

引用本文:丁明山,林军章,冯云,等.新型产甲烷菌系提高极限含水油藏采收率技术[J].石油实验地质,2024,46(2):412-419. DOI: 10.11781/sysydz202402412.

DING Mingshan, LIN Junzhang, FENG Yun, et al. Enhancing oil recovery of ultimate water-cut reservoirs with a novel methane-producing bacterial strain[J]. Petroleum Geology & Experiment, 2024, 46(2): 412-419. DOI: 10.11781/sysydz202402412.

新型产甲烷菌系提高极限含水油藏采收率技术

丁明山^{1,2}, 林军章^{1,2}, 冯云^{1,2}, 孙楠³, 王冠^{1,2}, 巴燕^{1,2}, 汪卫东^{1,2}

1. 中国石化微生物采油重点实验室, 山东东营 257000;
2. 中国石化胜利油田分公司石油工程技术研究院, 山东东营 257000;
3. 中国石化胜利油田分公司孤东采油厂, 山东东营 257237

摘要:我国东部老油田已整体进入特高含水开发阶段,呈含水上升快、采油速度低、水驱效益低等开发特征,现有提高采收率技术已无法实现原油的经济采出,亟需建立接替技术。为此,以胜利油田某聚驱后油藏为试验区,开展了油藏菌群结构分析、新型产甲烷菌系的激活产气、油藏适应性及驱油性能研究,探索新型产甲烷菌系在这类油藏的应用潜力。研究结果显示,试验区油藏具有丰富的石油烃降解菌,有利于生物气化技术的实施。模拟试验区油藏条件下,新型产甲烷菌系与油藏内源微生物有较好的相容性,90 d 每克原油的产气量达到 3.12 mmol,是单独激活油藏微生物产气量的 4.5 倍,且产生的气体中甲烷气占比达到 78%。菌群结构分析显示,新型产甲烷菌系占比达到 35.9%,是产气速率大幅提升的关键。适应性研究结果显示,在油藏温度低于 65 °C、原油黏度小于 1 356 mPa·s 条件下,新型产甲烷菌系均展示了良好的产气性能。利用实验室设计的物理模型,评价了该菌系产气提高驱油性能,结果显示,注入该菌系后产气作用有效动用了模型顶部的剩余油,极限含水条件下驱油效率提高 5.4 个百分点;在此基础上提出了生物气化技术提高极限含水油藏采收率的机理。

关键词:甲烷气;生物气化;新型产甲烷菌系;提高采收率;极限含水油藏

中图分类号:TE357

文献标识码:A

DOI: 10.11781/sysydz202402412

Enhancing oil recovery of ultimate water-cut reservoirs with a novel methane-producing bacterial strain

DING Mingshan^{1,2}, LIN Junzhang^{1,2}, FENG Yun^{1,2},

SUN Nan³, WANG Guan^{1,2}, BA Yan^{1,2}, WANG Weidong^{1,2}

1. Key Laboratory of Microbial Enhanced Oil Recovery,

Shengli Oilfield Company, SINOPEC, Dongying, Shandong 257000, China;

2. Research Institute of Petroleum Engineering and Technology, Shengli Oilfield Company,

SINOPEC, Dongying, Shandong 257000, China;

3. Gudong Oil Production Plant, Shengli Oilfield Company, SINOPEC, Dongying, Shandong 257237, China

Abstract: Most of the old oil fields in eastern China are now in the ultra-high water-cut development stage characterized by a rapid increase in water-cut, low oil recovery rate and inefficient water flooding. The existing technologies for enhancing oil recovery are no longer economically viable for crude oil extraction, necessitating the development of alternative techniques. This study focuses on a post-polymer-flooding oil reservoir in the Shengli Oil Field as an experimental area. The analysis of the reservoir microbial community structure and the study on the activation, reservoir adaptability and oil displacement performance of the novel methane-producing bacterial strain were conducted to explore its application potential in such reservoirs. The results showed a rich population of petroleum hydrocarbon degrading bacteria in the experimental area, which is conducive to the implementation of biogasification technology. Under simulated reservoir conditions, the novel methane-producing bacterial strain had good compati-

收稿日期 (Received): 2023-04-25; 修订日期 (Revised): 2024-01-26; 出版日期 (Published): 2024-03-28.

作者简介: 丁明山 (1985—), 男, 博士, 副研究员, 从事微生物采油技术研究。E-mail: dingmingshan.slyt@sinopec.com.

通信作者: 汪卫东 (1967—), 男, 博士, 教授级高级工程师, 从事微生物采油技术研究。E-mail: wangweidong168.slyt@sinopec.com.

基金项目: 国家重点研发计划“油田采油生物制剂研发及应用”(2022YFC2105200)资助。

© Editorial Office of Petroleum Geology & Experiment. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license.

bility with the indigenous microorganism in the reservoir, achieving a gas production rate of 3.12 mmol/g oil after 90 days. This rate was 4.5 times higher than that from activating reservoir microorganisms alone, with methane accounting for 78% of the generated gas. Microbial community structure analysis revealed that the newly discovered methane-producing bacterial strain comprised 35.9% of the community, playing a vital role in the significant increase in gas production rate. An adaptability study demonstrated that this bacterial strain exhibited exceptional gas production performance at reservoir temperatures below 65 °C and crude oil viscosities less than 1 356 mPa · s. Utilizing a laboratory-designed physical model, the impact of the bacterial strain on enhancing oil displacement performance was assessed. These results showed effective mobilization of residual oil at the model's top after bacterial strain injection, leading to a 5.4 percentage point increase in oil displacement efficiency under ultimate water-cut conditions. These findings support the proposal of using biogasification technology to enhance oil recovery in ultimate water-cut reservoirs.

Key words: methane gas; biogasification; novel methane-producing bacterial strain; enhance oil recovery; ultimate water-cut reservoir

目前,我国东部的大庆、胜利、大港等老油田已整体进入特高含水开发阶段,综合含水逐年上升,开发效益逐年变差^[1-2]。为了提高注水开发效益,国内外形成了以化学驱、热采和气驱等为主导的三次采油技术,并在现场形成了规模化的推广应用,取得了显著的降水增油效果。随着三次采油区块进入开发后期,综合含水会进一步上升,油藏进入极限含水开发阶段(含水大于等于99%),而储层中仍有约40%的剩余油难以经济采出^[3-4]。如何对这部分难动用的剩余油进一步挖潜,建立接替技术,实现可持续开采,成为油田未来面临的巨大挑战。

研究表明,生物气化技术能够延长这类极限含水油藏的开发寿命^[5-6]。生物气化技术是利用微生物将油藏中的剩余油转化为甲烷气,通过油气同采的方式开发,或将油藏最终转化为气藏开发。2008年,纽卡塞尔大学学者在室内模拟生物气化实验的基础上,首次证实了油藏厌氧环境下微生物能够利用原油产生甲烷气,确定了油藏伴生气生物成因说^[7]。2014年,卡尔加里大学学者提出了影响生物气化速率的关键因素,指明了该技术的发展方向^[8]。此后,随着分子生物学的发展和先进仪器的应用,在气化菌群结构、原油代谢途径等方面取得了较大的进步^[9]。2021年,农业农村部沼气科学研究所和胜利油田的研究人员从胜利油田富集了一个新型产甲烷菌系,该菌系中的 *Ca. Methanoliparum* 能独立完成原油生物降解产甲烷气,属于新发现的第5种产甲烷代谢途径^[10]。在此基础上,研究人员优化了针对性的激活策略,室内研究结果显示,产气速率较以往提升4倍以上,展示了巨大的应用前景。

本文在上述研究工作的基础上,针对胜利油田某化学驱后极限含水油藏开展生物气化提高采收率技术研究。该试验区于2007年实施化学驱,2011年停注,目前综合含水达到99%,采出程度达到48%,油藏温度55 °C,油藏平均渗透率 $1\ 136 \times 10^{-3} \mu\text{m}^2$,地层压力14.2 MPa。取心分析发现,储层中下部剩余油饱和度低,顶部剩余油饱和度高。针对这类油藏的开发特征,本文利用前期分离富集的新型产甲烷菌系,通过激活剂激活后原位降解剩余油并产甲烷气;在重力作用下,生成的甲烷气超覆并置换顶部剩余油,实现难动用剩余油的有效动用,从而建立一种基于油气同采的生物气化提高采收率技术,为极限含水油藏提供经济有效的开发方式。

1 实验部分

1.1 实验用品

实验中使用的新型产甲烷菌系,由实验室富集得到,菌系中主要产甲烷菌 *Ca. Methanoliparum* 的相对含量达到40%^[10],远高于其他类型微生物。用于激活实验的无机激活配方为0.3 g/L的 NH_3Cl , 0.2 g/L的 K_2HPO_4 和0.15 g/L的半胱氨酸。实验用原油取自试验区生产井,实验用水为试验区配注水和生产井产出水按体积比1:1混合,离子组成见表1。

1.2 油藏微生物群落DNA提取与高通量测序分析

采用高通量测序法分析试验区油藏微生物的群落结构,具体实验方法参见文献[11-12]。首先室内在15 000 r/m条件下离心30 min,收集水样中微生物菌体沉淀物;随后,采用Axygen公司的AxyPrep DNA试剂盒提取微生物样品的DNA,具体的提取方法依据试剂盒说明。利用NanoDrop

表 1 试验区配注水和产出液的组成性质
Table 1 Composition and properties of injected water and produced liquid in experimental area

	mg/L							
实验用水	Ca ²⁺	Mg ²⁺	HCO ₃ ⁻	Cl ⁻	SO ₄ ²⁻	K ⁺ +Na ⁺	总矿化度	pH
配注水	294	23	532	4 057	46	4 047	9 362	7.0
产出液	358	85	494	4 103	128	3 969	9 706	7.2

2000c 分光光度计测试 DNA 溶液的浓度和纯度,其中 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 值应介于 1.6~1.8 之间,以确保 DNA 样品足量。委托深圳华大基因公司测试试验区油藏细菌和古菌的 16S rRNA 基因扩增及高通量测序,具体的操作方法参见文献[13]。

1.3 新型产甲烷菌系激活实验

开展微生物激活产甲烷气实验,考察新型产甲烷菌系在试验区油藏环境下的产气性能,实验配方设计见表 2。在 250 mL 厌氧瓶中加入 150 mL 无机培养基,原油接入量为 10%。新型产甲烷菌系在手套箱内接种,接种量为 5%,接种后瓶内充氮气保护。将培养瓶置于 55 °C 恒温箱内静置培养,定期监测瓶内气体压力,并检测气体组成,根据气体组分和压力变化计算产甲烷能力。检测条件:气相色谱仪为安捷伦 7890A,色谱柱为 13X 分子筛柱;载气为氦气;柱前压 0.51 MPa,气体流量 30.9 mL/min;检测器为 TCD 检测器;柱箱温度 70 °C,检测器温度 150 °C,气化室温度 100 °C。监测激活后培养瓶内细菌和古菌结构,细菌和古菌的检测方法参见文献[12]。

1.4 产甲烷菌系油藏适应性研究

分别研究温度、原油黏度等因素对新型产甲烷菌系产气性能的影响。考察温度的影响时,设定温度分别为 35、45、55、65、75 °C;考察原油黏度的影响时,选择试验区原油和其他区块原油,其中试验

区原油黏度为 239.7 mPa·s,其他实验原油黏度分别为 93.8、675.4、1 356.0 mPa·s,实验温度为 55 °C。考察温度和原油黏度的实验在 250 mL 厌氧瓶内进行;产甲烷菌系接种方法如上文所述。实验过程检测甲烷气随时间的变化趋势,评价产甲烷菌系的油藏适应性。

1.5 产气作用提高驱油效率研究

本实验设计了 1 种新型生物气化提高驱油效率物理模型(图 1)。该模型长度为 30 cm,半径 3.0 cm,为有机玻璃材质,最大压力承受 15 MPa。在模型内分别装填干净的石英砂和实验室制备的油砂,填装后压制,水平放置状态下模型顶部含油饱和度高、底部含油饱和度低(图 1)。模型两端口加阀门,测试模型的基本参数,其中含油饱和度、渗透率、孔隙体积(PV)测试结果如表 3 所示。模型在 55 °C 条件下静置 30 d,使模型充分老化;随后,用试验区注入水驱替模型,至含水达到 99% 停止。配制产甲烷菌系及其营养体系 0.3 PV,驱替后关闭阀门静置 90 d。至设定时间后,打开阀门二次水驱,含水至 98% 停止。实验过程记录模型压力变化以及驱替过程压力、收集的水和油等产出液,计算驱替效率。驱替过程中的驱替流速设定为 0.5 mL/min。

表 2 激活实验配方设计

Table 2 Formulation design of activation experiment

编号	配方构成
1#	地层水+无机培养基
2#	地层水+无机培养基+原油
3#	地层水+无机培养基+新型产甲烷菌系
4#	地层水+无机培养基+原油+新型产甲烷菌系



图 1 物理模拟实验模型

Fig.1 Model for physical simulation experiment

表 3 物理模型的基本参数

Table 3 Basic parameters of physical model

编号	PV/mL	填砂/g	含油量/g	平均含油饱和度/%	渗透率/10 ⁻³ μm ²
1 号	89	912	259.2	34.4	1 205
2 号	91	921	255.6	34.6	1 231
3 号	84	908	254.0	33.9	1 197

2 结果与讨论

2.1 试验区微生物群落组成

利用高通量测序技术解析了试验区3口生产油井和1口注水井水样中的微生物群落结构信息(图2),从检测结果来看,4个样品中均出现了大量未能解析的菌属,而从能够解析的群落结构来看,试验区油藏不同油水井中的群落结构具有一定的相似性。该油藏中占比超过3%的微生物包括假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.)、嗜脂环物菌属(*Alisysiphilus* sp.)、海杆菌属(*Marinobacter* sp.)、弓形菌属(*Arcobacter* sp.)和海细菌(*Marinobacterium* sp.)等,其总和在菌群中占比均超过40%。上述从试验区油藏中检测到的微生物普遍存在于水驱油藏环境中^[14-15],而假单胞菌属、嗜脂环物菌属、海杆菌属和海细菌属等^[16-17]均具有较强的降解石油类有机物的功能。这说明,在长期水驱开发过程中,以石油类有机物为能量和碳源的微生物成为油藏中的优势菌群。此外,相比于3口油井,注水井水样中嗜脂环物菌属是主要的优势菌属,占比达60%,根据文献报道^[18]这类菌属具有明显的脱氮、反硝化功能,能够降解聚合物。通过分析,这一特征可能与周围区块大规模开展聚合物驱、而配注水均来自同一联合站有着直接的关系。

2.2 新型产甲烷菌系产气性能

利用激活实验评价了新型产甲烷菌系的产气性能(图3)。从150 d甲烷气监测结果来看,新型产甲烷菌系具有显著的提升产气速率功能,4#复合体系30 d每克原油的甲烷气产量达到0.68 mmol,而同等实验条件下仅通过激活地层水中的内源微生物后产气量仅为0.29 mmol/g。随着激活时间进

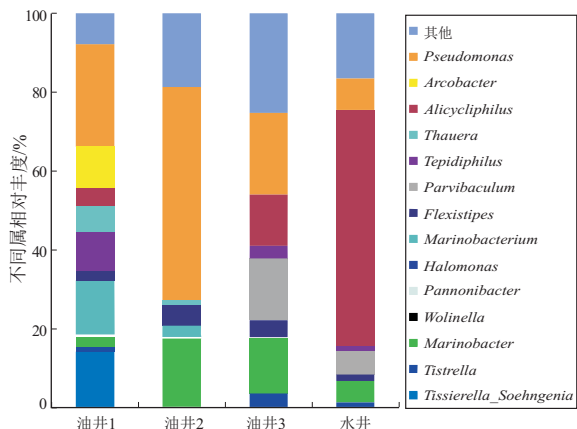


图2 试验区水井和油井油藏微生物属水平丰度

Fig.2 Genus-level relative abundance of reservoir microbial communities from water wells and oil wells in experimental area

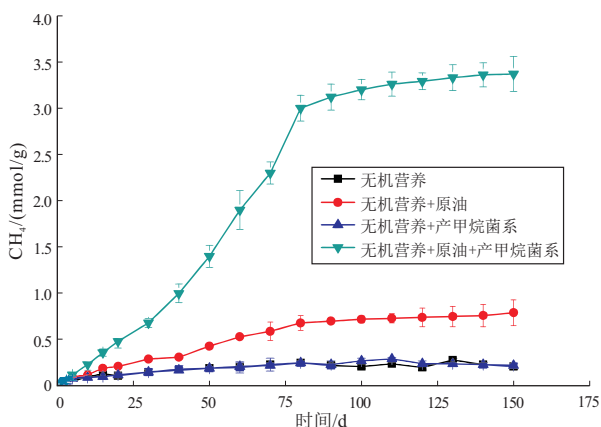


图3 不同激活条件下原产甲烷气能力监测(实验温度为55℃)

Fig.3 Methane production rate under different activation conditions (at experimental temperature of 55℃)

一步延长,4#复合体系的产气速率进一步提升,到90 d时累积产气量达到每克原油3.12 mmol,而同等条件下的对照组(2#)累积产气量仅为0.7 mmol,产气能力的差距进一步加大。从新型产甲烷菌系的产气特征来看,甲烷累积产量达到稳定值的时间在90 d左右,此后产气速率逐渐放缓,这与文献报道^[10]的产气特征较为相似。此外,激活实验中仅加入无机营养和新型产甲烷菌系(3#)条件下,并不能够产生甲烷气,这说明该类菌系在利用原油的条件下才能产甲烷气。

利用气相色谱分析了90 d时不同激活条件下产生气体的组分(图4)。从结果来看,新型产甲烷菌系实验组(4#)的气体以甲烷气为主,占比达77.6%;而内源激活组(2#)气体组分中,甲烷仅占9.6%,气体的主要成分是N₂。这说明,存在新型产

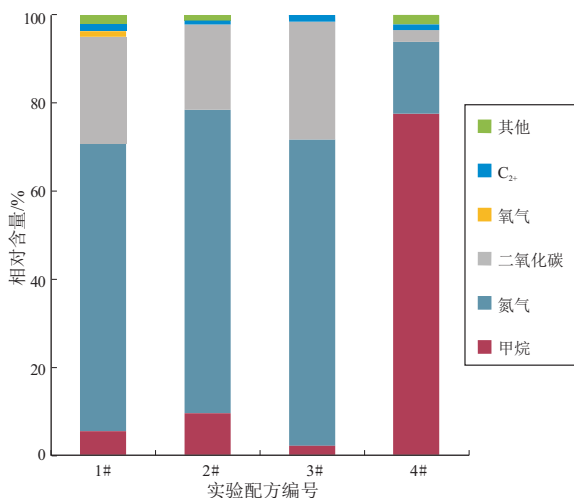


图4 不同激活条件下气体组成分析(90 d)

Fig.4 Gas composition under different activation conditions (90 days)

甲烷菌系的条件下,微生物能够直接代谢原油并产生甲烷气,不需要复杂的共代谢过程,这在前期的产气规律研究中已有发现。并且,该菌系能够完全降解 C_{13} — C_{34} 的长链烷烃,以及环己烷和环己苯等有机物,这与以往报道的产甲烷菌系相比具有更宽的原油适应性,因此代谢速率更快。而单独激活内源微生物时,微生物降解原油并产甲烷气速率较慢,这个过程需要多种嗜烃细菌和产甲烷古菌共同参与完成,因此产甲烷气的代谢链长,速率低^[9,19]。

进一步分析了不同激活条件下培养 90 d 时微生物群落结构的变化(图 5)。从图 5 中可以看到,与初始阶段相比(图 5a),经过激活后,4 种条件下的菌群结构均发生了较大变化(图 5b)。在激活之前,4 种条件下的菌群结构较为相似,这是因为微生物均来自于地层水;而加入新型产甲烷菌系组(3#和 4#)均能够检测到 *Methanoliparum* 属,但其占比仅为 5%~6%。经过激活后,相比于未加入新型产甲烷菌系组(1#和 2#),加入新型产甲烷菌系组(3#和 4#)均能够检测到 *Methanoliparum* 属,特别是加入原油和营养后(4#)菌群结构中的 *Methanoliparum* 属占比达到 35.9%,远高于未加入原油组(3#)的 8.6%,说明在有原油的条件下,该菌株能有效利用原油为碳源代谢生长,成为菌群结构中的优势菌。该菌系快速降解原油产甲烷气,因此产气速率远高于其他实验组(图 3)。从 4 组不同激活条件下菌群结构分析结果来看,假单胞菌属、海杆菌属、弓形菌属等石油烃降解菌在激活后的菌群结构中仍占有一定比例。更值得关注的是,在加原油和营养激活后的菌群中,出现了 *Mesotoga* 和 *Smithella* 等乙酸、丙酸氧化菌^[20],以及 *Methanoculleus* 等氢营养型产甲烷古菌^[21],这些功能微生物在原生物转化甲烷过程中参与气化代谢活

动。而这类微生物在井口产出液中没有检测到,说明是在实验条件下的特定厌氧环境中激活产生的。相似的现象是,上述 4 组菌群结构中,均出现了大量未被识别的微生物,这说明培养环境发生变化,导致微生物的群落结构发生了演化,并形成了新的群落结构。

2.3 新型产甲烷菌系的油藏适应性评价

考察了不同实验温度条件下,新型产甲烷菌系复合内源菌群(4#)的产气能力(图 6)。从实验结果来看,温度在 35~55 °C 时,4#体系呈现较好的产气能力,最佳的产气温度为 45~55 °C,此时产气速率高、产气量大。从前期的研究结果可以看出,在此温度范围内,*Ca. Methanoliparum* 在整个菌群结构中占有较高的比例,是气化速率大幅提升的主要原因^[10]。相比而言,在较低温度(35 °C)下,150 d 的累积产气量为 55 °C 下的 1/3,这是因为在低温环境下,*Ca. Methanoliparum* 在整个菌系中占比较低,且其产甲烷的代谢活性相对较低,需要更长的时间

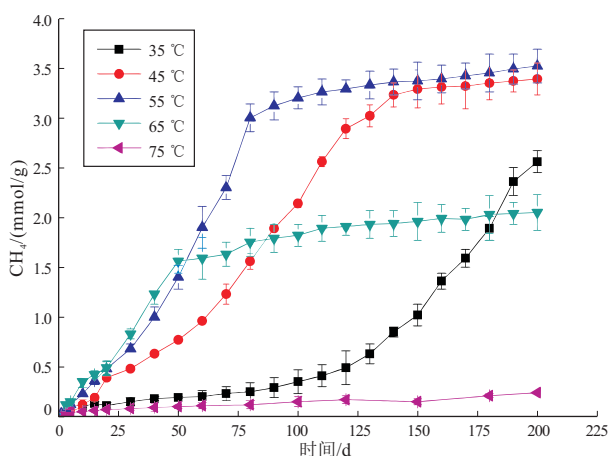


图 6 不同实验温度条件下原油产气效率对比

Fig.6 CH_4 generation rate under different temperatures

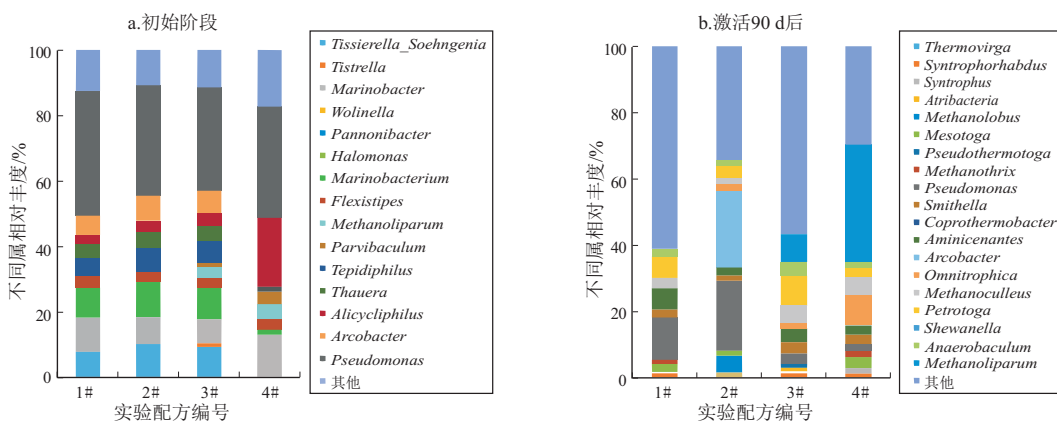


图 5 不同激活条件下微生物属水平丰度

Fig.5 Genus-level relative abundance of microbial communities under different activation conditions

来完成石油类有机物的生物产气。而在高温(65~75℃)下,温度对产气效率的影响变得更为显著,这是因为高温环境能加速菌群的增殖,加快对原油底物的分解。因此,在65℃下初始阶段代谢产甲烷气速率较快,与55℃时相当,说明高温环境能够加快微生物的代谢活动。而随着时间的延长,高温环境对各种微生物的代谢增殖产生影响,*Ca. Methanoliparum*在整个菌系中占比下降显著,且高温环境可能对该菌的代谢酶产生不可逆的破坏作用,因此产气效率开始下降,累积产气量逐渐趋于稳定。而当温度升至75℃后,这种抑制作用进一步加强,此时微生物已经难以维持有效的代谢活动,产气能力基本消失。这种类似的现象在相关文献^[22-23]中多有报道。

进一步考察了新型产甲烷菌系利用不同黏度原油降解产甲烷气的性能(图7)。从结果来看,新型产甲烷菌系对不同黏度原油均有较好的降解产

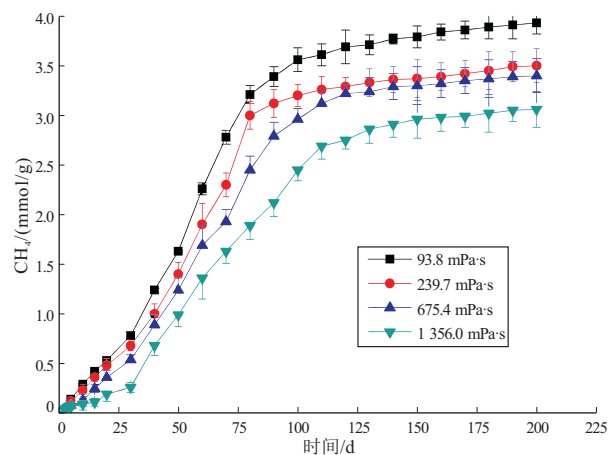


图7 新型产甲烷菌系利用不同黏度原油降解产甲烷气效率

Fig.7 CH_4 generation rate by using novel methane-producing bacterial strain under different crude oil viscosities

气能力,最高产气量达到每克原油4.01 mmol,说明该菌系对不同黏度原油均具有较好的适应性。此外,随着原油黏度的增加,产气速率与产气总量均呈现递减趋势,这是因为黏度增加致使重质组分占比增加,而这部分相对于直链烃、芳烃更难被生物降解^[10,24-25]。

2.4 生物气化提高驱油效率评价

利用设计的物理模型评价了新型产甲烷菌系产气作用提高驱油效率性能(图8)。实验前,模型一次水驱含水至99%时采出程度约为35%,略低于试验区采出程度。随后,向模型内注入了新型产甲烷菌系,并关闭90 d,在此期间,监测不同激活条件下模型内压力变化趋势(图8a)。从图8a中可以看到,注入新型产甲烷气菌系组开始阶段产气较快,20 d时累积产气压力超过0.1 MPa,到90 d时压力达到0.31 MPa;而注入激活剂组,30 d时的压力为0.1 MPa,90 d时产气压力为0.17 MPa,约为前一组产气量的一半;空白组压力始终为0,说明在此过程没有产气发生。通过以上实验,发现新型产甲烷菌系具有快速启动降解产气的性能,这与前面的实验结果一致。到时间后(注入了新型产甲烷菌系关闭90 d),使用地层水开始二次水驱,注入新型产甲烷菌系组的采出程度提高至45.3%,而注入激活剂组的采出程度提高至42.6%,空白组仅提高至39.9%(图8b)。因此,通过注入新型产甲烷菌系可以在水驱基础上提高5.4个百分点,而只注入激活剂提高2.7个百分点。实验结果表明,新型产甲烷菌系具有较好提高驱油效率的能力。

根据新型产甲烷菌系的产气特征与物理模拟实验结果,提出了生物气化提高驱油效率的原理(图9)。在实验室模拟油藏条件下,产甲烷菌系利用原油和营养产生甲烷气,在模型内压力始终较低

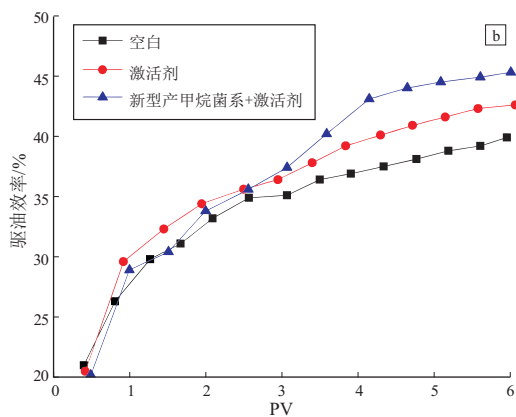
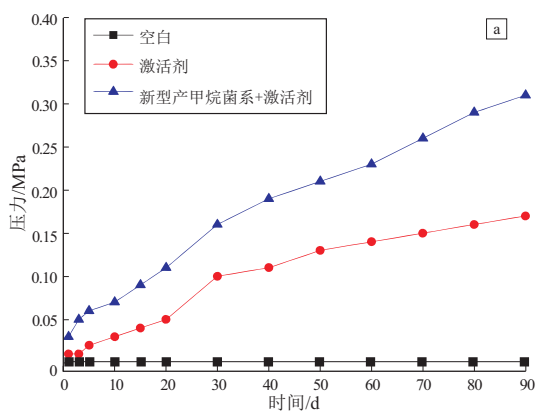


图8 不同激活条件下压力变化(a)和物理模拟驱油效率(b)

Fig.8 Effect of activation conditions on pressure change (a) and displacement efficiency under physical simulation (b)

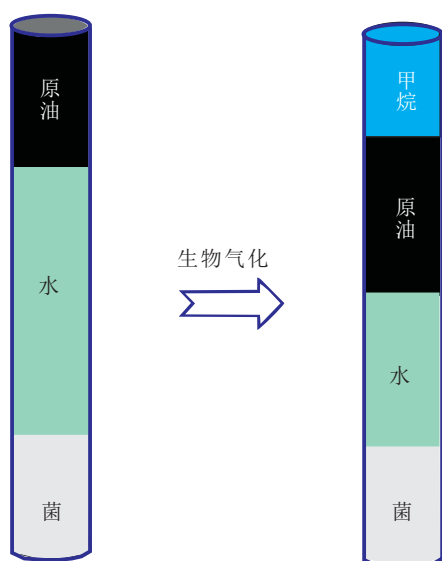


图 9 生物气化提高驱油效率原理

Fig.9 Schematic diagram of biogasification on improving oil displacement efficiency

情况下,产生的甲烷气在密度差作用下上浮至模型顶部,此时由于模型内压力低,甲烷在原油中的溶解度低^[26],所以气体占据了模型顶部,并将这部分的残余油向下驱替,油相发生有方向的运移。随着产气量不断增加,顶部更多的原油被置换并下移。在二次水驱阶段,随着驱替相注入,运移到模型中部的原油被驱动并采出。而目前的室内气化激活实验和物模实验均是在常压下完成,并没有涉及到高压环境。实际上,油藏环境的压力通常达到 10 MPa 以上,在这种高压环境下,菌系的产气能力以及产生气体的溶解与运移、对剩余油的动用原理等都需要设计新的实验开展研究。

3 结论

(1) 极限含水油藏提高采收率是老油田面临的重大挑战,生物气化技术的新突破有望为该类油藏的效益开发提供一种可能。从极限含水油藏的菌群结构分析结果来看,该类油藏在长期注水开发过程中,形成了较为稳定的以石油烃为营养源代谢产甲烷气的内源产甲烷微生物,是实施微生物气化提高采收率的基础。

(2) 配伍性实验结果显示,新型产甲烷菌系与地层微生物间有较好的相容性,室内激活后产甲烷气速率较内源激活提高 4.5 倍,且甲烷占比达到 78%。油藏适应性研究结果显示,该类菌系在油藏温度低于 65 °C、原油黏度小于 1 356 mPa·s 条件下,均展示出良好的产气性能。

(3) 物理模拟驱替实验表明,注入新型产甲烷

菌系后,产气作用有效动用了模型顶部的剩余油,驱油效率提高了 5.4 个百分点;并根据实验结果,提出了生物气化提高采收率的原理。

利益冲突声明/Conflict of Interests

所有作者声明不存在利益冲突。

All authors disclose no relevant conflict of interests.

作者贡献/Authors' Contributions

丁明山、林军章和汪卫东参与实验设计;丁明山、冯云、王冠、巴燕完成实验操作;丁明山、孙楠、汪卫东参与论文写作和修改。所有作者均阅读并同意最终稿件的提交。

The study was designed by DING Mingshan, LIN Junzhang and WANG Weidong. The experimental operation was completed by DING Mingshan, FENG Yun, WANG Guan and BA Yan. The manuscript was drafted and revised by DING Mingshan, SUN Nan and WANG Weidong. All the authors have read the last version of paper and consented for submission.

参考文献:

- [1] 王增林,李鹏,魏芳,等.胜利油田特高含水期化学防砂技术进展[J].油田化学,2021,38(3):560-563.
WANG Zenglin, LI Peng, WEI Fang, et al. Progress of chemical sand control technology used in Shengli oilfield at ultra-high water-cut period[J]. Oilfield Chemistry, 2021, 38(3): 560-563.
- [2] 杨清立.大庆喇萨杏油田特高含水期油藏开发调整对策[J].长江大学学报(自然科学版),2019,16(8):31-35.
YANG Qingli. Countermeasures for reservoir development adjustment in extra-high water-cut period of Daqing Lasaxing oilfield[J]. Journal of Yangtze University (Natural Science Edition), 2019, 16(8): 31-35.
- [3] 姜岩,李雪松,付宪弟.特高含水老油田断层表征及剩余油高效挖潜[J].大庆石油地质与开发,2019,38(5):246-253.
JIANG Yan, LI Xuesong, FU Xiandi. Fault characterizing and high-efficiency potential tapping of the remained oil for extra-high-watercut mature oilfields[J]. Petroleum Geology & Oilfield Development in Daqing, 2019, 38(5): 246-253.
- [4] 谭河清,傅强,李林祥,等.基于流线数值模拟研究高含水后期油田的剩余油分布[J].成都理工大学学报(自然科学版),2017,44(1):30-35.
TAN Heqing, FU Qiang, LI Linxiang, et al. Application of streamline numerical simulation method to study of remaining oil distribution in high water-cut stage oilfield[J]. Journal of Chengdu University of Technology (Science & Technology Edition), 2017, 44(1): 30-35.
- [5] XING Dong, LI Yongfeng, WEI Li, et al. Current situation and prospect of microbial residual oil gasification [J]. Applied Mechanics and Materials, 2013, 295-298: 21-25.
- [6] 汪卫东,王静,耿雪丽,等.储层残余油生物气化技术现状与展望[J].石油地质与工程,2012,26(1):78-81.
WANG Weidong, WANG Jing, GENG Xueli, et al. State of the art and prospect of the biogasification of the residual oil [J]. Petroleum Geology and Engineering, 2012, 26(1): 78-81.
- [7] JONES D M, HEAD I M, GRAY N D, et al. Crude-oil biodegradation via methanogenesis in subsurface petroleum reservoirs [J].

- Nature, 2008, 451(7175): 176-180.
- [8] SHERRY A, GRANT R J, AITKEN C M, et al. Volatile hydrocarbons inhibit methanogenic crude oil degradation[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, 5: 131.
- [9] 王立影, MAURICE M S, 李辉, 等. 石油烃的厌氧生物降解对油藏残余油气化开采的启示[J]. *微生物学通报*, 2010, 37(1): 96-102.
- WANG Liying, MAURICE M S, LI Hui, et al. Anaerobic biodegradation of petroleum hydrocarbons and enlightenment of the prospects for gasification of residual oil[J]. *Microbiology China*, 2010, 37(1): 96-102.
- [10] ZHOU Zhuo, ZHANG Cuijing, LIU Pengfei, et al. Non-syntrophic methanogenic hydrocarbon degradation by an archaeal species[J]. *Nature*, 2022, 601(7892): 257-262.
- [11] 胡婧, 束青林, 孙刚正, 等. 油藏内源微生物演替规律及其对驱油效果的影响[J]. *中国石油大学学报(自然科学版)*, 2019, 43(1): 108-114.
- HU Jing, SHU Qinglin, SUN Gangzheng, et al. Succession of indigenous microbe in reservoirs and its effect on displacement efficiency[J]. *Journal of China University of Petroleum (Edition of Natural Science)*, 2019, 43(1): 108-114.
- [12] 宋永亨, 胡婧, 吴晓玲, 等. 室温条件下油藏采出液微生物群落结构稳定性[J]. *应用与环境生物学报*, 2017, 23(3): 495-501.
- SONG Yongting, HU Jing, WU Xiaoling, et al. Stability of microbial community structure in reservoir water samples at room temperature[J]. *Chinese Journal of Applied Environmental Biology*, 2017, 23(3): 495-501.
- [13] 刘明艳, 马嘉哈, 李瑜, 等. 16s rRNA 基因高变区 V4 和 V3—V4 及测序深度对油藏细菌菌群分析的影响[J]. *微生物学通报*, 2020, 47(2): 440-449.
- LIU Mingyan, MA Jiahan, LI Yu, et al. Influence of 16S rRNA gene V4 and V3-V4 sequencing and sequencing depth on unraveling bacterial communities inhabiting oil reservoirs[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(2): 440-449.
- [14] 李彩凤, 李阳, 曹嫣缤, 等. 油藏环境产脂肽类表面活性剂微生物的分布[J]. *石油学报*, 2015, 36(9): 1122-1126.
- LI Caifeng, LI Yang, CAO Yanbin, et al. Distribution of the lipopeptide biosurfactant-producing microbes in oil reservoir environment[J]. *Acta Petrolei Sinica*, 2015, 36(9): 1122-1126.
- [15] 苏俊杰, 高光军, 宋永亨, 等. 胜利油田单 12 区块内源微生物分子生态研究[J]. *石油钻采工艺*, 2006, 28(1): 37-40.
- SU Junjie, GAO Guangjun, SONG Yongting, et al. Research on indigenous microbe molecule ecology of Dan-12 block in Shengli oilfield[J]. *Oil Drilling & Production Technology*, 2006, 28(1): 37-40.
- [16] 李方玲, 张雅坤, 梁立宝, 等. 石油污染环境中固氮和寡氮营养细菌的分离鉴定及其特性[J]. *微生物学报*, 2022, 62(2): 661-671.
- LI Fangling, ZHANG Yakun, LIANG Libao, et al. Identification and characterization of nitrogen-fixing bacteria and oligotrophic-nitrogen bacteria from the polluted petroleum[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(2): 661-671.
- [17] 孔祥平, 包木太, 马代鑫, 等. 油田水中细菌群落分析[J]. *油田化学*, 2003, 20(4): 372-376.
- KONG Xiangping, BAO Mutai, MA Daixin, et al. Analysis of bacterial communities in oilfield produced waters[J]. *Oilfield Chemistry*, 2003, 20(4): 372-376.
- [18] FUENTES-JAIME J, VARGAS-SUÁREZ M, CRUZ-GÓMEZ M J, et al. Concerted action of extracellular and cytoplasmic esterase and urethane-cleaving activities during impranil biodegradation by *Alicyclophilus denitrificans* BQ1[J]. *Biodegradation*, 2022, 33(4): 389-406.
- [19] 张坤成, 陶惟一, 李霜. 芽孢杆菌 *Bacillus cereus* BC-1 的羟降解特性研究[J]. *南京工业大学学报(自然科学版)*, 2022, 44(4): 458-463.
- ZHANG Kuncheng, TAO Weiyi, LI Shuang. Hydrocarbon degradation characteristics of *Bacillus cereus* BC-1[J]. *Journal Nanjing Technology University (Natural Science Edition)*, 2022, 44(4): 458-463.
- [20] 覃千山. 基于宏基因组的未培养互营羟降解菌 '*Candidatus Smithella cisternae*' 的生物信息学研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2015.
- QIN Qianshan. The bioinformatic analysis of unclutured syntrophic alkane-degrading bacteria '*Candidatus Smithella cisternae*' based on metagenomic[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2015.
- [21] 丁晨, 承磊, 何乔, 等. 互营羟降解菌系 M82 的脂肪酸降解特性[J]. *微生物学报*, 2014, 54(11): 1369-1377.
- DING Chen, CHENG Lei, HE Qiao, et al. Degradation of fatty acid by syntrophic hydrocarbon-degrading consortium M82[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2014, 54(11): 1369-1377.
- [22] GRAY N D, SHERRY A, LARTER S R, et al. Biogenic methane production in formation waters from a large gas field in the North Sea[J]. *Extremophiles*, 2009, 13(3): 511-519.
- [23] 冯庆贤, 陈智宇. 耐高温采油微生物的研究与应用[J]. *石油勘探与开发*, 2000, 27(3): 50-52.
- FENG Qingxian, CHEN Zhiyu. Study and application of enduring high temperature bacteria[J]. *Petroleum Exploration and Development*, 2000, 27(3): 50-52.
- [24] 胡见义, 牛嘉玉. 中国重油沥青资源的形成与分布[J]. *石油与天然气地质*, 1994, 15(2): 105-112.
- HU Jianyi, NIU Jiayu. Formation and distribution of heavy oil bitumen resources in China[J]. *Oil & Gas Geology*, 1994, 15(2): 105-112.
- [25] LAETER S, HUANG Haiping, ADAMS J, et al. A practical biodegradation scale for use in reservoir geochemical studies of biodegraded oils[J]. *Organic Geochemistry*, 2012, 45: 66-76.
- [26] 李秉繁, 刘刚, 陈雷. CH₄ 在原油体系中溶解规律及影响机理[J]. *化工进展*, 2021, 40(8): 4205-4222.
- LI Bingfan, LIU Gang, CHEN Lei. Dissolution of CH₄ in the crude oil system: behaviors and mechanisms[J]. *Chemical Industry and Engineering Progress*, 2021, 40(8): 4205-4222.