

研究报告

油气微生物勘探机理及应用

汤玉平^{1*} 顾磊^{1,2} 许科伟¹ 杨帆¹ 赵克斌¹ 孙永革^{2*}

(1. 中国石油化工股份有限公司 石油勘探开发研究院 无锡石油地质研究所 江苏 无锡 214151)

(2. 浙江大学地球科学系 浙江 杭州 310027)

摘要:【目的】微生物油气勘探技术是基于油气藏的轻烃微渗漏原理衍生的地表勘探技术。油气藏中的轻烃部分(C_1-C_5)以微渗漏的方式通过上覆的沉积层,在近地表土壤中诱导专门利用轻烃的微生物繁殖与生长,油气区的微生物种类与浓度有别于下伏没有油气藏的地区。通过分析微生物的浓度异常特征,对油气富集区及油气藏进行研究和预测。【方法】在人工模拟条件下研究油气微生物数量和群落异常特征,在此基础上,以海相碳酸盐岩气田普光气田为研究对象,进一步开展微生物勘探研究,鉴定油气藏上方气态烃氧化过程的微生物驱动者,提取土壤中的微生物异常信息。【结果】人工模拟条件下发现 *Lacibacter cauensis*、Methylococcaceae、Methylophilaceae 与甲烷气体培养正相关(气指示菌),而未培养的硫氧化微生物等则与丁烷培养正相关(油指示菌)。【结论】进一步在普光气田原位研究中进行验证,发现地表油气微生物数量和群落异常与油气藏有较好的关联性;与油气化探指标对比后发现,油气藏上方微生物正异常和轻烃负异常具有较为明显的互补关系。本研究深化了对典型油气藏上方气态烃氧化微生物转化机制的认识,为油气微生物勘探技术提供理论与实践依据。

关键词: 海相碳酸盐岩, 油气微生物, 异常识别, 生物地理学

Research and application of microbial exploration for oil and gas

TANG Yu-Ping^{1*} GU Lei^{1,2} XU Ke-Wei¹ YANG Fan¹ ZHAO Ke-Bin¹ SUN Yong-Ge^{2*}

(1. Wuxi Research Institute of Petroleum Geology, Research Institute of Petroleum Exploration & Production, SINOPEC, Wuxi, Jiangsu 214151, China)

(2. Department of Earth Science, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310027, China)

Abstract: [Objective] Microbial prospecting for hydrocarbons is based on the hydrocarbon microseepage, the natural phenomenon that hydrocarbon gases of subsurface petroleum accumulations migrate upward by reservoir pressure. The detection of the activity and distribution of

Foundation item: Research Project of Sinopec (No. P14042); National Natural Science Foundation of China (No. 41202241)

***Corresponding authors:** TANG Yu-Ping: Tel/Fax: 86-510-68787553; E-mail: tangyuping.syky@sinopec.com
SUN Yong-Ge: Tel/Fax: 86-571-87951336; E-mail: ygsun@zju.edu.cn

Received: December 22, 2015; **Accepted:** March 23, 2016; **Published online** (www.cnki.net): April 08, 2016

基金项目: 中国石化股份公司科技部项目(No. P14042); 国家自然科学基金项目(No. 41202241)

***通讯作者:** 汤玉平: Tel/Fax: 86-510-68787553; E-mail: tangyuping.syky@sinopec.com

孙永革: Tel/Fax: 86-571-87951336; E-mail: ygsun@zju.edu.cn

收稿日期: 2015-12-22; **接受日期:** 2016-03-23; **优先数字出版日期**(www.cnki.net): 2016-04-08

these highly specialized populations can be used to forecast the existence of oil and gas deposits. However, the hydrocarbon-oxidizing bacterial population is usually not predominant in soil samples above the typical onshore oil and gas reservoirs. It is hard to assess the abundance, distribution, and community composition of the hydrocarbon-oxidizing bacteria, neither to assess the functional activity and distribution of different groups. **[Methods]** In this study, the hydrocarbon-oxidizing bacteria will be studied under simulated environment. Furthermore, hydrocarbon-oxidizing bacteria above the typical onshore oil and gas reservoirs in Puguang gas field, were studied. **[Results]** A coincidence existed between elevated CH_4 oxidation activity and the methanotrophic community structure with *Lacibacter cauensis*, Methylococcaceae, and Methylophilaceae, whereas unculture sulfur oxidizing bacteria had a coincidence with butane oxidation activity. Analysis of the biotechnology profile data for hydrocarbon-oxidizing bacteria was used to extend genetic information for the bacteria and to contribute to a comprehensive understanding of the molecular mechanisms involved in specific biological processes above the typical onshore oil and gas reservoirs. **[Conclusion]** The profiling data of hydrocarbon-oxidizing bacteria will provide a comprehensive insight at different areas of onshore oil and gas reservoirs and lay the foundation for the study of optimizing the technology of microbial prospecting at the biotechnology level.

Keywords: Marine carbonatite, Microbial exploration for oil and gas, Anomaly identification, Biogeography

油气微生物勘探是基于油气藏中烃类微渗漏原理来进行的一类地表勘探技术。烃类微渗漏是地下油气藏中气态烃在地层压力等各种驱动力——压力、浮力、水动力、浓度差等作用下,由油气藏持续向地表垂直运移的自然现象^[1]。气态烃经过漫长的运移过程,使得近地面土壤或者水层中的烃含量达到了较高的浓度。这种高浓度的气态烃也能够被微生物所利用。国内外学者通过研究这类微生物异常特征与其对应地下油气藏的关系,可以用于预测地下油气藏^[2-3]。现阶段微生物勘探技术的核心是特殊油气指示微生物的鉴定。油气指示微生物主要包括了利用油气烃的微生物,例如甲烷 C_1 氧化微生物和短链烃 $\text{C}_2\text{--C}_4$ 氧化微生物。随着研究的深入,研究者基于微生物种群在世界范围内不同油气藏环境中分布规律,进一步将微生物技术应用于油气勘探领域^[4-8]。生物技术的进步促使了微生物勘探技术的发展,使其成为了一项快速有效的油气勘探方法,微生物勘探技术正是通过不断的研究与应用逐步被国内外油气勘探者所接受^[3-11]。

目前主流的油气微生物勘探技术采用传统培养方法,即把整个微生物群落视作“黑箱”,采用特

异培养基(富含烃类组分的培养基分离油气指示微生物),从环境样品中选择性地对气态烃氧化微生物进行计数和分类,推测其新陈代谢机理,进而推测油气分布的区域。面对国外技术封锁,我国研究者经过多年潜心研究,已逐步建立了自有的微生物勘探理论体系、实验分析方法和生产应用技术,并在大庆油田^[12]、鄂尔多斯盆地^[13]、松辽盆地^[14]、柴达木盆地^[15]、四川盆地^[16]等多个区块进行了油气微生物勘探实践,取得了良好的应用效果。

本研究在人工模拟环境的机理研究基础上进行了微生物勘探研究,通过甲烷氧化菌与丁烷氧化菌的模拟驯化研究典型油气微生物的数量特征,同时结合分子生物学技术进行了微生物异常机理研究,通过高通量测序技术对油气微生物群落结构进行了解析,进一步探索油气藏上方气态烃氧化过程的微生物驱动者;此外,以陆上海相碳酸盐岩气田普光气田为研究对象,在实际勘探区块进行原位样品实验,结合油气地球化学指标研究油气微生物数量异常与油气藏的关联性,同时配合高通量测序技术验证原位油气区气态烃氧化微生物的群落结构特征。

1 材料与方法

1.1 研究区域石油地质概况

以陆上海相碳酸盐岩气田普光气田进行微生物异常特征研究。普光气田位于四川盆地东北部宣汉-达县地区黄金口构造双石庙-普光构造带,是我国目前在海相沉积组合中发现的规模最大、丰度最高、储层埋藏最深、储层性质最好、优质储层厚度最大、硫化氢含量最高、天然气最干的特大型整装海相碳酸盐岩气田。气藏北邻铁山坡气田、东南与渡口河、罗家寨等气田相邻,区内具有巨厚的烃源岩、良好的区域盖层和多套储集层,资源量巨大、资源丰度高。气藏圈闭面积为45.6 km²,主要含气层段为下三叠统飞仙关组及上二叠统长兴组,均为白云岩储层。普光气田储集层主要发育于下三叠统飞仙关组一三段及上三叠统长兴组上部。多套烃源岩供烃、优质烃源岩强注、多层系储层发育及巨厚盖层组成非常有利的生储盖组合。

1.2 样品采集方案

在毛坝场构造、大湾构造和普光构造之上,部署一条微生物地球化学剖面,剖面长度约21 km,采样间距0.5 km-1.0 km。采样要求包括环境条件:根据山区环境,采集具有土壤沉积的样品,避免风化石块或者地表污染区域;取样深度:山区土壤沉积层较薄,采集深度约30 cm-50 cm;取样方式:使用铁锹去除地表腐殖质沉积层,采集100 g样品装入无菌采样袋,并编号;样品采集完成后放入4℃保存。

1.3 微生物培养方法

微生物的平板培养计数、培养基的配制方法按照文献[17]所示。无机琼脂上的菌落形态主要有两种:有微小的、稍带乳白色浑浊的、光亮的、直径1 mm-2 mm的滴状菌落和较大的、带淡灰白色的菌落,挑选出这一部分菌落进行计数。

1.4 土壤DNA提取

土样中DNA的提取使用FastDNA Spin Kit

(MP Biomedicals LLC, US),提取的步骤按试剂盒说明书进行。提取的DNA产物用于后续的DNA扩增。

1.5 16S rRNA 基因高通量测序

采用基于16S rRNA基因的454高通量测序技术,定期从微宇宙模拟装置中取一定量的土样,提取土壤DNA,以微生物16S rRNA基因V3与V4区为靶进行PCR扩增,引物为334F/806R,获得基因大小在400-450 bp范围内。PCR的反应体系为:含15 mmol/L MgCl₂的10×Buffer 10 μL, 2.5 mmol/L dNTPs 2 μL, 10 μmol/L引物各5 μL, 高保真聚合酶1 μL, DNA模板4 μL, 灭菌去离子水73 μL。PCR反应条件为:94℃ 5 min; 94℃ 30 s, 56℃ 30 s, 72℃ 50 s, 30个循环; 72℃ 10 min。微生物群落高通量测序基于Roche GS FLX平台进行检测。

1.6 地球化学指标分析

酸解烃是通过减压、加热和化学处理(加酸)等手段将赋存在土壤碳酸盐矿物晶格及其胶结物中分离出的烃类,通过地表烃类的异常分布及形态特征预测地下油气藏的存在。

顶空轻烃(又称顶空气)是指赋存于地表土壤颗粒孔隙当中及弱吸附于土壤颗粒表面的烃类物质,是油气化探的重要指标之一,其浓度异常可反映活跃的油气信息。在井中地球化学勘探中,该方法可用来直接预测和评价油气层。

土壤蚀变碳酸盐(ΔC)法的主要原理是:油气藏中低分子量烃类气体,通过扩散-渗逸-水动力方式向地表运移,被氧化成CO₂。与其他烃类组分比较,CO₂易溶于地下水、岩石水和土壤水,它与土壤水及其他盐类作用转换成碳酸盐。这种后生碳酸盐呈胶结物形式存在于土壤中的硅铝酸盐裂隙或晶格间,它稳定而不易被淋滤。它与土壤中原有碳酸盐的分解温度不同,主要在500-600℃区间分解,测定这一特定温度区间释放出的CO₂量,即可圈定油气化探异常。

2 结果与分析

2.1 人工模拟条件下油气微生物异常特征

2.1.1 人工模拟不同轻烃组分条件下油气指示微生物数量变化特征: 在微宇宙培养瓶中分别充入甲烷、丁烷和不同比例的轻烃气体, 分别模拟了在微渗漏条件下不同轻烃组分的培养环境。在理想化的条件下考察不同轻烃组分条件下土壤中油气指示微生物数量的变化情况。研究结果发现, 在3种轻烃组分条件下, 土壤中甲烷氧化菌和丁烷氧化菌数量随着驯化培养周期的延长, 其数量也随之增加。

在丁烷培养条件下(图1), 丁烷氧化菌数量增幅较快, 在45 d开始进入上升期, 在100 d趋于稳定, 数量从 2.5×10^4 CFU/g增至 7.8×10^4 CFU/g, 增幅达 5.3×10^4 CFU/g; 而甲烷氧化菌在丁烷培养条件下也有一定的增加, 数量从 7.2×10^4 CFU/g增至 9.5×10^4 CFU/g, 增幅为 2.3×10^4 CFU/g, 这说明甲烷氧化菌中的某些类群在驯化培养条件逐渐适应了微宇宙环境, 在某种程度上对丁烷气体产生一定的降解现象, 因此出现了数量上的增加。

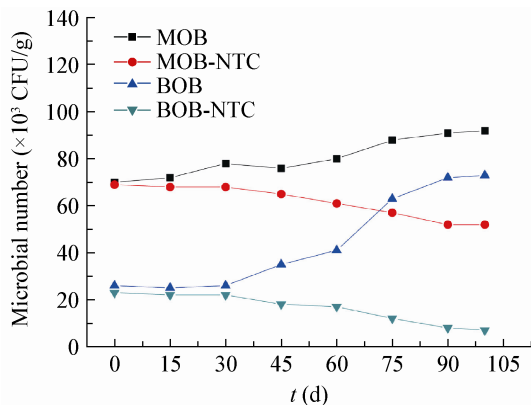


图1 丁烷培养条件下油气指示微生物数量变化曲线

Figure 1 Growth curve of hydrocarbon oxidizing bacteria under the culture condition of butane

注: ■: 甲烷氧化菌(MOB); ●: 甲烷氧化菌空白对照(MOB-NTC); ▲: 丁烷氧化菌(BOB); ▼: 丁烷氧化菌空白对照(BOB-NTC). 标准误差均小于5%.

Note: ■: Methane-oxidizing bacteria (MOB); ●: Methane-oxidizing bacteria control (MOB-NTC); ▲: Butane-oxidizing bacteria (BOB); ▼: Butane-oxidizing bacteria control (BOB-NTC). Standard error is no more than 5%.

在甲烷培养条件下(图2), 甲烷氧化菌数量增幅较快, 同样, 在45 d开始进入快速增长期, 在100 d趋于稳定, 数量从 6.8×10^4 CFU/g增至 1.2×10^5 CFU/g, 增幅达 5.2×10^4 CFU/g; 同样丁烷氧化菌在气藏条件下也有一定的增加, 数量从 2.5×10^4 CFU/g增至 4.4×10^4 CFU/g, 增幅为 1.9×10^4 CFU/g, 这也说明了丁烷氧化菌中的某些类群在驯化培养条件逐渐适应了微宇宙环境, 在某种程度上对甲烷气体产生一定的降解现象, 因此出现了数量上的增加。

在混合轻烃培养条件下(图3), 甲烷氧化菌数量和丁烷氧化菌数量均有不同幅度的增加。由于甲烷组分占70%以上, C_2-C_4 只占20%左右, 因此甲烷氧化菌可利用的底物浓度较高, 其数量增加也较明显, 从 7.3×10^4 CFU/g增加到 1.15×10^5 CFU/g, 增幅为 4.2×10^4 CFU/g; 丁烷氧化菌数量从 2.8×10^4 CFU/g增至 5.5×10^4 CFU/g, 增幅为 2.7×10^4 CFU/g。

2.1.2 人工模拟不同轻烃组分条件下油气指示微生物群落结构差异: 根据对焦磷酸测序结果的系统发育学分析, 所有样品6507个细菌OTU共划分

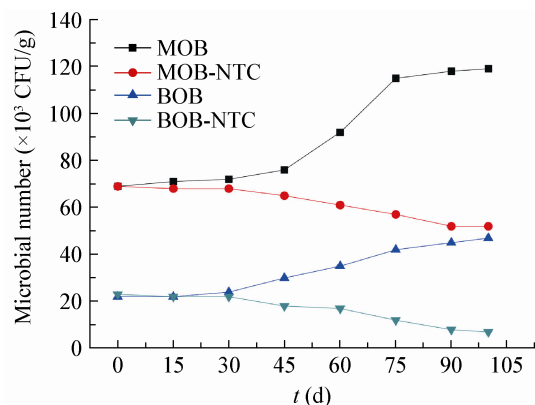


图2 甲烷培养条件下油气指示微生物数量变化曲线

Figure 2 Growth curve of methane oxidizing bacteria under the culture condition of methane

注: ■: 甲烷氧化菌(MOB); ●: 甲烷氧化菌空白对照(MOB-NTC); ▲: 丁烷氧化菌(BOB); ▼: 丁烷氧化菌空白对照(BOB-NTC). 标准误差均小于5%.

Note: ■: Methane-oxidizing bacteria (MOB); ●: Methane-oxidizing bacteria control (MOB-NTC); ▲: Butane-oxidizing bacteria (BOB); ▼: Butane-oxidizing bacteria control (BOB-NTC). Standard error is no more than 5%.

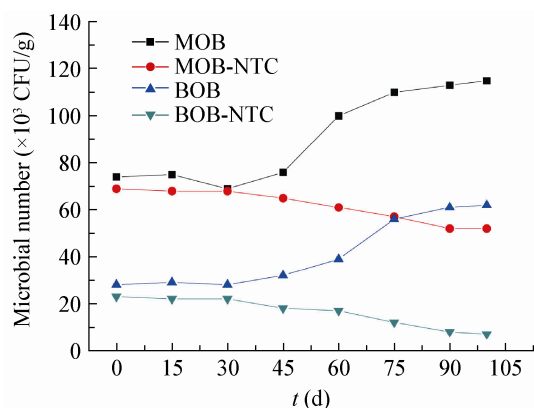


图3 混合轻烃培养条件下油气指示微生物数量变化曲线
Figure 3 Growth curve of hydrocarbon oxidizing bacteria under the culture condition of mixed hydrocarbon component

注：■：甲烷氧化菌(MOB)；●：甲烷氧化菌空白对照组(MOB-NTC)；▲：丁烷氧化菌(BOB)；▼：丁烷氧化菌空白对照组(BOB-NTC)。标准误差均小于5%。

Note: ■: Methane-oxidizing bacteria (MOB); ●: Methane-oxidizing bacteria control (MOB-NTC); ▲: Butane-oxidizing bacteria (BOB); ▼: Butane-oxidizing bacteria control (BOB-NTC). Standard error is no more than 5%.

为 19 个纲，其中优势细菌包括变形菌纲(Proteobacteria)、酸杆菌纲(Acidobacteria)、放线菌纲(Actinobacteria)等。通过比较各个样品微生物群落中 OTU 的分布情况，通过计算样品的 Beta 多样性，从维恩图(图4)可以清晰地看出不同类型样品中独有的种属和共有的种属。例如，高浓度培养样品中，甲烷培养的特有种属有 336 个，丁烷培养有

324 个，混合气体培养为 342 个，其中还有很大一部分烃类培养样品中共有而在背景样品中缺失的种属。

多元统计分析的结果进一步显示高浓度培养样品和其它样品在微生物群落结构上呈现出明显的差异，低浓度培养样品由于驯化时间短无法与对照样品分开(图5)。Acidobacteriaceae、Solimonadaceae、Thiotrichaceae 在对照和低浓度培养样品的方向载荷较大，而 *Lacibacter cauensis*、Methylococcaceae、Methylophilaceae 则与甲烷气体培养正相关(气指示菌)，未培养的硫氧化微生物等则与丁烷培养正相关(油指示菌)。这种专属性和差异性为微生物油气勘探的有效性提供了理论依据。

2.2 普光气田油气微生物勘探实例

2.2.1 油气微生物异常值频率分布特征：将普光气田所采集的土壤样品进行平板菌落计数法检测，分别获取了甲烷氧化菌(MOB)和丁烷氧化菌(BOB) MV 值。为了区分普光气田油气微生物异常值的整体特征，对本区甲烷氧化菌和丁烷氧化菌的 MV 值进行了统计。从图6中可以看出，甲烷氧化菌 MV 值呈现偏峰带拖尾型，丁烷氧化菌 MV 值呈孤岛型分布，这两种形态的出现均符合微生物异常在单个剖面上的分布。

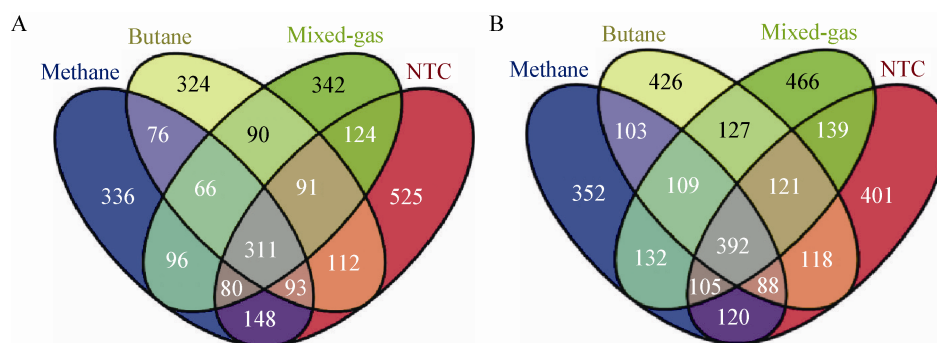


图4 不同浓度烃类驯化样品 Beta 多样性分析维恩图

Figure 4 Beta diversity analysis figure of microbial communities acclimation by different hydrocarbon component

注：A：高浓度驯化；B：低浓度驯化。

Note: A: Under high concentration of hydrocarbon component; B: Under low concentration of hydrocarbon component.

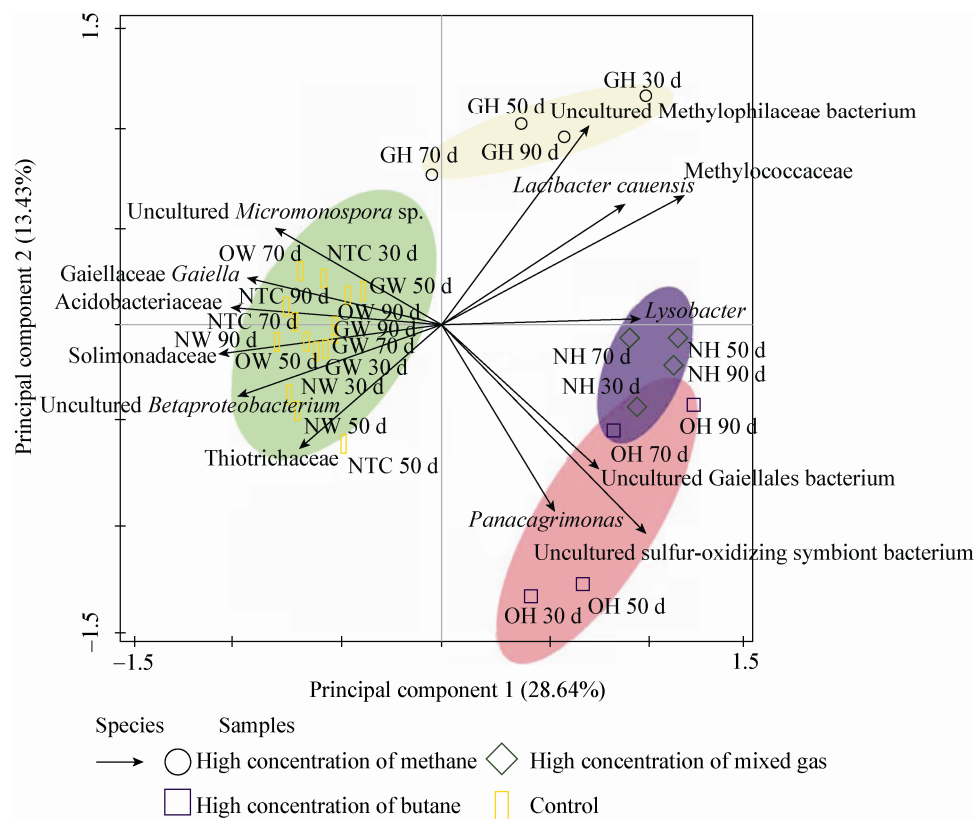


图 5 不同浓度烃类驯化样品多元统计分析维恩图

Figure 5 Multivariate statistical analysis figure of microbial communities acclimation by different hydrocarbon component

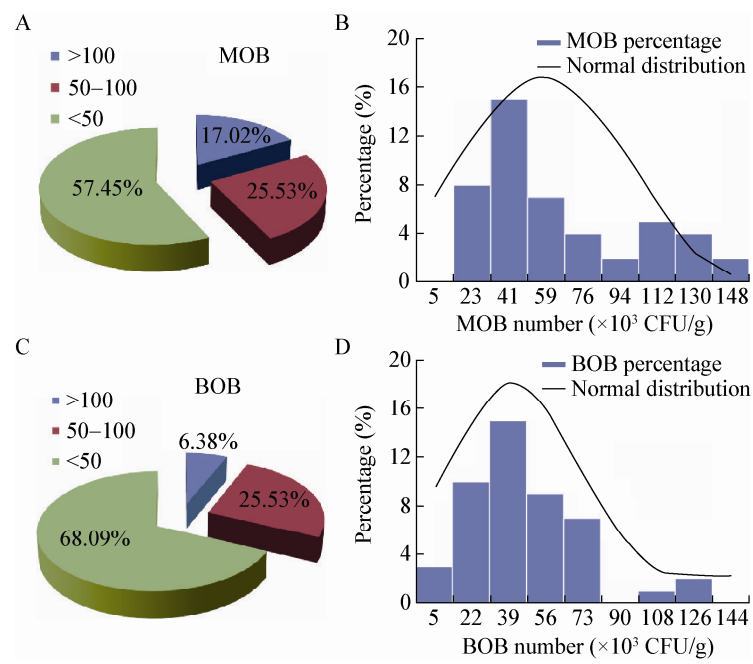


图 6 普光气田油气微生物数量分布图

Figure 6 Distribution of microbial growth number in Puguang gas field

在数据统计的基础上, 根据经验将剖面上的微生物异常值分为 3 个等级, 大于 100 为高值异常区, 大于 50 小于 100 为异常区, 50 以下为背景区。统计结果显示, 实验区甲烷氧化菌异常值大于 100 的样品占总样品数的 17.02%, 异常区的样品数占总样品数的 25.53%, 背景区的样品数占样品总数的 57.45%; 丁烷氧化菌异常值大于 100 的样品占总样品数的 6.38%, 异常区的样品数占总样品数的 25.53%, 背景区的样品数占样品总数的 68.09%; 从统计结果可以看出, 甲烷氧化菌异常高值丰度相比丁烷氧化菌在本区块所占比例更高。

2.2.2 剖面微生物异常、地球化学异常分布特征: 甲烷氧化菌和丁烷氧化菌分别有指示气、指示油的特征。图 7、8 分别是普光气田上方穿过 MB2 井、CG2 井剖面上甲烷氧化菌和丁烷氧化菌的分布情况。从图 7、8 中可以看出, 甲烷氧化菌、丁烷氧化菌的分布具有一定的相似性, 在 MB2 井、CG2 井所在的气区上方都有异常高值出

现, 与背景区能够明显分开。丁烷氧化菌在 MB2 井上方丰度较高, 而在 CG2 井上方丰度较低, 是由于 MB2 井相较于 CG2 井含重质烃气较多, 因此丁烷氧化菌指示情况更显著; 甲烷氧化菌在气区上方分布更明显, 呈顶端异常, 这表明甲烷氧化菌对气田的分布具有良好的指示作用。

喜山期的造山活动使普光气田的构造性圈闭最终定型, 其两套区域盖层: 须家河组及以上的泥岩和雷口坡组及其以下嘉陵江组合飞四段膏盐岩盖层对本区块的气藏具有很好的封盖作用。图 7、8 中微生物异常的分布与断层的分布并没有相对应的关系, 这是因为油气喜山期造山运动后期, 随着断裂活动的减弱以及逸散的油气分异、氧化作用而形成沥青塞重新封闭, 下倾方向未逸出的油气得到保存, 形成沥青型封闭性油气藏, 因此本区块断层并不是烃类微渗漏的优势通道, 而是对气藏起到了良好的遮挡作用。由此可见, 气藏中的轻烃组分在气藏压力和浮力条件下做垂

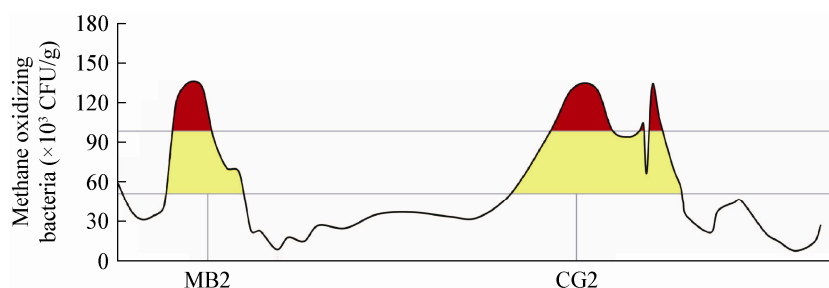


图 7 普光气田甲烷氧化菌异常分布图

Figure 7 Abnormal distribution of methane-oxidizing bacteria in Puguang gas field

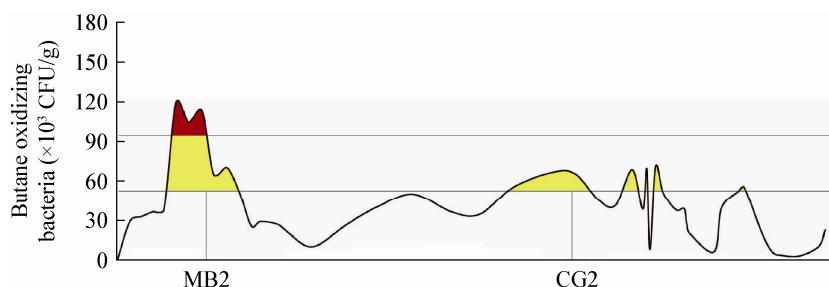


图 8 普光气田丁烷氧化菌异常分布图

Figure 8 Abnormal distribution of butane-oxidizing bacteria in Puguang gas field

直微渗漏，包含扩散+渗透+水动力等运移，地表微生物异常呈现出顶端异常模式。

深部油气藏中烃类组分的现代补偿性活跃微渗漏至地表，引起地表土壤介质中的烃类(游离态或吸附态)或微生物的浓度变化，可被化探方法中相对应的酸解烃、热释烃、顶空轻烃、蚀变碳酸盐等指标测到，这些地表化学指标的优点是能够指示地下油气藏形成的有利部位。

对普光气田剖面上土壤样品的酸解烃、顶空气和蚀变碳酸盐 3 个常规化探指标进行检测的结果如图 9 所示。在穿过 MB2 井和 CG2 井的联井剖面

上方，酸解烃甲烷和蚀变碳酸盐浓度变化趋势基本一致，在 MB2 井和 CG2 井上方具有烃浓度异常值，在大湾构造上方呈现低值，这与甲烷氧化菌在剖面上的异常特征相同。

2.2.3 微生物群落结构异常分布：通过高通量测序，从种属水平上进一步研究群落结构的特征分布。对 MB2、CG2 井位与对照区上方土壤微生物群落信息进行研究，通过焦磷酸高通量测序结果的系统发育学分析，在 97%的相似度水平下，将所有样品的 6 507 个细菌 OTU 总共划分为 19 个纲。所使用的软件平台为 Usearch (Vsesion 7.1，

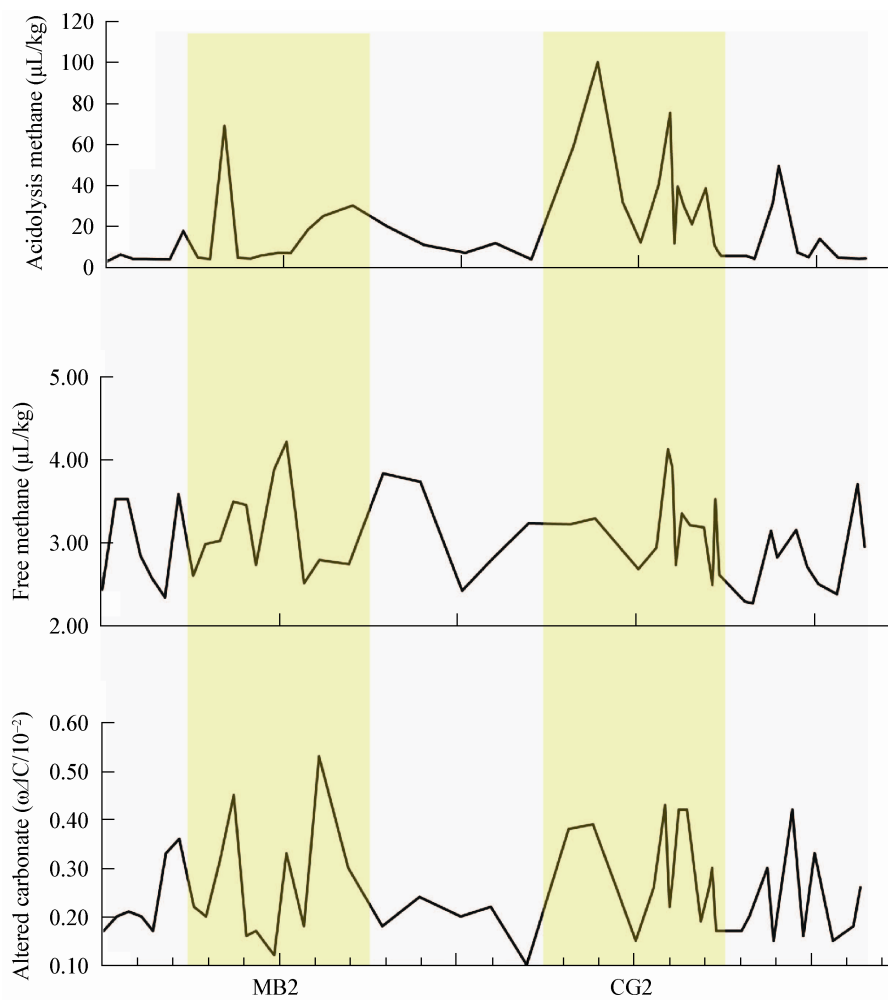


图 9 普光气田地球化学异常分布图
Figure 9 Abnormal distribution of geochemical parameters in Puguang gas field

<http://drive5.com/uparse/>)。聚类分析后的结果表明优势细菌从纲水平进行区分, 油气富集 MB2 井与 CG2 井上方土壤中, 主要包括 α -变形菌纲 (Alphaproteobacteria)、 β -变形菌纲 (Betaproteobacteria)、 γ -变形菌纲 (Gammaproteobacteria)、酸杆菌纲 (Acidobacteria)、放线菌纲 (Actinobacteria) 等。此结果与前期项目组在其他区块应征结果一致。从以上纲和目两种分类水平来看, 油气指示微生物不属于高丰度群体, 土壤中微生物的基本群落结构并未发生显著变化, 表明上浮烃类在土壤总碳源中仅占极少部分, 油气指示微生物并不是总群落中的优势种群。油气指示微生物所占总微生物群落比例较小, 属于低丰度群体。

气田上方有效指示微生物为甲烷氧化微生物, 如图 10 所示, 为甲烷氧化微生物属水平的分析结果。MB2 与 CG2 井位上方土壤微生物的序列属于 10 个属, 其中最优势的属为 *Methylobacterium*、*Methylococcus* 和 *Methylomirabilis*。MB2 井位上方土壤微生物中 *Methylobacterium*、*Methylococcus* 和 *Methylomirabilis* 分别占总测序量的 0.011%、0.020% 和 0.110%; CG2 井位上方土壤微生物中 3 类微生物分别占总测序量的 0.021%、0.028% 和 0.001%。对照组上方甲烷氧化微生物所占比例显著不同, 优势属为 *Methylocystis* 和 *Methylophilus*, 分别占总测序量的 0.005% 和 0.002%。从以上属分类水平结果, 发现土壤中甲烷氧化微生物的基本群落结构在油气区与对照区有显著变化, 表明上浮烃类虽然在土壤总碳源中仅占极少部分, 但对于典型油气指示微生物的驯化具有显著的影响, 使得土壤中的微生物逐步向 *Methylobacterium*、*Methylococcus* 和 *Methylomirabilis* 等属分类微生物发生演替, 表明这一类微生物与甲烷气正相关, 这一类甲烷氧化菌在气藏区上方的异常可以用于预测下伏油气藏的存在, 是推动这种演替变化的关键属群。

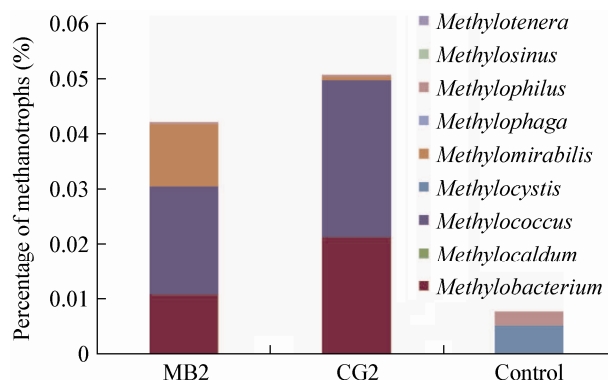


图 10 普光气田 MB2、CG2 与对照样点上方甲烷氧化微生物群落结构信息图

Figure 10 Microbial community distribution map of MB2, CG2 and control in Puguang gas field

3 结论

人工模拟结果表明, 不同烃类组别驯化下微生物群落结构出现明显专属性和差异性, 为油气微生物勘探提供了理论依据。从微生物群落结构水平研究发现, 在普光气田上方土壤微生物群落中, 优势甲烷氧化细菌属包括 *Methylobacterium*、*Methylococcus* 和 *Methylomirabilis*。分析结果表明, 这一类微生物与甲烷气体正相关, 可作为气藏的指示菌, 可以用于预测下伏油气藏的存在, 是推动这种演替变化的关键属群。本次微生物多样性研究使用的是 16S rRNA 基因中 V3 与 V4 区标靶, 研究原核微生物多样性时 16S rRNA 基因内分异性是一个值得关注的技术问题^[18], 16S rRNA 基因组内不同区域的分异性均不同, 对于不同的标靶区域实验结果存在差异, 今后的微生物多样性研究随着测序技术的进步应该将不同标靶区进行组合研究, 还原最完整的信息。同时, 油气微生物勘探技术在普光地区应用表明, 在气田上方地表土壤中, 甲烷氧化菌和丁烷氧化菌都展现出异常高值的特征, 特别是甲烷氧化菌异常对天然气藏中的轻烃微渗漏具有很好的响应, 能指示下伏气藏的“生命体征”, 甲烷氧化菌在普光气田是有利的微生物勘探指标。此外, 地表化探指标酸解烃和蚀变碳酸盐的异常分布和甲烷氧化菌异常的分布特征相似, 都是揭示气藏微

渗漏作用下引起的地表微生物地球化学过程, 由于地质和地表条件以及烃类微渗漏的复杂性, 多方法、多指标应结合应用。

参 考 文 献

- [1] Schumacher D, Abrams MA. Hydrocarbon Migration and its Near-Surface Expression[M]. Tulsa: The American Association of Petroleum Geologists, 1996, 66: 446
- [2] Sundberg KR, Hitzman DC, Tucker JD. Surface hydrocarbon microseepage detection by microbial survey of the Sorrento-Mt. Pearl field area, Cheyenne County, Colorado[C]. Denver, Colorado: AAPG Annual Convention, 1994: 267
- [3] Tucker J, Hitzman D. Detailed microbial surveys help improve reservoir characterization[J]. Oil and Gas Journal, 1994, 92(23): 65-69
- [4] Sealy JR. A geomicrobial method of prospecting for oil[J]. Oil and Gas Journal, 1974, 8: 142-146
- [5] Miller GH. Microbial Survey helps to evaluate oil and gas[J]. Oil and Gas Journal, 1976, 4: 192-202
- [6] Rasheed MA, Veena Prasanna M, Patil DJ, et al. Exploration of hydrocarbons using geomicrobial technique in Deccan Syncline, India[J]. Petroview, 2007, 2(4): 25-30
- [7] Rasheed MA, Veena Prasanna M, Satish Kumar T, et al. Geo-microbial prospecting method for hydrocarbon exploration in Vengannapalli Village, Cuddapah Basin, India[J]. Current Science, 2008, 95(3): 361-366
- [8] Wagner M, Wagner M, Piske J, et al. Case histories of microbial prospecting for oil and gas, Onshore and Offshore in Northwest Europe[A]//AAPG studies in Geology No. 48/SEG Geophysical References Series No. 11: Surface Exploration Case Histories: Applications of Geochemistry, Magnetism, and Remote Sensing[C]. Tulsa: The American Association of Petroleum Geologists and the Society of Exploration Geophysicists, 2002: 453-479
- [9] Beghtel FW, Hitzman DO, Sundberg KR. Microbial Oil Survey Technique for evaluation of new field wildcat wells in Kansas[J]. Association of Petroleum Geochemical Explorationists Bulletin, 1987, 3: 1-14
- [10] Nimmi S, Kapoor S, Jain MA, et al. Geomicrobial survey for hydrocarbons in Frontier basins of India[J]. Petrotech, 1999: 323-326
- [11] Rasheed MA, Lakshmi M, Patil DJ, et al. Geo-microbial studies for Hydrocarbon Exploration in sediment samples from southern part of Gulf of Mannar, Kerala Konkan Offshore Basin[J]. Indian Journal of Petroleum Geology, 2009, 17(2): 1-9
- [12] Yuan ZH, Zhang YQ, Zhao Q, et al. New progress of microbial prospecting of oil and gas in China: taking the satellite oilfield in Daqing as an example[J]. Science in China Series D: Earth Sciences, 2009, 52(S1): 152-158
- [13] Yuan ZH, Fu XN. Microbial prospecting of oil and gas (MPOG) in Taichang-hesheng area of Ordos Basin[J]. Inner Mongolia Petrochemical Industry, 2008, 34(20): 75-76 (in Chinese)
袁志华, 付晓宁. 鄂尔多斯盆地太昌-和盛区块油气微生物勘探研究[J]. 内蒙古石油化工, 2008, 34(20): 75-76
- [14] Deng P, Wang GJ, Liu YL. Experimental study of microbiological oil and gas exploration techniques[J]. Natural Gas Industry, 2003, 23(1): 18-21 (in Chinese)
邓平, 王国建, 刘运黎. 微生物油气勘探技术的试验研究[J]. 天然气工业, 2003, 23(1): 18-21
- [15] Zhang CL, Pang XQ, Mei H, 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 (in Chinese)
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——以柴达木盆地三湖凹陷为例[J]. 石油勘探与开发, 2010, 37(3): 310-315
- [16] Zhang CL, Pang XQ, Mei H, 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 (in Chinese)
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
- [17] Chen ZY, Min H, Chen MC, et al. Studies on relationships among methane emission and methane-oxidizing and methanogenic bacteria in three types of rice-field soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2001, 21(9): 1498-1505 (in Chinese)
陈中云, 闵航, 陈美慈, 等. 不同水稻土甲烷氧化菌和产甲烷菌数量与甲烷排放量之间相关性的研究[J]. 生态学报, 2001, 21(9): 1498-1505
- [18] Sun DL, Jiang X, Wu QL, et al. Intragenomic heterogeneity of 16S rRNA genes causes overestimation of prokaryotic diversity [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(19): 5962-5969