

DIVERSIDAD BACTERIANA EN BIOPELÍCULAS ASOCIADAS A LAS TUBERÍAS DE INYECCIÓN DE AGUA MARINA A POZOS PETROLEROS

César Hernández-Rodríguez*, Miguel Angel López García*, Francisco Javier Zavala Díaz de la Serna* y Manuel G. Amaya Malpica+.

*Departamento de Microbiología. ENCB, IPN. Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n. Col. Sto. Tomás. México DF CP 11340 Fax (525) 57 29 62 07. E-mail: chdez38@hotmail.com

+Instituto Mexicano del Petróleo.

Palabras claves: *Biopelículas, ductos, 16S rDNA.*

Introducción. Entre las comunidades microbianas con un mayor grado de complejidad están las biopelículas que pueden tener microorganismos de diferentes gremios fisiológicos como sulfato reductores, fijadores de nitrógeno, bacterias con capacidades de corrosión o arqueas, entre otros (Ulrich, et al, 2001). Esto es debido a que en las comunidades microbianas en general y en las biopelículas en particular se establecen gradientes de concentración de nutrientes, pH, tensión de oxígeno, aceptores y donadores de electrones, etc. Esta comunidad cuya consistencia interna depende de la formación de exopolisacáridos se adhiere a un sustrato sólido que está en contacto con un líquido (Marshall 2000). Una biopelícula se puede definir como una discreta columna de mezclas bacterianas embebida y rodeada por polisacáridos y canalizada por agua. Las biopelículas que se forman en las tuberías que conducen agua de mar provocan serios problemas en la conducción del líquido y de corrosión del metal.

El propósito de este trabajo es estudiar la estructura y filogenia de la comunidad bacteriana que se desarrolla en los tubos de inyección de agua marina a pozos petroleros de la sonda de Campeche, México.

Metodología: Se extrajo DNA metagenómico de muestras de biopelículas por un método mecánico (Cullen y Hirsch, 1998). Se amplificaron fragmentos de 1500 y 250 pb para clonación en el plásmido TOPOTA® y para estudiar la composición de la comunidad mediante DGGE respectivamente. La diversidad de las clonas se reconoció mediante análisis del polimorfismo de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP) usando *EcoRI*, *HinPII*, *MspI* y *Sau3AI*.

Resultados. Se obtuvo DNA metagenómico a partir de muestras de biopelículas de ductos de inyección de agua marina a pozos petroleros de la sonda de Campeche. Se realizó una PCR para la amplificación de gen 16S rDNA con iniciadores universales, a partir del DNA metagenómico. Los fragmentos obtenidos fueron clonados y 300 clonas fueron analizadas mediante RFLP. Se obtuvieron 3 perfiles RFLP mayoritarios que representan a las bacterias más abundantes en la muestra (Fig. 1). Por otro lado, se realizó el estudio de la comunidad bacteriana a partir varias muestras de biopelícula mediante DGGE. Los perfiles encontrados arrojan básicamente la misma estructura bacteriana.

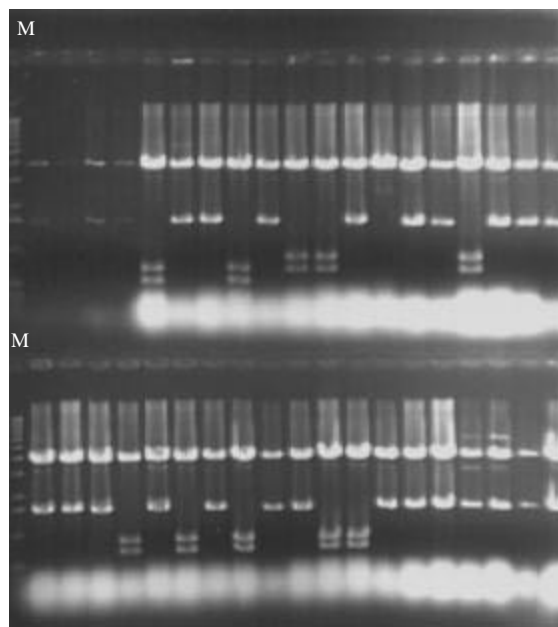


Fig 1. RFLP con la enzima *EcoRI* del gen 16S rDNA de clonas de bacterias provenientes de biopelículas marinas. Se muestran tres perfiles básicos. M. Marcador "ladder" de 1 Kb.

Conclusiones. El análisis de la librería de genes ribosomales provenientes de una biopelícula marina mediante RFLP y DGGE nos muestra una diversidad bacteriana limitada.

Agradecimientos. CHR es becario de COFAA y EDD; MALG y FJZD fueron becarios de PIFI y CONACYT.

Bibliografía.

- J.-U. Kreft, C. Picioreanu, J. W. T. Wimpenny & M. C. M. van Loosdrecht. 2001. Individual-based modelling biofilms. *Microbiology* 147:2897-2912.
- Marshall K. C. 1997. Colonization, adhesion and biofilms. En "*Manual of Environmental Microbiology*". C. J. Hurst et al. Editores ASM. Press, pp 358-365.
- Cullen D. W. y Hirsch P. R. 1998. Simple and rapid method for direct extraction of microbial DNA from soil to PCR. *Soil. Biol. Biochem.* 30:983-993.