Gas del esquisto bituminoso (shale gas)

Beatriz S. Méndez

Departamento de Química Biológica. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina

bea@qb.fcen.uba.ar

Versión para imprimir

Los hidrocarburos que se hallan en rocas se originaron a partir de fuentes acuosas que contenían plantas y animales y que a lo largo de siglos se transformaron en gas y petróleo. Roturas naturales en las rocas permitieron que estos compuestos subieran hacia la superficie y fuesen extraídos por los métodos convencionales. Sin embargo hubo otros hidrocarburos cuya extracción presentó dificultades.

De acuerdo a la definición de la Real Academia Española esquisto es una roca de color negro azulado que se divide con facilidad en hojas. En el esquisto llamado bituminoso estas hojas contienen gas y/o petróleo. El gas del esquisto bituminoso es conocido mundialmente como *shale gas*. La extracción de hidrocarburos a partir de dichas rocas es dificultosa ya que presentan pocas fisuras. La técnica que se utiliza en este caso, llamada fractura hidráulica, consiste en la inyección a presión de agua y arena con algunos aditivos en muy baja proporción. La arena impide, que una vez producida la rotura, esta se vuelva a cerrar y el gas entonces fluye hacia los equipos de extracción. Los líquidos utilizados para la fractura hidráulica provienen de aguas corrientes, fuentes naturales (i.e. lagos) y líquidos usados en fracturas previas [1].

La producción comercial de *shale gas*[1] se da actualmente en Estados Unidos, Canadá, China y Argentina siendo la de Estados Unidos la única con niveles significativos. Por este hecho es que la mayoría de los escasos estudios físicos, químicos y biológicos sobre los efectos de la fractura hidráulica en el subsuelo terrestre se hayan hecho en ese país.

La existencia de vida bajo la superficie terrestre ha sido demostrada, ejemplos conocidos las chimeneas hidrotermales y el vulcanismo. Una pregunta plausible es si hay vida microbiana en el esquisto bituminoso antes de la fractura inducida y la respuesta es que puede tener lugar ya que se encuentra materia orgánica en las rocas y por lo tanto sustrato para distintas funciones microbianas. En esos ambientes los microorganismos se detectaron en baja cantidad, del orden de 10^{-1} a 10^{-5} células por g^{-1}[2]

Dada la ubicuidad de los microorganismos, era esperable también su presencia en los lugares sometidos a fractura hidráulica. A pesar de la diversidad de los sitios de extracción, así como de los materiales utilizados, hay cierta constancia tanto en las especies como en los géneros microbianos presentes en los fluidos tratantes, medidos según datos publicados de 16SrRNA. Comúnmente, se encuentran especies de *Pseudomonas*, *Acinetobacter* y *Thermoanaerobacterium* en los primeros días de la fractura hidráulica, mientras que en los días finales se detectan microorganismos halotolerantes y termófilos. Si bien especies con estas características constituyen alrededor del 2% en los líquidos iniciales, en las etapas finales componen cerca del 86% de los microorganismos detectados [3-5].

En un trabajo reciente realizado en dos yacimientos situados en la cuenca de los Apalaches, la reconstrucción de los genomas microbianos a partir de muestras de los líquidos tratantes tomadas en los tiempos iniciales y hacia el fin del proceso, como asimismo la detección de productos de su metabolismo, permitieron obtener un amplio panorama del ecosistema sometido a fractura hidráulica en el profundo subsuelo terrestre[6].

Las muestras analizadas cubrían un amplio espectro temporal, 0 a 328 días. El análisis metagenómico a los distintos tiempos mostró la preponderancia de los géneros *Pseudomonas*, *Cobetia* y *Marinobacterium* en los líquidos iniciales. Las tomas de material a los 82 y 328 días señalaron la presencia de *Halanaerobium, Halomonadaceae, Marinobacter, Methanohalophilus, Methanolobus*, de los que se pudo reconstruir genomas representativos, y a la vez dos genomas incompletos de Halobacteroidaceae. Todos ellos con la característica de ser termófilos y/o halotolerantes. También se detectó la presencia de metanógenos. Resultados coincidentes con los obtenidos en otros reservorios como se indicó anteriormente.

El análisis de los genomas de los miembros de la familia Halobacteroidaceae indicó la ausencia de similitud con respecto a los depositados en los bancos de datos. Por lo cual siguiendo recomendaciones para nombrar genomas no completos obtenidos a partir de datos metagenómicos [7] los autores propusieron un nuevo género, *Candidatus Frackibacter*, el primero en detectarse en ese particular ambiente.

Dado su origen, el cloruro de sodio cristalizado es abundante en el esquisto bituminoso. La adición de grandes masas de agua conduce a su solubilización aumentando por lo tanto la salinidad en el sitio de extracción. Los datos obtenidos a partir de la secuenciación genómica de los microorganismos presentes hacia el final de la fractura, dio importantes conclusiones tanto sobre sus capacidades metabólicas como sobre la interacción entre los mismos. Frente a la salinidad los autores observaron la capacidad de producción de metabolitos osmo-protectores en los genomas analizados. Uno de ellos, la glicina betaína, se detectó en los líquidos. La fermentación de la glicina betaína, llevada a cabo por especies de *Halanaerobium* y *Candidatus Frakibacter* conduce a metanol, sustrato de los metanógenos como *Methanolobus* y *Methanoalophilus* con la probable consecuencia de producción adicional de metano en la sub superficie terrestre. En genomas de *Halanaerobium* se detectó la capacidad de producir biopelículas, ácidos orgánicos e H_2 como así también la de reducir tiosulfato a sulfuro por lo cual se transformaría en un activo degradador del acero utilizado en los instrumentos que llevan a la superficie el *shale gas*.

Otra particularidad observada fue la presencia de virus (fagos), de algunos de los cuales se obtuvo su genoma completo, y en consecuencia fue posible detectar en una gran parte de los genomas bacterianos totales analizados la presencia del sistema CRISPR-Cas [8], al punto tal que está presente en la totalidad de los genomas estudiados en la muestra final indicando probablemente que su presencia es esencial para la supervivencia bacteriana.

Los resultados obtenidos en todos los trabajos citados coinciden en la detección de microorganismos con características similares.

Vemos entonces un paisaje alterado del más profundo subsuelo terrestre por la presencia y acción de las bacterias, sus metabolitos y sus fagos. Y es así que estamos enfrentados a un ambiente microbiológico, creado por el sistema de extracción, que parece indicar una posible capacidad de corrosión en el sitio con su correlativa implicancia en la sostenibilidad del proceso.

Eso en primera instancia…

Nota al pie

1.Nombre que le daremos en este texto

Referencias:

1. **Shale Argentina Instituto Argentino del Petróleo y del Gas** (2018) Hidrocarburos no convencionales.

2. **Mouser PJ, Borton M, Darrah TH, Hartsock A, Wrighton, KC** (2016) Hydraulic fracturing offers view of microbial life in the deep terrestrial subsurface. *FEMS Microbiology Ecology* 92: 1-18 doi: 10.1093/femsec/fiw166.

3. **Cluff MA, Hartsock A, MacRae J et al.** (2014) Temporal changes in microbial ecology and geochemistry in produced water from hydraulically fractured Marcellus shale gas wells. *Environmental Science and Technology* 48:6508-6517.

4. **Wuchter C, Banning E, Mincer TJ et al.** (2013) Microbial diversity and methanogenic activity of Antrim shale formation waters from recent fractured wells. *Frontiers in microbiology* 4: 1-14

5. **Akob DM, Cozzarelli IM, Dunlap DS et al.** (2015) Organic and inorganic composition and microbiology of produced waters from Pennsylvania shale gas wells. *Applied Geochemistry* 60:116-25

6. **Daly RA, Borton MA, Wilkins MJ, Hoyt TW et al.** (2016) Microbial metabolisms in 2.5-km-deep ecosystem created by hydraulic fracturing in shales. *Nature Microbiology* DOI: 10-1038/MMICROBIOL.2016.146

7. **Konstantinidis KT, Rosselló-Móra R** (2015) Classifying the uncultivated microbialmajority: A place for metagenomic data in the Candidatus proposal. *Systematic and Applied Microbiology* 38: 223–230

8. **Pettinari MJ** (2016) La revolución de los CRISPR, o cómo nuevamente una rareza microbiana se convierte en una herramienta revolucionaria que permite editar cualquier genoma. *QuímicaViva* 15(3)

ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

*Revista **QuímicaViva***

Número 3, año 17, Diciembre 2018

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar