

Evaluación del potencial MIC: una carrera contra el tiempo

M. Pagliaricci¹ maria.c.pagliaricci@ypftecnologia.com, E. Ocolotobiche¹ eliana.e.ocolotobiche@ypftecnologia.com, A. Saavedra¹ albert.saavedra@ypftecnologia.com, G. Muller² muller@cefobi-conicet.gov.ar, M. Bilen³ mbilen@unq.edu.ar, E. Corton⁴ eduardo@qb.fcen.uba.ar, M. Rendichi¹ martin.rendichi@ypftecnologia.com, I. Vega¹ isabel.n.vega@ypftecnologia.com.

¹YPF Tecnología (Y-TEC), ²CEFOBI-CONICET, ³Universidad de Quilmes, ⁴Universidad de Buenos Aires.

Sinopsis

La corrosión inducida por microorganismos (MIC) representa entre el 10% y el 20% de los costos globales anuales asociados a la corrosión, siendo un desafío crítico en la industria del petróleo y gas (O&G).

Frente a esta problemática, se vuelve indispensable contar con sistemas de monitoreo microbiológico que permitan evaluar el fenómeno MIC de forma integral y eficiente. Este trabajo presenta un enfoque basado en múltiples líneas de evidencia (MLOE, *Multiple Lines of Evidence*), sustentado en tres herramientas complementarias que optimizan la evaluación del potencial MIC en instalaciones de O&G, mejorando los tiempos de respuesta, facilitando la toma de decisiones para prevenir fallas operativas y la evaluación de desempeño de estrategias de mitigación.

La primera herramienta es una plataforma digital que integra datos microbiológicos y operacionales de las locaciones. Incluye la caracterización microbiológica de puntos críticos de control (ATP, qPCR, estudios metagenómicos y potencial MIC), junto con parámetros operativos, condiciones ambientales, características de los materiales, velocidad de corrosión, morfología y productos de corrosión. Esta información se traduce en tableros de criticidad MIC y permite evaluar continuamente las estrategias de mitigación implementadas. Actualmente, la plataforma contiene más de mil muestras de más de veinte instalaciones en Argentina, respaldada por una base de datos con 1.200 microorganismos clasificados según su potencial MIC.

La segunda herramienta es un biosensor semiautomático innovador, diseñado para cuantificar microorganismos totales viables (MTV) mediante la estimación del metabolismo redox microbiano (US 2025/0135451 A1). Esta tecnología mostró una correlación superior a 0,90 con las mediciones de ATP por bioluminiscencia, validando su confiabilidad como herramienta de diagnóstico rápido. Además, ofrece ventajas como la reducción de costos y errores humanos.

La tercera herramienta incorpora secuenciación de tercera generación para estudios metagenómicos de ADN, permitiendo obtener resultados en menos de dos semanas, con menores costos iniciales y alta adaptabilidad para su uso en campo. Los estudios de validación confirmaron la consistencia de los protocolos de secuenciación del gen 16S rARN respecto a métodos de segunda generación, utilizando estándares como ZymoBIOMICS® D6311 y muestras de agua de producción.

En conjunto, el enfoque MLOE y estas herramientas ágiles mejoran la precisión en el diagnóstico y monitoreo de MIC con reducción de tiempos de respuesta a 15 días, reducción de costos del 50% respecto a las metodologías actuales, promoviendo la integridad de los activos, reducción de OPEX en las estrategias de mitigación y prácticas más sostenibles en la gestión de la corrosión en el sector hidrocarbúfero.

Introducción

La industria del petróleo y gas enfrenta múltiples desafíos asociados a la integridad y durabilidad de sus infraestructuras. Entre ellos, los fenómenos MIC se ha consolidado en las últimas décadas como una de las principales amenazas, particularmente en entornos operativos donde el agua desempeña un rol clave (Lee et al., 2017).

Se estima que los países erogan anualmente entre el 2 % y el 5 % de su Producto Bruto Interno (PBI) en actividades relacionadas con la corrosión (Hays & General, 2010; Webster, 2010; Petit, 2024). De ese total, aproximadamente un 20 % corresponde a procesos asociados a MIC, cifra que se utiliza como referencia para dimensionar su impacto económico de forma general (Gu et al., 2015; Javaherdashti, 2017; Lavanya, 2021; Little & Lee, 2009; Skovhus, Eckert, et al., 2017). En la industria del petróleo y gas en EE.UU se reportan gastos anuales estimados entre 2 y 7 mil millones de USD (Ali & Ahmad, 2025; Schaal & Martus, 2022).

Debido al impacto que tienen los fenómenos MIC en el O&G es imperativo gestionar su riesgo y para ello se requieren tres pasos esenciales:

1. Diagnóstico: comprender el potencial MIC en el activo;
2. Mitigación: seleccionar e implementar medidas adecuadas de prevención y atenuación;
3. Monitoreo: seguimiento de las condiciones operativas para evaluar la efectividad de dichas medidas y su optimización.

Las tendencias actuales relativas al diagnóstico y monitoreo del riesgo de corrosión microbiológica proponen un enfoque multidisciplinario debido a que aunque el mecanismo por definición abarca los campos de la microbiología y la corrosión, la participación de otras disciplinas como la electroquímica, la química de producción, la metalurgia, la ciencia de los materiales, la ingeniería de procesos, la mecánica de fluidos y otras; es esencial para obtener una imagen clara de los entornos y las condiciones operativas que sustentan esta problemática. El nuevo enfoque multidisciplinario para dirigir las actividades de gestión del riesgo MIC se denomina múltiples líneas de evidencia (MLOE, *Multiple Lines of Evidence*) propuesto por Knisz et al. (2023).

El enfoque MLOE se fundamenta en que no existe actualmente una prueba única que permita confirmar de forma concluyente la ocurrencia o presencia activa del fenómeno MIC.

La *Figura 1*, adaptación de la revisión de Knisz et al. (2023), ilustra las cuatro categorías principales de MLOE comúnmente utilizadas en estudios del fenómeno MIC, junto con ejemplos de parámetros típicos asociados a cada categoría.

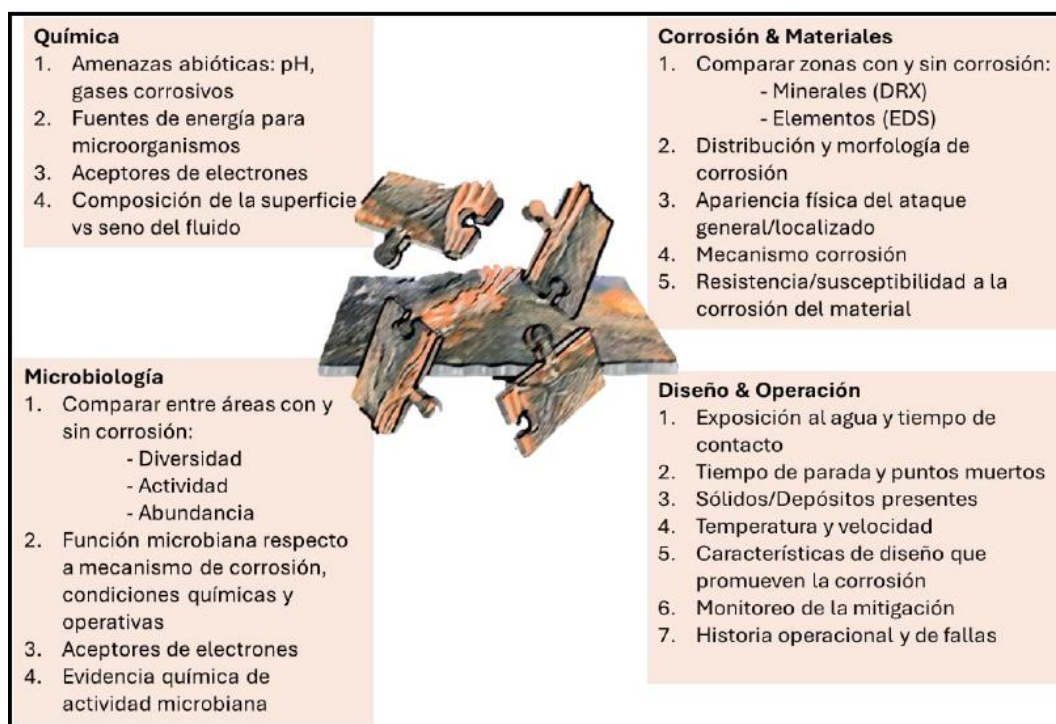


Figura 1. MLOE utilizado en la evaluación MIC. Las piezas del rompecabezas representan las cuatro categorías principales de evidencia con sus parámetros típicos, adaptado de Knisz et al. (2023).

La revisión del estado del arte del fenómeno MIC por Videla & Herrera (2005) señaló que hasta finales de la década de 1970 hubo una transferencia deficiente de conocimiento entre disciplinas, incluidas la metalurgia, la electroquímica, la microbiología y la ingeniería química, lo que impidió que el estudio de MIC fuera mucho más allá de un enfoque en BSR/PSR (Bacterias Reductoras de Sulfato/Arqueas Reductoras de Sulfato). Por lo que los estudios pioneros sobre MIC en la industria del petróleo y el gas se enfocaron principalmente en métodos de cultivo tradicionales, como la técnica del número más probable (NMP), estandarizada en el protocolo NACE TM0194 (2014), en la que se relacionaba la probabilidad de MIC con los recuentos de células cultivables en diversos medios de cultivo, particularmente para BSR y BPA (bacterias productoras de ácidos).

Asimismo, diversos estudios han demostrado las limitaciones en la técnica NMP (Jensen et al., 2013; Larsen et al., 2010a; Mitchell et al., 2012; Rodrigues & Akid, 2014), lo que ha impulsado su sustitución gradual por parte de los principales operadores del sector. A continuación, se mencionan sus principales desventajas:

- No proporciona una medida directa del potencial de MIC (Jensen et al., 2013);
- Muchos microorganismos presentes en sistemas de petróleo y gas no son cultivables, estimándose que sólo se detecta entre el 0,1 y el 1% mediante técnicas tradicionales de cultivo (Amann et al., 1995);
- La utilización de medios específicos y selectivos para determinados metabolismos puede subestimar la diversidad microbiana;
- La competencia de crecimiento en el medio puede generar también sobreestimaciones (Zhu et al., 2005);
- Algunas especies pueden entrar en estados metabólicos no cultivables, como el estado latente, lo que también contribuye a subestimaciones (Kell & Young, 2000);
- Elevados tiempos de obtención de resultados, por ejemplo 28 días de incubación en la determinación de BSR, que dificulta la toma de decisiones sobre acciones correctivas/preventivas a tiempo.

- Falsos positivos por interferencias del medio; por ejemplo, sulfuro y sulfitos en NMP de BSR, que generan cambios de color no asociados al crecimiento microbiano.

Reconociendo estas limitaciones, NACE recomendó en 2012 y reiteró en la actualización de 2018 el uso de metodologías complementarias para la caracterización microbiológica en entornos industriales, formalizadas en la norma NACE TM0212 (2018) en donde se propicia el uso de técnicas de biología molecular. Estas técnicas permiten caracterizar el microbioma completo y evidenciar todos los metabolismos microbianos presentes y su potencial para inducir fenómenos de corrosión en acero al carbono, material mayoritario en la industria de petróleo y gas.

Con la adopción progresiva de métodos microbiológicos moleculares (MMM), los operadores comenzaron a observar que, aunque los microorganismos estaban presentes en prácticamente todos los sistemas, los recuentos celulares por técnicas tradicionales de cultivo mostraban una pobre correlación con los daños reales atribuibles a MIC (Zintel et al., 2003).

Debido a esto, en los protocolos de diagnóstico y monitoreo MIC cada vez son más utilizados los métodos de la determinación de ATP para MTV, los ensayos de qPCR (reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa) para el recuento de microorganismos específicos y el análisis de la diversidad del microbioma presente por estudios metagenómicos mediante secuenciación masiva del gen 16S rARN (Ácido ribonucleico ribosómico) característico de bacterias y arqueas. En respaldo de esta tendencia, Puentes-Cala et al. (2022) llevaron a cabo una revisión sistemática de la literatura publicada sobre MIC en los últimos 12 años, revelando que aproximadamente el 75 % de los estudios emplearon enfoques microbiológicos moleculares para caracterizar las comunidades microbianas presentes en muestras de campo.

Asimismo, Vargas et al. (2021) evidenciaron por estudios metagenómicos que los microbiomas presentes en las cuencas petroleras argentinas estaban compuestos por grupos microbianos asociados a MIC más allá de las BSR y BPA identificándose bacterias tiosulfato reductoras, nitrato reductoras, oxidantes de azufre, heterótrofas generales formadoras de biofilms, arqueas metanogénicas, entre otras. Estos hallazgos manifiestan la necesidad de implementación de técnicas para la cuantificación de MTV y la diversidad del microbioma eficientes y competitivas que permitan la evaluación rápida de las estrategias de mitigación aplicadas para reducir el riesgo MIC.

Más recientemente, Wade et al. (2025) revelan, entre otros puntos, un aumento exponencial en la cantidad de publicaciones y una intensificación del uso combinado de técnicas analíticas moleculares en los estudios más recientes. Este análisis refleja cómo la investigación contemporánea en MIC ha integrado metodologías más complejas y breves, con una duración promedio de 14 días. El tiempo de respuesta ha influido directamente en el tipo y profundidad de datos microbiológicos obtenidos para la gestión del riesgo MIC en donde el tiempo de adquisición de datos y la interpretación integral del fenómeno son factores claves.

En línea con lo expuesto, este trabajo describe tres herramientas innovadoras en la concreción de diagnósticos y monitoreos del potencial MIC eficientes, completos e integrales:

- Una aplicación digital, *MicrobioMICs*, basada en un marco de evaluación de potencial MIC mediante MLOE;
- Un biosensor semiautomatizado para la estimación de MTV, *Y-AQUA*
- La introducción de tecnologías de secuenciación de tercera generación, tecnología de nanoporos, para reducir tiempos de análisis en los estudios metagenómicos.

Desarrollo

1. Aplicación digital *MicrobioMICs*

La aplicación digital *MicrobioMICs* se desarrolló para responder a la necesidad de optimizar el diagnóstico y monitoreo de los fenómenos MIC, mejorar la eficiencia del servicio y ofrecer información confiable para la gestión del riesgo MIC en la industria de O&G.

El desarrollo tuvo como objetivo facilitar el acceso a datos científicos y técnicos, mejorar la gestión de los laboratorios involucrados, asegurar trazabilidad y calidad en la información, sirviendo de plataforma de almacenamiento de datos, interpretación, visualización y estandarización para la ejecución de reportes ágiles en conjunto con tableros de control. Logrando de esta manera *convertir conocimiento científico en valor estratégico*.

El proceso de desarrollo se detalla en la *Figura 2*.

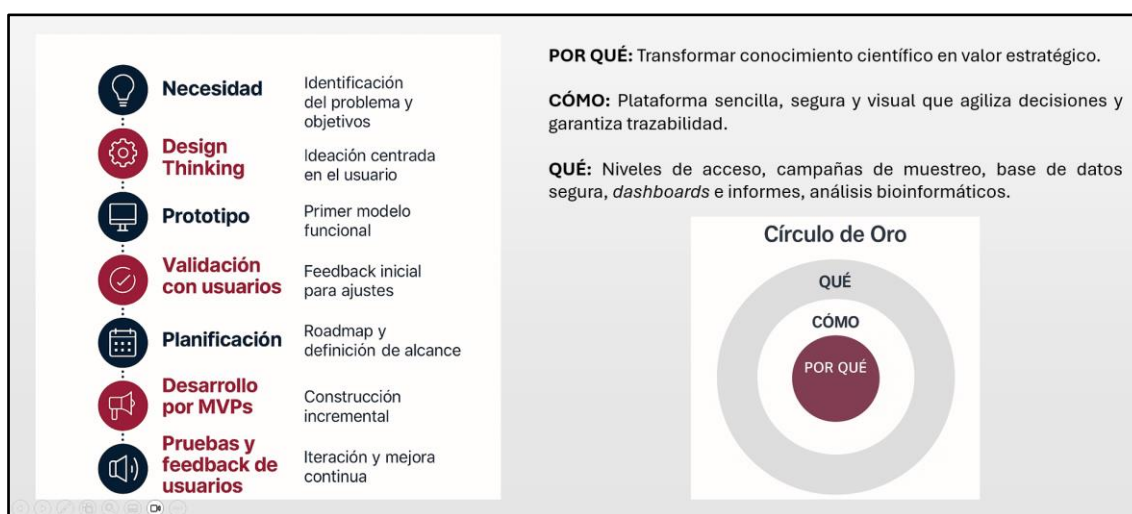


Figura 2. Proceso de desarrollo de la aplicación.

La metodología de gestión del proyecto fue híbrida (Kanban+Tradicional) para tareas operativas e hitos claves, utilizando la plataforma de gestión de proyectos y productividad ClickUp y la colaboración con un *Software Factory*. Mientras que el desarrollo implicó las siguientes actividades:

- Diseño desde cero, arquitectura escalable y segura desplegada en Tenant propio de Y-TEC.
- Validación continua con expertos en microbiología.
- Colaboración multidisciplinaria: científicos, Experiencia del Usuario (UX), Experiencia de la Interfase (UI), desarrolladores y *software factory*.

De esta manera se diseñó la siguiente arquitectura para la aplicación que se esquematiza en la *Figura 3*.

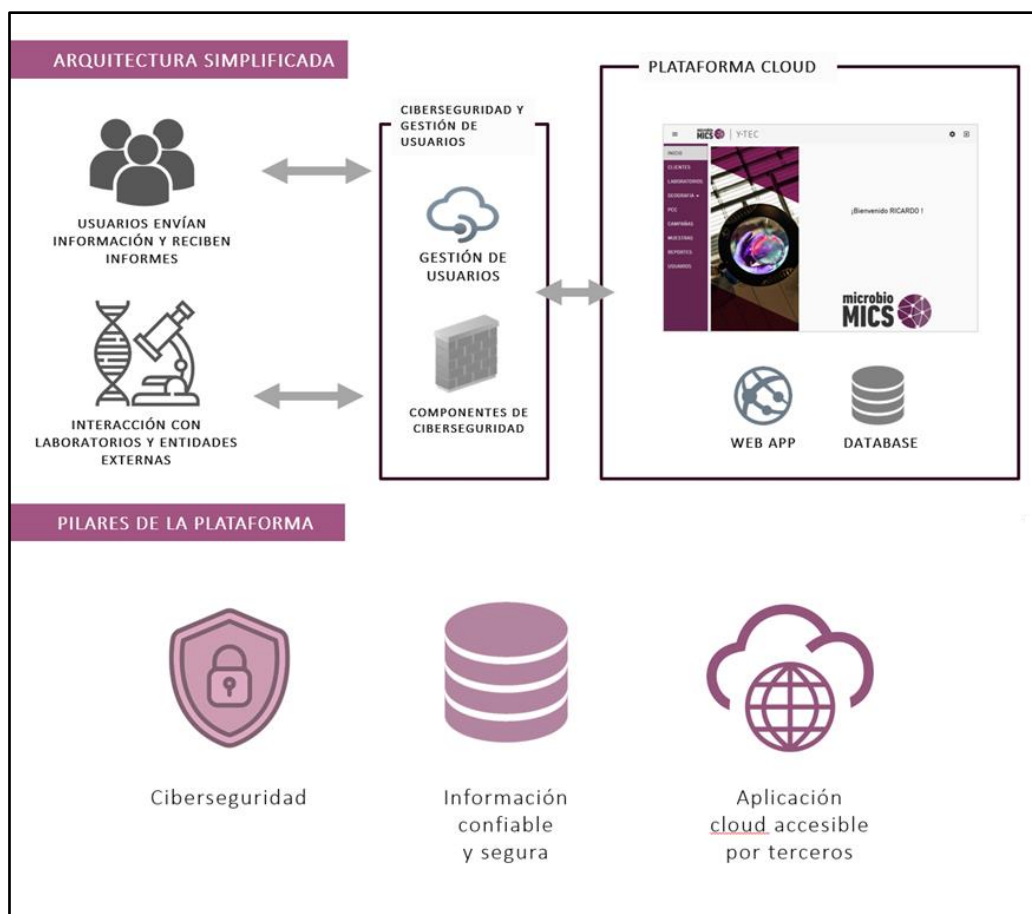


Figura 3. Arquitectura de la aplicación.

Las características principales alcanzadas fueron:

- Repositorio de resultados de diagnóstico y monitoreo de microbiomas presentes en la cuenca petrolera Argentina y con posibilidad de expansión en LATAM, potencialidad de SIG (Sistema de Información Geográfica).
- Módulo de laboratorio para garantizar control de calidad de los ensayos de laboratorio y trazabilidad.
- Repositorio de datos de proceso, de integridad, instalación, ensayos complementarios y tratamientos químicos de los puntos críticos de control (PCC) seleccionados.
- Base de datos de microorganismos con su secuencia del gen 16S clasificados según su potencial MIC, con más de 1000 muestras analizadas en las cuencas de petróleo argentinas que permiten realizar un flujo de trabajo bioinformático más ágil a expensas de los bancos de genes públicos (NCBI- NBLAST, SILVA, etc).
- Generación de reportes estandarizados y base de datos inteligentes:
 - Customización de tableros de criticidad MIC
 - *Benchmarking* de condiciones (materiales/tratamientos/cuencas/microbiomas)

A continuación, en la *Figura 4* se presentan las funcionalidades de la aplicación. Luego, en las *Figuras 5, 6, 7 y 8* se exponen ejemplos de reportes y visualizaciones de datos.

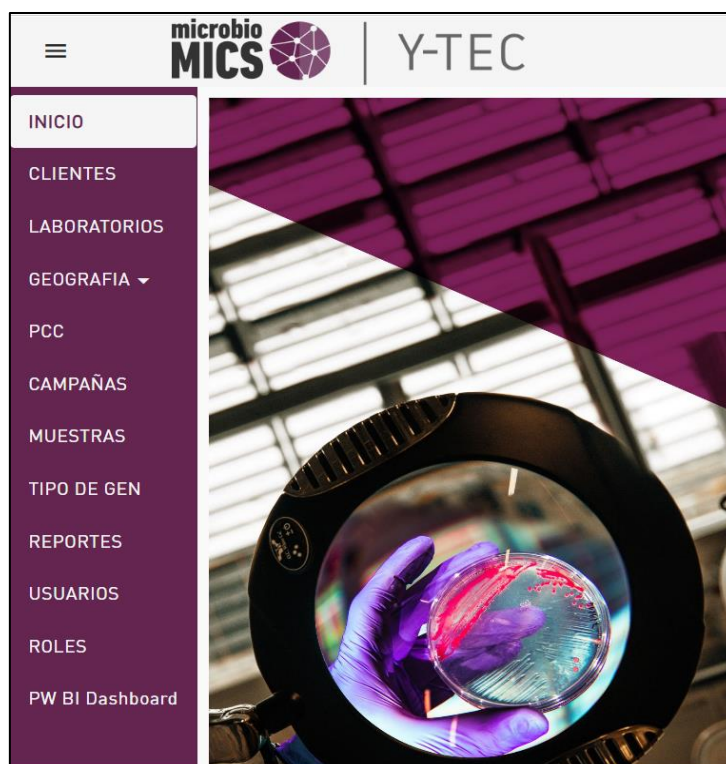


Figura 4. Funcionalidades de la aplicación.

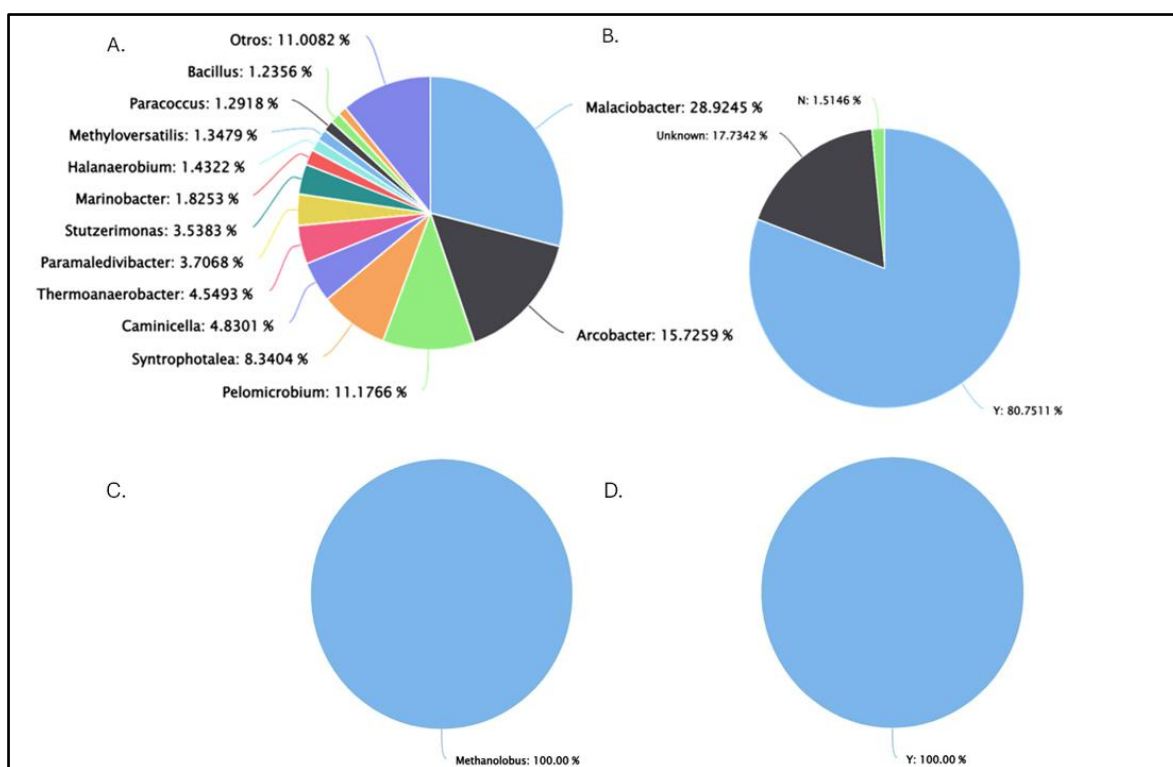


Figura 5. Reporte de análisis metagenómicos. A: Diversidad de bacterias a nivel de género con su abundancia relativa en porcentaje, B: Rol relativo a MIC, C: Diversidad de arqueas a nivel de género con su abundancia relativa en porcentaje, D: Rol relativo a MIC. Rol MIC positivo, Y, celeste; Rol MIC negativo, N, verde. Role MIC desconocido (*unknown*), negro.

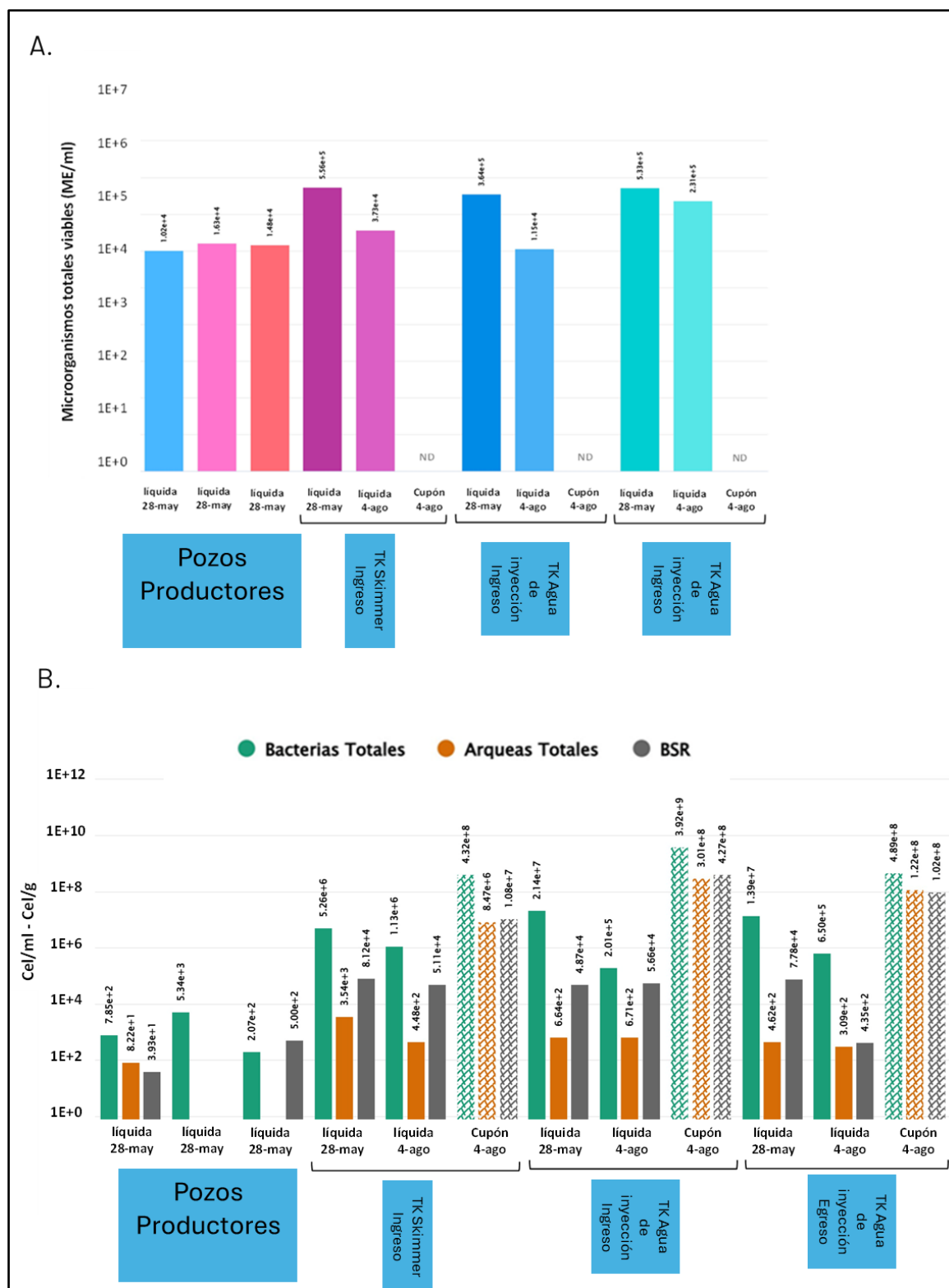


Figura 6. Reporte de recuentos microbianos. A: Grafica de recuentos de MTV por ATP, B: Gráfica de recuentos de microorganismos específicos por qPCR. Barras lisas corresponden a muestras líquidas, barras degradadas a muestras sólidas, por ejemplo, biofilms en cupones de corrosión.



Figura 7. Reporte análisis de velocidad de corrosión y morfología de ataque.

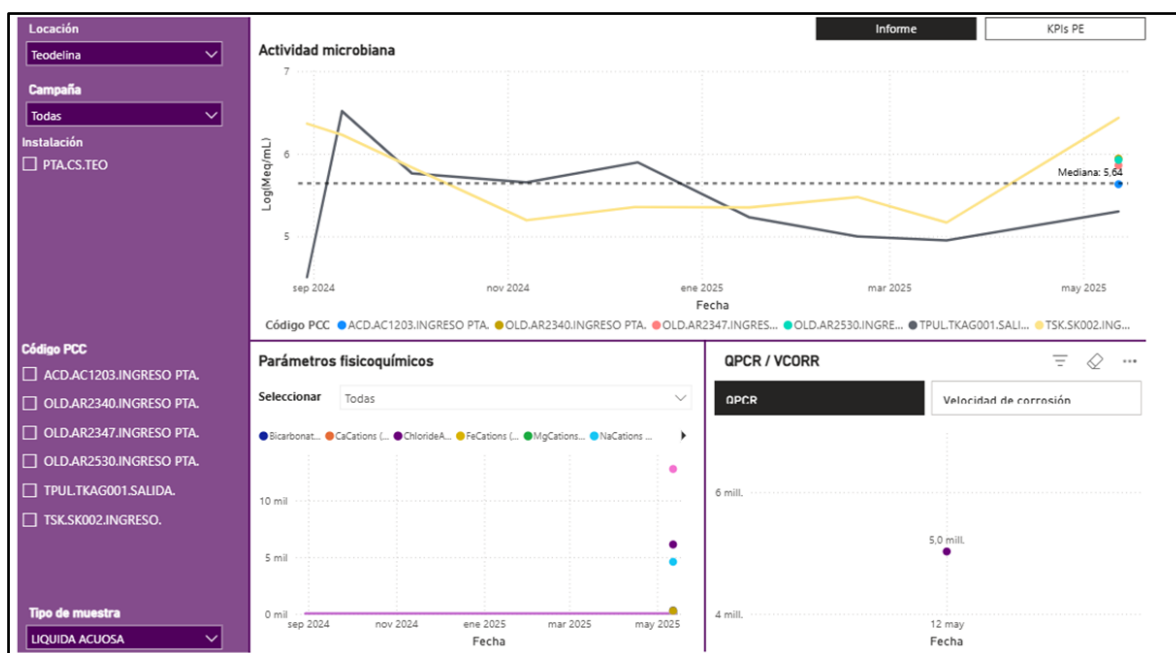


Figura 8. Tablero de control en PW BI. Evolución temporal de recuentos microbianos MTV en diferentes PCC, KPI de la relación de carga microbiana en la salida respecto a la entrada, datos fisicoquímicos, recuentos de microorganismos específicos y registros de velocidad de corrosión.

A partir de lo expuesto se pueden identificar los impactos logrados:

- Transformación de la gestión de datos en inteligencia operativa: centralización y estandarización de datos críticos, tableros de control dinámicos con reportes visuales avanzados, reducción de tiempos y aumento de la eficiencia operativa para la toma de

decisiones de acuerdo con el diagnóstico o monitoreo del potencial MIC integral identificado;

- Experiencia del usuario satisfactoria: interfaz intuitiva, visualización clara y gráficos optimizados para la toma de decisiones en menor tiempo;
- Desafíos: base de datos integrada para un diagnóstico y monitoreo de potencial MIC completo, despliegue en Tenant propio (servicio en la nube);
- Soluciones creativas: diseño responsivo y validación continua con expertos;
- Aprendizajes claves: validación temprana como factor crítico de éxito, diseño UX adaptado a perfiles no técnicos, integración estratégica con Power BI.

2. Biosensor *Y-AQUA*

El biosensor *Y-AQUA* tiene como objetivo ofrecer una solución eficiente y accesible para la detección de microorganismos totales viables (MTV) en muestras líquidas.

Este desarrollo se basó en utilizar metodologías electroquímicas de cuantificación de MTV evitando el uso de las técnicas tradicionales de cultivo (NMP) debido a las limitaciones ya mencionadas y el uso de métodos alternativos como la citometría de flujo o el ATP por bioluminiscencia según ASTM D7687 (2021) que son más avanzados, pero costosos y complejos de operar en campo.

El biosensor *Y-AQUA* es una invención protegida en EE.UU bajo la patente publicada US 2025/0135451 A1¹. Este desarrollo incorpora un cartucho de electrodos y un dispositivo capaz de determinar de manera semiautomática los MTV presentes en una muestra líquida desconocida, a partir del análisis del metabolismo redox de los microorganismos involucrados. Además, el dispositivo opera en un sistema de flujo a altas velocidades, lo que permite cuantificar los parámetros en cuestión en apenas unos minutos.

El método para determinar MTV presentes en la muestra líquida comprende las siguientes etapas:

- Obtener una muestra líquida que contiene microorganismos en suspensión.
- Filtrar los microorganismos presentes en la muestra de la etapa a.
- Cultivar los microorganismos obtenidos en la etapa b. en una solución que comprende mediadores redox.
- Llevar a cabo una reducción de los mediadores con los microorganismos obtenidos en la etapa b.
- Introducir el producto de la reacción de la etapa d. en un cartucho de electrodos.
- Oxidar el producto de la reacción de la etapa d. en el cartucho de electrodos.
- Producir una señal amperométrica mediante la reacción de oxidación de la etapa f.
- Calcular los MTV presentes en la muestra líquida de la etapa a. a partir de la señal amperométrica de la etapa g.

El mediador redox para la solución de la etapa c. es preferentemente ferricianuro a través de sales de ferricianuro como ferricianuro potásico.

En biosensor *Y-AQUA* en su primer prototipo se expone en la *Figura 9*.

¹ <https://patents.google.com/patent/US20250135451A1/en?q=US20250135451>

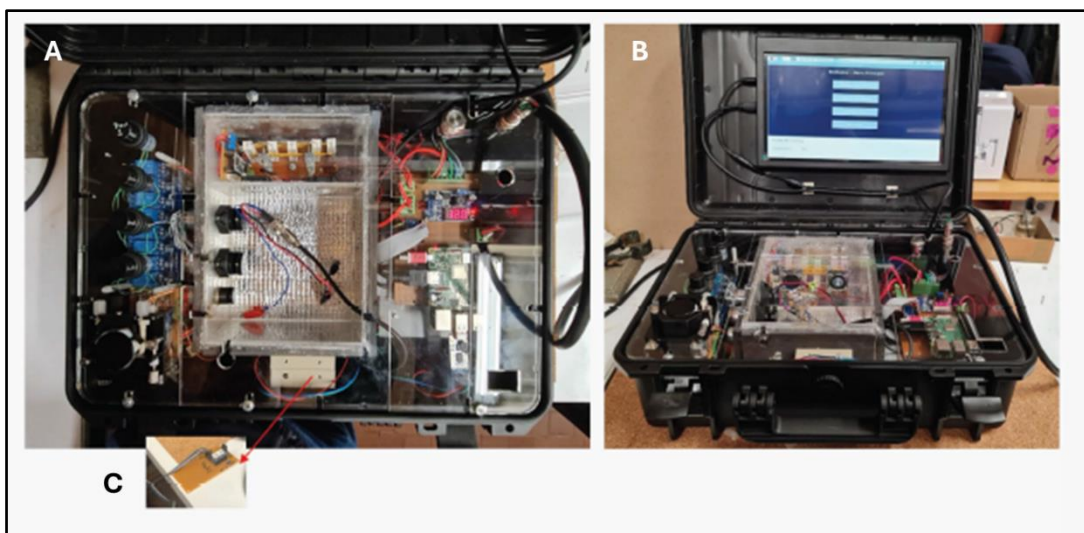


Figura 9. Biosensor *Y-AQUA*. A: Visualización de componentes, cartucho de electrodos y dispositivo de semiautomático; B: Prototipo completo con pantalla de interfaz con el usuario; C: Potenciostato.

Mientras que el análisis de ATP cuantifica una molécula energética común a toda biomasa celular (viva o residual, dado que es relativamente estable), el Biosensor *Y-AQUA* se fundamenta en la medición de la actividad metabólica microbiana donde el ferricianuro actúa como un aceptor de electrones que difunde en el interior celular y es reducido a ferrocianuro. Posteriormente, este último es cuantificado en la superficie de un electrodo de trabajo dentro de una celda de flujo electroquímica, diseñada específicamente para ofrecer robustez y alta sensibilidad.

Las ventajas comparativas de esta tecnología en comparación con otras para determinar MTV son las siguientes:

- Eficiencia operativa
 - Automatización total de cálculos y operaciones
 - Tiempo mínimo de capacitación (1-2 h) y de análisis (minutos)
- Reducción de costos
 - Costos de análisis 50% inferiores a la determinación de MTV vía ATP
 - Uso de insumos locales en un 95%
- Facilidad de uso
 - Operación sencilla, sin necesidad de personal especializado
 - Eliminación de errores por manejo manual
- Sostenibilidad ambiental
 - Menor uso de descartables
 - Diseño compacto y de bajo impacto ambiental

La validación del biosensor fue realizada en un piloto en las instalaciones de campo en la Cuenca del Golfo de San Jorge, Argentina comparando los resultados con la tecnología Luminultra® para determinación de MTV vía ATP según ASTM 7687 (2021).

A continuación, se exponen los resultados del piloto de campo. En la *Figura 10* se grafican los recuentos por quintuplicado de MTV obtenidos con el Biosensor *Y-AQUA* con cálculos por corriente y por carga y los recuentos de MTV a través de la determinación de ATP por bioluminiscencia en diferentes puntos de una planta de tratamiento de agua. Mientras que en la

Figura 11 se obtiene el coeficiente de correlación superior a 0,9 entre ambas tecnologías demostrando una correcta performance.

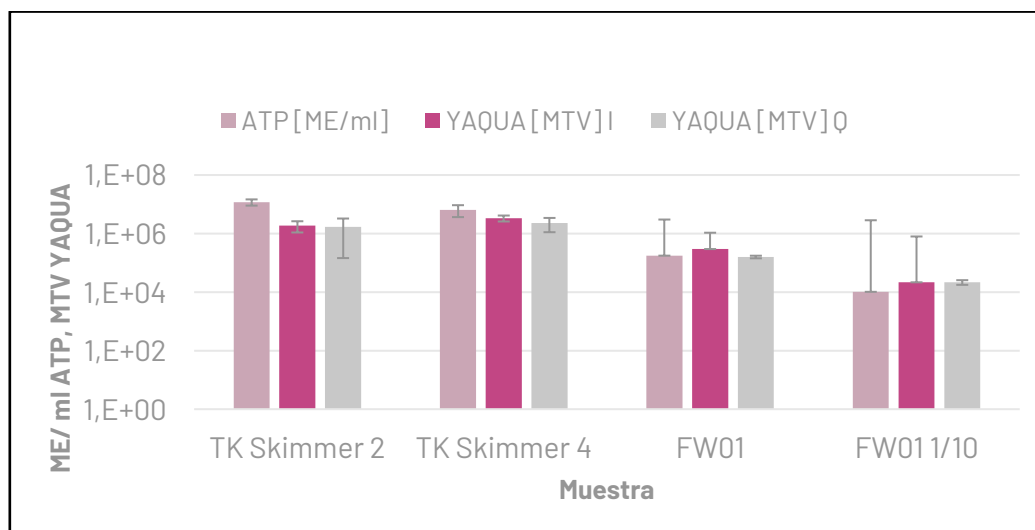


Figura 10. Recuentos de MTV con Biosensor *Y-AQUA*: MTV I (Corriente), MTV Q (Carga); y con determinación de ATP según ASTM 7687 (2021) en ME/mL, equivalentes microbianos por mL. TK Skimmer: tanque de desnatado de hidrocarburos; FW: Free Water: separador por calentamiento de hidrocarburo libre; 1/10: Dilución 1 en 10 veces.

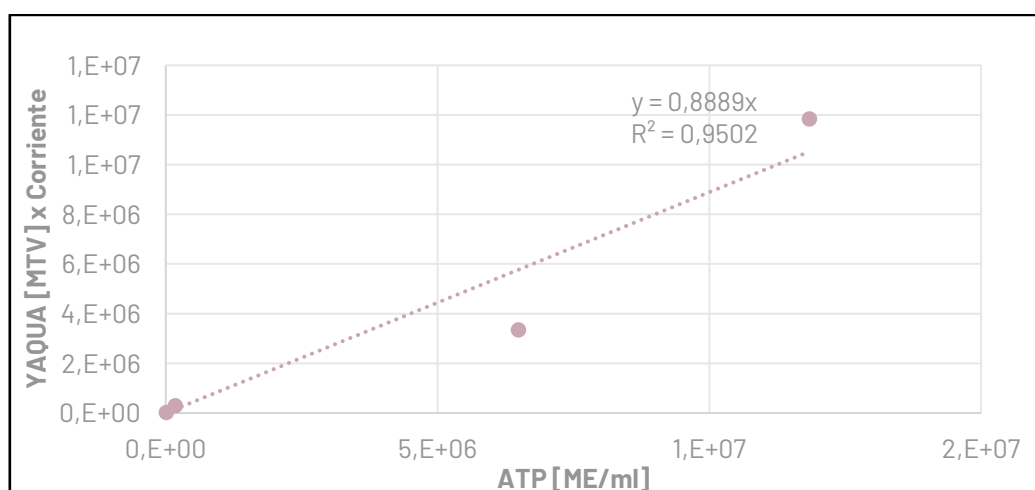


Figura 11. Correlación de recuentos de MTV con Biosensor *Y-AQUA* por corriente y con determinación de ATP según ASTM 7687 (2023) en ME/mL. R^2 : Coeficiente de correlación; Y: Ecuación de la recta lineal de ajuste.

3. Tecnología de secuenciación de tercera generación, Nanoporos

En los últimos años, el desarrollo de las tecnologías de secuenciación masiva ha permitido leer miles de millones de secuencias o fragmentos de ADN a una velocidad sin precedentes y a un costo cada vez más asequible. Lo que ha revolucionado la microbiología, permitiendo dar el paso del laboratorio a la bioinformática. La posibilidad de efectuar estudios de la microbiota, el microbioma y el metagenoma de una muestra de manera rápida y a bajo costo ha permitido avanzar más rápidamente en el diagnóstico y control de microorganismos en diferentes áreas.

La secuenciación dirigida del metagenoma, centrada en el análisis del gen 16S rARN, constituye una estrategia robusta para evaluar la diversidad microbiana —particularmente bacterias y

arqueas— en muestras ambientales. El rARN se emplea ampliamente en estudios de microbiota debido a su estructura compuesta por regiones altamente conservadas, intercaladas con regiones variables que permiten una clasificación taxonómica precisa.

Como gen de referencia ("housekeeping"), el 16S rARN puede amplificarse mediante PCR (reacción en cadena de la polimerasa), secuenciarse y luego compararse con bases de datos curadas de secuencias conocidas para su asignación taxonómica. Esta metodología es de tipo semicuantitativo, ya que permite estimar la abundancia relativa de los diferentes microorganismos presentes, alcanzando una resolución taxonómica generalmente a nivel de género.

Para el análisis, las secuencias obtenidas se alinean contra repositorios especializados como GreenGenes, RDP (Ribosomal Database Project), SILVA, o utilizando herramientas de búsqueda como BLAST del NCBI. En las *Figuras 12 y 13* se esquematizan los pasos de la secuenciación dirigida del gen 16S rARN (UNLP, 2024).

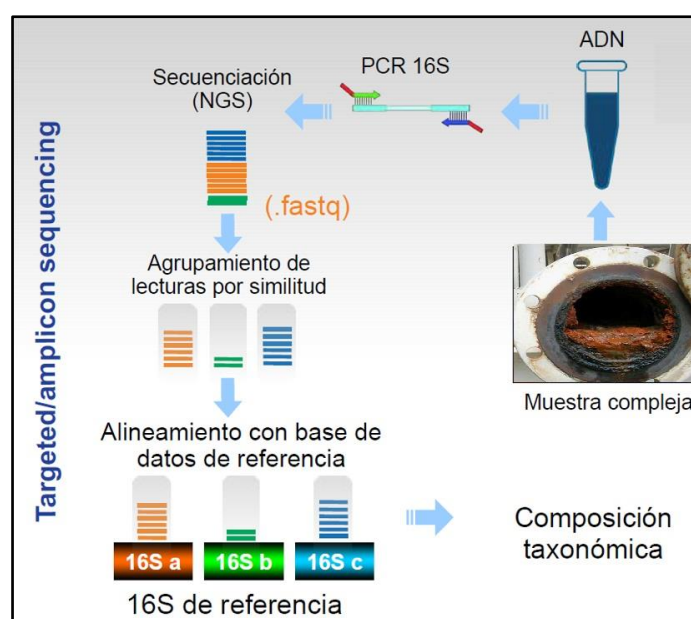


Figura 12. Esquema de pasos de la secuenciación metagenómica dirigida. Adaptación: “Introducción a la Metagenómica y Bioinformática del Microbioma Humano”, UNLP, 3° Escuela de invierno (2024).

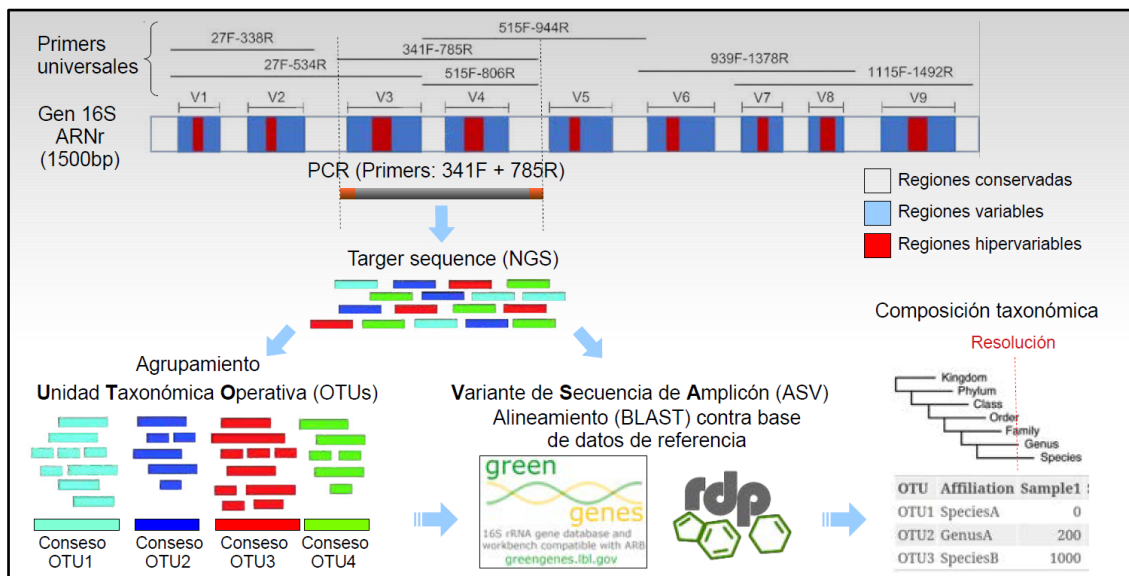


Figura 13. Secuenciación dirigida, Metagenómica del gen 16S rARN. Fuente: “Introducción a la Metagenómica y Bioinformática del Microbioma Humano”, UNLP, 3° Escuela de invierno (2024).

Dentro de las tecnologías de secuenciación masiva, se encuentran los llamados secuenciadores de segunda generación o de alto rendimiento, también denominadas plataformas “Next Generation Sequencing (sigla en inglés, NGS)”. La secuenciación de segunda generación se inició basándose en la pirosecuenciación del ADN. Una de las plataformas disponibles es Illumina, (*Figura 14*).

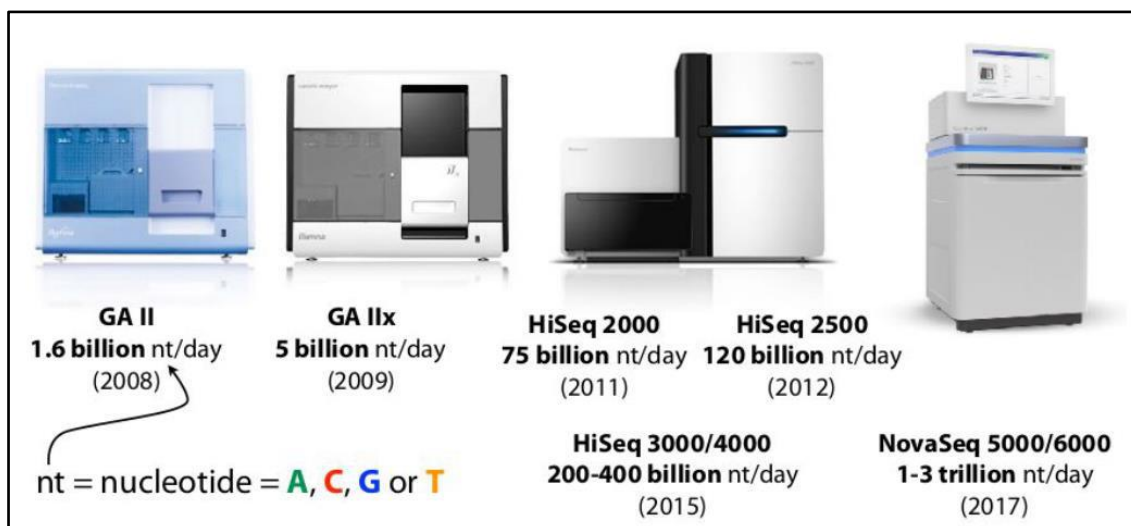


Figura 14. Equipos de secuenciación Illumina.

La tecnología Illumina se basa en el método de secuenciación por síntesis (SBS) que implica una amplificación y secuenciación masiva de millones de fragmentos de ADN de manera simultánea en *flowcells*.

A continuación, se describen los pasos principales involucrados en este método (*Figura 15*):

- Preparación de la muestra: En primer lugar, se extrae el ADN de interés y se fragmenta. Luego, se agregan adaptadores a los extremos de estos fragmentos, que contienen secuencias reconocibles en la *flowcell*.
- Amplificación clonal: Los fragmentos de ADN se unen a una superficie sólida por complementariedad de bases de los adaptadores con un oligonucleótido en dicha superficie de la *flowcell*. Luego, se lleva a cabo una amplificación mediante PCR para generar múltiples copias de cada fragmento, formando agrupaciones de fragmentos idénticos llamados "clústers".
- Secuenciación por síntesis: Los clústeres amplificados se someten a una secuenciación por síntesis en la que se incorporan bases de nucleótidos fluorescentes de forma secuencial. En cada ciclo de secuenciación, se agrega un único nucleótido marcado con un fluoróforo específico y una protección química. Luego, se detecta la incorporación del nucleótido y se registra la identidad de la base.
- Lectura de imágenes: Después de cada ciclo de secuenciación, se toma una imagen del *flowcell* para detectar la fluorescencia de los fluoróforos incorporados y determinar la secuencia de los nucleótidos en cada uno de los clústeres.
- Procesamiento de imágenes y análisis de datos: Una vez completada la secuenciación, se generan grandes cantidades de datos crudos (imágenes y señales de fluorescencia). Estos datos se procesan mediante software especializado para convertirlos en secuencias de ADN legibles en formato FASTQ (FASTA + QC).

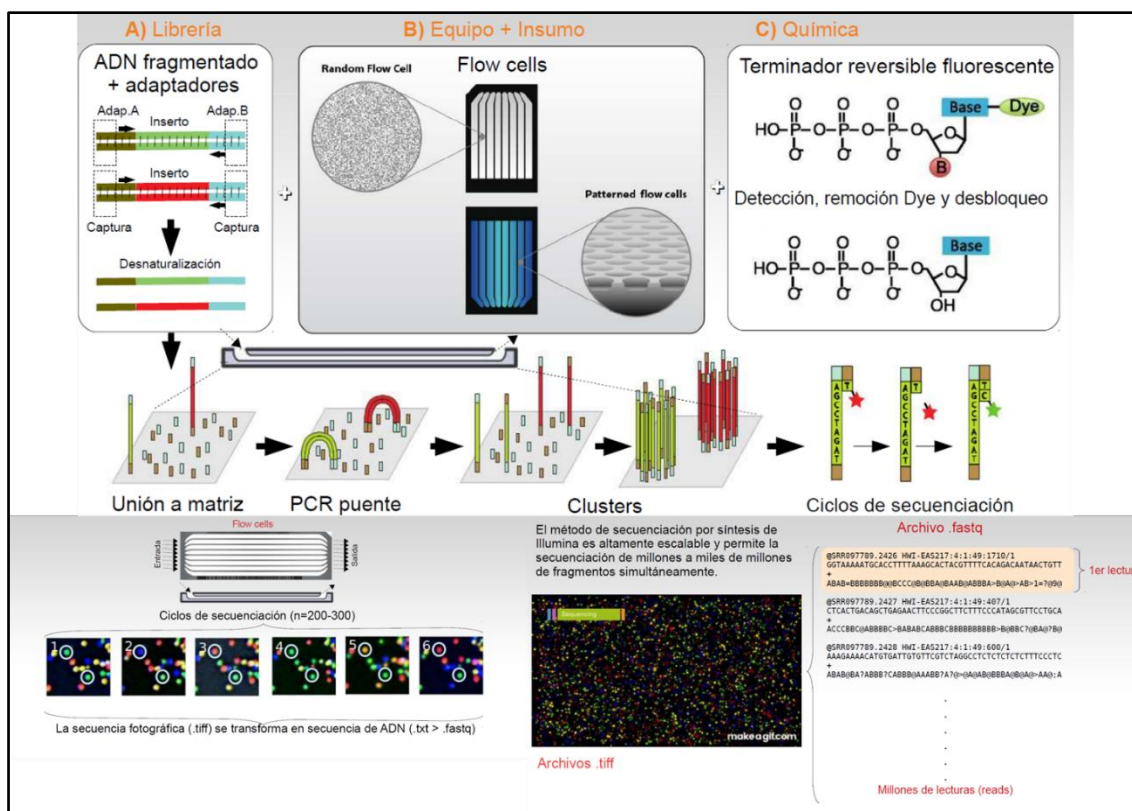


Figura 15. Método de secuenciación por síntesis (SBS) de Illumina. Fuente: “Introducción a la Metagenómica y Bioinformática del Microbioma Humano”, UNLP, 3º Escuela de invierno (2024).

Debido a la mejora continua en el desarrollo de NGS, entre 2005 y 2010 el costo de la secuenciación (costo por base) se ha ido reduciendo a la mitad cada 5 meses como se observa en la *Figura 16*, lo que favoreció el acceso a este tipo de tecnologías alrededor del mundo.

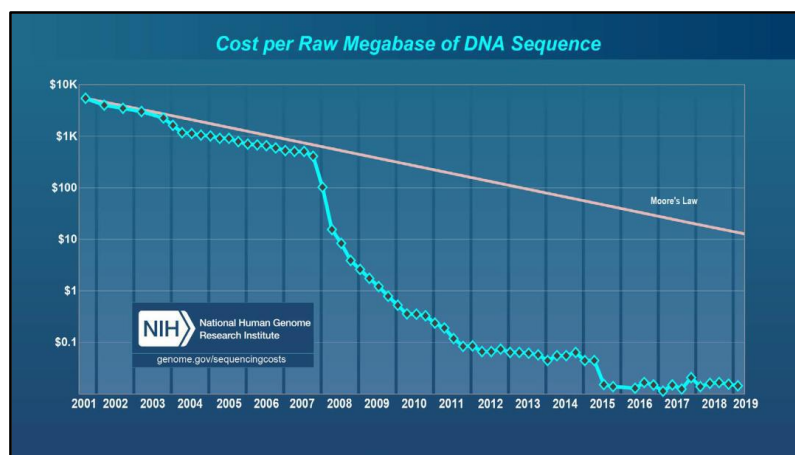


Figura 16. Costo de secuenciación por base. Fuente: National Human Genome Research Institute (NHGRI).

La secuenciación masiva de tercera generación aplica a la Tecnología SMRT (sigla en inglés, “single molecule real time sequencing”) basada en la lectura de la hebra molde del ADN que conlleva ventajas relacionadas con el costo y la velocidad de secuenciación. Dentro de las plataformas disponibles se encuentra la tecnología MinION de Oxford Nanopore®, ONT. Esta tecnología es una de las más recientes que permite secuenciar ADN y proteínas específicas

midiendo los cambios en la corriente eléctrica resultante de la interacción del ADN con un nanoporo de proteína que posee una membrana con una corriente eléctrica aplicada, de modo tal que a medida que los ácidos nucleicos individuales pasan a través de los nanoporos, interrumpen la corriente eléctrica de manera específica. La identificación de cada nucleótido se produce detectando la modulación característica de la corriente eléctrica como se observa en la *Figura 17*.

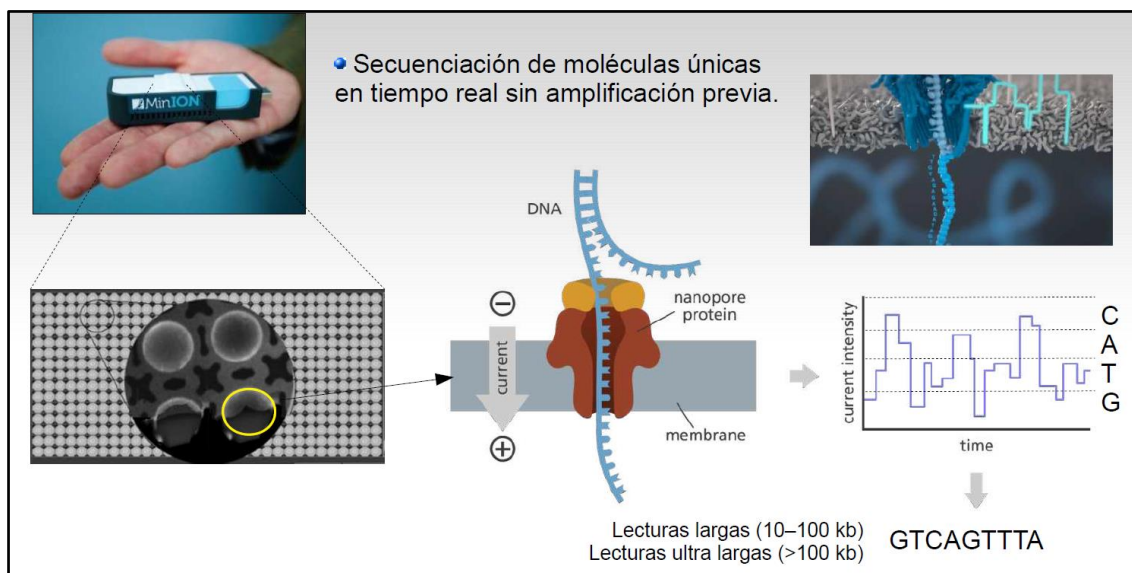


Figura 17. Principio de funcionamiento Tecnología de Nanoporos. Fuente: Fuente: “Introducción a la Metagenómica y Bioinformática del Microbioma Humano”, UNLP, 3° Escuela de invierno (2024).

En la *Figura 18*, se resume la comparación entre las secuenciaciones de segunda y tercera generación.

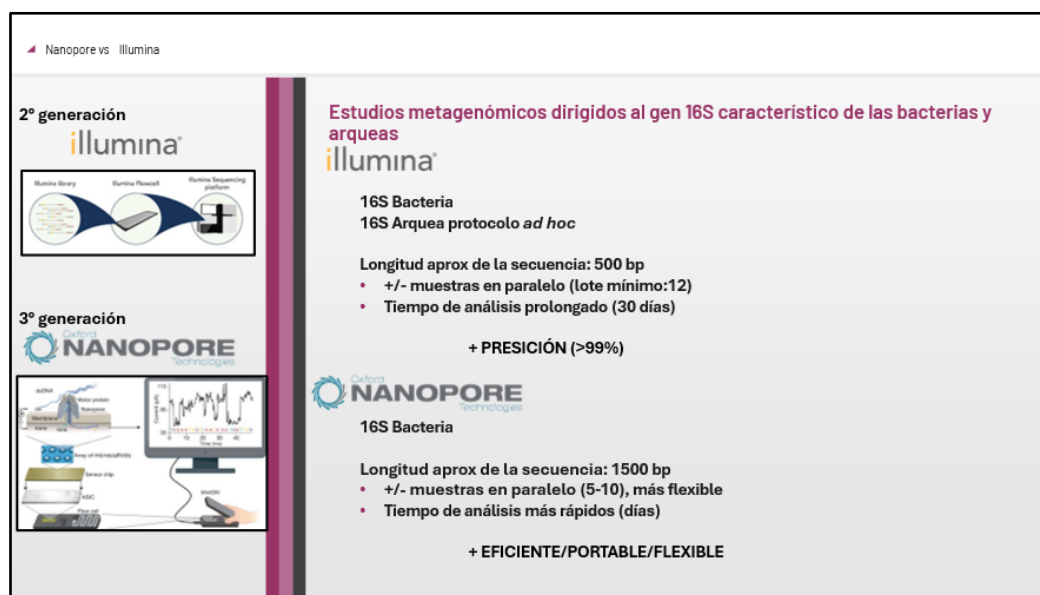


Figura 18. Comparación Illumina vs. ONT

Para efectuar una comparación experimental de las dos tecnologías y validar la aplicación de ONT en muestras ambientales de O&G se realizaron estudios metagenómicos en ambas plataformas Illumina y ONT.

Como controles, se emplearon estándares comerciales de comunidades microbianas (ZymoBIOMICS® Microbial Community DNA Standard 6305 y ZymoBIOMICS® Microbial Community DNA Standard II Log Distribution 6311), que difieren en la composición cuantitativa de los microorganismos, permitiendo evaluar la fidelidad de cada tecnología respecto a los valores teóricos informados por el fabricante. Adicionalmente, se analizaron estándares preparados a partir de ADN genómico puro de *Halanaerobium sp.* y *Desulfovibrio sp.* en distintas proporciones, así como muestras reales de O&G previamente caracterizadas.

Para ONT, las bibliotecas se prepararon mediante amplificación del gen 16S rRNA de longitud completa (~1.500 pb), utilizando el kit Rapid Sequencing Amplicons – 16S Barcoding (SQK-RAB204). Los amplicones se purificaron con AMPure XP beads, se cuantificaron por fluorescencia (Qubit) y se secuenciaron en dispositivos MinION Mk1C empleando celdas Flongle, realizando corridas multiplexadas de hasta 24 h con basecalling en alta calidad (Q-score ≥ 9). En algunos ensayos se evaluaron modificaciones del protocolo de PCR, incluyendo variaciones en el número de ciclos y ajustes en la temperatura de hibridación, con el fin de analizar posibles sesgos de amplificación asociados a afinidad de cebadores.

Las muestras destinadas a Illumina se procesaron en paralelo, amplificando regiones parciales del gen 16S rRNA (~400 pb) con primers de la region V3 y V4 (Klindworth et al., 2013). Los amplicones se procesaron posteriormente para la preparación de bibliotecas utilizando el kit de preparación de bibliotecas Nextera XT† (Illumina, EE. UU.).

El recorte de secuencias adaptadoras y el análisis de secuencias se realizaron siguiendo el siguiente protocolo bioinformático para la plataforma Illumina:

- Control de calidad con FastQC v0.11.5 y MultiQC.
- Ensamblado de lecturas paired-end con el software PEAR.
- Filtrado de lecturas ensambladas por puntuación utilizando los programas FASTQX-Toolkit y BBDMap.
- Filtrado de quimeras con el software VSEARCH, usando como referencia la Ribosome Database Project.
- Identificación de OTUs (Unidades Taxonómicas Operacionales) con QIIME2.
- Eliminación de OTUs de baja confianza, es decir, aquellas con un número de lecturas inferior al 0,1%.
- Comparación con base de datos interna construida a partir de más de 1200 microorganismos, provenientes de más de veinte instalaciones en Argentina, para optimizar la asignación taxonómica.

Mientras que, el análisis bioinformático de los datos de ONT se realizó inicialmente con el pipeline FASTQ 16S de EPI2ME, y posteriormente se evaluaron pipelines alternativos (Kraken2 y Minimap2 con bases de datos 16S de NCBI) como así también con la base de dato interna, para optimizar la asignación taxonómica.

Los resultados obtenidos por ambas tecnologías se compararon en términos de composición microbiana, abundancia relativa de géneros clave asociados a MIC y concordancia con los valores teóricos de los estándares, considerando el error inherente a cada técnica.

En lo que sigue, se exponen los resultados de la comparación entre ambas plataformas de secuenciación.

En primer lugar, en la *Tabla 1* se expone el análisis metagenómico del estándar de ADN de comunidad microbiana ZymoBIOMICS D6311, los resultados fueron similares entre ambas plataformas y diferentes protocolos en ONT.

Tabla 1. Análisis metagenómico del estándar de ADN de comunidad microbiana ZymoBIOMICS D6311 en las plataformas Illumina y ONT con diferentes protocolos.

Género	Teórico %	Illumina %	ONT protocolo std %	ONT protocolo ad hoc Replica 1 %	ONT protocolo ad hoc Replica 2 %	ONT protocolo ad hoc Replica 3 %
<i>Listeria</i>	95.9%	94.72	98.40	99.21	98.66	98.92
<i>Pseudomonas</i>	2.8%	4.99	0.89	0.46	1.34	0.81
<i>Bacillus</i>	1.2%	0.24	0.53	0.26	ND	0.27
<i>Escherichia</i>	0.069%	0.06	0.046	0.07	ND	ND
<i>Salmonella</i>	0.07%	ND	0.039	ND	ND	ND
<i>Lactobacillus</i>	0.012%	ND	ND	ND	ND	ND
<i>Enterococcus</i>	0.00067%	ND	ND	ND	ND	ND
<i>Staphylococcus</i>	0.0001%	ND	ND	ND	ND	ND

Nota: ND, no detectable

En segundo lugar, en las *Tablas 2 y 3* se exponen las comparaciones de estándares preparados a partir de ADN genómico puro de *Halanaerobium sp.* y *Desulfovibrio sp.* en distintas proporciones, Mix D y E, respectivamente en la plataforma ONT respecto al valor teórico. Mientras que en la *Tabla 4* se compara el valor teórico del Mix F del estándar de ADN de diferentes microorganismos en ambas plataformas con respecto al teórico.

Tabla 2. Análisis metagenómico del estándar de ADN genómico de *Halanaerobium sp.* y *Desulfovibrio sp.*, Mix D en ONT respecto al valor teórico.

Mix D	Especies	Teórico %	Replica 1 %	Replica 2 %	Replica 3 %
1	<i>Halanaerobium lacusrosei</i> ATCC	89	92	95	99
2	<i>Desulfovibrio vulgaris</i> oxamicus ATCC	11	8	5	2

Tabla 3. Análisis metagenómico del estándar de ADN genómico de *Halanaerobium sp.* y *Desulfovibrio sp.*, Mix E en ONT respecto al valor teórico.

Mix E	Especies	Teórico %	Replica 1 %	Replica 2 %	Replica 3 %
1	<i>Halanaerobium lacusrosei</i> ATCC	15	31	27	24
2	<i>Desulfovibrio vulgaris</i> oxamicus ATCC	84	68	73	76

Tabla 4. Análisis metagenómico del estándar de ADN genómico Mix F en Illumina y ONT respecto al valor teórico.

Mix F	Téorico%	ONT %	Illumina %
<i>Acinetobacter</i>	38,21	55	6,41
<i>Escherichia-Shigella</i>	8,66	5	21,84
<i>Halanaerobium</i>	53,13	40	71,74

En base a lo expuesto, existe buena correlación entre los protocolos *ad hoc* de ONT en los mix D y E determinados por ONT. Mientras que el mix F muestra una mala correlación en la plataforma Illumina y una buena correlación con ONT.

Los protocolos estándar de ONT performan adecuadamente en el análisis de MOC (Comunidad Microbiana Artificial), pero en comunidades que contienen microorganismos de la industria de petróleo y gas es necesario adaptar los parámetros y utilizar protocolos *ad hoc* para obtener mediciones más precisas.

En tercer lugar, se comparan los análisis metagenómicos de ambas plataformas en muestras de instalaciones de O&G, *Tablas 5 a 8*.

Tabla 5. Análisis metagenómico de muestra de tanque de agua de producción en explotación No Convencional mediante plataforma ONT e Illumina.

Género	Illumina	ONT protocolo Std	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #1	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #2
<i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i>	22	25	34	29
<i>Arcobacter</i>	17	12	7	10
<i>Bacillus</i>	6			
<i>Marispirillum</i>		5	5	4
<i>Other (<3%)</i>	4	8	7	5
<i>Proteiniphilum</i>	4			
<i>Pseudomonas</i>	13	23	31	26
<i>Sulfurospirillum</i>	33	25	17	26

Tabla 6. Análisis metagenómico de muestra de tanque de agua de producción en explotación Convencional mediante plataforma ONT e Illumina.

Género	Illumina	ONT protocolo Std	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #1	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #2
<i>Anaerophaga</i>	 12	 9	 7	 4
<i>Arcobacter</i>	 7	 6		
<i>BRH-c57</i>		 4	 3	 4
<i>Halanaerobium</i>	 10			
<i>Marinobacterium</i>	 6			 4
<i>Modicisalibacter</i>	 7	 11	 15	 9
<i>Other (<3%)</i>	 8	 12	 13	 10
<i>Roseovarius</i>	 38	 40	 43	 49
<i>UnknownOTU_00589</i>	 12	 18	 18	 19

Tabla 7. Análisis metagenómico de muestra de agua de producción en planta de crudo intermedia (A) en explotación Convencional mediante plataforma ONT e Illumina.

Género	Illumina	ONT protocolo Std	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #1	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #2
<i>Arhodomonas</i>		 7	 6	 4
<i>Flexistipes</i>		 8	 5	
<i>Halanaerobium</i>	 60	 5	 9	 7
<i>Marinobacter</i>	 22	 49	 50	 55
<i>Methanohalophilus</i>	 4			
<i>Modicisalibacter</i>	 11	 29	 30	 31
<i>Other (<3%)</i>	 3	 1	 1	 3

Tabla 8. Análisis metagenómico de muestra de agua de producción en planta de crudo intermedia (B) en explotación Convencional mediante plataforma ONT e Illumina.

Género	Illumina	ONT protocolo Std	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #1	ONT protocolo <i>ad hoc</i> #2
<i>Flexistipes</i>		 17	 11	 14
<i>Halanaerobium</i>	 83	 13	 21	 10
<i>Marinobacter</i>	 15	 67	 67	 74
<i>Other (<3%)</i>	 2	 3	 1	 1

En el caso de las muestras reales, se deberá continuar trabajando en los protocolos para lograr mejor correlación entre ambas plataformas para los géneros dominantes. Por ejemplo, hay una sobreestimación del género *Halalanerobium* y una subestimación de *Marinobacter* por Illumina

No obstante, el trabajo valida la aplicación de la plataforma ONT en muestras de O&G con las ventajas que ofrece esta tecnología: rapidez, flexibilidad, accesibilidad y costo de análisis competitivo.

Conclusiones

Finalmente, lo detallado permite realizar las siguientes conclusiones:

- *MicrobioMICs* es una plataforma que permite una adecuada gestión del riesgo de MIC basada en el enfoque MLOE. En el futuro, se desarrollarán distintas herramientas de visualización de datos, como mapas de calor y análisis PCA, con potencial estadístico.
- Los estudios de validación confirmaron que los protocolos de secuenciación de tercera generación (ONT) del gen 16S rARN ofrecen resultados coherentes con los métodos de segunda generación, utilizando estándares como ZymoBIOMICS® D6311, ADN genómico representativo y muestras de agua de producción de petróleo y gas. El flujo de trabajo basado en ONT reduce el tiempo de respuesta hasta en un 50 %.
- El biosensor *Y-AQUA* mostró una fuerte concordancia con las mediciones de MTV basadas en ATP, con un coeficiente de correlación superior a 0,9. El prototipo presenta las siguientes ventajas: eficiencia operativa, reducción de costos, facilidad de uso y sostenibilidad ambiental.

De esta manera, las herramientas desarrolladas permiten un marco de aplicación basado en evidencia y eficiencia en tiempo, que mejora la precisión y capacidad de respuesta en el diagnóstico y monitoreo de MIC, contribuyendo a una mayor integridad de los activos, menores costos operativos y prácticas de gestión de la corrosión más sostenibles en la industria del petróleo y gas.

Referencias

- Ali, S. I., & Ahmad, S. N. (2025). Microbiologically influenced corrosion in uncoated and coated Mild Steel. *Scientific Reports*, 15(1), 12629. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-90003-5>
- Amann, R. I., Ludwig, W., & Schleifer, K. H. (1995). Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological Reviews*, 59(1), 143-169. <https://doi.org/10.1128/mr.59.1.143-169.1995>
- ASTM D7687. (2021). *Standard Test Method for Measurement of Cellular Adenosine Triphosphate in Fuel and Fuel-associated Water With Sample Concentration by Filtration*. <https://doi.org/10.1520/D7687-21>
- Gu, T., Xu, D., Zhang, P., & Lindenberger, A. L. (2015). Microbiologically influenced corrosion and its impact on metals and other materials. *Microbiology for minerals, metals, materials and the environment*, 25, 383-408.
- Hays, G. F., & General, P. D. (2010). *Now is the time*. NACE International. <https://corrosion.org/Corrosion+Resources/Publications.html>
- Javaherdashti, R. (2017). *Microbiologically Influenced Corrosion: An Engineering Insight*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-44306-5>
- Jensen, M. L., Jensen, J., Lundgaard, T., & Skovhus, T. L. (2013). *Improving Risk Based Inspection with Molecular Microbiological Methods*. NACE-2013-2247.
- Kell, D. B., & Young, M. (2000). Bacterial dormancy and culturability: The role of autocrine growth factors: Commentary. *Current Opinion in Microbiology*, 3(3), 238-243. [https://doi.org/10.1016/S1369-5274\(00\)00082-5](https://doi.org/10.1016/S1369-5274(00)00082-5)
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic acids research*, 41(1), e1-e1.
- Knisz, J., Eckert, R., Gieg, L. M., Koerdts, A., Lee, J. S., Silva, E. R., Skovhus, T. L., An Stepec, B. A., & Wade, S. A. (2023). Microbiologically influenced corrosion—More than just microorganisms. *FEMS Microbiology Reviews*, 47(5), fuad041. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuad041>
- Larsen, J., Rasmussen, K., Pedersen, H., Sørensen, K., Lundgaard, T., & Skovhus, T. L. (2010). *Consortia Of Mic Bacteria And Archaea Causing Pitting Corrosion In Top Side Oil Production Facilities*. NACE-10252.
- Lavanya, M. (2021). A Brief Insight into Microbial Corrosion and its Mitigation with Eco-friendly Inhibitors. *Journal of Bio- and Tribo-Corrosion*, 7(3), 125. <https://doi.org/10.1007/s40735-021-00563-y>
- Lee, J. S., & Little, B. J. (2017). Diagnosing Microbiologically Influenced Corrosion. En *Microbiologically Influenced Corrosion in the Upstream Oil and Gas Industry*. CRC Press.
- Little, B., & Lee, J. (2009). Microbiologically Influenced Corrosion. En *International Materials Reviews* (Vol. 59). 10.1002/0471238961.micrlitt.a01
- Mitchell, A. F., Liengen, T., Anfindsen, H., & Molid, S. (2012). *Experience of Molecular Monitoring Techniques In Upstream Oil And Gas Operations*. CORROSION 2012, Salt Lake City, Utah.
- NACE TM0212. (2018). *NACE TM0212-2018 Detection, Testing, and Evaluation of Microbiologically Influenced Corrosion on Internal Surfaces of Pipelines* (Test Method No. 21260; Versión 2018). NACE International. https://doi.org/10.5006/NACE_TM0212-2018
- NACE TM194. (2014). *TM0194-2014-SG (Spanish), "Monitoreo en Campo del Crecimiento Bacteriano en los Sistemas de Gas y Petróleo"*. <https://store.ampp.org/nace-tm0194-2014>

Petit, S. (2024). *Financial Impact of Corrosion in the Energy Sector*.

<https://inspenet.com/en/articulo/the-financial-impact-of-corrosion/>

Puentes-Cala, E., Tapia-Perdomo, V., Espinosa-Valbuena, D., Reyes-Reyes, M., Quintero-Santander, D., Vasquez-Dallos, S., Salazar, H., Santamaría-Galvis, P., Silva-Rodríguez, R., & Castillo-Villamizar, G. (2022). Microbiologically influenced corrosion: The gap in the field. *Frontiers in Environmental Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2022.924842>

Rodrigues, E., & Akid, R. (2014). *Internal Corrosion Assessment of the Otter Oil Production Spool*. SPE International Oilfield Corrosion Conference and Exhibition, Aberdeen, Scotland. <https://doi.org/10.2118/169603-MS>

Schaal, B., & Martus, P. (2022). Understanding Microbial Corrosion—Part 1: Microbial Corrosion Damage. *Inspectioning Journal*.

Skovhus, T. L., Eckert, R. B., & Rodrigues, E. (2017). Management and control of microbiologically influenced corrosion (MIC) in the oil and gas industry—Overview and a North Sea case study. *Journal of Biotechnology*, 256, 31-45. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2017.07.003>

UNLP, 3ºEscuela de Invierno. (2024). Introducción a la metagenómica y bioinformática del microbioma humano.

Vargas, W. A., Pagliaricci, M. C., Arango, J. S., Saavedra, A., & Morris, W. (2021, April). The 1000's of Microbial Genera Found in Argentina's O&G Fields: Their Impact on Microbially Induced Corrosion and Integrity of Facilities. In *CORROSION 2021* (pp. 1-13). Association for Materials Protection and Performance.

Videla, H. A., & Herrera, L. K. (2005). Microbiologically influenced corrosion: Looking to the future. *International Microbiology: The Official Journal of the Spanish Society for Microbiology*, 8(3), 169-180.

Wade, S. A., Skovhus, T. L., & Lee, J. S. (2025). To What End? A Review of Recent Trends in Microbiologically Influenced Corrosion Research 1990 to 2023. *Corrosion*, 81(7), 637-645. <https://doi.org/10.5006/4710>

Webster, D. (2010). *Pipeline Construction Drivers, Corrosion Costs and Engineering Issues*. WorleyParsons.

Zhu, X., Kilbane, J., Ayala, A., & Modi, H. (2005). *Application of Quantitative, Real-Time PCR in Monitoring Microbiologically Influenced Corrosion (MIC) in Gas Pipelines*. CORROSION 2005.

Zintel, T., Kostuck DA, & Cookingham BA. (2003). *Evaluation of Chemical Treatments in Natural Gas Systems vs. MIC and Other Forms of Internal Corrosion Using Carbon Steel Coupons*. NACE-03574. <https://onepetro.org/NACECORR/proceedings/CORR03/All-CORR03/NACE-03574/114507?searchresult=1>

Breve CV

María Clara Pagliaricci:

Ingeniera Química, UNRC. Especialización en Siderurgia FIUBA. MBA y PMP. Doctorado en Ciencia y Tecnología, mención Materiales, tesis en Corrosión Inducida por Microorganismos (MIC) en corrección, Instituto Sabato, CNEA-UNSAM. Ingeniera de Procesos en plantas de revestidos en Ternium (2006-2011). Jefe de Calidad en Bioteanol Río Cuarto (2012-2014). Actualmente, Coordinadora del área de Biocidas en la Gerencia de Químicos, Biológicos y Combustibles y Líder Técnico del Consorcio MIC 2 en YPF TECNOLOGIA, YTEC.

Eliana Evelina Ocolotobiche:

Licenciada en Biotecnología y Biología Molecular, Doctora en Ciencias Biológicas de la UNLP, con más de 14 años de experiencia en investigación, abarcando temáticas desde la biotecnología vegetal y virología, pasando por la investigación en radioterapia oncológica hasta la actualidad donde se desempeña como miembro de la coordinación Biocidas en Y-TEC.

Es CPA de CONICET y Tecnóloga de Y-TEC. Posee 2 años de antigüedad en su cargo actual, asociado al estudio de la Corrosión Inducida por Microorganismos y la evaluación de Biocidas Tailor Made.

Albert Saavedra:

Doctor en Química Biológica de la UBA y Magíster en Ingeniería Bioquímica de la PUCV, Chile, con más de 10 años de experiencia en investigación, desarrollo e implementación de soluciones químicas aplicadas a la industria petrolera y minera. Ha publicado más de 15 artículos científicos, 4 patentes tecnológicas y 3 capítulos de libro. Actualmente Coordinador del área de Surfactantes en YPF Tecnología S.A., liderando proyectos de innovación en desarrollo y estrategias de tratamiento químicos para el O&G, nanomateriales y sensores.

Gabriela Muller:

Dra Ciencias Biológicas. CEFBI-CONICET-FBioyF-UNR

Trayectoria: El trabajo se centra en procesos microbianos, bioquímicos y moleculares aplicados a problemáticas industriales. Participación activa en proyectos de investigación, desarrollo y transferencia tecnológica, con foco en el desarrollo de nuevas tecnologías para la industria del petróleo, la agroindustria y la industria de los alimentos. Las publicaciones científicas (<https://orcid.org/0000-0002-9163-7159>) y experiencia en vinculación con el sector productivo (patentes, proyectos de I+D y transferencia al sector productivo).

Cargo actual en la empresa: Investigador Adjunto

Marcos Fabián Bilen:

Investigador adjunto de la Carrera de Investigador Científico y Tecnológico (CONICET). Doctor de la Universidad Nacional de Quilmes, mención Ciencias Básicas y Aplicadas. Licenciado en Biotecnología orientación Genética Molecular. Expedido por la Universidad Nacional de Quilmes. Profesor Asociado, de la asignatura Ingeniería Genética de la Carrera: Biotecnología de la Universidad Nacional de Quilmes.

Trayectoria: Actualmente me desempeño como director científico del laboratorio de Ingeniería Genética y Biología Celular y Molecular (LIGBCM) de la Universidad Nacional de Quilmes y responsable del Centro de Tecnologías Genómicas Aplicadas (CTGA) de la misma institución. Dirijo un grupo de investigación dedicado al desarrollo de Biosensores para la detección de patógenos de importancia sanitaria e industrial y otra línea dedicada a la aplicación de metodologías genómicas en la industria.

En esta área hemos realizado diversos servicios, desarrollos y transferencias tecnológicas al sector privado, asociados a la temática de diagnóstico molecular y vacunas, que dieron lugar a 2 solicitudes de patentes, 16 artículos científicos en revistas internacionales, y 60 presentaciones en congresos nacionales e internacionales.

Eduardo Corton:

Doctor en Ciencias por la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad de Buenos Aires, Argentina. Ha publicado más de 80 artículos de investigación científica y tecnológica en revistas internacionales de alto impacto, además de libros de texto y patentes. Ha liderado el desarrollo de productos y tecnologías (calidad del agua, ambiente y O&G). Actualmente, se desempeña como Profesor y Director del Laboratorio de Bioanálisis y Biosensores (LABB) en el IQUIBICEN (FCEN-UBA) y es Investigador Principal del CONICET.

Martín Rendichi:

Ingeniero Electrónico (UNLP), especializado en IoT, IA, procesos industriales y tecnologías emergentes. Cuenta con más de 15 años de experiencia en la industria energética, desarrollando e implementando soluciones de automatización, telemedición, comunicaciones industriales y digitalización de procesos. En YPF lideró equipos técnicos y proyectos de innovación vinculados a instrumentación, calibración y productividad operativa. Actualmente se desempeña como Jefe de Tecnologías Digitales en Y-TEC, liderando desarrollo de software, arquitecturas cloud, IoT e IA aplicada.

Isabel Natalia Vega:

Especialización en Producción de Petróleo y Gas- Reservorios. (ITBA, 2020). PhD Química Orgánica-Polímeros, calif. sobresaliente (FCEN-UBA, 2007. Beca otorgada en 2003 por el CONICET y Empresa de Servicios San Antonio SA). Licenciatura en Cs Químicas (FCEN-UBA, 2003).

Trayectoria:

Analista en el área de R&D analítico de nuevos fármacos desarrollados por la compañía Boeringer Ingelheim (2000-2003).

Jefe de desarrollo del área Ingeniería & Tecnología para LATAM en Empresa de Servicio San Antonio S.A. (2006-2014).

Especialista en Campos Maduros, Líder de programa de EOR y actualmente, Gerente de Productos Químicos, Biológicos y Combustibles en YPF Tecnología SA

Otras actividades:

-Mentora de estudiantes avanzados Programa Fundación YPF (desde 2019 y continuo)

-Miembro comité organizador eventos nacionales e internacionales de la SPE (IOR) (2018 al 2022)

-Miembro de la subcomisión de EOR en IAPG (2016-2023)