

塔里木盆地于奇低幅度构造 油气区土壤微生物特征

李武¹, 王国建¹, 闫欢², 贾宝迁³

1. 中国石化石油勘探开发研究院 无锡石油地质研究所, 江苏 无锡 214126;

2. 中国石化西北油田分公司 勘探开发研究院, 乌鲁木齐 830011;

3. 中国科学院微生物研究所, 北京 100101

摘要:为研究塔里木盆地于奇油气田土壤中微生物的多样性和群落结构特征,采用16S rRNA高通量测序技术,测试了于奇YQ5井东部的油气已知区(YQ-y)和YQ12井西部的油气目标区(YQ-wz)土壤中微生物16S rRNA V4区序列,比较分析了两个区块微生物的群落结构和多样性。YQ-y和YQ-wz两组样品绝大部分的微生物类群具有一致性。 α 和 β 多样性分析均表明,YQ-y和YQ-wz两组样品在物种丰度、多样性以及群落结构等方面具有很大的相似性。同时,解析了YQ-y和YQ-wz两组样品属水平排名前10的细菌,发现噬甲基菌属、拟杆菌属、类诺卡氏菌属和芽孢杆菌属是可利用油气藏兼性生长的常见微生物,而且两组样品中均发现大量的未知细菌,说明两组样品都蕴含了丰富的未知微生物资源。基于高通量测序分析,获得的于奇地区油气微生物多样性信息,YQ-y和YQ-wz两组样品整体上微生物类群非常接近,并初步探讨了于奇东部微生物异常点。

关键词:16S rRNA 测序;微生物多样性;群落结构;于奇地区;塔里木盆地

中图分类号:P632

文献标识码:A

Microbial characteristics of soil in low-amplitude structures in Yuqi area, Tarim Basin

LI Wu¹, WANG Guojian¹, YAN Huan², JIA Baoqian³

1. Wuxi Research Institute of Petroleum Geology, SINOPEC, Wuxi, Jiangsu 214126, China;

2. Exploration and Production Research Institute of Northwest Oilfield Branch, SINOPEC, Urumqi, Xinjiang 830011, China;

3. Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Abstract: High-throughput sequencing of microbial 16S rRNA gene has been conducted to explore microbial diversity and community structure in the Yuqi oil and gas reservoir sites of Tarim Basin. Soil samples were collected from Yuqi oil and gas reservoir sites (YQ-y) to the east of well YQ 5 and prospecting areas (YQ-wz) to the west of well YQ 12. Most of the two groups of sample have similar microbial community. Both α - and β -diversity analyses show that YQ-y and YQ-wz samples have great similarity in species abundance, diversity and community structure. Ten major hydrocarbon-oxidizing bacteria were identified in the YQ-y and YQ-wz samples, including *Methylophaga*, *Bacteroides*, *Nocardioideis*, and *Bacillus*. Moreover, a large number of unknown bacteria were noticed, indicating that both of the samples contain abundant unknown microbial resources. Oil and gas microbial diversity in the Yuqi area was obtained through high-throughput sequencing. The two groups of samples from YQ-y and YQ-wz areas have similar microbial community. Preliminary discussion on microbial anomaly in the eastern part of Yuqi was also carried out.

Key words: 16S rRNA sequencing; bacterial diversity; community structure; Yuqi area; Tarim Basin

油气微生物勘探技术以烃类向地表垂直运移为理论基础,通过研究近地表土壤层中微生物数量及多样性特征,从而反映地下深部油气藏的分布,该技

术可作为油气勘探的重要辅助手段^[1-11]。检测地表油气微生物数量和群落结构异常的方法,主要包括传统平板培养法、分子生物学技术以及高通量测序

收稿日期:2021-04-30;修订日期:2022-05-27。

作者简介:李武(1965—),男,博士,高级工程师,从事油气地球化学勘探与石油地质研究工作。E-mail:liwu.syky@sinopec.com。

通信作者:贾宝迁(1989—),男,硕士,助理研究员,从事石油微生物研究。E-mail:jiabq@im.ac.cn。

基金项目:国家自然科学基金项目“近地表轻烃来源判别模型及其油气勘探应用基础研究”(41872126)资助。

技术,近年来相关技术已在准噶尔盆地、塔里木盆地、四川盆地、柴达木盆地和松辽盆地等多个勘探区进行了生产应用,取得了很好的成效^[12-17]。

于奇地区是塔里木盆地塔河油区外围重要的油气勘探地区^[18]。油气源对比结果表明,该区油气来源与塔河主体区一致,主要来源于海相烃源岩。根据该区具体的油气地质条件和邻区勘探情况综合分析,于奇地区具备形成油气藏的地质条件,具有较大的勘探潜力。其中于奇西部地区钻探的 YQ3, YQ4, YQ5 等井相继在三叠—白垩系 3 个油组中获得油气发现,更说明于奇地区油气成藏条件优越,具有良好的油气勘探潜力^[18-20]。在于奇东部地区, YQ8 井区奥陶系油气藏是以岩溶缝洞型储集体控制的弹性+水驱动的凝析气藏。YQD1 井区与 YQ8 井区相邻,具有相似的构造背景和油气成藏地质条件,处于油气运移聚集的有利地区,而 YQD1 井至 YQ8 井目标区的油气勘探开发程度相对较低^[18-20]。因此,本文采用 16S rRNA 高通量测序技术,研究于奇地区微生物物种丰度、多样性、群落结构等特征,并探索于奇地区潜在的油气指示菌,同时也初步分析了 YQD1 井至 YQ8 井勘探目标的油气富集点,为于奇东部地区油气勘探提供参考。

1 材料和方法

1.1 样品采集

于奇地区位于塔里木盆地塔克拉玛干沙漠北缘,土壤多数为风沙土,十分干燥,地表植被稀疏,生物作用微弱,有机物质累积较少,而且人为活动不多,因此,人类活动和环境对土壤微生物的影响较小,适于开展油气微生物的研究工作。研究区土

壤样品采集部署如图 1 所示。YQ5 井东部为已知区(红色框),部署采样点 9 个(YQC1, 2, 3, 6, 8, 9, 11, 14, 16),命名为 YQ-y; YQ12 井西部为目标区(蓝色框),部署采样点 11 个(YQC24—34),命名为 YQ-wz, 两组样品共 20 个。采样点间距为 500 m, 每个采样点用取土钻钻取地表 90 cm 深度的土壤 200 g, 采样完成后用无菌袋密封, 放入低温冷藏箱保存, 运至实验室进行土壤微生物种群结构多样性分析^[21-22]。

1.2 土壤微生物总 DNA 提取及高通量测序

称取 0.5 g 土壤样品,按照 FastDNA SPIN Kit for Soil 试剂盒(MP Biomedicals, 美国)操作手册提取土壤中微生物总 DNA,并测定浓度和质量检测。DNA 样品委托上海美吉生物医药科技有限公司 Illumina Hiseq 2500 高通量测序平台进行 16S rRNA V4 区测序,扩增引物使用通用引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')与 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')^[21-22]。扩增条件为:95 °C, 3 min, (95 °C, 30 s; 55 °C, 30 s; 72 °C, 45 s) 30 个循环, 72 °C 10 min。扩增产物进行胶回收和定量后进行高通量测序。获得的测序数据进行质控、过滤、拼接、参考序列比对,最终获得优化序列。基于优化序列进行可操作分类单元(OTU)聚类分析和物种分类学注释,统计每个样品注释到各分类水平上的序列数目,明确各分类水平的整体注释情况。基于 OTU 聚类结果进行多样性分析、物种群落结构分析和物种差异分析^[23-28]。

2 实验结果

2.1 土壤中微生物 OTU 差异性比较

近地表土壤层中微生物组成可预测下伏油气

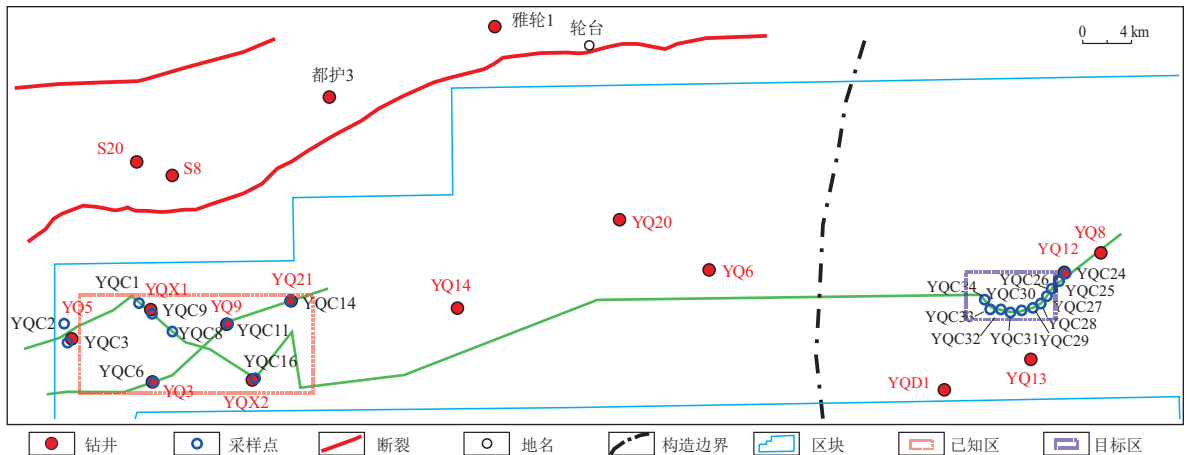


图 1 塔里木盆地于奇地区样品采样分布

Fig.1 Sampling locations in Yuqi area, Tarim Basin

藏的存在。为研究于奇地区土壤样品的微生物物种多样性等特征,以及 YQ-y 和 YQ-wz 两组的微生物有无差别,将于奇地区 20 个土壤样品进行高通量测序,基于 97% 的序列相似性将序列聚类成为可操作分类单元,最终获得了 1 691 种可分类的操作单元(OTU)。结果显示,两组土壤中所含微生物类群都很丰富,其中 YQ-y 和 YQ-wz 两组中共有的 OTU 种类 1 426 种, YQ-y 中特有的 OTU 种类 112 种, YQ-wz 中特有的 OTU 种类 153 种,两组土壤样品在整体水平上差异不明显,微生物类群具有相似性(图 2)。

2.2 土壤中微生物群落 α 多样性分析

在发现 YQ-wz 和 YQ-y 两组的物种组成具有一定的相似性、差异很小之后,进一步从整体群落角度全面研究和比较 YQ-y 和 YQ-wz 两组样品的 α 多样性特征,其中包括反映样本测序深度的实际 OTU 数(数值越高,表明样品物种丰富度越高)、物种丰富度指数 Chao1(数值越大,代表样本中所含物种越多)、综合体现物种丰度和均匀度的多样性指数(香农指数、辛普森指数)等(图 3)。从实际 OTU 数和 Chao1 指数结果判断, YQ-wz 组样品中细菌数量、物种数均高于 YQ-y 组样品,香农指数说明 YQ-wz 组样品群落多样性高于 YQ-y 组样品,而辛普森指数在两组中差异不明显。

2.3 土壤微生物群落的 β 多样性分析

生态系统中菌群各成员发挥功能受到各自临近的菌种以及环境因素影响。为了进一步研究 YQ-y 和 YQ-wz 两组样品的群落结构特点,利用物

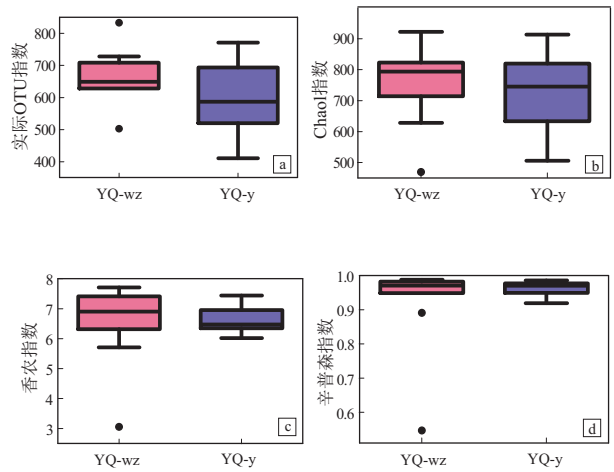


图 3 塔里木盆地于奇地区土壤样品 YQ-y 和 YQ-wz 两组样品 α 多样性指数

Fig.3 α diversity of soil samples from YQ-y and YQ-wz, Yuqi area, Tarim Basin

种群间的距离来评估样本间物种群落的差异程度,即 β 多样性分析。本文以主成分分析和非度量多维尺度分析结果进行展示。

主成分分析是一种研究数据相似性或差异性的可视化方法^[29], YQ-y 和 YQ-wz 两组的主成分分析结果见图 4。YQ-y 和 YQ-wz 两组样品,组内和组间样品的距离都很接近,除了 YQC27 和 YQC30 样品点,其他各组样品点都能聚集,说明整体上两组的群落组成具有相似性,个别样品点特殊。

为了更进一步反映 YQ-y 和 YQ-wz 两组样品组间的细菌群落构成情况,采用非度量多维尺度分析,该分析是一种简化的以低维空间反映多维空间样本之间关系的数据分析方法,并用点的形式展示

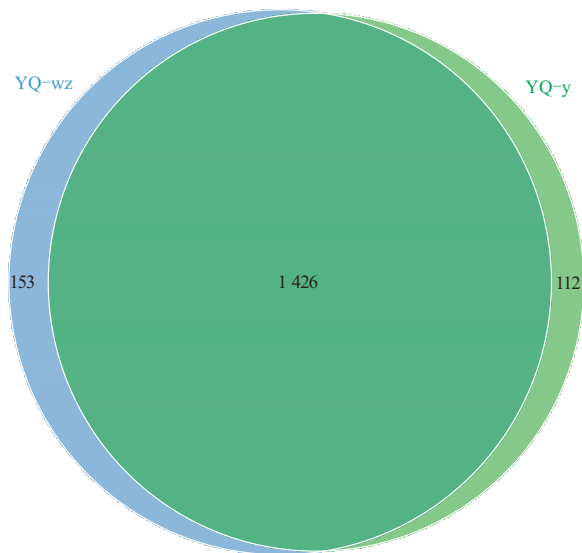


图 2 塔里木盆地于奇地区土壤样品中微生物 OTU 韦恩图

Fig.2 Venn diagram of OTU numbers based on 16SrRNA gene sequence in Yuqi soil samples, Tarim Basin

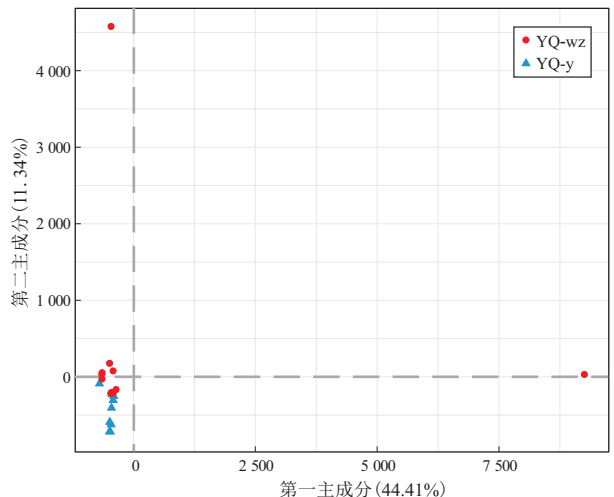


图 4 塔里木盆地于奇地区土壤样品中细菌群落主成分分析

Fig.4 PCA analysis of bacterial community structures in Yuqi soil samples, Tarim Basin

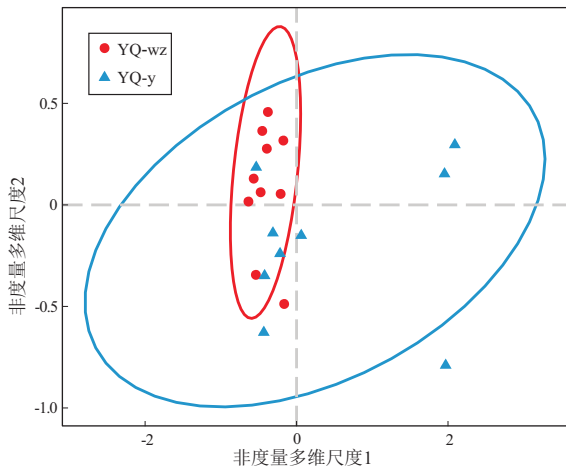


图 5 塔里木盆地于奇地区样品微生物群落组成非度量多维尺度分析

Fig.5 NMDS analysis of bacterial community structures in Yuqi soil samples, Tarim Basin

在二维平面图中,点与点的距离代表样品之间的差异程度(图 5)。结果显示,除 YQ-y 三个样品点,其他样品点的差异程度较小,也说明整体上两组的群落组成是相似的。

2.4 不同分类水平下土壤微生物的差异

上述结果表明两组样品整体微生物类群差异不大,但各样本在某一分类学水平上含有的微生物种类及其相对丰度(所占比重)可能存在差异,而不同物种的丰度也是反映含油气性以及油气指示菌的重要方式。为了研究于奇地区两组样本的物种分布以及物种丰度信息,综合统计了各样品的 OTU 聚类和注释结果,汇总每个样品注释到门和属分类水平上的序列数目,由此了解两组样品在门和属分类水平的整体注释情况。

根据物种注释结果,首先选取于奇地区两组样品在门水平丰度排名前 10 的物种,以叠加柱形图直观展示各物种在门水平所占比例(图 6)。结果显示,于奇两组土壤样品中相对丰度排名前 10 的优势细菌分别为放线菌门(*Actinobacteria*),变形菌门(*Proteobacteria*),芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*),拟杆菌门(*Bacteroidetes*),绿弯菌门(*Chloroflexi*),厚壁菌门(*Firmicutes*),广古菌门(*Euryarchaeota*),浮霉菌门(*Planctomycetes*),酸杆菌门(*Acidobacteria*),疣微菌门(*Verrucomicrobia*)。其中,YQ-y 组的芽单胞菌门(灰色)和拟杆菌门(黄色)比例较高,YQ-wz 组的变形菌门(橘色)和绿弯菌门(浅蓝)比例较高,而且两组中均有大量的未知菌门,说明两组样品的微生物资源非常丰富;而且许多已知的油气指示菌属于芽单胞菌门和变形

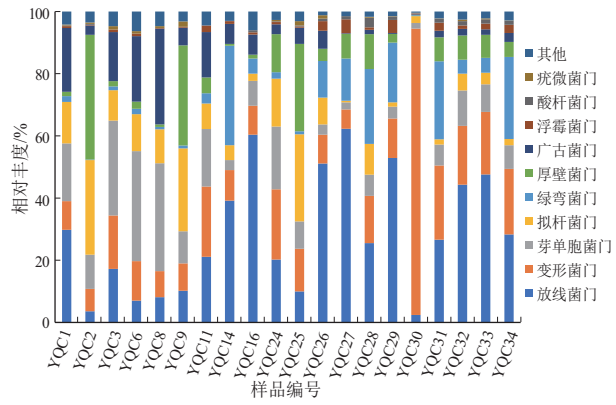


图 6 塔里木盆地于奇地区土壤样本中门水平物种相对丰度

Fig.6 Distribution of relative abundance of top 10 phyla in Yuqi soil samples, Tarim Basin

菌门,提示 YQ-wz 组样品含有油气的可能性很大。特别是 YQC-30 样品点,虽然在主成分分析(PCA 分析)中差异较大,但其含有非常高丰度的变形菌门,可能存在油气指示菌,需要进一步分析其含油气性。

为深入研究于奇地区土壤样品中微生物相对丰度,明确是否存在油气指示菌,又进一步比较了两组样品中微生物在属水平相对丰度(图 7),发现于奇地区有大量的未知细菌,占土壤细菌总数的 80%以上,说明于奇地区微生物资源丰富。于奇土壤样品中在属水平比例较高的菌主要是噬甲基菌属(*Methylophaga*),拟杆菌属(*Bacteroides*),类诺卡氏菌属(*Nocardioideis*),粪杆菌属(*Faecalibacterium*),普雷沃氏菌属 9(*Prevotella 9*),芽孢杆菌属(*Bacillus*),糖多孢菌属(*Saccharopolyspora*),盐单胞菌属(*Halomonas*),嗜盐芽孢杆菌属(*Halobacillus*),海杆菌属(*Marinobacter*)等,其中噬甲基菌属、拟杆菌属、

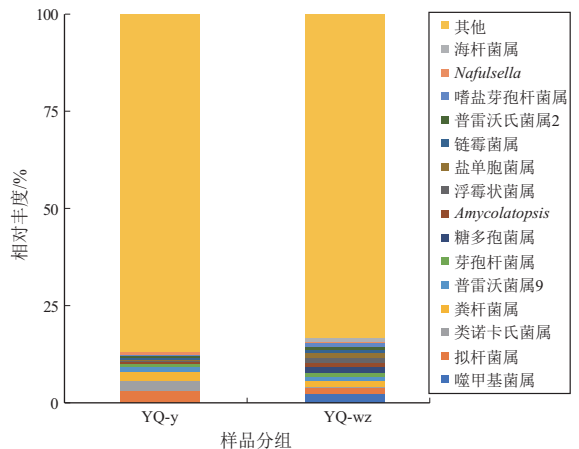


图 7 塔里木盆地于奇地区 YQ-y 和 YQ-wz 两组土壤样品中属水平物种相对丰度

Fig.7 Distribution of relative abundance of top 10 genus in YQ-y and YQ-wz samples, Yuqi area, Tarim Basin

(NMDS)发现 YQC27 样品点群落组成差异较大。以 YQ-y 组样品为油气已知区综合分析 YQ-wz 组样品点,除 YQC31 和 YQC34 样品点与 YQ-y 组样品点差异较大以外,其他样品点与 YQ-y 组样品点群落结构相似,含油气的可能性都很高,需要结合地质资料和化探手段综合分析评估;YQC31 和 YQC34 两个土壤样品含油气的可能性相对较小,这有待进一步深入分析和研究以确定其含油气性。

3 结论和讨论

(1)塔里木盆地于奇地区于奇西(YQ-y)和于奇东(YQ-wz)两组样品中所含微生物均很丰富,且共有 OTU 种类占绝对优势。YQ-wz 组所包含的 OUT 种类、物种数和 α 多样性略高于 YQ-y 组。 β 多样性分析发现两组中多数样品点均能够聚类,仅个别样品点差异较大。

(2)于奇两组样品中微生物群落结构具有相似性,在门水平丰度由高到低依次为:放线菌门、变形菌门、芽单胞菌门和拟杆菌门。在属水平丰度由高到低依次为:噬甲基菌属、拟杆菌属、类诺卡氏菌属、芽孢杆菌属、糖多孢菌属、盐单胞菌属、嗜盐芽孢杆菌和海杆菌属,其中噬甲基菌属、类诺卡氏菌属和芽孢杆菌属是可利用烷烃兼性生长的常见微生物。此外,于奇两组样品蕴含大量的未知微生物资源,未知微生物相对丰度占比 80% 以上。

(3)将细菌 16S rRNA 高通量测序技术应用于塔里木盆地于奇勘探区,初步掌握了该地区土壤微生物物种多样性和群落结构等特征。在今后研究中需进一步结合地质资料,考虑地表环境差异因素,增加油气井上方微生物分析数据,建立规范化和标准化的油气微生物数据库,促进微生物勘探技术的发展应用。

参考文献:

- [1] 汤玉平,顾磊,许科伟,等.油气微生物勘探机理及应用[J].微生物学通报,2016,43(11):2386-2395.
TANG Yuping, GU Lei, XU Kewei, et al. Research and application of microbial exploration for oil and gas [J]. Microbiology China, 2016, 43(11): 2386-2395.
- [2] 汤玉平,许科伟,顾磊,等.油气微生物勘探理论与技术研究进展[J].石油实验地质,2021,43(2):325-334.
TANG Yuping, XU Kewei, GU Lei, et al. Recent progress in the theory and technology of microbial prospecting for oil and gas [J]. Petroleum Geology & Experiment, 2021, 43(2): 325-334.
- [3] SINGH N K, CHOUDHARY S. Bacterial and archaeal diversity in oil fields and reservoirs and their potential role in hydrocarbon recovery and bioprospecting [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, 28(42): 58819-58836.
- [4] 梅海,林壬子,梅博文,等.油气微生物检测技术:理论和实践和应用前景[J].天然气地球科学,2008,19(6):888-893.
MEI Hai, LIN Renzi, MEI Bowen, et al. Microbial oil-gas detection technologies: theory, practice and application prospect [J]. Natural Gas Geoscience, 2008, 19(6): 888-893.
- [5] REDMOND M C, VALENTINE D L, SESSIONS A L. Identification of novel methane-, ethane-, and propane-oxidizing bacteria at marine hydrocarbon seeps by stable isotope probing [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(19): 6412-6422.
- [6] 林军章,汪卫东,胡婧,等.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 Junzhang, WANG Weidong, HU Jing, et al. Progress in research and application of microbial enhanced oil recovery technology in Shengli Oilfield [J]. Petroleum Geology and Recovery Efficiency, 2021, 28(2): 10-17.
- [7] 曹军,周进松,银晓,等.微生物地球化学勘探技术在黄土原地貌区油气勘探中的应用[J].特种油气藏,2020,27(5):53-60.
CAO Jun, ZHOU Jinsong, YIN Xiao, et al. Application of microbial geochemical exploration technology in oil and gas exploration in Loess Tableland regions [J]. Special Oil & Gas Reservoirs, 2020, 27(5): 53-60.
- [8] 顾磊,许科伟,汤玉平,等.基于高通量测序技术研究页岩气区上方微生物多样性[J].石油实验地质,2020,42(3):443-450.
GU Lei, XU Kewei, TANG Yuping, et al. Microbial diversity above a shale gas field using high-throughput sequencing [J]. Petroleum Geology & Experiment, 2020, 42(3): 443-450.
- [9] 温静,肖传敏,郭斐,等.高凝油藏微生物驱提高采收率实验研究[J].特种油气藏,2020,27(6):127-132.
WEN Jing, XIAO Chuanmin, GUO Fei, et al. Experimental research on microbial flooding technology for enhancing oil recovery in high-pour-point reservoirs [J]. Special Oil & Gas Reservoirs, 2020, 27(6): 127-132.
- [10] 汪卫东.微生物采油技术研究进展与发展趋势[J].油气地质与采收率,2021,28(2):1-9.
WANG Weidong. Research advance and development trend in microbial enhanced oil recovery technology [J]. Petroleum Geology and Recovery Efficiency, 2021, 28(2): 1-9.
- [11] 侯兆伟,李蔚,乐建君,等.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 Zhaowei, LI Wei, LE Jianjun, et al. Research and application of microbial enhanced oil recovery technology in Daqing Oilfield [J]. Petroleum Geology and Recovery Efficiency, 2021, 28(2): 10-17.
- [12] 刘雅慈,何泽,张胜,等.油气田土壤甲烷氧化菌实时荧光定量 PCR 检测技术的建立与应用[J].微生物学通报,2014,41(6):1071-1081.
LIU Yaci, HE Ze, ZHANG Sheng, et al. Development and application of a fluorescent quantitative real-time PCR technique for detection of methane-oxidizing bacteria in oil and gas field soil [J]. Microbiology China, 2014, 41(6): 1071-1081.

- [13] DENG Yue, DENG Chunping, YANG Jinshui, et al. Novel butane-oxidizing bacteria and diversity of *bmoX* genes in Puguang gas field [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 1576.
- [14] 张春林, 庞雄奇, 梅海, 等. 微生物油气勘探技术在岩性气藏勘探中的应用: 以柴达木盆地三湖坳陷为例 [J]. *石油勘探与开发*, 2010, 37(3): 310-315.
- ZHANG Chunlin, PANG Xiongqi, Mei Hai, et al. Application of microbial oil surveying to exploration of lithologic gas reservoirs: a case from the Sanhu Depression, Qaidam Basin, NW China [J]. *Petroleum Exploration And Development*, 2010, 37(3): 310-315.
- [15] 张敏, 何泽, 杜建军, 等. 苏干湖盆地连续电磁剖面 and 微生物基因定量油气勘探 [J]. *地质与勘探*, 2017, 53(6): 1197-1207.
- ZHANG Min, HE Ze, DU Jianjun, et al. Application of continuous electromagnetic profiling and quantitative detection of gene technique to oil and gas exploration in the Suga Lake Basin [J]. *Geology and Exploration*, 2017, 53(6): 1197-1207.
- [16] 杨帆, 沈忠民, 汤玉平, 等. 准噶尔盆地春光探区油气微生物指示 [J]. *石油学报*, 2017, 38(7): 804-812.
- YANG Fan, SHEN Zhongmin, TANG Yuping, et al. Hydrocarbon microbial prospecting in Chunguang exploration area, Junggar Basin [J]. *Acta Petrolei Sinica*, 2017, 38(7): 804-812.
- [17] 顾磊, 许科伟, 汤玉平, 等. 基于高通量测序技术研究玉北油田上方微生物多样性 [J]. *应用与环境生物学报*, 2017, 23(2): 276-282.
- GU Lei, XU Kewei, TANG Yuping, et al. Microbial diversity in Yubei Oil field determined by high-throughput sequencing [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2017, 23(2): 276-282.
- [18] 廖志勇, 康仁东, 曹远志. 于奇地区中生界油气成藏条件及聚集规律 [J]. *石油实验地质*, 2016, 38(S1): 83-86.
- LIAO Zhiyong, KANG Rendong, CAO Yuanzhi. Reservoir formation conditions and accumulation laws in Mesozoic in Yuqi area [J]. *Petroleum Geology & Experiment*, 2016, 38(S1): 83-86.
- [19] 韩勇, 徐浩. 塔河油田于奇地区断裂体系特征研究 [J]. *石油地质与工程*, 2020, 34(3): 7-12.
- HAN Yong, XU Hao. Characteristics of fault system in Yuqi area of Tahe oilfield [J]. *Petroleum Geology and Engineering*, 2020, 34(3): 7-12.
- [20] 旷理雄, 郭建华, 黄太柱, 等. 塔里木盆地于奇地区奥陶系碳酸盐岩成藏条件及成藏模式 [J]. *石油勘探与开发*, 2007, 34(3): 299-303.
- KUANG Lixiong, GUO Jianhua, HUANG Taizhu, et al. Petroleum accumulation in Ordovician carbonate rocks of Yuqi region in Akekule uplift, Tarim Basin [J]. *Petroleum Exploration and Development*, 2007, 34(3): 299-303.
- [21] 闫亮, 季苗, 贾宝迁, 等. 塔里木盆地顺北断溶体油气藏微生物特征及有利区预测 [J]. *石油与天然气地质*, 2020, 41(3): 576-585.
- YAN Liang, JI Miao, JIA Baoqian, et al. Microbial characteristics of Shunbei faulted-karst reservoirs and prediction of play fairways, Tarim Basin [J]. *Oil & Gas Geology*, 2020, 41(3): 576-585.
- [22] 闫亮, 贾宝迁, 季苗, 等. 塔里木盆地新和地区低幅度构造油气微生物特征及有利目标区预测 [J]. *石油实验地质*, 2020, 42(6): 1001-1008.
- YAN Liang, JIA Baoqian, JI Miao, et al. Microbial characteristics of low-amplitude structures and prediction of favorable target areas in Xinhe area, Tarim Basin [J]. *Petroleum Geology & Experiment*, 2020, 42(6): 1001-1008.
- [23] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5): 335-336.
- [24] BOLYEN E, RIDEOUT J R, DILLON M R, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2 [J]. *Nature Biotechnology*, 2019, 37(8): 852-857.
- [25] ONDOV B D, BERGMAN N H, PHILLIPPY A M. Interactive metagenomic visualization in a web browser [J]. *BMC Bioinformatics*, 2011, 12(1): 385.
- [26] SCHLOSS P D, WESTCOTT S L, RYABIN T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(23): 7537-7541.
- [27] QUAST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41(Database issue): D590-D596.
- [28] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-998.
- [29] 张继伟. 基于主成分分析的页岩油有利区评价: 以仪陇—平昌地区大安寨段为例 [J]. *断块油气田*, 2021, 28(1): 28-32.
- ZHANG Jiwei. Evaluation of favorable areas of shale oil based on principal component analysis: taking Daanzhai member of Yilong-Pingchang area as an example [J]. *Fault-Block Oil and Gas Field*, 2021, 28(1): 28-32.

(编辑 黄娟)