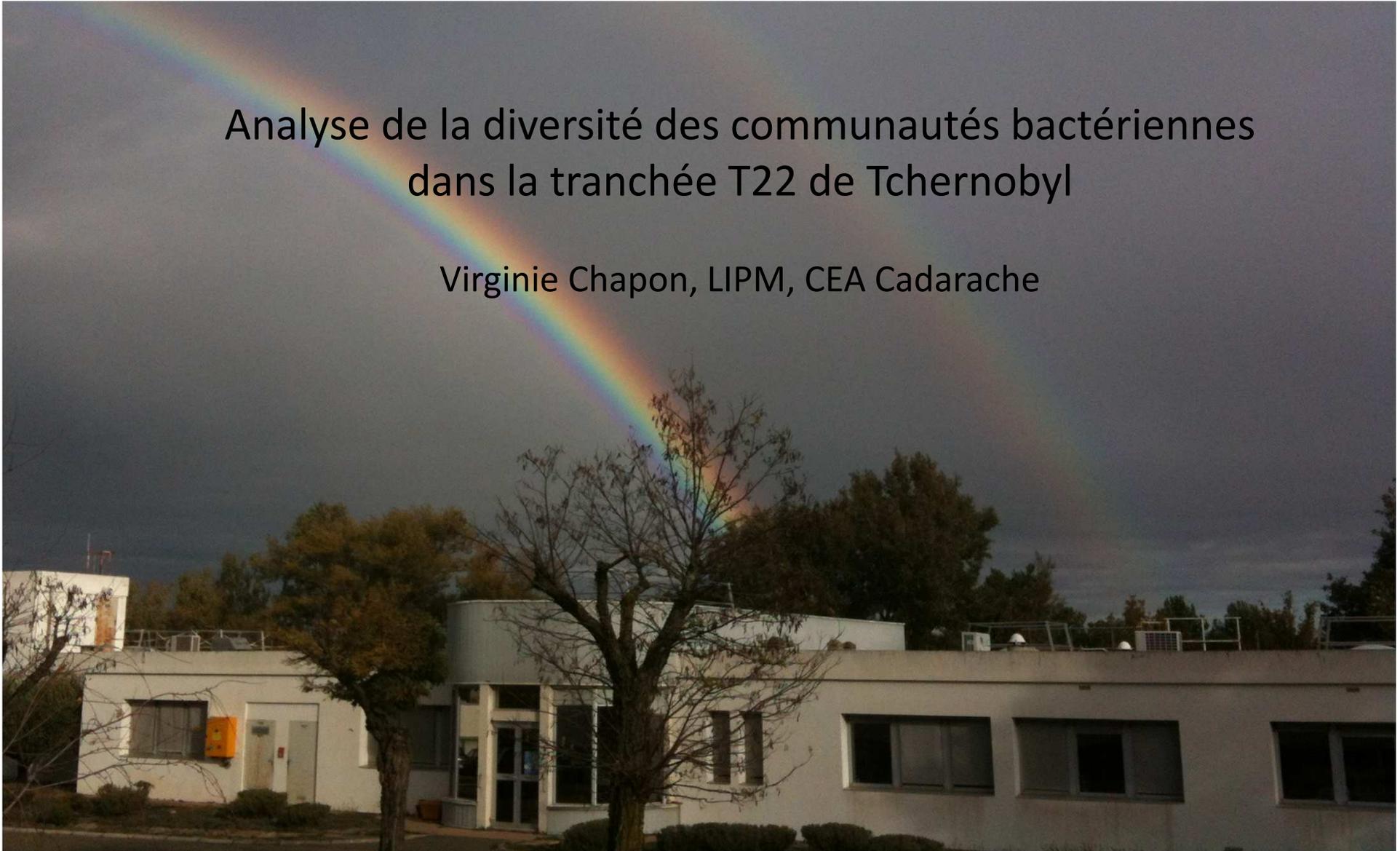
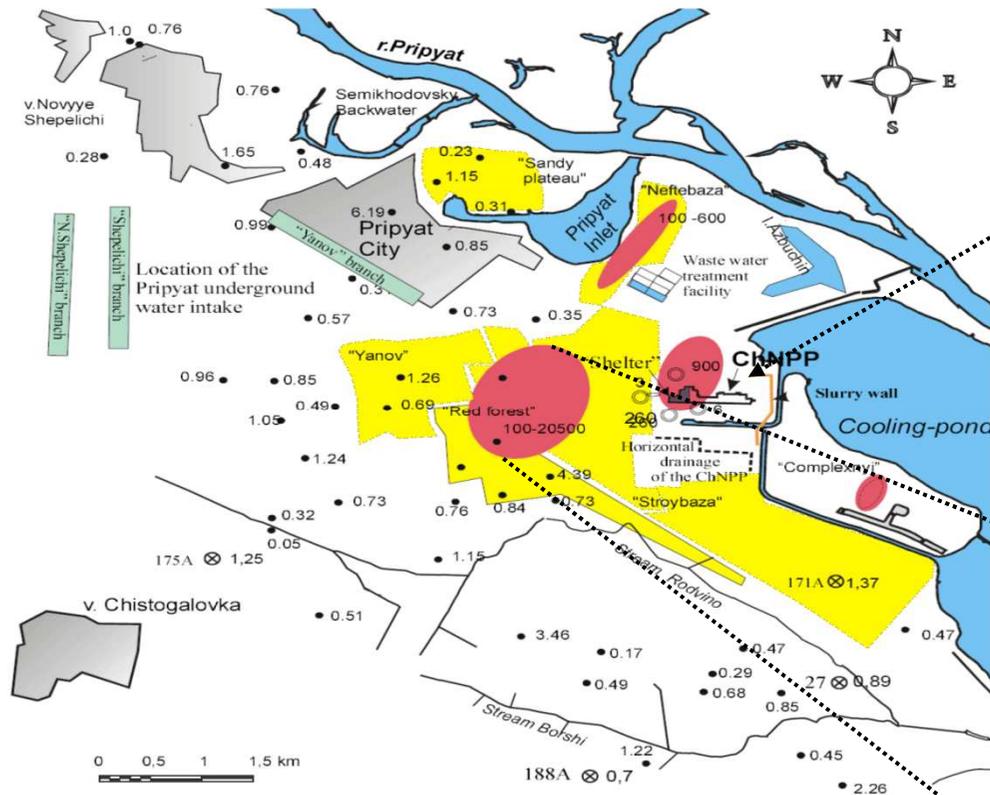


Analyse de la diversité des communautés bactériennes dans la tranchée T22 de Tchernobyl

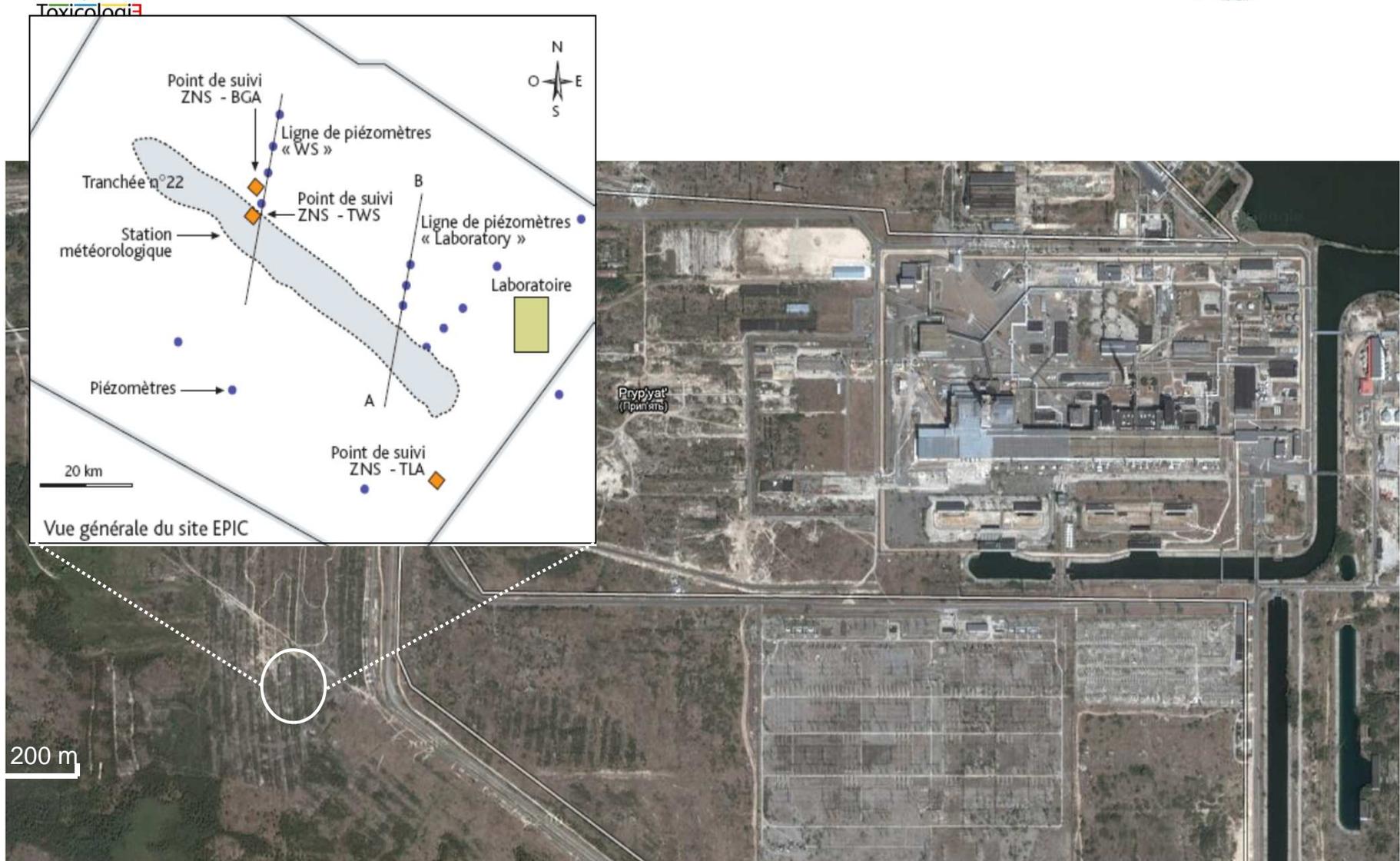
Virginie Chapon, LIPM, CEA Cadarache



Le site d'étude : zone des tranchées d'enfouissement dans la forêt rouge

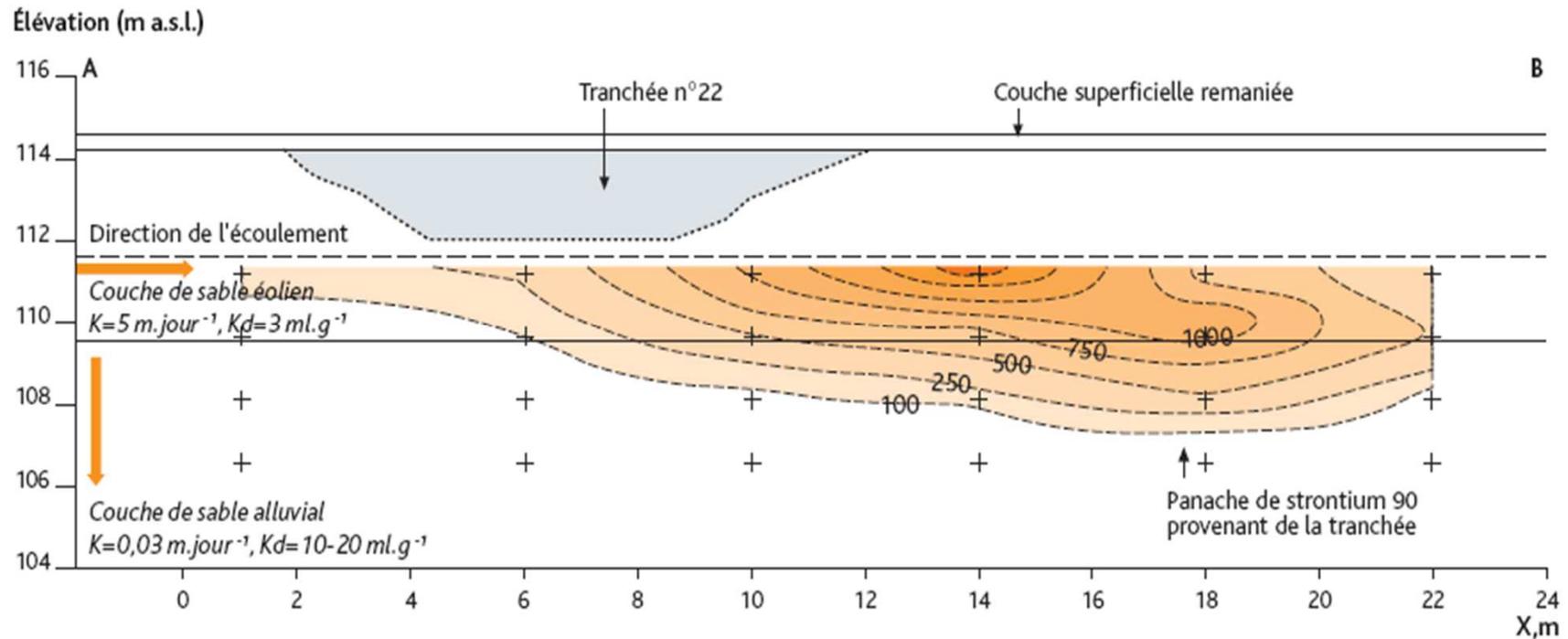


La tranchée T22: une plate-forme expérimentale



15 à 20 $\mu\text{Sv/h}$
(130 à 175 mSv/an)
(à Cadarache: 50-80 nSv/h
en Bretagne: 100-150 nSV/h)



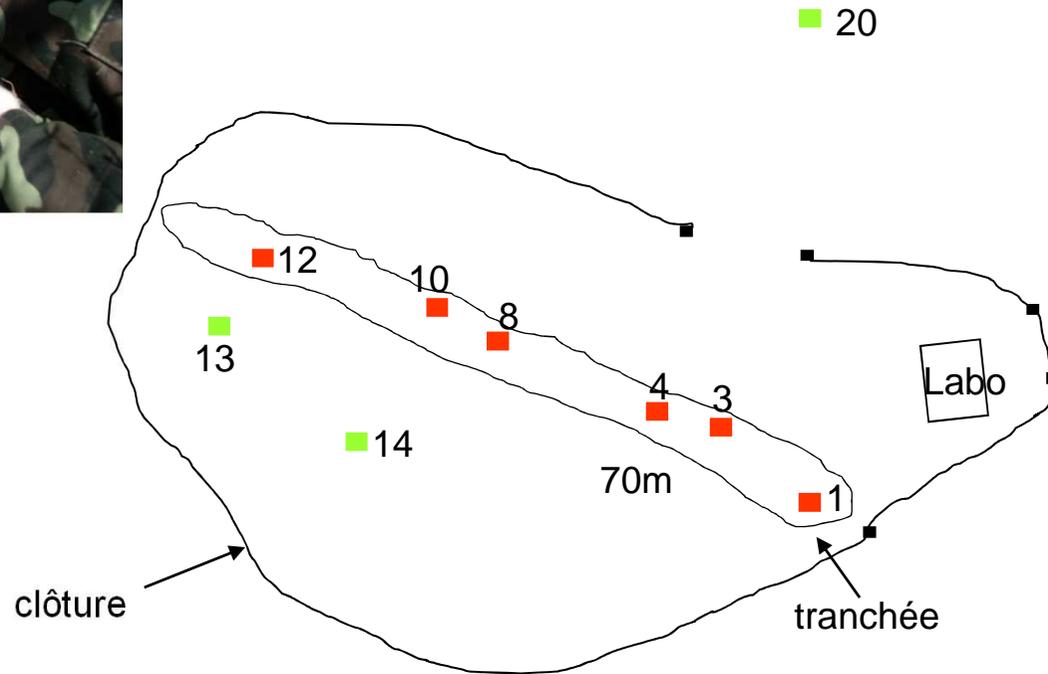


^{137}Cs , ^{90}Sr , ^{60}Co , ^{154}Eu , $^{238, 239, 240}\text{Pu}$, ^{241}Am and $^{235, 238}\text{U}$

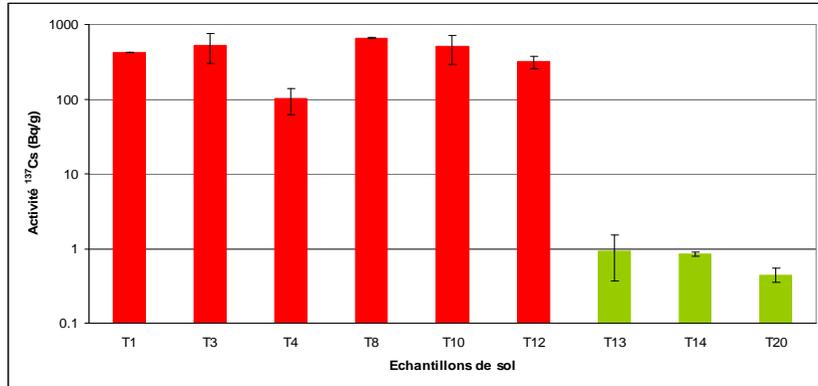
Quels sont les microorganismes capables de se développer dans la tranchée?

La contamination aux RNs a-t-elle un impact sur la diversité?

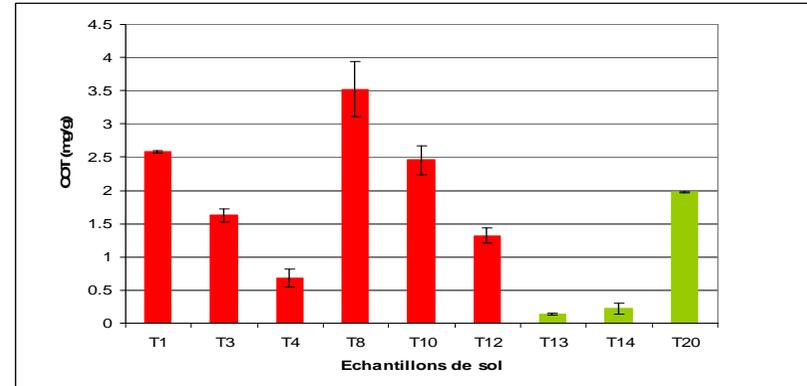
Localisation des points de prélèvements



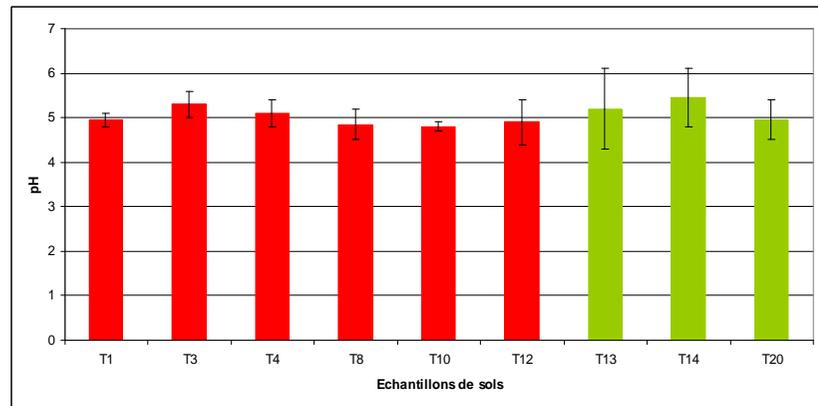
Analyse physico-chimiques des sols



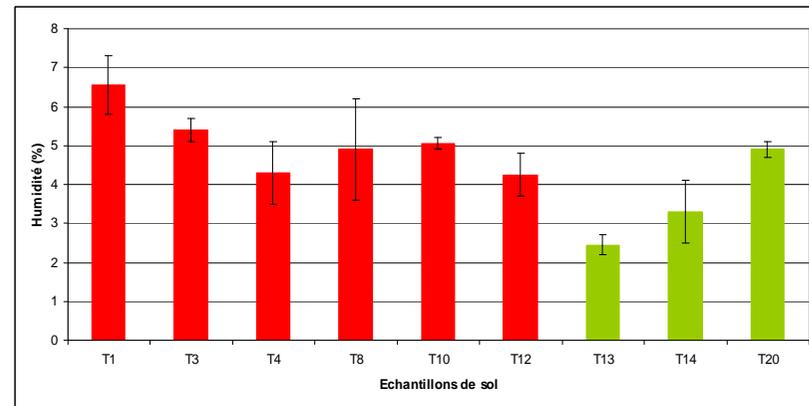
Contenu en ¹³⁷Cs



Contenu en COT



pH



Humidité

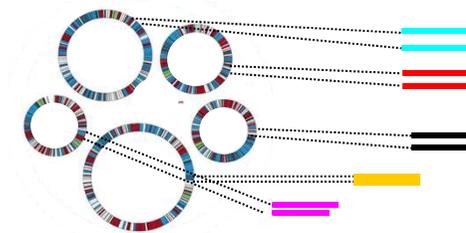
Analyse des communautés bactériennes par une approche moléculaire



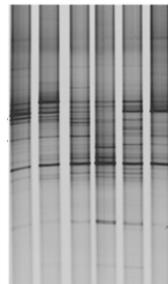
Echantillonnage ↓



Extraction de l'ADN | métagénomique ↓



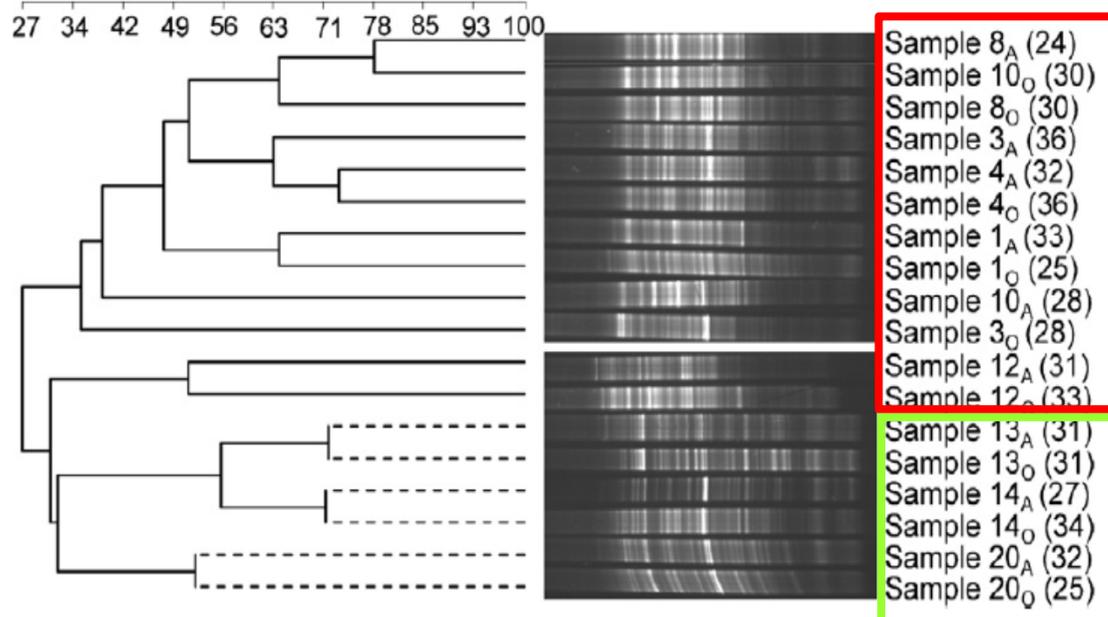
Gène codant l'ARNr 16S
 marqueur phylogénétique
 une espèce = une séquence



Empreintes moléculaires
 DGGE

TTTGTAAG-TCTTCAGATAA...
 TTTGTCAAGTCTTTGGTGAA...
 TTTGTCAAGTCTTTGGTGAA...

Séquençage haut-débit
 Inventaire moléculaire



A: Avril
 O: Octobre

Les profils sont complexes: diversité élevée y compris en présence de RNs

Pas de forte similarité entre les profils des échantillons contaminés

Pas d'évidences indicant la présence d'une communauté propre à la tranchée

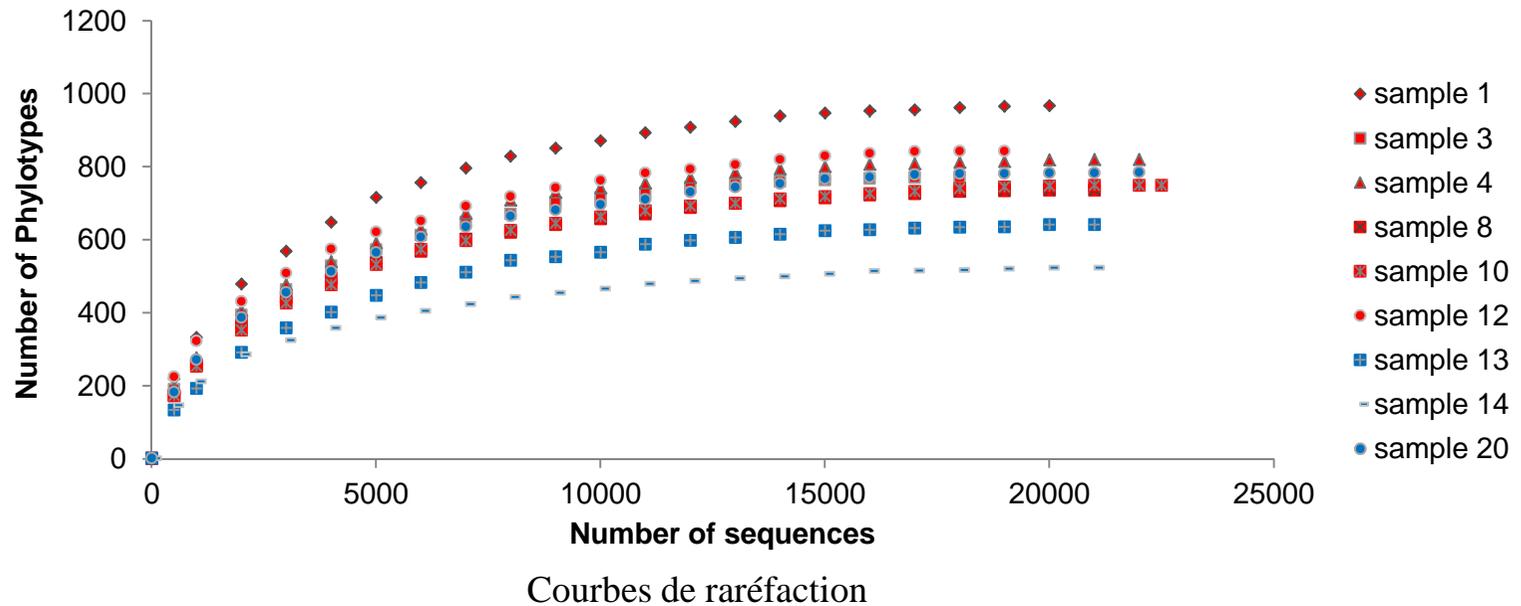
Chapon *et al.* (2012) *Applied Geochem*

Séquençage à haut débit pour l'analyse de la diversité

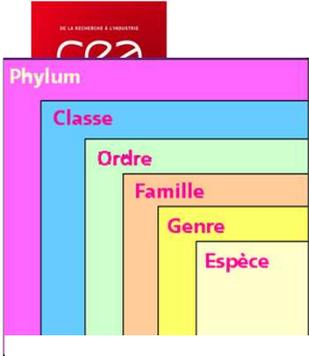


En moyenne, 20 000 séquences par échantillon
Image de la diversité et de l'abondance relative des espèces dans la populations

20000 séquences: une image quasi complète de la diversité totale



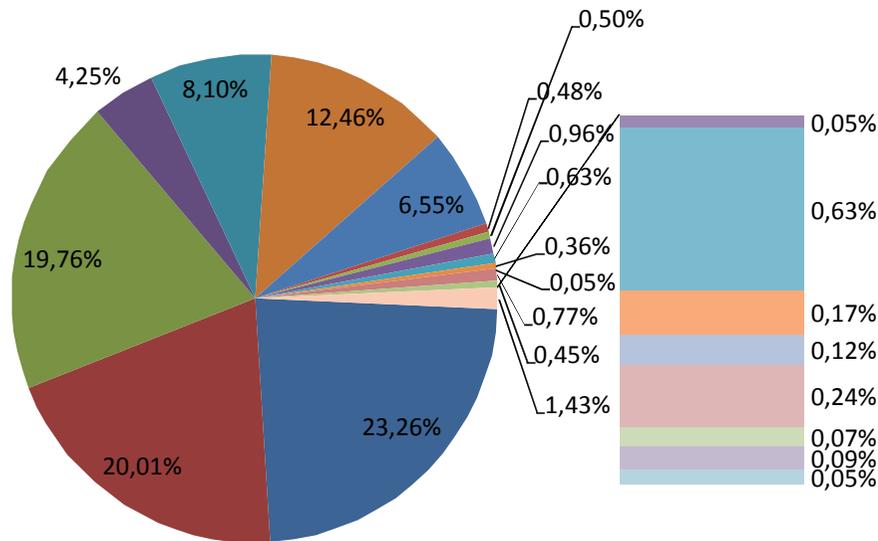
- Diversité comparable à un sol “normal”
- Pas d’extinction de la diversité dans les sols contaminés



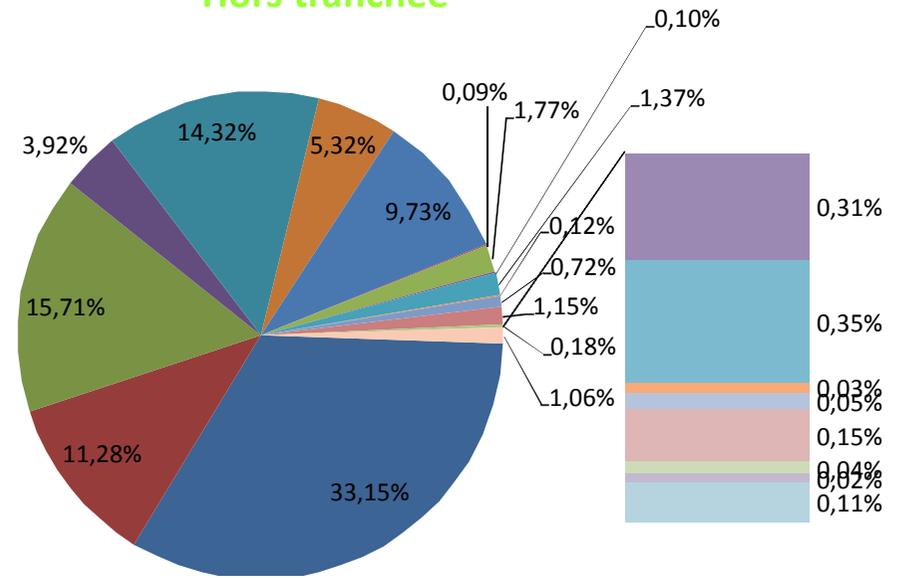
Abondance relative des phylums détectés dans les sols



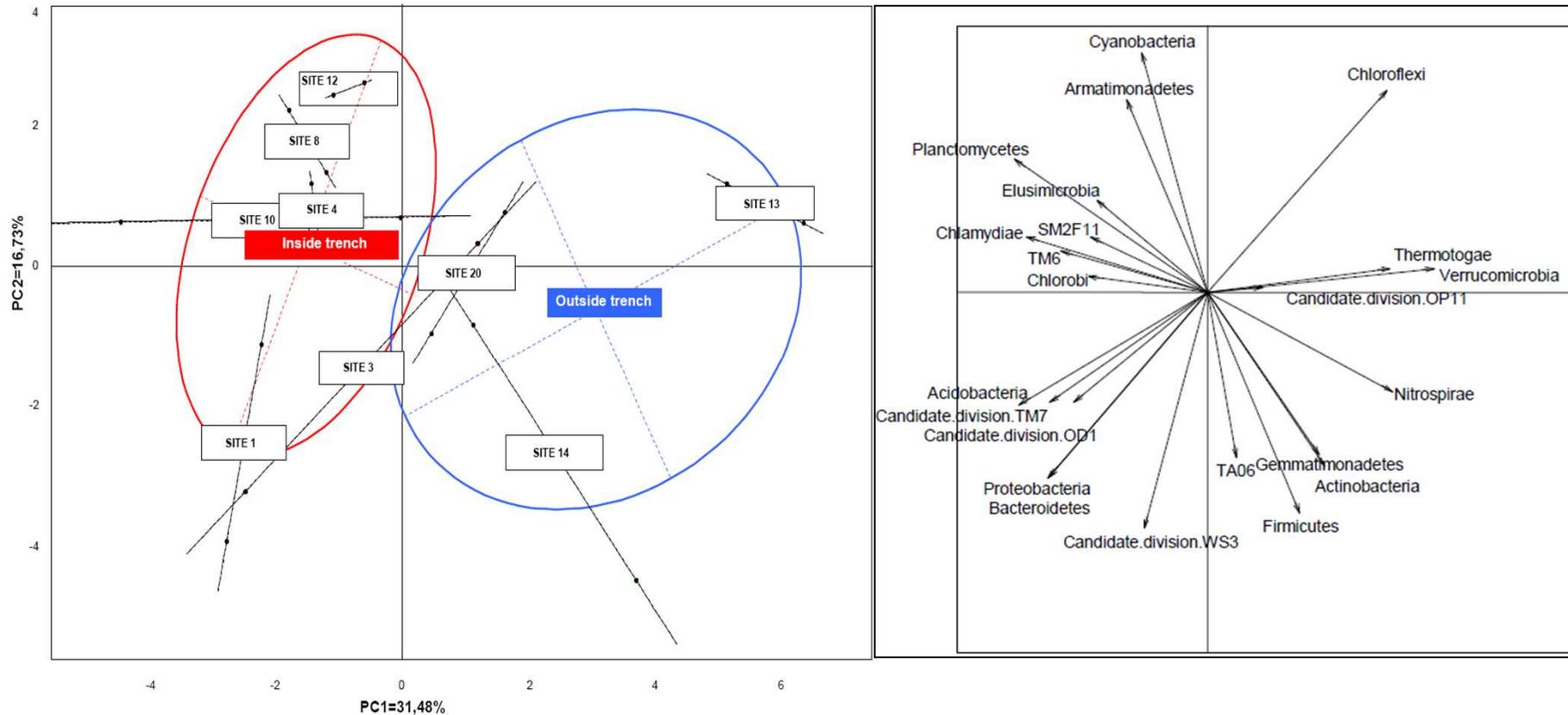
Dans la tranchée



Hors tranchée



- Chloroflexi
- Proteobacteria
- Acidobacteria
- Cyanobacteria
- Verrucomicrobia
- Planctomycetes
- Actinobacteria
- Bacteroidetes
- Nitrospirae
- Candidate+division+TM7
- Gemmatimonadetes
- Chlamydiae
- Thermotogae
- Firmicutes
- SM2F11
- Candidate+division+OP11
- Armatimonadetes
- Candidate+division+WS3
- TM6
- Elusimicrobia
- Chlorobi
- Candidate+division+OD1
- TA06



- Séparation nette entre les échantillons de la tranchée et hors tranchée en fonction de l'axe 1 (31,48% de la variabilité)
- Quelques phyla (variables) expliquent cette répartition
- Certaines espèces sont adaptées aux conditions spécifiques de la tranchée.

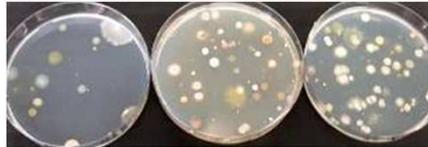
Approche culturale



Echantillonnage



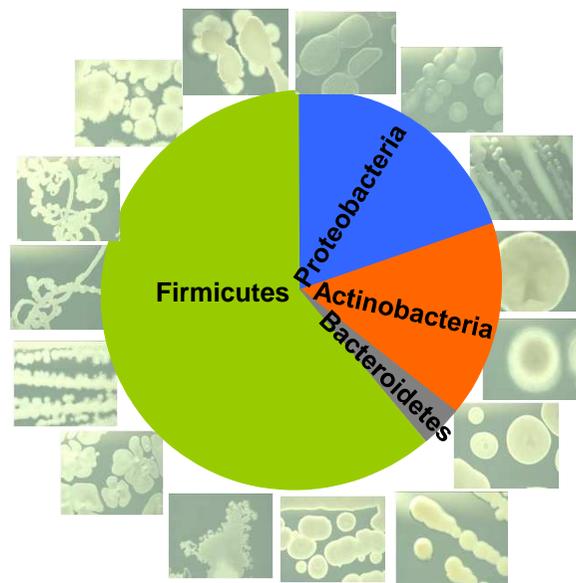
Mise en culture



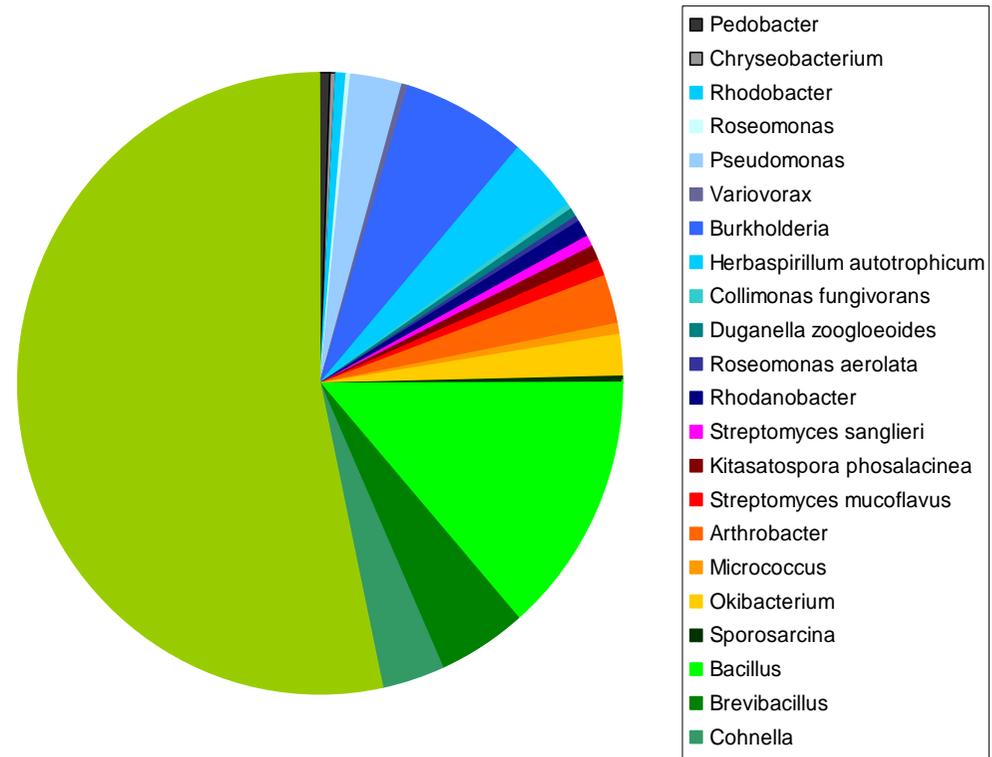
1 % des espèces sont cultivables

Réisolement en culture pure

Collection de 300 isolats
Identification (séquence du gène de l'ARNr 16S)



Répartition en fonction des phylum



Répartition en fonction des genres

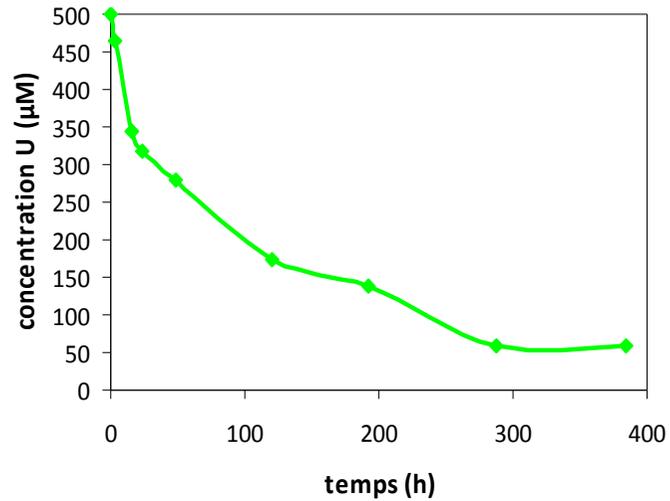
Que faire avec les bactéries cultivables?

Interactions avec les radionucléides?

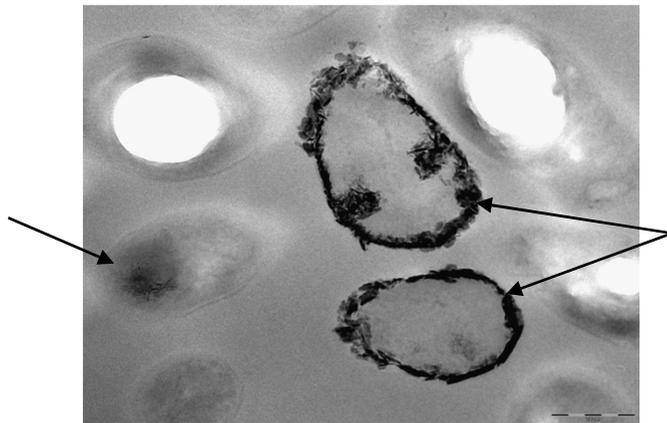
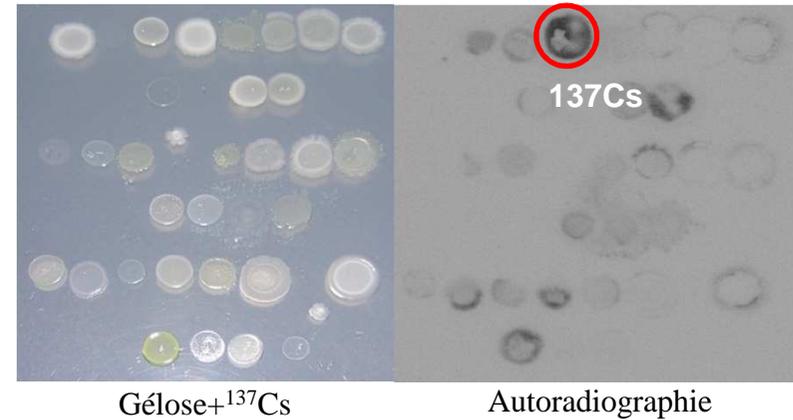
Impact sur le transfert des RN dans les sols?

Mécanismes d'adaptation ?

Exposition à l'uranium



Césium



Observations en MET

→ bioremédiation d'effluents contaminés ?

Bactéries + radionucléide



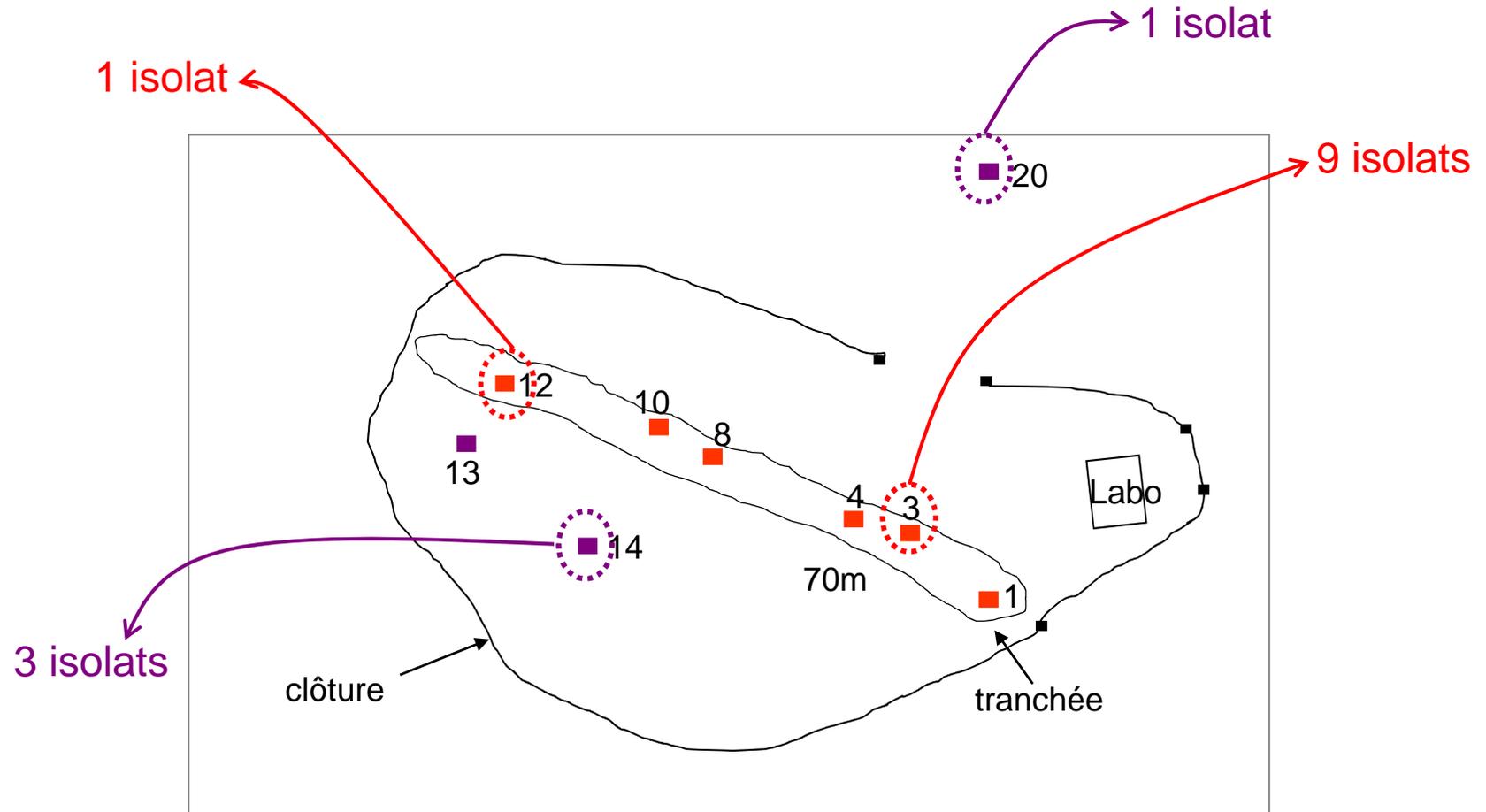
Colonne de sol

Projet en cours: thèse de N. Théodorakopoulos
(coll. IRSN)

Suivi migration bactérie
+ radionucléide

Modèle extrapolable à la tranchée?

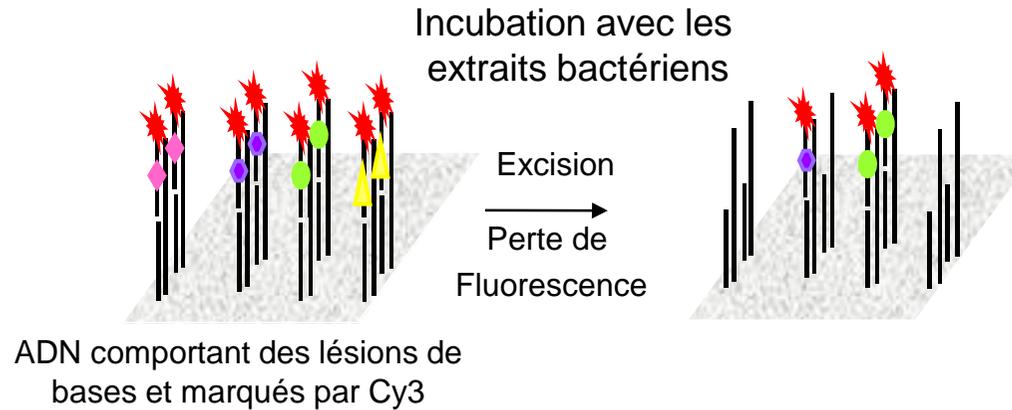
Mécanismes d'adaptation: les isolats de *Burkholderia* comme modèles



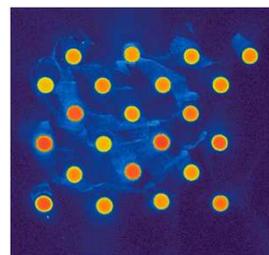
Différence des systèmes de réparation d'ADN ?

Mesure des activités Glycosylases/Lyases (Réparation par Excision de Bases)

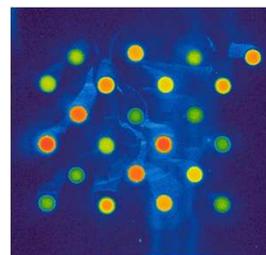
Projet en cours, coll. S. Sauvaigo



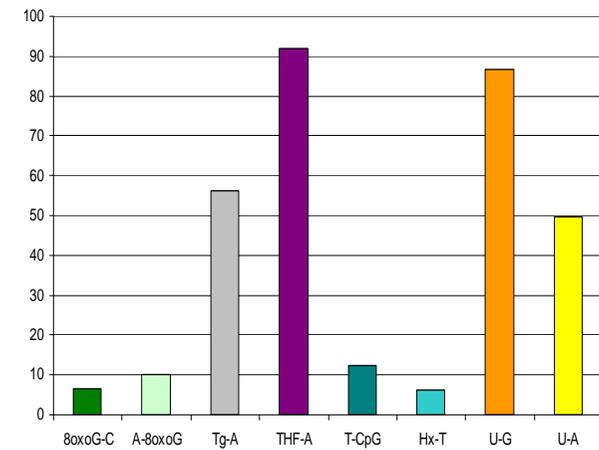
Quantification



contrôle



essai



Catherine Berthomieu, LIPM
Laurie Piette, LIPM
Nicolas Théodorakopoulos, LIPM/LRE

Laureline Février, IRSN Cadarache
Frédéric Coppin, IRSN Cadarache
Arnaud Martin-Garin, IRSN Cadarache

Claire Le-Hénaff, CNRS Bordeaux
Claire Sergeant, CNRS Bordeaux

Slava Levchuk, UIAR, Kiev
Membres de l'UIAR et de l'IGS



Financement: programme TRASSE

Наталі Ван Мей
Ванапа Проммаван
Клер Сержант
Лорі П"ете
Жан-Поль Годе
Жан-Поль Лоран
Арно Мартен-Гарен
Клер Ле Марек
Вірджинія Шапон
Олів'є Дієс Гонзалес
Бертран Томас
Т"єрі Лабаск
Корін Ле Галь Ла Саль
Жоель Ланселот