

油气微生物勘探理论与技术研究进展

汤玉平, 许科伟, 顾磊, 杨帆, 高俊阳, 任春, 王国建

(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)

摘要:在油气藏中轻烃微渗漏机理的基础上,开展了油气微生物勘探技术研究。油气藏中的轻烃部分(C_1-C_5)以微渗漏的形式穿过其上方的地层,在近地表土壤中引发了专门以轻烃为食的微生物的发育,因此含油气区地表的微生物在浓度、种群和结构方面,都跟下伏无油气藏的地区有所区别。通过分析这些异常特征,可以对油气富集区及油气藏进行研究和预测。近年来,开展了一系列技术与理论探索,建立了分子生物学检测方法,实现了从油气指示微生物数量向群落结构、群落演替规律的研究,建立了群落解析技术。持续三年的人工模拟结果表明,不同烃类组分驯化下微生物及群落结构出现明显差异性和响应关系,发现的菌种与实际油气藏上方的高度一致,为微生物勘探提供了理论支持。针对不同地理条件、不同油气藏类型的油气区样品,进行了环境条件、油气地球化学与油气微生物类群分布的相关性研究,分析了油气藏地表土壤样品原位的微生物特征,初步构建了我国主要含油气盆地油气指示菌数据库。应用研究表明,地表微生物异常与油气藏位置呈现较好的关联性,在各种不同类型油气藏上方微生物异常都能很好地体现油气藏的“生理体征”。结合石油地质和地球物理资料,油气微生物勘探技术可以有效预测有利油气富集区,具有良好的勘探应用前景。由此提出了下一步油气微生物勘探九大发展趋势和方向。

关键词:微生物勘探;微生物群落;数据库;人工模拟

中图分类号:TE135

文献标识码:A

Recent progress in the theory and technology of microbial prospecting for oil and gas

TANG Yuping, XU Kewei, GU Lei, YANG Fan, GAO Junyang, REN Chun, WANG Guojian

(Wuxi Research Institute of Petroleum Geology, SINOPEC, Wuxi, Jiangsu 214126, China)

Abstract: Microbial prospecting for oil and gas (MPOG) is a surface exploration technology derived from the principle of light hydrocarbon micro-seepage from oil and gas reservoirs. The light hydrocarbons (C_1-C_5) in oil and gas reservoirs permeate the overlying sedimentary layer in the way of micro-seepage, which induces the growth of microorganisms specializing in the consumption of light hydrocarbons in near-surface soil. As a result, the microbial concentration and community structure in oil and gas areas will be different from that without underlying oil and gas reservoirs. By analyzing the abnormal characteristics of microbial concentration and community structure, the oil and gas enrichment areas and oil and gas reservoirs are predicted. In recent years, the research team has established sample acquisition and pretreatment techniques for different geomorphology and surface types, and combined with traditional culturing and molecular biology methods, the precise diagnosis of oil and gas from the perspective of both hydrocarbon indication microorganism quantity and community structure is realized. The artificial simulation results lasting three years show that there are obvious differences and responsive relationships between the microorganisms and community structure under the acclimation of different hydrocarbon components. The strains found are consistent with the actual oil and gas reservoir, providing a theory basis for microbial exploration. In addition, the correlation among environmental conditions, hydrocarbon geochemistry and hydrocarbon microbial group distribution was studied using different oil and gas reservoir types and different geographical conditions. The rule of microbial community in situ of oil and gas reservoir samples was analyzed, and a database of oil and gas indicators in typical oil and gas basins in China was preliminarily constructed. The results showed that the surface microbial anomaly was closely related to the location of oil and gas reservoirs, and can reflect the characteristics of oil and gas reservoirs of different types. Combined with petroleum geology and

收稿日期:2020-03-22;修订日期:2020-12-17。

作者简介:汤玉平(1961—),男,博士,教授级高级工程师,从事油气微生物地球化学勘探研究。E-mail: tangyuping.syky@sinopec.com。

基金项目:国家自然科学基金(41202241,41872126)和中国石化科技攻关项目(P11058,P14042,P16047)联合资助。

geophysical data, the microbial exploration technology can effectively predict the favorable enrichment areas of oil and gas. This paper also presents nine development trends of MPOG.

Key words: microbial prospecting; microbial community; database; artificial simulation

当代微生物学和分子生物学的迅速发展,为开展微生物与油气之间的相关性研究提供了技术支持,推动了微生物勘探技术的发展。近年来,油气微生物勘探技术逐渐被勘探家重视,其理论方法研究和勘查思路方面也有了较大的创新。本文就国内外近几年油气微生物勘探进展结合笔者所在课题组的勘探实践作一简要评述。

1 油气微生物检测技术研究进展

大量的油气指示微生物可能是难培养微生物,无法通过纯培养技术开展研究^[1-2]。21 世纪以来,分子生态学技术飞速发展,特别是近年来得到广泛关注的“稳定性同位素核酸探针”(DNA/RNA-SIP)技术,使得研究者能利用该技术原位示踪较复杂环境下的油气指示微生物核酸(DNA/RNA),从分子水平对油气生成过程中的活性微生物群落演化开展研究,明确鉴别油气微生物种类,扩充油气微生物遗传数据库,优化微生物勘探精度。目前,有关甲烷氧化菌的 DNA/RNA-SIP 研究已经相对比较成熟,人们已经能够准确地提取在甲烷渗漏点原位真实起作用的微生物信息,包括那些不可培养的微生物^[3]。有报道表明,在降解轻烃的过程中,细菌种类和数量随烷烃链长增加而线性增加,且整个群落往往呈现专性、兼性和辅助菌并存的状态^[4]。目前仅有美国加州大学 Valentine 研究小组对其做过较为系统的研究^[1-2]。他们通过测定碳、氢稳定同位素的分馏效应,找到了 C₂—C₄ 在圣芭芭拉海域微渗漏点被微生物好氧降解的地球化学证据,并且估算了其降解程度。为找到更直接的证据,该课题组随后采用稳定同位素核酸探针,成功检测到了油气渗漏点的高活性短链烃氧化微生物。在了解原位油气指示微生物种类之后,可以针对特定的微生物种属设计引物或探针,只检测其中 1~2 种活性较高的关键微生物,这样可以提高实际勘探的准确性和特异性。

1.1 建立分子生物学(免培养)检测技术

目前油气微生物勘探技术仍以传统培养方法为主,即把整个土壤微生物群落视作“黑箱”,通过一段时间的充气培养后,比较油气区和背景区之间上述两类微生物数量和活性的差异,而对油气微生物在微渗漏原位的生态特征却知之甚少。油气微

生物,特别是难培养微生物的发育,大概率伴随有漫长的油气藏地质历史过程,因而,自然条件下的油气藏指示微生物大多长期处于贫营养的状态,属于难培养微生物,实验室内采用平板法和最大概率法均难以准确识别难培养油气资源指示微生物的变化特征,很可能会严重低估其真实的多样性水平,忽略未培养微生物的贡献。因此,仅通过研究可培养的烃氧化菌异常来预测下伏油气藏的存在是不全面、不精确的,需要建立免培养的分子生物学检测技术。

英国 Environgene 公司分别在兰开夏郡和巴伦支海南部进行了分子生物学技术试验性研究,并申报两项国际专利;分别选用了甲烷单加氧酶基因和烷烃单加氧酶基因对已知油气田进行了定量解析,经过归一化后的油气基因与油气藏范围和生产井位置基本吻合;采用微生物勘探方法在中非裂谷盆地某区块进行圈闭含油评价,通过检测地表油气基因丰度,所得的微生物异常与实际钻探结果吻合程度很高。中国地质科学院水文地质环境地质研究所所在普光气田利用丁烷氧化基因 *bomX* 也取得了较好的指示效果^[5]。

笔者所在课题组构建了国际认可的油气基因定量标准样(甲烷氧化菌 *pmoA* 基因和烃氧化菌 *alkB* 基因),定量检测样品中的油气相关基因的丰度,编制了应用检测标准,建立了分子生物学检测技术,应用研究表明效果良好^[6-7]。使得不同来源和不同批次的样品可以相互比较,保证了工业化检测的稳定性,与培养法共同应用,可大大提高勘探技术的可靠性。

1.2 探索油气微生物群落解析技术

借助高通量测序及生物信息学技术,可以原位分析地质生态系统的微生物群落发育特征^[8-9],从微生物群落整体的角度表征特定油气指示微生物的变化,不再局限于单一油气微生物的研究,而是走向群落及综合系统的地质微生物研究,是微生物勘探技术的发展趋势。笔者所在课题组经过攻关,在油气基因定量的基础上,采用分子指纹、稳定性同位素探针和高通量测序等一系列先进的分子生物学技术,集成了现代生物学技术的最新成果,初步建立了全新的油气指示微生物群落解析技术。该技术无需培养,可以准确、全面地诊断出不同样

品间油气指示微生物群落之间的差别,稳定性和准确性较高,为油气微生物勘探技术提供了新思路(图1)。

1.3 构建较为完善的微生物勘探技术体系

在建立高效油气微生物检测技术的基础上,构建了较为完善的微生物勘探技术体系,包括样品采集、分析检测、环境校正、综合解释等。在中国石化各大油气田取得了较好的应用效果,完善了我国油气地球化学勘探技术序列。油气微生物勘探技术与常规化探、物探、地质等结合使用,可以提高勘探成功率。

1.3.1 微生物与各类指标结合

微生物勘探和传统油气化探都是在轻烃垂直微渗漏理论的基础上发展起来的。其不同在于,微渗漏引起的微生物异常通常表现为顶端异常,且微生物对油气藏渗漏轻烃的改造及分配有显著影响。此外,现今的烃渗漏才会引发微生物异常,历史的烃渗漏则没有效用^[10]。因此,通过微生物勘探发现的油气渗漏异常,对油气勘探具有现实意义。而烃类检测指标则具有较高灵敏度,且可对下伏油气流体性质进行鉴定^[11-12]。张春林等^[13]结合微生物和常规化探的优势,在四川盆地镇巴区块长岭—龙王沟地区开展了研究。宏渗漏微生物及烃检测异常指标通常呈线状分布,烃浓度较高,C₆₊较多,烷烃/烯烃值较高;而微渗漏微生物异常指标则呈散乱分布,烃浓度较低,C₆₊较少,烷烃/烯烃值较低,有效地识别了烃类微渗漏与宏渗漏区域。此外,油气勘探中发现油气异常通常与磁化率异常具

有较好的对应关系,而且有些油气藏上部地层中出现磁性矿物(主要是磁铁矿和磁黄铁矿)的聚集,而这些磁性矿物有很大一部分是由趋磁细菌产生的,笔者注意到最近已有研究人员通过趋磁细菌来快速诊断土壤石油烃污染状况^[14],那么在油气藏上方的趋磁细菌是否可以作为另一种类型的油气指示微生物尚有待研究。值得注意的是,地表植被和微量元素也可能是非常好的辅助指标,阿根廷 Larriestia 微生物勘探公司就做了有益的尝试^[15],取得了较好的应用效果。

1.3.2 微生物与地球物理结合

微生物勘探是探测油气微渗漏的有效手段,具有直接、快速、经济的特点,可以判识下伏有无油气藏的信息,但不能识别圈闭类型,也不能直接指示油气储层深度及储量。如果要建立深部油藏与地表烃类渗漏和油气圈闭之间的联系,就必须依托地球物理技术^[16],如划定 3D 地震数据中的烃类迁移路径。Larriestia 公司首次在 3D 地震中利用气体烟囱概率体积帮助确定烃类在油田中的生成位置和运移路径,其原理是通过提取气烟囱多个地震属性而生成一个神经网络。通过这种方式,烟囱概率体积法作为微生物勘探的一个重要补充,能够帮助解释人员更好地了解从烃类生成位置开始的整体勘探区间信息^[17]。

2 油气微生物勘探机理研究进展

2.1 初步构建中国石化油气指示微生物数据库

除烃类外,微生物生长的周边环境因素对其发

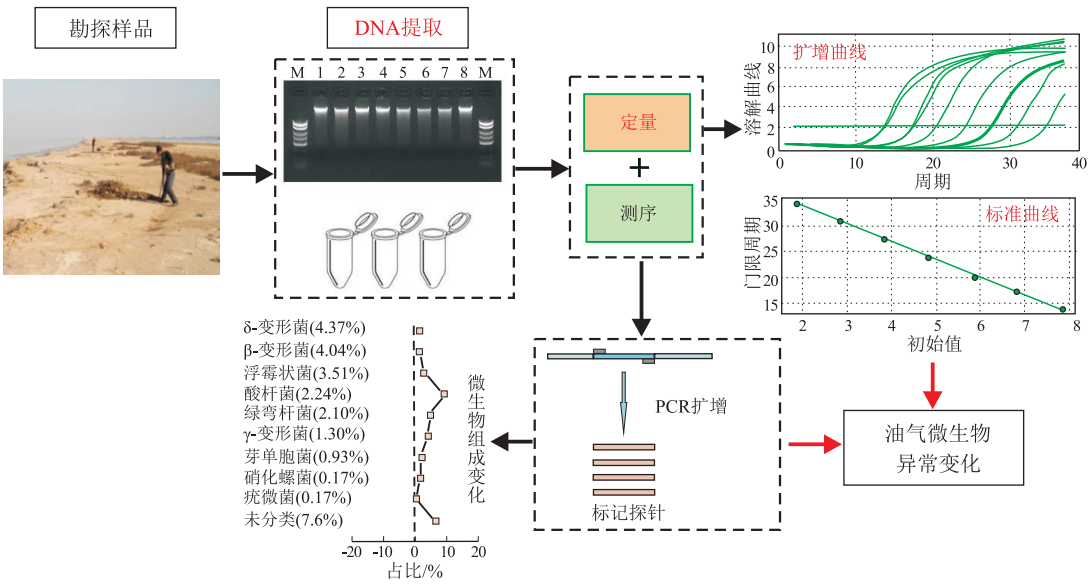


图1 油气勘探微生物分子生物学检测技术框架

Fig.1 Technical framework for molecular biology detection of microorganisms in oil and gas exploration

育丰度也有影响,如土壤的湿润程度、酸碱度、盐度、营养成分等。如果微生物发育的数量变化是由环境因素导致的,就会引起油气富集或贫乏的假象。柴达木盆地三湖地区勘探表明,地表沉积物严重盐碱化,渗漏轻烃在多数土壤样品有发现,却不发育甲烷氧化菌,导致微生物背景值几乎为零。因此,在开展相关影响因素研究时,需考虑探区实际环境条件具体分析,确定指导油气勘探的微生物种群、发育机理和异常模式,以完善油气微生物勘探技术。

目前已完成了多个典型油气田(胜利油田、长岭油气田、江苏油田、江汉油田、春光油田、玉北油田、杭锦旗气田、镇泾油田、普光气田、南阳油田、北部湾油田等)的野外调查和取样工作。采集了油田区、油气田区和气田区的样品,利用微生物高通量群落解析技术,深度分析了油气微生物类群分布特征,为区分下伏油气属性奠定了基础;采集了不同地理位置的油气田区的地表样品,包括东北平原区、华北平原区、西北黄土区和沙漠区、南方地区及滨海、河湖边岸地区,为研究环境因素对油气指示菌发育的作用、确定取样深度等奠定了基础;分别采集油气田区、干井区和背景区的样品,为油气微生物勘探参考体系的建立提供支撑。数据库中同时配套对应的指示菌数量范围、地表环境参数(包

括地表温度、样品湿度、颜色、岩性、pH 值、有机含量和地表植被等)、最佳采样深度、地质背景条件等关键信息。在此基础上,初步构建了中国石化油气指示微生物数据库。

2.2 初步明晰高频油、气指示菌种

对各大含油气盆地的典型油气藏上方土壤中的甲烷氧化菌和丁烷氧化菌数量进行统计,结果显示不同环境中油气微生物丰度差异显著(图 2)。与油气化探指标呈现西高东低的规律不同,油气指示微生物丰度与地表环境的关系非常密切。春光油田和玉北井区均为沙漠区或沙漠化区,其微生物值比其他油田普遍低 1~2 个数量级。而江苏、南阳、江汉等区块由于遍布农田等湿度和有机质浓度较高的生境,故其微生物值普遍较高。由此可见,水分和有机质等非烃生态因子在一定程度上也能影响油气指示微生物的生长发育,在实际勘探样品采集时应尽量避免使非烃生态因子成为限制性生态因子。如不能避免,应尽量采集同一生境的勘探样品。

结合高通量测序技术和传统分离筛选方法初步获取了油气指示微生物菌种类型数据库。数据库中除包含已知具有 C₂—C₄ 烃降解能力的棒杆菌(*Corynebacteria*)、诺卡氏菌(*Nocardia*)、分支杆菌(*Mycobacterium*)、红球菌属(*Rhodococcus*)、假单胞

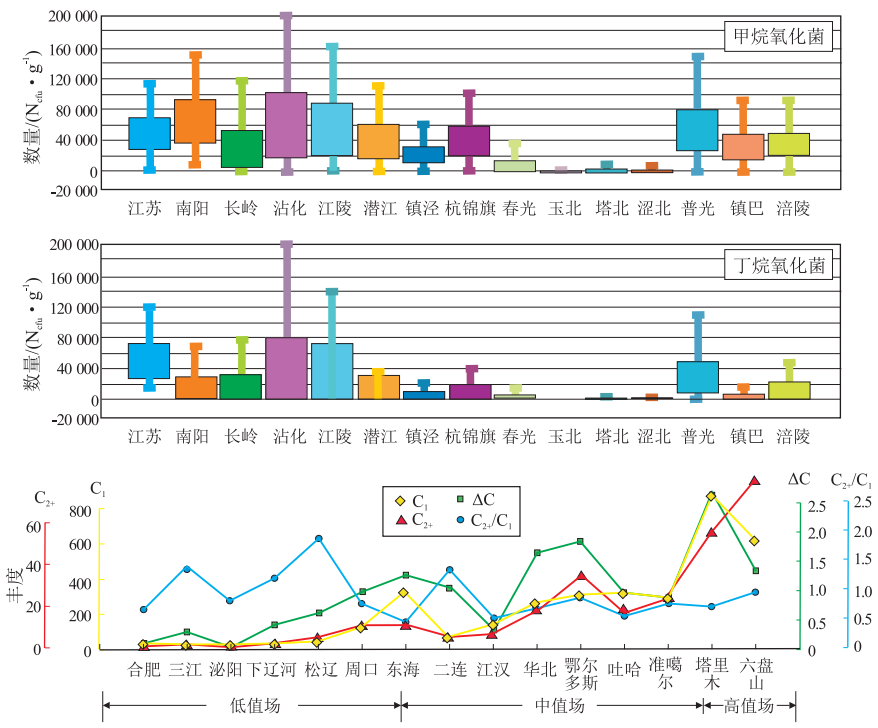


图 2 典型油气藏上方土壤中的甲烷氧化菌、丁烷氧化菌及化探丰度场分布特征

Fig.2 Distribution characteristics of methane oxidizing bacteria, butane oxidizing bacteria and geochemical abundance field in soil above typical oil and gas reservoirs

菌(*Pseudomonas*)和具有甲烷降解能力的甲基单胞菌(*Methylomonas*)、甲基球菌属(*Methylococcus*)、甲基杆菌属(*Methylobacter*)、甲基微菌(*Methylomicrobium*)、甲基弯曲菌属(*Methylosinus*)和甲基孢囊菌属(*Methylocystis*)之外,还新发现40株具有油气指示意义的菌株,如伪诺卡氏菌(*Pseudonocardia*)、红螺菌属(*Rhodospirillum*)、红弧菌属(*Rhodovibrio*)、链霉菌(*Streptomyces*)、产黄杆菌属(*Rhodanobacter*)等。针对数据库中所涉及的指示微生物菌种及其相对丰度,采用数学模型的方法对不同样点进行了综合打分,分别计算油总指数和气总指数,对不同地区典型油气藏进行评价,发现识别效果非常明显。其中8株典型油气指示微生物菌被国家微生物保藏中心收藏。

对以含气为主的普光气田和以含油为主的春光油田典型油气藏上方的土壤样品进行了丁烷氧化菌的培养、分离和纯化,然后通过16SrRNA测序分析,利用BLAST软件将所测得的序列与GenBank数据库中已登录的序列进行同源性比较分析,利用生物信息学等方法分析典型油气藏上方土壤中油气指示菌的物种丰度和相对组成特征。发现不同地质背景、不同地理地貌条件下,不同含油气区的主要油气指示菌种类具有一定程度的差异。经过十几个油气区油气指示菌的统计分析,发现其中的高频油指示菌和低频气指示菌可以作为通用种属进行油气藏预测。其中,高频油指示菌(AMNR族)为:节杆菌(*Arthrobacter*)、分枝杆菌、诺卡氏菌和红螺菌;而低频气指示菌为:甲基球菌、甲基杆菌

和甲基孢囊菌。

2.3 人工模拟明确微生物与烃类响应关系

研制了烃类长期驯化的微生物模拟装置,开展了持续三年的人工模拟实验研究,通过长期(30个月)观测烃类诱导下的微生物数量和群落变化^[18]及对应的烃类浓度、组成和稳定性同位素数据,发现甲烷氧化菌和丁烷氧化菌分别对气和油有明确并且不同的响应曲线(第9~12个月后稳定),停止供烃后(吹脱),油气微生物数量缓慢回落至较低水平(第8~10个月后),印证了微生物与烃类的响应关系(图3)。发现的油气指示关键种属甲基球菌、甲基孢囊菌、红螺菌、诺卡氏菌等在实际油气藏上方都有发现,并且都是高频菌种,表明理论上利用微生物指示菌判识油气是有效的。

3 国内外微生物勘探应用研究进展

近几年,多家机构先后在准噶尔盆地、塔里木盆地、柴达木盆地、四川盆地、鄂尔多斯盆地、松辽盆地、南海等区块进行了生产应用,取得了较好的效果^[19-31]。目前微生物勘探技术已成为石油地质和地球物理技术的一项重要辅助技术,在常规以及非常规油气藏勘探方面均有报道(表1)。

在页岩气勘探中,原生页岩气藏较高的异常压力、气藏的隐蔽特性、页岩孔隙与微裂缝发育和气藏富集程度成正相关等有利成藏特点,均有助于发挥油气微生物勘探的优势,准确表征页岩气富集规律,圈定有利目标区,降低勘探风险^[19]。目前美国、加拿大、中国等相关研究机构已进行了初步的

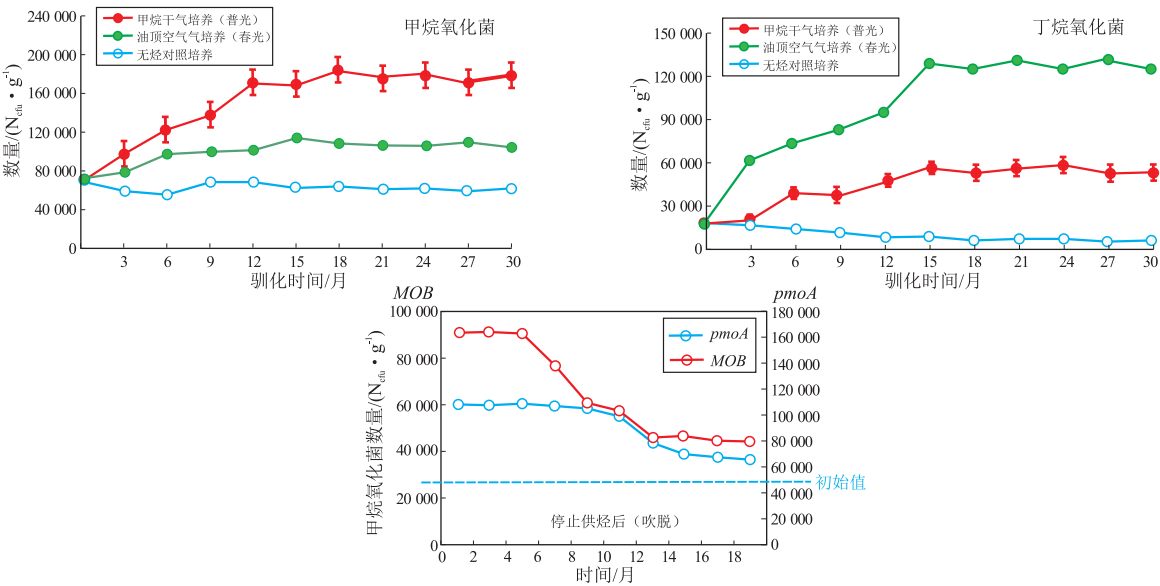


图3 人工模拟条件下油气微生物变化特征

Fig.3 Characteristics of oil and gas microbial changes under artificial simulation conditions

表 1 近期国内外油气微生物勘探应用概况

Table 1 Overview of recent oil and gas microbial exploration applications at home and abroad

公司/研究机构	勘探应用区块	勘探资源类型	主体检测技术
无锡石油地质研究所	松辽、渤海湾、苏北、塔里木、鄂尔多斯、准噶尔盆地等	常规油气、页岩气、水合物、煤层气	传统培养、分子生物学
长江大学	松辽、鄂尔多斯、渤海湾盆地等	常规油气藏、页岩气(试验)	传统培养、分子生物学
盎亿泰	柴达木、四川、渤海湾、东海、南海	常规油气藏、冻土区水合物(试验)	传统培养、分子生物学
美国地质微生物公司	美洲、非洲和亚洲各大含油气盆地	常规油气、页岩气、煤层气	传统培养
美国 EBT 公司	美洲为主	常规油气、页岩气	传统培养
E&P 油田服务公司	欧洲、亚洲、美洲各大含油气盆地	常规油气、页岩气	传统培养
德国 MicroPro 实验室	欧洲各大盆地及北海	常规油气	传统培养
印度地球物理研究院	印度坎贝、德干隆、古德伯盆地	常规油气	传统培养
阿根廷 Larriestia 公司	萨利纳斯、阿根廷内乌肯盆地等	常规油气	传统培养
荷兰 Biodentify 公司	欧洲、北美	页岩气	分子生物学
英国 EnvironGene 公司	英国福姆比油田、中非裂谷盆地等	常规油气	分子生物学

注:不完全统计,截至 2019 年 11 月。

试验性研究^[32-33]。

在天然气水合物勘查方面,中国青藏高原冻土带自然地理条件极其恶劣,常规地球物理勘察手段难度大、成本高,亟需结合实际条件采用更加便捷、可靠、经济的新技术,以推进该地区天然气水合物勘探。在青海木里天然气水合物试验调查中,选用甲烷氧化菌、丁烷氧化菌和酸解烃相结合的地球化学检测手段,取得了较好的勘查效果,为冻土带水合物资源探寻指明了新的方向^[34]。在海洋天然气水合物勘查方面,既往研究表明,在含有天然气水合物的沉积物中,丰富的碳源为微生物发育提供了丰沛的营养,微生物丰度与甲烷浓度变化存在密切联系。太平洋东海岸秘鲁和喀斯喀特外海含有天然气水合物的站位的微生物丰度研究发现,表层古菌占比高于不含天然气水合物的站位。这可能是由于水合物稳定带下伏的甲烷或碳氢化合物流体上升,为表层古菌提供了充足的营养物质和氧化剂,从而增大了古菌丰度^[35]。南海东沙海域水合物调查区研究^[36-37]也发现,冷泉沉积物微生物丰度与甲烷浓度存在正相关,这与前述研究高度吻合。

非构造圈闭识别是非构造油气藏勘探的难点。以柴达木盆地三湖地区为例,生物气勘探长期以来着眼于构造气藏^[38]。2008 年,台南 9 井、台南 10 井、涩 34 井喜获工业气流,显示该地区岩性气藏勘探具有良好前景^[20]。盎亿泰公司在三湖坳陷开展了微生物勘探试验,分析土壤中的甲烷氧化菌^[39]。长江大学袁志华等^[40]通过在柴北缘马 10 井区进行油气微生物勘探,展示该地区有一定的含气远景。中国地质科学院水文地质环境地质研究所联合应用连续电磁剖面法和微生物基因定量技术,在研究程度较低的苏干湖盆地油气勘查得到了重要

发现,油气藏发现潜力巨大^[21]。

微生物数据的地质解释上,长江大学基于“取之于油田,用之于油田”的思想,利用现有地质、地震、测井和钻井测试等资料,以及专性微生物分析结果,进行精确厘定。建立了较为完备的油气微生物异常区分级评价体系——PI(Potential Index)指标体系,即综合了油藏或天然气异常区的异常最大值、异常平均值、异常区面积、异常区形态及与构造的相互关系,在已有探井等基本资料的情况下还包括储层深度和开采情况等因素,将这些不同参数经过复杂的数学模型处理得出指标。PI 值越高的异常区,表明其油气前景越好。在实际运用时,根据 PI 值对异常区进行归类,如 A、B、C、D 等,在渤海湾盆地惠民凹陷阳信洼陷地区的微生物勘探中取得了良好的效果^[41]。对油气微生物勘探解释模型进行了有益尝试,即利用石油地质资料、地震数据、微生物异常数据和轻烃分析资料,运用 Petrel 建模软件,通过地质建模、计算机图形处理技术与地质统计学方法,设计并探索油气微生物勘探解释模型^[42]。此外,美国环境生物技术公司(EBT)也形成了一套运用地质统计分析得出钻井成功概率的微生物勘探成果地质解译方法,在南美地区取得了良好的应用效果。

笔者所在课题组近年来在苏北、渤海湾、松辽、江汉、塔里木、准噶尔、柴达木、四川和鄂尔多斯等多个含油气盆地持续开展了大量的应用研究工作。

3.1 准噶尔西北缘某区块油气微生物勘探

该区块位于准噶尔盆地西北缘车排子凸起上,区域构造上位于准噶尔盆地西部隆起区东部,是一个具有多层系、多圈闭类型和多油品的复式油气聚集区。研究区为荒漠—沙漠环境,干燥、缺少

植被的地表环境使得土壤中微生物丰度普遍较低。根据实验检测结果,并对比不同环境下微生物数量的变化趋势,在数据统计的基础上,将荒漠—沙漠环境下的微生物异常值分为3个等级:大于50为高值异常区;介于30~50为异常区;低于30为背景区。

研究区西南部分布有古近系、白垩系和侏罗系3套储层,其中T33,T67井为投产油井。图4为该区块西南部甲烷氧化菌异常分布图(其中a图为无锡石油地质研究所成果,b图为EBT公司成果)。可以看出,甲烷氧化菌异常高值区分布集中,在油气藏上方显示出顶端异常模式。其中在T33井区到T67井区形成了高值异常区,该区新近系沙湾组

物异常与地球物理资料能很好地吻合,与井位分布对应关系良好,后续钻探油气井(T130,T67-3)均分布于微生物异常范围内。

3.2 顺北重点探区有利区预测

顺北地区是沙雅隆起的外延部分,该区奥陶系具有和塔河油田南部托甫台—跃参区块相似的成藏地质背景,碳酸盐岩缝洞型储层发育。西部阿瓦提—阿满过渡带寒武—奥陶系烃源岩发育,经历了多次生排烃过程,邻区托甫台—跃参区块钻井在奥陶系获工业油气流,已形成产能建设阵地。目前已探明的多个油气富集区,都是沿大型断裂带分布。特别是从深层寒武系延伸到奥陶系的深大断裂,控藏特征非常明显。

采用微生物勘探技术对顺北重点区块所采集的样品进行检测,基于邻区和类比区建立的正演模

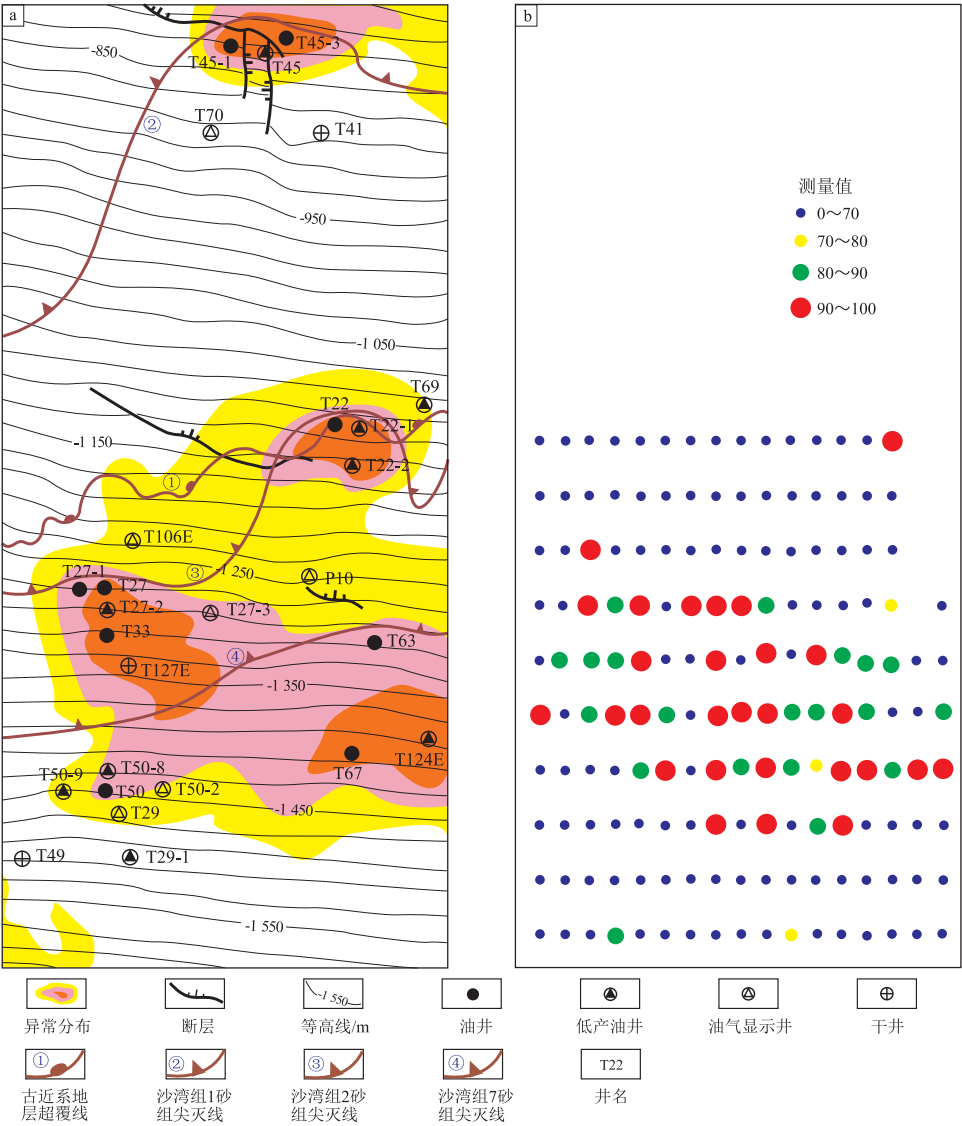


图4 准噶尔西北缘某区块甲烷氧化菌异常分布

Fig.4 Distribution of methane oxidizing bacteria anomalies in a block on the NW margin of Junggar Basin

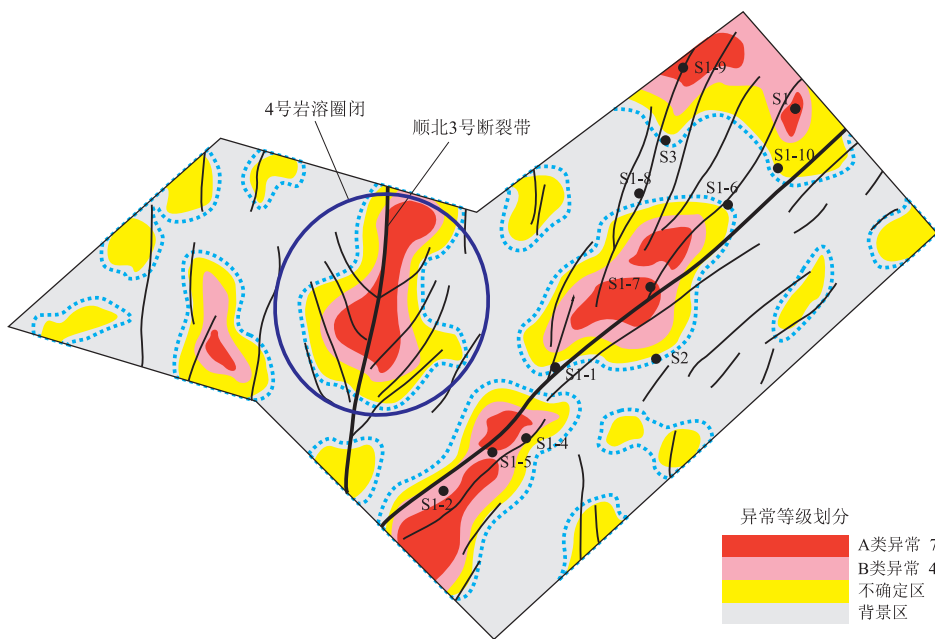


图 5 塔里木盆地顺北油田顺北 1 井区微生物异常分布

Fig.5 Distribution of microbial anomalies in Shunbei 1 well area of Shunbei Oil Field, Tarim Basin

型,依据微生物异常和油气属性判识,结合石油地质、地球物理、地球化学资料,开展油气富集区预测研究。结果显示,在顺北 1 断裂构造带上方呈现出强烈异常,与钻探结果具有较好的对应关系,表明建立的模型可以用于预测。具体表现为断裂带和非断裂带上方具有差异性,断裂交会处化探异常强。以此为模型,进一步针对临区 4 号岩溶圈闭进行含油气性评价,结果显示顺北 3 号断裂构造带上方异常明显,具有良好的勘探前景(图 5)。后续钻探的顺北 3 井在该异常中心区获高产工业油气流,验证了微生物技术在超深层断溶油气藏勘探领域的有效性。在顺 8 井北三维区开展了微生物地球化学勘探,在圈定的微生物明显异常内,后续钻探顺北 7、顺北 71X 井均获高产油气流。

4 结论与展望

近年来随着现代微生物学的快速发展,油气微生物检测技术和机理及应用研究同步取得明显进展。开展了油气指示微生物数量、群落结构、群落演替规律和类群分布的相关性研究,建立了分子生物学技术和群落解析技术。针对不同油气藏类型、不同地理条件的油气区样品,初步构建了我国典型含油气盆地油气指示菌数据库,发现了高频油气指示菌。人工模拟结果表明,不同烃类组分驯化下微生物及群落结构出现明显差异性和响应关系,提供了微生物勘探技术的理论依据。应用研究表明,在各种不同类型油气藏上方微生物异常

都能很好地体现出油气藏的“生理体征”,显示出良好的应用前景。

为了完善油气微生物勘探技术,本文认为在以下方面值得进一步探索和研究:

- (1)开展我国油气微生物指示菌种数据库的建设与应用研究;
- (2)制定油气微生物勘探技术的标准(规范、标准样);
- (3)开展微生物群落(属、种)演替规律及相关性研究,建立完善的油气微生物群落解析技术;
- (4)加强油气微生物干扰因素研究,建立不同地区与条件干扰因素评估手册;
- (5)开展模拟实验研究,建立实验室长期观测机制,完善油气微生物勘探机理;
- (6)开展分子生物学快速检测技术研发,进一步开展活性检测技术完善与应用;
- (7)开展复杂地区尤其沙漠、戈壁区等的样品采集与检测技术研发;
- (8)探索页岩气甜点区的预测与评价技术;
- (9)加强地质、物探、常规化探与微生物的结合分析,探索综合解释模型与评价技术。

参考文献:

[1] KINNAMAN F S, VALENTINE D L, TYLER S C. Carbon and hydrogen isotope fractionation associated with the aerobic microbial oxidation of methane, ethane, propane and butane[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2007, 71(2): 271-283.

- [2] 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]. American Society for Microbiology, 2010, 76(19): 6412–6422.
- [3] MOUSSARD H, STRALIS-PAVESE N, BODROSSY L, et al. Identification of active methylotrophic bacteria inhabiting surface sediment of a marine estuary [J]. Environmental Microbiology Reports, 2009, 1(5): 424–433.
- [4] ROJO F. Degradation of alkanes by bacteria [J]. Environmental Microbiology Reports, 2009, 11(10): 2477–2490.
- [5] 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.
- [6] 顾磊, 梅泽, 许科伟, 等. 气态烃诱导下油气微生物数量及功能基因变化特征 [J]. 微生物学报, 2017, 57(1): 43–53.
GU Lei, MEI Ze, XU Kewei, et al. Changes of microbial abundance and functional genes in oil and gas under gaseous hydrocarbon condition [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2017, 57(1): 43–53.
- [7] 任春, 汤玉平, 何晋发, 等. 基因定量技术在油气勘探中的应用 [J]. 物探与化探, 2014, 38(5): 976–980.
REN Chun, TANG Yuping, HE Jinfa, et al. The application of gene quantitative technique to oil and gas prospecting [J]. Geophysical and Geochemical Exploration, 2014, 38(5): 976–980.
- [8] 汤玉平, 高俊阳, 赵克斌, 等. 典型油气藏上方甲烷氧化菌群的分子生物学解析 [J]. 石油实验地质, 2014, 36(5): 605–610.
TANG Yuping, GAO Junyang, ZHAO Kebin, et al. Molecular biological analysis of methanotrophic bacterial community above typical oil and gas reservoirs [J]. Petroleum Geology & Experiment, 2014, 36(5): 605–610.
- [9] 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.
- [10] TUCKER J, HITZMAN D C. Detained microbial survey help improve reservoir characterization [J]. Oil & Gas Journal, 1994, 92(23): 65–69.
- [11] 索孝东, 石东阳. 油气地球化学勘探技术发展现状与方向 [J]. 天然气地球科学, 2008, 19(2): 286–292.
SUO Xiaodong, SHI Dongyang. Present situation and development trend of geochemical exploration for oil and gas [J]. Natural Gas Geoscience, 2008, 19(2): 286–292.
- [12] RASHEED M A, LAKSHMI M, KALPANA M S, et al. Recognition of hydrocarbon microseepage using microbial and adsorbed soil gas indicators in the petroliferous region of Krishna–Godavari Basin, India [J]. Current Science, 2017, 112(3): 560–568.
- [13] 张春林, 庞雄奇, 梅海, 等. 烃类微渗漏与宏渗漏的识别及镇巴长岭—龙王沟地区勘探实践 [J]. 天然气地球科学, 2009, 20(5): 794–800.
ZHANG Chunlin, PANG Xiongqi, MEI Hai, et al. Identification of microseepage from macroseepage and exploration practice in Changling–Longwanggou area of Zhenba block [J]. Natural Gas Geoscience, 2009, 20(5): 794–800.
- [14] POSTEC A, TAPIA N, BERNADAC A, et al. Magnetotactic bacteria in microcosms originating from the French Mediterranean Coast subjected to oil industry activities [J]. Microbial Ecology, 2012, 63(1): 1–11.
- [15] LARRIESTRA F, VECCHIO M, FERRER F, et al. A modified method of microbial analysis for oil exploration and its application on five basins of southern and western Argentina [C]//Proceedings of AAPG International Conference and Exhibition. Calgary, Alberta, Canada: AAPG, 2010.
- [16] HE Ze, ZHANG Min, NING Zhuo, et al. Genetic quantitative techniques combined with continuous electromagnetic profiling to identify subtle oil and gas reservoirs [J]. Geomicrobiology Journal, 2019, 36(8): 705–714.
- [17] CONNOLLY D L, GARCIA R, CAPUANO J. Integration of evidence of hydrocarbon seepage from 3-D seismic and geochemical data for predicting hydrocarbon occurrence: examples from Neuquen Basin Argentina [C]//Proceedings of AAPG Annual Conference And Exhibition. Houston, Texas, USA: AAPG, 2011.
- [18] 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.
- [19] 袁志华, 张玉清. 利用油气微生物勘探技术寻找页岩气有利目标区 [J]. 地质通报, 2011, 30(2): 406–409.
YUAN Zhihua, ZHANG Yuqing. Discussion of microbial prospecting of shale gas for favorable target areas [J]. Geological Bulletin of China, 2011, 30(2): 406–409.
- [20] 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.
- [21] 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 Sugan Lake Basin [J]. Geology and Exploration, 2017, 53(6): 1197–1207.
- [22] 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.
- [23] 杨帆, 汤玉平, 许科伟, 等. 海安凹陷富安油气区微生物异常分布研究 [J]. 西安石油大学学报 (自然科学版), 2014, 29(6): 83–87.
YANG Fan, TANG Yuping, XU Kewei, et al. Study on anomaly distribution of microbial in Fuan oil–gas area, Haian Sag [J]. Journal of Xi'an Shiyou University (Natural Science), 2014, 29(6): 83–87.

- [24] 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.
- [25] 赵忠泉, 孙鸣, 万晓明, 等. 微生物勘探技术在南海东沙群岛潮汕坳陷的应用初探[J/OL]. 中国地质, 2020[2020-02-06]. <https://www.cnki.net/KCMS/detail/11.1167.P.20200206.1201.002.html>.
- ZHANG Zhongquan, SUN Ming, WAN Xiaoming, et al. Preliminary exploration of the application of microbial exploration technology in chaoshan depression of Dongsha Islands in the South China Sea[J/OL]. Geology in China, 2020[2020-02-06]. <https://www.cnki.net/KCMS/detail/11.1167.P.20200206.1201.002.html>.
- [26] 丁力, 吴宇兵, 刘芬芬. 中拐凸起火山岩油气藏微生物地球化学勘探研究[J]. 特种油气藏, 2018, 25(4): 24-28.
- DING Li, WU Yubing, LIU Fenfen. Microbiological and geochemical exploration for hydrocarbon reservoirs in volcanic rocks of Zhongguai Uplift[J]. Special Oil & Gas Reservoirs, 2018, 25(4): 24-28.
- [27] 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.
- [28] 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.
- [29] 曹军, 周进松, 银晓, 等. 微生物地球化学勘探技术在黄土塬地貌区油气勘探中的应用[J]. 特种油气藏, 2019, 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, 2019, 27(5): 53-60.
- [30] 赵忠泉, 孙鸣, 万晓明, 等. 微生物勘探技术在潮汕坳陷油气勘探中的应用初探[J]. 中国地质, 2020, 47(3): 645-654.
- ZHAO Zhongquan, SUN Ming, WAN Xiaoming, et al. The application of microbial exploration technology to the oil and gas survey of Chaoshan Depression[J]. Geology in China, 2020, 47(3): 645-654.
- [31] 杨帆, 沈忠民, 汤玉平, 等. 渤海湾盆地陈家庄油田陈 22 块微生物异常分布研究[J]. 石油实验地质, 2017, 39(1): 141-146.
- YANG Fan, SHEN Zhongming, TANG Yuping, et al. Microbial anomaly distribution in Chen22 block, Chenjiazhuang oil field, Bohai Bay Basin[J]. Petroleum Geology & Experiment, 2017, 39(1): 141-146.
- [32] CAHILL A G, STEELMAN C M, FORDE O, et al. Mobility and persistence of methane in groundwater in a controlled-release field experiment[J]. Nature Geoscience, 2017, 10(4): 289-297.
- [33] DALY R A, BORTON M A, WILKINS M J, et al. Microbial metabolisms in a 2.5-km-deep ecosystem created by hydraulic fracturing in shales[J]. Nature Microbiology, 2016, 1: 16146.
- [34] SUN Zhongjun, YANG Zhibin, MEI Hai, et al. Geochemical characteristics of the shallow soil above the Muli gas hydrate reservoir in the permafrost region of the Qilian Mountains, China[J]. Journal of Geochemical Exploration, 2014, 139: 160-169.
- [35] INAGAKI F, NUNOURA T, NAKAGAWA S, et al. Biogeographical distribution and diversity of microbes in methane hydrate bearing deep marine sediments on the Pacific Ocean Margin[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, 103(8): 2815-2820.
- [36] 苏新, 陈芳, 张勇, 等. 海洋天然气水合物勘查和识别新技术: 地质微生物技术[J]. 现代地质, 2010, 24(3): 409-423.
- SU Xin, CHEN Fang, ZHANG Yong, et al. Geomicrobiology as a new tool for exploration of marine gas hydrates[J]. Geoscience, 2010, 24(3): 409-423.
- [37] CUI Hongpeng, SU Xin, CHEN Fang, et al. Microbial diversity of two cold seep systems in gas hydrate-bearing sediments in the South China Sea[J]. Marine Environmental Research, 2019, 144: 230-239.
- [38] 徐子远. 柴东生物气勘探的实践与思考[J]. 中国石油勘探, 2006, 11(6): 33-37.
- XU Ziyuan. Practice and reflection on biogas exploration in eastern Qaidam Basin[J]. China Petroleum Exploration, 2006, 11(6): 33-37.
- [39] 徐凤银, 彭德华, 侯恩科. 柴达木盆地油气聚集规律及勘探前景[J]. 石油学报, 2003, 24(4): 1-6.
- XU Fengyin, PENG Dehua, HOU Enke. Hydrocarbon accumulation and exploration potential in Qaidam Basin[J]. Acta Petrolei Sinica, 2003, 24(4): 1-6.
- [40] 袁志华, 余家朝. 柴北缘马海构造马 10 井区天然气微生物勘探[J]. 科学技术与工程, 2013, 13(36): 10893-10898.
- YUAN Zhihua, SHE Jiachao. The distribution of well Ma 10 area in Mahai region, northern Qaidam Basin by using MPOG technology[J]. Science Technology and Engineering, 2013, 13(36): 10893-10898.
- [41] 李勇梅, 袁志华. 阳信洼陷石油微生物勘探研究[J]. 特种油气藏, 2009, 16(5): 44-47.
- LI Yongmei, YUAN Zhihua. Microbiological prospecting for oil in Yangxin Sag[J]. Special Oil & Gas Reservoirs, 2009, 16(5): 44-47.
- [42] 程楷. 油气微生物勘探解释模型的初步实现[D]. 上海: 华东师范大学, 2009.
- CHENG Kai. Preliminary realization of microbial oil survey explanation model[D]. Shanghai: East China Normal University, 2009.