
Biodégradation du cis-DCE par la communauté naturelle d'un aquifère contaminé et lien avec l'abondance des gènes fonctionnels

Catherine Jouliau*¹, Camille Bourdier¹, Jérémie Denonfoux², Gwenaël Imfeld³,
Stéphanie Ferreira², Stéphane Vuilleumier⁴, Louis Hermon⁴, and Jennifer Hellal¹

¹Unité biogéochimie environnemental et qualité de l'eau (BRGM) – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – 3 avenue Claude Guillemin, 45060 Orléans cedex 02, France

²Unité Biogéochimie environnementale et qualité de l'eau (BRGM) – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – 3 avenue Claude-Guillemin BP 36009 45060 Orléans Cedex 2, France

³Laboratory of Hydrology and Geochemistry of Strasbourg, UMR 7517 CNRS, Université de Strasbourg – université de Strasbourg, CNRS : UMR7517 – 1 rue Blessig, 67084 Strasbourg Cedex, France

⁴Génétique moléculaire, génomique, microbiologie (GMGM) – université de Strasbourg, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7156 – 28 Rue Goethe 67083 STRASBOURG CEDEX, France

Résumé

L'utilisation intensive d'hydrocarbures chlorés aliphatiques a entraîné leur accumulation et leur persistance dans de nombreux aquifères, ce qui représente un grave risque pour la santé humaine et l'environnement. De nombreux sites pollués sont classiquement diagnostiqués et surveillés par un suivi de la physico-chimie et des teneurs en polluants du panache. L'utilisation de biomarqueurs moléculaires reflétant un potentiel de biodégradation peut améliorer l'évaluation d'un potentiel d'atténuation de la pollution *in situ* et aider à établir un meilleur diagnostic du site.

L'objectif de cette étude était d'évaluer la faisabilité de la biodégradation du *cis*-1,2-dichloroéthane (cDCE) et du chlorure de vinyle (VC) par la communauté microbienne d'un aquifère fortement contaminé, ainsi que son lien avec l'abondance de gènes fonctionnels impliqués dans leur dégradation (*tceA*, *vcrA* et *bvcA*). Cette approche peut aider à interpréter les profils d'abondance des gènes fonctionnels déterminés *in situ*. Des échantillons d'eau souterraine contaminée par du cDCE et du VC ont été incubés dans des conditions i) oxiqes pour évaluer le potentiel des voies oxydatives, ii) anoxique sous N₂ avec addition de H₂ pour évaluer la déchloration réductrice et iii) anoxique sous N₂ avec addition de 10 mM de Fe(III), puisque du Fe(II) était présent dans l'aquifère.

La biodégradation par la communauté naturelle de l'eau a été clairement la plus efficace en présence de Fe(III), avec une réduction significative du cDCE et la formation de VC après environ 3 mois d'incubation, consécutive à la réduction du Fe(III) et du sulfate. Le gène *vcrA* était présent et son abondance constante pendant toute l'expérience. En revanche, le gène *tceA* n'a été détecté que pendant la phase active de dégradation du cDCE et du VC, avec un ratio *tceA*/16S atteignant 25% lorsque la grande majorité du cDCE a été dégradée. Ce résultat suggère que le gène *tceA* serait un biomarqueur pertinent de la biodégradation du cDCE et du VC dans cet aquifère.

*Intervenant