

## Инновационные методы в геолого-геохимических методах ГТИ

Р.Р. Ильязов<sup>1,2</sup>,  
М.В. Никифоров<sup>1</sup>

<sup>1</sup>АО «Институт Геологии и Разработки Горючих Ископаемых»  
<sup>2</sup>ФГБОУ ВО «Российский Государственный Геологоразведочный Университет имени Серго Орджоникидзе»

Адрес для связи: [IlyazovRR@igirgi.rosneft.ru](mailto:IlyazovRR@igirgi.rosneft.ru),  
[NikiforovMV@igirgi.rosneft.ru](mailto:NikiforovMV@igirgi.rosneft.ru)

**Ключевые слова:** геолого-технологические исследования, бурение скважин, буровой шлам, люминесцентно битуминологический анализ, люминесцентная спектроскопия, анализ ДНК

В докладе рассматривается актуальная проблема при бурении горизонтальных скважин - наличие зоны непромера у скважинных каротажных приборов. В связи с чем высока вероятность выхода из целевого интервала, при проводке горизонтальных скважин, и как следствие уменьшение дебита. В подобных случаях возрастает ценность геолого-геохимических исследований, проводимых станцией геолого-технологических исследований (ГТИ). На сегодняшний день в ГТИ, существует несколько методик по изучению шлама, это: описание литологии вскрываемого разреза, определение плотности и карбонатности пород, определение типа нефтенасыщенности пород по методу люминесцентно-битуминологического анализа (ЛБА). Все эти методы были разработаны более 50 лет назад, не совершенствовались до наших дней и не отвечают современным задачам. Поиски методик повышения информативности шлама привели к технологии секвенирования ДНК микробиоты.

В процессе бурения, вместе с буровым шламом или керном, на поверхность выносятся микроорганизмы населяющие пласт. С появлением новых, и относительно недорогих, инструментов количественного описания (высокопроизводительное ДНК-секвенирование) появилась возможность оперативной и детальной идентификации пластовых микроорганизмов и определения условий, в которых они проживают и определения чем питаются (нефть или газ) [1]. Таким образом, стало возможным использование микроорганизмов в качестве природных ДНК-маркеров для определения зоны и типа насыщения коллектора. В статье описываются потенциальные направления по возможности применения технологии как в процессе бурения скважины, так и при последующей ее эксплуатации. Также описан опыт применения технологии на месторождении в РФ.

## Innovative methods in geological and geochemical methods mud logging

R.R. Ilyazov<sup>1,2</sup>,  
M.V. Nikiforov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>JSC «Institute of geology and development of fossil fuels»  
<sup>2</sup>FSBEI HE «Sergo Ordzhonikidze Russian State University for Geological Prospecting»

E-mail: [IlyazovRR@igirgi.rosneft.ru](mailto:IlyazovRR@igirgi.rosneft.ru), [NikiforovMV@igirgi.rosneft.ru](mailto:NikiforovMV@igirgi.rosneft.ru)

**Keywords:** mud logging, drilling of the wells, drill cuttings, luminescent bituminological analysis, luminescence spectroscopy, DNA analysis

The article deals with a pressing problem whole drilling horizontal wells - the presence of a non-measurement zone with downhole logging tools. In connection with this, there is a high probability of leaving the target interval when drilling horizontal wells, and with can in, a decrease in a flow rate. In these cases, the value of geochemical research conducted by a mud logging station increases. Today, in mud logging, there are several methods for studying cuttings, these are: description of the lithology of the penetration section, determination of the density and carbonate content of rocks, determination of the type of oil saturation of rocks using the LBA method. All these methods were developed more than 50 years ago, have not been improved to three days, and do not meet modern tasks. Searching for methods to increase the information content of sludge led to the technology of microbiota DNA sequencing. During the drilling process, along with drill cuttings or core, microorganisms inhabiting the formation are brought to the surface. With the development of new, and relatively inexpensive, quantitative description tools (DNA sequencing), detailed identification of formation microorganisms and determination of the conditions they live in and what they feed on (oil or gas) has become possible. Thus, it became possible to use microorganisms as natural DNA markers to determine the zone and the type of reservoir saturation. The report describes potential areas for possible application of the technology in the process of drilling of a well and during its subsequent operation. The experience of using thigh technology at a field in the Russian Federation is also described.

## Введение

Для поддержания добычи и рентабельности разработки, добывающим компаниям приходится повышать долю горизонтальных скважин, в сложных геолого-технологических условиях. Проводка таких скважин требует оперативной геонавигации в процессе бурения, для чего требуются точные и оперативные данные о геологическом строении вскрываемого разреза и насыщении коллектора, поэтому наиболее перспективными являются оперативные методы исследования скважин в процессе бурения (LWD) [2]. В последние годы эволюция подобных методов позволила с большой точностью получать информацию по траектории ствола скважины и вскрываемом разрезе.

Несмотря на все усовершенствования каротажных приборов, все еще остается нерешенной проблема наличия зоны непромера - расстояние от долота до точки записи данных регистрирующего прибора (рис. 1). В результате чего, информация о типе породы и ее свойствах поступает с задержкой от 7 до 24 м (в среднем 12 м). Всегда есть вероятность того, что долото уже разбуривает породы не целевого интервала, а показания приборов каротажа ещё не «дошли» до этой глубины. В итоге последующий «возврат» в целевой пласт (корректировка траектории ствола скважины) влечет за собой уменьшение проходки по продуктивной части горизонтального ствола скважины и, как следствие, уменьшение дебита скважины (рис. 1). Также остаются актуальными проблемы, возникающие в процессе дальнейшей эксплуатации горизонтальных скважин в виде: определения профиля притока, определения интервалов прорыва газа или пластовой воды, определение распространения трещин ГРП и определения источника обводнения скважины. Подобные исследования, в горизонтальных участках скважины, имеют высокую стоимость и не всегда являются экономически целесообразными. В этих случаях возрастает важность геохимических исследований шлама, проводимых станцией геолого-технологических исследований (ГТИ) [3].

В настоящей статье основное внимание будет уделено технологии секвенирования ДНК микробиоты проб шлама, как дополнительного источника информации при геонавигации, в сложных геолого-технологических условиях бурения, а также при последующей эксплуатации скважины.

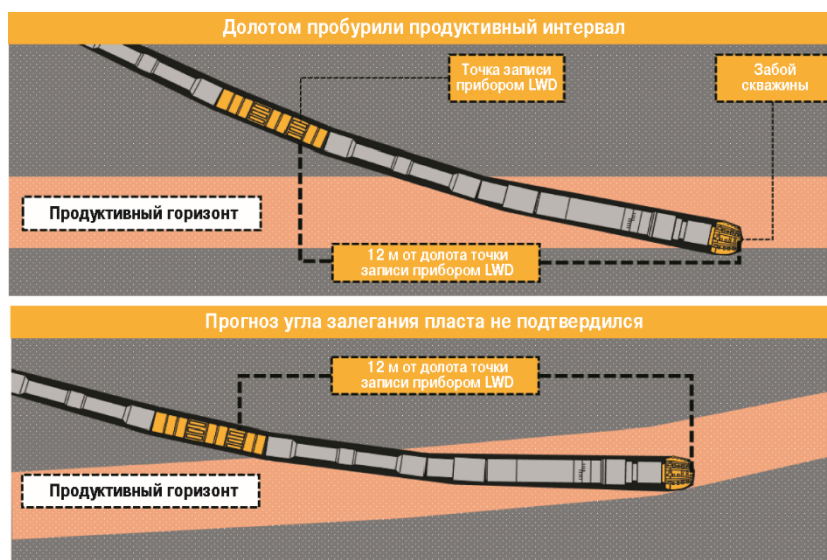


Рис. 1. Пример выхода из продуктивного слоя при вскрытии пласта.

### Текущее состояние методик, по оперативному изучению бурового шлама, способы повышения его информативности

Буровой шлам является прямым источником геологической информации о вскрываемом разрезе. На сегодняшний день в ГТИ, существует несколько методик по изучению шлама, это: описание литологии вскрываемого разреза, определение плотности и карбонатности пород, определение типа нефтенасыщенности пород по методу ЛБА [4]. Все эти методы были разработаны более 50 лет назад, не совершенствовались до наших дней и не отвечают современным задачам.

Люминесцентно-битуминологический анализ основывается на свойстве битумоидов при их облучении ультрафиолетовыми лучами испускать «холодное» свечение, интенсивность и цвет которого позволяет визуальную оценку наличия и качественный состав битумоида [5].

Несмотря на высокую применяемость ЛБА, данный метод имеет ряд недостатков и ограничений, которые можно разделить на две группы: недостатки, связанные с технологическими ограничениями, и ошибки в проведении и интерпретации, обусловленные человеческим фактором. Среди технологических ограничений метода можно отметить сложность цветопередачи истинного цвета свечения образца, короткий срок хранения и постепенное выцветание проб, что не позволят проконтролировать

корректность полученных данных удаленно или при последующей камеральной обработке каменного материала (рис. 2). Также основным недостатком метода является человеческий фактор, который приводит к некорректным результатам анализа – разные навески проб, отличающиеся методы экстракции приводят к различным результатам ЛБА при одинаковом насыщении образцов, индивидуальное восприятие цвета свечения человеком влияет на оценку битуминозности (рис. 2). Отсутствие абсолютных значений делает данный метод относительным и не позволяет количественно определить содержание битумоидов в полевых условиях.

Исходя из всего вышеперечисленного, необходимо усовершенствование методики люминесцентно-битуминологического анализа.

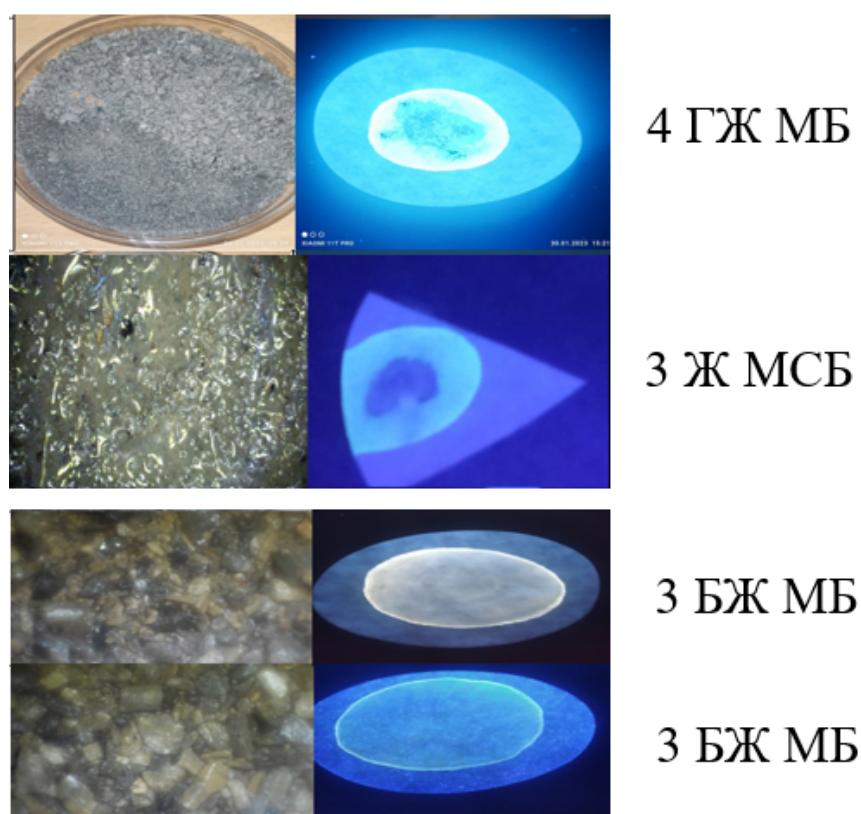


Рис. 2. Пример результатов ЛБА шлама и их интерпретации

В работах [6, 7] показана методика цифрового, количественного определения содержания битумоидов в горной породе методом люминесцентной спектроскопии с использованием современных цифровых люминесцентных спектрофотометров. Современные спектрофотометры имеют небольшие размеры, из-за чего их можно

использовать в различных условиях, в том числе в полевых. При помощи спектрофотометра в полевых условиях регистрируются значения полного спектра излучения или интенсивности излучений с тремя светофильтрами (синий, зеленый и оранжевый), после чего автоматически рассчитываются концентрации битумоидов в исследуемом образце по заранее полученной базе данных полученных для конкретного типа битумоида, характерного для исследуемого пласта.

Данный метод способствует как повышению информативности геохимических исследований, так и исключает возможность ошибки, которая может случиться из-за человеческого фактора и из-за недостатков ранее используемого метода.

Потенциально, применение разработанной методики при сопровождении бурения горизонтальных скважин будет способствовать повышению эффективной проходки, путем уточнения и корректировки проводки по наиболее нефтенасыщенному интервалу. Также результаты, полученные предложенным методом применимы при заканчивании скважин в момент выбора мест расстановки портов ГРП, что в лучшую сторону повлияет на проведение ГРП и в последствии увеличит дебит добывающей скважины.

Для внедрения данной методики в промышленность необходима каталогизация российской нефти с привязкой к шламу для каждого конкретного пласта.

Поиски методик повышения информативности шлама привели к технологии секвенирования ДНК микробиоты. Исследования бактерий из флюида и горной породы начали производиться с 1950-х годов прошлого века [1]. Метод, в теории, мог позволить более точно определять насыщение пластов-коллекторов, уточнить положение ГНК/ВНК, выявить пропущенные (маломощные) продуктивные интервалы. Однако, на тот момент, у метода были существенные ограничения (необходимость высокой квалификации персонала и сложность пробоподготовки), что в итоге не позволило широко внедрить технологию.

С появлением технологий относительно недорогого и высокопроизводительного определения последовательности ДНК организмом (бактерии, архей), стало возможным раскрытие потенциала исследования всего разнообразия микробиоты, а также использовании технологии в промышленных масштабах [1]. Растущая популярность метода обусловлена его оперативностью, достоверностью, удобством и низкими

затратами. Аналогичные технологии применяются для исследования ТРИЗ в США с 2016 года (исследовано уже более 1000 скважин) [4].

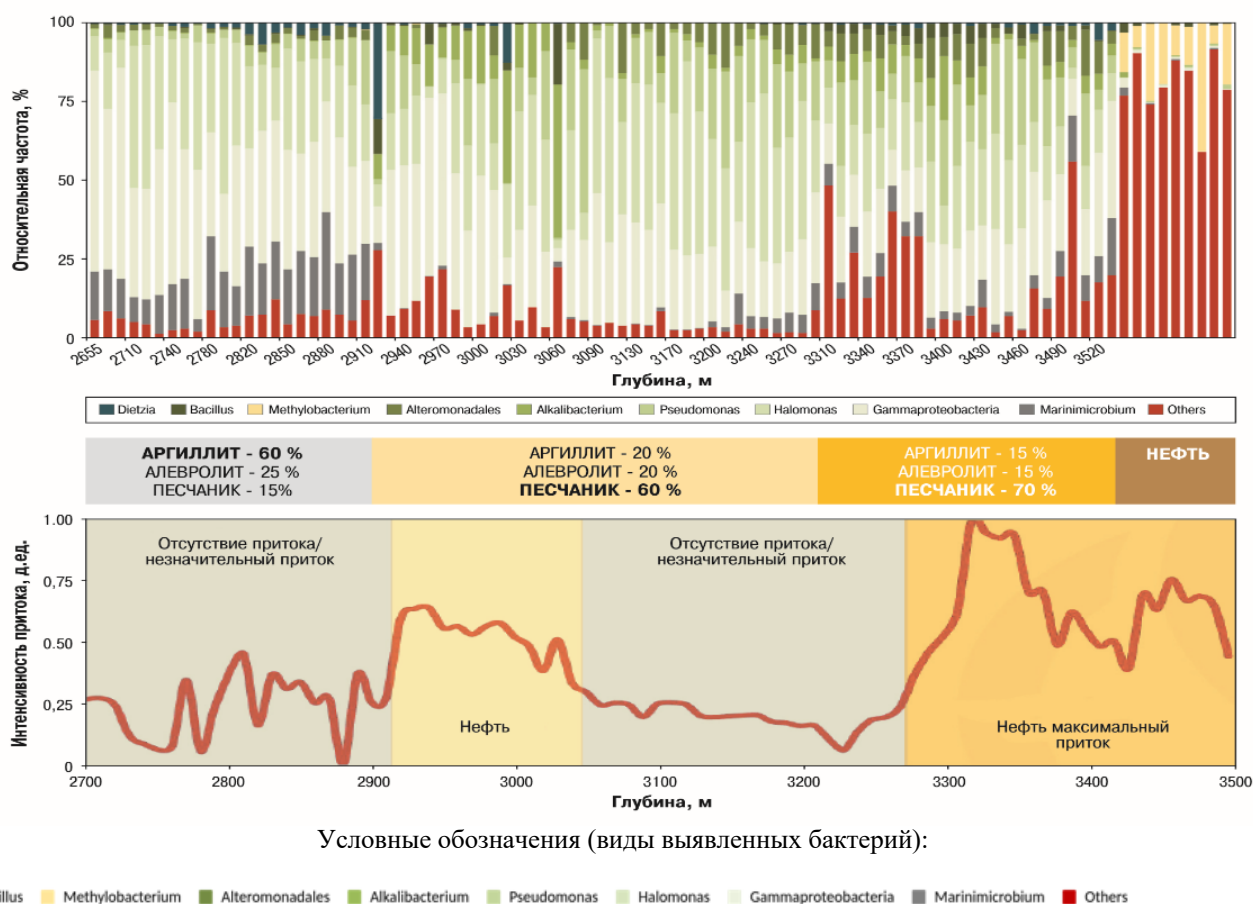
Принцип работы технологии основан на том, что микроорганизмы (бактерии, археи и пр.) широко распространены в самых экстремальных условиях и за миллионы лет эволюции приспособились к специфическим условиям существования (термобарические условия и режим питания) [8]. В процессе бурения вместе с буровым шламом или керном на поверхность выносятся данные микроорганизмы. С появлением современных ДНК-секвенаторов нового поколения, стала возможна детальная идентификация пластовых микроорганизмов, как качественно (определение до рода/вида микроорганизма), так и количественно (в каком соотношении живут те или иные микроорганизмы в исследуемых образцах). Определение, вплоть до видовой и родовой принадлежности, позволяет установить вариабельность условий, в которых микроорганизмы проживают и чем питаются (нефть или газ). Таким образом, стало возможным использование микроорганизмов в качестве природных ДНК-маркеров в разрезе скважины.

### **Опыт пилотного применения технологии секвенирования ДНК проб шлама, на месторождении имени Московцева, в Западной Сибири**

В 2018 г. было проведено пилотное исследование [4] по определению профиля притока в горизонтальной скважине на месторождении имени Московцева в Западной Сибири. Целью работ была проверка работоспособности технологии в полевых условиях. Всего было собрано 179 образцов шлама (каждые 5 м) и 10 проб бурового раствора. После запуска скважины в работу были отобраны образцы нефти и технической жидкости в объеме 10 проб.

В результате проведенных исследований [4] были определены сообщества микроорганизмов нефтесодержащих пород и нефти пластов группы БС в Западной Сибири, определено относительное численное соотношение микроорганизмов в пластах (рис. 3). Показано, что микробиомное разнообразие меняется с глубиной и зависит от литологического состава пород, что подтверждает работоспособность технологии. Также показано, что данные секвенирования, полученные из образцов шлама, коррелируют с

данными устьевых проб добываемого флюида. Таким образом, подтверждена практическая применимость методов секвенирования ДНК для решения промышленных задач при строительстве и последующей эксплуатации скважины. На основе полученных результатов была опубликована статья [4].



**Рис. 3. Прогноз профиля притока по относительному численному соотношению микроорганизмов в пластах**

### **Возможное решение обозначенных проблем, при внедрении технологии секвенирования ДНК микробиоты проб шлама**

Технология имеет широкий потенциал по применению, как при бурении, так и при последующей эксплуатации скважины:



1. Повышение информативности при проводке (геонавигации) скважины за счет использования природных биомаркеров, обнаруживающих присутствие воды, нефти и/или газа (рис. 4).

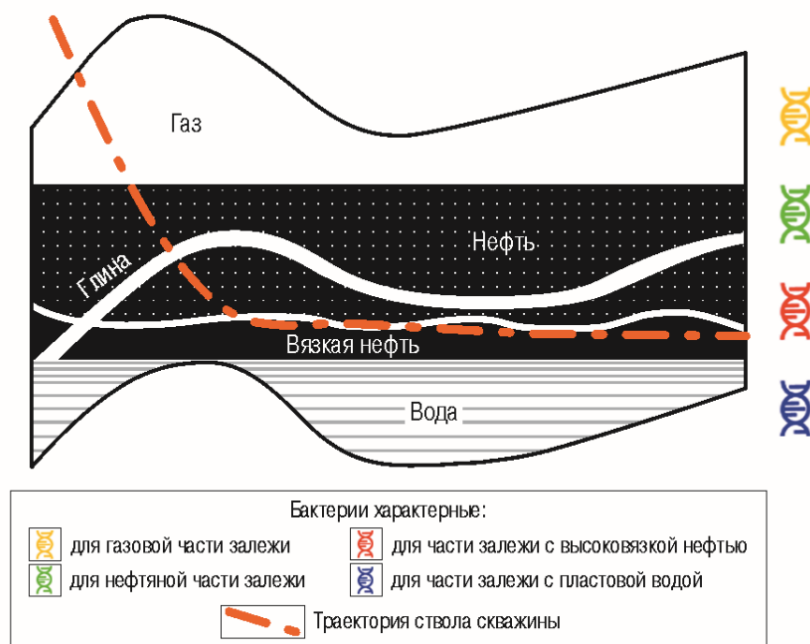


Рис. 4. Схема оперативного определения пластов с различным насыщением по ДНК-маркерам

2. Определение профиля притока в горизонтальном стволе скважины посредством исследования и сопоставления ДНК пластовых бактерий, полученных из образцов шлама и флюида при последующей эксплуатации.

3. Дополнительный источник для определения продуктивных интервалов в недонасыщенных и низкопроницаемых пластах и пластах с неясными результатами ГИС посредством исследования и сопоставления ДНК пластовых бактерий, полученных из образцов шлама при бурении. Для разработки новых решений при эксплуатации трудноизвлекаемых запасов [9, 10].

4. Определение глубины проникновения трещин ГРП посредством идентификации межпластовых связей, вызванных трещинами ГРП [11] (рис. 5).



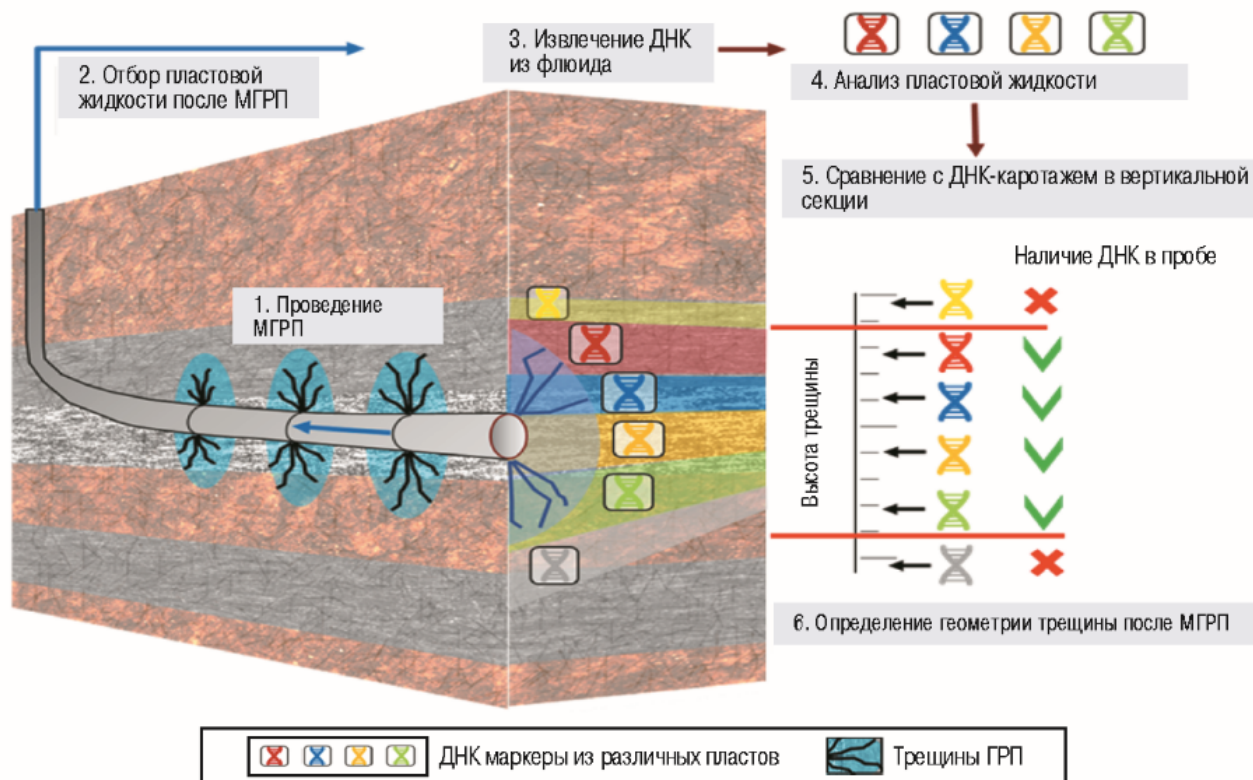


Рис. 5. Схема определения глубины проникновения трещин ГРП по ДНК-маркерам

По мере дальнейшего изучения и накоплении информации о пластовых микроорганизмах, станет возможным использование данной информации при мониторинге и оценке эффективности вторичных и третичных методов увеличения нефтеотдачи (МУН), а также разработке адресных микробиологических и биотехнологических методов увеличения нефтеотдачи как в традиционных коллекторах, так и высокообводненных недонасыщенных нефтью коллекторах [12].

Биотехнологические методы в нефтяной промышленности уже применяются для очистки окружающей среды от разливов нефти и биологической очистки отходов нефтеперерабатывающих предприятий. Кроме применения микробиомного анализа при разведке нефтеносных горизонтов, микробиологические и биотехнологические методы могут быть актуальными для биологической десульфурации и денитрогенизации дистиллятов, биологическое облагораживание тяжёлой нефти и остатков нефтепереработки, биоконверсии остаточной нефти в метан, а также для контроля процессов закисления и коррозии на нефтяных месторождениях. Также существуют

наработки в области повышения извлечения нефти при помощи микробиологических методов. Было показана возможность значительного увеличения нефтеотдачи за счёт снижения межфазного натяжения, изменения смачиваемости и подвижности микроорганизмов [13–15].

### **Выводы**

1. Несмотря на развитие методов ГИС при бурении скважин, буровой шлам все еще остается прямым источником информации по геологическому разрезу и типу насыщения пород. Отбор шлама производится при бурении каждой горизонтальной скважины и является относительно дешевой услугой. Однако ограниченность используемых методов не дает полностью раскрыть буровой шлам, как источник более полной информации. Для решения задачи по повышению его информативности, произведены поиски технологий в других отраслях науки. В результате чего была предложена и теоретически обоснована технология ДНК-профилирования при бурении горизонтальных скважин, которая имеет большой опыт использования за рубежом (США и КНР) и положительный опыт единичного испытания технологии на месторождении в РФ.

2. Геохимические исследования бурового шлама, сегодня используется для решения узких задач в геонавигации, и никаким образом не учитываются при последующей эксплуатации скважины. Однако, причиной возникающих при эксплуатации, проблем, могут быть ошибки совершенные при проводке скважины. Таким образом, технология секвенирования ДНК, при которой данные получаемые при бурении скважины могут быть использованы при последующей ее эксплуатации, может служить своеобразным «информационным мостом» соединяющим буровиков и разработчиков, для более эффективной эксплуатации скважины.

Список литературы

1. *NGS*: Высокопроизводительное секвенирование, 4-е издание / Д.В. Ребриков [и др.]. – М.: Лаборатория знаний, 2021. – 232 с.
2. *Геофизические* исследования скважин / В.Г. Мартынов [и др.]. – М.: Инфра-инженерия, 2009. – 960 с.
3. *Применение* газового каротажа для геонавигации и оперативного определения межфлюидных контактов при проводке горизонтальных скважин / Р.Р. Ильязов, С.А. Никифоров, Е.Ю. Черников, Т.Р. Рахимов // Нефтяное Хозяйство. – 2023. – №2. – С. 72-77. – DOI: 10.24887/0028-2448-2023-2-72-77
4. *Posdyshev, Shelyakin*. Using DNA-Logging to Determine Inflow Profile in Horizontal Wells // SPE Russian, 2021 РД 39-0147716-102-87 Геолого-технологические исследования в процессе бурения / Уфа: ВНИИБТ, 1987. — 275 с.
5. *Бачурин И.И., Евдокимов И.Н., Лосев А.П.* Количественное определение битумоидов в горной породе методом люминесцентной спектроскопии // «Нефтяное хозяйство». – 2021. – С. 28–31.
6. *Бачурин И.И.* Разработка инструментальной методики определения нефтебитумонасыщенности горных пород с использованием люминесцентной спектроскопии. Дипломная работа. – М.: РГУ нефти и газа (НИУ) имени И.М. Губкина, 2022. – 117 с.
7. *Comparative metagenomics of hydrocarbon and methane seeps of the Gulf of Mexico* / A. Vigneron [et al.] // Sci Rep 7: 16015. 2017.
8. *Шахвердиев А.Х., Арефьев С.В., Давыдов А.В.* Проблемы трансформации запасов углеводородного сырья в нерентабельную техногенную категорию трудноизвлекаемых // Нефтяное Хозяйство. – 2022. – № 4. – С. 38-43. – DOI: 10.24887/0028-2448-2022-4-38-43
9. *Shestopalov Y.V., Shakhverdiev A.Kh.* Qualitative Theory of Two-Dimensional Polynomial Dynamical Systems., MDPI, SYMMETRY 2021, 13, 1884, pp. 01-19. <https://doi.org/10.3390/sym13101884>.
10. *Microbial Community Cohesion Mediates Community Turnover in Unperturbed Aquifers* / Danczak R.E. [et al.] // mSystems. – 2018. – V. 3. – № 4.
11. *О включении* высокообводненных запасов недонасыщенных нефтью коллекторов в категорию трудноизвлекаемых / А.Х. Шахвердиев, С.В. Арефьев, А.С. Поздышев, Р.Р. Ильязов // Нефтяное Хозяйство - 2023 - №4 - 34-39. DOI: 10.24887/0028-2448-2023-4-34-39
12. *Фаткуллина А.С., Садчиков А.В.* Использование продуктов БГУ для повышения нефтеотдачи // Современные проблемы науки и образования. – 2014. – № 3.
13. *Микробиологические* методы увеличения добычи нефти: обзор / Д.В. Баранов, А.Н. Петрова, Р.К. Ибрагимов [и др.] // Вестник Казанского технологического университета. 2016. №24. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/mikrobiologicheskie-metody-velicheniya-dobychi-nefti-obzor>].
14. Editorial: Petroleum Microbial Biotechnology: Challenges and Prospects / Ismail WA, Van Hamme JD, Kilbane JJ, Gu JD. // Front Microbiol. 2017 May 12; 8:833. doi: 10.3389/fmicb.2017.00833. PMID: 28553269; PMCID: PMC5427579.].