



# RESÚMENES



## INFLUENCIA DE LA TÉCNICA DE EXTRACCIÓN DE ADN EN EL ANÁLISIS DE POBLACIONES BACTERIANAS EN PLANTAS DE ALMACENAMIENTO DE PETROLEO

Dominici LE<sup>1</sup>, Viera MR<sup>1,3</sup>, Del Panno MT<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación y Desarrollo en Tecnología de Pinturas (CIDEPINT-CONICET La Plata, CICPBA), <sup>2</sup>Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI-CONICET La Plata, UNLP), <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas UNLP  
Email:marisa.rviera@gmail.com

El almacenamiento es un elemento de gran valor en la explotación de los servicios de hidrocarburos debido a que actúa como un pulmón entre producción y transporte para absorber las variaciones de consumo; permite la sedimentación de agua y barros del crudo antes de despacharlo por oleoducto o a destilación y brinda flexibilidad operativa a las refinerías que actúan como punto de referencia en la medición de despachos de producto.

La sedimentación de agua y barros durante el almacenamiento trae aparejados problemas de contaminación microbiana conducentes a la acumulación de limo, corrosión de tanques y cañerías, emulsificación y degradación del producto.

El estudio de las comunidades microbianas en estos sistemas resulta de gran interés en particular las bacterias reductoras de sulfatos (BRS) consideradas como las responsables de un 80% del daño a través del proceso de corrosión influenciada microbiológicamente (CIM).

Para el control de la CIM es relevante el conocimiento de las poblaciones presentes, con el fin de establecer un criterio de selección de un tratamiento antimicrobiano adecuado.

Con la intención de aplicar métodos independientes de cultivo en el análisis microbiológico de agua de un tanque de almacenamiento, fueron empleados dos protocolos de extracción del ADN: un protocolo de extracción tradicional (tratamiento enzimático y purificación con isoaminoalcohol-cloroformo) y el Kit EZNA Extractionsoil (Omega Bio-Tek, GA, USA). Para evaluar la eficiencia de la extracción, cada muestra fue sometida a tres extracciones sucesivas. El ADN fue amplificado por PCR usando los cebadores para eubacterias (341F y 907R) y los específicos para BSR (Aps969F y Aps1603R). La aplicación de la técnica de extracción tradicional (TT) y la del kit (K) dieron rendimientos totales similares (517-540 ng/μl), aunque la eficiencia de cada etapa fue distinta, obteniéndose una relación porcentual de 70/25/5 con TT y 40/35/25 con K. Los productos de amplificación fueron sembrados en geles desnaturalizantes (DGGE) y analizados con el software GelComparII, con el coeficiente de correlación de Pearson. Fue evidenciado que la comunidad de eubacteria recuperada con el kit en la 1ra extracción fue diferente a la obtenida en la 2da y 3ra extracción. En cambio, con la técnica tradicional el resultado derivado del análisis del gel mostró gran similitud entre las comunidades de las tres extracciones (90,5%). Realizando el mismo análisis para la comunidad de BSR, las comunidades resultaron muy similares (90.8%) independientemente del orden de extracción y del método utilizado. De lo expuesto inferimos que para el análisis de eubacteria, una primera extracción con el kit representa una fracción de la diversidad detectada, debiendo considerarse la realización de extracciones sucesivas. En cambio con la técnica tradicional, el 70% del ADN recuperado en la primera extracción refleja la mayor diversidad bacteriana detectada en la muestra.