

塔里木盆地顺北断溶体油气藏微生物特征及有利区预测

闫亮¹,季苗²,贾宝迁²,陈晓彤²,高平²

(1. 中国石化石油物探技术研究院,江苏南京211100; 2. 中国科学院微生物研究所,北京100101)

摘要: 油气微生物检测技术因廉价、直接、高效等特点而日益受到油气勘探界的重视。文章对油气勘探潜力较大的顺北地区顺8井北三维区开展了油气微生物异常特征的研究。采取改良平板培养计数法和16S rRNA基因克隆文库法与高通量测序法对土壤样品中的油气微生物进行定量检测,采用改良平板培养计数法了解了顺北地区的微生物数量特征,通过16S rRNA基因克隆文库法与高通量测序法查清了顺北地区油气微生物的种类异常情况。根据检测结果建立了顺北-跃参已知油气藏的微生物数量及种类异常模式,并以此为依据对顺8井北三维区划出了4个微生物数量异常区,推测出未知区存在4个潜在有利勘探目标区(异常区)。

关键词: 平板培养法;甲烷氧化菌;丁烷氧化菌;油气微生物勘探;顺北断溶体;塔里木盆地

中图分类号: TE135

文献标识码: A

Microbial characteristics of Shunbei faulted-karst reservoirs and prediction of play fairways, Tarim Basin

Yan Liang¹, Ji Miao², Jia Baoqian², Chen Xiaotong², Gao Ping²

(1. Geophysical Research Institute, SINOPEC, Nanjing, Jiangsu 211100, China;

2. Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

Abstract: Microbial prospecting of oil and gas (MPOG) is drawing more and more attention of explorationists due to its advantages including low cost, immediacy and high efficiency. Taking the 3D seismic acreage of northern Shun 8 block, Shunbei area, Tarim Basin as the research object, we carried out researches on abnormal characteristics of hydrocarbon-degrading microorganisms, mainly adopting improved plate culture counting method, 16S rRNA gene cloning library method and high-throughput sequencing method to quantitatively detect hydrocarbon-degrading microorganisms in soil samples. The former serves to identify the characteristics of microorganisms in respect of quantity in Shunbei area; while the latter two function to ascertain the abnormalities of hydrocarbon-degrading microorganisms in respect of types therein. According to the obtained results, we built models for the abnormal quantity and types of microorganism in the known hydrocarbon reservoirs in Shunbei-Yuecan area, and in turn identified 4 abnormal zones of microbial quantity in 3D seismic acreage of northern Shun 8 block, which are considered to the potential exploration target zones (abnormal zones).

Key words: plate culture counting method, methane-oxidizing bacteria, butane-oxidizing bacteria, microbial prospecting of oil and gas, Shunbei faulted karst, Tarim Basin

油气微生物勘探技术 MPOG (Microbial Prospecting for Oil and Gas), 是指利用油气藏的轻烃气体向地表垂直运移过程中, 对近地表的好氧微生物造成的异常影响进行勘探。MPOG 可作为一种独立技术, 在未进行过三维地震勘探的地区进行初勘, 确定远景区, 进行油气勘探有利区和潜在油藏性质的初步评价。将其与地球物理和地球化学结合, 可更准确地确定有利圈闭, 查明未

发现的油气藏, 增加勘探成功率, 减少勘探风险。目前, 该技术已在许多国家和地区得到应用, 取得了显著成效^[1-2]。据美国相关公司报道, 在全球范围内采用油气微生物勘探技术的平均钻探成功率达到了 80%, 是生物学技术在油气勘探领域开拓性应用的成功范例^[3-5]。

烃的微渗漏使油气藏上方近地表出现微生物异常^[6-7]。这种微生物是以烃为碳源和能源的烃氧化菌,

收稿日期: 2019-06-03; 修订日期: 2020-04-23。

第一作者简介: 闫亮 (1984—), 男, 硕士、副研究员, 石油地质。E-mail: yanl.swty@sinopec.com。

基金项目: 国家科技重大专项 (2017ZX05005001-009)。

目前研究较多的有甲烷氧化菌和丁烷氧化菌^[8-10]。甲烷氧化菌是一种专性菌,只能利用甲烷或甲基类化合物作为唯一的碳源和能源,这种专属性细菌能够指示土壤中甲烷的存在。甲烷氧化菌会在天然油气田或人工气苗附近的近地表土壤大量分布,可作为油气藏勘探的指标之一。丁烷氧化菌受人为影响较少,主要来源于油气藏,因此认为采用丁烷氧化菌作为研究对象对油气勘探更具专属性。全球多个国家和地区先后完成了3 000多个相关项目并取得了巨大的成果^[11-13]。

顺北地区北东向深大断裂带是储层发育和油气富集的有利区,也是未来油气勘探和增储上产的重要领域。该领域具有多期成藏、多期调整的特点,给油气勘探评价带来了极大挑战。如何在深化油气富集规律认识的基础上完善和发展新的勘探评价技术是油气勘探面临的首要任务之一,同时也是顺北地区持续获得油气突破的关键所在。本文针对顺北地区顺8井北三维工区开展了微生物油气检测研究,结合构造背景、断裂发育及储层地球物理特征,对顺8井北三维区进行油气有利区预测,为顺北断溶体油气勘探部署提供了新的依据。

1 地质背景

顺北区块位于顺托果勒低隆的北部(图1),处于阿瓦提、满加尔坳陷与沙雅隆起的结合部,发育玉尔吐斯组烃源岩,是油气长期运移聚集的有利区^[14]。近年来顺北“断溶体”油藏勘探开发实践表明,顺北油气田奥陶系油藏属于低密度、高成熟、低凝固点、高初馏点、低粘度、低硫、含蜡的轻质-挥发性油藏,主要储集空间为洞穴、裂缝,储层类型为受走滑断裂带控制的“裂缝-洞穴”型储层。特深断溶体储层是走滑断裂、大气淡水、深部热流等多因素作用形成的碳酸盐岩裂缝-



图1 塔里木盆地顺北区块位置

Fig. 1 Diagram showing the location of Shunbei block in Tarim Basin

洞穴型储集体。油藏埋深大,产层纵向厚度大、平面上呈条带状沿主干断裂带展布,延伸长度大。目前在顺北油田已经发现了18条主干断裂带,顺北一、五号断裂带已经建成 50×10^4 t产能,展示了良好的勘探开发潜力。但是断溶体油藏勘探也面临着油气藏埋深大、油气藏预测难度大的难题,需要结合应用多种勘探方法,综合分析和预测油藏^[15-17]。

2 油气微生物勘探研究方法

2.1 样品采集

顺北地区以沙漠为主,土壤样品主要为沙土,地表植被极少,人为活动稀少,因此植物及人类对土壤微生物影响较小,适于开展油气微生物勘探研究工作。顺北地区目前共有4个三维工区,分别是顺8井三维区、顺北三维区、顺8井北三维区和顺8井西三维区。对顺8井北三维区工区进行微生物勘查采样,部署设计如图2所示,为网格化取样,网格大小为 $500 \text{ m} \times 2\,000 \text{ m}$,图中每个圆圈代表一个采样点,采样点相连形成南北向14条、东西向19条采样线。采样点名称中前面的数字表示该采样点在南北向测线的位置,后面的数字表示其在东西向测线中的位置。比如1-19,则表示该采样点位于第1号南北向测线和第19号东西向测线交叉的位置。整个区域总计部署采样点266个。对照区顺北-跃参油气田上方样品31个。采样完成后土壤样品用无菌袋密封放入低温储藏箱保存。

2.2 样品预处理方法

由于顺8井北三维工区土壤大多为沙土,土壤样品中细菌含量非常低,按常规的方法只能培养出极少量的菌落,无法统计,因此改良了沙土中细菌的培养条件,先对其中的细菌进行富集,然后再进行实验。

将沙漠戈壁区土壤样品分别溶解在一定量的甲烷氧化菌或丁烷氧化菌液体培养基中, 30°C 摇床恒温培养3 d;然后取上清分别涂布在含有甲烷培养基或者丁烷培养基的培养皿上, 30°C 恒温培养3~5 d,记录每个培养皿中形成的菌落数量。富集后的土壤样品中细菌的数量明显增多(图3)。

本次研究使用特异的针对甲烷氧化菌和丁烷氧化菌的培养基,被富集的也只是这两种细菌,其他菌不能利用其中的碳源生长,所以仍然能够反应样品中甲烷氧化菌和丁烷氧化菌的数量差异。后续实验均采用此方法并在已知油藏区(顺北-跃参)得到了验证,证明富集后的数据依然能够对油气具有指示作用,适用于顺北地区极端条件下的微生物培养。

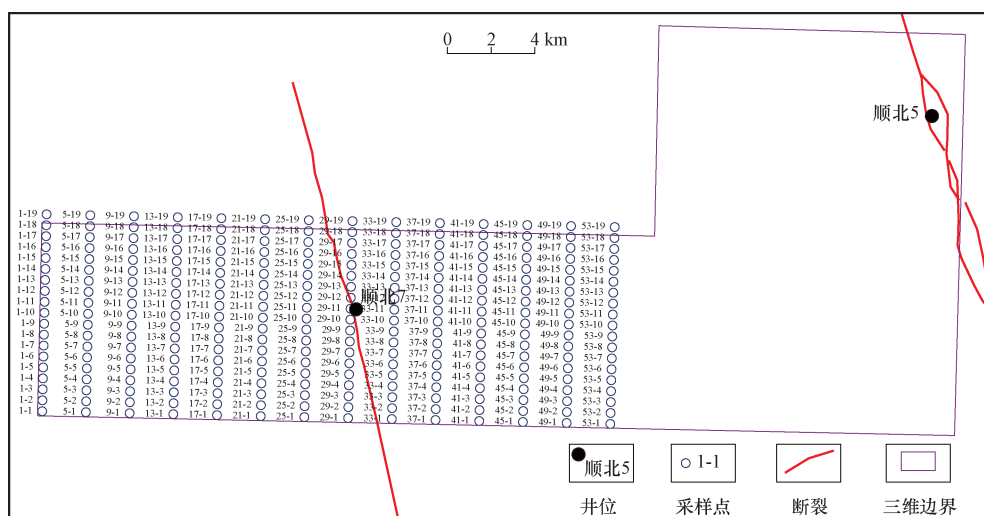


图 2 塔里木盆地顺 8 井北三维区样品采样点

Fig. 2 The sample distribution in the 3D seismic acreage of northern Shun 8 block, Tarim Basin

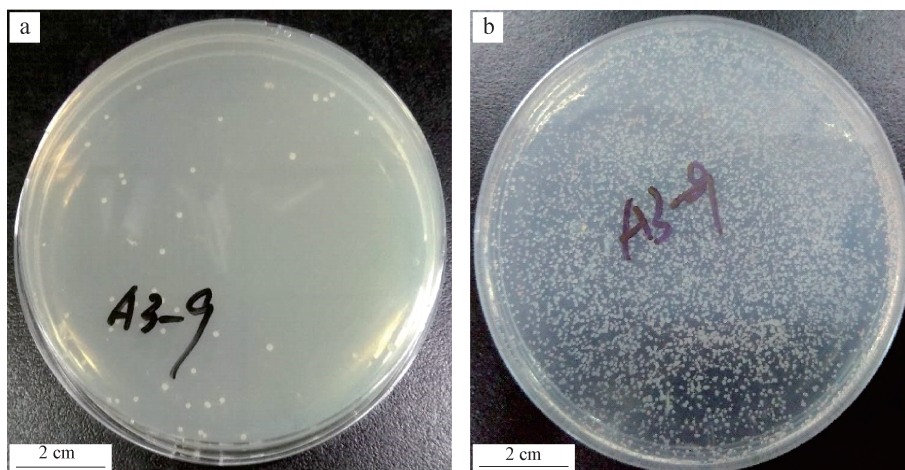


图 3 塔里木盆地顺北地区土壤样品平板培养法甲烷氧化菌富集前后对比

Fig. 3 The comparison of methane-oxidizing bacteria colony cultivation before and after sampled soil enrichment by plate culture counting method in Shunbei area, Tarim Basin

a. 甲烷氧化菌富集前, b. 甲烷氧化菌富集后

2.3 16S rRNA 测序

16S rRNA 测序以平板培养法为基础,挑取平板上长出的单菌落,分别接种于对应的甲烷、丁烷氧化菌的固体培养板上继续纯化培养 3 次,对纯化的菌株提取 DNA,进行 16S rRNA 扩增。利用 BLAST 将所测得的序列与 GenBank/EMBL/DBJ 数据库中已登录的序列进行同源性比较,分析甲烷、丁烷氧化菌的物种丰度和相对组成结构特征,根据不同的地质特点,考察不同油气藏上方土壤中典型油气指示微生物的数量变化规律,分析其油气指示微生物物种多样性和相对组成结构特征。应用这种方法,可以探索不同油气藏类型微生物群落结构变化机制,为建立全面的油气微生物实

物菌种库奠定物质基础。

2.4 高通量测序分析微生物的主要组成及丰度分布

采用高通量测序技术可以在免培养条件下直接提取微生物基因组 DNA 进行 16S rRNA 高通量测序,研究该地区油气富集带上方的油气微生物物种丰度、分布以及群落结构等特征,解析该地区油气微生物的分布特征以及探索可作为勘探实施的油气指示菌,加深该地区油气微生物标识物的认识,为油气微生物勘探提供直接实验依据^[18-19]。

称取 20 g 土壤样品,与 30 mL (1 × PBS, PBS 为磷酸盐缓冲液) 缓冲液振荡混匀,使细菌充分悬浮,然后按照土壤 DNA 快速提取试剂盒(美国圣诺安娜 MP 生

物医疗公司)提取DNA,将提取到的DNA溶解于50 μL 的ddH₂O,通过微量紫外分光光度计(NanoDrop ND-1000UV)测定DNA浓度和纯度(OD_{260 nm}/OD_{280 nm}和OD_{260 nm}/OD_{230 nm})。提取出的DNA,利用细菌16S rRNA基因的通用引物515F(GTGCCAGCMGC-CGCGG)与907R(CCGTCAATTCMTTTRAGTTT)扩增其V3-V4区基因片段,每个样品的引物含有特异的7 bp Barcode序列用于区分不同的样品。利用凝胶回收方法,对扩增产物进行纯化和定量,每个样品以等摩尔比的形式合并到一个试管中,以备焦磷酸测序。在IlluminaHiSeq测序平台上,利用双末端测序对小片段文库进行检测。初步分析时首先对高通量测序产生的序列拼接过滤,通过操作分类单元(OTUs:Operational Taxonomic Units)聚类对物种进行注释和统计;然后进一步通过 α 多样性分析(Alpha Diversity)及 β 多样性分析(Beta Diversity)来分析样品之间的差异。

2.5 顺北-跃参已知油藏区油气微生物数量异常特征及对比标准的建立

顺北-跃参区块碳酸盐岩缝洞型储层发育,在跃参区块奥陶系中-下统一间房组和鹰山组的钻井获得了

工业或高产工业油气流,已建成年产 $(20 \sim 30) \times 10^4 \text{ t}$ 的基地。首先对顺北-跃参已知有油气的地区的土壤样品进行了富集、涂布和计数,并将计数结果转化为微生物数量异常曲线图,建立微生物数量异常模式;以此作为参考,对未知区顺8井北三维区进行预测。结果如图4所示,钻井区上方的甲烷氧化菌和丁烷氧化菌数量都有明显增多,而其他区域的甲烷氧化菌和丁烷氧化菌较少。由于该区属于轻质油区,所以该区油气分布与甲烷氧化菌和丁烷氧化菌异常均有一定相关性,但是相对于甲烷氧化菌,丁烷氧化菌数量异常对该区油气指示作用更加明显。

跃参区块勘探开发实践表明,顺北-跃参油气藏为轻质-挥发性未饱和裂缝-洞穴型油藏,油气柱高度大,该地区具有深大断裂带“控储、控藏、控富”油气富集模式,深大断裂带就是油气富集带。结合图4和表1总结了顺北-跃参各个油气井油气产量与对应指示氧化菌的数量异常情况对比。由此可知,在各油气井附近,丁烷氧化菌呈现高异常或中异常,在只有0.5 t油显示的SHB1井处也呈现了丁烷氧化菌的高异常。甲烷氧化菌在SHB1-1井处出现低异常,YJ1-5井处计数为0,其余各井处均为高异常。说明相似的

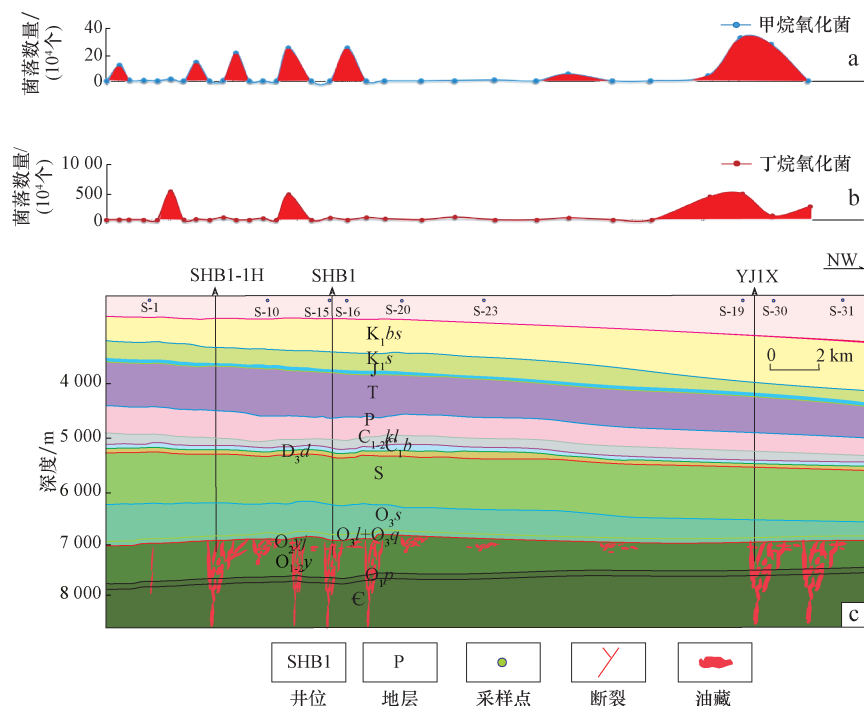


图4 塔里木盆地顺北-跃参油气田地质剖面与油气微生物数量异常关系

Fig. 4 The microbial quantity anomaly correlated with geological section in Shunbei-Yuecan field, Tarim Basin

a. 甲烷氧化菌菌落数量; b. 丁烷氧化菌菌落数量; c. 地质剖面与采样井

K₁bs. 下白垩统巴什基奇克组; K₁s. 下白垩统舒善河组; J. 侏罗系; T. 三叠系; P. 二叠系; C₁₋₂kl. 上石炭统卡拉沙依组; C₁b. 下石炭统巴楚组; D₃d. 上泥盆统东河塘组; S. 志留系; O₃s. 上奥陶统桑塔木组; O₃l. 上奥陶统良里塔格组; O₃q. 上奥陶统恰尔巴克组; O₂yl. 中奥陶统一间房组; O₁₋₂y. 中、下奥陶统鹰山组; O₁p. 下奥陶统蓬莱坝组; C. 寒武系

表 1 塔里木盆地顺北-跃参各油气井初期日产量与
对应氧化菌异常对照

Table 1 Initial daily production of wells in Shunbei-Yuecan
field correlated with anomalies of oxidizing bacteria,
Tarim Basin

井名	初期油气日产量	甲烷/丁烷异常情况	符合情况
SHB1	油:0.5 t	丁烷菌:高异常	不符合
	气:3 300 m ³	甲烷菌:高异常	符合
SHB1-1	油:82.5 t	丁烷菌:高异常	符合
	气:39 273 m ³	甲烷菌:低异常	不符合
YJ1X	油:48.67 t	丁烷菌:高异常	符合
	气:12 927 m ³	甲烷菌:高异常	符合
YJ1-3	油:53.94 t	丁烷菌:中异常	符合
	气:15 953 m ³	甲烷菌:高异常	符合
YJ1-5	油:81 t	丁烷菌:中异常	符合
	气:10 138 m ³	甲烷菌:无	不符合

地质条件下,油气田上方甲烷氧化菌、丁烷氧化菌等表现出明显的数量异常特征,评估油气井时应优先考查丁烷氧化菌的数量异常情况,甲烷氧化菌也有一定的指示作用,这也与研究得出的油气微生物数量异常模式相一致。尤其是顺北地区地表以沙漠居多,地表植被对于微生物的影响小,因此油气微生物数量异常更加可信。

3 结果

3.1 顺 8 井北三维区油气微生物数量异常特征

顺 8 井北三维区与已知区顺北-跃参油气藏在构造、储层、主控因素和富集模式上都类似,所以推测顺 8 井北三维区油气分布也与丁烷氧化菌与甲烷氧化菌数量异常存在相关性。所以接下来顺 8 井北三维区的研究主要集中在了丁烷氧化菌和甲烷氧化菌,尤其是丁烷氧化菌上。

利用平板培养计数法,查清了顺 8 井北三维区纵横采样线共 266 个土壤样品中油气微生物含量,并做出了相应的地质剖面与油气微生物数量异常的关系图,图 5 和图 6 为其中 2 条具有代表意义的微生物数量异常曲线图。可以看出,丁烷氧化菌异常对该区油气指示作用明显,甲烷氧化菌异常也有一定的油气指示作用。

综合所有数量异常曲线,结合顺北-跃参已知油藏区的微生物数量异常标准,绘制了顺 8 井北三维区的丁烷氧化菌数量异常分布平面图(图 7)。某些采样点的样品并未培养出油气指示微生物,而在这些区域

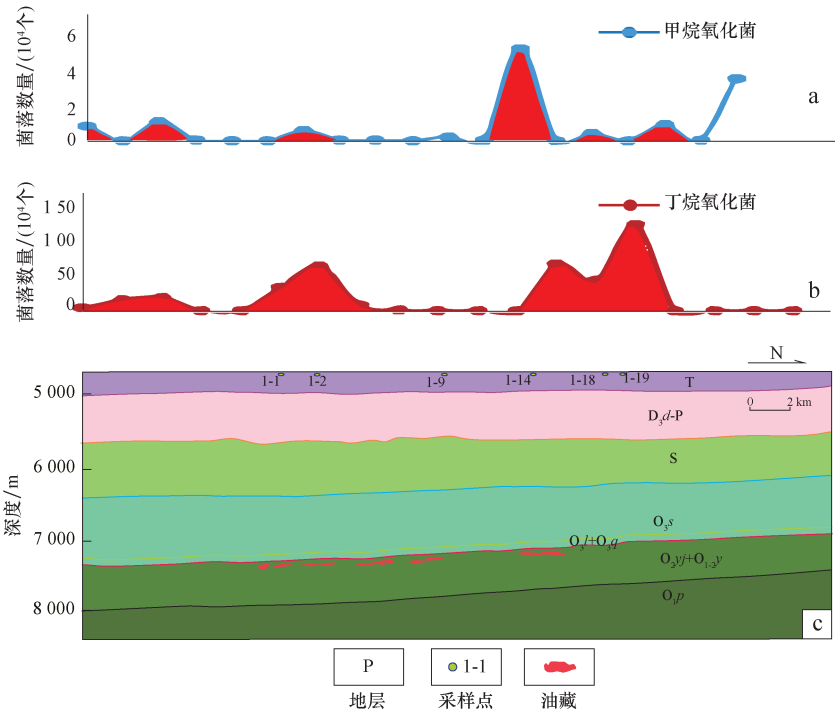


图 5 塔里木盆地顺北地区顺 8 井北三维区南北向 1 号采样线油藏剖面与数量异常对应

Fig. 5 The microbial quantity anomaly correlated with the geological section along sampling line 1# in the 3D seismic acreage of
northern Shun 8 block, Tarim Basin

a. 甲烷氧化菌菌落数量; b. 丁烷氧化菌菌落数量; c. 油藏剖面

T. 三叠系; P. 二叠系; D₃d. 上泥盆统东河塘组; S. 志留系; O₃s. 上奥陶统桑塔木组; O₃l. 上奥陶统良里塔格组; O₃q. 上奥陶统恰尔巴克组;
O₂y. 中奥陶统一间房组; O₁₋₂y. 中、下奥陶统鹰山组; O₁p. 下奥陶统蓬莱坝组

库克隆法分析,利用 BLAST 将所测得的序列与已知数据库中登录的序列进行同源性比较,鉴定出顺北的油气指示菌种,对顺北三维区油气区土壤中微生物多样性和相对比例进行分析,所有顺北三维区样品在甲烷氧化菌培养条件下共鉴定出了 13 种、80 株优势菌,在丁烷氧化菌培养条件下共鉴定出 9 种、47 株丁烷氧化菌,其中甲烷氧化菌优势菌种主要为甲基杆菌属 (*Methylobacterium* sp.)、罗尔斯顿菌 (*Ralstonia* sp.)、诺卡氏菌属 (*Nocardia* sp.)、假单胞

菌属 (*Pseudomonas* sp.) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus* sp.); 丁烷氧化菌优势菌种主要为诺卡氏菌属 (*Nocardioidea* sp.)、假单胞菌 (*Pseudomonas* sp.) 及不动杆菌属 (*Acinetobacter* sp.)。总体可见甲烷氧化菌的菌种更为丰富。为了将来更深入地研究这些细菌对油气的指示作用, 将鉴定出的 20 种优势菌株在实验室 -80°C 环境下进行了保存, 构建了油气指示微生物实物菌种数据库, 作为今后进一步研究这些菌株的基础。

3.3 高通量测序分析顺 8 井北三维区土壤微生物的主要组成及丰度分布

所有样品高通量测序完成后, 根据有效标签, 所有样品会按照 97% 的一致性将序列聚类成为 OTUs (Operational Taxonomic Units), 对各样品的 OTU 聚类和注释结果进行综合统计, 统计每个样品注释到各分类水平 (界、门、纲、目、科、属、种) 上的序列数目, 由此了解各分类水平的整体注释情况。与已知区顺北 - 跃参油气藏相比, 顺 8 井北三维区样品的微生物种类尤其是特有物种数越多, 可能蕴藏的油气敏感微生物越多, 就值得进一步研究。

为了方便分析, 把顺 8 井北三维区土壤样品进行了分组, 根据物种注释结果, 选取所有微生物种类中在各分类水平 (界、门、纲、目、科、属、种) 上最大丰度排名前 10 的物种, 生成物种相对丰度柱形累加图, 通过此图可以得到各个样品在各个分类水平上占比例最多

的几个物种的分布情况。图 8 展示的是顺 8 井北三维区土壤样品中属水平物种相对丰度柱形图, 主要为: 芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、卓贝尔氏菌 (*Zobellia*)、短芽孢杆菌属 (*Brevibacillus*)、诺卡氏菌属 (*Nocardioidea*)、博德特氏菌 (*Bordetella*)、水芽孢杆菌属 (*Aquibacillus*) 属、泡囊短波单胞菌 (*Brevundimonas*) 和海杆菌属 (*Marinobacter*)。已知的顺北 - 跃参地区上方芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 占比最高, 与之相比顺 8 井北三维区各组采样线芽孢杆菌属丰度均较高, 因此芽孢杆菌很可能是该地区广泛分布的菌种, 无法作为油气特异的指示菌。南北向测线 21, 29, 33, 49 号线含有较高丰度假单胞菌属, 这也与顺北 - 跃参地区较为接近。其他未鉴定出的菌在各组中均占较大丰度, 顺 8 井北三维区采样线点均高于已知的跃参上方, 说明顺 8 井北三维区上方有大量的未知菌种有待研究。另外, 假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 是被报道过的可能利用油气藏兼性生长的常见细菌和真菌, 值得进一步开展生化研究以确定其是否能降解烃类。

根据所有样品在属水平的丰度信息, 选取占比最高的前 35 的属, 根据其在每个样品中的比例, 从物种和样品两个层面进行聚类, 绘制成热图 (图 9), 分组中高丰度菌与已知顺北 - 跃参油气田相似的是南北向 21 号线和南北向 5 号线, 这两条采样线值得注意, 可能是潜在的油气藏。南北向 29 号线有大量的红球菌

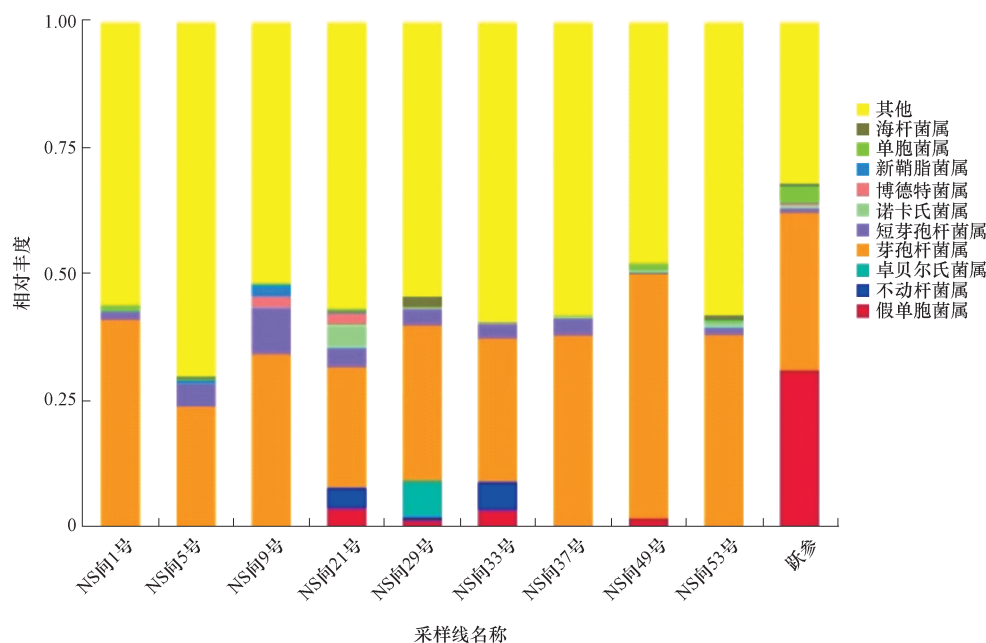


图 8 塔里木盆地顺北地区顺 8 井北三维区主要物种属水平相对丰度分布

Fig. 8 The relative abundance distribution of major species in the 3D seismic acreage of northern Shun 8 block, Tarim Basin

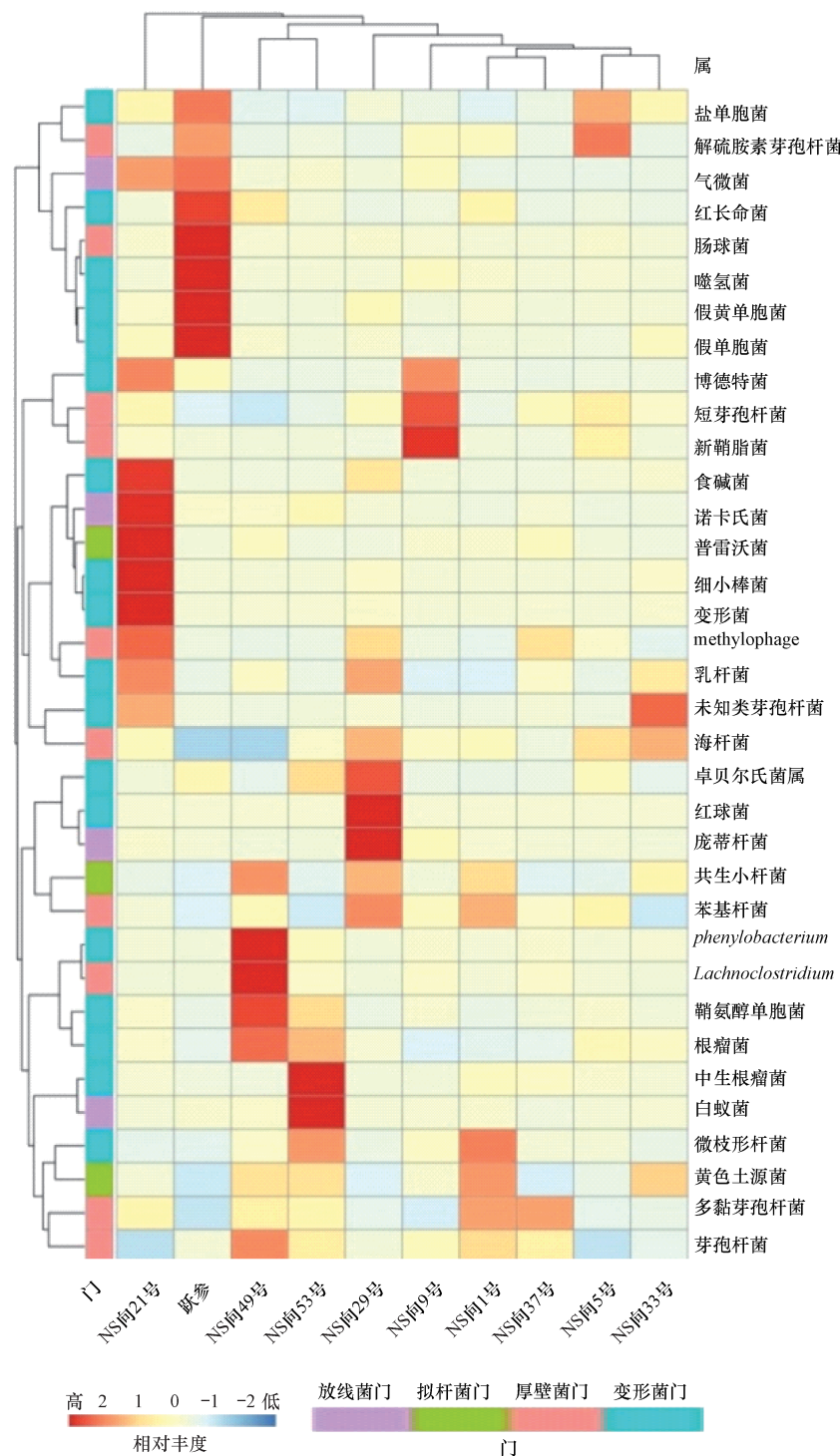


图9 塔里木盆地顺8井北三维区物种属水平丰度聚热分布

Fig. 9 The heat map of species abundance in the 3D seismic acreage of northern Shun 8 block, Tarim Basin

富集,红球菌对潜在油气藏有重要的指示作用,顺北-跃参地区的土壤样品也分离出了红球菌,因此南北向29号线附近可能存在油气藏分布。另外南北向5号线与南北向33号线、南北向1号线与南北向37号线以及南北向49号线与南北向53号线的种群亲缘关系较近,群落组成具有一定的相似性。因此在这些采样

线发现油气藏,那么与之对应的采样线也同样值得重视。

高通量测序对微生物种群构成的研究结果表明样品微生物种群的总体构成以及某几种油气指示菌的比例都能够一定程度上的反应油气情况,因此除了微生物的数量异常,种群构成也是油气藏勘探的重要指标。

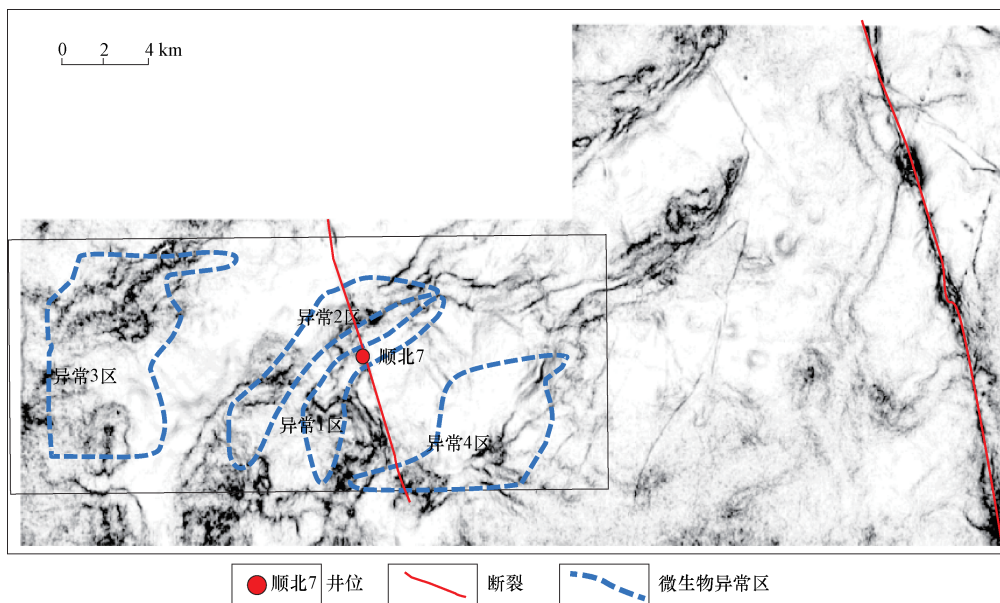


图10 塔里木盆地顺8井北三维区 T_1 沿层相干属性与微生物异常叠合

Fig. 10 Superimposition of the coherent attributes along T_1 and microbial anomalies in the 3D seismic acreage of northern Shun 8 block, Tarim Basin

3.4 顺8井北三维区油气有利区预测

顺北地区油气藏为断裂带控制的挥发性轻质油气藏,结合该地区油气物理性质及区域油气成藏模式,利用构建的油气微生物异常特征检测方法进行了油气区的初步预测,同时结合地球物理断裂检测技术,综合预测出了以下4个异常区(图10)。异常1区地震相干属性指示区内发育北西向断裂,微生物数量和种群构成都出现异常,是有利目标区。异常2区发育断裂带,且有明显微生物异常,也是有利目标区。异常3区从地震属性相干属性图上推断,主干断裂不发育,裂缝发育规模相对小,微生物数量异常值较高,但微生物种群异常特征不如1区、2区,也具有一定的价值;异常4区发育断裂带,微生物数量有一定异常,但是种群构成没有明显异常。综合微生物数量、种群异常以及地球物理断裂检测结果综合判断,微生物异常1区、2区、4区为相对有利区域,这3个异常区均与工区内北西向主干断裂带相关,后期工区内实钻井也验证了本次微生物研究的预测结果,已经完钻的顺北7井位于微生物预测的异常1区,已获得高产工业油气流。这说明根据微生物的异常特征来预测油气有利区可行、有效、经济。

4 结论

1) 建立了微生物数量与种群异常模式和油气藏

的对应关系。通过对跃参和顺北三维区这两个已知油藏的微生物菌落发育情况与实钻井油气产出情况的对比分析发现,相似的地质条件下,油气田上方甲烷氧化菌、丁烷氧化菌等表现出明显的数量异常特征。尤其是顺北地区地表以沙漠居多,地表植被对于微生物的影响小,因此油气微生物数量异常更加可信。另外,通过高通量测序对微生物种群构成进行研究,发现样品微生物种群的总体构成以及某几种油气指示菌的比例都能够一定程度上反映油气情况,因此除了微生物的数量异常,种群构成也是油气藏勘探的重要指标。

2) 从油气微生物角度分析,利用平板培养法获得土壤样品中油气指示微生物的数量异常特征;利用高通量测序技术查清了顺8井北三维区的微生物的物种丰度,群落多样性等特征;同时结合顺8井北三维区地震属性相干属性图,划定了4个有利区,位于异常1区的顺北7井获得工业油气,验证了预测效果。

3) 油气微生物检测技术对顺北地区油气勘探具有一定的指导意义,但由于地表因素和轻烃微渗漏的复杂性,异常区微生物数量与油气的对应关系需要结合地质资料及化探手段综合分析评价。随着科学技术的发展,特别是分子生物学技术的发展,多种方法相结合进行油气指示菌检测是油气微生物勘探技术的发展趋势。在实际应用中,微生物勘探主要作为大范围初步筛选有利区的重要手段,具体预测还需要结合物探及钻井资料,排除微生物勘探的假阳性,让该方法能够更好地为有利区预测提供可靠依据。

参 考 文 献

- [1] 梅博文,袁志华.地质微生物技术在油气勘探开发中的应用[J].天然气地球科学,2004,15(2):156-161.
Mei Bowen, Yuan Zhihua. Application of geo-microbiological techniques to oil and gas exploration and development[J]. Natural Gas Geoscience, 2004, 15(2): 156-161.
- [2] 梅博文,袁志华,王修垣.油气微生物勘探法[J].中国石油勘探,2002,7(3):42-54.
Mei Bowen, Yuan Zhihua, Wang Xiuyuan. Oil and gas microbiological exploration[J]. China Petroleum Exploration, 2002, 7(3): 42-54.
- [3] Wagner M, Piske J, Smit R. Case histories of microbial prospecting for oil and gas, onshore and offshore in northwest Europe[C]//AAPG Studies in Geology No. 48 and SEG Geophysical Reference Series, 2002, 11: 453-479.
- [4] Liebner S, Rublack K, Stuehrmann T, et al. Diversity of aerobic methanotrophic bacteria in a permafrost active layer soil of the Lena Delta, Siberia[J]. Microbial Ecology, 2009, 57(1): 25-35.
- [5] 吴传芝.油气勘查中的微生物测量法[J].国外地质勘探技术, 1995, (5): 21-26.
Wu Chuanshi. Microbiological measurement in oil and gas exploration [J]. Foreign Geoexploration Technology, 1995, (5): 21-26.
- [6] Janezic G G. Biogenic light hydrocarbon production related to near-surface geochemical prospecting for petroleum[J]. AAPG Bulletin, 1983, 67(3): 340-351.
- [7] 张春林,庞雄奇,梅海,等.微生物油气检测技术的实践与发展[J].新疆石油地质,2010,31(3):320-322.
Zhang Chunlin, Pang Xiongqi, Mei Hai, et al. Practice and development of microbial oil and gas exploration technology[J]. Xinjiang Petroleum Geology, 2010, 31(3): 320-322.
- [8] Schumacher D. Surface geochemical exploration for petroleum[M]// Beaumont E A, Forter N F. Exploring for oil and gas traps: Treatise of petroleum geology. Handbook of Petroleum Geology, 1999, 18: 1-27.
- [9] 梅廉夫,叶加仁,周江羽,等.油气勘查与评价[M].武汉:中国地质大学出版社,2010:61-63.
Mei Lianfu, Ye Jiaren, Zhou Jiangyu, et al. Oil and gas exploration and evaluation[M]. Wuhan: China University of Geosciences Press, 2010: 61-63.
- [10] Theisen A R, Murrell J C. Facultative methanotrophs revisited[J]. Journal of Bacteriology, 2005, 187(13): 4303-4305.
- [11] Colby J, Dalton H. Some properties of a soluble methane mono-oxygenase from *Methylococcus capsulatus* strain Bath [J]. Biochemical Journal, 1976, 157(2): 495-497.
- [12] 韩冰,苏涛,李信,等.甲烷氧化菌及甲烷单加氧酶的研究进展[J].生物工程学报,2008,24(9):1511-1519.
Han Bing, Su Tao, Li Xin, et al. Research progresses of methanotrophs and methane monooxygenases[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2008, 24(9): 1511-1519.
- [13] Shennan J L. Utilisation of C₂-C₄ gaseous hydrocarbons and isoprene by microorganisms [J]. Journal of Chemical Technology and Biotechnology, 2006, 81: 237-256. doi: 10.1002/jctb.1388.
- [14] 肖学,胡俊卿,吴建平,等.塔里木盆地阿北-顺北区块古近系油气成藏条件[J].石油地质与工程,2006,20(6):16-17.
Xiao Xue, Hu Junqing, Wu Jianping, et al. Oil and gas accumulation conditions of Paleogene in Abai-Shunbei Block, Tarim Basin [J]. Petroleum Geology and Engineering, 2006, 20(6): 16-17.
- [15] 向廷生,汪保卫.油田地表土壤甲烷氧化菌的分离鉴定及活性测定[J].石油天然气学报,2005,27(2):324-326.
Xiang Tingsheng, Wang Baowei. Isolation, identification and activity determination of methane-oxidation bacteria in surface oil field soil [J]. Journal of Oil and Gas Technology, 2005, 27(2): 324-326.
- [16] 满鹏,齐鸿雁,呼庆,等.利用PCR-DGGE分析未开发油气田地表微生物群落结构[J].环境科学,2012,33(1):305-313.
Man Peng, Qi Hongyan, Hu Qing, et al. Microbial community structure analysis of unexploited oil and gas fields by PCR-DGGE [J]. Environmental Science, 2012, 33(1): 305-313.
- [17] 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, 2014, 41(6): 1071-1081.
- [18] Lundberg D, Derek S, Mieczkowski P, et al. Practical innovations for high-throughput amplicon sequencing [J]. Nat Methods, 2013, 10: 999-1002.
- [19] Catherine L, Rob K. UniFrac: A new phylogenetic method for comparing microbial communities [J]. Applied Environmental Microbiology, 2005, 71(12): 8228-8235.

(编辑 卢雪梅 董立)