



HAL
open science

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

Catherine Joulian, Camille Bourdier, Jérémie Denonfoux, Gwenaël Imfeld, Stéphanie Ferreira, Stéphane Vuilleumier, Louis Hermon, Jennifer Hellal

► To cite this version:

Catherine Joulian, Camille Bourdier, Jérémie Denonfoux, Gwenaël Imfeld, Stéphanie Ferreira, et al.. Biodégradation du cis-DCE par la communauté naturelle d'un aquifère contaminé et lien avec l'abondance des gènes fonctionnels. VIIIe Colloque de l'Association Francophone d'Ecologie Microbienne (AFEM), Oct 2017, Camaret-sur-Mer, France. , 2017. hal-01565267

HAL Id: hal-01565267

<https://hal-brgm.archives-ouvertes.fr/hal-01565267>

Submitted on 19 Jul 2017

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

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