群落分布差异较大, 而 K_1h_2 油藏样本间物种分布相似性较高, 选择 K_1h_2 油藏样本分离潜在的内源驱油微生物更具应用潜力。在 K_1h_2 样本中分离出一株原油乳化效果最好的菌株, 其单菌落呈现黄绿色圆形凸起, 边缘光滑, 命名为 LD8 (图 6A)。经

16S rRNA 基因序列 BLAST 比对, 菌株 LD8 与铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*) DSM 50071、NBRC 12689、ATCC 10145 具有高度同源性, 被鉴定为铜绿假单胞菌(图 6B)。排油圈实验表明菌株 LD8 发酵液具有突出的表面活性(图 6C)。为评估内源铜绿假单胞菌在 K_1h_2 油藏中的驱油潜力, 基于油藏平均渗透率 ($1\ 100 \times 10^{-3}\ \mu\text{m}^2$) 制备了人造岩心, 并在 $37\ ^\circ\text{C}$ 、10 MPa 的模拟油藏环境中进行了岩心驱替实验。驱替结果表明, 菌株 LD8 在 0.5 PV 注入量下可提高采收率 9.61% (图 6D)。

3 讨论

受储层物性、流体物化条件、开发措施等多重因素影响, 不同油藏通常呈现出鲜明的菌群分布差异, 因此基于目标油藏现有微生物基础确定适宜的 MEOR 开发策略具有必要性。据

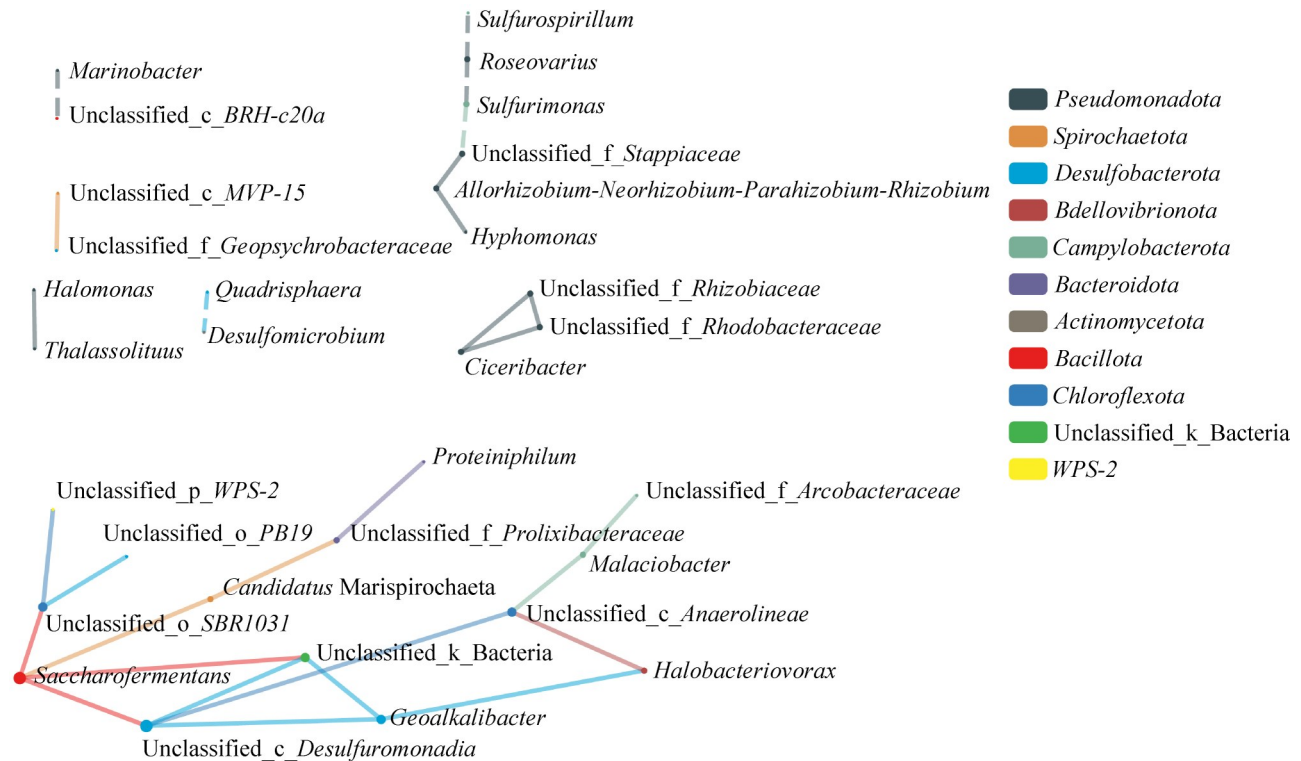


图5 细菌相关性网络

Figure 5 Network of bacterial genus correlations.

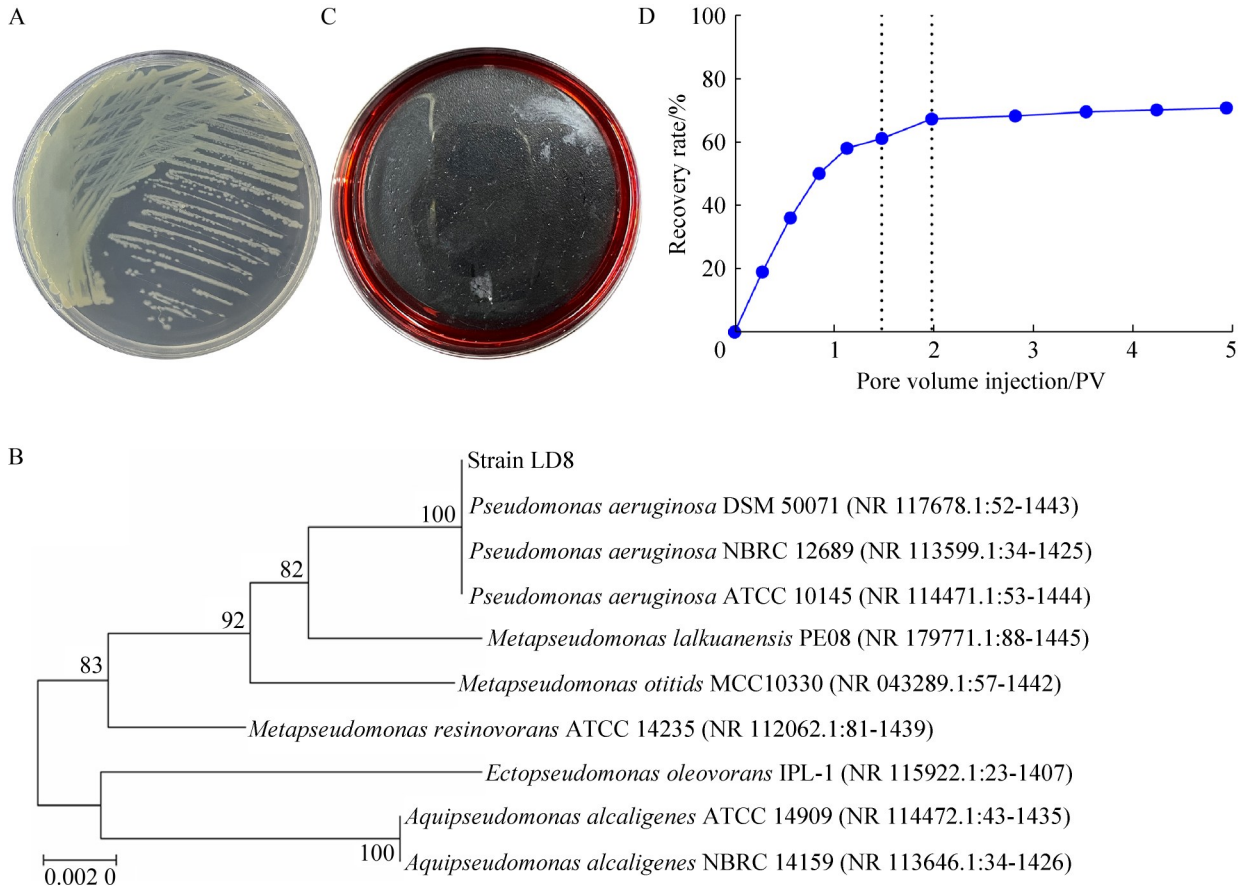


图6 铜绿假单胞菌LD8的提高采收率评价

Figure 6 Characterization of enhanced oil recovery by *Pseudomonas aeruginosa* LD8. A: The colony morphology; B: Phylogenetic tree stem from the 16S rRNA gene sequence; C: Oil-spreading result; D: Recovery rate during core flooding tests in 0.5 PV of strain LD8.

Wang 等^[3]报道, 鄂尔多斯盆地侏罗系高含水油藏中假单胞菌属 (15.74%)、硫化螺旋菌属 (9.94%)、脱硫棒状菌属 (*Desulfotignum*, 8.66%)、盐单胞菌属 (*Halomonas*, 6.80%) 占据优势, 而三叠系高含水油藏中的优势菌属为假单胞菌属 (33.54%)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*, 11.41%)、海小杆菌属 (*Marinobacterium*, 7.58%)、海杆菌属 (7.51%)。虽然群落结构有所不同, 但侏罗系和三叠系高含水油藏中占比最高的优势菌属均为假单胞菌属。相比之下, 尽管 K_{1h_2} 、 J_{2x} 、 J_{2t} 3 组样本之间存在 174 个共有 OTUs, 但在群落组成与优势功能菌群方面存在显著差异。本研究通过高通量测序技术系统解析新疆某油田

3 个主力油藏 (K_{1h_2} 、 J_{2x} 、 J_{2t}) 采出液中微生物群落的多样性、组成结构及其环境驱动机制, 并基于室内实验评估微生物驱油潜力, 为内源微生物驱油技术的推进提供依据。

K_{1h_2} 组 37 °C 的温和温度、95.2% 的超高含水率及 $1\ 801.9 \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$ 的高渗透率适合大量微生物生长繁殖, 因此 K_{1h_2} 组的 Shannon 指数和 Chao1 指数最高^[29]。长期注水形成的稳定水相环境为微生物提供了充足的生存空间与营养交换条件, 有利于维持群落多样性^[24]。该组中丰度较高的菌属, 如假单胞菌属、红细菌科未分类属和索氏菌属具有 MEOR 潜力, 例如假单胞菌属和副球菌属 (*Paracoccus*) 中的某些成员可以

分解芳香烃、烷烃并生成鼠李糖脂, 索氏菌属中的某些成员可以降解芳香烃并产生具有乳化活性的胞外多糖^[30-34]。LEfSe 分析表明, 异根瘤菌属、潘隆尼亚碱湖杆菌属、泥棒菌属、斯塔普氏菌属等在 K_1h_2 组中具有判别性。这些物种的最适温度普遍在 28–37 °C, 具备降解复杂有机物的能力, 多见于营养较丰富、环境相对稳定的生境, 表明该油藏或可通过营养激活策略定向富集内源驱油菌^[35-36]。

J_2x 组中, 样本之间 Bray-Curtis 距离普遍较高 (>0.89), 表明其群落结构离散性强, 可能与油藏非均质性或差异化历史开采有关。海杆菌属作为 J_2x 组的优势菌, 具有突出的耐温、耐盐和广谱石油烃降解能力, 其最适生长盐浓度普遍在 20–30 g/L 之间, 可耐受 50 °C 高温, 在高温高盐环境下具有突出的烃降解能力, 可作为储备的石油指示剂^[37-39]。此外, LEfSe 结果显示碱性嗜热铁还原的碱土菌属 (LDA=4.07) 及 *Desulfotomaculales* 目等硫酸盐还原菌在该组特异性富集, 表明该油藏可能处于强还原状态, 存在硫代谢活跃、 H_2S 腐蚀风险, 该油藏中微生物驱油的实施需特别关注硫酸盐还原菌的抑制^[40-43]。

J_2t 组中, 红细菌科未分类属、嗜微温菌属相对丰度较高, 其中红细菌科未分类属是兼具有机污染物降解和氮、磷去除能力的耐高温菌, 最高耐受温度可达 65 °C, 嗜微温菌属作为嗜热烃氧化细菌, 最适生长温度为 50–55 °C, 最高可耐受 61 °C 高温^[44-46]。此外, 嗜微温菌属 (LDA=5.07) 和伯克霍尔德氏菌目 (LDA=5.14) 作为生物标志物被 LEfSe 识别, 上述菌属均被报道具有降解芳香烃及长链烷烃的能力, 适用于高温油藏生物开发^[47-48]。此外, T1 样本在 β 多样性上与 K_1h_2 组相似度高, 且同样富含假单胞菌属, 表明该井位可能处于注水交叉区域, 具备与 K_1h_2 类似的 MEOR 应用条件。

K_1h_2 油藏优势菌属的驱油潜力较为突出且样本间群落分布差异较小, 因此该油藏有可能

通过提高内源驱油微生物占比而有效促进剩余油的开采。作为内源驱油细菌, 假单胞菌属不仅具有产生鼠李糖脂生物表面活性剂的潜力, 其在 K_1h_2 油藏样本中的平均占比达到了 7.18%, 表明该菌属在内源微生物中具有较强的竞争力, 在储层环境中具有较好的适应性。在 37 °C、10 MPa 的模拟油藏环境中, 分离自 K_1h_2 产出液的铜绿假单胞菌 LD8 在一次水驱的基础上提高驱替效率 9.61%, 使整体采出程度达到 70.76%, 表明针对性激活或强化注入内源驱油菌在 K_1h_2 油藏的持续开发中具有巨大应用潜力。

4 结论

某油田 K_1h_2 、 J_2x 和 J_2t 高含水油藏采出液的群落组成与优势功能菌群存在显著差异。油藏温度、矿化度、含水率及物性参数等环境因子共同影响了微生物群落的分化特征。 K_1h_2 组由于温和的温度、高含水和高渗透率形成了多样且稳定的细菌群落, 其中假单胞菌属、红细菌科未分类属整体占比较高。基于一株内源铜绿假单胞菌 LD8 的岩心驱替实验表明, 内源驱油微生物在该油藏的后续开发中具有突出的应用潜力。 J_2x 组因突出的矿化度特点有效富集了耐盐烃降解菌 *Marinobacter*, 但 *Desulfotomaculales* 目等硫酸盐菌的代谢活动可能加剧腐蚀风险。 J_2t 组以嗜微温菌属和伯克霍尔德氏菌目为主导, 可用于中高温油藏生物采油。 K_1h_2 、 J_2x 、 J_2t 油藏具备不同的微生物基础, 结合环境因子与菌群特征, 针对性激活驱油菌群有望长期改善井下菌群, 持续提高原油采收率, 推动油田的绿色高效开发。

作者贡献声明

马艳清: 数据处理及分析, 图表制作, 论文撰写和修改; 魏凤丹: 论文选题, 研究思路, 稿件修改和校对; 薛鹏: 数据处理, 图表制作, 稿件修改和校对; 刘晓丽: 研究思路, 数据分析; 吴丛文: 研究思路; 陈玉琨: 数据处理; 闫泽云: 数据处理, 图表制

作; 陈富林: 论文选题, 研究思路。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] 王香增, 杨红, 王伟, 李剑, 梁全胜. 延长油田低渗透油藏提高采收率技术进展[J]. 油气地质与采收率, 2022, 29(4): 69-75.
Wang XZ, Yang H, Wang W, Li J, Liang QS. Technical advancements in enhanced oil recovery in low permeability reservoirs of Yanchang Oilfield[J]. *Petroleum Geology and Recovery Efficiency*, 2022, 29(4): 69-75 (in Chinese).
- [2] Ke CY, Sun R, Wei MX, Yuan XN, Sun WJ, Wang SC, Zhang QZ, Zhang XL. Microbial enhanced oil recovery (MEOR): recent development and future perspectives[J]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2024, 44(6): 1183-1202.
- [3] Wang Y, Yang JY, Hu XX, Wang Y, Qin SQ, Fan JJ, He MP. Metagenomic analysis and core flooding reveals the indigenous bacterial community information and MEOR potential of the main water-drive low-permeability reservoir in the Ordos Basin[J]. *ACS Omega*, 2025, 10(22): 23272-23280.
- [4] Nikravesh H, Kazemzadeh Y, Hasan-Zadeh A, Safaei A. Microorganisms usage in enhanced oil recovery: mechanisms, applications, benefits, and limitations[J]. *The Canadian Journal of Chemical Engineering*, 2025, 103(4): 1654-1672.
- [5] He YL, Hu YJ, Huang H, Zeng H, Ni J, Dong H, Zhang F, She YH. Dynamic variations of oil components and microbial communities during indigenous microbial stimulation pilot study in low-permeability reservoirs[J]. *Energy Reports*, 2023, 9: 5155-5165.
- [6] Elumalai P, Parthipan P, Huang MZ, Muthukumar B, Cheng L, Govarthanam M, Rajasekar A. Enhanced biodegradation of hydrophobic organic pollutants by the bacterial consortium: impact of enzymes and biosurfactants[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 289: 117956.
- [7] D'Ugo E, Mukherjee A, Resitano M, Giuseppetti R, Fortini D, Matturro B, Chirico M, Pisanu ME, Tucci M, Pozzi R, Lovecchio N, Slawomir O, Iosi F, Villa L, Iorio E, Aulenta F, Viggì CC, Bertuccini L, Magurano F. Fishing out microorganisms for bioremediation using metagenomics: isolation and whole-genome sequencing of the metabolically versatile *Rhodococcus erythropolis* LP27217 strain from oil spill lake[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2025, 496: 139463.
- [8] Xu YY, Wei FD, Xu R, Cheng T, Ma YL. Characterization and genomic analysis of a nitrate reducing bacterium from shale oil in the Ordos Basin and the associated biosurfactant production[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2022, 10(6): 108776.
- [9] Wei FD, Xu R, Rao QY, Zhang SQ, Ma ZW, Ma YL. Biodegradation of asphaltenes by an indigenous bioemulsifier-producing *Pseudomonas stutzeri* YWX-1 from shale oil in the Ordos Basin: biochemical characterization and complete genome analysis[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2023, 251: 114551.
- [10] 王大威, 张健, 齐义彬, 马挺. 稠油降解菌的筛选及其对胶质降解作用[J]. 微生物学报, 2012, 52(3): 353-359.
Wang DW, Zhang J, Qi YB, Ma T. Isolation of viscous-oil degrading microorganism and biodegradation to resin[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2012, 52(3): 353-359 (in Chinese).
- [11] Tao WY, Lin JZ, Wang WD, Huang H, Li S. Biodegradation of aliphatic and polycyclic aromatic hydrocarbons by the thermophilic bioemulsifier-producing *Aeribacillus pallidus* strain SL-1[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, 189: 109994.
- [12] Purwasena IA, Amaniyah M, Astuti DI, Firmansyah Y, Sugai Y. Production, characterization, and application of *Pseudoxanthomonas taiwanensis* biosurfactant: a green chemical for microbial enhanced oil recovery (MEOR)[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14: 10270.
- [13] Yin J, Wei XX, Hu FT, Cheng CK, Zhuang XL, Song MY, Zhuang GQ, Wang F, Ma AZ. Halotolerant *Bacillus velezensis* sustainably enhanced oil recovery of low permeability oil reservoirs by producing biosurfactant and modulating the oil microbiome[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2023, 453: 139912.
- [14] Shaimerdenova U, Kaiyrmanova G, Lewandowska W, Bartoszewicz M, Swiecicka I, Yernazarova A. Biosurfactant and biopolymer producing microorganisms from West Kazakhstan oilfield[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14: 2294.
- [15] 林军章, 汪卫东, 胡婧, 吴晓玲, 谭晓明, 丁明山, 曹功泽. 胜利油田微生物采油技术研究与应用进展[J]. 油气地质与采收率, 2021, 28(2): 18-26.
Lin JZ, Wang WD, Hu J, Wu XL, Tan XM, Ding MS, Cao GZ. Progress in research and application of microbial enhanced oil recovery technology in Shengli Oilfield[J]. *Petroleum Geology and Recovery Efficiency*, 2021, 28(2): 18-26 (in Chinese).
- [16] 侯兆伟, 李蔚, 乐建君, 金锐, 窦绪谋. 大庆油田微生物采油技术研究及应用[J]. 油气地质与采收率, 2021, 28(2): 10-17.
Hou ZW, Li W, Le JJ, Jin R, Dou XM. Research and application of microbial enhanced oil recovery technology in Daqing Oilfield[J]. *Petroleum Geology and Recovery Efficiency*, 2021, 28(2): 10-17 (in Chinese).
- [17] Lourdes RS, Cheng SY, Chew KW, Ma ZL, Show PL. Prospects of microbial enhanced oil recovery: mechanisms and environmental sustainability[J]. *Sustainable Energy Technologies and Assessments*, 2022, 53: 102527.
- [18] Xiao H, Amir Z, Mohd Junaidi MU. Development of microbial consortium and its influencing factors for enhanced oil recovery after polymer flooding: a

- review[J]. *Processes*, 2023, 11(10): 2853.
- [19] Yernazarova A, Shaimerdenova U, Akimbekov N, Kaiyrmanova G, Shaken M, Izmailova A. Exploring the use of microbial enhanced oil recovery in Kazakhstan: a review[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1394838.
- [20] Bemani A, Kazemi A, Ahmadi M. An insight into the microorganism growth prediction by means of machine learning approaches[J]. *Journal of Petroleum Science and Engineering*, 2023, 220: 111162.
- [21] Maleki M, Kazemzadeh Y, Dehghan Monfared A, Hasan-Zadeh A, Abbasi S. Bio-enhanced oil recovery (BEOR) methods: all-important review of the occasions and challenges[J]. *The Canadian Journal of Chemical Engineering*, 2024, 102(7): 2364-2390.
- [22] 孙刚正, 钱钦, 胡婧, 王增林, 李希明, 汪卫东. 不同类型激活剂条件下沾3油藏内源微生物驱油规律研究[J]. *西安石油大学学报(自然科学版)*, 2019, 34(2): 78-85. Sun GZ, Qian Q, Hu J, Wang ZL, Li XM, Wang WD. Study on endogenous microorganism oil displacement law in Zhan 3 reservoir under different activators[J]. *Journal of Xi'an Shiyou University (Natural Science Edition)*, 2019, 34(2): 78-85 (in Chinese).
- [23] Qin ZH, Xu X, Xu FJ, Zhang Y, Su P, Shen CF. Developing the script “degenerate primer 111” to enhance the coverage of universal primers for the small subunit rRNA gene on target microorganisms[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1394303.
- [24] 曹功泽. 胜利油田水驱与聚合物驱油藏微生物群落特征差异[J]. *大庆石油地质与开发*, 2023, 42(3): 115-121. Cao GZ. Difference of microbial community characteristics between water flooding and polymer flooding reservoirs in Shengli Oilfield[J]. *Petroleum Geology & Oilfield Development in Daqing*, 2023, 42(3): 115-121 (in Chinese).
- [25] 任国领, 窦绪谋, 曲丽娜, 胡敏, 石沛, 李蔚, 侯兆伟, 郎亚军, 张奕婷. 低渗透油藏激活前后微生物群落结构及演替规律: 以大庆油田葡南X区块为例[J]. *大庆石油地质与开发*, 2023, 42(2): 108-115. Ren GL, Dou XM, Qu LN, Hu M, Shi P, Li W, Hou ZW, Lang YJ, Zhang YT. Microbial community structure and succession laws before and after activation of low-permeability reservoir: a case study of Block X in Punan area of Daqing Oilfield[J]. *Petroleum Geology & Oilfield Development in Daqing*, 2023, 42(2): 108-115 (in Chinese).
- [26] Li JY, Zhang X, Zhao XC, Gong GW, Li J, Dalai B, Mo ZR, Xu XJ, Jia XQ, Li YN, Lai J, Wang PL, Sun L, Liu YF, Luo XP. Characterising gut microbiome dysbiosis in diarrhoea calves from multiple farms in Inner Mongolia using 16S and metagenomics[J]. *Microbiome*, 2025, 13: 259.
- [27] Sun Y, Xu YH, Zhang JN, Bello A, Li X, Liu WY, Egbegu UU, Zhao LY, Han Y, Cheng LJ, Zhang WH, Meng QX, Bi RX, Zhao MM, Liu XD, Sun L, Gai ZX, Shi S, Jong C, Xu XH. Investigation of underlying links between nitrogen transformation and microorganisms' network modularity in the novel static aerobic composting of dairy manure by “stepwise verification interaction analysis” [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 883: 163674.
- [28] 魏启龙, 徐振淮, 张才安, 武贤娥, 段国钦, 梁子鹏, 王步天, 曲鹏, 葛宇, 杜华波. 基于高通量测序的橡胶树不同生态位微生物群落多样性分析[J/OL]. *南方农业学报*, 2025: 1-18. (2025-11-28). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=GXNY20251127001&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
- [29] Wei QL, Xu ZH, Zhang CA, Wu XE, Duan GQ, Liang ZP, Wang BT, Qu P, Ge Y, Du HB. High-throughput sequencing based analysis of microbial community diversity across ecological niches in *Hevea brasiliensis*[J/OL]. *Journal of Southern Agriculture*, 2025: 1-18. (2025-11-28). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=GXNY20251127001&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ> (in Chinese).
- [29] Zhi ZN, Bian ZW, Chen Y, Zhang XC, Wu YF, Wu HN. Horizontal and vertical comparison of microbial community structures in a low permeability reservoir at the local scale[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(12): 2862.
- [30] Kang DY, Lin H, Li Q, Su N, Cheng CK, Luo YJ, Zhang ZZ, Zhang ZY. Enhanced oil recovery in a co-culture system of *Pseudomonas aeruginosa* and *Bacillus subtilis*[J]. *Microorganisms*, 2024, 12(11): 2343.
- [31] Yun Y, Lv TH, Gui ZY, Su TQ, Cao WW, Tian XF, Chen Y, Wang SJ, Jia ZJ, Li GQ, Ma T. Composition and metabolic flexibility of hydrocarbon-degrading consortia in oil reservoirs[J]. *Bioresource Technology*, 2024, 409: 131244.
- [32] Jacoby C, Ebenau-Jehle C, Saum K, Jehmlich N, von Bergen M, Bröls T, Boll M. Genes and enzymes involved in the biodegradation of the quaternary carbon compound pivalate in the denitrifying *Thauera humireducens* strain PIV-1[J]. *Environmental Microbiology*, 2022, 24(7): 3181-3194.
- [33] Suri N, Gassara F, Stanislav P, Voordouw G. Microbially enhanced oil recovery by alkylbenzene-oxidizing nitrate-reducing bacteria[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1243.
- [34] Xu M, Fu XG, Gao Y, Duan LF, Xu CC, Sun WS, Li YX, Meng XZ, Xiao XF. Characterization of a biosurfactant-producing bacteria isolated from marine environment: surface activity, chemical characterization and biodegradation[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2020, 8(5): 104277.
- [35] Hou ZL, Mo F, Zhou QX, Gao DW, Zheng T, Tao ZX, Lu Y. Illuminating the nexus between non-biodegradable microplastics and soil nitrogen dynamics: a modulation through plant-derived organic matter[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2025, 491: 137913.
- [36] Ben-Israel M, Obregon D, Wanner P, Fernandes J, Burken JG, Aravena R, Parker BL, Haack EA, Tsao DT, Dunfield KE. Active phytoextraction of toluene shifts the microbiome and enhances degradation capacity in hybrid poplar[J]. *Journal of Environmental Management*, 2025, 373: 123910.
- [37] Cheng L, Zhu PB, Ke HJ, Hou SW, Luo Q, Lu XF. Metabolic versatility of *Marinobacter* and its biotechnological potential[J]. *Biotechnology Advances*, 2025, 83: 108650.

- [38] Al-Mur BA, Pugazhendi A, Jamal MT. Application of integrated extremophilic (halo-alkalo-thermophilic) bacterial consortium in the degradation of petroleum hydrocarbons and treatment of petroleum refinery wastewater under extreme condition[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 413: 125351.
- [39] Romanenko LA, Schumann P, Rohde M, Zhukova NV, Mikhailov VV, Stackebrandt E. *Marinobacter bryozoorum* sp. nov. and *Marinobacter sediminum* sp. nov., novel bacteria from the marine environment[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2005, 55(1): 143-148.
- [40] Yadav S, Singh R, Sundharam SS, Chaudhary S, Krishnamurthi S, Patil SA. *Geoalkalibacter halelectricus* SAP-1 sp. nov. possessing extracellular electron transfer and mineral-reducing capabilities from a haloalkaline environment[J]. *Environmental Microbiology*, 2022, 24(11): 5066-5081.
- [41] Zavarzina DG, Gavrilov SN, Chistyakova NI, Antonova AV, Gracheva MA, Merkel AY, Perevalova AA, Chernov MS, Zhilina TN, Bychkov AY, Bonch-Osmolovskaya EA. Syntrophic growth of alkaliphilic anaerobes controlled by ferric and ferrous minerals transformation coupled to acetogenesis[J]. *The ISME Journal*, 2020, 14(2): 425-436.
- [42] Xu HC, Ren LM, Jie WL, Zhang H, Zhao YS. Transformation of iron-minerals from natural aquifer media by sulfate-reducing bacteria: behavior, mechanism, and Cr(VI) removal[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 955: 177021.
- [43] Yin D, Fan CW, Sun SL, Dai QY, Wang K. Effect of iron-based materials on sulfide control in sewer systems[J]. *Water Research*, 2026, 291: 125231.
- [44] Duan YJ, Gao B, Liu JD, Wang XD, Sillanpää M, Mashifana T. The optimized operation mode in mature landfill leachate treatment based on EEM-PARAFAC-SOM[J]. *Waste Management*, 2025, 206: 115039.
- [45] Manaia CM, Nogales B, Nunes OC. *Tepidiphilus margaritifera* gen. nov., sp. nov., isolated from a thermophilic aerobic digester[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2003, 53(5): 1405-1410.
- [46] Shin YH, Kim JH, Suckhoom A, Kantachote D, Kim W. *Limibaculum halophilum* gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Rhodobacteraceae*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2017, 67(10): 3812-3818.
- [47] Sun Q, Yang ZS, Wang Q, Lv JS, Fan LW, Song X. Low-temperature thermally enhanced bioremediation of petroleum hydrocarbons in groundwater: performance and biogeochemical mechanisms[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2026, 503: 141172.
- [48] Yu Z, Groom J, Zheng Y, Chistoserdova L, Huang J. Synthetic methane-consuming communities from a natural lake sediment[J]. *mBio*, 2019, 10(4): e01072-19.