

BÚSQUEDA DE ARQUEAS TERMÓFILAS PRODUCTORAS DE METANO CON USO POTENCIAL PARA LA RECUPERACIÓN MEJORADA DE HIDROCARBUROS VIA MICROBIANA (MEOR)

Zapata-Peñasco I.⁽¹⁾; Castorena-Cortéz G.⁽¹⁾; Roldán-Carrillo T.⁽¹⁾; Cano-Gomez X.⁽¹⁾; George-Tellez R.⁽¹⁾; Olguín-Lora P.⁽¹⁾.

⁽¹⁾Coordinación de Investigación en Recuperación de Hidrocarburos. Instituto Mexicano del Petróleo (IMP). México, D.F. izapata@imp.mx; polquin@imp.mx

Palabras clave: arqueas, metano, MEOR

Introducción. Los procesos de recuperación de hidrocarburos (Enhanced oil recovery EOR) que son empleados posterior a la producción primaria y secundaria (inyección de agua), se basan en el uso de alternativas químicas o térmicas para recuperar el crudo que se encuentra atrapado en los poros de las formaciones geológicas. En la recuperación mejorada de hidrocarburos vía microbiana (MEOR- Microbial Enhanced Oil Recovery) se emplean microorganismos capaces de vivir en condiciones con temperatura y salinidad elevadas y que producen compuestos como biosurfactantes, biopolímeros, alcoholes, ácidos orgánicos y gases (H₂, CH₄ y CO₂) que pueden incrementar la presión en el yacimiento y disminuir la viscosidad del crudo, lo que facilita su movimiento y su extracción. El éxito de la aplicación de una tecnología MEOR depende del estudio de bioprospección que se realice al yacimiento de interés, esto es seleccionar los grupos microbianos que produzcan los metabolitos necesarios y requeridos.

El objetivo de este trabajo es el estudio basado en la búsqueda de arqueas termófilas e hipertermófilas que producen metano para ser usadas en tecnología MEOR.

Metodología. Se evaluaron 19 muestras de crudo pesado provenientes de campos petroleros mexicanos. Se emplearon sistemas anaerobios (H₂/CO₂ 80%/20%) con medios de cultivo específicos para arqueas metanógenas (3% NaCl). La incubación fue a 70 y 80°C. La determinación de CH₄ se llevó a cabo con un cromatógrafo de gases GowMac con detector TCD. Se amplificó por PCR la región V3 del gen 16S rRNA de arqueas⁽¹⁾. Las clonas de interés se secuenciaron. Las secuencias se analizaron con las existentes en el GenBank con los algoritmos BlastN y BlastX. Se realizaron alineamientos múltiples con Clustal X. Los análisis filogenéticos se llevaron a cabo con el programa MEGA 4⁽²⁾.

Resultados. Los sistemas fueron incubados por 42 días aproximadamente, sin embargo la primera detección de metano se observó entre los 12 y 15 días. A los 17 días dos de los cultivos MIMP-02 y MIMP-4, mostraron mayor crecimiento en biomasa y una mayor producción de metano de 24.1 y 42% respectivamente (a 70°C). El resto de los cultivos presentaron porcentajes entre 2 y 12% de metano (a 70 y 80°C). Los filotipos detectados en MIMP-

02 Y MIMP-44 son representantes de la familia *Methanobacteriaceae*, se detectaron dos especies predominantes *Methanobacterium subterraneum* y *Methanobacterium formicicum*. Estos metanógenos hidrogenotróficos son especies dominantes en ecosistemas del subsuelo y en particular en yacimientos petroleros⁽³⁾. De la familia *Methanomicrobiaceae* se detectó la especie *Metanoculleus* sp. Del orden *Methanomicrobiales* se encontró a *Methanolinea tarda*, que es un género y especie recientemente descritos en la taxonomía del dominio *Archaea*⁽⁴⁾. Los gases producidos *in situ* como el metano pueden contribuir a la presurización de un yacimiento y a modificar la viscosidad del crudo. *Methanobacterium* es un taxón propio de la microbiota de un yacimiento petrolero, por lo que su estimulación *in situ* es una alternativa potencial y de bajo costo para la aplicación de la tecnología MEOR⁽⁵⁾. Actualmente se llevan a cabo estudios de cinética y de ecología microbiana molecular con los cultivos MIMP-02 y MIMP-44 para su caracterización y por tanto su eventual aplicación en campo.

Agradecimientos: al financiamiento del proyecto D.417 del Instituto Mexicano del Petróleo (IMP).

Bibliografía.

1. Overeas, L; Forney, L; FL. Daae and V. Tosvik. (1997). Distribution of bacterioplankton in meromictic lake Saelenvannet as determined by denaturing gradient gel electrophoresis of PCR-amplified gene fragments coding for 16S rRNA. *Appl Environ Microbiol.* 63(9):3367-3373.
2. Tamura K, Dudley J, Nei M and Kumar S (2007). MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
3. Nazina, T. N.; Shestakova N. M., Grigor'yan A. A., Mikhailova E. M., Tourova T. P., Poltarau A. B., Cingxian Feng, Fangtian Ni and Belyaev, S. (2006). Phylogenetic diversity and activity of anaerobic microorganisms of high- temperature horizons of the Dagang Oil Field (P.R. China). *Microbiology* 75(1):55-65.
4. Imachi, H., Sakai, S., Sekiguchi, Y., Hanada, S., Kamagata, Y., Ohashi, A., and Harada, H. (2008). "*Methanolinea tarda* gen. nov., sp. nov., a methane-producing archaeon isolated from a methanogenic digester sludge." *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 58:294-301.
5. Sen, R. (2008). Biotechnology in petroleum recovery: The microbial EOR. *Progress in Energy and Combustion Science* 34:714- 724