



HAL
open science

Etude de la qualité microbiologique d'un espace littoral connaissant des pratiques de tourisme et de loisirs : la baie d'Aytré (Charente-Maritime, France)

Méry Ndione, Hélène Agogué, Tony Agion, Michael Treilles, Luc Vacher,
Hélène Montanié

► To cite this version:

Méry Ndione, Hélène Agogué, Tony Agion, Michael Treilles, Luc Vacher, et al.. Etude de la qualité microbiologique d'un espace littoral connaissant des pratiques de tourisme et de loisirs : la baie d'Aytré (Charente-Maritime, France). IXe Congrès de l'Association française d'écologie microbienne (AFEM), Nov 2019, Bussang, France. hal-03613605

HAL Id: hal-03613605

<https://hal.science/hal-03613605>

Submitted on 18 Mar 2022

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.

Etude de la qualité microbiologique d'un espace littoral connaissant des pratiques de tourisme et de loisirs : la baie d'Aytré (Charente-Maritime, France).

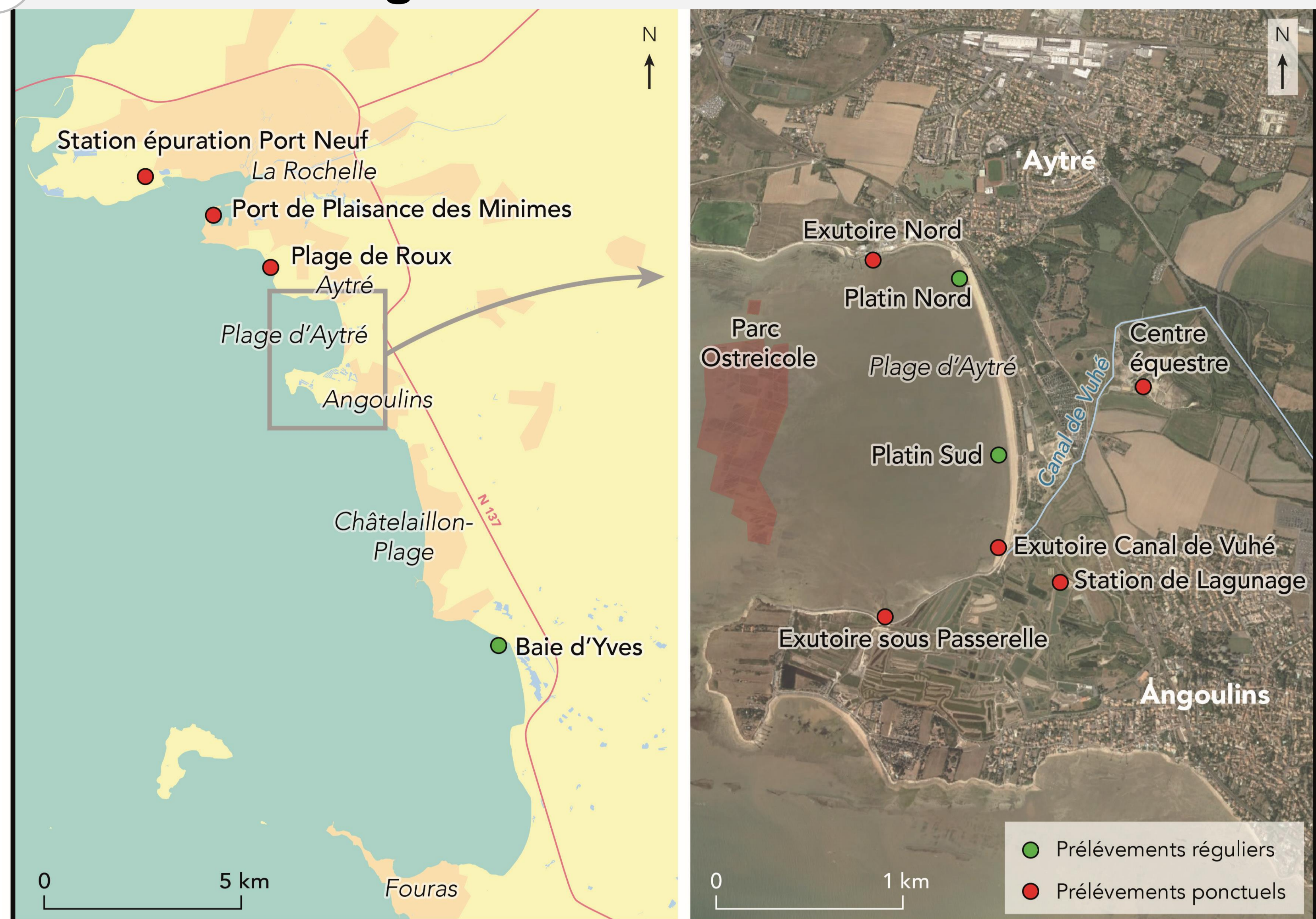
Contexte scientifique

La baie d'Aytré en Charente-Maritime est un écosystème côtier très fréquenté pour des activités récréatives diverses. Elle se situe dans une zone dont l'économie repose notamment sur le tourisme, l'ostréiculture... De plus, cette baie constitue une zone de repos pour quelques colonies d'oiseaux particulièrement durant la période estivale.

Dans un contexte de contamination microbiologique récurrente (plus de vingt ans) très marquée en entérocoques et en *Escherichia coli*, cette plage est interdite définitivement à la baignade depuis l'été 2018 (directive européenne 2006/7/EC).

Malgré des études et travaux d'aménagement réalisés sur ce site (exutoires d'eaux usées, station de pompage) et sur les marais avoisinants (lagunage d'eau pluviale) la qualité microbiologique de ces eaux de baignade n'a pas été améliorée et la(s) source(s) de cette contamination fécale reste(nt) à ce jour indéterminée(s).

? Quelle est l'origine de cette contamination fécale?



Localisation de la baie d'Aytré et sources potentielles de la contamination fécale

Echantillonnage

(1) Suivi sur une année de la qualité microbiologique de la baie d'Aytré (sur les deux points de baignade situés au Platin Nord et au Platin Sud)

(2) Effet de la topographie sur le niveau de contamination : comparaison avec la Baie d'Yves (zone témoin)

(3) Analyse des potentielles sources de cette contamination situées aux environs de la commune d'Aytré

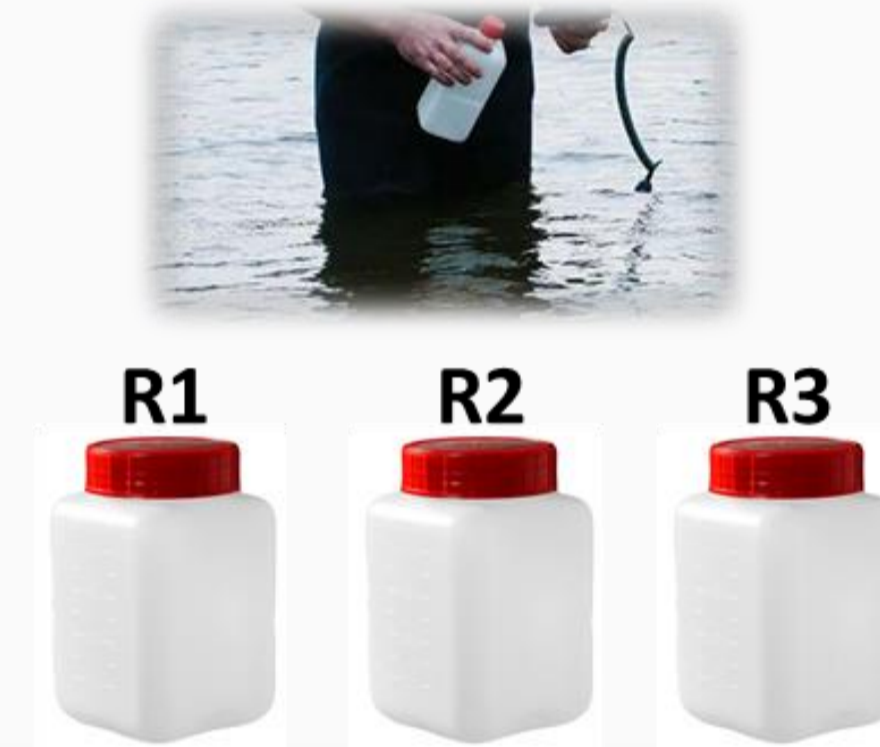
Lieu de prélèvements	Fréquences des prélèvements sur une année			
	Hiver (2019-2020)	Printemps (2019)	Été (2019)	Automne (2019)
Baie d'Aytré (Platin Nord et Sud)	8	8	20	10
Baie d'Yves	4	4	6	3
Sources potentielles	3		3	

Particularités :

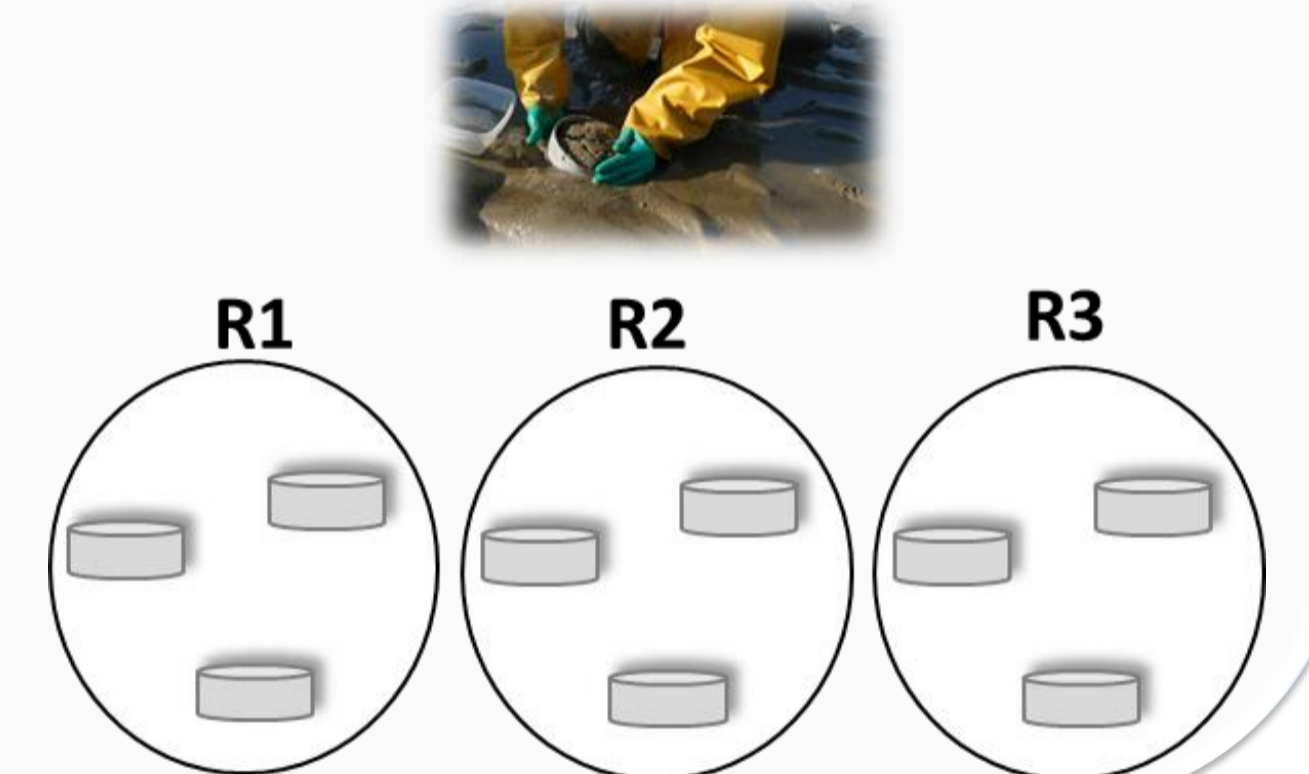
- Triplicats d'échantillonnage contrairement au suivi sanitaire

- Paramètres physico-chimiques et climatiques : température, salinité, pH, oxygène dissous, sels nutritifs (ammonium, phosphate, silicate, nitrate et nitrite), matière organique en suspension, matière organique dissous, Chlorophylle a ; pluviométrie, coefficient de marées, etc.

A marée haute
1m d'eau et prélever à 30cm de la surface



A marée basse
Carotte de 5cm de hauteur



Mise en place d'analyses combinées pour déterminer l'origine humaine ou non humaine des contaminants fécaux.

Niveau de contamination dans la colonne d'eau et dans le sédiment

Recherche de marqueurs cibles déterminant de l'origine d'une contamination fécale

Dynamique de ces microorganismes au sein de cet écosystème : structure des communautés microbiennes

i) Quantification des indicateurs normés

Microplaques – Méthodes normées

Eau {
- *E. coli* (NF EN ISO 9308-3)
- Entérocoques (NF EN ISO 7899-1)

Sédiment {
- *E. coli* (XP X33-019)
- Entérocoques NF EN ISO 7899-1

ii) Microbial Source Tracking

1) Création de modèles par spectrométrie de masse MALDI-TOF

Spectre protéique de souches *E. coli* et Entérocoques d'origine connue ↔ Analyses des isolats provenant des Echantillons

2) Détection de certains marqueurs cibles par qPCR

- Bactéroïdes
- Virus (humains, phages FARN-PH, CrAssphage)

3) Quantification de certains marqueurs chimiques

- stéroïdes, caféine, médicaments

iii) Abondance et diversité des communautés de microorganismes

Bactéries {
- Barcoding 16S ADN et ARN
- Cytométrie en flux

Virus {
- Random amplification of polymorphic DNA (RAPD)

Conclusion et perspectives

Cette étude permettra de déterminer les origines de la contamination fécale de la baie d'Aytré pour la mise en place de méthodes de remédiation adaptées et efficaces. Les outils développés au cours de ce travail permettront d'améliorer les stratégies de suivi sanitaire des eaux de baignade par l'utilisation de nouveaux indicateurs de qualité microbiologique.

[1] M. Gourmelon et al., 2010, "Development of microbial and chemical MST tools to identify the origin of the faecal pollution in bathing and shellfish harvesting waters in France", *Water Research*, pp. 1–13.

[2] A. Karkma et al., 2019, "Fecal pollution can explain antibiotic resistance gene abundances in anthropogenically impacted environments", *Nature Communications*, pp. 1–8.

Remerciements : Martine Bréret, Valérie Huet, Nicolas Lachaussée, Pascaline Ory, Philippe Pineau
Bureau d'étude du laboratoire Qualyse