

DESAFÍOS EN TÉCNICAS INNOVADORAS PARA LA EVALUACIÓN MICROBIOLÓGICA DE RESERVORIOS CONVENCIONALES Y NO CONVENCIONALES. UN CAMBIO DE PARADIGMA EN LA INDUSTRIA PETROLERA

Fernando Galarra¹, Marcela Morales¹, Verónica Silva², Matheus Paschoalino²,

Walter Pérez³, Dario Suárez⁴

1: Pluspetrol S.A., fgalarra@pluspetrol.net, mmorales@pluspetrol.net

2: Dow Química Argentina SRL, vdsilva1@dow.com, mppaschoalino@dow.com

3: Suez, walter.perez@suez.com

4: Suez, dario.suarez@suez.com

Palabras clave: MIC, ATP, qPCR, metagenome

ABSTRACT

Challenges in Innovative Techniques for the Microbiological Evaluation of Conventional and Unconventional Reservoirs. A Paradigm Change in the Oil Industry

Microbiologically influenced corrosion (MIC) is considered one of the main corrosion mechanisms difficult to identify and mitigate. For decades, conventional monitoring techniques have been used, which have shown in recent years of research, not be enough to identify the reservoir microbiome and define corrosion mitigation strategies in conventional and unconventional reservoirs.

Among the main types of bacteria that cause MIC corrosion, there are "Sulphate Reducing Bacteria" (SRB), "Acid Producing Bacteria" (APB), "Biofilm Formers" and Iron Oxidizing Bacteria" (IOB) among others. Although there are different methods of detecting bacteria, all of them identify a limited variety of species which contribute to the corrosion processes and in many cases, there is complete ignorance regarding the majority population.

An experience of application of innovative techniques of microbiological evaluation in a Neuquén Basin Field will be presented. The operation in these areas began in 2004, with secondary recovery starting in 2006. Its reservoir is made up of unconsolidated sandstones prone to produce sand.

As part of this innovative approach, an integrated vision is considered, which allows us to evaluate the current situation, draw up a profile of microbial communities and develop a customized solution. The study stages consider:

- "Determination of the microbial count by inoculation methods and adenosine triphosphate technique (ATP)".
- Extraction of DNA samples for determination of:
 - Quantitative: by measures of qPCR (total bacteria, sulfate reducing prokaryotes and total archaea).
 - Qualitative: identification of species presents through NGS (Next Generation Sequencing), followed by analysis of the proportion of these that present metabolisms associated with MIC.

The work described will demonstrate that the definition of the microbiome of the deposits requires knowledge of specialists and the application of DNA study techniques to identify critical species for MIC, not evidenced in conventional techniques. The most successful result is obtained when collaboration and experience are shared between Operators, service companies and biocide suppliers.

INTRODUCCIÓN

Aplicar biología molecular para diagnosticar y monitorear la corrosión inducida por microorganismos, es un cambio de paradigma. Es importante recordar que la corrosión influenciada microbiológicamente (MIC) se considera uno de los principales mecanismos de corrosión difícil de identificar y mitigar. Desde hace décadas, se continúan empleando técnicas de monitoreo tradicionales de caracterización, las cuales sólo permiten reconocer el 1% de los microorganismos responsables de los mecanismos de biocorrosión, y sumado a esto, del 1% mencionado anteriormente, sólo entre el 0,1% al 10% de todos los microorganismos es cultivable (Figura 1), Eckert *et al.*, (2011).

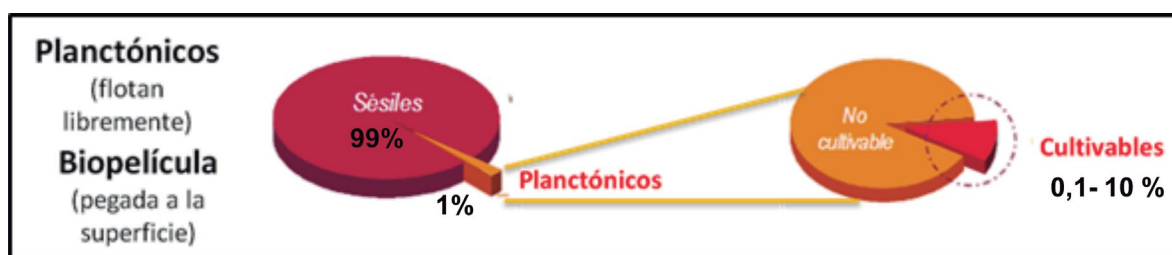


Figura 1. Distribución porcentual de los microorganismos responsables de los mecanismos de biocorrosión.

Las principales desventajas de continuar utilizando sólo estas técnicas de diagnóstico se atribuyen a los largos períodos de análisis, correcta selección del medio salino, sumado a esto el metabolismo puede exhibir cambios.

En la actualidad, a través de metodologías de diagnóstico y monitoreo basadas en biología molecular, Eckert *et al.*, (2011), permiten caracterizar el 99% de los microorganismos mediante nuevas técnicas de biología molecular.

A continuación, las técnicas que se utilizaron para realizar los diagnósticos:

- “Determinación del recuento microbiano mediante la utilización de caldos de cultivo y técnica de trifosfato de adenosina (ATP)”.
- “Extracción de muestras de ADN para determinación de”:
 - Cuantitativos: mediante medidas de qPCR (bacterias totales, Procariotas reductoras de sulfato y arqueas totales).
 - Cualitativos: identificación de especies presentes mediante NGS (Next Generation Sequencing), seguido del análisis de la proporción de las mismas que presentan metabolismos asociados a MIC.

El presente trabajo se realizó en un Yacimiento de la Cuenca Neuquina ubicado al norte del Río Colorado, el cual abarca la parte sur de la Provincia de Mendoza y oeste de la Provincia de La Pampa, con una producción de 37000 m³/d de bruta. El crecimiento en la población bacteriana, concentraciones de CO₂ considerables y cortes de agua creciente, son el principal motivo de las intervenciones por Corrosión-erosión.

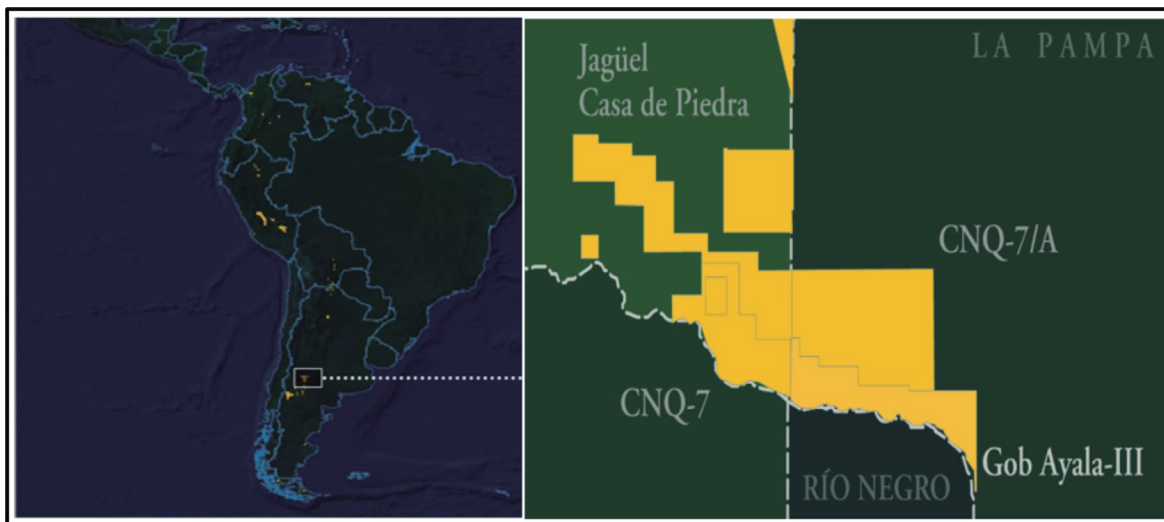


Figura 2. a) Ubicación geográfica. b) detalles de los yacimientos.

El incremento en costos asociados a productos químicos destinados a procesos de corrosión (biocida/inhibidores de corrosión) como así también los costos en materiales de las intervenciones asociadas a proceso (varillas con corrosión severa, ductos con pitting, etc.) no concuerdan con el “Key Performance Indicators” (KPI) que se monitorea en Yacimiento, siendo la situación real más crítica que el KPI de gestión. Esto nos demuestra que las técnicas convencionales no son suficientemente robustas para diagnosticar las problemáticas de campo y por consiguiente definir los planes de acción y/o tratamientos.

Es importante destacar, que no todos los microorganismos que existen en las instalaciones son dañinos. Por lo tanto, tenemos que saber qué tipo de microorganismos hay y en qué cantidad, para asegurarnos de combatir a los que realmente afectan las instalaciones y no malgastar recursos. La implementación de estas nuevas técnicas, permitirán disponer de monitoreos y estrategias de mayor precisión.

METODOLOGÍA Y DESARROLLO DE LAS TÉCNICAS

1- SECTORIZACIÓN PARA TOMA DE MUESTRAS.

El yacimiento en estudio se divide en tres sectores principales, Zona de La Pampa, zona centro dentro de la cual se encuentra la zona denominada “SE 03” y zona noroeste. El presente trabajo se abocará a presentar el desarrollo en zona La Pampa y Centro.

Dada la extensión del yacimiento, el mismo fue sectorizado para realizar el muestreo. Las muestras fueron tomadas en: pozos de producción, satélites, plantas de tratamiento y en los sistemas de agua de inyección en cada una de las zonas identificadas previamente. Esto permitió obtener información de la comunidad microbiana a lo largo de todo el yacimiento y su evolución en las distintas etapas de producción e inyección de agua en zonas afectadas por la recuperación secundaria. También se consideraron pozos de primaria, con el fin de discriminar el origen del H_2S y poder obtener conclusiones del reservorio y la posible contaminación causada por la secundaria.

Se identificaron y clasificaron 10 puntos de muestreo; de los cuales 3 corresponden a pozos productores (2 de recuperación secundaria y 1 recuperación primaria), 4 pertenecientes a baterías y satélites y 2 a zona de plantas, 1 de inyección de agua para recuperación secundaria. De esta manera, cubriendo todo el ciclo del agua se garantiza una evaluación fidedigna del área elegida para ser estudiada.

Las muestras de agua recolectadas se procesaron de acuerdo con el siguiente esquema detallado. Las actividades encuadradas en color celeste se realizan en instalaciones del Yacimiento, en el mismo día de la toma de muestra para preservar los organismos presentes. Las actividades en color rojo se realizaron en laboratorio de Dow.

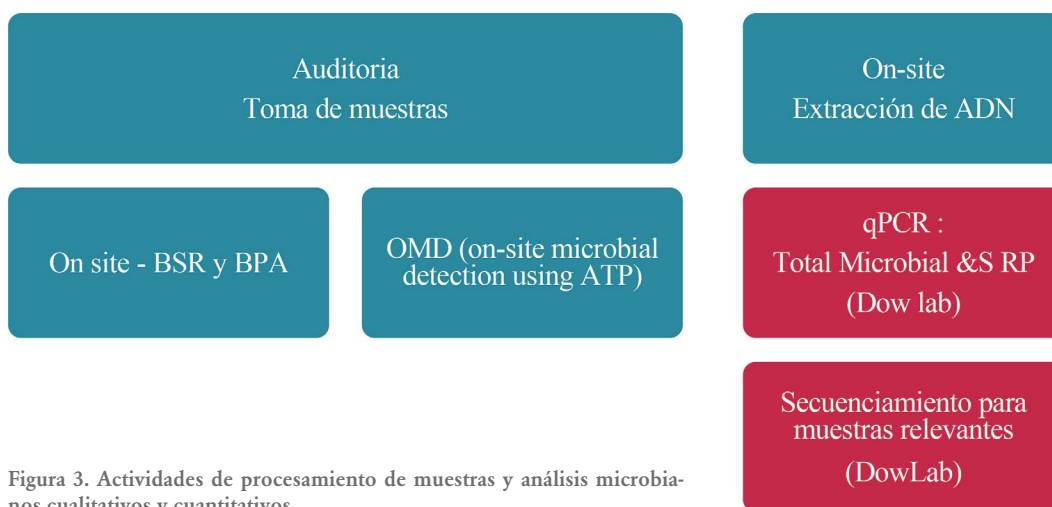


Figura 3. Actividades de procesamiento de muestras y análisis microbianos cualitativos y cuantitativos.

2- TÉCNICAS DE LABORATORIO

Las técnicas de laboratorio a considerar en el presente trabajo se detallan a continuación:

2.1 Determinación del recuento microbiano mediante la utilización de frascos de cultivo (dilución por extinción).

El recuento microbiano de las muestras recolectadas se efectuó mediante el método de dilución de campo estándar basado en “frascos de cultivo” en un medio de cultivo comercial

(kit MAG, MAG Microbiología Argentina), según norma NACE. Cada muestra se inoculó para cultivar bacterias reductoras de sulfato (BRS) y bacterias productoras de ácido (BPA) en la salinidad ajustada a las condiciones del campo.

2.2 Técnica de trifosfato de adenosina (adenosine triphosphate, ATP).

El trifosfato de adenosina (adenosine triphosphate, ATP o TFA) es un nucleótido fundamental en la obtención de energía celular. Está formado por una base nitrogenada (adenina) unida al carbono 1 de un azúcar de tipopentosa, la ribosa, que en su carbono 5 tiene enlazados tres grupos fosfato. Se considera la principal fuente de energía para la mayoría de las funciones celulares como así también la Molécula Universal de almacenamiento y transporte de energía en todos los organismos vivos.

El mencionado nucleótido se produce durante la fotorrespiración y la respiración celular, y es consumido por muchas enzimas en la catálisis de numerosos procesos químicos. Su fórmula molecular es $\text{CH}_{16}\text{N}_5\text{O}_{13}\text{P}_3$.

Esta técnica es usada como indicador para presencia/actividad de microorganismos y se considera como método de detección microbiana indirecta in situ (On-site microbial detection, OMD) basada en ATP.

En este trabajo se ha utilizado la técnica propuesta en kits de Luminultra (Quench-Gone Differential Organic Modified (dQGO-M™) (Luminultra, 2018) que permiten cuantificar la molécula de ATP asociada a células vivas.

2.3 Evaluación de muestras de agua mediante la técnica de biología molecular, muestreo del sitio y extracción de ADN.

Las técnicas de laboratorio de biología molecular se usan para aislar ADN o extraerlo en alta pureza, visualizarlo para ver su estado, cortarlo y pegarlo, amplificar una región en una enorme cantidad de moléculas (clonación de fragmentos en bacterias u otros vectores), corte de una determinada región con enzimas de restricción para ver si por una mutación se gana o se pierde un sitio de restricción.

Todos los insumos utilizados para la obtención de muestras, extracción de ADN, etc., se transportan al yacimiento. Se procede al llenado de los recipientes con el agua de interés, hasta el máximo posible a fin de minimizar la intrusión de oxígeno y a continuación se transportan al laboratorio de campo donde posteriormente las muestras son filtradas y preservadas para su posterior extracción de ADN mediante la utilización de métodos estandarizados. Una vez extraído el ADN, se envían al laboratorio para la realización de estudios basados en biología molecular.

Las muestras extraídas de ADN son sometidas a una reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (real-time polymerase chain reaction, qPCR) a fin de determinar la abundancia de:

- **Total de bacterias**

Los números totales de bacterias se determinan mediante la utilización del gen objetivo, ARNr de 16S, que es común en todas las bacterias. La aparición promedio de este gen por célula se estima que es de entre 2 y 4 copias por genoma (Klappenbach *et al.*, 2001). Se utilizan dos conjuntos de cebadores para la determinación del número total de bacterias en las muestras recuperadas (generalmente enumeradas como células ml⁻¹). Los programas de qPCR fueron optimizados por los autores (R&D de The Dow Chemical Company) a partir de los programas enumerados en las publicaciones originales.

- **Procariotas reductoras de sulfato:**

Las “Procariotas reductoras de sulfato” son organismos que producen H₂S como parte de su metabolismo.

Se aplican cebadores dirigidos a un gen que codifican la subunidad de una proteína que es parte de la vía de reducción de sulfato y es común entre todos los microorganismo reductores de sulfato. Este gen (el gen de reducción de sulfato [dissimilatory sulfate reduction, DSR]) aparece solamente una vez en el genoma de todo microorganismo reductor de sulfato y puede, por lo tanto, ser un método preciso para cuantificar los organismos objetivo. Se utiliza el conjunto de cebadores, DSRp2060F y DSR4R, publicado por Foti *et al.*, (2007), Dar *et al.*, (2004). El programa de qPCR es optimizado por DCM a partir del programa publicado.

- **Total de Arqueas:**

Las “Arqueas” se consideran un reino diferente de microorganismos unicelulares. Son autóctonos en la mayoría de los campos de petróleo y ecosistemas asociados al petróleo.

Los números totales de Arqueas en muestras se determinan mediante la utilización del gen ARNr de 16S. La aparición promedio de este gen por célula se estima que es de entre 1 y 2 copias por genoma, Gittel *et al.*, (2009). Se aplica un conjunto de cebadores para la determinación de las Arqueas en las muestras recuperadas, conjunto de cebadores: (Arch806F&Arch958R) publicado por Gittel *et al.*, (2009). El programa de qPCR ha sido optimizado por DCM a partir del programa publicado.

- **Secuenciación de próxima generación (Next Generation Sequencing, NGS)**

En función de los resultados de los análisis de DGGE/qPCR, se eligen diversas ubicaciones de los puntos donde se obtienen las muestras, con el fin de someterlas a la secuenciación de próxima generación mediante la utilización de la plataforma Illumina. La plataforma elegida

para la secuenciación de próxima generación se trata de la secuenciación Illumina mediante la utilización de kits de reactivos MySeq 3. La longitud de lectura es de 2×300 pares de bases. Los resultados que se obtienen son analizados con la plataforma de software abierto MOTHUR.

3- KPI DE USO CONVENCIONAL EN LA INDUSTRIA (KEY PERFORMANCE INDICATORS) VS KPI NUEVAS METODOLOGÍAS

Actualmente en la industria del Oil & Gas el Indicador de seguimiento (KPI) para evaluar la eficiencia de los tratamientos bacteriológicos a partir del uso de biocidas es la inoculación de “Bacterias Sulfato Reductoras” BRS, utilizadas como práctica estándar en la industria. Según las buenas prácticas en la industria como así también del balance técnico económico, es que se define como KPI aceptable menor o igual a 3 ufc/ml en pozo y menor o igual 2 ufc/ml en planta.

Se conoce actualmente que las bacterias sulfato reductoras no son los únicos microorganismos generadores de corrosión MIC, por lo que el KPI actualmente en uso en la industria sólo estaría abarcando un porcentaje mínimo de la problemática planteada dado que existe otras comunidades como: bacterias reductoras u oxidante de metales, bacterias oxidante de sulfuros, etc. (Richard B. Eckert 2018; Torben Lund Skovhus 2018). Surge por ello la necesidad de la implementación de nuevas técnicas que permitan identificar otros microorganismos que propician los efectos de corrosión MIC y por ende la definición de nuevos KPI que aseguren el adecuado seguimiento de dichas variables.

Por lo mencionado recientemente, se hace uso de técnicas de medición de ATP y biología molecular en el presente estudio, debiendo identificar otros KPI para cada caso, ver Tabla 1.

Técnica propuesta	Tiempo de respuesta	Costo *	Información	KPI sugerido
Caldos BSR	21 días	Bajo	Cuantitativa/selectiva bacterias sulfato reductoras	< 3
Caldos BPA	7 días	Bajo	Cuantitativa/selectiva bacterias productoras de ácido.	< 3
Técnica de OMD (ATP) pg/ml	1 día	Medio	Cuantitativa indirecta y general. Mide actividad celular mediante la cuantificación de ATP (molécula de desarrollo)	500 < ATP < 1000
qPCR (ADN) bacterias totales	2-3 semanas	Alto	Cuantitativa general de bacterias totales	< 10 ⁴
qPCR (ADN) SRP	2-3 semanas	Alto	Cuantitativa selectiva a procariotas sulfato reductoras (puede incluir bacterias y/o arqueas)	< 10 ³
qPCR (ADN) arqueas	2-3 semanas	Alto	Cuantitativa selectiva a arqueas, microorganismos no cultivables.	< 10 ³
NGS (ADN)	2 meses	Alto	Cualitativa para determinar especies de bacterias y arqueas y determinar cuál y que cantidad tienen potencial MIC.	No definido

Tabla 1. Técnicas propuestas y KPI para cada una de ellas.

En particular para la técnica de medición de ATP, la determinación del valor absoluto para cada KPI es específica para cada campo luego de una determinación estadística. De manera general se consideran valores bajos cuando a registros inferiores a 500 pg/ml y valores moderados cuando se evidencian registros entre 500 y 1000 pg/ml. Cómo ATP es indicativo de actividad celular, es posible que se presenten valores altos con conteos de bacterias bajos y viceversa. La zona segura de KPI se determina en combinación con las otras técnicas.

RESULTADOS

A continuación se presenta un esquema simplificado de la zona en estudio (Figura 4).

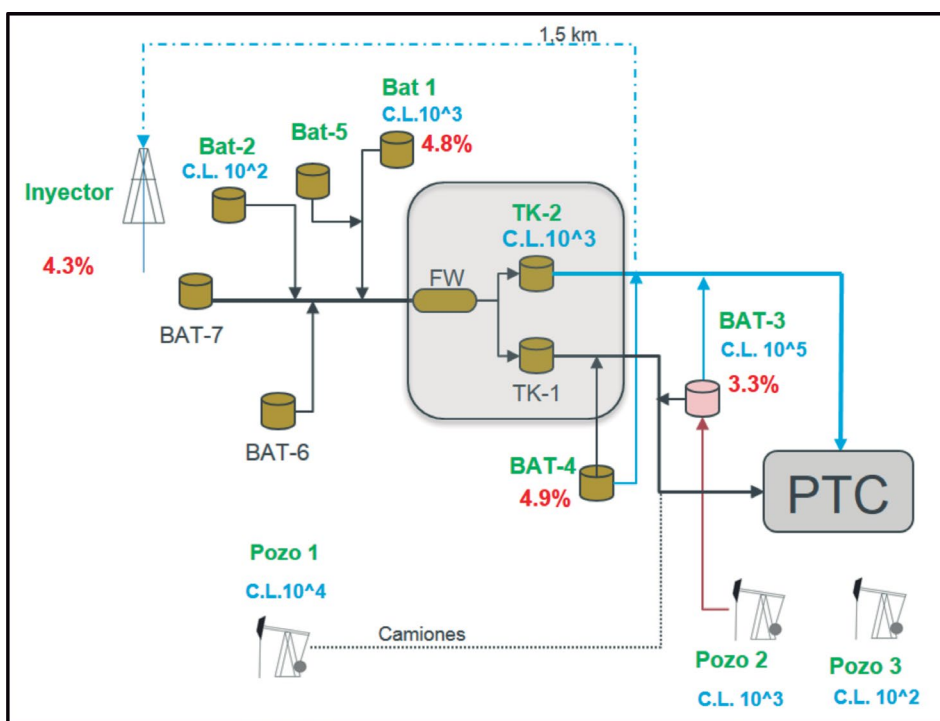


Figura 4. Esquema simplificado de Zona. Rojo: % de salinidad; Verde: Puntos donde es obtuvo ADN; Celeste: Valores de células totales de acuerdo con resultados de qPCR.

A continuación, en la Figura 5 se incluyen los resultados cualitativos de las técnicas de caldos de cultivos y qPCR. Como es normal la zona de pozos productores se encuentra en torno a los límites de KPI establecidos en la Tabla 1. En la medida que crudo más agua avanzan por baterías (BAT-3 asociada a los pozos muestreados) y hacia planta, se observa que tanto bacterias totales como arqueas totales crecen de forma muy acelerada, esto se debe a que rápidamente encuentran condiciones adecuadas para crecimiento (temperatura, nutrientes, pH) y se empieza a favorecer el desarrollo de biopelícula. El tratamiento actual en planta es eficaz para volver a los valores de KPI en salida de planta para bacterias pero no es certero para el control de arqueas. En la zona de

inyección secundaria tanto bacterias como arqueas vuelven a desarrollarse, especialmente arqueas con el potencial riesgo de inyección de contaminantes en el reservorio y/o potenciales problemas de corrosión o taponamiento.

La excepción a este comportamiento es el caso del Pozo-1 que por ser sólo afectado a producción primaria, el nivel elevado de contaminación microbiológica es autóctona del yacimiento cuyo reservorio es diferente de los pozos correspondientes a las demás baterías estudiadas.

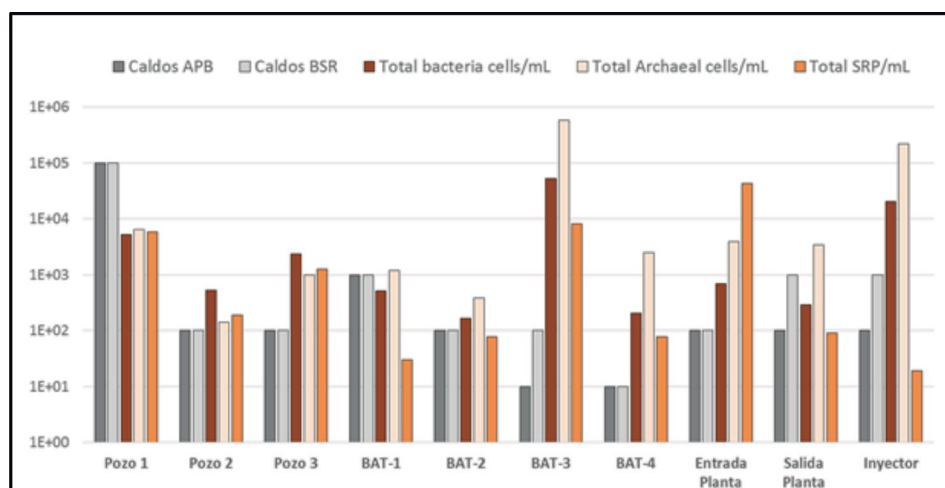


Figura 5. Bacterias totales cel/ml; arqueas totales cel/ml

En la figura 6, se presentan los valores de ATP (pg ATP/ml), se observa una muy buena correlación con los valores de la figura 5; donde se superan los 100 pg ATP/ml, son las áreas con mayor conteo de bacterias y/o arqueas. Como ATP mide actividad celular, es de esperar en algunos casos se observe bajo ATP y moderado qPCR como el caso de batería BAT-1, esto indica que los microorganismos están en fase latente o de bajo crecimiento.

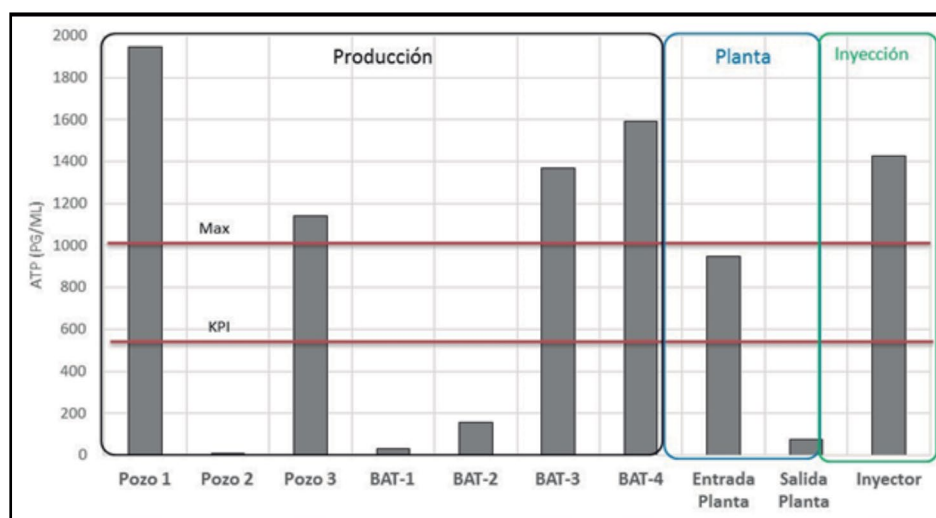


Figura 6. Resultados ATP para “Producción- Planta-Inyección”.

A continuación en las Tablas 2 y 3 se presentan los resultados para el secuenciación de ADN mediante NGS y los porcentajes relativos totales a toda la población. En las tablas, se indica con color amarillo y rojo las bacterias y arqueas que tienen moderado y alto potencial MIC respectivamente en las condiciones actuales del yacimiento. En verde se indican las bacterias y arqueas con bajo potencial MIC. Esta caracterización general se atribuye a la experiencia de campo ya adquirida por Dow.

Bacterias	Metabolismo	Producción						Inyección
		Pozo 1	Pozo 2	Pozo 3	BAT- 1	BAT-4	BAT-3	Inyector
Marinobacter	Aeróbico Halófilas, degrada HC		13%		41%	9%		
Marinobacterium			1%					1%
Propionibacterineae	BPA/BSR		10%	72%	1%	3%		
Pseudomonas	Aeróbico		8%	1%		1%		
Pseudoalteromonas	Degrada MO difícil		3%					
Clostridium	Produce butirato		6%	5%	5%	3%		
Halomonas	Degrada HC		4%					
Thermosiphon	BPA termófilo		1%		6%	12%	52%	4%
Synergistaceae	Normal pozos, fermentadores	14 %	8%		9%	9%	14%	17%
Petrotoga	BPA termófilo	6 %		1%	1%	4%	5%	3%
Sulfurovum	Termófilo oxida H ₂ S/S ⁰				1%		4%	24%
Sulfurospirillum		3 %			1%			13%
Desulfovibrio	BSR	32 %						
Desulfomicrobium	BSR, genera H ₂ S							13%
Deferribacteriaceae.	Termófilas						5%	
Halothermotrix	Termófilas				2%	11%		6%
Otras Bacterias		45%	46%	21%	33%	48%	20%	19%

Resumen % de Bacterias

Bacterias % con potencial MIC	55 %	37%	79%	26%	43%	80%	80%
Bacterias % aeróbicas	0 %	25%	1%	41%	10%	0%	1%
Bacterias % no relevantes	45 %	63%	21 %	74 %	57	20%	20%

Tabla 2. Resultados cualitativos NGS. Bacterias mayoritarias.

En la tabla 2 se observa claramente que donde domina ambiente aeróbico no dominan las especies con potencial de MIC, y viceversa. Es importante el control de ambas situaciones dado que la presencia de O₂ también deriva en corrosión química.

En caso de bacterias, se observa en general una variabilidad en los % de bacterias con potencial MIC, proporcionada por la diversidad de géneros presentes, observando algunas bacterias con elevado potencial MIC. En general para el momento de la reinyección de agua, el % de bacterias con potencial MIC aumenta. Y en este caso está acompañado de un incremento cuantitativo también considerable (ver Figura 5).

Arqueas	Metabolismo	Producción						Inyección
		Pozo 1	Pozo 2	Pozo 3	BAT-1	BAT-4	BAT-3	Inyector
Methanolobus	Productores de metano				31 %	3 %	1 %	73 %
Methanohalophilus	Productores de metano, Halófilo				23 %	46 %	2 %	8 %
Methanosaeta	Productores de metano					9 %		
Methermicoccus		1 %					66 %	
Methanococcus	Productores de metano	20 %	32 %		9 %	2 %		6 %
Methanosarcinaceae					27 %	34 %	2 %	11 %
Methanoplanus		61 %						
Methanobacterium	Productores de metano	3 %	13 %					
Methanocuellus	Productores de metano		22 %			1 %		
Ferroglobus	Hipertermófilo, reductor de hierro						20 %	
Otras arqueas			33 %		10 %	5 %	9 %	2 %

Resumen % de Arqueas

Arqueas % con potencial MIC	85 %	67 %		90 %	95 %	91 %	98 %
Arqueas % no relevantes	15 %	33 %		10 %	5 %	9 %	2 %

Tabla 3. Resultados cualitativos NGS. Arqueas mayoritarias.

Es importante mencionar que las arqueas son organismos que difícilmente pueden ser cultivados en laboratorio, específicamente los identificados en este estudio, y todos los presentes son anaeróbicos.

En el caso de arqueas, tanto en etapa de producción como inyección los porcentajes son similares y elevados dados que las arqueas presentes en su mayoría tienen potencial MIC. Desde producción hasta inyección hay un incremento cuantitativo considerable (ver Figura 5).

En función de toda la información relevada en el presente sistema mediante tecnologías convencionales de evaluación microbiológica como así también del uso de tecnologías no

convencionales, se resume en la Tabla 4 los resultados arribados mediante las diferentes técnicas. Se definirá un factor que permitirá identificar severidad corrosiva a partir del uso de la información relevante en arqueas y bacterias generadoras de MIC, el cual se presenta a continuación:

$$\text{Células totales} = \text{Total Bacterias} + \text{Total Archeas}$$

$$\% \text{ Potencial MIC} = \frac{\text{Total Bacterias} * \% \text{Pot Mic Bacterias} + \text{Total Archeas} * \% \text{Pot Mic Archeas}}{\text{Células totales}}$$

En la tabla 4, se distinguen puntos donde no se pudo obtener resultados de NGS debido a la baja cantidad ADN disponible que impide la ampliación de las cadenas. Por lo tanto, no se presentan los porcentajes correspondientes.

Punto	Tipo	ATP	BPA	BSR	Bacterias totales (cel/mL)	Bacteria % Pot MIC (NGS)	Total SRP/mL	Arqueas totales (cel/mL)	Arquea % Pot MIC (NGS)	Cel. totales (cel/ml)	SRP (%)	arqueas (%)	NGS	Celulas con potencial MIC
Pozo 1	Pozo	2E+03	1E+03	1E+05	5E+03	6E-01	6E+03	6E+03	9E-01	1E+04	5E-01	6E-01	si	8E+03
Pozo 2	Pozo	1E+03	1E+02	1E+02	2E+03	4E-01	1E+03	1E+03	7E-01	3E+03	4E+01	3E+01	si	1E+03
Pozo 3	Pozo	9E+00	1E+02	1E+02	5E+02	8E-01	2E+02	1E+02		7E+02	3E+01	2E+01	si	
Batería 1	Batería	3E+01	1E+03	1E+03	5E+02	3E-01	3E+01	1E+03	9E-01	2E+03	2E+00	7E+01	si	1E+03
Batería 2	Batería	2E+02	1E+02	1E+02	2E+02		8E+01	4E+02		6E+02	1E+01	7E+01	no	
Batería 3	Batería	1E+03	1E+01	1E+02	5E+04	8E-01	8E+03	6E+05	9E-01	6E+05	1E+00	9E+01	si	6E+05
Batería 4	Batería	2E+03	1E+01	1E+01	2E+02	4E-01	8E+01	3E+03	1E+00	3E+03	3E+00	9E+01	si	3E+03
Ent Planta	PTC-DW	9E+02	1E+02	1E+02	7E+02		4E+04	4E+03		5E+03	--	9E+01	no	
Sda Planta	PTC-DW	8E+01	1E+02	1E+03	3E+02		9E+01	3E+03		4E+03	2E+00	9E+01	no	
Inyector	Inyector	1E+03	1E+02	1E+03	2E+04	8E-01	2E+01	2E+05	1E+00	2E+05	0E+00	9E+01	si	2E+05

Tabla 4. Resumen de resultados con todas las técnicas.

En las Figuras 7 y 8 se presentan los resultados de la tabla 4. En este punto es importante definir un KIP para seguimiento el cuál se ha determinado en 102 células/ml cuando es afectado por los porcentajes de bacterias y arqueas con potencial MIC.

Los gráficos que se presentan a continuación permiten identificar que en lo que respecta a bacterias presentes en el sistema, las mismas muestran altos porcentajes de potencial a propiciar corrosión MIC. Pero también se distingue claramente, que las “arqueas” (microorganismos no monitoreados habitualmente en el sistema en estudio), presentan valores más elevados en lo que hace al potencial de corrosión MIC. Es decir, que de no hacer uso de todas las técnicas mencionadas, se estaría incurriendo en una “definición de estado del yacimiento incorrecta, sesgada por falta de información” el cual no reflejaría la real problemática con altos potenciales MIC.

Haciendo uso de la información que brindan tanto las arqueas como las bacterias con potencial MIC, es evidente que el Yacimiento en estudio en todas las etapas analizadas, “producción- Plantas-

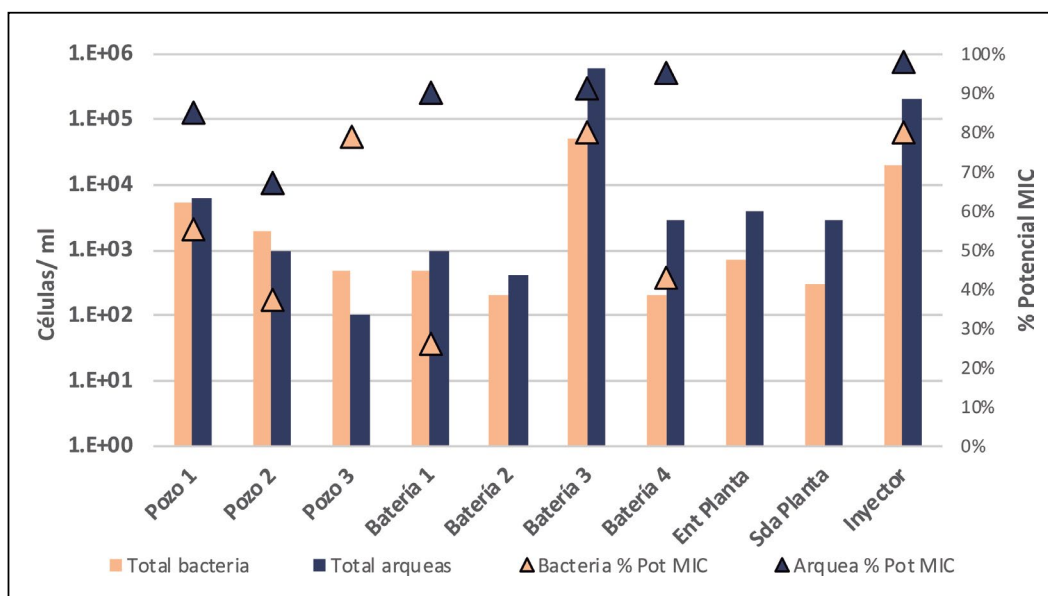


Figura 7. Resultados finales para total bacterias y arqueas con potencial MIC

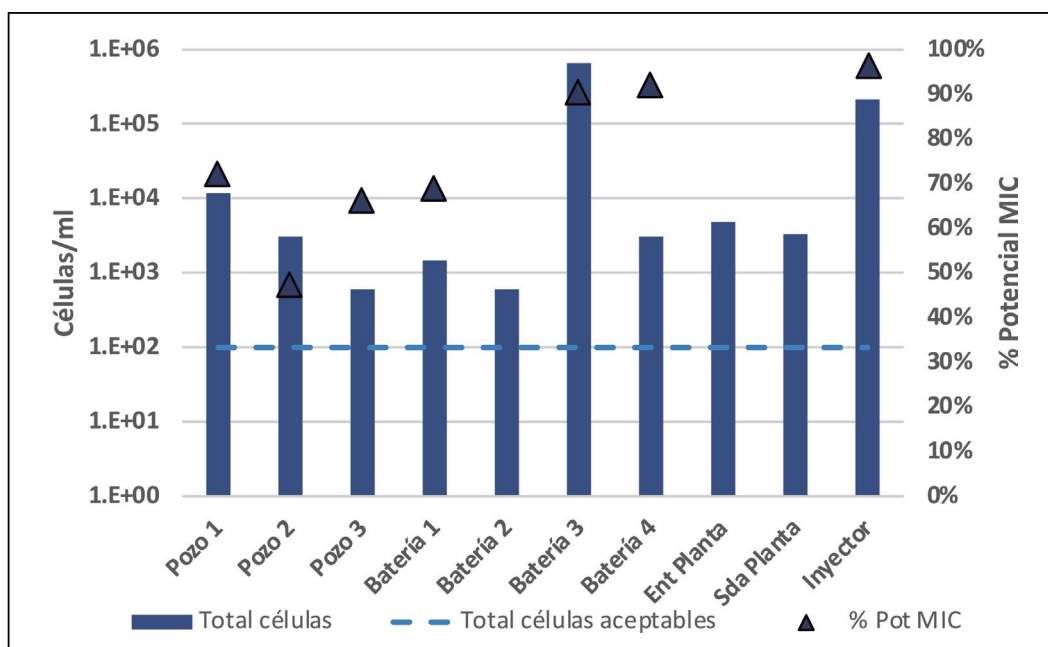


Figura 8. Resultados finales para total células con potencial MIC

Inyección”, el aporte de células con potencial de corrosión MIC es relevante ya que en todos los casos se presentan valores superiores al 40%, siendo en el caso de inyección un valor extremo del 90%. Toda esta información es relevante no sólo para la definición de los tratamientos químicos a definir/implementar sino también en lo que respecta a los materiales de las instalaciones de producción a considerar desde el punto de vista de la corrosión MIC.

COMPARATIVA DE TÉCNICAS DE MONITOREO

A continuación se realiza una comparativa entre las conclusiones a las que se arriba haciendo uso de ambas metodologías, convencional e innovadora como así también las acciones a ejecutar (Tabla 5).

Claramente se distingue que bajo la metodología convencional, dada la falta de información adicional que aportan las otras técnicas, los resultados reflejan una situación de contaminación microbiológica en campo que permitiría a los especialistas encontrarse en una zona de seguridad operativa. Mientras que haciendo uso de los resultados de la metodología no convencional, la visión integral y completa de resultados permite tomar acción frente a condiciones que no se evidencian con otras técnicas, mostrando una situación más desfavorable y realista del yacimiento.

Punto	Resultado Metodología Convencional	Acción a ejecutar	Resultado Metodología Innovadora	Acción a ejecutar
Pozo 2		No se modifica tratamiento		Alerta al tratamiento actual
Pozo 3		No se modifica tratamiento		No se modifica tratamiento
Batería 1		Alerta al tratamiento actual		Alerta al tratamiento actual
Batería 2		No se modifica tratamiento		No se modifica tratamiento
Batería 3		No se modifica tratamiento		Se implementan cambios
Batería 4		No se modifica tratamiento		Alerta al tratamiento actual
Ent Planta		No se modifica tratamiento		No se modifica tratamiento
Sda Planta		Alerta al tratamiento actual		Alerta al tratamiento actual
Inyector		Alerta al tratamiento actual		Se implementan cambios

Tabla 5. Comparativa Plan de acción ambas metodologías.

CONCLUSIONES

El estudio toma una visión global del yacimiento que incluye el análisis de instalaciones de producción y plantas de tratamiento e inyección de agua, con el objetivo de proteger las instalaciones y preservar el reservorio.

- En el caso de estudio los resultados que aportan las técnicas convencionales no reflejan la realidad de la situación de contaminación microbiológica del yacimiento.
- Acotarnos solamente al uso de técnicas convencionales implicaría gestionar los tratamientos químicos de manera insuficiente sin estudiar la causa raíz.
- Sabiendo que es necesario gestionar la corrosión MIC mediante el uso de técnicas

convencionales y no convencionales, ni los avances tecnológicos ni los costos asociados, han permitido poder implementar estas tecnologías en campo de manera regular.

- En el caso de estudio la comunidad de arqueas con potencial MIC es superior en términos cuantitativos frente a la comunidad de bacterias. Esta situación dificulta las técnicas de monitoreo tradicionales con caldos dado que actualmente no se cuenta con métodos de monitoreo de arqueas disponibles para uso frecuente en campo.
- En la mayoría de los casos donde el valor total celular con potencial MIC es moderado o alto, los valores de ATP fueron elevados también, esto sirve de validación de la técnica de ATP como método de monitoreo temprano y complementario a caldos tradicionales.

Si bien se encuentra fuera del alcance de este informe, los resultados obtenidos permitirán el diseño de nuevas estrategias de monitoreo y tratamientos químicos.

AGRADECIMIENTOS

Dow, Pluspetrol y Suez agradecen mutuamente la colaboración de los distintos sectores involucrados en el presente estudio en ambas compañías.

REFERENCIAS CITADAS

- Richard B. Eckert, Torben Lund Skovhus, 2018, "Advances in the application of molecular microbiological methods in the oil and gas industry and links to microbiologically influenced corrosion. International Biodeterioration & Biodegradation", Volume 126, Pages 169-176.
- Eckert, Richard & Skovhus, Torben, 2011, "Using molecular microbiological methods to investigate MIC in the oil and gas industry". NACE International, Vol. 50, No. 8. 50-54.
- Luminultra, 2018 <https://www.luminultra.com/qgom>.
- Klappenbach J L, Saxman, P H, Cole J R, Schmidt, T M, 2001, "The ribosomal RNA operon copy number database". Nucleic Acids Research 29, 181-184.
- Gittel, A., Sorensen, K. B., Skovhus, T. L., Ingvorsen, K. and Schramm, A, 2009, "Prokaryotic community structure and sulfate reducer activity in water from high-temperature oil reservoirs with and without nitrate treatment." Appl Environ Microbiol 75(22): 7086-7096.
- Foti, M., Sorokin, D. Y., Lomans, B., Mussman, M., Zacharova, E. E., Pimenov, N. V., Kuenen, J. G. and Muyzer, G, 2007, "Diversity, activity, and abundance of sulfate-reducing bacteria in saline and hypersaline soda lakes." Appl Environ Microbiol 73(7): 2093-2100.
- Dar, S. A., Yao, L., van Dongen, U., Kuenen, J. G. and Muyzer, G, 2007, "Analysis of diversity and activity of sulfate-reducing bacterial communities in sulfidogenic bioreactors using 16s rna and dsrb genes as molecular markers." Appl Environ Microbiol 73(2): 594-604.



**10° CONGRESO DE
EXPLORACIÓN Y
DESARROLLO DE
HIDROCARBUROS**

**Energía y Sociedad
aliados inseparables
Mendoza 2018**