



**HAL**  
open science

## Développement d'outils microbiologiques et chimiques permettant d'identifier l'origine des pollutions fécales dans les eaux de baignades

A.M. Pourcher, E. Jardé, M.P. Caprais, Nathalie Wéry, Alain Jadas-Hécart, P.Y. Communal, R. Jaffrezic, R. Marti, S. Mieszkin, M. Derrien, et al.

### ► To cite this version:

A.M. Pourcher, E. Jardé, M.P. Caprais, Nathalie Wéry, Alain Jadas-Hécart, et al.. Développement d'outils microbiologiques et chimiques permettant d'identifier l'origine des pollutions fécales dans les eaux de baignades. Les rencontres scientifiques de l'ANSES, Dec 2010, Paris, France. 3 p. hal-00623084

**HAL Id: hal-00623084**

**<https://hal.science/hal-00623084v1>**

Submitted on 13 Sep 2011

**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.

## **Développement d'outils microbiologiques et chimiques permettant d'identifier l'origine des pollutions fécales dans les eaux de baignades**

A.M. Pourcher<sup>1\*</sup>, E. Jardé<sup>2</sup>, M.P. Caprais<sup>3</sup>, N. Wéry<sup>4</sup>, A. Jadas-Hécart<sup>5</sup>, P.Y. Communal<sup>5</sup>, A. Jaffrezic<sup>6</sup>, R.  
Marti<sup>1</sup>, S. Mieszkin<sup>3</sup>, M. Derrien<sup>2</sup>, O. Solecki<sup>1</sup>, L. Jeanneau<sup>2</sup>, M. Gourmelon<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Cemagref, Rennes, France

<sup>2</sup> CNRS Géosciences Rennes, France.

<sup>3</sup> Ifremer, EMP, Laboratoire de Microbiologie, Plouzané, France.

<sup>4</sup> INRA, Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement, Narbonne, France.

<sup>5</sup> Université d'Angers, France.

<sup>6</sup> INRA AgroCampus, Rennes, France.

\* Cemagref - 17 avenue de Cucillé - 35044 Rennes Cedex

[anne-marie.pourcher@cemagref.fr](mailto:anne-marie.pourcher@cemagref.fr)

## Résumé

La pollution organique issue des effluents d'élevage et des stations d'épuration urbaines conduit à un problème essentiel de santé publique lié à la contamination des eaux de surface où s'exercent des activités sensibles telles que la baignade. S'il est possible de déterminer les pollutions localisées liées à un dysfonctionnement des systèmes de traitement, il est beaucoup plus difficile d'identifier les pollutions organiques diffuses qui participent pourtant majoritairement à la dégradation de la qualité des eaux de surface. La problématique des pollutions diffuses est d'autant plus importante que la nouvelle réglementation européenne concernant les eaux de baignade (Directive 2006/7/CE) demande de constituer des profils de baignade qui nécessitent une identification et une hiérarchisation des sources de pollutions fécales.

Le dénombrement de *Escherichia coli* et des entérocoques intestinaux stipulé par les textes réglementaires européens, représente actuellement le seul outil analytique permettant la mise en évidence d'une contamination fécale du milieu aquatique, sans toutefois différencier l'origine humaine ou animale de cette contamination. Il est donc nécessaire de développer de nouvelles méthodes de détection de la pollution fécale qui puissent non seulement mettre en évidence une contamination mais aussi en indiquer l'origine. C'est d'ailleurs dans cet objectif que s'est développé depuis quelques années, le concept de "Microbial Source Tracking" ("Traceurs de Sources Microbiennes") qui consiste à identifier à l'aide de marqueurs microbiologiques ou chimiques les sources de pollutions fécales.

Dans ce contexte, six laboratoires de recherche se sont associés pour développer des techniques de traçage des contaminations fécales afin de proposer un outil opérationnel utilisable pour différencier les sources de pollution, de leur point d'émission jusqu'au milieu récepteur final que constituent les eaux de surface. Les marqueurs qui ont fait l'objet de cette étude sont des molécules chimiques naturelles (stéroïdes, caféine), des molécules de synthèse retrouvées dans les effluents de stations d'épuration ou des rapports de fluorescence de la matière organique ainsi que des micro-organismes (bactériophages, bactéries). A la suite des développements méthodologiques, plusieurs marqueurs ont été sélectionnés :

- bactéries appartenant aux groupes bactériens dominants du tractus intestinal humain (*Bifidobacterium adolescentis*) et porcin (*Lactobacillus amylovorus*) ;
- *Bacteroidales* spécifiques des humains, porcins et bovins (HF183, Pig-2-Bac, Rum-2-Bac);
- génogroupes humains des bactériophages F ARN spécifiques;
- rapports de stéroïdes : coprostanol/(24éthylcoprostanol+coprostanol) (R1) et sitostanol/coprostanol (R2);
- caféine, benzophénone et tri(2-chloroéthyl)phosphate (TCEP);

Des expériences de simulation de pluie réalisées sur des parcelles agricoles amendées avec du lisier de porc ou du fumier de bovin ont confirmé l'existence d'un transfert dans les eaux de ruissellement des indicateurs classiques (*E. coli* et entérocoques), des bactériophages, des marqueurs bactériens spécifiques (*L. amylovorus*, Pig-2-Bac et Rum-2-Bac) et des stéroïdes initialement présents dans les déjections animales.

Les marqueurs microbiologiques et chimiques ont également été recherchés dans des effluents traités de stations d'épuration ainsi que dans des rivières (Bretagne et Pays de la Loire). L'ensemble des résultats obtenus sur les expérimentations de simulation de pluie, ainsi que dans les eaux de surface ont été traités par

une analyse des correspondances multiples (figure 1). L'analyse statistique a permis de distinguer 5 groupes d'échantillons d'eaux (G1 à G5) caractérisés par différents marqueurs présentés dans le tableau 1.

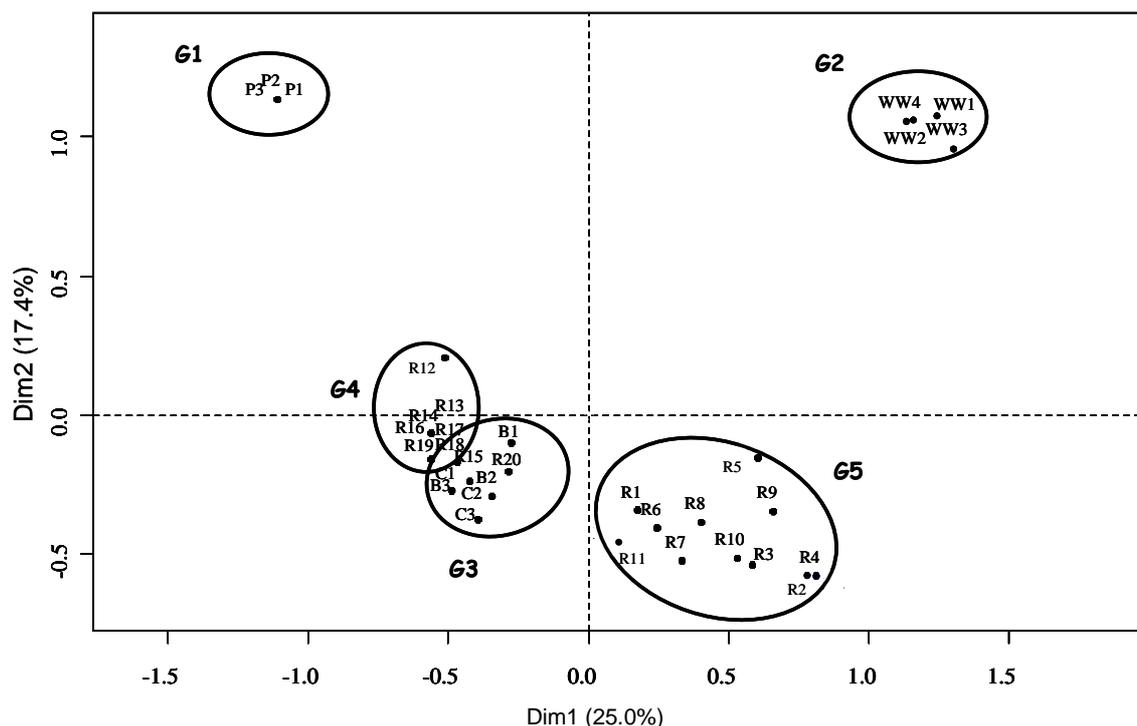


Figure 1 : Représentation des échantillons d'eaux contaminées par des effluents porcins (P), bovins (B et C) ou humains (WW) et des eaux de rivières (R).

Tableau 1 : Caractérisation des groupes obtenus par l'analyse des correspondances multiples

groupe	Caractéristiques des eaux	Marqueurs discriminants
G1	Eaux de ruissellement contaminées par du lisier de porc	<i>L. amylovorus</i> ; Pig-2-Bac ; R1 >55
G2	Effluents de stations d'épuration urbaines	HF183; <i>B. adolescentis</i> ; caféine; TCEP; benzophenone ; R2 <0,6
G3	Eaux de ruissellement et de rivière contaminées par des déjections bovines	Rum-2-Bac; R1 <50 ; R2 >1
G4	Eaux de rivières ( <i>E. coli</i> < 500/ 100 mL)	Caféine; 50<R1<55 ; R2<0,6
G5	Eaux de rivières ( <i>E. coli</i> > 10 <sup>3</sup> / 100 mL)	HF183, <i>B. adolescentis</i> ; Rum-2-Bac ; caféine

Les résultats montrent qu'en deçà d'une concentration de l'ordre de 500 *E. coli* / 100 mL, il est difficile d'identifier l'origine de la contamination fécale, en raison de la limite de détection des marqueurs. Lorsque les concentrations en *E. coli* sont plus importantes (> 10<sup>3</sup> / 100 mL), les marqueurs microbiologiques et chimiques les plus discriminants reportés dans le tableau 1, ont permis de différencier les eaux contaminées par des déjections bovines, porcines ou humaines.

En conclusion, utilisés conjointement, les marqueurs développés au cours de cette étude paraissent suffisamment spécifiques pour identifier l'origine des pollutions fécales et ainsi répondre au besoin croissant des acteurs de l'eau (DDASS, collectivités confrontées à la problématique des contaminations des eaux de baignade) de déterminer l'origine des pollutions du milieu aquatique.