

Centre Eau Terre Environnement

## **Brunissement des eaux nordiques : Implications pour la qualité microbiologique de l'eau potable**

Réalisé par :

Marie-Ange Moisan

Mémoire présenté pour l'obtention du grade

Maître ès Sciences (M.Sc.)

en sciences de l'eau

Président du jury et  
examineur interne

Geneviève Bordeleau  
Institut national de la recherche scientifique

Examineur externe

Catherine Girard  
Département des sciences fondamentales  
Université du Québec à Chicoutimi

Directeur de recherche

Jérôme Comte  
Institut national de la recherche scientifique

Codirecteur de recherche

Isabelle Laurion  
Institut national de la recherche scientifique

## Remerciements

Nous remercions les communautés participantes dont les données proviennent et pour avoir travaillé sur leur territoire et les personnes qui ont réalisé l'échantillonnage dont Tim A. Soucie (Pond Inlet), Daniel Jackson (Renewable Resource Council, Fort Good Hope), Elise Imbeau (Vivitem, Cambridge Bay), Véronique Dubos (INRS), ainsi que Stéphanie Guilherme et son groupe de recherche (U. Ottawa) qui ont permis l'échantillonnage au Nunavik; nos collaborateurs François Guillemette et son équipe pour la réalisation des analyses de MOD et son support dans l'interprétation des données, Alexander Culley et son équipe pour leur support dans les analyses virales, et Herb Schellhorn, Faizan Saleem et Thomas Edge (McMaster University) pour la réalisation des analyses d'entérobactéries et de *Microbial source tracking*; le centre Integrated Microbiome Research de l'Université de Dalhousie, l'UdeM et l'équipe de Manuel Rodriguez (U. Laval) impliqués dans les analyses; nos partenaires Environnement et Changements Climatiques Canada et ArctiConnexion; et les financeurs du projet Fonds Nouvelles frontières en recherche et le CRSNG. Je tiens aussi à remercier Geneviève Bordeleau (INRS) et Catherine Girard (UQAC) pour leur précieuse contribution au manuscrit. Je remercie également mes directeurs de recherche Jérôme Comte et Isabelle Laurion pour avoir rendu le projet possible et pour leur support et contributions dans les manuscrits et les présentations orales du projet, ainsi que mes collègues des groupes de recherche Comte et Laurion pour leur support, et particulièrement Camilo A. Herrera et Charis Wong pour leur aide au laboratoire lors des réceptions d'échantillons.

## Résumé

Le brunissement des eaux de surface dans le Nord est causé par une augmentation des apports de matière organique terrestre dans les écosystèmes aquatiques en raison d'une intensification du cycle hydrologique, des changements de productivité terrestre et du dégel du pergélisol. Le brunissement et le réchauffement des eaux de surface peuvent causer des changements majeurs dans le fonctionnement des écosystèmes aquatiques et pourraient favoriser certains microorganismes dont les cyanobactéries toxiques. Le dégel du pergélisol peut aussi relarguer des microbes et pathogènes du sol dans les écosystèmes aquatiques. Collectivement, ces changements représentent des risques pour la qualité de l'eau potable dans les communautés nordiques. L'objectif de mon projet était d'évaluer les implications du brunissement sur la qualité de l'eau potable en étudiant la composition microbienne le long du système d'approvisionnement en eau potable (de la source au robinet) et sa relation avec la matière organique dissoute (MOD), ainsi que d'étudier expérimentalement l'effet spécifique du brunissement sur les communautés bactériennes d'une source d'eau potable. Nous avons observé que la composition microbienne des sources d'eau potable variait spatialement et temporellement avec les changements de conditions de MOD. De plus, l'expérience a montré l'effet du brunissement sur la composition de la MOD et sur la qualité microbiologique de la source d'eau potable lorsque le pergélisol est impliqué. Nous avons aussi observé une réduction de la diversité bactérienne alpha avec le traitement de l'eau et un changement des communautés bactériennes entre la source et le robinet où des taxa de biofilms ont été identifiés. Les assemblages bactériens des eaux traitées étaient plus hétérogènes que ceux des eaux brutes à travers les 8 régions d'étude, ce qui suggère une hétérogénéité de conditions dans les eaux traitées. Nous avons aussi identifié des séquences d'ADN associées à des genres pathogènes et des cyanobactéries qui pourraient être utilisés comme indicateurs de qualité microbiologique des systèmes d'eau potable nordiques.

Mots clés : Changement climatique, Brunissement, Écosystèmes aquatiques nordiques, Qualité microbiologique de l'eau potable

## **Abstract**

Northern water browning is caused by the increasing input of terrestrial organic matter in aquatic ecosystems through hydrological intensification, changes in terrestrial productivity, and permafrost thawing. Browning and warming of surface waters can cause major changes in the functioning of aquatic ecosystems and may favor certain microorganisms such as toxic cyanobacteria. Thawing permafrost may also release microbes and pathogens previously trapped in soils into aquatic ecosystems. Collectively, these changes represent risks for drinking water quality in northern communities. We aimed to evaluate the implications of browning on drinking water quality by assessing the microbial composition along the drinking water supply system (from source to tap) and explore its relationship with dissolved organic matter (DOM). We also aimed to experimentally assess the specific effect of browning on the bacterial community of a northern drinking water source. Our study showed that the bacterial composition of drinking water sources varied spatially and temporally with the change of the environmental conditions, particularly with the DOM composition. The experiment showed that browning modified the DOM and microbiological quality of the drinking water source when permafrost was involved. We also observed a reduction in alpha bacterial diversity with water treatment and a change in bacterial communities between source and tap where biofilm taxa were identified. Moreover, bacterial assemblages of treated waters were more heterogeneous than those of raw waters across the 8 study regions, suggesting heterogeneous conditions in treated waters. We also identified DNA sequences associated with pathogen genera and cyanobacteria that could be used as indicators of microbiological quality in northern drinking water systems.

**Keywords:** Climate Change, Browning, Northern Freshwater Ecosystems, Microbiological Quality of Drinking Water

## Table des matières

<b>1. Introduction</b>	<b>1</b>
<b>2. Contexte de l'étude</b>	<b>5</b>
2.1. Le brunissement des eaux de surface nordiques	5
2.2. Les contaminants relargués	7
2.3. Les sous-produits de désinfection et l'élimination des pathogènes	8
2.4. Les cyanobactéries et cyanotoxines	8
2.5. Implications du brunissement pour la qualité microbiologique de l'eau	10
2.6. Apports de microbes allochtones	12
2.7. Concept de la qualité de l'eau potable	13
2.8. Études de la qualité microbiologique de l'eau potable de communautés nordiques	14
2.9. Qualité de l'eau potable en contexte autochtone et perspectives des suivis de qualité de l'eau	15
<b>3. Problématique et objectifs</b>	<b>17</b>
<b>4. Méthodologie</b>	<b>19</b>
4.1. Caractérisation de la qualité microbiologique de l'eau de la source au robinet	19
4.1.1. Échantillonnage	19
4.1.2. Description des sites d'étude	21
4.1.3. Caractéristiques chimiques de l'eau	24
4.1.4. Préparation des échantillons	25
4.1.5. Abondance bactérienne	25
4.1.6. Composition bactérienne	25
4.1.7. Composition de la MOD fluorescente	28
4.1.8. Identification d'entérobactéries dans les sources d'approvisionnement	31
4.1.9. Composition virale	32
4.2. Test expérimental de simulation du processus de brunissement	33
4.3. Test sur l'influence des délais de filtration sur la composition microbienne	35
<b>5. Résultats</b>	<b>36</b>
5.1 Abondance bactérienne de l'eau des systèmes d'approvisionnement en eau potable	36
5.2 Composition bactérienne des systèmes d'approvisionnement en eau potable	39
5.2.1. Diversité alpha	39
5.2.2. Effet du traitement de l'eau sur la composition bactérienne	42
5.2.3. Effet de l'année d'échantillonnage sur la composition bactérienne	42

5.2.4. Effet du mois d'échantillonnage sur la composition bactérienne.....	43
5.2.5. Effet de la communauté et de la région nordique sur la composition bactérienne .....	44
5.2.6. Effet du point d'échantillonnage sur la composition bactérienne.....	46
5.2.7. Effet des variables environnementales sur la composition bactérienne .....	47
5.2.8. Effet de la composition de la MOD fluorescente sur la composition bactérienne .....	49
5.3. Portrait de la composition bactérienne au niveau taxonomique de la classe et du genre bactérien .....	55
5.3.1. Variabilité spatiale et temporelle des communautés bactériennes .....	55
5.3.2 Variabilité des communautés bactériennes dans les systèmes d'approvisionnement : Effet du traitement et du point d'échantillonnage.....	58
5.4. Identification de microorganismes nocifs dans les systèmes d'eau potable .....	62
5.4.1 Identification d'ASVs taxonomiquement associés à des pathogènes.....	62
5.4.2 Identification d'entérobactéries dans les sources d'eau potable .....	63
5.5. Réponse des communautés bactériennes au brunissement .....	65
5.5.1. Diversité bactérienne alpha .....	66
5.5.2. Composition bactérienne et variables explicatives.....	67
5.5.3. Composition bactérienne au niveau taxonomique de la classe et du genre .....	71
5.5.4. Comparaison de la composition bactérienne de la source au jour 0 et à 28 jours d'incubation.....	74
5.6. Expérience sur les délais de filtration sur l'eau du lac St-Charles .....	75
<b>6. Discussion .....</b>	<b>77</b>
6.1. Abondance bactérienne .....	77
6.2. Composition bactérienne des systèmes d'approvisionnement en eau potable nordiques.....	79
6.2.1. Diversité bactérienne alpha et beta .....	79
6.2.2. Variabilité temporelle et spatiale des communautés bactériennes .....	81
6.2.3. Composition bactérienne et traitement de l'eau.....	82
6.2.4. Présence de cyanobactéries dans les sources d'approvisionnement .....	86
6.2.5. Bactéries entériques dans les sources d'eau potable .....	88
6.2.6. Perspectives du suivi microbiologique: Détection de pathogènes et microorganismes nocifs pour la santé.....	91
6.2.7. Perspectives du suivi microbiologique : Contrôle des biais potentiels .....	95
6.2.8. Perspectives du suivi microbiologique : Analyses virales.....	96
<b>7. Conclusion.....</b>	<b>101</b>
<b>8. Bibliographie.....</b>	<b>105</b>

## Liste des tableaux

Tableau 1. Mois auxquels les campagnes d'échantillonnage ont été réalisées dans les communautés participantes pendant l'étude (2019-2021) .....	21
Tableau 2. Tableau décrivant les sources principales (SW) et sources alternatives (AW) échantillonnées	21
Tableau 3. Détails des étapes de traitement de l'eau réalisées dans les différentes communautés.....	24
Tableau 4. Résultats de l'analyse envfit sur l'ordination des données d'eaux naturelles et traitées de 2019 .....	48
Tableau 5. Résultats de l'analyse envfit sur l'ordination des données des eaux naturelles et traitées de 2019-2021 pour les variables environnementales incluant les métaux. ....	49
Tableau 6. Résultats des analyses Envfit pour les corrélations avec la MOD fluorescente .....	50
Tableau 7. Résultats des analyses Mantel montrant la relation entre la composition bactérienne des eaux naturelles et traitées avec les variables environnementales, indices de composition de la composition de la MOD fluorescente et composés du modèle PARAFAC.....	51
Tableau 8. Résultats des PCR quantitatives pour la détection des entérocoques et du suivi des sources microbiennes de contamination fécale par PCR digitales.....	64
Tableau 9. Résultats des tests Mantel de la relation avec les variables environnementales et de composition de la MOD pour la composition bactérienne de l'eau de l'expérience de brunissement. ....	71

## Liste des figures

Figure 1. Schéma du système d’approvisionnement en eau potable par camion-citerne utilisé dans certaines communautés.....	4
Figure 2. Schéma résumant les objectifs et les hypothèses de recherche. ....	19
Figure 3. Localisation des communautés nordiques où se sont déroulées les campagnes d’échantillonnage de 2019-2021.....	20
Figure 4. Matrices tridimensionnelles d’excitation/émission des 6 composés découlant du modèle PARAFAC.....	30
Figure 5. Schéma résumant l’expérience de brunissement. ....	35
Figure 6. Abondance bactérienne moyenne de l’eau échantillonnée le long du système d’approvisionnement des communautés entre 2019 et 2021.....	39
Figure 7. Diversité bactérienne alpha, mesurée selon l’indice Simpson et Shannon, selon le type d’eau (naturelle ou traitée) pour les villages nordiques échantillonnées entre 2019 et 2021.....	40
Figure 8. Diversité bactérienne alpha, mesurée selon l’indice Simpson et Shannon, de l’eau selon le point d’échantillonnage pour les communautés nordiques échantillonnées entre 2019 et 2021. ....	40
Figure 9. Dispersion des échantillons d’eau naturelle et traitée en relation avec les espèces. ....	41
Figure 10. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques échantillonnés entre 2019 et 2021 présentant la variabilité des communautés bactériennes selon le type d’eau (traitée ou naturelle). ....	42
Figure 11. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques avec un échantillonnage réalisé pour plus d’une année, présentant la variabilité temporelle interannuelle des communautés bactériennes (eaux naturelles et traitées). ....	43
Figure 12. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques avec une fréquence d’échantillonnage >1 pour 2021, présentant la variabilité temporelle intra-annuelle des communautés bactériennes de l’eau (eaux naturelles et traitées). ....	44
Figure 13. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques récoltés entre 2019 et 2021 présentant la variabilité spatiale des communautés bactériennes.....	45
Figure 14. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques récoltés entre 2019 et 2021 présentant la variabilité spatiale des communautés bactériennes en fonction de la région (Nunavut, Nunavut, Territoires du Nord-Ouest). ....	45
Figure 15. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons d’eau traitée de Kangiqsualujuaq en 2021 présentant la variabilité des communautés bactériennes selon le point d’échantillonnage.....	46
Figure 16. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons d’eau traitée de Mittimatalik en 2021 présentant la variabilité des communautés bactériennes selon le point d’échantillonnage.....	47
Figure 17. Ordination NMDS sur les échantillons d’eau naturelle de 2019 avec la distance Bray Curtis et vecteurs représentant les résultats de l’analyse Envfit pour les variables environnementales.....	48
Figure 18. Ordination NMDS sur les échantillons d’eau traitée de 2019 avec la distance Bray Curtis et vecteurs représentant les résultats de l’analyse Envfit pour les variables environnementales et de la chimie de l’eau. ....	48
Figure 19. Ordination NMDS sur les échantillons d’eau naturelle de 2019 et 2021 avec la dissimilarité Bray Curtis et vecteurs réalisés à partir de l’analyse Envfit pour les variables chimie de l’eau (métaux et nutriments) et de composition de MOD fluorescente.....	50

Figure 20. Analyse de composante principale basée sur la composition de la MOD fluorescente de l'eau montrant la variabilité spatiale selon les communautés nordiques.....	52
Figure 21. Analyse de composante principale basée sur la composition de la MOD fluorescente de l'eau des systèmes d'approvisionnement en eau potable des communautés du Nunavut montrant la variabilité selon le type d'eau (A) et la communauté (B).....	54
Figure 22. Communautés bactériennes (16S) au niveau taxonomique du genre bactérien des sources d'eau potable échantillonnées en 2019 (A) et 2021 (B).....	57
Figure 23. Communautés bactériennes (16S) au niveau taxonomique de la classe bactérienne des différents points d'échantillonnage dans le système d'approvisionnement en eau potable de la communauté Mittimatalik en juillet 2019 (A) et en avril et août 2021 (B).....	59
Figure 24. Communautés bactériennes (16S) au niveau du genre bactérien des différents points d'échantillonnage dans le système d'approvisionnement en eau potable de la communauté Mittimatalik en juillet 2019 (A) et avril et août 2021 (B). ....	61
Figure 25. Diversité bactérienne alpha (indices Shannon et Simpson) de la source pour les échantillons témoins et les traitements par ajout de MOD de couche active et de pergélisol de l'expérience de brunissement.....	66
Figure 26. Dispersion par rapport au centroïde (diversité bêta) des échantillons de l'eau avec ajout de MOD de couche active et de pergélisol. ....	67
Figure 27. Ordination NMDS sur les échantillons de l'expérience de brunissement de la composition bactérienne des témoins et des différents traitements au jour 28 d'incubation avec la distance Bray Curtis. ....	68
Figure 28. Analyse de composantes principales montrant la variance, expliquée par la PC1 et la PC2, des échantillons en termes de composition en MOD de l'eau selon le brunissement (avec apports de MOD de pergélisol, de couche active ou sans brunissement généré). ....	70
Figure 29. Communautés bactériennes (16S) au niveau taxonomique de la classe (A) et du genre bactérien (B) de l'eau de source pour les témoins et les traitements avec ajout de lixiviat de couche active et de pergélisol au jour 28 d'incubation. ....	73
Figure 30. Diversité bactérienne alpha (indices Shannon et Simpson) de l'eau de source utilisée pour l'expérience de brunissement au jour 0 et après 28 jours d'incubation ....	74
Figure 31. Communautés bactériennes (16S) au niveau phylogénétique de la classe et du genre pour l'eau de source utilisée pour l'expérience de brunissement au temps 0 et à 28 jours d'incubation. ....	75
Figure 32. Diversité bactérienne alpha, décrites par les indices Shannon et Simpson, de l'eau du lac Saint-Charles lorsque la filtration est réalisée le jour de l'échantillonnage, avec un délai de 3 jours et avec un délai de 7 jours .....	76
Figure 33. Diversité bêta de l'eau du lac Saint-Charles lorsque la filtration est réalisée le jour de l'échantillonnage, avec un délai de 3 jours et avec un délai de 7 jours.....	76



## 1. Introduction

L'approvisionnement en eau potable en quantité suffisante et de bonne qualité est un enjeu actuel en milieu nordique, où de nombreuses communautés rencontrent une difficulté à accéder à une eau saine (Medeiros et al. 2017). Par exemple, les systèmes d'approvisionnement en eau potable et les politiques de gestion de l'eau nordiques ne permettent pas toujours de répondre à la demande domestique, notamment en raison du manque d'estimations quant aux besoins en volumes d'eau au sein des différentes communautés ou encore en raison de débits de pompage insuffisants, et de répondre efficacement aux crises de l'eau telles les pénuries d'eau potable résultant des bris d'équipement ou d'un manque d'eau à la source en raison des conditions climatiques (Medeiros et al. 2017). De plus, beaucoup de problématiques de gestion de l'eau potable en milieu nordique découlent d'un manque d'inclusion des autochtones (Medeiros et al. 2017).

En région nordique, le processus d'approvisionnement en eau potable consiste généralement au pompage de l'eau d'une source d'approvisionnement de surface, son traitement par chloration, sa distribution par camion-citerne aux habitations et son entreposage dans les réservoirs (Figure 1), bien que des étapes supplémentaires de traitement soient réalisées dans plusieurs communautés et que certaines communautés soient aussi approvisionnées par un système de distribution d'eau potable par conduites. Précisément, dans l'Inuit Nunangat, qui représente 51 communautés à travers la région Inuvialuit (Territoires du Nord-Ouest), le Nunavut, le Nunavik (Nord du Québec) et le Nunatsiavut (Nord du Labrador), 41 communautés sont approvisionnées exclusivement par un système de distribution par camion-citerne, alors que 2 communautés (c.-à-d. Iqaluit et Rankin Inlet, Nunavut) sont aussi approvisionnées par un système de distribution par conduites, 5 communautés (c.-à-d. Inuvik, Territoires du Nord-Ouest; Kuujjuarapik, Nunavik; Resolute Bay, Nunavut; Nain et Hopedale, Terre-Neuve et Labrador) sont exclusivement approvisionnées par un système de distribution par conduites et 3 communautés Nunatsiavut (c.-à-d. Makkovik, Rigolet et Postville) par une combinaison d'un système de

distribution par conduites et d'un système de traitement d'eau à petite échelle (c.-à-d. des unités de distribution d'eau potable) (ITK 2020). Dans plusieurs communautés, les gestionnaires de l'eau offrent également un point d'eau filtrée à la sortie des usines de traitement ou autres lieux publics. Le traitement par chloration, visant spécifiquement à inactiver les bactéries, ne permet pas de traiter d'autres composantes pouvant affecter la qualité de l'eau potable telle que la présence de cyanotoxines, la turbidité trop élevée et la présence de métaux (Medeiros et al. 2017). Par exemple, l'étude de Gora et al. (2020) a montré que la turbidité de l'eau entre la source et le robinet ne différait pas pour la communauté de Mittimatalik au Nunavut, qui utilise un système d'approvisionnement en eau potable décentralisé par camion-citerne et traite son eau par chloration. De plus, les systèmes d'approvisionnement en eau potable du Nord sont particulièrement vulnérables à la contamination microbienne et chimique (Medeiros et al. 2017). Par exemple, étant donné les coûts élevés de transport et d'élimination des déchets dangereux, ils sont entreposés dans des aires ouvertes souvent à proximité des cours d'eau, ce qui présente un risque de contamination des sources d'eau potable. Plusieurs communautés du Nunavut où la qualité de l'eau ne respectait pas toujours les recommandations de Santé Canada pour les paramètres de qualité de l'eau ont été identifiées entre 2010 et 2014, incluant Qamani'tuaq (*E. coli*, coliformes totaux et turbidité), Cambridge Bay (turbidité, Fer), Taloyoak (turbidité) et Mittimatalik (coliformes totaux) (Medeiros et al. 2017).

En ce qui a trait à la contamination microbiologique, la formation de biofilms dans les réservoirs des habitations est particulièrement préoccupante (Martin et al. 2007). L'étude de Wingender et Flemming (2011) met de l'avant le rôle de la formation de biofilms dans l'attachement de groupes bactériens pathogènes, notamment des bactéries fécales (p. ex. *E. coli*), des bactéries opportunistes environnementales (p. ex. *Legionella* spp., *Pseudomonas aeruginosa*), des virus entériques (p. ex. adénovirus, rotavirus, norovirus) et des protozoaires parasites (p. ex. *Cryptosporidium parvum*). L'entreposage d'eau dans les réservoirs d'habitation, favorable à la formation de biofilms, présente donc

un potentiel de contamination microbienne de l'eau consommée avec des risques pour la santé des communautés. L'étude de Farenhorst et al. (2016), réalisée dans la communauté Island Lake dans le Nord-est du Manitoba, a montré la vulnérabilité des systèmes d'approvisionnement en eau potable par camion-citerne à la formation de biofilms, la re-croissance bactérienne et la contamination par des pathogènes fécaux.

Plusieurs maladies auxquelles les communautés du Nunavik sont confrontées sont d'origine hydrique, c'est-à-dire qu'elles résultent d'un contact avec l'eau ou de son ingestion (Messier et al. 2007). L'étude de Wright et al. (2018) révèle une fréquence élevée de problèmes gastrointestinaux chez la communauté nordique de Rigolet du Nunatsiavut et discute des risques d'exposition aux pathogènes hydriques en lien avec la manipulation des réservoirs chez les particuliers. Par ailleurs, l'utilisation de sources alternatives d'eau non traitée directement des lacs, des rivières, de la neige et de la glace dans les communautés nordiques comporte des risques d'exposition à certains pathogènes (Martin et al. 2007). Toutefois la chloration de l'eau, typiquement employée dans le Nord pour inactiver les pathogènes, n'est pas sans risque pour la santé puisqu'elle peut être associée à la formation de sous-produits de désinfection (SPDs) carcinogènes (Cortes et Marcos 2018, Villanueva et al. 2007). Des communautés du Nunavik ont aussi rapporté qu'elles faisaient face à des problèmes de qualité de l'eau à la source notamment au niveau de son goût, particulièrement durant certaines périodes critiques de l'année, soit au printemps lors du détachement des glaces et à l'automne lors de la migration des caribous où les troubles gastrointestinaux étaient plus fréquents (Martin et al. 2007).

Ces problèmes d'approvisionnement en eau potable risquent d'être exacerbés par les pressions cumulatives et grandissantes sur les sources d'eau potable qu'engendrent les changements climatiques et le développement du Nord, incluant le secteur minier qui représente une source potentielle de contamination de l'eau (Medeiros et al. 2017). Les communautés du Nunavik connaissent des étés plus chauds avec moins de précipitations, une baisse du niveau des lacs, une réduction du débit des rivières,

l'assèchement des petits lacs et rivières, ainsi qu'une turbidité plus importante et une détérioration de la qualité de l'eau brute (Martin et al. 2007). Plusieurs études évoquent combien les lacs arctiques sont particulièrement vulnérables aux changements de précipitations, de température et au dégel du pergélisol, qui risquent de réduire la quantité d'eau disponible pour les communautés nordiques qui s'approvisionnent surtout dans les eaux de surface. L'évaporation augmente en période estivale avec la hausse des températures, alors que l'allongement de la saison libre de glace augmente les échanges à l'interface air-eau, deux facteurs qui constituent un stress hydrique pour les lacs arctiques (Prowse et al. 2006, Bouchard et al. 2013). Le drainage de petits lacs nordiques a aussi été associé à l'augmentation de l'infiltration de l'eau avec le dégel du pergélisol (Medeiros et al. 2017). En contexte de changements climatiques, Bakaic et al. (2017, 2018) mettent de l'avant l'importance d'un suivi hydrique des sources d'approvisionnement en eau potable pour les communautés nordiques pour éviter la pénurie en eau potable. C'est d'autant plus important avec l'approvisionnement parfois saisonnier ou temporaire lorsqu'il dépend d'une seule source ou d'un petit lac peu profond.

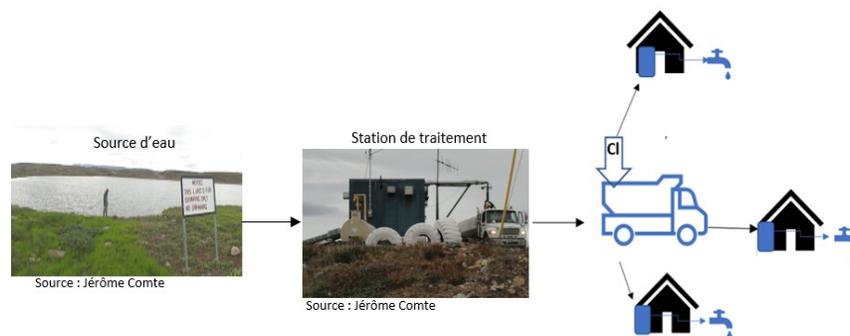


Figure 1. Schéma du système d'approvisionnement en eau potable par camion-citerne utilisé dans certaines communautés

## **2. Contexte de l'étude**

### 2.1. Le brunissement des eaux de surface nordiques

Le brunissement des eaux de surface consiste en un changement des propriétés optiques de l'eau (couleur), résultant de l'augmentation des apports de matière organique terrestre dans les écosystèmes aquatiques (Creed et al. 2018). Dans le Nord, le brunissement est le produit du réchauffement climatique, de la dégradation du pergélisol, de l'intensification hydrologique, du changement de la productivité terrestre et du déclin des dépôts atmosphériques acides (Creed et al. 2018). Par exemple, avec le dégel du pergélisol, à mesure que la couche active du sol (couche qui dégèle de façon saisonnière) s'approfondit, de nouvelles voies d'écoulement se développent et favorisent l'altération géochimique et le relargage de nutriments, augmentant la charge de nutriments et de sédiments terrestres dans les écosystèmes lacustres (Prowse et al. 2006). En conséquence, les concentrations de matière organique dissoute (MOD) terrestre augmentent et la composition et les propriétés de la MOD, incluant sa photo labilité et sa bio labilité, changent dans les écosystèmes aquatiques (Creed et al. 2018). Par exemple, Woods et al. (2011) ont observé que la MOD d'un lac du haut Arctique ayant reçu des apports de MOD de couche active à la suite de son détachement, était plus bio-labile et photo-labile, c'est-à-dire qu'elle est plus facilement dégradée par les microorganismes et par la lumière, que celle des lacs dont le bassin versant n'était pas perturbé. La MOD relarguée est un mélange de composés organiques solubles (Fellman et al. 2010) et contient, entre autres, du carbone, des macronutriments (p. ex. azote et phosphore) et des micronutriments (p. ex. fer), des toxines et des contaminants (Creed et al. 2018). L'étude de Wauthy et al. (2017) révèle une dominance croissante du carbone organique d'origine terrestre dans les écosystèmes d'eau douce nordiques lorsque le dégel du pergélisol est en cours dans les bassins versants. Les lacs nordiques sont particulièrement vulnérables au brunissement étant donné la charge élevée et l'interaction MOD-fer dans la facilitation du transport de la MOD par ruissellement du sol vers les écosystèmes lacustres (Creed et al. 2018).

Considérant la variabilité spatiale des stocks de carbone organique du sol dans le Nord (Hugelius et al. 2014), et de l'approfondissement de la couche active du sol avec le réchauffement du climat (Paquin et Sushama 2015), le processus de brunissement pourrait différer d'une communauté à l'autre, selon la région et les conditions spécifiques du bassin versant des sources d'approvisionnement en eau potable. L'étude de Campeau et al. (2014) a montré une variabilité des réserves de carbone organique du sol à la fine échelle du paysage Arctique. L'étude de Fouché et al. (2020) montre aussi une variabilité spatiale des réserves de carbone du pergélisol; le pergélisol de type organique contiendrait 5 à 7 fois plus de carbone organique que le pergélisol de type minéral. De plus, cette étude montre que la MOD issue du pergélisol a un fort potentiel de biodégradation en raison de son faible poids moléculaire et de sa faible aromaticité, contrairement à la MOD issue des forêts boréales. La biodégradabilité élevée de la MOD du pergélisol viendrait de sa composition moléculaire particulière avec des teneurs élevées en composés aliphatiques et un contenu plus riche en molécules de faible poids moléculaire, saturées et moins oxydées, qui augmenteraient davantage avec la profondeur du pergélisol (Xenopoulos et al. 2021, Drake et al. 2015, Spencer et al. 2015, Ward et Cory 2015, Ewing et al. 2015, Heslop et al. 2019). Les différences dans l'étendue du pergélisol et dans le stade et la trajectoire de dégradation du pergélisol des régions nordiques (Cai et al. 2020) créeront vraisemblablement différents contextes de brunissement des eaux de surface. Les variations régionales dans la composition et la quantité de MOD dans les écosystèmes lacustres dépendraient des conditions locales du sol (composition organique et inorganique), de l'étendue du pergélisol (continu ou discontinu), de son contenu en glace et de la topographie du paysage, des facteurs qui peuvent tous influencer les apports terrestres vers les systèmes aquatiques (Vonk et al. 2015, Tank et al. 2020). Ainsi, un simple approfondissement de la couche active du sol (*press disturbance*) est susceptible de favoriser le relargage de matière soluble (nutriments, cations, COD), alors qu'un dégel abrupt (*pulse disturbance*) impliquant une érosion thermokarstique relarguerait préférentiellement la matière particulaire (causant une hausse de turbidité) (Vonk et al. 2015). Certaines

études ont montré que le carbone de ces particules érodées peut être plus récalcitrant à la biodégradation (Shakil et al. 2020) et que la MOD peut s'y adsorber dépendant de la nature des particules érodées, puis sédimenter vers le fond (Vonk et al. 2015, Kokelj et al. 2005) causant cette fois un déclin de la MOD.

Le type de couvert végétal et les changements de productivité terrestre, aussi influencés par l'étendue du pergélisol (continu ou discontinu), peuvent modifier la dynamique du carbone du pergélisol (Loranty et al. 2016). Coch et al. (2019) ont aussi identifié que les changements de la quantité et de la qualité de la MOD des eaux de surface dans l'Arctique étaient directement liés aux différences du couvert végétal et du contenu en carbone du sol. Le phénomène de verdissement de l'Arctique (c.-à-d. une augmentation de la productivité et de la biomasse végétale et un changement du couvert végétal associés au réchauffement de l'air et à la saison de croissance prolongée) est observé depuis quelques années (Berner et al. 2020, Ju and Masek 2016, Edwards and Treitz 2017). Ainsi, le brunissement des eaux pourra varier spatialement en fonction des changements dans la productivité primaire terrestre.

## 2.2. Les contaminants relargués

L'érosion accélérée des sols subarctiques et arctiques et l'augmentation de la connectivité entre les systèmes terrestres et aquatiques résultant de la modification des flux hydriques et de l'augmentation du ruissellement ne causent pas seulement un apport accru de MOD terrestre, mais également de certains contaminants entreposés dans le pergélisol (Prowse et al. 2006, Vonk et al. 2015). Le mercure stocké dans le pergélisol de l'hémisphère Nord depuis des milliers d'années, estimé à  $793 \pm 461$  Gg, risque d'être relargué au cours du prochain siècle et représente un potentiel d'apport important vers les systèmes aquatiques (Schuster et al. 2018). D'autres métaux (p. ex. fer, manganèse, nickel, zinc, aluminium et plomb) et l'arsenic contenus dans le pergélisol risquent d'être relargués dans les écosystèmes aquatiques (Perryman et al. 2020, Loiko et al. 2017, Antcibor et al. 2014, Yu et al. 2019). La barrière exercée par les sols gelés sur l'infiltration et la mobilisation des contaminants risque fort d'être

perturbée avec son dégel, ce qui pourrait constituer une menace émergente pour la qualité de l'eau potable en contexte nordique.

### 2.3. Les sous-produits de désinfection et l'élimination des pathogènes

L'interaction de la MOD avec le chlore, typiquement utilisé pour inactiver les microorganismes pathogènes dans le processus de traitement de l'eau potable, est responsable de la formation de sous-produits de désinfection (SPDs) toxiques. Les SPDs typiquement rencontrés dans l'eau chlorée sont les trihalométhanes, les acides haloacétiques, les halonitrométhanés, les haloacétonitriles, les chloramines, les chlorophénols, les mutagènes X, les bromates et l'hydrate de chloral (Cortes et Marcos 2018). La formation de ces sous-produits dépend directement de la teneur en MOD de l'eau (Cortes et Marcos 2018). Ainsi, le brunissement des eaux risque d'augmenter la concentration de ces sous-produits dans l'eau potable, si le chlore est en excès, avec des implications pour la santé des communautés nordiques.

La MOD peut également interférer avec le processus de désinfection visant à inactiver les pathogènes en raison de son interaction avec le chlore qui réduit les concentrations disponibles pour l'inactivation des pathogènes. Elle peut également diminuer l'efficacité de désinfection par ultraviolets (UV) en raison de l'absorption du rayonnement, dépendamment de sa composition. Les acides humiques contribueraient à cette interférence (Santé Canada 2020).

### 2.4. Les cyanobactéries et cyanotoxines

Le brunissement altère le fonctionnement des écosystèmes aquatiques via la modification des conditions physiques et chimiques de l'eau (Creed et al. 2018). Par exemple, le brunissement cause une diminution de la transparence de l'eau au rayonnement photo-synthétiquement actif (PAR) et UV, et une augmentation de la stratification thermique due à la forte absorption de la radiation solaire par les eaux de surface brunes. Il en résulte une thermocline moins profonde et plus accentuée, avec des eaux plus froides au fond de la colonne d'eau et une couche euphotique réduite (Williamson et al. 2015, Creed et

al. 2018). Une conséquence préoccupante du brunissement est la création de conditions limnologiques pouvant favoriser les floraisons de cyanobactéries toxiques dans les lacs nordiques, avec un potentiel d'intensification des problèmes de qualité de l'eau qui y sont associés. En effet, l'enrichissement en phosphore associé au brunissement pourrait agir en synergie avec le réchauffement des eaux de surface et l'intensification de la stratification thermique de la colonne d'eau, des conditions qu'on sait propices aux floraisons de cyanobactéries dans les écosystèmes d'eau douce (Creed et al. 2018, Hansson et al. 2013). Une étude expérimentale sur un lac thermokarstique a démontré que ces conditions pourraient résulter en une réduction de la diversité du phytoplancton en faveur d'une communauté dominée par des crysophytes et des cyanobactéries productrices de toxines (Przytulska et al. 2017). Ils ont aussi montré pour 18 lacs subarctiques l'omniprésence des cyanobactéries, incluant le taxon *Dolichospermum*, inoculum potentiel pour les floraisons de cyanobactéries dans les eaux nordiques.

Par ailleurs, la photolyse de la MOD en surface peut produire des sous-produits biodisponibles pour les microbes mais aussi des sous-produits nocifs (p. ex. dérivés réactifs de l'oxygène) que les cyanobactéries ont la capacité de neutraliser leur conférant potentiellement un avantage compétitif par rapport aux autres microorganismes (Creed et al. 2018). L'étude de Zilliges et al. (2011) suggère le rôle potentiel des microcystines dans la protection contre les stress oxydatifs. L'étude de Van de Waal (2014) met de l'avant le lien entre la disponibilité de nutriments et la production de toxines. Leur synthèse pourrait être une réponse aux apports de nutriments organiques. Ainsi, la MOD pourrait favoriser la synthèse de cyanotoxines. Des expériences en laboratoire simulant des conditions environnementales générées par les changements climatiques (réchauffement de l'eau) et le brunissement ont montré l'effet synergique sur l'abondance des cyanobactéries productrices de toxines et sur les concentrations de toxines (ratio toxines/biomasse plus élevé) pouvant témoigner d'une production supérieure de toxines par cellule ou encore d'une sélection de souches toxiques (Urrutia-Cordero et al. 2016).

La dominance des cyanobactéries en tant que groupe pourrait être attendue avec les changements climatiques mais les taxons dominants devraient varier géographiquement (Carey et al. 2012). D'ailleurs, certaines efflorescences cyanobactériennes ont déjà été signalées dans des lacs du Nunavut, et des études récentes suggèrent que les lacs arctiques et subarctiques sont effectivement vulnérables à celles-ci dans un monde en réchauffement (Ayala-Borda et al. 2021, Taranu et al. 2015, Sivarajah et al. 2021). Les problèmes de cyanobactéries tels qu'on les observe plus au Sud pourraient devenir un problème émergent en région nordique, avec des implications pour la qualité de l'eau potable si les floraisons d'espèces toxiques sont favorisées.

#### 2.5. Implications du brunissement pour la qualité microbiologique de l'eau

La qualité microbienne de l'eau potable risque d'être affectée par le brunissement des eaux de surface notamment en termes d'abondance microbienne et de composition des microbiomes (c.-à-d. des communautés microbiennes), qui incluent les groupes qui ont une importance fonctionnelle pour l'écosystème et les groupes pathogènes. Les lacs nordiques influencés par le dégel du pergélisol présentent des concentrations supérieures de carbone organique dissous (COD) et de nutriments, et sont caractérisés par une MOD à dominance terrigène qui favorisent la transition vers des conditions hétérotrophes (Wauthy et al. 2017). Les conditions hétérotrophes, c'est-à-dire lorsque la majorité du carbone provient de molécules organiques, favorisent la production microbienne et la dominance des bactéries hétérotrophes au sein du réseau trophique plutôt que des producteurs primaires (Creed et al. 2018).

Certaines études réalisées dans le Nord montrent que les bactéries associées aux particules peuvent dominer les communautés lacustres nordiques, particulièrement dans le cas des lacs où la turbidité est élevée tels que les lacs thermokarstiques (Breton et al. 2009, Roiha et al. 2015, Deshpande et al. 2016). Les apports de matière organique, de nutriments et de particules provenant du dégel du pergélisol pourraient favoriser la production de cette population associée aux particules (Deshpande et al. 2016).

L'étude de Roiha et al. (2016) a montré que les apports terrestres de nutriments dans les écosystèmes aquatiques soutiennent une croissance bactérienne supérieure à celle des lacs dominés par une production algale (colonne d'eau plus transparente). Une relation positive entre la fraction humique du COD et la production bactérienne a également été observée dans cette étude.

Un changement des microbiomes des sources d'approvisionnement en eau potable pourrait également être causé par le brunissement. Dans le cas des mares thermokarstiques, systèmes où la turbidité est élevée, il a été démontré qu'il peut exister une divergence taxonomique importante entre les zones de pergélisol sporadique et de dégradation avancée où les concentrations de MOD et la teneur en oxygène diffèrent (Comte et al. 2016). L'étude montre que les teneurs en phosphore, en azote et en COD étaient déterminants pour la composition de ces communautés microbiennes. Puisque ces facteurs sont modifiés avec le brunissement des eaux de surface, la composition des communautés microbiennes risque elle aussi de changer. Le brunissement des systèmes visés par cette étude (lacs ou rivières utilisés comme source d'eau potable) risque d'être moins extrême que celui des mares thermokarstiques, mais ces systèmes de faibles concentrations en MOD verront un changement des conditions limnologiques plus abrupt avec le brunissement (Laurion et al. 1997).

Une étude portant sur la réponse de la diversité bactérienne et métabolique aux changements de la MOD le long d'un gradient de dégradation du pergélisol a montré que les propriétés optiques et moléculaires de la MOD étaient significativement corrélées à la composition des communautés bactériennes (Zhou et al. 2020). La MOD est souvent étudiée quantitativement mais l'étude qualitative de sa composition permet de mieux comprendre son rôle dans les processus biogéochimiques et ses impacts sur la qualité de l'eau potable (Fellman et al. 2010, Xenopoulos et al. 2021). L'étude de la MOD fluorescente (c.-à-d. la portion de la MOD optiquement active qui émet de la lumière) permet entre autres de déterminer sa source de production, son état d'oxydation et sa réactivité biologique qui sont liés à ses propriétés optiques (Fellman et al. 2010).

Il a aussi été montré que les communautés bactériennes des écosystèmes d'eau douce peuvent changer en réponse au changement des conditions chimiques de l'eau, résultant notamment d'apports de nutriments, via des mécanismes d'assemblages bactériens. Ces mécanismes sont dominés par des processus déterministes tels que la sélection homogène (i.e assemblage des espèces sous des conditions environnementales homogènes) pour les lacs où les charges de nutriments et le potentiel de transformation des nutriments sont importants (Obieze et al. 2022). Ces mécanismes pourraient aussi être impliqués dans les changements de communautés bactériennes des sources d'eau sous l'influence du processus de brunissement.

Les communautés virales pourraient elles aussi répondre au brunissement des eaux. Les virus étant des parasites obligatoires, si les communautés bactériennes changent, les populations virales bactériophages changeront vraisemblablement. Les communautés des bactériophages T4, dont l'importance dans les écosystèmes lacustres a été démontrée (Popatov et al. 2018, Butina et al. 2010, López-Bueno et al. 2009), sembleraient dépendre du niveau trophique des lacs en zone boréale (défini notamment par le pH, les nutriments et le carbone) en plus d'être reliées à l'abondance et à la composition des communautés bactériennes (Butina et al. 2013). Certaines études portant sur les assemblages de virus de lacs et mares de fonte du pergélisol subarctiques ont mis en évidence la variabilité saisonnière des communautés virales, des changements pouvant être reliés aux conditions environnementales (Lévesque et al. 2018, Girard et al. 2020). Un changement des communautés de bactériophages dans les sources d'eau potable changera les assemblages des communautés microbiennes, ce qui à son tour peut avoir une incidence sur la qualité de l'eau.

#### 2.6. Apports de microbes allochtones

Le milieu terrestre (sol et autres composantes d'un bassin versant) agit comme une source de diversité microbienne importante pour les écosystèmes lacustres arctiques et subarctiques situés en aval (Crump et al. 2012, Ruiz-Gonzalez et al. 2015, Comte et al. 2017). Ainsi, le transfert de microbes du sol vers les

eaux de surface, associé à l'érosion du pergélisol et à l'altération des flux d'écoulement, risque de modifier la composition microbienne des sources d'eau potable. Considérant que la composition microbienne diffère entre la couche active du sol et le pergélisol (Wilhelm et al. 2011), l'approfondissement de la couche active est susceptible de modifier la diversité microbienne des eaux de surface puisque c'est cette couche de sol qui est en contact avec le réseau hydrologique (Vonk et al. 2015). La composition microbienne du pergélisol, sa fonction écologique ainsi que sa réponse aux changements climatiques, sont encore peu connues mais ces microorganismes sont susceptibles de modifier les réseaux trophiques et d'entraîner des conséquences sur les services écosystémiques (Jansson et al. 2014). Les microorganismes du pergélisol, qui y vivent depuis des milliers d'années, pourraient inclure des microbes pathogènes pouvant être relargués dans les écosystèmes aquatiques dans la prochaine décennie (Legendre et al. 2014, Timofeev et al. 2019), et ainsi de se retrouver dans les sources d'eau potable des communautés nordiques. L'exposition à de nouveaux microorganismes du pergélisol (virus et bactéries) pourrait constituer une menace émergente pour la qualité de l'eau potable au sein des communautés nordiques.

### 2.7. Concept de la qualité microbiologique de l'eau potable

La qualité de l'eau potable se définit selon différents paramètres microbiologiques, physiques, chimiques, radiologiques pour lesquels le gouvernement du Canada a établi des recommandations, notamment en termes de concentrations acceptables, pour des contaminants chimiques (p. ex. métaux, SPDs, contaminants industriels, microcystines) et microbiologiques ainsi que pour différents paramètres physiques et chimiques (odeur, goût, pH, couleur, niveaux de chlore). En ce qui a trait à la qualité microbiologique de l'eau potable, elle se définit selon des normes de turbidité, de détection des coliformes totaux, d'*E. coli* et d'élimination/inactivation par le traitement de l'eau des protozoaires *Giardia* et *Cryptosporidium* et de virus entériques (Santé Canada 2020). Bien que la qualité microbienne de l'eau soit surtout évaluée par la présence de marqueurs de qualité comme les coliformes et

pathogènes entériques (Santé Canada 2022), la caractérisation des communautés bactériennes en termes de composition taxonomique est intéressante puisqu'elle permet de tracer un portrait complet des communautés bactériennes permettant de comprendre l'écologie bactérienne des systèmes de distribution d'eau potable et d'identifier d'autres potentiels pathogènes (Wang et al. 2018, Gora et al. 2020).

## 2.8. Études de la qualité microbiologique de l'eau potable de communautés nordiques

Ce n'est que très récemment qu'une étude évaluant la qualité microbiologique d'un système décentralisé d'approvisionnement en eau potable par camion-citerne d'une communauté nordique (Mittimatalik) a été réalisée en déterminant la composition microbienne entre la source d'approvisionnement et le robinet (Gora et al. 2020). Les auteurs discutent de la vulnérabilité du système d'approvisionnement en eau potable en lien avec la qualité microbienne. Ils ont observé un changement de composition des communautés microbiennes entre la source et le robinet, et des communautés distinctes dans l'eau des réservoirs et au robinet. Ils ont observé dans plusieurs échantillons les genres *Mycobacterium* et *Legionella*, qui incluent des espèces pathogènes, et la présence du phylum des cyanobactéries bien que les données étaient insuffisantes pour confirmer la présence d'espèces toxiques. L'étude de Daley et al. (2018) a également mis de l'avant la vulnérabilité potentielle à la contamination microbienne des systèmes de distribution d'eau potable par camion-citerne pour trois communautés nordiques (Coral Harbour, Mittimatalik et Pangnirtung) en raison des niveaux de chlore libre inférieurs aux recommandations de Santé Canada. Toutefois, la qualité microbienne des sources et de l'eau au robinet était satisfaisante du point de vue de la présence d'*E. coli* (c.-à-d. une abondance inférieure aux seuils recommandés malgré quelques exceptions), et autres pathogènes (bactéries et parasites). Ils ont également identifié que la re-croissance microbienne dans les biofilms des réservoirs est un facteur préoccupant dans les systèmes qui ne possèdent pas de désinfection secondaire.

## 2.9. Qualité de l'eau potable en contexte autochtone et perspectives des suivis de qualité de l'eau

Du point de vue autochtone, la qualité de l'eau est associée à l'expérience de consommation, notamment par rapport à son goût, son odeur, sa couleur et aux troubles gastro-intestinaux qui découlent de sa consommation (Martin et al. 2007). D'ailleurs, une pratique courante dans les communautés nordiques est d'utiliser l'eau brute de sources naturelles, soient des lacs, des rivières, de la neige et de la glace, en raison de la préférence de goût et de la pureté d'une eau sans chlore qui n'a pas été entreposée dans le camion de distribution ou un réservoir domestique, et qui semblerait avoir une charge microbienne moins importante (Martin et al. 2022, Anaviapik-Soucie et al. 2015, Ratelle et al. 2021, Wright et al. 2018). Cette pratique a également une importance culturelle puisque la récolte d'eau sur le territoire est une tradition partagée entre les générations (Martin et al. 2022, Anaviapik-Soucie et al. 2015).

Dans le contexte de l'eau potable, les savoirs traditionnels des peuples autochtones viennent de l'expérience personnelle, collective et intergénérationnelle du territoire notamment en ce qui a trait aux changements de l'environnement, incluant les changements hydrologiques, et ses impacts sur la faune, les ressources en eau et les moyens de subsistance (Medeiros et al. 2017, Weshe et Armitage 2010). Ce savoir traditionnel est acquis via l'utilisation du territoire et les activités qui y sont entreprises (Weshe et Armitage 2010). Bien que les régions nordiques fassent face à des défis communs en termes d'approvisionnement en eau potable, le savoir traditionnel est important pour adapter la gestion de l'eau au contexte local d'où l'importance de favoriser l'inclusion des autochtones dans le suivi de la qualité de l'eau potable et une gestion locale de l'eau potable (Medeiros et al. 2017).

Les principales inquiétudes identifiées dans diverses communautés nordiques concernant la sécurité de l'eau potable sont les changements climatiques et le développement économique qui impactent la qualité de l'eau (Arcticonnexion 2022 et Weshe et Armitage 2010). Des problèmes de qualité microbiologique de l'eau distribuée résultant en des problèmes gastro-intestinaux fréquents font partie

des préoccupations relevées dans plusieurs communautés (Martin et al. 2007, Arcticonnexion 2022, Anaviapik-Soucie et al. 2015). De ce contexte découle des initiatives dans les communautés nordiques visant notamment à renforcer la capacité des communautés dans la gestion et le suivi de la qualité de l'eau potable et également à former les jeunes sur la recherche en eau potable, notamment le "Pond Inlet Water Quality monitoring Project" dont Tim Anaviapik-Soucie en est le fondateur et le projet sur la qualité de l'eau à Qamani'tuaq piloté par des jeunes de la communauté et dirigé par une association autochtone, la Baker Lake Hunters and Trappers Organization (Anaviapik-Soucie et al. 2015, Arcticonnexion 2022).

Dans ce contexte, le suivi de la diversité microbienne est essentiel afin de comprendre quels sont les risques avant chloration et après chloration, et ce jusqu'au robinet, également dans le but d'identifier le meilleur compromis au niveau des concentrations de chlore à utiliser pour minimiser les risques microbiologiques et de production de SPDs, dont on connaît encore mal l'importance dans l'eau produite pour les communautés nordiques, tout en considérant la préférence culturelle d'une eau sans chlore. De plus, le suivi de la qualité microbiologique de l'eau découle de préoccupations et des savoirs traditionnels des communautés nordiques par rapport à la dégradation de la qualité de l'eau observée avec les changements climatiques. Le suivi microbiologique des sources alternatives d'eau potable, qui correspondent aux sources d'eau non traitée directement consommée par les communautés, est également essentiel pour évaluer les risques auxquels les communautés s'exposent par cette pratique traditionnelle de consommation d'eau. Ensuite, puisque plusieurs communautés nordiques expérimentent des changements environnementaux (p. ex. étés plus chauds, réduction des précipitations, assèchement des petits lacs et rivières) qui risquent d'engendrer des pénuries ou des problèmes de qualité d'eau potable, il est aussi important d'évaluer la qualité de l'eau de sources secondaires potentielles qui pourraient être utilisées par les communautés afin de compléter l'approvisionnement en eau potable de la source principale (Martin et al. 2007, Medeiros et al. 2017).

Considérant le rôle de la MOD dans la production de SPDs et dans le contrôle des assemblages microbiens, il est important d'étudier sa variabilité spatiale (entre les communautés) et temporelle (brunissement des sources d'eau avec le temps) dans l'étude de la qualité de l'eau des communautés nordiques. L'étude de Gora et al. (2020) a montré que la qualité de l'eau potable aux points de consommation d'un système d'approvisionnement décentralisé dépend directement des conditions à la source d'approvisionnement, la MOD ne changeant pas entre la source et le robinet. Il est donc primordial de se préoccuper des sources d'eau en plus de l'eau distribuée.

### **3. Problématique et objectifs**

Le brunissement des eaux de surface nordiques a des implications pour la qualité microbiologique de l'eau potable distribuée qui est susceptible de poser des problèmes pour la santé des communautés nordiques. Peu d'études ont évalué la qualité de l'eau potable de communautés nordiques en étudiant la composition bactérienne (Gora et al. 2020, Daley et al. 2018). Par ailleurs, la majorité des études ont été menées au sein d'une seule communauté n'offrant pas ainsi une perspective d'ensemble de cette problématique à l'échelle pan-Arctique où chaque territoire diffère par l'étendu du pergélisol, l'hydrologie, les sources principales d'eau, les modes de traitements de l'eau, les coutumes et la perception de l'eau.

L'objectif général de ma recherche est d'étudier les implications du brunissement des eaux de surface sur la qualité microbiologique de l'eau potable de plusieurs communautés nordiques au Nunavut, aux Territoires du Nord-Ouest et au Nunavik.

Les objectifs spécifiques sont d'évaluer la composition microbienne (bactéries et virus) de l'eau le long du système de distribution de l'eau potable, c'est-à-dire de la source d'approvisionnement au robinet, et de comprendre sa relation avec la MOD (concentration et composition). L'étude comprend également une évaluation de la composition microbienne des sources alternatives afin de comprendre les

implications associées à cette pratique alternative. Nous ciblons plusieurs communautés nordiques dont le paysage (c.-à-d. le degré de dégradation du pergélisol, la composition et le contenu des sols, le potentiel de relargage de MOD dans les sources d'eau) diffère et est susceptible de se traduire par des assemblages microbiens et des risques différents du point de vue de la qualité microbiologique de l'eau notamment dans un contexte de brunissement.

Un autre objectif est d'étudier comment la qualité microbienne de l'eau varie temporellement en relation avec les changements des conditions environnementales (p. ex. composition de la MOD) qui pourraient résulter en des périodes critiques pour la qualité de l'eau potable des communautés, et comment cette variabilité temporelle de qualité de l'eau peut se traduire dans un contexte de brunissement.

Finalement, un objectif est d'étudier expérimentalement l'effet spécifique du processus de brunissement sur les communautés microbiennes d'une source d'eau potable et le rôle de la MOD dans le contrôle de la composition microbienne de l'eau.

Les hypothèses que je souhaite tester sont les suivantes :

- i. La composition microbienne change entre la source et le robinet : Les communautés du robinet des habitations montrent une composition unique et ne répondent pas au même patron de diminution de l'abondance entre la source et le robinet en raison d'une re-croissance microbienne dans les réservoirs domestiques
- ii. La composition microbienne des sources d'eau potable varie spatialement et temporellement avec les conditions environnementales (et plus spécifiquement avec la composition de la MOD).
- iii. Le brunissement de l'eau modifie la qualité microbiologique des sources d'eau potable nordiques.

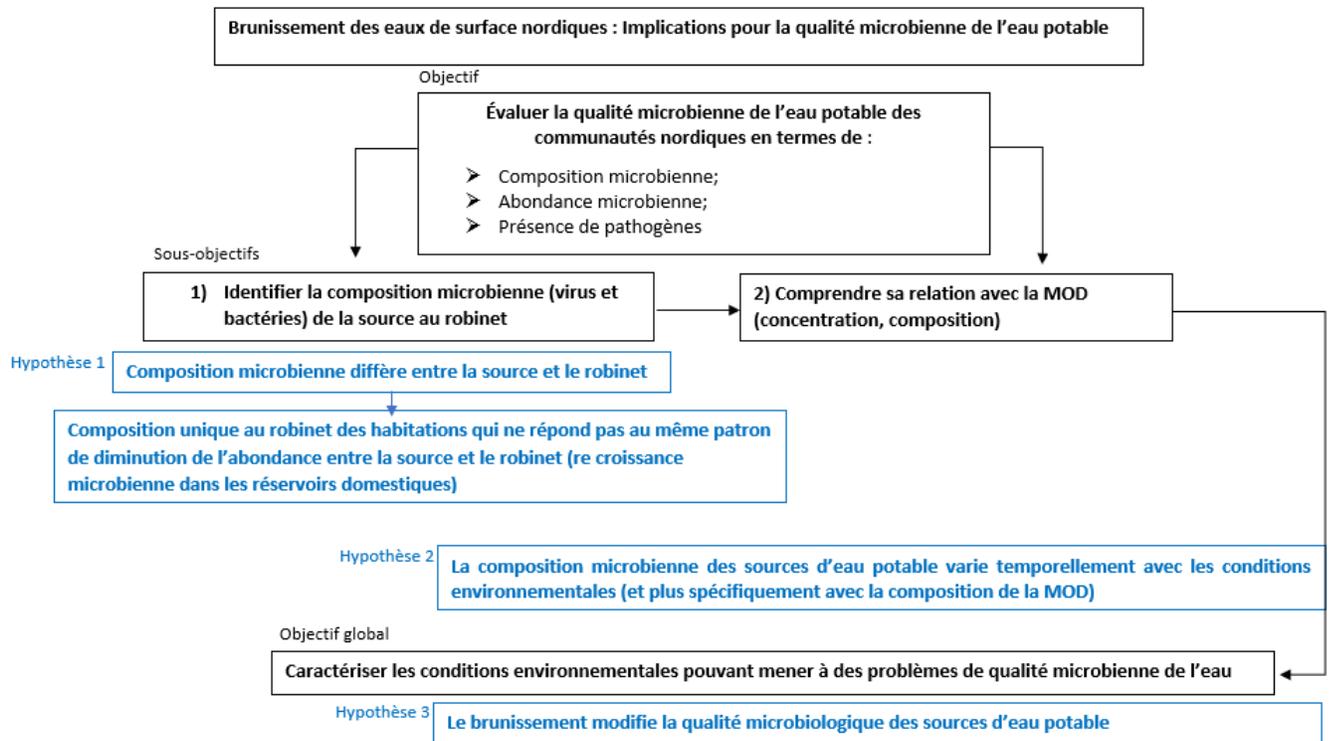


Figure 2. Schéma résumant les objectifs et les hypothèses de recherche.

## 4. Méthodologie

### 4.1. Caractérisation de la qualité microbiologique de l'eau de la source au robinet

#### 4.1.1. Échantillonnage

Une campagne d'échantillonnage a été réalisée à l'été 2019 dans 6 communautés nordiques: Kangiqsualujjuaq (George River), Salluit, Qamani'tuaq (Baker Lake), Taloyoak, Mittimatalik (Pond Inlet) et Fort Good Hope (Figure 3). Le travail en collaboration avec les communautés a permis l'identification des sources alternatives échantillonnées et la récolte d'échantillons à différents moments de l'année, malgré la pandémie qui ne nous a pas permis de se déplacer dans les communautés. Des échantillons ont aussi été obtenus à l'été 2020 à Fort Good Hope et au cours de 2021 pour les communautés Fort Good Hope, Mittimatalik, Kangiqsualujjuaq, Kangirsuk et Cambridge Bay (Iqaluktuuttiaq) (Tableau 1). Le partenariat avec les équipes de Manuel Rodriguez (Université Laval) et Stéphanie Guilherme (Université d'Ottawa) a

permis de coordonner les campagnes d'échantillonnage au Nunavik (Kangiqsualujjuaq) en 2021. La fréquence plus élevée d'échantillonnage à Mittimatalik, Cambridge Bay et Kangiqsualujjuaq en 2021 a permis d'évaluer la variabilité temporelle de la qualité de l'eau.

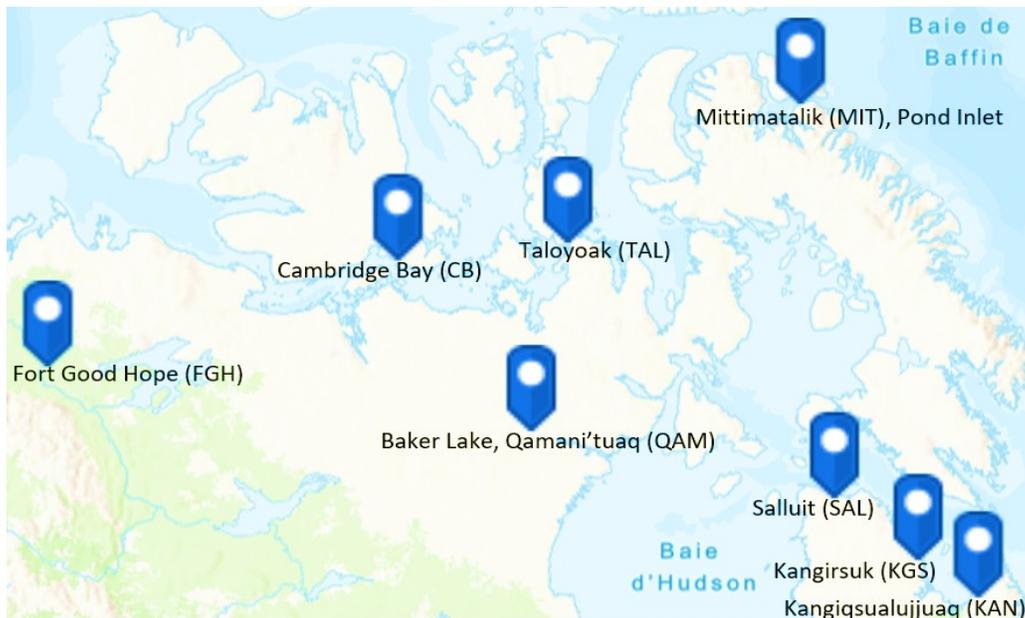


Figure 3. Localisation des communautés nordiques où se sont déroulées les campagnes d'échantillonnage de 2019-2021 (ArcGis).

La stratégie d'échantillonnage consistait à échantillonner l'eau à la source d'approvisionnement, l'eau brute non traitée dans le réservoir de la communauté, l'eau chlorée, l'eau dans le camion de distribution, ainsi que l'eau du robinet des habitations et des robinets publics pour les analyses d'abondance et de composition microbienne. L'eau de la source alternative utilisée par la communauté a également été collectée pour les mêmes analyses. Le tableau 2 détaille les sources et sources alternatives connues des communautés ainsi que des sources secondaires potentielles échantillonnées dans certaines communautés.

Tableau 1. Mois auxquels les campagnes d'échantillonnage ont été réalisées dans les communautés participantes pendant l'étude (2019-2021)

Communauté	2019	Été 2020	Printemps 2021	Été 2021	Automne 2021
Fort Good Hope (FGH)	Mai	Juillet		Août 21	
Cambridge Bay (CB)				Juillet	Septembre
Qamani'tuaq (QAM)	Août				
Taloyoak (TAL)	Juillet				
Mittimatalik (MIT)	Juillet		Avril	Août	
Salluit (SAL)	Mai				
Kangirsuk (KGS)				Août	
Kangiqualujjuaq (KAN)	Septembre		Avril	Juin	Septembre

Tableau 2. Tableau décrivant les sources principales (SW) et sources alternatives (AW) échantillonnées

Communauté	Source d'approvisionnement (SW)	Source alternative (AW1)	Source secondaire potentielle (AW2)	Source secondaire potentielle (AW3)	Source secondaire potentielle (AW4)
Fort Good Hope (FGH)	Fleuve Mackenzie	JackFish Lake	JackFish Creek		
Cambridge Bay (CB)	Lac Greiner				
Qamani'tuaq (QAM)	Lac Baker				
Taloyoak (TAL)	Lac Canso	Nd			
Mittimatalik (MIT)	Lac Water				
Salluit (SAL)	Rivière Kuuguluk	Rivière Kuuguluk			
Kangirsuk (KGS)	Lac Tasialuk		Virgin Lake		
Kangiqualujjuaq (KAN)	Lac X	Source de montagne	Lac Mivvivinik	Lac Tasialuk	Lac Ellasie

#### 4.1.2. Description des sites d'étude

##### *Fort Good Hope*

La communauté de Fort Good Hope des Territoires du Nord-Ouest (66°15'25"N 128°38'16"W) est située en bordure du fleuve Mackenzie qui sert de source d'approvisionnement en eau potable de la communauté. La communauté est dotée d'un réservoir d'eau brute alimenté par la source d'approvisionnement de la communauté. Le traitement de l'eau est constitué d'une étape de coagulation, suivie d'une filtration sur membrane et de la chloration. L'eau est ensuite distribuée par

camion-citerne aux maisons. Les étapes de traitement réalisées dans les différentes communautés sont détaillées dans le tableau 3.

Le lac Jackfish (AW1), considéré comme source alternative potentielle, et l'exutoire du lac le ruisseau Jackfish Creek, source secondaire potentielle, ont aussi été échantillonnés.

#### *Cambridge Bay*

La communauté de Cambridge Bay située au Nunavut (69°06'50"N 105°03'10"W) s'approvisionne en eau potable dans le lac Greiner. Le traitement de l'eau de la communauté inclut la filtration, une désinfection par ultraviolets et une désinfection par chloration.

#### *Qamani'tuaq*

La communauté de Qamani'tuaq au Nunavut (N 64°19'5", W96°1'3"), située approximativement à 300 km de la côte, utilise le lac Baker comme source principale d'approvisionnement en eau potable et s'approvisionne en eau potable via un système de distribution par camion-citerne. Le traitement consiste en une chloration de l'eau. La communauté s'inquiète sur la qualité de l'eau en raison des changements climatiques, du développement industriel et de la pollution (ArctiConnexion 2021).

#### *Taloyoak*

La communauté de Taloyoak au Nunavut (N 69°32'12", W 93°31'38") s'approvisionne dans le lac Canso. L'eau est pompée à une station de traitement, où elle est filtrée et chlorée, puis distribuée par camion-citerne aux domiciles pour remplir les réservoirs de maisons. La communauté s'inquiète sur la qualité de l'eau de leurs sources d'approvisionnement en eau potable avec les changements climatiques, en raison de la fonte du pergélisol et de l'augmentation des populations d'oiseaux migrateurs (ArctiConnexion 2021). Nous ne possédons pas l'information quant au nom de la source alternative qui a été échantillonnée dans cette communauté.

### *Mittimatalik*

La communauté Mittimatalik au Nunavut (72°41'57"N,77°57'34"W) utilise comme source d'approvisionnement en eau potable le lac Water. Le traitement de l'eau de la communauté consiste en une chloration de l'eau à la station de pompage, l'eau chlorée étant ensuite distribuée par camion-citerne aux réservoirs des habitations. La communauté est préoccupée par le changement de qualité de l'eau dont le goût et la couleur sont différents en été et où les problèmes gastrointestinaux plus fréquents (Anaviapik-Soucie et al. 2015).

### *Salluit*

Salluit est une communauté située au Nunavik (62°12'23"N,75°38'33"W). La source d'approvisionnement en eau potable principale est un petit réservoir de barrage situé en amont de la rivière Kuuguluk. Cette communauté utilise également un système de distribution par camion-citerne après le traitement de l'eau à la station, qui inclut une désinfection UV, une chloration et son stockage dans un réservoir. La source alternative échantillonnée est aussi la rivière Kuuguluk, où l'eau est collectée directement dans la rivière plutôt qu'à la station de pompage où a été échantillonnée l'eau brute du système d'approvisionnement en eau potable.

### *Kangirsuk*

Kangirsuk est une communauté du Nunavik (60°2'26"N,69°56'35"W) qui s'approvisionne également dans les eaux de surface et avec un système de distribution par camion-citerne. La source d'approvisionnement est le lac Tasiak. Un autre lac a aussi été échantillonné, bien qu'il ne soit pas utilisé par la communauté comme source d'eau, soit le lac Virgin. Les détails du processus de traitement de cette communauté ne nous sont pas connus.

### *Kangiqualujjuaq*

La communauté de Kangiqualujjuaq située au Nunavik (58°42'37"N,65°59'42"W) s'approvisionne en eau potable à partir d'un réservoir alimenté par l'eau d'un lac, qui n'a pas été nommé par la communauté. Le

traitement de l'eau brute à la station de traitement inclut une désinfection UV, une chloration et son stockage dans un réservoir. Elle est ensuite distribuée par camion aux maisons.

La communauté utilise une source alternative d'eau non traitée pour s'approvisionner en eau. Il s'agit de l'eau d'une source de montagne qui est collectée par une partie de la population (AW1). Des petits lacs à proximité de la communauté ont également été identifiés comme sources secondaires potentielles bien qu'elles ne soient pas utilisées pour l'instant. Il s'agit du lac Mivvivinik (AW2), Lac Tasialuk (AW3), Lac Ellasie (AW4).

Tableau 3. Détails des étapes de traitement de l'eau réalisées dans les différentes communautés.

Communauté	Coagulation	Filtration sur membrane	Désinfection UV	Chloration
Fort Good Hope (FGH)	X	X		X
Cambridge Bay (CB)		X	X	X
Qamani'tuaq (QAM)				X
Taloyoak (TAL)			X	X
Mittimatalik (MIT)				X
Salluit (SAL)			X	X
Kangiqualujuaq (KAN)			X	X

#### 4.1.3. Caractéristiques chimiques de l'eau

Les caractéristiques chimiques de l'eau (MOD, métaux, phosphore total, azote total) ont aussi été analysées. Le dosage du phosphore total (Astoria2, Astoria-Pacific, Clackamas, USA) et de l'azote total (Lachat Quikchem 8500, Hach Company, Loveland, USA) ainsi que les analyses de métaux par spectrométrie de masse par plasma à couplage inductif (Agilent 8900, Agilent, Santa Clara, USA), de mercure total par spectroscopie de fluorescence atomique vapeur froide (Tekran 2600, Tekran Instruments Corporation, Seattle, USA) et de méthylmercure par la méthode US EPA 1630 (Tekran 2700, Tekran Instruments Corporation, Seattle, USA) ont été réalisées au laboratoire du GRIL, Groupe de recherche interuniversitaire de recherche en limnologie (U. Montréal). La MOD a été analysée au laboratoire de François Guillemette (UQTR), incluant le dosage du COD et de la matière organique dissoute colorée (MODc, absorbance à 320nm utilisée comme proxy), l'acquisition de spectres

d'absorbance et de matrices de fluorescence traitées par l'approche *Parallel Factor Analysis* (PARAFAC; Harshman et Lundy 1994). Les données physicochimiques générées ont servi à l'interprétation des résultats de composition microbienne en mettant en relation les conditions environnementales et la composition microbienne de l'eau.

#### *4.1.4 Préparation des échantillons*

Pour chaque point d'échantillonnage un volume de 500 ml d'eau a été filtré sur 0,2  $\mu\text{m}$  pour les analyses de composition bactérienne. Les filtres PES de 0,2  $\mu\text{m}$  (Millipore) ont été obtenus en triplicats pour chaque point d'échantillonnage. Un volume de 50 ml d'eau a été filtré sur un filtre Anotop de 0,02  $\mu\text{m}$  pour les analyses de composition virale. Les filtres de 0,02  $\mu\text{m}$  (virus) ont été obtenus en duplicats pour chaque point d'échantillonnage. Un volume de 5 ml d'eau a également été récolté à chaque station pour les analyses d'abondance bactérienne par cytométrie en flux. Les échantillons ont été conservés à  $-80^{\circ}\text{C}$  jusqu'au moment des extractions.

#### *4.1.5. Abondance bactérienne*

L'abondance bactérienne a été mesurée par cytométrie en flux (Accuri C6 Plus, Becton Dickinson). Nous utilisons le fluorochrome SYBR-Green 1 qui se lie préférentiellement à l'ADN bactérien double brin, le complexe formé excité avec le laser bleu émet dans le vert et le rouge et est détecté sur les filtres FL3-A et FL1-A. Les analyses d'abondance ont permis d'évaluer la charge microbienne initiale, son évolution au cours du système de distribution et de détecter la reprise de croissance au sein des réservoirs des habitations.

#### *4.1.6. Composition bactérienne*

Pour la composition bactérienne, l'ADN a été extrait à partir des filtres de 0,2  $\mu\text{m}$  avec le « PowerWater DNA extraction kit » de Qiagen. L'ADN extrait, dont les concentrations mesurées avec le fluorimètre Qubit et le kit 'high sensitivity' (Invitrogen) se situaient entre 1 et 50ng/ $\mu\text{l}$ , a été séquencé grâce au séquençage de nouvelle génération Illumina MiSeq à l'IMR (Integrated Microbiome Resource) de

l'Université de Dalhousie via l'amplification des régions variables V4-V5 du gène de l'ARN 16S en utilisant les amorces 515f-926r présentées dans Walters et al. (2015). Ces amorces offrent une meilleure résolution phylogénétique en permettant de différencier des taxons que les amorces traditionnelles 515f/806r ne permettent pas (Walters et al. 2015).

Les analyses bio-informatiques réalisées sur le serveur Calcul Canada avec le logiciel R (R Core Team 2016) ont permis d'identifier les microbes présents, de détecter la présence de groupes microbiens pouvant inclure des pathogènes ainsi que de décrire la diversité des communautés microbiennes. Au total 132 échantillons ont été analysés et 105412 séquences ont été obtenues pour les échantillons de 2019 à 2021. Les fichiers *fastq* de séquençage pour chaque échantillon ont été traités avec l'algorithme DADA2 (Divisive Amplicon Denoising Algorithm 2) qui utilise un modèle de l'erreur générée lors du séquençage d'amplicons pour inférer la composition des échantillons (Callahan et al. 2016). Les amorces ont été retirées et les séquences débruitées via les fonctions de DADA2. Les 'forward reads' et 'reverse reads' ont été filtrés (*filterAndTrim*) à la position 250 et 225 selon les profils de qualité obtenus. Les séquences appariées ont ensuite été fusionnées via la fonction *mergePairs* et les séquences chimères ont été éliminées via la fonction *removeBimeraDenovo*. Finalement, les séquences des Archées et des Eucaryotes ont été éliminées et les assignations taxonomiques des séquences d'ARN16S (bactéries) ont été réalisées à partir de la base de données de classification de séquences 16S SILVA (v138) avec les fonctions *assignTaxonom* de DADA2.

Les données ont ensuite été analysées avec le package 'Phyloseq 1.36' (McMurdie & Holmes 2013). Afin d'éliminer les biais associés aux différences de profondeur de séquençage, les données ont été normalisées avec la fonction *rarefy even depth* en utilisant la profondeur médiane de séquençage (36 209) pour les analyses de diversité alpha et tests statistiques. Les indices de diversité alpha Simpson et Shannon des différents échantillons ont été calculés avec la fonction *diversity* de 'vegan 2.5' (Oksanen et al. 2017) et des tests statistiques ANOVA ont été faits pour évaluer l'effet du type d'eau, des points

d'échantillonnage, de la communauté nordique et de la date d'échantillonnage sur la diversité bactérienne alpha. L'homogénéité de dispersion des échantillons a aussi été évaluée comme mesure de beta-diversité entre les types d'eau avec la fonction *betadisper*. La diversité beta, décrivant la variabilité de la composition en espèces des échantillons peut être mesurée selon la dissemblance (c.-à-d. la distance) moyenne par rapport au centroïde du groupe (Anderson et al. 2006) en utilisant une mesure de dispersion.

Ensuite, des tests statistiques Permanova (analyses multivariées permutacionnelles de la variance) Adonis du package 'vegan' ont été réalisés afin de mesurer : 1) l'effet du type d'eau (traitée ou non traitée); 2) l'effet de l'année d'échantillonnage; 3) l'effet du mois d'échantillonnage; 4) l'effet spatial (communauté nordique et région); et 5) l'effet du point d'échantillonnage sur la composition des communautés bactériennes. Pour chaque test, l'homogénéité de la dispersion des données de composition bactérienne a été vérifiée. Afin de visualiser ces résultats, des ordinations ont été réalisées avec la méthode NMDS et l'indice de dissimilarité Bray-Curtis.

Des tests SIMPER (Clarke 1993) ont ensuite été réalisés afin de déterminer les ASVs (c.-à-d. les variants de séquences d'amplicons), et genres bactériens correspondant, contribuant le plus à la dissimilarité Bray-Curtis des assemblages bactériens : 1) entre les sources d'eau potable; et 2) entre les types d'eau. La contribution moyenne de chaque ASV à la dissimilarité globale est calculée à partir des comparaisons par paires entre les groupes.

Puis, la fonction *envfit* du package 'vegan' a été utilisée pour tester la corrélation des variables environnementales (concentrations de MODC, TP, TN, COD et métaux) avec la composition des communautés bactériennes des eaux naturelles, et des variables environnementales (MODC, TP, TN, COD et métaux) et de chimie de l'eau (chlore libre, température et pH) avec la composition des communautés bactériennes des eaux traitées. La fonction permet d'obtenir une projection des variables

sur l'ordination NMDS selon l'intensité de la corrélation avec les communautés bactériennes. Les valeurs p ont été corrigées avec la méthode Bonferonni.

Les graphiques de composition des communautés bactériennes au niveau phylogénétique du genre bactérien et de la classe bactérienne présentant leur abondance relative dans les échantillons ont ensuite été créés avec les fonctions du package *ggplot2* (Wickham et al. 2009). Des tables d'assignations taxonomiques au niveau de la classe puis du genre bactérien ont ensuite été générées avec une agglomération des ASVs de la même taxonomie au niveau phylogénétique ciblé (classe ou genre) afin d'identifier les abondances relatives des classes et des genres dans les échantillons. Puis, ont été identifiés dans les eaux traitées et les sources alternatives, les genres bactériens qui incluent des espèces pathogènes (*Mycobacterium*, *Legionella*, *Sphingomonas*, *Pseudomonas*, *Brevundimonas* et *Aeromonas*), et, dans les sources d'approvisionnement et les sources alternatives, les genres de cyanobactéries productrices de toxines. Ces genres bactériens pathogènes ont été sélectionnés en raison de leur identification comme pathogènes émergents de l'eau potable dans des études antérieures (Primm et Falkinham 2008, Szewzyk et al. 2000, Berjeaud et al. 2016, Santé Canada 2012). Une recherche BLASTn (Altschul et al. 1990) d'alignement de séquences a aussi été réalisée avec les ASVs appartenant à des genres potentiellement pathogènes dans le but de déterminer si l'espèce avec le meilleur appariement de séquences correspondait à une espèce pathogène.

#### 4.1.7. Composition de la MOD fluorescente

Finalement, l'effet de la composition de la MOD sur la composition des communautés bactériennes a été vérifié. Pour ce faire, des matrices tridimensionnelles d'excitation/émission (Ex/Em) (EEMs) pour les différents échantillons ont été générées par l'acquisition de spectres d'absorbance avec des longueurs d'onde d'excitation de 250 à 440 nm. À partir de ces mesures, ont été calculés l'indice HIX d'humification, indicateur du contenu en matière humique, l'indice BIX, indicateur de la production récente de la MOD (Em380/Em430 pour Ex310), et l'indice SUVA (obtenu en divisant l'absorbance à 254

nm d'excitation par la concentration en COD), indicateur du contenu aromatique de la MOD. Ces données ont aussi servi à générer un modèle PARAFAC permettant de décomposer la signature spectrale de la MOD en six composés (C1, C2, C3, C4, C5 et C6) dont les EEMs sont présentés dans la Figure 4. Le modèle PARAFAC a été réalisé à partir de 196 échantillons d'eau collectés dans le Nord en excluant les eaux traitées qui créent des bruits de fond. Il a ensuite été utilisé pour ces échantillons. Le modèle PARAFAC a également été validé par une méthode 'split half'.

Les six composés identifiés correspondent, sur *Openfluor.org*, à des composés identifiés dans d'autres études (Stedmon et al. 2007, Moona et al. 2021, Stedmon et al. 2011, Imbeau et al. 2021, Kida et al. 2019, Osburn et al. 2017). Les composés C1, C2 et C4 sont des composés terrestres humiques, associés respectivement aux pics de fluorescence C, M et A (plus connus en milieu marin) selon leur position en Ex/Em (C1 : 260 et 335/458, C2 : 280 et 345/518, C4 : 265/458), le composé C3 serait un composé bactérien (selon de sa position en Ex/Em <250 et 310/400), et les composés C5 (275/324) et C6 (285/352) des composés protéiques. Les pics C et A représentent la partie de la MOD très aromatique avec un poids moléculaire élevé, alors que le pic M est plutôt associé à une MOD moins aromatique de masse moléculaire moins élevée (Coble et al. 1998, Fellman et al. 2010). Leur contribution relative à la fluorescence totale a ensuite été calculée dans chaque échantillon, l'intensité de fluorescence indiquant l'abondance du composé. La composante terrestre de la MOD (T) a aussi été calculée en additionnant le pourcentage de contribution à la fluorescence totale des composés C1, C2 et C4.

La variabilité de la composition de la MOD fluorescente, déterminée par les indices HIX, BIX et SUVA et la contribution relative des composés C1-C6, a ensuite été évaluée en fonction de la communauté nordique (variabilité spatiale), du type d'eau (traitées ou naturelles) et de la saison (variabilité temporelle) par des analyses de composantes principales (ACP) et des tests Permanova. Puis, la relation entre la composition bactérienne et la composition de la MOD fluorescente a été vérifiée avec des tests de corrélation Mantel utilisant la statistique Spearman. Plus spécifiquement, la relation entre les assemblages bactériens des

différents échantillons et les indices décrits ci-haut et les différents composés résultant du modèle PARAFAC a été analysée. Ces mêmes analyses ont été réalisées avec les données de l'expérience de brunissement pour étudier la variabilité de la composition de la MOD en fonction du traitement, soit l'eau de source sans brunissement, avec brunissement par ajout de pergélisol ou avec brunissement par ajout de lixiviat de couche active, et sa relation avec la composition bactérienne. L'indice Sr, soit le ratio S275-295/350-400 représentant le poids moléculaire, a également été inclus dans les analyses de composition de MOD pour l'expérience, bien qu'il n'ait pas été utilisé pour les analyses des systèmes d'eau potable en raison de faibles valeurs du  $R^2$  pour les eaux traitées.

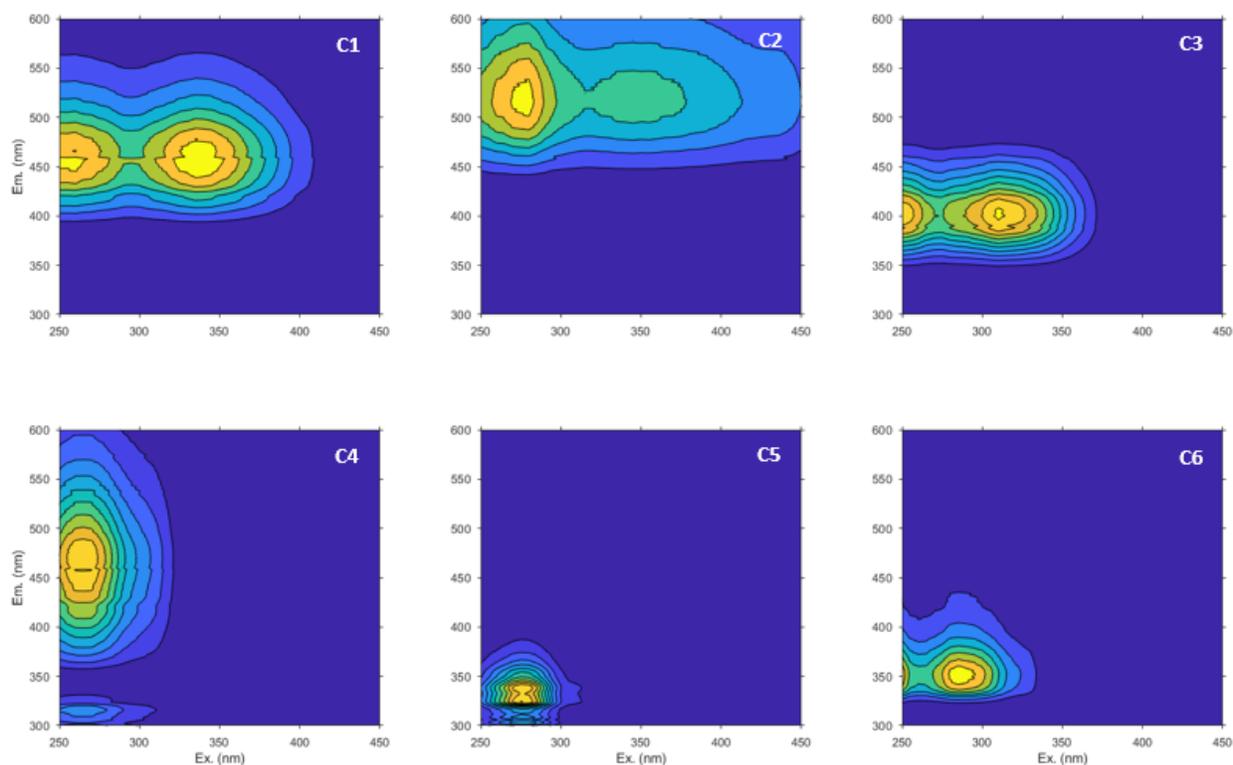


Figure 4. Matrices tridimensionnelles d'excitation/émission des 6 composés découlant du modèle PARAFAC.

#### 4.1.8. Identification d'entérobactéries dans les sources d'approvisionnement

Des analyses PCR en temps réel (qPCR) ont aussi été réalisées, à partir de l'ADN extrait, au laboratoire de Herb Schellhorn (McMaster University) pour la détection et la quantification des bactéries entérocoques dans l'eau des sources et des réservoirs d'eau brute pour Mittimatalik (2019), Fort Good Hope (2019, 2020 et 2021), Qamani'tuaq (2019), Kangiqsualujjuaq (2021) et Kangirsuk (2021). Les entérocoques sont couramment utilisés comme indicateur de contamination fécale pour évaluer la qualité de l'eau potable. En effet, leur présence dans l'eau, et les sources d'eau potable, est associée à l'occurrence de maladies gastro-intestinales (Santé Canada 2020, Borchardt et al., 2003, Risebro et al. 2012). Des analyses de suivi des sources microbiennes de contamination fécale (*Microbial Source Tracking, MSC*) par PCR digitales ont aussi été réalisées au laboratoire de Thomas Edge (McMaster University) avec le marqueur ADN Bactéroïdes spécifique à la contamination fécale humaine (HF183), bien caractérisé dans sa prévalence et sa concentration dans les eaux usées (Ahmed et al. 2016). Il a été montré que les niveaux de marqueurs Bactéroïdes (incluant les marqueurs spécifiques à la contamination humaine) corrèlent avec la présence de pathogènes (p. ex. *Escherichia coli* O-157, *Salmonella* et *E. coli* entérotoxinogènes), ce qui en fait un outil sensible à l'identification de la contamination fécale dans l'eau (Savichtcheva et al. 2007). Le marqueur ADN *Catellibacillus* (Gull4), typiquement retrouvé dans les fèces des mouettes (Koskey et al. 2016), et pouvant occasionnellement être détecté à faibles concentrations dans les fèces d'autres oiseaux, a été utilisé pour suivre la contamination fécale des sources d'eau potable par les oiseaux. L'utilisation de différents marqueurs fécaux permet de mieux évaluer la contamination fécale de l'eau, comprendre ses sources et identifier la présence de pathogènes (Ahmed et al. 2016).

Des contrôles négatifs et positifs (eaux usées humaines et fèces de goélands) ont également été inclus dans les tests PCR. Le nombre de copies de séquences cibles/ $\mu\text{l}$  d'ADN extrait a été converti pour 100 ml d'eau.

Les résultats de composition bactérienne du séquençage MiSeq de l'ARNr 16S ont aussi été utilisés pour l'identification de genres bactériens indicateurs de contamination fécale dans les sources et eaux traitées de façon à confirmer et compléter les résultats de qPCR.

#### 4.1.9 Composition virale

Pour la composition virale, l'extraction des acides nucléiques totaux a été faite à partir des filtres *Anotop* selon le protocole présenté dans Steward et Culley (2010) utilisant des réactifs du « Master Pure Complete DNA and RNA purification kit » de Lucigen. Pour étudier l'évolution de la diversité virale entre la source et le robinet, l'amplification du gène *g23* a été ciblée, gène conservé codant pour la protéine de la capsid et ciblant les bactériophages T4 de la famille des myovirus dont l'importance dans différents environnements a été démontrée par plusieurs études (Chow et Furhman 2012, Popatov et al. 2018, Butina et al. 2010 et 2013, Lopez-Bueno et al. 2009, Bellas & Anesio 2013). Butina et al. (2010, 2013) et Popatov et al. (2018) ont montré que les bactériophages T4 étaient une composante importante en termes de diversité et d'abondance dans les lacs Baïkal et Kotokel, et jouant un rôle important dans l'évolution de leurs hôtes bactériens et dans la productivité des lacs. La diversité des phages T4 implique un large spectre d'hôtes bactériens qui incluent des protéobactéries, dont des entérobactéries comme *E. coli*, et des cyanobactéries (Tétart et al. 1996, Filée et al. 2005, Petrov 2010). Pour ce faire, les amorces T4superF1 et T4superR1 décrites dans Chow et Furhman (2012) et désignées par André Comeau à partir des amorces MZIA1bis and MZIA6 (Filée et al., 2005), ont été utilisées, celles-ci permettant une amplification plus universelle des myovirus et la détection d'un large spectre de bactériophages.

Toutefois, l'absence de détection positive de la séquence cible à la suite de la PCR n'a pas permis d'étudier la composition virale de l'eau entre la source et le robinet.

#### 4.2 Test expérimental de simulation du processus de brunissement

Le test de simulation du processus de brunissement visant à étudier l'effet spécifique du processus sur les communautés microbiennes a été réalisé pour la source d'approvisionnement de Cambridge Bay, c'est-à-dire le lac Greiner. Pour ce faire, des échantillons d'eau récoltés lors de la campagne de septembre 2021 ont été soumis à différents traitements reproduisant différents scénarios de brunissement. Un concentré de MOD, obtenu par lixiviation d'un échantillon de sol provenant d'une tourbière en région Arctique (Ile Bylot) prélevé en 2016 par Vilmantas Preskienis, a été ajouté à l'eau de la source tel que réalisé dans l'étude Arvola et al. (1996). Bien que le sol de l'île Bylot soit différent de celui de la communauté Cambridge Bay et que la réponse de ce système pourrait être différente face à un processus de brunissement naturel impliquant spécifiquement des apports de sol à proximité de la source, l'utilisation de ce lixiviat permet de tester la réponse potentielle au brunissement de façon générale. Le lixiviat du sol a été généré via l'ajout d'eau ultrapure (MiliQ autoclavée) à l'échantillon de sol (1 g de sol / 5 ml d'eau) et son incubation à température pièce pendant 6 heures. Le lixiviat a ensuite été filtré sur un filtre GF/D (porosité nominale de 2,7  $\mu\text{m}$ ). Un premier lixiviat a été généré à partir d'un échantillon de la carotte de sol au niveau de la couche active du sol (correspondant à la couche de profondeur de 28 cm-61 cm) et un second à partir d'un échantillon de la carotte au niveau du pergélisol (correspondant à la couche de profondeur de 77-100 cm).

Cinq traitements ont été appliqués pour représenter différents scénarios de brunissement pour chaque lixiviat et en triplicat : 1- l'eau de la source sans ajout, 2- un ajout de lixiviat représentant une augmentation de 33% de l'absorbance à 320 nm ( $a_{320}$ ) initiale de l'eau brute (proxy de la couleur de l'eau ou teneur en MODc), 3- un ajout de lixiviat représentant une augmentation de 100% de  $a_{320}$ , 4- un ajout de lixiviat représentant une augmentation graduelle de  $a_{320}$ , avec un ajout correspondant à une augmentation de 33% de  $a_{320}$  initiale de l'eau brute réalisé au jour 1, 7, 14 et 21 de l'incubation, et 5- un ajout de lixiviat filtré sur 0,2  $\mu\text{m}$  représentant une augmentation de 100% de  $a_{320}$  de l'eau brute.

L'utilisation d'un lixiviat de sol filtré sur GF/D (porosité de 2.7  $\mu\text{m}$ ) a permis d'inclure le potentiel de transfert de microorganismes provenant du sol à la communauté de la source d'eau, en simulant les conditions naturelles (traitements 2-4) tandis que l'ajout d'eau humique filtrée subséquemment sur 0,2  $\mu\text{m}$  (double filtration sur PES 0,22  $\mu\text{m}$  et sur Sterivex 0,22  $\mu\text{m}$ ) (traitement 5) a permis d'étudier l'effet isolé des apports de MOD sur la communauté microbienne de la source. L'abondance bactérienne a été suivie pendant l'incubation à l'aide de prélèvements d'eau des différents traitements et de leur analyse par cytométrie en flux aux jours 1, 7, 14, 21 et 28 d'incubation. Après 28 jours d'incubation à l'obscurité et à une température de 15°C, l'eau a été filtrée (500 ml sur un filtre PES 0,22  $\mu\text{m}$  pour les analyses de composition bactérienne; 40 ml sur filtre GF/F en triplicats pour les analyses de MOD et COD). Un volume de 50 ml a également été prélevé pour les analyses d'anions et cations et un volume de 3,6 ml pour les analyses d'abondance bactérienne. Les analyses de composition bactérienne décrites à la section 4.1.6 ont été réalisées pour identifier la composition bactérienne au niveau du genre et de la classe bactérienne, évaluer la diversité bactérienne alpha, évaluer l'effet du changement de couleur de l'eau, du type de lixiviat, du traitement et du transfert de microorganismes du sol sur la composition des communautés bactériennes (tests Permanova) et vérifier sa corrélation avec les variables environnementales (concentrations de COD et composition de la MOD) (Figure 5).

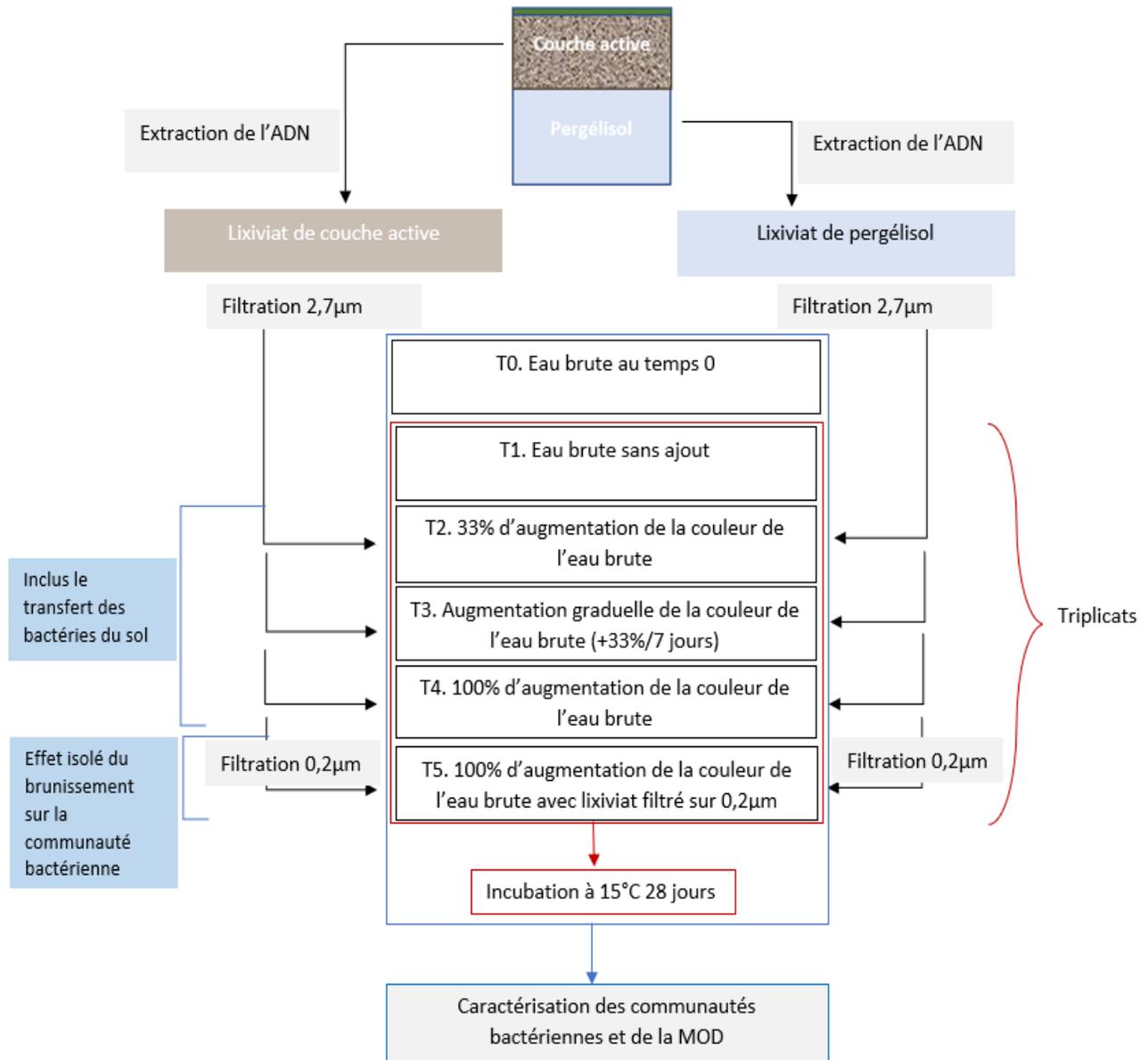


Figure 5. Schéma résumant l'expérience de brunissement.

#### 4.3 Test sur l'influence des délais de filtration sur la composition microbienne

Dans un contexte où la livraison des échantillons d'eau du Nord au laboratoire impliquait un délai de quelques jours entre l'échantillonnage de l'eau et sa filtration au laboratoire, soit de 3 à 7 jours, nous avons voulu évaluer expérimentalement l'influence des délais de filtration sur la composition

microbienne de l'eau. Pour ce faire, des échantillons d'eau ont été prélevés au Lac Saint-Charles (46°56' 28"N, 71° 23' 14"O), source d'eau potable pour la ville de Québec, lesquels ont été filtrés (500 ml en triplicats) au jour 0 (jour de l'échantillonnage), au jour 3 et au jour 7 sur des filtres PES 0,2µm. L'ADN a ensuite été extrait pour analyser la composition microbienne. Des tests Permanova ont été réalisés afin de vérifier l'effet du délai de filtration (0, 3 et 7 jours) sur la composition des communautés bactériennes.

## 5. Résultats

### 5.1 Abondance bactérienne de l'eau des systèmes d'approvisionnement en eau potable

Des cas de diminution de l'abondance bactérienne entre la source et le robinet ont été observés pour les communautés Fort Good Hope (FGH), Qamani'tuaq (QAM) et Kangirsuk (KGS), alors que des cas d'abondance similaire le long du système d'approvisionnement ont été observés à Mittimatalik (MIT), Taloyoak (TAL), Salluit (SAL) et Kangiqsualujjuaq (KAN) et des cas d'augmentation au niveau des robinets domestiques à Cambridge Bay (CB) et à un robinet domestique à Qamani'tuaq et à Salluit (Figure 6).

À Fort Good Hope, on observe une réduction importante de l'abondance bactérienne entre l'eau de source (SW, en moyenne  $2,0 \pm 1,4 \times 10^6$  bactéries/ml) et l'eau brute du réservoir (RW, en moyenne  $0,41 \pm 0,11 \times 10^6$  bactéries/ml) ainsi qu'entre l'eau brute et les eaux traitées (en moyenne  $0,037 \pm 0,029 \times 10^6$  bactéries/ml). Les tests ANOVA et Tukey ont confirmé la différence significative ( $p < 0.05$ ) de l'abondance bactérienne entre les points d'échantillonnage, précisément entre la source (SW) et l'eau brute (RW), l'eau chlorée (CW), l'eau du camion de distribution (TW), l'eau des robinets domestiques (OH) et l'eau du robinet public (PT). L'abondance bactérienne de la source est inférieure en août 2021 ( $0,39 \times 10^6$  bactéries/ml) et similaire à l'eau du réservoir ( $0,30 \times 10^6$  bactéries/ml) bien que la différence ne soit pas significative.

À Cambridge Bay, on observe une réduction de l'abondance bactérienne entre la source d'approvisionnement et l'eau brute, soit en moyenne de  $0,530 \pm 0,003 \times 10^6$  bactéries/ml à  $0,07 \pm 0,01 \times 10^6$  bactéries/ml. L'abondance est similaire dans l'eau du camion de distribution ( $0,057 \pm 0,005 \times 10^6$  bactéries/ml) mais augmente dans l'eau des robinets domestiques (abondance moyenne de  $0,65 \pm 0,10 \times 10^6$  bactéries/ml). En effet, les tests ANOVA et Tukey montrent que l'abondance bactérienne de l'eau brute et du camion de distribution diffère significativement ( $p < 0.05$ ) de l'eau des robinets domestiques. L'abondance est aussi plus élevée au robinet public en juillet ( $0,74 \times 10^6$  bactéries/ml) mais similaire à l'eau distribuée en septembre ( $0,05 \times 10^6$  bactéries/ml).

À Taloyoak, l'abondance bactérienne est similaire le long du système d'approvisionnement ( $0,63 \times 10^6$  -  $0,98 \times 10^6$  bactéries/ml). En effet le test ANOVA montre qu'il n'y a pas de différence significative entre l'abondance bactérienne des eaux naturelles et traitées.

À Qamani'tuaq, on observe une réduction de l'abondance bactérienne au point de chloration, soit de  $0,64 \times 10^6$  bactéries/ml dans l'eau de source à  $0,22 \times 10^6$  bactéries/ml dans l'eau chlorée ainsi que dans l'eau du camion de distribution ( $0,11 \times 10^6$  bactéries/ml). Une augmentation se produit au niveau du robinet (HB) où l'abondance est de  $0,56 \times 10^6$  bactéries/ml. L'abondance au robinet domestique (HA) et public (PT) est similaire, soit de  $0,28 \times 10^6$  et  $0,26 \times 10^6$  bactéries/ml et supérieure à l'eau distribuée. En effet, les tests ANOVA montrent que l'abondance bactérienne diffère significativement entre l'eau de la source et les eaux traitées ( $p < 0.05$ ) seulement lorsque les données du robinet HB sont exclues.

À Mittimatalik, l'abondance bactérienne est similaire le long du système d'approvisionnement. Les tests ANOVA montrent aussi qu'il n'y a pas de différences significatives de l'abondance entre les eaux naturelles et traitées à chaque date, ni du point d'échantillonnage lorsque tous les échantillons de 2019 et 2021 sont comparés. Toutefois un effet du point d'échantillonnage est observé en août où l'abondance bactérienne du camion de distribution ( $0,21 \times 10^6$  bactéries/ml) diffère significativement ( $p <$

0.05) de l'eau brute ( $0,45 \times 10^6$  bactéries/ml) et des eaux de robinet ( $0,37 \pm 0,01 \times 10^6$  bactéries/ml). On observe une variabilité temporelle de l'abondance bactérienne qui est significativement supérieure, comme montré par un test ANOVA et Tukey ( $p < 0.05$ ), en juillet 2019 pour toutes les eaux ( $0,74 \times 10^6$ - $1,2 \times 10^6$  bactéries/ml) en comparaison à avril et août 2021 ( $0,24 \times 10^6$ - $0,45 \times 10^6$  bactéries/ml).

À Kangiqsualujjuaq, pour toutes les dates, l'abondance bactérienne des eaux traitées (moyenne de  $0,26 \pm 0,11 \times 10^6$  bactéries/ml) ne diffère pas significativement de l'eau brute (moyenne de  $0,21 \pm 0,05 \times 10^6$  bactéries/ml). En septembre 2019, seulement l'abondance bactérienne de l'eau du camion de distribution ( $0,4 \times 10^6$  bactéries/ml) différait significativement de celle de l'eau brute ( $0,22 \times 10^6$  bactéries/ml).

À Salluit, on observe une abondance bactérienne similaire dans l'eau brute ( $0,055 \times 10^6$  bactéries/ml), l'eau du camion de distribution ( $0,088 \times 10^6$  bactéries/ml) et au robinet public ( $0,081 \times 10^6$  bactéries/ml) mais supérieure dans la plupart des robinets domestiques (HA :  $0,43 \times 10^6$  bactéries/ml, HB :  $0,24 \times 10^6$  bactéries/ml et HC :  $0,13 \times 10^6$  bactéries/ml). Toutefois les tests statistiques ANOVA indiquent que l'abondance bactérienne n'est pas significativement différente le long du système d'approvisionnement, ni entre les eaux naturelles et traitées ni entre l'eau des robinets et les autres eaux.

À Kangirsuk, on observe une réduction importante de l'abondance bactérienne entre la source d'approvisionnement ( $0,53 \times 10^6$  bactéries/ml) et les eaux traitées (en moyenne  $0,052 \pm 0,031 \times 10^6$  bactéries/ml). En effet, les tests statistiques ANOVA et Tukey indiquent que l'abondance bactérienne diffère significativement entre l'eau de la source et les eaux traitées ( $p < 0.05$ ).

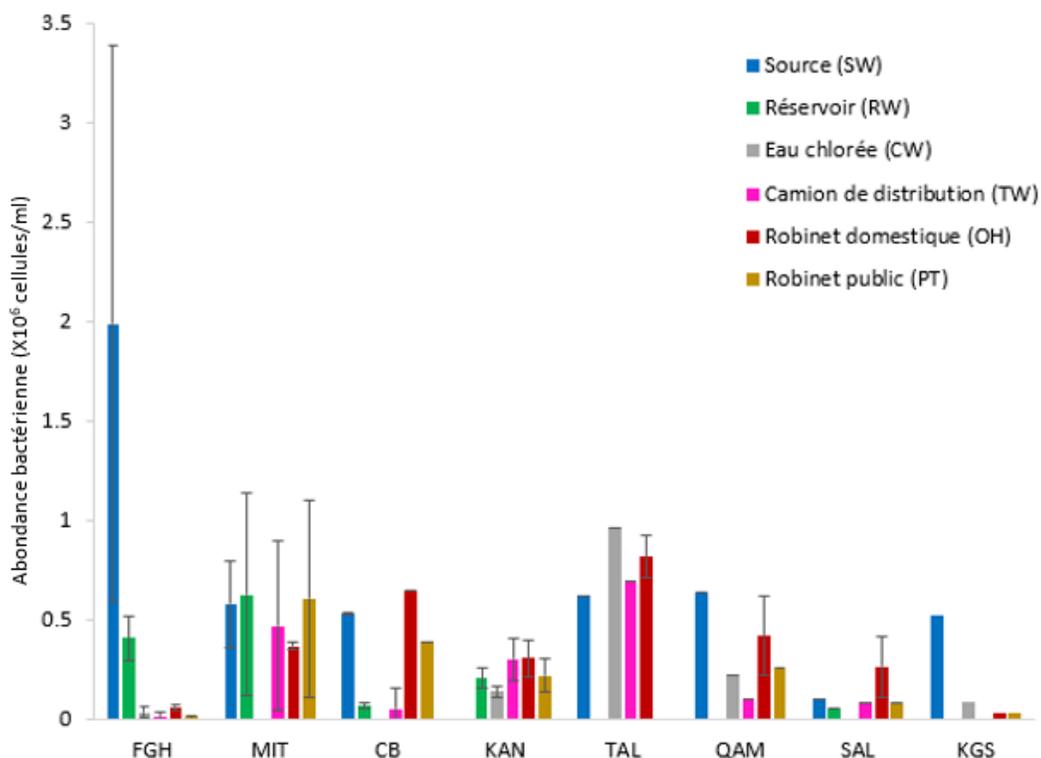


Figure 6. Abondance bactérienne moyenne ( $\times 10^6$  cellules/ml  $\pm$  écart-type) de l'eau échantillonnée le long du système d'approvisionnement des communautés Fort Good Hope (FGH), Mittimatalik (MIT), Cambridge Bay (CB), Kangiqsualujuaq (KAN), Taloyoak (TAL), Qamani'tuaq (QAM), Salluit (SAL) et Kangirsuk (KGS) entre 2019 et 2021.

## 5.2 Composition bactérienne des systèmes d'approvisionnement en eau potable

### 5.2.1. Diversité alpha

De façon générale, la diversité bactérienne alpha, décrite par les indices Shannon et Simpson, est supérieure dans les eaux de source et l'eau brute des réservoirs et inférieure dans les eaux traitées, ce qui peut être observé dans les figures 7 et 8. En effet, les tests statistiques montrent un effet significatif du type d'eau ( $p < 0,01$ ) sur la diversité bactérienne Simpson et Shannon ainsi qu'un effet du point d'échantillonnage ( $p < 0,01$ ). Les tests Tukey précisent que la diversité alpha Simpson diffère entre l'eau du camion de distribution (TW) et les eaux naturelles AW, SW et RW ( $p < 0,1$ ), et que la diversité Shannon diffère significativement entre l'eau du robinet (OH) et les eaux naturelles SW ( $p < 0,05$ ) et RW ( $p < 0,1$ ). Il n'y a pas d'effet de l'interaction communauté nordique - type d'eau ni de l'interaction communauté nordique - point d'échantillonnage.

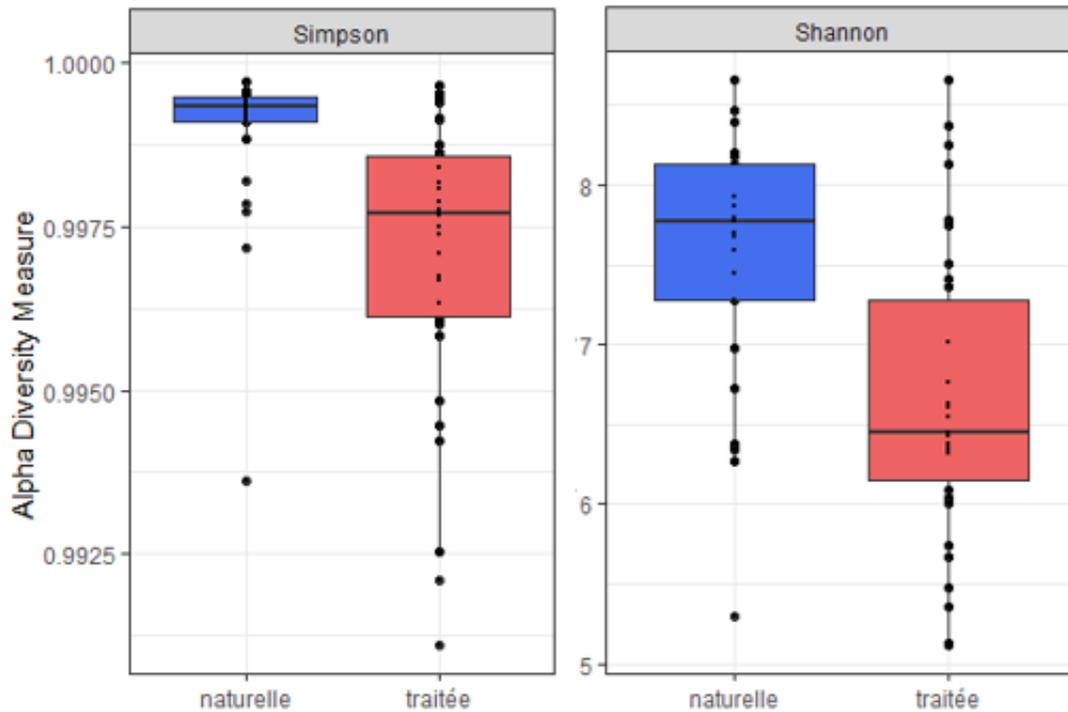


Figure 7. Diversité bactérienne alpha, mesurée selon l'indice Simpson et Shannon, selon le type d'eau (naturelle ou traitée) pour les villages nordiques échantillonnées entre 2019 et 2021. L'extrémité inférieure de la boîte représente le 1<sup>er</sup> quartile, la ligne centrale la médiane, l'extrémité supérieure de la boîte le 3<sup>e</sup> quartile. Les points extérieurs à la boîte montrent des données extrêmes.

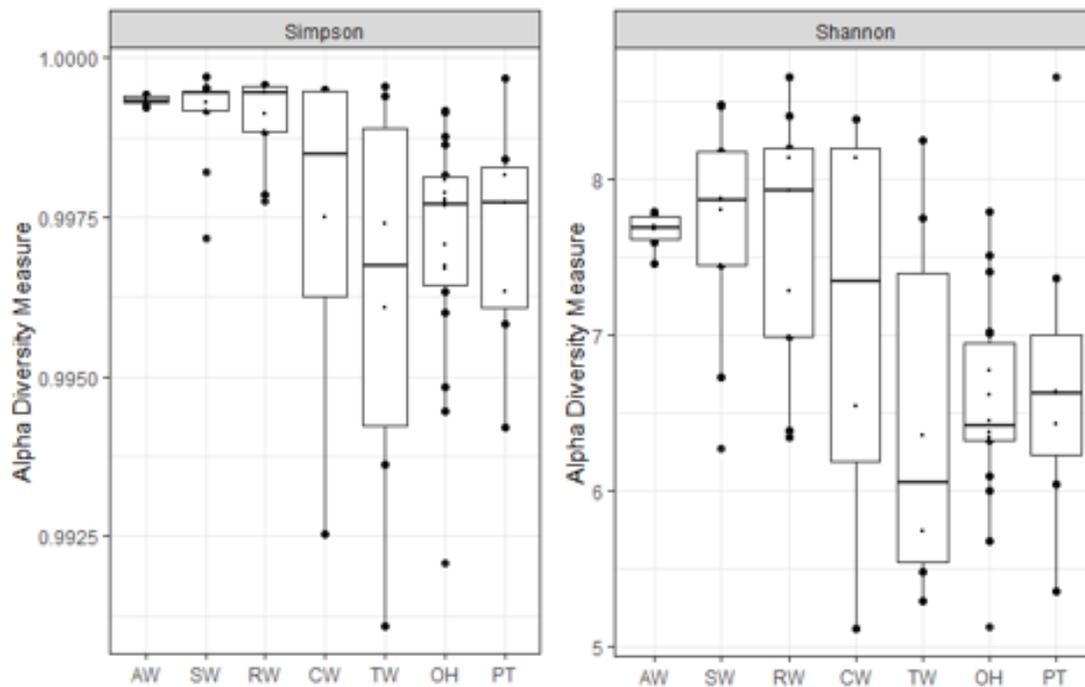


Figure 8. Diversité bactérienne alpha, mesurée selon l'indice Simpson et Shannon, de l'eau selon le point d'échantillonnage (AW : source alternative, SW : Source, RW : eau brute du réservoir, CW : eau chlorée, TW : camion de distribution, OH : robinet domestique, PT : robinet public) pour les communautés nordiques échantillonnées entre 2019 et 2021.

Pour ce qui est de la diversité bêta, on observe que la dispersion des échantillons par rapport à leur centroïde est significativement différente entre les types d'eau (naturelles ou traitées). La dissimilarité des échantillons en termes de composition bactérienne est plus importante pour les eaux traitées (Figure 9).

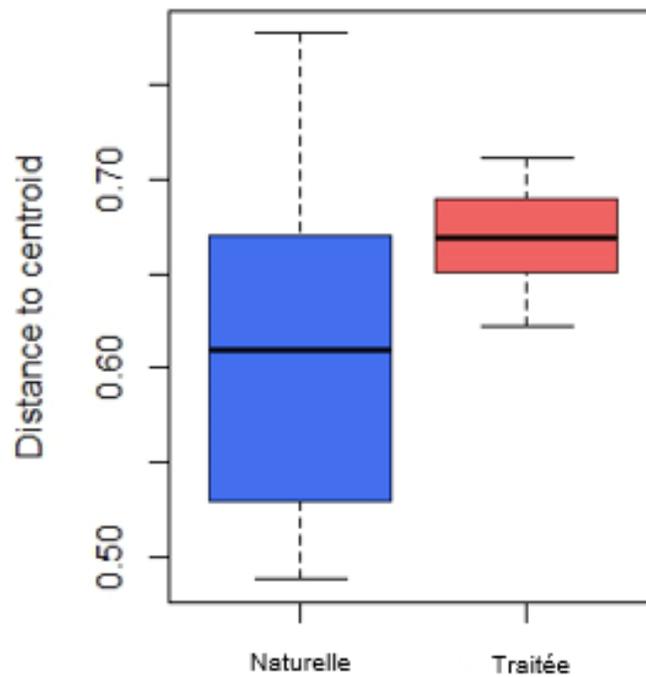


Figure 9. Dispersion des échantillons d'eau naturelle et traitée en relation avec les espèces. L'extrémité inférieure de la boîte représente le 1<sup>er</sup> quartile, la ligne centrale la médiane, l'extrémité supérieure de la boîte le 3<sup>e</sup> quartile et les extrémités des moustaches 1.5 fois l'espace interquartile.

### 5.2.2. Effet du traitement de l'eau sur la composition bactérienne

En plus d'un effet sur la diversité bactérienne de l'eau, on observe un effet significatif du type d'eau (traitée ou naturelle) sur la composition bactérienne de l'eau, bien que l'homogénéité de distribution des échantillons soit aussi significativement différente (Figure 10). Le traitement de l'eau modifierait donc la composition bactérienne de l'eau. On remarque aussi que les assemblages bactériens de l'eau de source à Kangirsuk et du lac Ellasie (source secondaire potentielle) à Kangiqsualujuaq se distinguent des autres eaux naturelles.

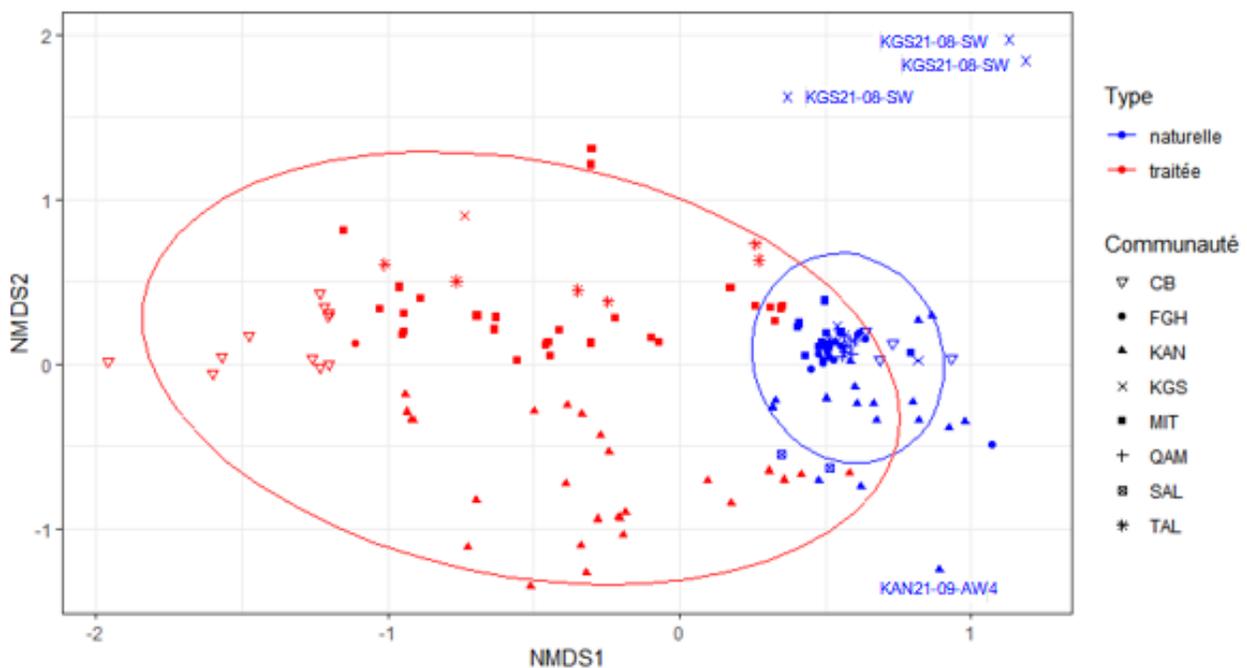


Figure 10. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques échantillonnés entre 2019 et 2021 présentant la variabilité des communautés bactériennes selon le type d'eau (traitée ou naturelle).

### 5.2.3. Effet de l'année d'échantillonnage sur la composition bactérienne

De plus, l'analyse statistique Permanova, réalisée pour les communautés nordiques où l'échantillonnage a été réalisé pour plus d'une année (FGH, MIT et KAN) et au même moment de l'année (c.-à-d. à moins d'un mois d'intervalle), a révélé qu'il y avait un effet significatif de l'année d'échantillonnage sur la

composition des communautés microbiennes pour chacun de ces trois villages, ce qui est illustré dans la figure 11.

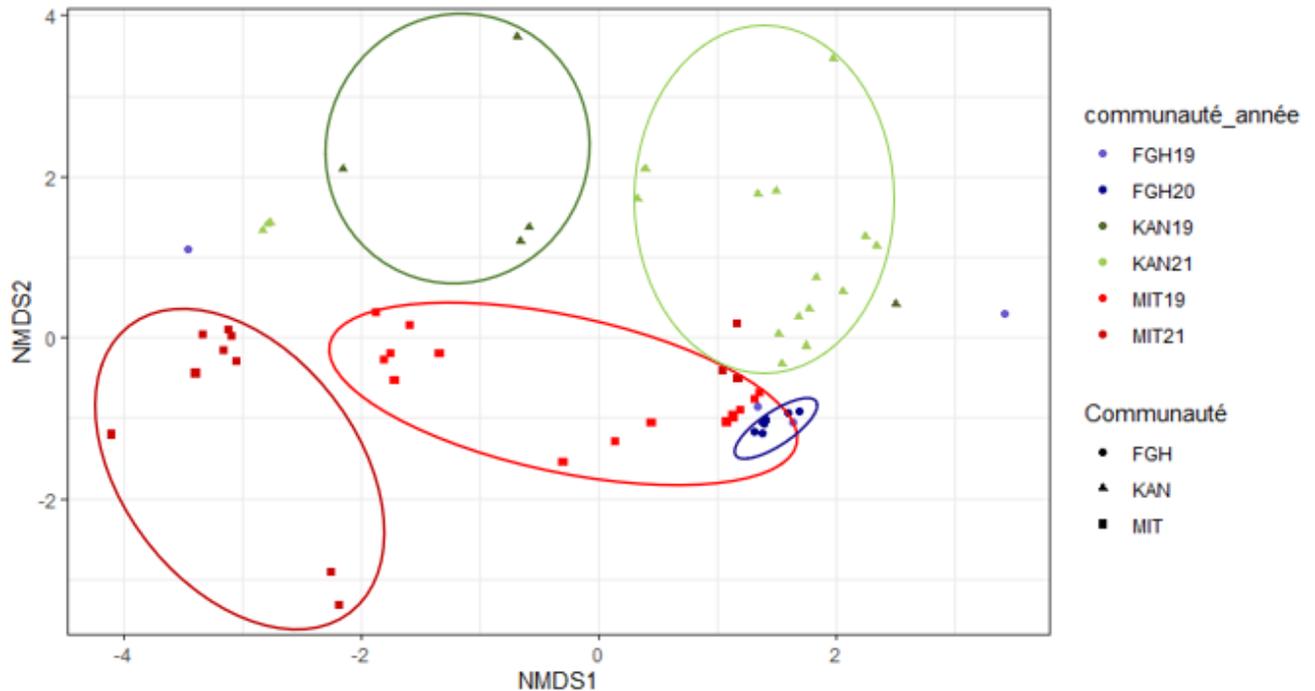


Figure 11. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques avec un échantillonnage réalisé pour plus d'une année, présentant la variabilité temporelle interannuelle des communautés bactériennes (eaux naturelles et traitées).

#### 5.2.4. Effet du mois d'échantillonnage sur la composition bactérienne

L'effet du mois d'échantillonnage a aussi été évalué au sein des communautés pour lesquelles l'échantillonnage a été réalisé pour plusieurs mois en 2021, année où il y a eu une fréquence d'échantillonnage plus élevée, soit Kangiqsualujjuaq, Mittimatalik et Cambridge Bay. Les résultats indiquent un effet significatif du mois d'échantillonnage pour Kangiqsualujjuaq (échantillonnée en avril, juillet et septembre) et Mittimatalik (échantillonnée en avril et en août) (Figure 12). Pour Kangiqsualujjuaq, l'effet du mois d'échantillonnage a aussi été testé séparément pour les eaux naturelles et les eaux traitées, où un effet significatif a été observé dans les deux groupes. Pour Mittimatalik, l'effet du mois d'échantillonnage a aussi été testé, en utilisant un sous-échantillon constitué des eaux traitées

uniquement, où un effet du mois d'échantillonnage a été observé, bien que l'effet saisonnier n'ait pu être testé seulement pour les eaux naturelles étant donné un nombre d'échantillons insuffisant. Cependant, les assemblages bactériens de l'eau du système d'approvisionnement en eau potable de Cambridge Bay ne diffèrent pas significativement entre juillet et septembre.

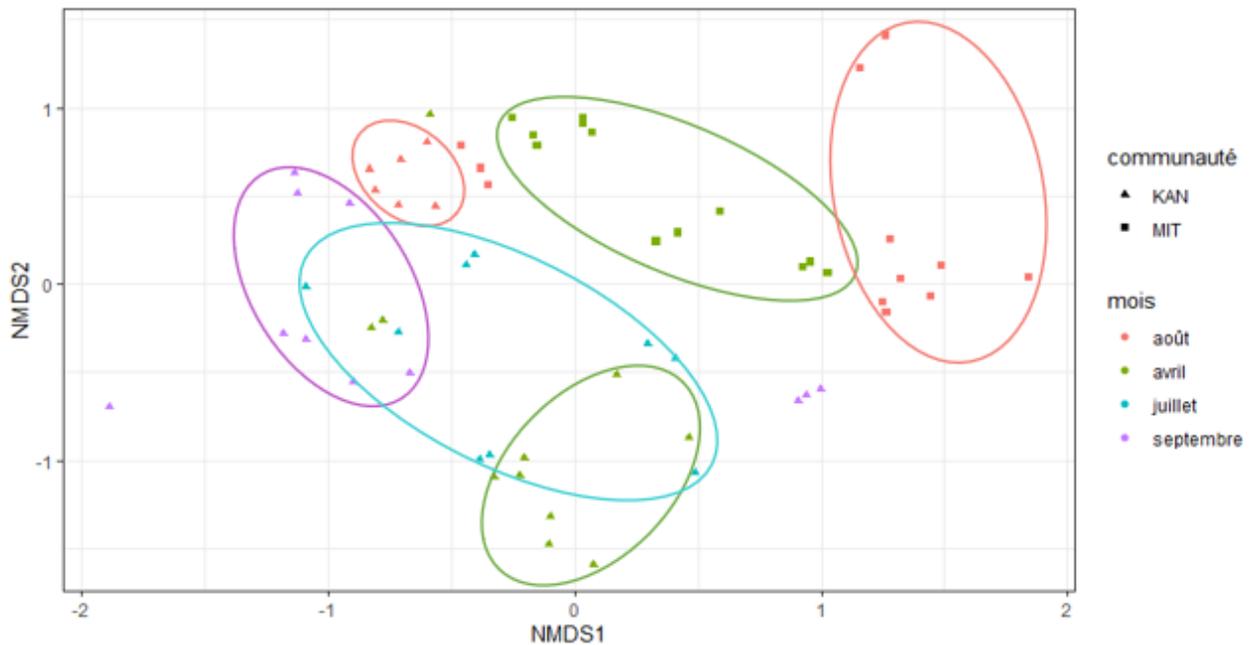


Figure 12. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques avec une fréquence d'échantillonnage >1 pour 2021, présentant la variabilité temporelle intra-annuelle des communautés bactériennes de l'eau (eaux naturelles et traitées).

### 5.2.5. Effet de la communauté et de la région nordique sur la composition bactérienne

La variabilité spatiale des assemblages bactériens a aussi été testée (Permanova) et les résultats indiquent un effet significatif de la communauté nordique (Figure 13) et de la région (Nunavut, Nunavik ou Territoires du Nord-Ouest) sur la composition bactérienne de l'eau. En effet, on remarque, dans la figure 14, un regroupement des assemblages bactériens des échantillons d'eau du Nunavut (Cambridge Bay, Mittimatalik, Taloyoak et Qamani'tuaq) et une plus grande séparation avec les échantillons d'eau du Nunavik (Kangiqualujuaq et Salluit).

La corrélation significative ( $p < 0,05$ ) avec la longitude, pour les eaux naturelles ( $R^2=0,72$ ) et traitées ( $R^2=0,69$ ), et la latitude, pour les eaux traitées ( $R^2=0,75$ ), en 2019, témoigne aussi de l'influence de la situation géographique sur les communautés microbiennes.

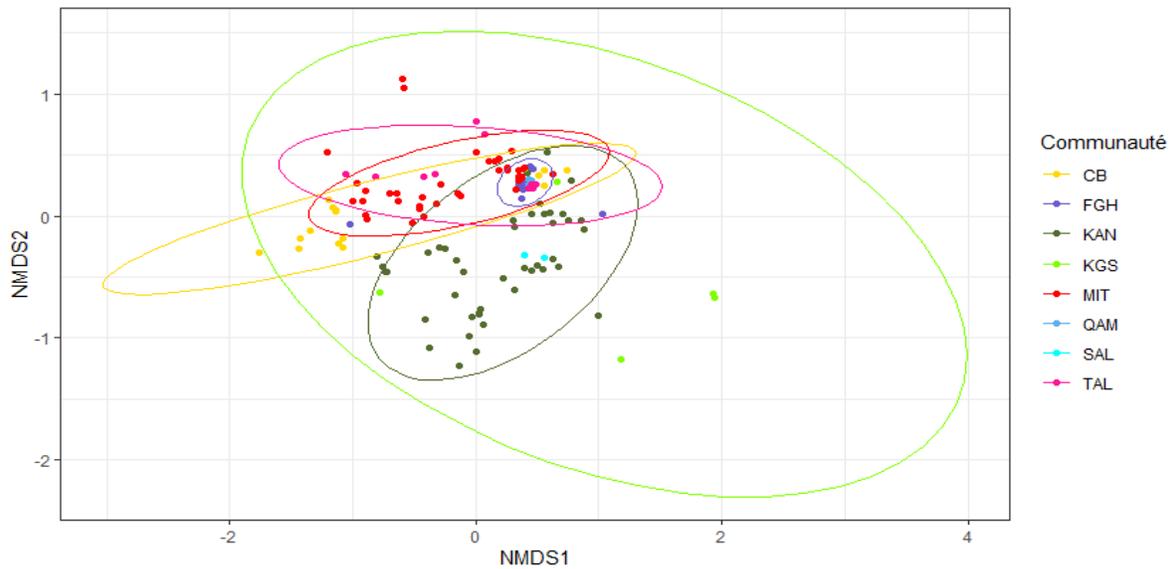


Figure 13. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques récoltés entre 2019 et 2021 présentant la variabilité spatiale des communautés bactériennes. Les ellipses sont tracées à partir du centroïde des différents groupes, qui sont ici les communautés nordiques.

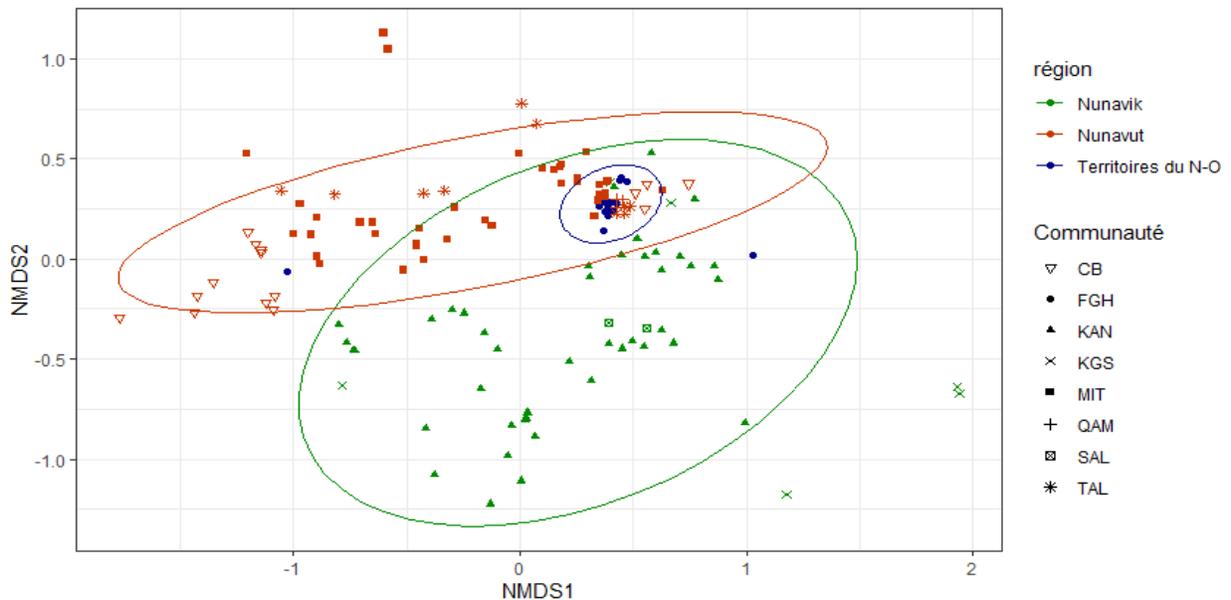


Figure 14. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons des villages nordiques récoltés entre 2019 et 2021 présentant la variabilité spatiale des communautés bactériennes en fonction de la région (Nunavut, Nunavik, Territoires du Nord-Ouest). Les ellipses sont tracées à partir du centroïde des différents groupes, qui sont ici les régions nordiques.

### 5.2.6. Effet du point d'échantillonnage sur la composition bactérienne

L'effet du point d'échantillonnage (c.-à-d. l'endroit de prélèvement dans le système de distribution d'eau potable, entre la source et le robinet) sur les assemblages bactériens des eaux traitées a été testé (Permanova) pour les communautés Kangiqsualujuaq et Mittimatalik, pour lesquelles plus de 2 points du système d'eau potable ont été échantillonnés après traitement. Pour ce faire, pour chaque village, un sous-échantillon incluant les eaux traitées à une année d'échantillonnage (2021) a été utilisé, ce qui a permis d'isoler l'effet de la variabilité spatiale, du type d'eau et de la variabilité temporelle. Un effet significatif du point d'échantillonnage sur la composition bactérienne des eaux traitées a été observé. L'effet du point d'échantillonnage a aussi été testé pour des sous-échantillons des eaux traitées pour un mois d'échantillonnage afin d'isoler l'effet de la saison sur la composition microbienne. Précisément, il a été réalisé pour le mois d'avril et le mois de juillet à Kangiqsualujuaq (Figure 15), comprenant plus de 2 points d'échantillonnage (CW, OH, PT et TW), et pour le mois d'avril (OH, PT et TW) à Mittimatalik (figure 16). Les résultats indiquent que la composition bactérienne change, non seulement entre l'eau traitée et l'eau naturelle, mais également entre les différents points du système d'approvisionnement en eau potable après son traitement.

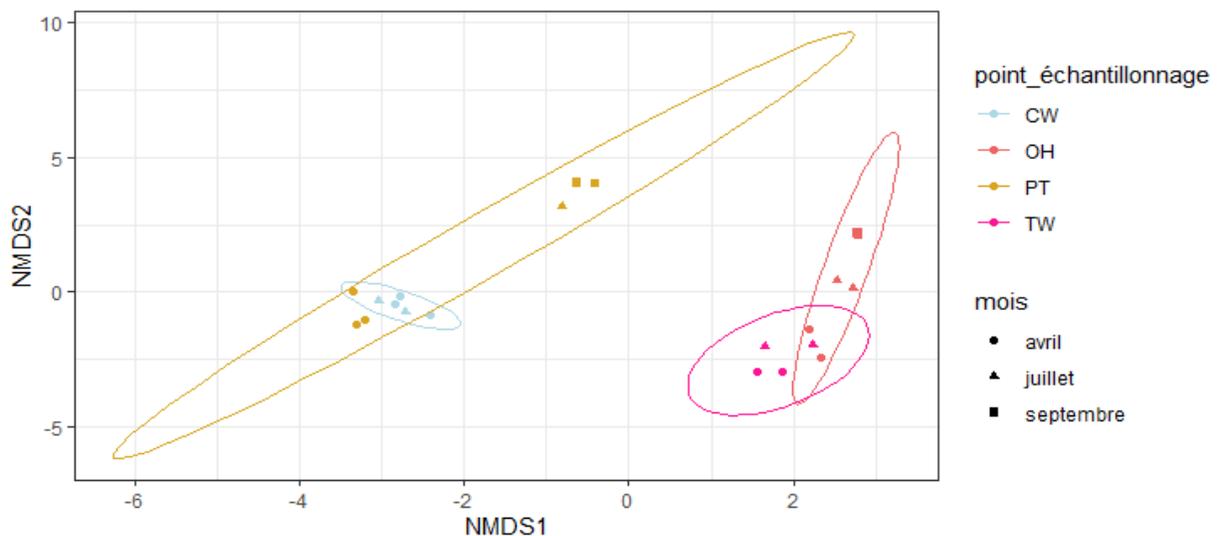


Figure 15. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons d'eau traitée de Kangiqsualujuaq en 2021 présentant la variabilité des communautés bactériennes selon le point d'échantillonnage.

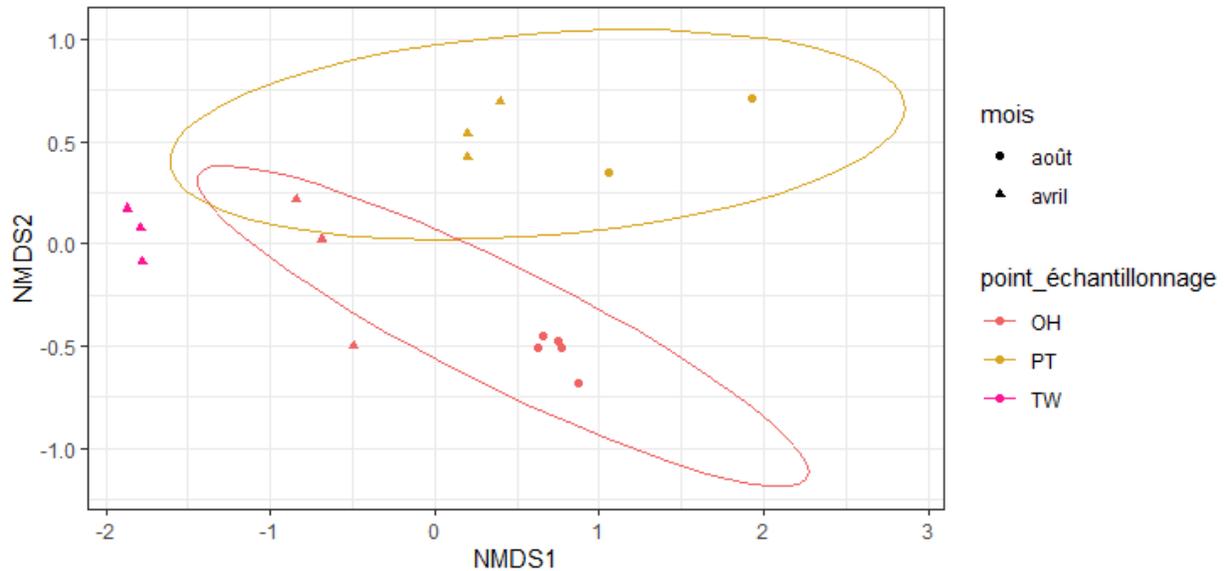


Figure 16. Ordination NMDS avec la dissimilarité Bray Curtis des échantillons d'eau traitée de Mittimatalik en 2021 présentant la variabilité des communautés bactériennes selon le point d'échantillonnage.

### 5.2.7. Effet des variables environnementales sur la composition bactérienne

En outre, au niveau de l'influence des variables environnementales, on observe des corrélations entre les communautés microbiennes et plusieurs paramètres. Par exemple, pour les eaux naturelles échantillonnées en 2019, année la plus complète en termes du nombre de villages nordiques étudiés, on observe une corrélation positive significative ( $p < 0,05$ ) des assemblages bactériens avec les concentrations de matière organique dissoute colorée (MODc), de carbone organique dissous (COD), de phosphore total (TP) et d'azote total (TN) (Figure 17, Tableau 4). On retrouve également une corrélation positive significative entre la composition bactérienne des eaux traitées de 2019 et les concentrations de carbone organique dissous (COD), de matière organique dissoute colorée (MODc), de phosphore total (TP) et d'azote total (TN) ainsi qu'avec le pH et la température (Figure 18). Il n'y a pas de corrélation avec les concentrations de chlore de l'eau. On observe aussi des corrélations positives avec les concentrations de certains métaux au sein des eaux naturelles et des eaux traitées (Figure 19, tableau 5).

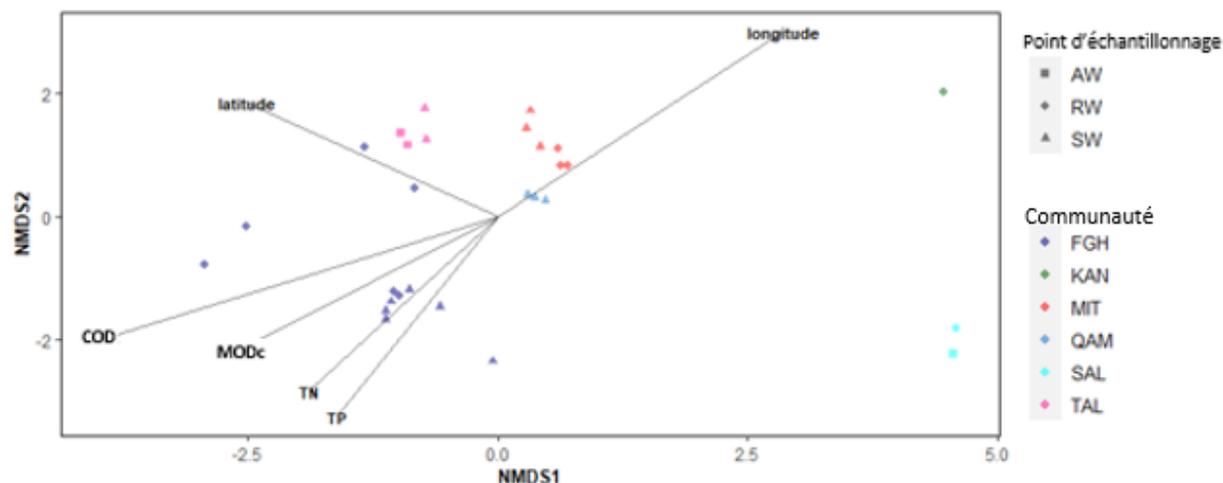


Figure 17. Ordination NMDS sur les échantillons d'eau naturelle de 2019 avec la distance Bray Curtis et vecteurs représentant les résultats de l'analyse Envfit pour les variables environnementales.

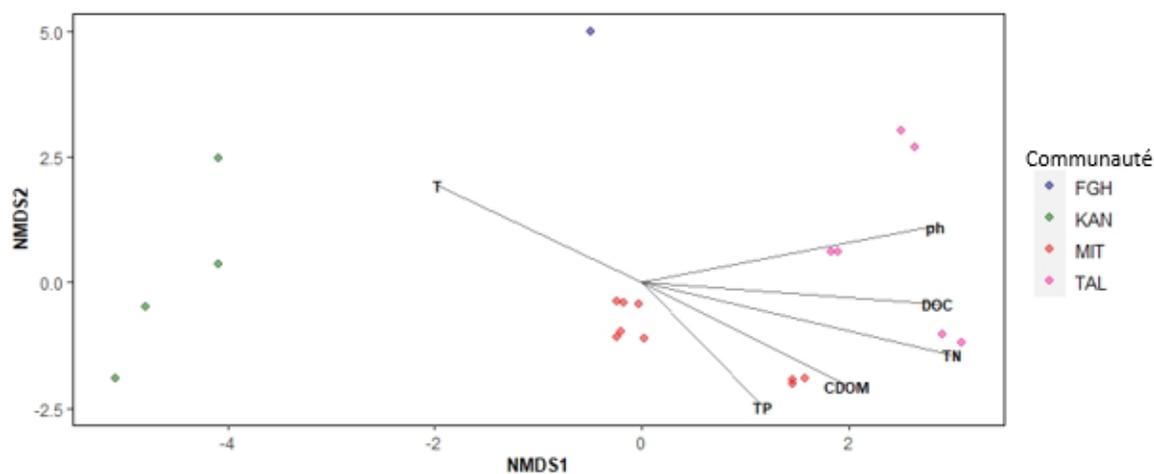


Figure 18. Ordination NMDS sur les échantillons d'eau traitée (CW, OH, PT, TW) de 2019 avec la distance Bray Curtis et vecteurs représentant les résultats de l'analyse Envfit pour les variables environnementales et de la chimie de l'eau.

Tableau 4. Résultats de l'analyse envfit sur l'ordination des données d'eaux naturelles et traitées de 2019 présentant les corrélations  $R^2$  pour les variables environnementales. Les valeurs p incluent une correction Bonferonni. Nd indique que le paramètre n'est pas mesuré. \*Valeur significative

Variables	Eaux naturelles		Eaux traitées	
	$R^2$	$p$	$R^2$	$p$
MODc	0,55	0.01*	0,58	0.01*
COD	0,89	0.006*	0,60	0.007*
TP	0,90	0.02*	0,53	0.04*
TN	0,63	0.002*	0,79	0.007*
Chlore libre	Nd	Nd	0,12	1
pH	0.08	1	0,67	0.02*
T°	0.36	0.2	0,55	0.03*

Tableau 5. Résultats de l'analyse envfit sur l'ordination des données des eaux naturelles et traitées de 2019-2021 pour les variables environnementales incluant les métaux. Les valeurs p incluent une correction Bonferonni.

\*Valeur significative

Variables	Eaux naturelles et traitées		Eaux naturelles		Eaux traitées	
	R <sup>2</sup>	p	R <sup>2</sup>	p	R <sup>2</sup>	p
Na	0.1	1	0.4	1	0.4	1
Mg	0.08	1	0.3	1	0.5	1
Al	0.4	0.6	0.9	0.2	0.2	1
K	0.3	1	0.6	1	0.7	1
Ca	0.2	1	0.9	0.7	0.7	0.3
S	0.2	1	0.4	1	0.6	0.9
Cr	0.4	0.3	0.4	1	0.6	1
Mn	0.3	1	0.9	0.5	0.7	0.3
Co	0.2	1	0.9	0.5	0.7	0.5
Ni	0.8	0.03*	0.9	0.06	0.5	1
Cu	0.6	0.06	0.6	1	0.4	1
Ti	0.06	1	0.3	1	0.7	0.4
Zn	0.8	0.03*	0.4	1	0.9	0.09
V	0.1	1	0.4	1	0.4	1
Fe	0.7	0.03*	0.9	0.06	0.6	0.8
Sr	0.4	1	0.5	1	0.7	0.6
As	0.4	0.5	0.5	1	0.5	1
Se	0.7	0.03*	0.9	0.06	0.7	0.3
Mo	0.3	1	0.5	1	0.8	0.2
Ag	0.4	0.7	0.9	0.5	0.7	0.3
Cd	0.3	1	0.9	0.7	0.1	1
Ba	0.01	1	0.7	1	0.6	0.7
Pb	0.4	0.3	0.6	1	0.3	1
Th	0.3	1	0.8	0.3	0.7	0.2
U	0.3	1	0.5	1	0.2	1
TN	0.02	1	0.8	0.5	0.4	1
TP	0.8	0.03*	0.9	0.5	0.7	0.3
pH	0.3	1	0.6	1	0.9	0.2
T°	0.9	0.03*	0.7	1	0.8	0.03*

### 5.2.8. Effet de la composition de la MOD fluorescente sur la composition bactérienne

Encore, certaines relations avec la composition de la MOD fluorescente, dont l'abondance relative des composés (C1-C6) et les indices de fluorescence (HIX, FRESH, BIX et SUVA), ont été observées (Figure 19, Tableau 6).

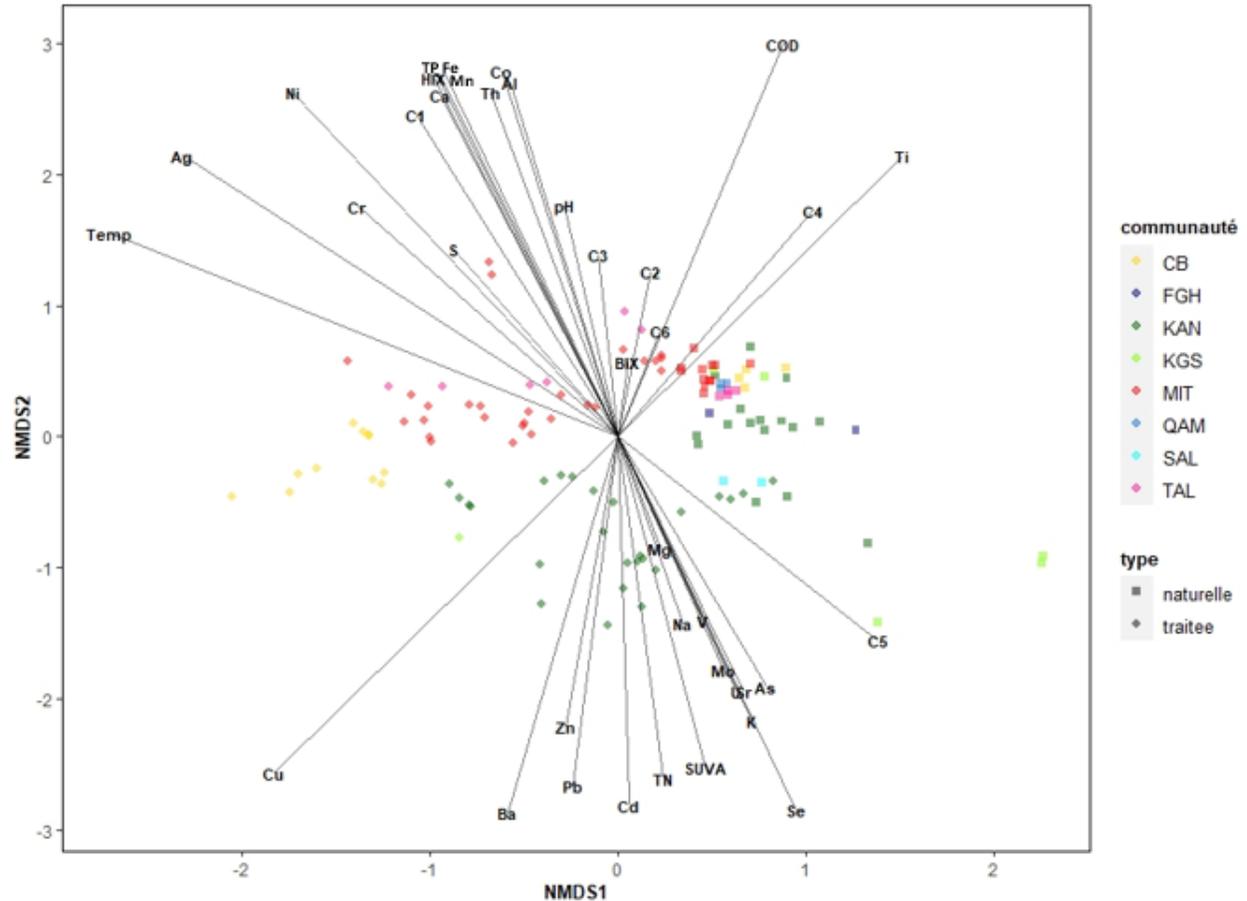


Figure 19. Ordination NMDS sur les échantillons d'eau naturelle de 2019 et 2021 avec la dissimilarité Bray Curtis et vecteurs réalisés à partir de l'analyse Envfit pour les variables chimie de l'eau (métaux et nutriments) et de composition de MOD fluorescente.

Tableau 6. Résultats des analyses Envfit pour les corrélations avec la MOD fluorescente (indices HIX, BIX, SUVA, contenu en COD et composés du modèle PARAFAC). Les valeurs p incluent une correction Bonferonni. \*Indique une valeur significative.

Variables	Naturelles et traitées	
	R <sup>2</sup>	p
C1	0.46	0.01*
C2	0.39	0.01*
C3	0.39	0.01*
C4	0.38	0.01*
C5	0.36	0.01*
C6	0.28	0.01*
HIX	0.22	0.01*
BIX	0.31	0.01*
SUVA	0.11	0.2
COD	0.65	0.01*

Ensuite, les résultats des tests Mantel, réalisés en incluant les eaux naturelles et traitées, montrent une relation significative entre les changements de composition bactérienne de l'eau et de composition de la MOD, particulièrement au niveau de l'abondance des composés C2, C6 et de la teneur en MODc avec lesquelles la corrélation est plus importante ( $r > 0.35$ ) (Tableau 7). De plus, les tests Mantel montrent une corrélation positive ( $r > 0.35$ ) significative entre la composition bactérienne des eaux naturelles et l'abondance relative des composés C1, C2, C3, C4 et C6, les teneurs de COD et de MODc et les indices HIX, SUVA et BIX. Pour les eaux traitées les tests Mantel montrent une corrélation positive ( $r > 0.35$ ) avec les concentrations de COD et de MODc et des composés C2, C4 et C5. La composition bactérienne des sources d'eau potable varierait donc davantage lorsque ces variables diffèrent dans les eaux naturelles.

Tableau 7. Résultats des analyses Mantel montrant la relation entre la composition bactérienne des eaux naturelles et traitées avec les variables environnementales, indices de composition de la composition de la MOD fluorescente et composés du modèle PARAFAC. Le test Mantel est réalisée seulement pour les échantillons de 2019 avec la variable MODc puisque les mesures ne sont pas disponibles pour les échantillons de 2021.

Variables	Naturelles et traitées		Naturelles		Traitées	
	<i>r</i>	<i>p</i>	<i>r</i>	<i>p</i>	<i>r</i>	<i>p</i>
TP	0.01	0.37	0.09	0.15	0.07	0.06
TN	0.16	0.0001*	0.23	0.0003*	0.29	0.0001*
COD	0.28	0.0001*	0.56	0.0001*	0.39	0.0001*
MODc	0.37	0.0001*	0.73	0.0001*	0.43	0.0004*
BIX	0.24	0.0004*	0.63	0.0001	0.20	0.002*
HIX	0.13	0.005*	0.43	0.0004*	0.20	0.0004*
SUVA	0.31	0.0001*	0.72	0.0001*	0.24	0.0001*
C1	0.26	0.0001*	0.64	0.0001*	0.17	0.003*
C2	0.4	0.0001*	0.76	0.0001*	0.4	0.0001*
C3	0.33	0.0001*	0.73	0.0001*	0.16	0.017*
C4	0.33	0.0001*	0.61	0.0001*	0.4	0.0001*
C5	0.21	0.0001*	0.20	0.08	0.46	0.0001*
C6	0.38	0.0001*	0.73	0.0001*	0.17	0.007*

\*Indique une valeur significative

Comme pour les assemblages bactériens, on observe une variabilité spatiale (entre les villages) de la composition de la MOD fluorescente de l'eau. Précisément, les analyses Permanova montrent que la composition de la MOD diffère significativement ( $p < 0.05$ ) entre les villages nordiques au niveau de l'abondance relative des composés C1, C3, C4 et de l'indice SUVA, ainsi que pour l'abondance relative du composé C6 et l'indice BIX bien que la dispersion soit hétérogène pour ces dernières.

La variabilité spatiale semble principalement venir de la composition différente en MOD fluorescente des eaux de Kangiqsualujuaq et Kangirsuk où l'indice BIX et le composé protéique C6 sont plus importants, par rapport aux communautés Fort Good Hope, Mittimatalik, Qamani'tuaq et Taloyoak où les composés humiques C1 et C4, la composante bactérienne C3, ainsi que l'indice SUVA, indicateur du contenu aromatique sont plus importants (Figure 20).

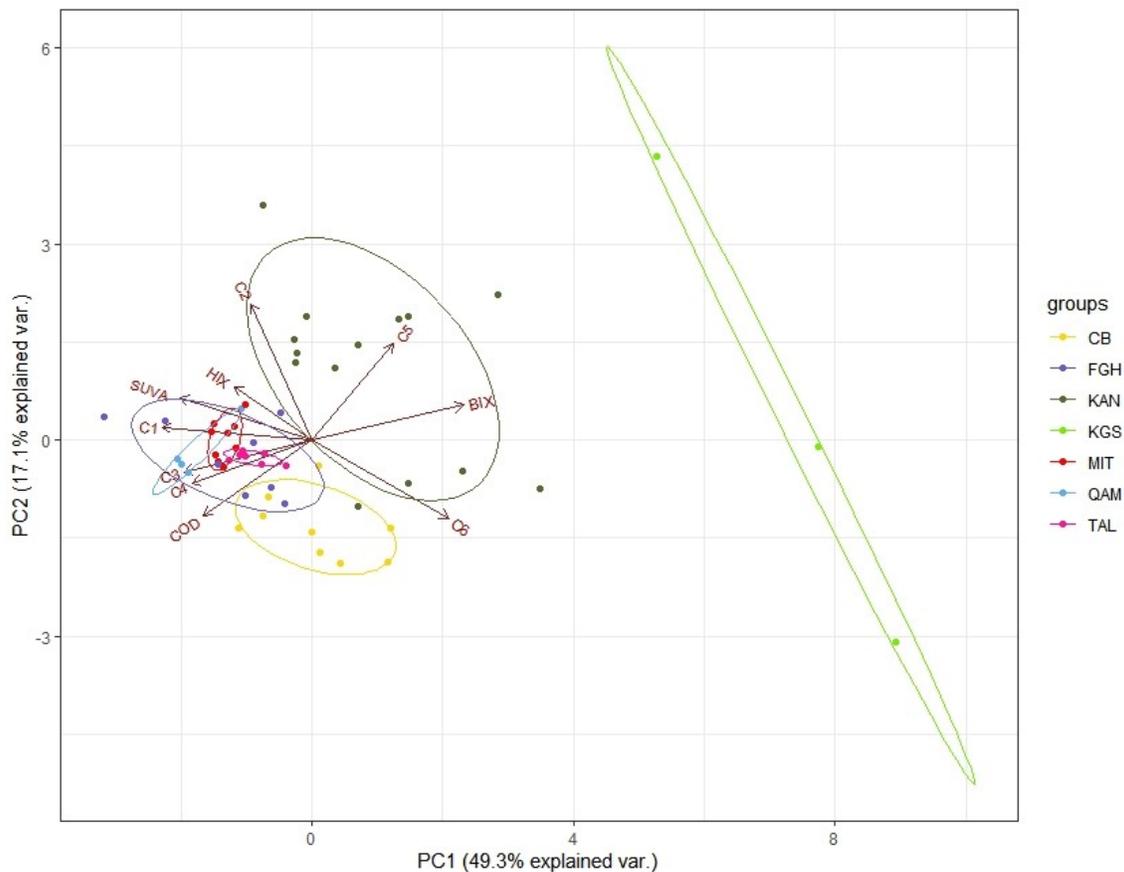


Figure 20. Analyse de composante principale basée sur la composition de la MOD fluorescente de l'eau montrant la variabilité spatiale selon les communautés nordiques.

On observe aussi au sein des communautés une certaine séparation des eaux naturelles et traitées en termes de composition de la MOD fluorescente. En effet, la composition en MOD des eaux traitées et des eaux naturelles diffère significativement ( $p < 0.5$ ) en termes de l'abondance relative des composés C3 et C4.

Par exemple, on remarque, que la variance expliquée par la PC2 (30.2%) où on observe une séparation des eaux traitées et naturelles des communautés du Nunavut (QAM, TAL, MIT, CB), semble expliquée par les composés C4 et C5 plus importants dans les eaux naturelles et par le composé C3 plus importants dans les eaux traitées (Figure 21 A). De plus, on observe que la dispersion des échantillons en termes de composition de la MOD est plus importante au sein des eaux traitées que des eaux naturelles, ce qui est confirmé par le test *betadisper* ( $p < 0.05$ ). Toutefois, la variance expliquée par la PC1 (50.2%) dans les eaux du Nunavut est plutôt associée à la variabilité spatiale des assemblages, soit à la composition différente de l'eau de Cambridge Bay et des eaux naturelles de Taloyoak par rapport aux autres eaux (Figure 21 B). Par ailleurs, pour les villages du Nunavik, ni la composition de la MOD ni la dispersion des échantillons par rapport à celle-ci ne diffère entre les eaux traitées et naturelles.

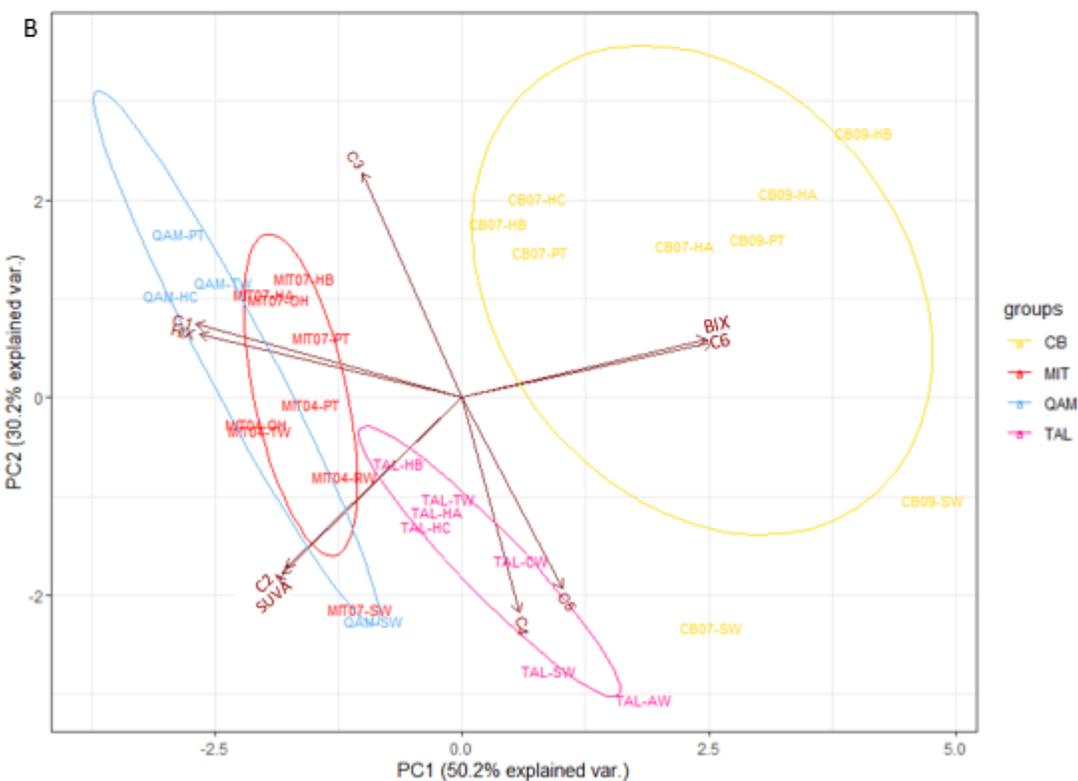
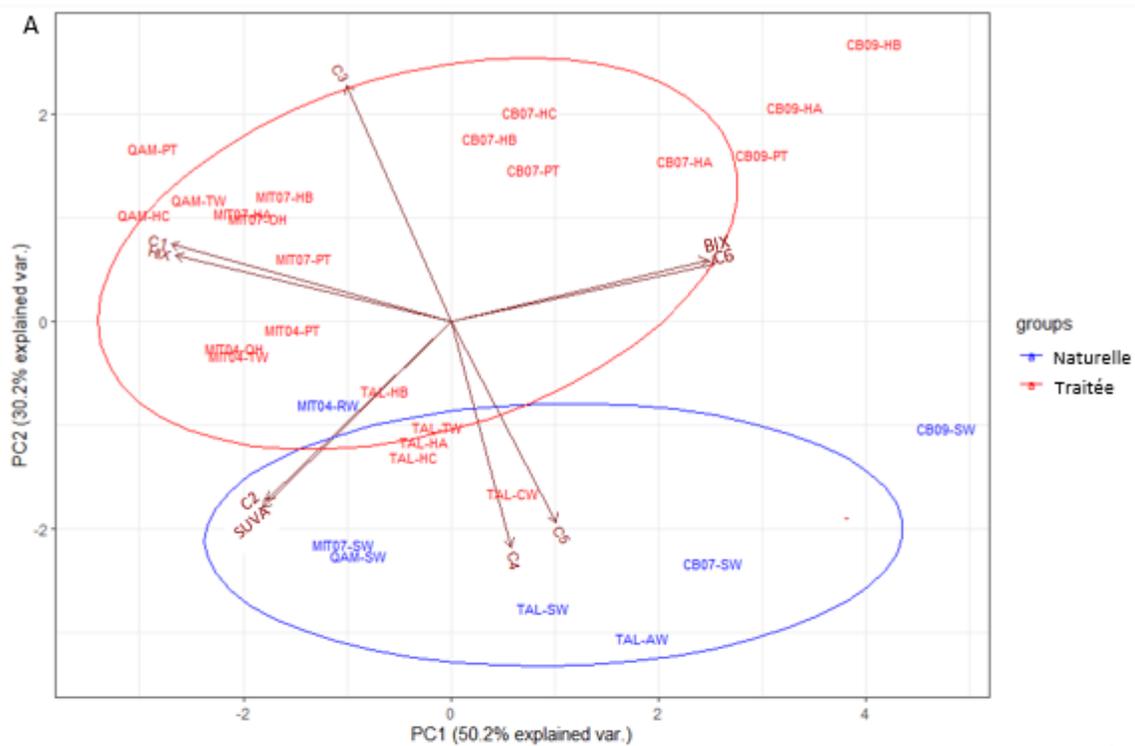


Figure 21. Analyse de composante principale basée sur la composition de la MOD fluorescente de l'eau des systèmes d'approvisionnement en eau potable des communautés du Nunavut (QAM, MIT, TAL et CB) montrant la variabilité selon le type d'eau (A) et selon la communauté (B).

### 5.3 Portrait de la composition bactérienne au niveau taxonomique de la classe et du genre bactérien

Les analyses de composition bactérienne par identification des classes et des genres bactériens permettent d'observer plus en détails la variabilité des assemblages bactériens au sein des systèmes d'approvisionnement en eau potable nordiques.

#### *5.3.1. Variabilité spatiale et temporelle des communautés bactériennes*

L'abondance relative des genres bactériens diffère entre les sources échantillonnées, ce qui illustre la variabilité spatiale des assemblages bactériens (Figure 22). Notamment, on remarque que les genres les plus abondants (abondance relative > 5%) diffèrent entre les villages échantillonnés en 2019 (Figure 22 A). Le test SIMPER indique que les ASVs contribuant le plus à cette dissimilarité des microbiomes des sources échantillonnées en 2019 appartiennent aux genres *Candidatus Planktophilia*, *Limnohabitans*, *Rhodoferrax*, *Polynucleobacter*, *Flavobacterium* et *Acidovorax*. On observe, par exemple, que *Rhodoferrax* fait partie des genres les plus abondants à Fort Good Hope, Qamani'tuaq, Salluit et Taloyoak; *Limnohabitans* à Fort Good Hope, Qamani'tuaq et Taloyoak; *Acidovorax* à Fort Good Hope et Taloyoak; *Polynucleobacter* à Mittimatalik et Taloyoak; et *Flavobacterium* à Qamani'tuaq, Salluit et Taloyoak en 2019.

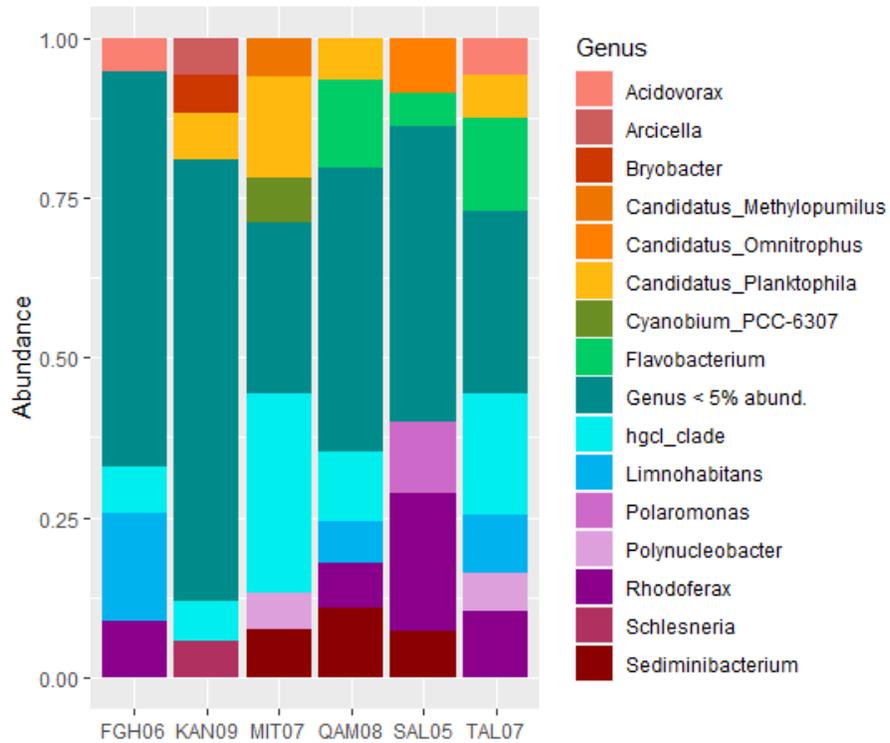
On observe aussi que le microbiome de la source de Kangirsuk se distingue particulièrement de celle des autres sources échantillonnées en 2021 (Figure 22 B), avec les genres *Polynucleobacter* et *Acidocella* qui dominent fortement la composition (55,2% des séquences), ce qui n'est pas observé pour les autres villages. Cet assemblage bactérien a également été identifié comme distinct par rapport à la composition bactérienne des autres eaux brutes (Figure 10).

On observe aussi la variabilité interannuelle des assemblages bactériens de Kangiqsualujjuaq, avec les genres les plus abondants (abondance relative >5%) qui diffèrent entre septembre 2019 (c.-à-d. *Arcicella*,

*Bryobacter*, *Schlesneria*, clade *Hgcl* et *Candidatus planktophila*) et septembre 2021 (c.-à-d. *Limnohabitans*, *Phenylobacterium*, *Pirellula*, *Rhodoferrax*, *Sediminibacterium* et *Candidatus planktophila*).

On remarque aussi la variabilité saisonnière des assemblages bactériens au niveau des sources échantillonnées en 2021 (Figure 22 B), notamment pour Kangiqsualujjuaq, avec des genres qui ont une abondance relative plus importante en avril (p. ex. *Sediminibacterium* et *Rhodoferrax*), d'autres genres qui ont une abondance relative plus importante en juillet (p. ex. *Flavobacterium*), et d'autres genres qui prennent de l'importance en septembre (p. ex. *Limnohabitans*, *Pirellula* et *Polymorphobacter*). Pour Mittimatalik, l'importance relative des genres *Schlesneria*, *Rhodoferrax*, *Candidatus methylophilus* et *Methylobacter* est moindre en août alors que d'autres genres prennent de l'importance, *Polynucleobacter*, *Flvobacterium*, et *Phenylobacterium*.

A



B

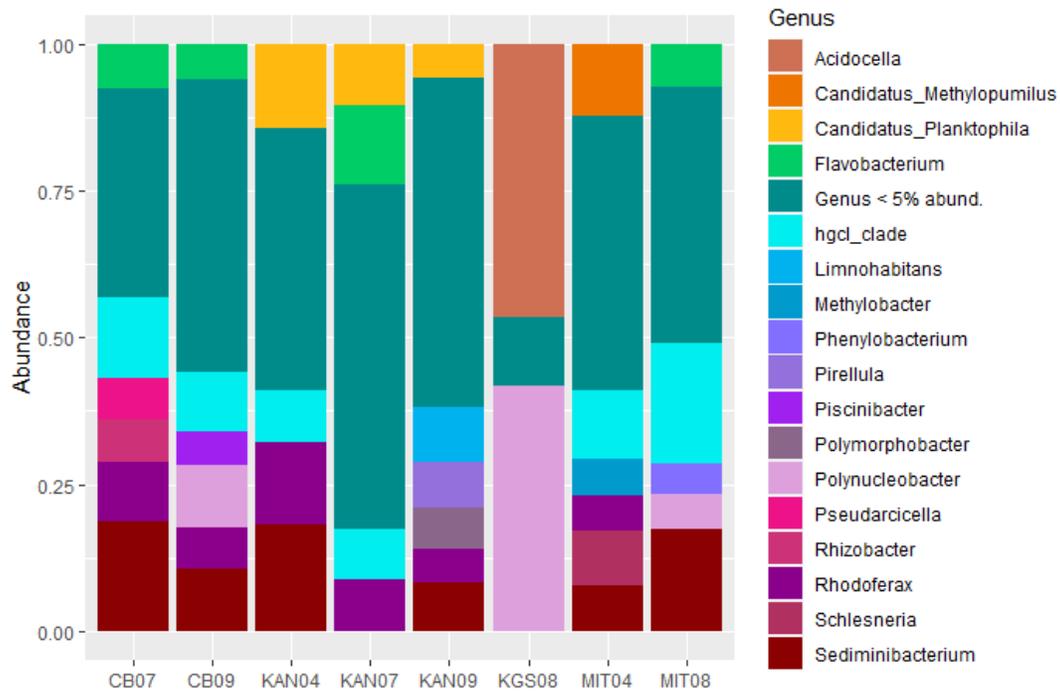


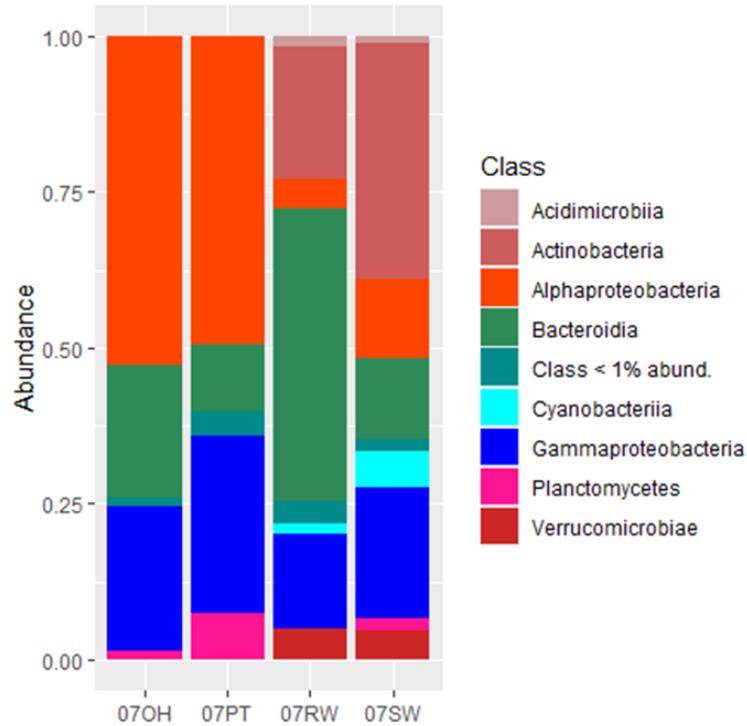
Figure 22. Communautés bactériennes (16S) au niveau taxonomique du genre bactérien des sources d'eau potable échantillonnées en 2019 (A) et 2021 (B).

### *5.3.2 Variabilité des communautés bactériennes dans les systèmes d’approvisionnement : Effet du traitement et du point d’échantillonnage*

Les analyses de composition bactérienne par identification des classes et des genres bactériens permettent aussi d’observer plus en détails la variabilité des assemblages bactériens selon le type d’eau et le point d’échantillonnage le long du système d’approvisionnement. En effet, de façon générale, on observe que les classes Gammaproteobacteria et Alphaproteobacteria dominent, en termes d’abondance relative, la composition des eaux traitées. Une augmentation en abondance relative de la classe Alphaproteobacteria dans les eaux de robinet est observée dans la plupart des communautés nordiques étudiées (p. ex. Fort Good Hope, Cambridge Bay, Taloyoak, Mittimatalik, Kangirsuk ainsi que Kangiqsualujjuaq pour l’eau de robinet domestique en septembre 2021). Une réduction de l’abondance relative des Actinobacteria (p. ex. Fort Good Hope, Taloyoak, Mittimatalik, Cambridge Bay et Kangiqsualujjuaq) dans les eaux traitées est aussi observée. La classe Bacteroidia voit aussi son abondance relative parfois diminuée dans les eaux chlorées (Taloyoak, Cambridge Bay, Kangirsuk et Fort Good Hope).

Par exemple, on observe l’effet du traitement de l’eau sur les assemblages bactériens dans le système d’approvisionnement en eau potable de Mittimatalik, avec une augmentation de la classe Alphaproteobacteria dans les eaux traitées (OH et PT) et une diminution de la classe Actinobacteria dans les eaux traitées (OH, PT et TW) et de la classe Bacteroidia dans certaines eaux de robinet (PT et OH) (Figure 23).

A



B

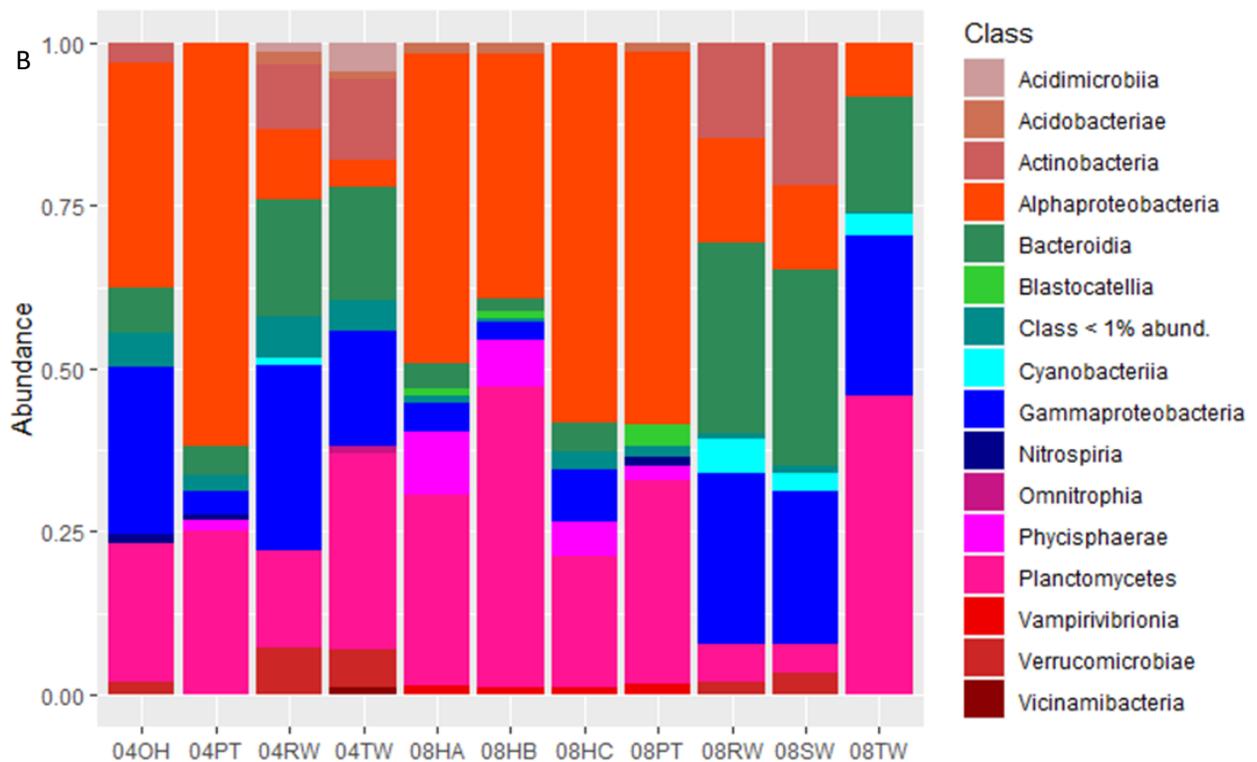


Figure 23. Communautés bactériennes (16S) au niveau taxonomique de la classe bactérienne des différents points d'échantillonnage (Source SW, eau brute du réservoir RW, eau du camion de distribution TW, eau d'un robinet domestique OH et du robinet public PT) dans le système d'approvisionnement en eau potable de la communauté Mittimatalik en juillet 2019 (A) et en avril et août 2021 (B).

On observe aussi que l'importance relative des genres les plus abondants dans les sources diminue dans les eaux traitées, incluant les eaux de robinets, alors que d'autres genres prennent de l'importance (p. ex. *Sphingomonas*, *Novosphingobium*, *Undibacterium*, *Rhodovarius*, *Stakelama*, *Porphyrobacter*, *Gemmata*, *Blastomonas*, *Paucibacter* et *Schlesneria*).

Par exemple, pour le système d'approvisionnement en eau potable de Mittimatalik on observe que, les genres les plus abondants dans les sources et l'eau brute du réservoir (p. ex. *Hgcl clade*, *Sediminibacterium*, *Flavobacterium*, *Candidatus Methylopusillus* et *Candidatus Planktophila*) sont remplacés par d'autres genres qui prennent de l'importance dans les eaux de robinets, notamment *Rhodovarius*, *Rhizobacter*, *Sphingomonas*, *Stakelama*, *Arcicella*, *Novosphingobium*, *SM1A02*, *Roseomonas*, *Planctopirus*, *Hyphomicrobium*, *Gemmata*, *Duganella*, *Rhodopseudomonas* et *Afipia* (Figures 24). Le test SIMPER indique que les ASVs contribuant le plus à la dissimilarité des assemblages bactériens entre les eaux traitées et brutes appartiennent aux genres *Sphingomonas* et *Novosphingobium*. On observe aussi que les genres bactériens les plus abondants (abondance relative >5%) diffèrent entre les différentes eaux traitées (OH, PT ou TW), indiquant l'effet du point d'échantillonnage.

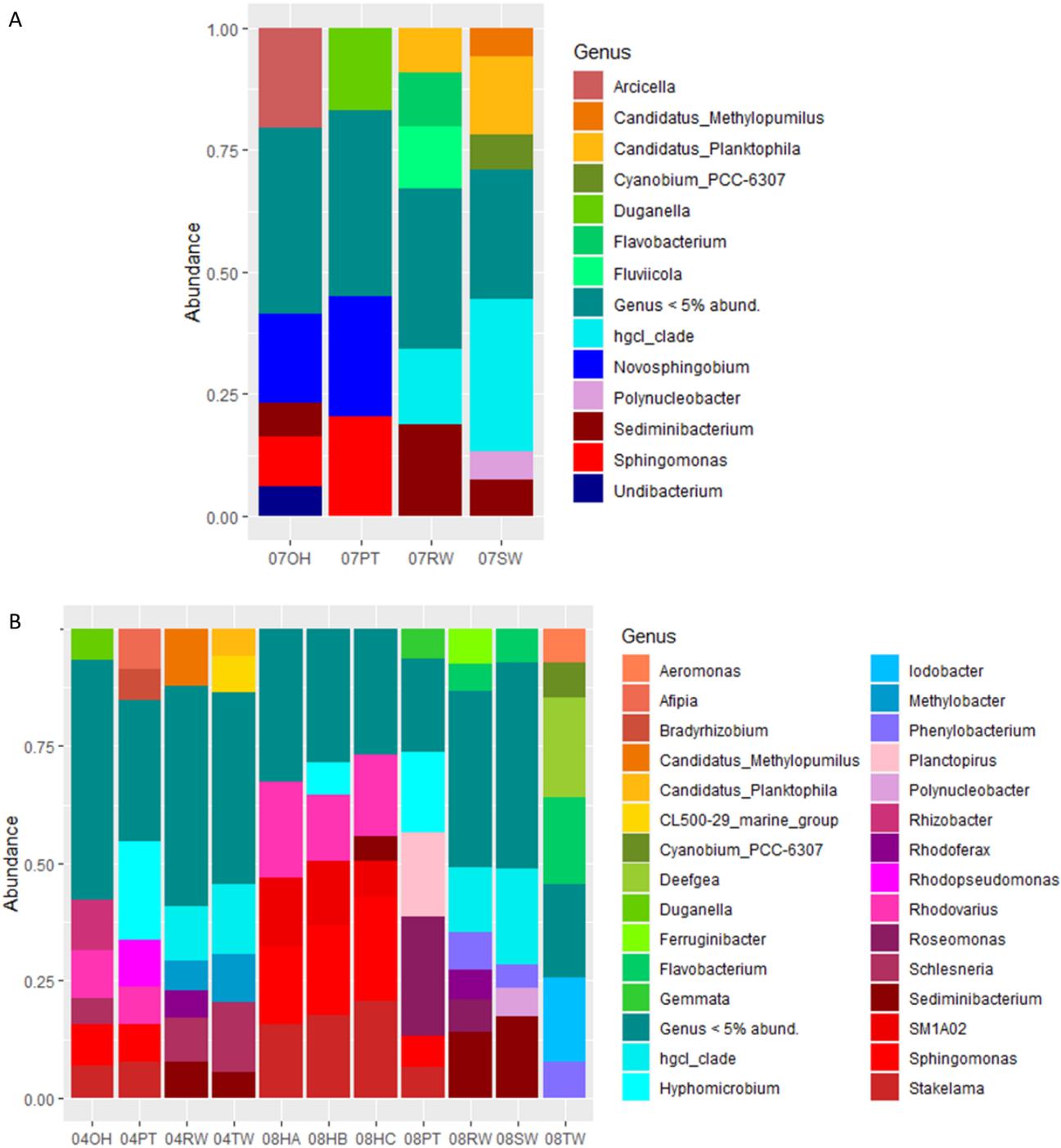


Figure 24. Communautés bactériennes (16S) au niveau du genre bactérien des différents points d'échantillonnage (Source SW, eau brute du réservoir RW, eau du camion de distribution TW, eau d'un robinet domestique OH et du robinet public PT) dans le système d'approvisionnement en eau potable de la communauté Mittimatalik en juillet 2019 (A) et avril et août 2021 (B).

## 5.4. Identification de microorganismes nocifs dans les systèmes d'eau potable

### 5.4.1 Identification d'ASVs taxonomiquement associés à des pathogènes

Des ASVs taxonomiquement associés à des pathogènes, selon l'alignement des fragments du gène 16S avec des séquences connues, ont été identifiés dans certaines eaux traitées et sources alternatives, bien qu'à des abondances relatives généralement faibles (<1%). Ces ASVs ont été associés aux genres bactériens *Legionella* spp., *Aeromonas* spp., *Mycobacterium* spp. et *Pseudomonas* qui font partie des bactéries de l'environnement considérées comme pathogènes émergents capables de croître et d'être transmis dans le réseau d'eau potable (Szewzyk et al. 2000). Ces genres bactériens incluent, en effet, certaines espèces pathogènes (Gutierrez C. et Somoskovi A. 2014, Winthrop K. L. et Roy E. 2020, Primm et Falkinham 2008, Szewzyk et al. 2000, Berjeaud et al. 2016, Slow et al. 2018, Matsui et al. 2010, Thacker et al. 1992, Lin et al. 2010, Shaw et Voth 2019) et leur détection pourrait indiquer une présence potentielle de ces pathogènes dans l'eau.

Par exemple, à Fort Good Hope l'appariement des ASVs à l'espèce ont révélé une association avec l'espèce *A. veronii* dans l'eau de robinet en juin 2019.

À Taloyoak, une association potentielle aux séquences des pathogènes *S. paucimobilis*, *L. rubrilucens*, *L. longbeachae*, *L. sainthelensi* et *L. pneumophila* dans l'eau du robinet et de *L. sainthelensi* et *Coxiella burnetti* dans l'eau de la source alternative a été observée.

À Cambridge Bay, aucun ASV associé à une espèce pathogène n'a été identifié dans les données de séquençage.

À Mittimatalik, certains ASVs pourraient appartenir à des espèces pathogènes dans l'eau potable dont *Aeromonas veronii* (identifiée dans l'eau du camion de distribution en juillet 2019 et août 2021), *C. burnetti* (aux robinets domestique et public en 2019 et 2021), *P. fluorescens* (au robinet domestique en

août 2021), *L. birminghamensis* et *L. cherri* (au robinet public en juillet 2019), *L. anisa* et *L. bozemanae* (au robinet domestique en juillet 2019).

À Kangiqsualujjuaq, les alignements de séquences révèlent une association potentielle de certains ASVs à *Legionella pneumophila* et *Legionella lansingensis* (au robinet domestique en septembre 2019), *L. longbeachae* et *L. pneumophila* (dans l'eau chlorée et du robinet public en avril 2021 et aux robinets domestique et public en septembre 2021), *Coxiella burnetti* (au robinet public et dans l'eau chlorée en 2019 et juillet 2021 et au robinet domestique en septembre 2021), *Aeromonas veronii* (dans l'eau chlorée en avril 2021) et *P. fluorescens* (aux robinets public et domestique en septembre 2021, bien qu'un appariement équivalent soit obtenu pour d'autres espèces non pathogènes). À la source alternative, des associations avec les séquences de *C. burnetti*, *L. Pneumophila*, *L. longbeachae*, *L. lansingensis*, *L. clemsonensis*, *L. sainthelensi*, *L. lansingensis* ont été identifiées en septembre 2021.

Pour Salluit, les analyses révèlent une association de fragments du gène 16S aux séquences des espèces *L. birminghamensis*, *P. fluorescens* (pathogène opportuniste), *C. burnetii* et *Aeromonas hydrophila* à la source alternative. L'absence de données de composition bactérienne pour l'eau potable ne permet pas d'évaluer le risque d'exposition aux pathogènes de la consommation d'eau traitée.

À Kangirsuk, la présence potentielle d'une espèce pathogène a été identifiée dans l'eau chlorée (*S. paucimobilis*).

#### 5.4.2 Identification d'entérobactéries dans les sources d'eau potable

Une détection positive des entérocoques, résultant des analyses PCR quantitatives, a été obtenue pour la plupart des sources et des réservoirs avec des niveaux relativement faibles et qui varient selon la communauté et la date d'échantillonnage (Tableau 8). Par exemple, les niveaux détectés dans l'eau brute de Mittimatalik, Cambridge Bay et Fort Good Hope augmentaient au fil des saisons. Un niveau relativement élevé a été mesuré dans la source de Kangirsuk en août 2021, alors que des niveaux plus

faibles ont été observés pour l'eau brute de Kangiqsualujjuaq en avril, juillet (non détecté) et septembre ainsi que dans la source de Qamani'tuaq en août 2019.

Le marqueur ADN Bacteroides humain pour la contamination fécale (HF183) n'a été détecté dans aucune des sources ou réservoirs analysés.

Toutefois, le marqueur ADN Catellicoccus de la mouette a été détecté dans la source (2 TSC/100ml) et le réservoir (25 TSC/100ml) de Mittimatalik en juillet 2019.

Tableau 8. Résultats des PCR quantitatives pour la détection des entérocoques et du suivi des sources microbiennes de contamination fécale par PCR digitales pour la détection des marqueurs fécaux humain et de la mouette dans les sources d'eau potable (SW) et l'eau brute des réservoirs (RW) de Kangiqsualujjuaq (KAN), Mittimatalik (MIT), Cambridge Bay (CB), Fort Good Hope (FGH), Qamani'tuaq (QAM) et Kangirsuk (KGS). Le nombre de copies de séquence cible détecté dans 2µl d'ADN est rapporté en nombre de séquences dans le volume total d'ADN extrait pour 100ml d'eau. Nd indique l'absence de détection.

<b>Échantillons</b>	<b>Entérocoques copies d'ADN/100 ml ±SD</b>	<b>Gull4 copies d'ADN /100ml</b>	<b>HF183 copies d'ADN /100ml</b>
KAN21_04_RW	10	Nd	Nd
KAN21_07_RW	Nd	Nd	Nd
KAN21_09_RW	13 ±9	Nd	Nd
MIT19_07_SW	139 ±121	2	Nd
MIT19_07_RW	824 ±129	25	Nd
MIT21_04_RW	4 ±7	Nd	Nd
MIT21_08_SW	77 ±98	Nd	Nd
MIT21_08_RW	101 ±88	Nd	Nd
CB21_07_SW	573	Nd	Nd
CB21_09_SW	7 ±12	Nd	Nd
FGH19_06_SW	25	Nd	Nd
FGH20_07_RW	Nd	Nd	Nd
FGH21_08_RW	225	Nd	Nd
QAM19_08_SW	5	Nd	Nd
KGS21_08_SW	428	Nd	Nd

#### 5.4.3 Identification des cyanobactéries toxiques dans les sources et sources alternatives

Des genres de cyanobactéries qui incluent des espèces ayant la capacité de produire des toxines nocives pour la santé humaine et de former des floraisons problématiques dans les écosystèmes d'eau douce ont été identifiés dans l'eau des sources d'approvisionnement en eau potable et des sources alternatives via l'assignation taxonomique des ASVs résultant du séquençage de l'ARN 16S. Ceux-ci incluent *Cyanobium*, *Snowella*, *Nostoc* et *Pseudanabaena* qui peuvent produire des microcystines (Rastogi et al. 2015, Śliwińska-Wilczewska et al. 2018, Marsálek et al. 2003), *Tychonema* qui inclut l'espèce productrice d'anatoxines-a *Tychonema bourrelyi* (Sham et al. 2015) et *Calothrix*, dont l'espèce *Calothrix crustacean* peut produire la toxine aplysiatoxine (Hambricht et al. 2014), bien qu'identifiés à des abondances relatives généralement faibles (< 2%). Cependant, certains genres ont été identifiés avec des abondances relatives (par rapport au nombre de séquences total) plus importantes dans certaines sources secondaires potentielles échantillonnées à Kangiqsualujjuaq, dont *Cyanobium* avec une abondance relative de 12,1% (lac Mivvivinik =AW2) et 4,4% (lac Ellasie = AW4), et *Snowella* avec une abondance relative de 2,5% (lac Ellasie).

#### 5.5. Réponse des communautés bactériennes au brunissement

En ce qui concerne l'expérience de brunissement, les résultats montrent comment les communautés bactériennes de la source d'eau de Cambridge Bay répondent aux différents traitements de brunissement de pergélisol (PG) et de couche active (CA) : 1- l'eau de la source sans ajout (T1), 2- une augmentation de 33% de la couleur de l'eau (T2), 3- augmentation de 100% de la couleur (T3), 4- une augmentation graduelle de 33% de la couleur (T4), et 5- une augmentation de 100% de la couleur sans transfert de bactéries du sol (T5).

### 5.5.1. Diversité bactérienne alpha

Les tests statistiques ANOVA indiquent que la diversité bactérienne Simpson et Shannon de la source diffère significativement ( $p < 0.05$ ) selon le type de lixiviat (pergélisol, couche active) qui a servi à générer le changement de couleur de l'eau. Plus précisément, la diversité bactérienne alpha de la source est supérieure avec des ajouts de MOD de couche active de sol qu'avec des ajouts de MOD de pergélisol (Figure 25).

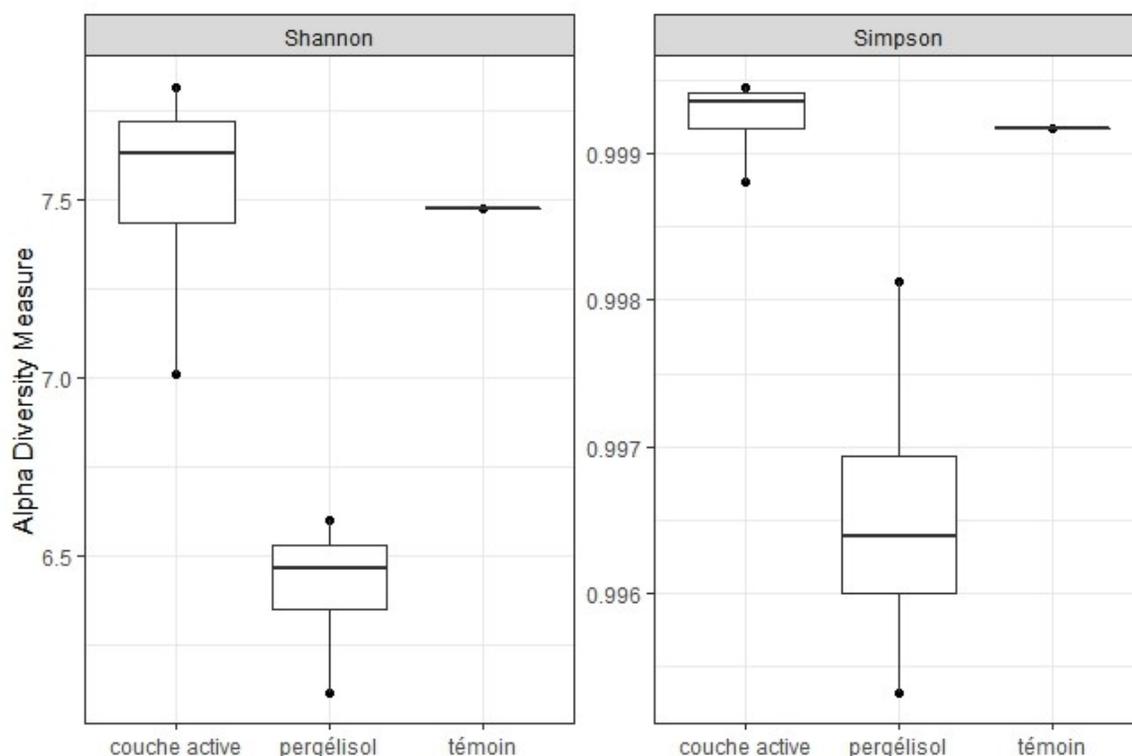


Figure 25. Diversité bactérienne alpha (indices Shannon et Simpson) de la source pour les échantillons témoins et les traitements par ajout de MOD de couche active et de pergélisol de l'expérience de brunissement après 28 jours d'incubation.

Par ailleurs, on observe une dispersion des échantillons par rapport au centroïde, indiquant la dissimilarité des échantillons en termes de composition bactérienne (c.-à-d. la diversité bêta), plus grande, pour l'eau avec ajout de MOD de couche active que l'eau avec ajout de MOD de pergélisol, bien

que leur dispersion ne soit pas significativement différente et qu'on observe une plus grande hétérogénéité pour le pergélisol (Figure 26).

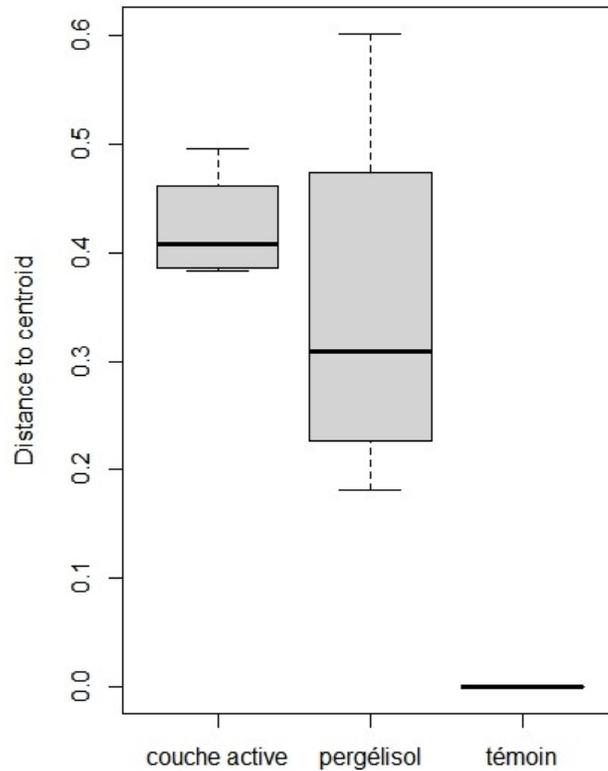


Figure 26. Dispersion par rapport au centroïde (diversité bêta) des échantillons de l'eau avec ajout de MOD de couche active et de pergélisol.

### 5.5.2. Composition bactérienne et variables explicatives

Pour ce qui est des résultats de composition bactérienne de l'expérience de brunissement, on observe un effet significatif ( $p < 0.05$ ) de l'ajout de lixiviat de pergélisol sur la composition bactérienne (assemblages bactériens des traitements significativement différents des témoins).

Cependant, l'ajout de MOD provenant d'un lixiviat de la couche active n'a pas généré pas de changements significatifs dans les assemblages bactériens. La séparation des communautés bactériennes de l'eau avec ajout de MOD de pergélisol des communautés bactériennes des témoins et de l'eau avec ajout de MOD de couche active illustre bien cet effet (Figure 27).

Il y a aussi un effet significatif du traitement, c'est-à-dire du niveau de changement de couleur de l'eau généré. Cependant, il n'y a pas d'effet significatif du transfert de bactéries en même temps que l'ajout de MOD pergélisol sur la communauté bactérienne de la source (les communautés bactériennes des traitements T2-T4 ne sont pas significativement différentes des communautés de T5). Toutefois, l'abondance bactérienne initiale de l'eau du traitement T5 n'est pas inférieure à l'eau du traitement T4 pour les ajouts de pergélisol, ce qui semble indiquer que la filtration visant à empêcher le transfert de bactéries du sol pour étudier l'effet isolé des apports de MOD n'a pas été suffisamment efficace. De plus, l'absence de différence significative entre les communautés bactériennes du traitement T3 et T4 indique qu'il n'y a pas d'effet de la vitesse de brunissement (spontanée ou graduelle) pour un même changement de couleur de l'eau total.

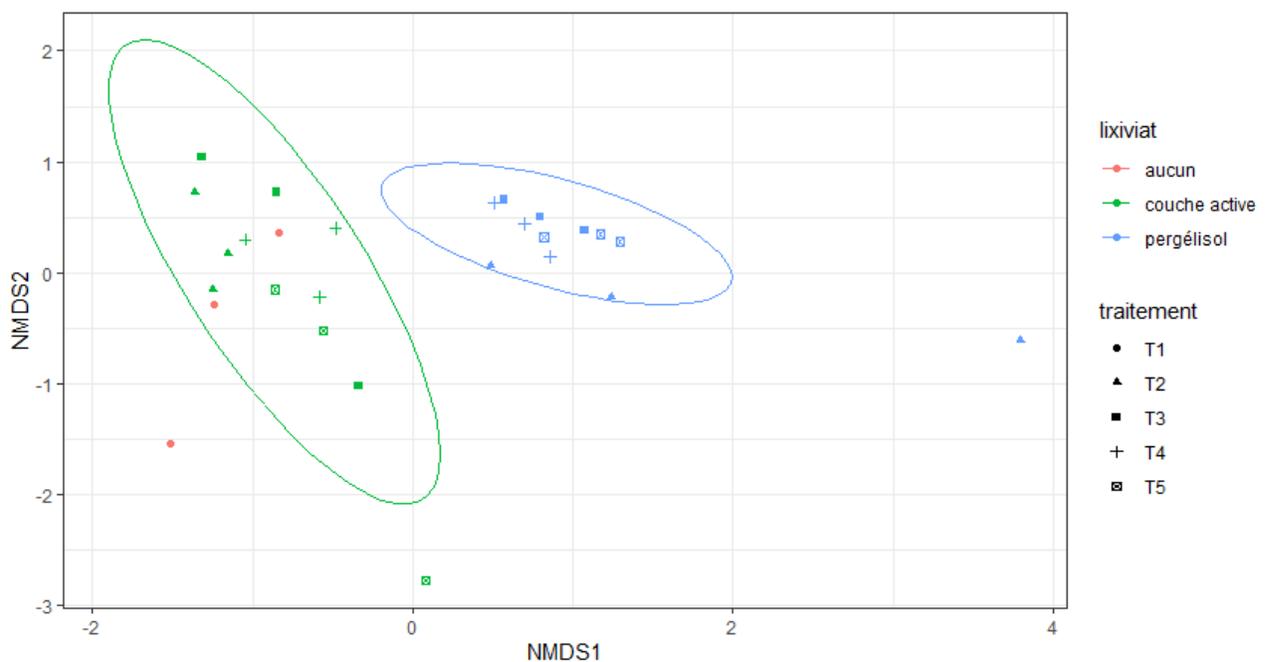


Figure 27. Ordination NMDS sur les échantillons de l'expérience de brunissement de la composition bactérienne des témoins (T1) et des différents traitements (T2 : augmentation de couleur de 33%, T3 : augmentation graduelle de 33%/jour, T4 : augmentation de 100%, T5 : augmentation de 100% avec lixiviat filtré sur 0,2µm) au jour 28 d'incubation avec la distance Bray Curtis.

Ensuite, l'analyse de composantes principales (Figure 28) montre que les échantillons se distinguent en termes de composition en MOD fluorescente de l'eau selon qu'elle ait été soumise à un brunissement généré avec apports de MOD de pergélisol, de couche active ou qu'aucun changement de couleur de l'eau n'ait été généré. On remarque que la variance expliquée par la PC1 (42%) semble surtout provenir de la différence de composition entre l'eau avec brunissement de pergélisol et l'eau sans brunissement, et que la variance expliquée par la PC2 (25.7%) semble surtout provenir de la différence de composition entre l'eau avec brunissement de pergélisol et l'eau avec brunissement de couche active.

Plus précisément la composition en MOD de l'eau diffère significativement ( $p < 0.05$ ) au niveau de l'abondance relative des composés C3, C4, C5 et C6 ainsi que de l'indice SUVA. Les composés C1, C2 et C4 sont des composantes humiques terrestres, C3 une composante bactérienne, et C5-C6 des composantes protéiques de la MOD fluorescente.

En effet, on remarque que la distinction entre la composition de la MOD fluorescente de l'eau de source sans ajout de sol et l'eau avec ajout de lixiviat de pergélisol semble provenir de l'abondance relative du composé C3 de l'indice SUVA plus importants avec ajouts de pergélisol, et des composés C4 et C6, plus importants dans l'eau sans ajout de lixiviat. On observe aussi que la composition en MOD de l'eau avec ajout de lixiviat de pergélisol de l'eau se distingue de l'eau avec ajout de lixiviat de couche active notamment par son abondance relative plus élevée du composé C5, tandis que la composante terrestre (T) et le composé C2 sont plus importants dans la composition de l'eau avec ajout de lixiviat de couche active. On peut aussi remarquer que pour les traitements T2, représentant le changement de couleur le moins important, la composition en MOD se distingue des autres traitements et semble plus similaire à celle de l'eau sans brunissement (T1).

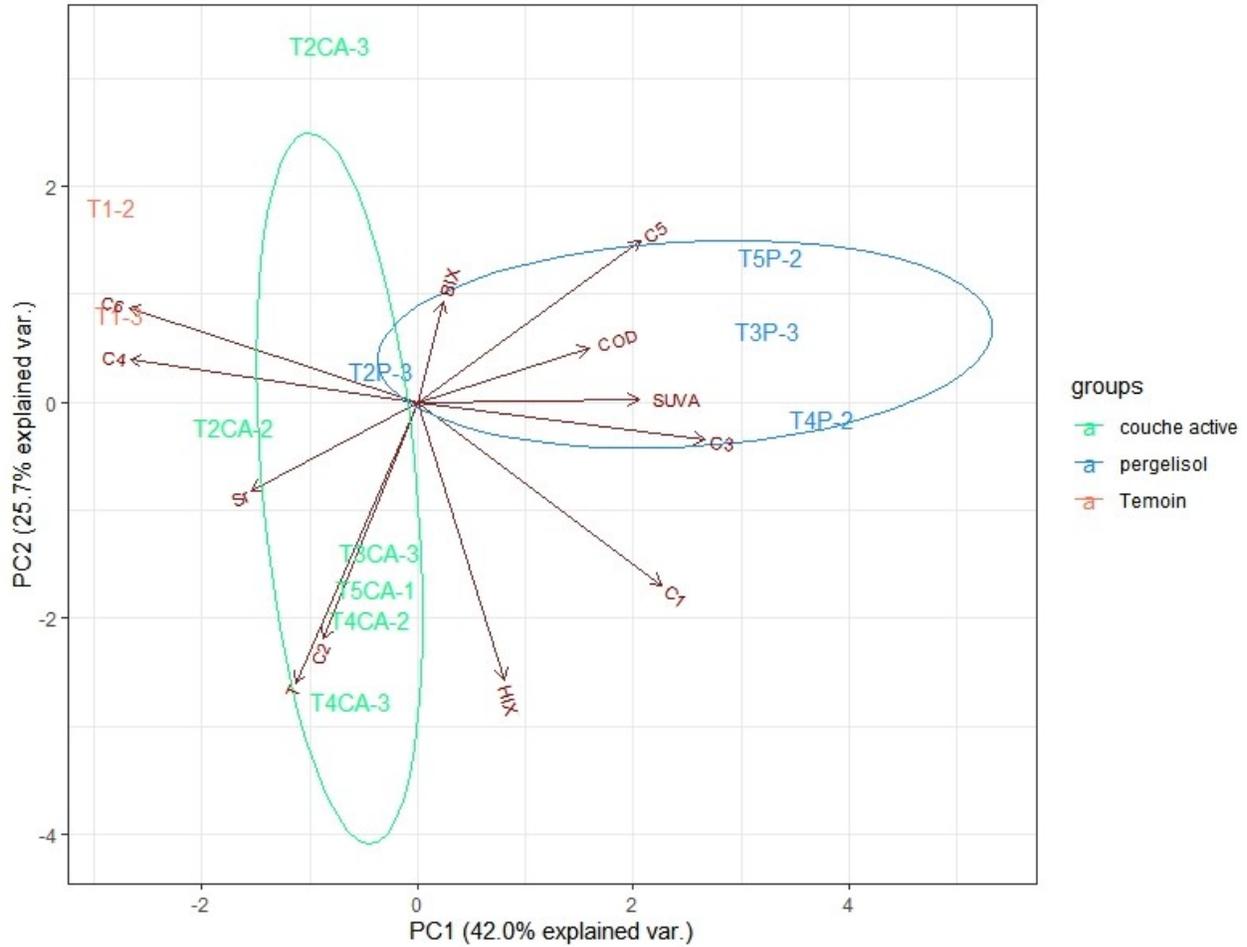


Figure 28. Analyse de composantes principales montrant la variance, expliquée par la PC1 et la PC2, des échantillons en termes de composition en MOD de l'eau selon le brunissement (avec apports de MOD de pergelisol, de couche active ou sans brunissement généré).

Les tests Mantel montrent une corrélation positive significative ( $r > 0.4$ ,  $p < 0.05$ ) entre les communautés bactériennes de la source et la teneur du composé C4, un composé fulvique, et C3, composante bactérienne, ainsi qu'une relation significative, bien que la corrélation ne soit pas importante ( $r < 0.4$ ), avec l'indice SUVA et le composé protéique C6 (Tableau 9).

Tableau 9. Résultats des tests Mantel de la relation avec les variables environnementales et de composition de la MOD pour la composition bactérienne de l'eau de l'expérience de brunissement.

Variables	Mantel	
	r	p
COD	0.22	0.09
HIX	-0.17	0.9
SUVA	0.31	0.04*
BIX	-0.24	0.9
Sr	-0.089	0.7
C1	0.19	0.06
C2	0.04	0.36
C3	0.42	0.002*
C4	0.6	0.0001*
C5	0.11	0.15
C6	0.32	0.009*

\*Indique une valeur significative

### 5.5.3. Composition bactérienne au niveau taxonomique de la classe et du genre

On remarque également l'effet du brunissement de pergélisol (vs le contrôle) et de l'intensité de ce brunissement (% d'addition) sur la composition bactérienne au niveau taxonomique de la classe et du genre (Figure 29). Par exemple, on peut observer une abondance relative plus importante des Gammaproteobacteria ainsi qu'une abondance relative moindre de Bdellovibrionia, Phycisphaerae et Planctomycetes au sein des traitements avec ajout de lixiviat de pergélisol (PGT3-PGT5 ainsi que pour PGT2, bien que dans une moindre mesure) par rapport au témoin (T1), soit l'eau de source sans brunissement généré (Figure 29 A).

Ces changements sont d'autant plus évidents au niveau taxonomique du genre (Figure 29 B). En effet, pour une augmentation de couleur de 33% par ajout de MOD de pergélisol (PGT2), on observe une réduction de l'abondance relative de clade OM27, *Rhodofera* et *Aquabacterium*, genres qui sont dominants (27.7% des séquences totales) dans la composition bactérienne de l'eau de source sans brunissement (T1), alors que d'autres genres prennent de l'importance, comme *Ideonella* et *Halliscomenobacter*. Pour une augmentation de couleur de 100% (PGT3-PGT5), le genre *Ideonella*

augmente encore en abondance relative par rapport à PGT2, représentant en moyenne 48,6% des séquences, montrant l'effet de l'intensité du changement de couleur. Les tests SIMPER ont également révélés que les ASVs qui contribuaient le plus à la diversité bêta, soit à la dissimilarité de la composition entre le témoin, les traitements de couche active et de pergélisol, appartenaient au genre *Ideonella* une protéobactérie appartenant à la classe des *Gammaproteobacteria* et à la famille *Comamonadaceae*.

Pour les traitements où l'augmentation de couleur de l'eau a été générée avec ajout de lixiviat de couche active, on peut voir que les genres les plus abondants (abondance relative > 5%) sont les mêmes que les témoins, soit *Aquabacterium*, *Rhodoferrax*, *Caulobacter* et *clade hgcl* (plus important dans l'eau avec ajouts de sol) à l'exception de OM27 (plus important dans l'eau des témoins), ce qui est en accord avec les résultats des tests statistiques qui indiquent que l'ajout de MOD provenant d'un lixiviat de la couche active ne génère pas de changements significatifs dans les assemblages bactériens de l'eau de la source.

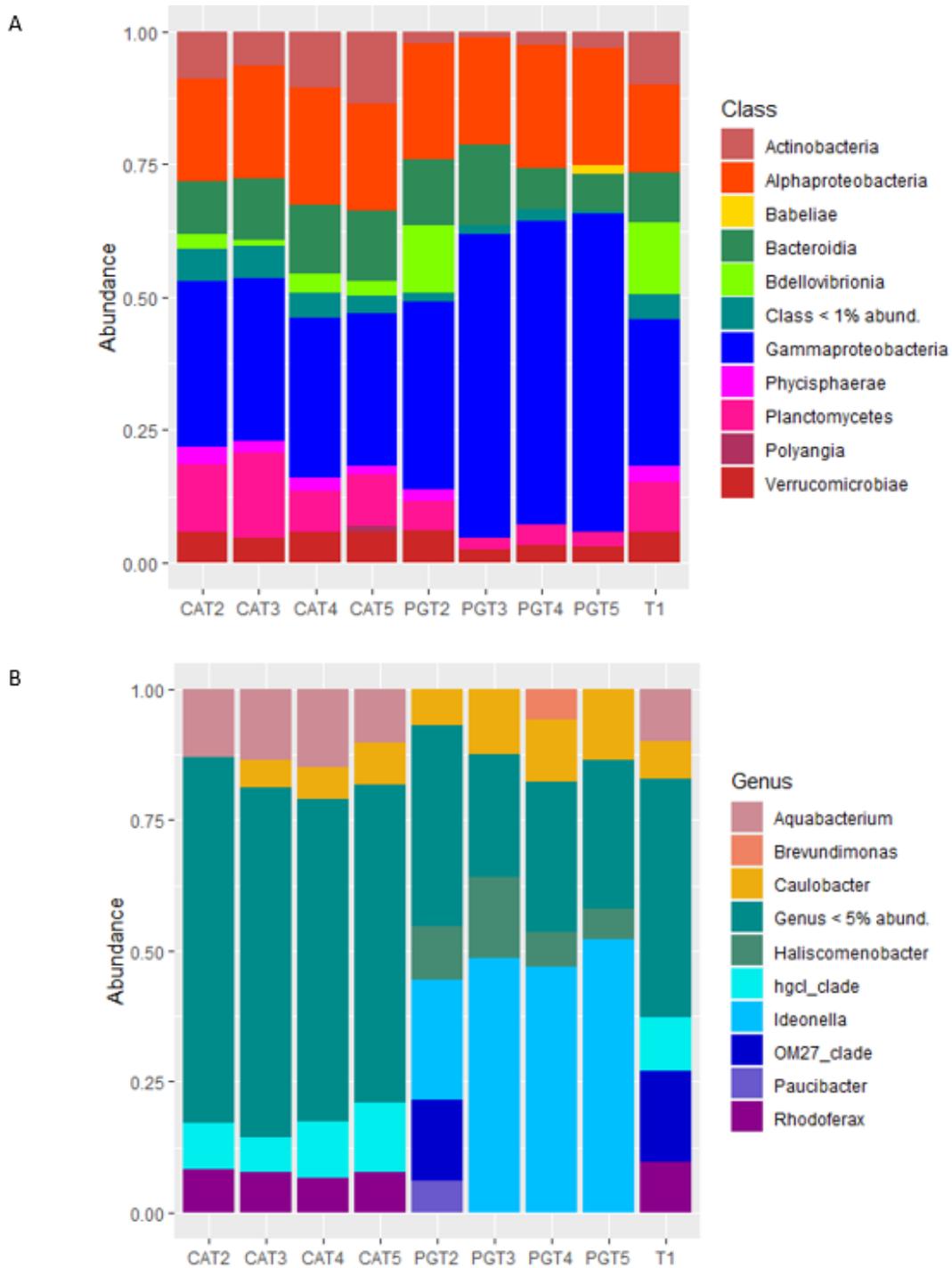


Figure 29. Communautés bactériennes (16S) au niveau taxonomique de la classe (A) et du genre bactérien (B) de l'eau de source pour les témoins (T1 : aucun changement de couleur de l'eau généré) et les traitements avec ajout de lixiviat de couche active (CA) et de pergélisol (PG). T2 : augmentation de couleur de 33%, T3 : augmentation graduelle de 33%/jour, T4 : augmentation de couleur de 100%, T5 : augmentation de 100% avec lixiviat filtré sur 0,2µm) au jour 28 d'incubation.

#### 5.5.4. Comparaison de la composition bactérienne de la source au jour 0 et à 28 jours d'incubation

Les tests statistiques indiquent qu'il n'y a pas de différence significative de la diversité bactérienne alpha, décrite par les indices Shannon et Simpson, entre l'eau de source au temps 0 et les témoins après incubation de 28 jours (Figure 30).

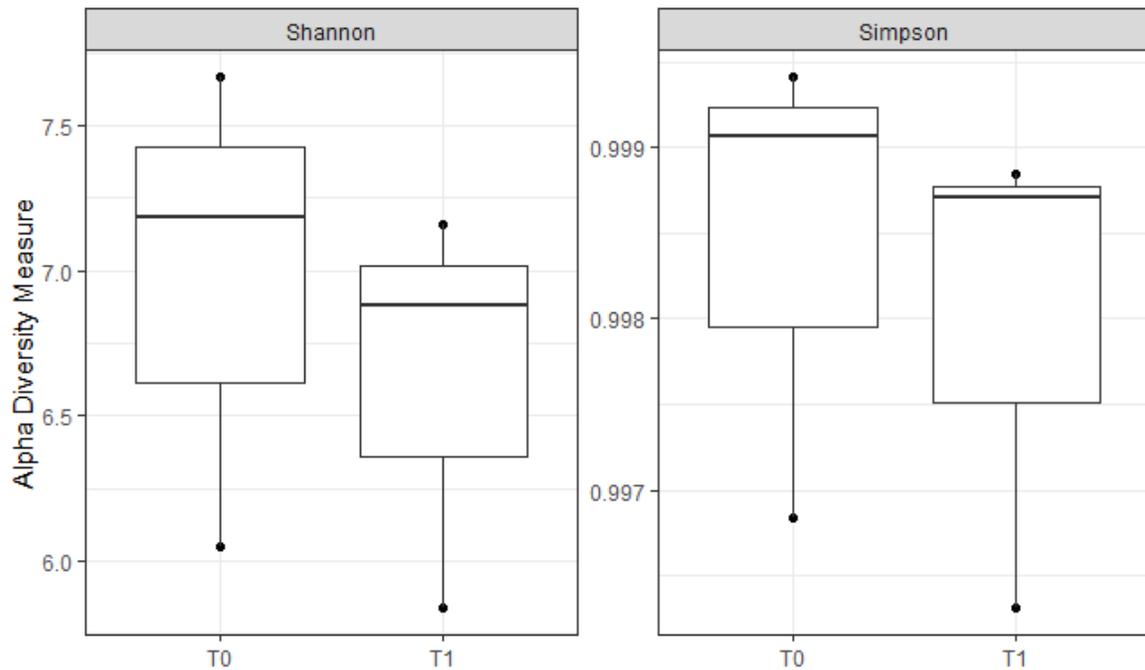


Figure 30. Diversité bactérienne alpha (indices Shannon et Simpson) de l'eau de source utilisée pour l'expérience de brunissement au jour 0 et après 28 jours d'incubation (T1).

De plus, les tests statistiques montrent l'absence de différence significative entre les assemblages bactériens de la source au jour 0 et après 28 jours d'incubation. En effet, pour les deux groupes, les classes Gammaproteobacteria, Actinobacteria, Alphaproteobacteria et les genres *Rhodoferrax* et *hgcl clade* sont présents avec une abondance relative importante (>5% des séquences). Toutefois, on peut remarquer que l'abondance relative de certaines classes (p. ex. Bacteroidia) et genres (p. ex. *Sediminibacterium*, *Polynucleobacter*, *Flavobacterium* et *Piscinibacter*) est diminuée à la suite de l'incubation et augmentée pour d'autres classes (p. ex. *Planctomycetes* et *Bdellovibrionia*) et genres (p. ex. *OM27clade* et *Aquabacterium*) (Figure 31).

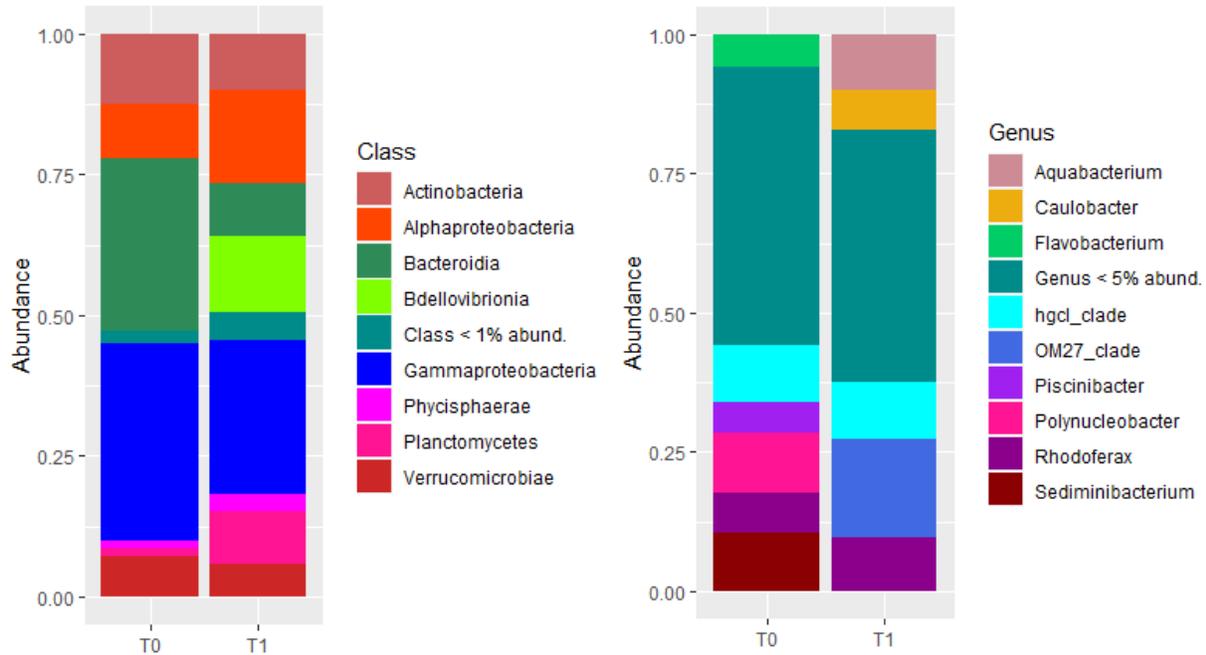


Figure 31. Communautés bactériennes (16S) au niveau phylogénétique de la classe et du genre pour l'eau de source utilisée pour l'expérience de brunissement au temps 0 (T0) et à 28 jours d'incubation (T1).

### 5.6. Expérience sur les délais de filtration sur l'eau du lac St-Charles

Les résultats de l'expérience vérifiant les implications des délais de filtration de l'eau après son prélèvement indiquent un effet sur la composition bactérienne de l'eau. En effet, les tests statistiques montrent un effet du délai de filtration sur la diversité bactérienne alpha (Figure 32) et sur la composition bactérienne qui diffèrent significativement entre les échantillons filtrés au jour 0 et ceux filtrés avec délai (3 ou 7 jours). Cependant, la diversité et la composition bactérienne ne diffèrent pas significativement entre 3 et 7 jours de délai. La diversité bêta des échantillons ne diffère pas significativement entre les groupes (Figure 33).

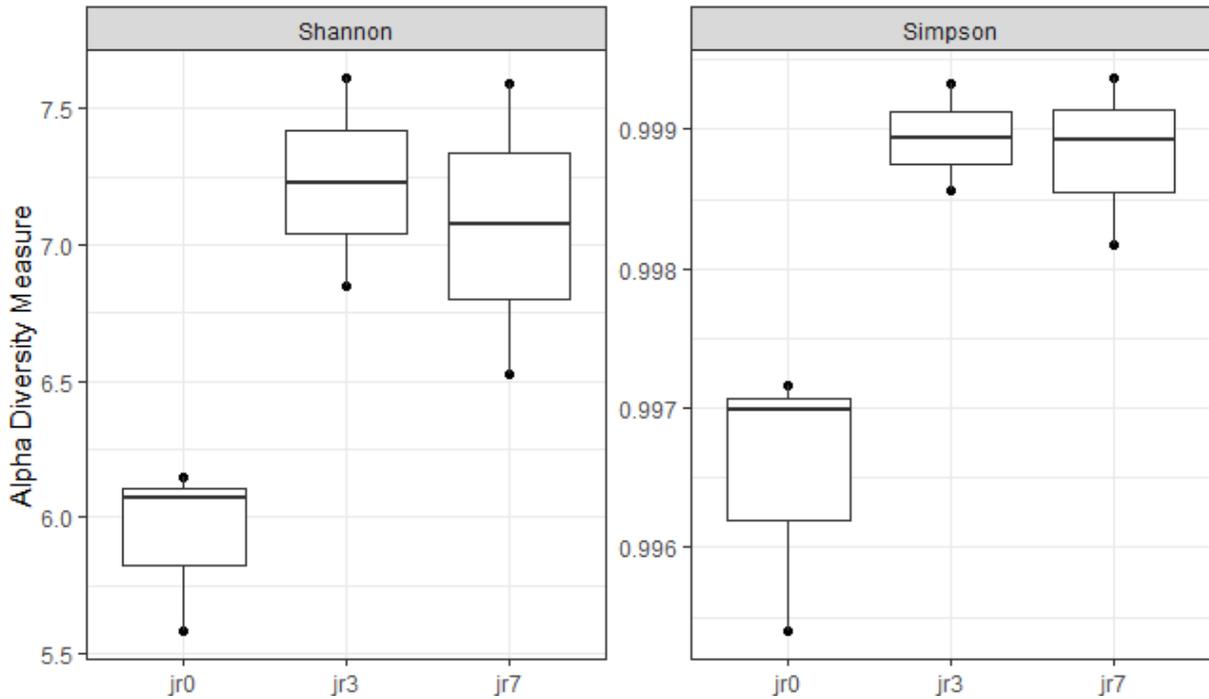


Figure 32. Diversité bactérienne alpha, décrites par les indices Shannon et Simpson, de l'eau du lac Saint-Charles lorsque la filtration est réalisée le jour de l'échantillonnage (jr0), avec un délai de 3 jours (jr3) et avec un délai de 7 jours (jr7).

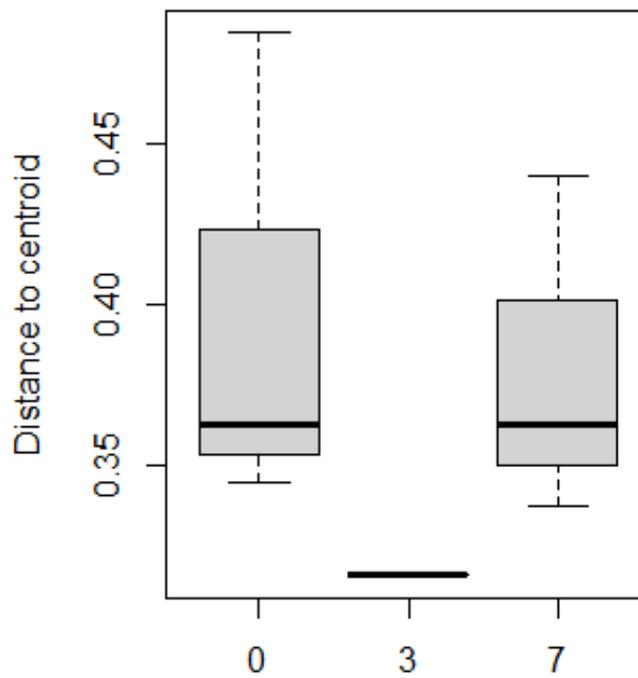


Figure 33. Diversité bêta de l'eau du lac Saint-Charles lorsque la filtration est réalisée le jour de l'échantillonnage, avec un délai de 3 jours et avec un délai de 7 jours.

## 6. Discussion

### 6.1. Abondance bactérienne

L'augmentation de l'abondance bactérienne observée au niveau de l'eau du robinet à Cambridge Bay (et pour un des ménages à Qamani'tuaq et à Salluit) indique vraisemblablement une re-croissance bactérienne dans les réservoirs domestiques, ce qui confirme que les communautés microbiennes ne répondent pas toujours à un patron de diminution de l'abondance entre la source et le robinet. Les différentes tendances dans l'abondance bactérienne entre la source et le robinet entre les communautés nordiques (cas de réduction pour Fort Good Hope, Qamani'tuaq et Kangirsuk, cas d'abondance similaire sans changement notable entre la source et le robinet pour Mittimatalik, Taloyoak, Kangiqsualujjuaq et Salluit, et cas d'augmentation aux robinets domestiques à Cambridge Bay) pourraient être associées aux conditions environnementales incluant la matière organique disponible et au traitement de l'eau propre à chaque région.

Par exemple, de faibles niveaux de chlore résiduel dans les eaux traitées pourraient permettre la re-croissance de certains groupes bactériens, malgré la chloration initiale, tel qu'identifié par Gora et al. (2020), et expliquer les cas d'augmentation ou d'absence de réduction d'abondance bactérienne dans les eaux traitées. Notamment, des niveaux de chlore résiduel inférieurs à la norme spécifiée par le gouvernement du Nunavut (0.20 mg/L) ont été mesurés dans l'eau de la plupart des robinets de même que dans l'eau distribuée de plusieurs communautés (FGH, MIT, KAN, QAM et TAL). La présence ou non de désinfection secondaire dépendamment des communautés pourrait aussi expliquer les différentes tendances de l'évolution de l'abondance bactérienne le long des systèmes d'eau potable.

De plus, l'absence d'étape de filtration (e. g. ce qui est le cas à Mittimatalik), pouvant résulter en la persistance de teneurs en nutriments et en MOD similaires à la source, pourrait expliquer le succès de certaines bactéries à croître dans l'eau potable, et expliquer l'absence de changement notable d'abondance bactérienne entre la source et le robinet observé dans cette communauté. En effet, les

teneurs en MODc, décrites par l'absorbance à 320nm, en azote total et phosphore total dans les eaux traitées de 2019 n'étaient pas réduites par rapport à la source à Mittimatalik. Ces résultats sont en accord avec l'étude de Gora et al. (2020) qui a montré que la MOD de l'eau potable demeurait la même aux différents points du système d'approvisionnement en eau potable de Mittimatalik et, donc, que la qualité de l'eau d'un tel système dépendait directement des conditions à la source. De plus, puisque la MOD peut réagir avec le chlore, elle peut interférer avec la désinfection visant à inactiver les microorganismes (Lechevallier et al. 1996) et ainsi ne pas réduire efficacement la charge bactérienne de l'eau. La MOD peut également interférer avec la désinfection secondaire via l'absorption des UV (Santé Canada 2020). Par ailleurs, la présence d'une étape de coagulation dans le processus de traitement de l'eau à Fort Good Hope pourrait expliquer son efficacité de réduction de la charge bactérienne de l'eau comme les résultats d'abondance le démontrent. En effet, selon Santé Canada (2012), des étapes de traitement, telle la floculation, la coagulation, la sédimentation et la filtration, permettent de réduire les concentrations de bactéries hétérotrophes via l'élimination du carbone organique dans l'eau.

Ensuite, la formation potentielle de biofilms dans les réservoirs des habitations, identifiée dans des études antérieures (Gora et al. 2020, Farenhorst et al. 2016), pourrait également être responsable de cette re-croissance bactérienne observée dans l'eau de robinets. En effet, selon Liu et al. (2013) les bactéries provenant du détachement des biofilms peuvent constituer la plus grande charge microbienne de l'eau de systèmes de distribution d'eau potable. De plus, les biofilms sont favorables à la croissance bactérienne notamment en raison de la protection conférée par la matrice polymérique qui peut protéger les microorganismes de la chloration (Liu et al. 2013, Fish & Boxall 2018). Les faibles niveaux de chlore mesurés dans l'eau traitée ou encore un nettoyage insuffisant des réservoirs de maison ou des camions de distribution, pourrait aussi favoriser la formation de biofilms et l'augmentation d'abondance bactérienne résultante dans certaines eaux traitées (Fish et Boxall 2018).

Bien que les mesures d'abondance bactérienne ne soient pas indicatrices de risques pour la santé étant donné que la plupart des bactéries ne sont pas pathogènes, les suivis d'abondance des bactéries hétérotrophes le long du système de distribution peuvent permettre de déceler des augmentations inattendues par rapport aux concentrations habituelles d'un système, qui pourraient indiquer une contamination, un changement de la qualité de l'eau brute ou un problème au niveau de l'efficacité du traitement de l'eau (Santé Canada 2012). De plus, si la re-croissance est associée aux biofilms, auxquels peuvent être associés des pathogènes (Wingender et Flemming, 2011), l'augmentation d'abondance bactérienne peut comporter des risques pour la santé des consommateurs.

## 6.2. Composition bactérienne des systèmes d'approvisionnement en eau potable nordiques

### *6.2.1. Diversité bactérienne alpha et beta*

Nous avons observé une diversité alpha, décrite par les indices Shannon et Simpson, supérieure dans les eaux de source et inférieure dans les eaux traitées, ce qui semble indiquer que le traitement de l'eau élimine certains groupes bactériens. Les indices Simpson et Shannon calculent la diversité en fonction du nombre d'espèces et de leur proportion dans l'échantillon (équitabilité dans les assemblages). L'indice Shannon accorde plus de poids à la richesse en espèces alors que l'indice Simpson accorde plus de poids à l'uniformité d'abondance relative des espèces dans un échantillon (Kim et al. 2017). De ce fait, la diversité alpha supérieure dans les eaux naturelles indique une richesse plus importante en espèces avec une certaine uniformité de la proportion de ces espèces dans les échantillons étant donné qu'elle demeure plus grande à la fois avec l'indice Simpson et Shannon.

De plus, nous avons observé que la diversité bêta était plus grande au sein des eaux traitées que des eaux naturelles de l'ensemble des villages étudiés. Ceci indique qu'on trouve une plus grande homogénéité des assemblages bactériens des eaux brutes, malgré la distance qui sépare les communautés nordiques. Ce résultat suggère qu'il existerait une certaine uniformité dans le microbiome des lacs et rivières utilisés comme sources d'eau potable par les communautés nordiques. Ceci est en

accord avec les résultats de Comte et al. (2016) qui ont observé une invariance régionale des microorganismes dominants dans des mares de fonte subarctiques malgré des conditions environnementales différentes et une distance géographique pouvant limiter la dispersion.

La grande variabilité mesurée entre les assemblages bactériens des eaux traitées (Fig. 11 et 12) pourrait être expliquée par une hétérogénéité de conditions créées dans les systèmes d’approvisionnement, notamment en termes de composition en MOD. En effet, nous avons observé une dispersion des échantillons d’eaux traitées en termes de composition de la MOD plus importante que les eaux naturelles pour les villages du Nunavut, ce qui indique une plus grande hétérogénéité dans la composition en MOD des eaux traitées. Cette hétérogénéité pourrait en partie provenir du traitement de l’eau qui diffère entre ces villages du Nunavut notamment en termes de présence ou non d’étape de filtration pouvant modifier la composition en MOD de l’eau traitée. L’hétérogénéité de composition bactérienne des eaux traitées pourrait également être la conséquence du traitement qui varie en termes des concentrations de chlore utilisées et de la présence ou non d’une désinfection secondaire entre les villages nordiques. Par exemple, Fish et Boxall (2018) ont montré qu’en plus de moduler l’abondance bactérienne, les concentrations de chlore dans l’eau peuvent moduler la composition bactérienne des biofilms et, par le fait même, de l’eau des systèmes d’eau potable. Les résultats statistiques qui ont montré que la composition bactérienne de l’eau changeait aussi significativement entre les différents points d’échantillonnage après son traitement au sein d’un même système d’approvisionnement, rendent également compte de cette disparité de composition bactérienne au sein des eaux traitées.

### *6.2.2. Variabilité temporelle et spatiale des communautés bactériennes*

Nous avons observé que les communautés bactériennes des systèmes d’approvisionnement en eau potable différaient spatialement entre les villages et les régions nordiques, ainsi que temporellement, de façon interannuelle et saisonnière, ce qui confirme l’hypothèse qui stipule que la composition microbienne varie avec le contexte environnemental propre à chaque région et temporellement avec le changement des conditions environnementales. Notamment, la corrélation entre les communautés bactériennes et les concentrations de MOD des sources d’eau potable échantillonnées en 2019 confirme l’effet des conditions environnementales sur la composition microbienne des sources d’eau tel qu’avancé dans nos hypothèses. Cette corrélation est aussi observée pour les eaux traitées de 2019. Cette relation peut être expliquée par le fait que des concentrations élevées de MOD se traduisent également par des concentrations de carbone et de nutriments plus importantes et, vraisemblablement, des sources de carbone plus diversifiées que différents microorganismes sont capables d’utiliser, exerçant ainsi un contrôle sur les assemblages bactériens. Comte et al. (2016) ont également montré que la dissimilarité des assemblages bactériens de lacs et mares subarctiques pouvait être expliquée par les conditions environnementales hétérogènes, et particulièrement par les concentrations de COD, et ce à différentes échelles spatiales.

De plus, la relation significative entre la composition bactérienne des eaux naturelles (2019 et 2021) et la composition de la MOD fluorescente, précisément avec l’abondance relative des composés C1, C2, C3, C4 et C6 de notre modèle PARAFAC et les indices HIX, SUVA et BIX, montrent l’effet de la composition de la MOD. Puisque la composition de la MOD fluorescente varie également entre les villages nordiques pour ces indices et composés, la variabilité spatiale des communautés bactériennes pourrait en partie être expliquée par les changements de la composition de la MOD fluorescente. Par exemple, on observe à Kangirsuk, où la composition de la MOD fluorescente diffère particulièrement des autres systèmes d’eau potable étudiés (Figure 20), que le microbiome de la source se distingue également de celui des

autres eaux brutes, ce qui semble montrer l'importance de la relation des assemblages bactériens avec la composition de la MOD (Figure 10). Cette relation semble indiquer que la composition différente de la MOD entre les sources d'eau potable étudiées est associée à une biodisponibilité et des sources de carbone qui y diffèrent et engendrent des assemblages bactériens différents. Les résultats sont en accord avec Roiha et al. (2016) qui ont observé l'importance de la relation entre la composition de la MOD et la de la composition bactérienne au sein de différents lacs et mares subarctiques, où les composantes fulvique, protéique et terrestre étaient importantes dans le contrôle des assemblages bactériens.

Étant donné que la composition de la MOD à la source contrôle la composition bactérienne de l'eau qui entre dans le système d'eau potable, la qualité microbiologique de l'eau potable dépend des conditions à la source. Ces résultats suggèrent que les assemblages bactériens des sources d'eau potable seront vraisemblablement modifiés avec le brunissement des eaux de surface, où une augmentation de la composante terrestre de la MOD (c.-à-d. C1, C2, C4) est attendue, et par le fait même la qualité microbiologique de l'eau potable sera changée.

### *6.2.3. Composition bactérienne et traitement de l'eau*

Les assemblages bactériens différents entre les eaux naturelles et traitées, ainsi qu'entre les différentes eaux traitées, en plus de l'observation de communautés bactériennes uniques au robinet, confirment que la composition microbienne change entre la source et le robinet, ce qui a également été observé par Gora et al. (2020) à Mittimatalik en 2018. Cette tendance semble se dessiner dans toutes les communautés visitées.

Le changement de la composition de la MOD fluorescente observé entre les eaux traitées et les eaux naturelles au niveau de l'abondance relative des composés C3 et C4 pourrait expliquer en partie le changement de composition bactérienne observé. En effet, la relation significative de la composition bactérienne avec ces composés de la MOD indique que plus leur teneur diffère, plus les microbiomes

diffèrent également. Les étapes de filtration et de coagulation peuvent influencer la composition bactérienne de l'eau via le contrôle de la MOD.

Par ailleurs, la corrélation significative observée entre les communautés bactériennes de l'eau traitée et les conditions chimiques de l'eau potable (p. ex. pH, température et les concentrations de MODc, COD, TP et TN) indique l'influence de ces conditions sur la composition bactérienne de l'eau. Les différences dans les assemblages bactériens des eaux traitées entre la station de traitement et le robinet semblent indiquer que les conditions changent le long du système d'approvisionnement en eau potable.

Le changement des assemblages bactériens entre la source et l'eau traitée peut aussi être expliqué par la chloration de l'eau. Li, Yu et al. (2017) ont montré que la composition bactérienne de l'eau d'un réseau de distribution d'eau potable en Chine était principalement modifiée par l'étape de chloration par rapport aux autres étapes de traitement l'eau qui influençaient la composition bactérienne de l'eau de façon synergique. Par exemple, la dominance des classes *Gammaproteobacteria* et *Alphaproteobacteria* en termes d'abondance relative observée dans les eaux traitées pourrait indiquer la capacité de ces groupes bactériens à persister après la chloration ou encore à recroître en raison de faibles niveaux de chlore résiduel qui peuvent être mesurés dans l'eau traitée, notamment aux robinets, en raison du temps écoulé depuis la chloration. Tel que nous l'avons observé à Fort Good Hope, Taloyoak, Mittimatalik, Cambridge Bay et Kangiqsualujjuaq, une réduction de l'abondance des *Actinobacteria* après le traitement soulève la vulnérabilité de cette classe bactérienne à celui-ci, ce qui a aussi été observé par Li, Yu et al. (2017). La classe *Bacteroidia* voit aussi son abondance relative parfois diminuée dans les eaux chlorées (Taloyoak, Cambridge Bay, Kangirsuk et Fort Good Hope), variant selon le point d'échantillonnage et la date d'échantillonnage au sein d'une même communauté (Kangiqsualujjuaq).

L'augmentation en abondance relative de la classe *Alphaproteobacteria* dans les eaux de robinet observée dans plusieurs villages nordiques (Fort Good Hope, Cambridge Bay, Taloyoak, Mittimatalik, Kangirsuk, ainsi que Kangiqsualujjuaq pour l'eau de robinet domestique en septembre 2021) pourrait aussi être indicatrice de la présence de biofilms dans les réservoirs de maisons tel que l'étude de Farenhorst et al. (2016) le suggère. En effet, il a été montré expérimentalement que les *Alphaproteobacteria* et *Gammaproteobacteria* étaient des classes dominantes dans les biofilms des systèmes de distribution d'eau potable, sous différents régimes de chloration, et que l'abondance relative des *Alphaproteobacteria* était même plus élevée sous un régime de chloration plus élevé (Fish et Boxall, 2018).

Ensuite, plusieurs genres bactériens qui distinguent l'eau de robinet des eaux de sources dans cette étude ont été identifiés dont *Sphingomonas*, *Novosphingobium*, *Undibacterium*, *Rhodovarius*, *Stakelama*, *Porphyrobacter*, *Gemmata*, *Blastomonas*, *Paucibacter* et *Schlesneria*. Ces genres bactériens des eaux de robinet pourraient donc être favorisés par des conditions créées dans le système d'eau potable, incluant notamment la persistance de certaines composantes de la matière organique et des nutriments, et les conditions favorables à la formation de biofilms dans les réservoirs des maisons (Martin et al. 2007, Gora et al. 2020).

Ensuite, des études ont montré que la plupart des bactéries, incluant les pathogènes, sont éliminées par chloration mais que certains genres y sont résistants (p. ex. *Mycobacterium*, *Legionella*, *Pseudomonas*, et *Sphingomonas*), peuvent survivre à celle-ci où encore croître dans le chlore résiduel (Li, Yu et al. 2017, Luo et al. 2021), ce qui peut expliquer la détection de ces genres dans plusieurs eaux traitées dans notre étude. D'autres genres tels que *Hyphomicrobium*, *Methylobacterium*, *Acidovorax* et *Undibacterium* identifiés dans les eaux chlorées de notre étude ont précédemment été identifiés comme pouvant augmenter en abondance relative après la chloration (Luo et al. 2021).

La persistance et la croissance de ces genres bactériens pourraient aussi être expliquées par leur capacité à former des biofilms (Hall-Stoodley et Lappin-Scott 1998, Vaerewijck et al. 2005). Les genres *Mycobacterium* et *Legionella* détectés dans l'eau de plusieurs robinets ont aussi été détectés dans l'eau et les biofilms des réservoirs domestiques à Mittimatalik en 2018 par Gora et al. (2020), bien que nous ne puissions confirmer que l'identification de ces genres bactériens soit associée à leur présence dans les biofilms dans le cas de notre étude.

Ainsi, l'entreposage dans des réservoirs à la température des maisons, les faibles niveaux de chlore mesurés dans l'eau de la plupart des robinets et l'absence de désinfection secondaire ainsi que d'étape de filtration pouvant résulter en la persistance de teneurs élevés en nutriments et en MOD pourraient expliquer le succès de certaines bactéries à croître dans l'eau potable.

De plus, ces conditions peuvent favoriser la présence de genres bactériens potentiellement pathogènes identifiés dans notre étude, ce qui a des implications pour la qualité microbiologique de l'eau potable. Par exemple, les genres *Mycobacterium*, *Legionella* et *Aeromonas* spp pourraient être favorisés par les températures élevées, qu'on peut retrouver dans les réservoirs, et les faibles concentrations de chlore mesurées dans l'eau des robinets, ou encore, par la persistance de matière organique et de nutriments (Szewzyk et al. 2000, Gora et al. 2020, LeChevalier et al. 2019, Holmes et Nicolls 1995, Szewzyk et al. 2000, Vaerewijck et al. 2005). Wingender et Flemming (2011) ont aussi mis de l'avant le rôle des biofilms dans l'attachement de groupes bactériens pathogènes opportunistes environnementaux *Legionella* spp. et *Pseudomonas aeruginosa*.

En somme, le traitement de l'eau, les conditions chimiques pouvant être créées dans les systèmes d'eau potable, en plus des conditions environnementales et des communautés bactériennes initiales des sources d'approvisionnement, pourraient expliquer la composition microbienne de l'eau traitée.

La qualité microbiologique de l'eau potable risque donc d'être changée avec le brunissement des sources d'approvisionnement, également en termes de pathogènes présents, en raison de l'augmentation des teneurs en MOD dans le système d'approvisionnement qui peuvent favoriser la croissance de bactéries pathogènes dans l'eau distribuée. Notamment, les teneurs élevées en MOD et en nutriments alimentent la croissance des biofilms (Liu et al. 2016) auxquels peuvent être associés des microorganismes pathogènes pouvant se détacher dans la colonne d'eau (Wingender et Flemming 2011, Santé Canada 2012).

#### *6.2.4. Présence de cyanobactéries dans les sources d'approvisionnement*

Notre étude a identifié des genres de cyanobactéries pouvant potentiellement produire des toxines dans les sources d'eau. Leur présence dans les sources d'approvisionnement en eau potable pourrait devenir une problématique d'envergure dans le cas où les conditions créées par les changements climatiques et le brunissement (p. ex. stratification thermique et hausse des teneurs en nutriments) favoriseraient leur développement (Creed et al. 2018, Hansson et al. 2013, Ayala-Borda et al. 2021, Taranu et al. 2015, Sivarajah et al. 2021). En effet, les résultats d'Ayala-Borda ont montré le potentiel de développement des cyanobactéries dans les lacs nordiques en présence de teneurs élevées en phosphore, conditions qui pourraient être engendrées par le brunissement.

La variabilité spatiale et temporelle des assemblages bactériens des sources d'eau potable identifiées dans notre étude implique des risques différents d'exposition aux pathogènes et aux cyanobactéries selon les systèmes d'approvisionnement en eau potable des communautés nordiques et la saison. En effet, les cyanobactéries détectées (et leur abondance relative en termes de nombre de séquences) différaient selon le village et la saison. De plus, le degré de dégradation du pergélisol, la composition, le contenu et le potentiel de relargage de MOD dans les sources d'eau des sols qui varient entre les régions nordiques suggèrent un potentiel différent de brunissement et, donc, que le développement de

conditions propices aux floraisons de cyanobactéries pourrait potentiellement se produire sur différentes échelles de temps dépendamment des villages.

Pour certaines communautés nordiques nous avons décelé des différences dans la qualité microbiologique des eaux de source et des sources alternatives, notamment au niveau de l'identification de cyanobactéries. Par exemple, à Kangiqsualujjuaq, le genre *Cyanobium* était plus abondant au lac Mivvivinik et Ellasie, des sources secondaires potentielles, en comparaison à l'eau brute dans laquelle s'approvisionne actuellement la communauté, alors qu'au niveau de la source alternative échantillonnée en septembre 2021, une petite source de montagne utilisée par la communauté directement sans traitement, aucun genre de cyanobactéries toxiques n'a été identifié. Les implications sont différentes pour les sources alternatives puisque l'eau est consommée sans traitement et, donc, les communautés sont exposées directement aux microorganismes présents, incluant les cyanobactéries toxiques et les pathogènes.

Il faut toutefois considérer que la résolution d'assignation au genre bactérien à partir de l'amplification du gène ARN 16S ne permet pas une identification des cyanobactéries avec certitude (Fox et al. 1992). L'amplification spécifique de régions conservées et variables de l'espaceur interne transcrit pour les cyanobactéries pourrait permettre une meilleure identification taxonomique des cyanobactéries (Iteman et al. 2000). De plus, des analyses subséquentes de PCR en temps réel permettant une détection et quantification plus précise que le séquençage d'un gène universel seraient nécessaires pour évaluer le risque associé à l'identification de ces genres de cyanobactéries. En effet, la seule identification de ces genres, et l'abondance relative en termes de séquences d'ADN, ne permet pas de conclure sur leur potentiel de formation de fleurs d'eau, bien qu'elle suggère un intérêt à enquêter cette problématique plus en profondeur. Ensuite, des mesures des cyanotoxines ou le séquençage de gènes associés à la

production de toxines permettraient de vérifier si les cyanobactéries identifiées à un site ont le potentiel de produire des toxines et ainsi de mieux évaluer les risques pour la qualité de l'eau potable.

De plus, une expérience de brunissement réalisée en incluant le facteur lumière pour évaluer l'effet sur le développement des cyanobactéries dans les différentes sources et sources alternatives permettrait de mieux comprendre dans quelles mesures (c.-à-d. scénario de brunissement) elles pourraient devenir une problématique d'envergure pour la qualité de l'eau potable.

#### *6.2.5. Bactéries entériques dans les sources d'eau potable*

Pour ce qui est des entérocoques, les niveaux mesurés dans les sources et les réservoirs nordiques se situent entre 0 et 824 copies d'ADN/100ml. En comparaison, des abondances d'entérocoques de  $1 \times 10^3$  à  $1 \times 10^6$  copies d'ADN/100ml ont été mesurés pour une rivière tropicale en Thaïlande exposée à différentes sources de contamination fécale humaine et animale, et excédant les normes de qualité des eaux de surface de la région pour les coliformes fécaux. L'Organisation mondiale de la santé et le Gouvernement canadien présentent les entérocoques comme indicateur de la qualité de l'eau potable du point de vue de la contamination fécale (Santé Canada 2020, WHO 2017). Bien que ces bactéries puissent être éliminées efficacement par la chloration (Wiedenmann et al. 1997, Stange et al. 2019), un suivi quantitatif des entérocoques dans les sources et les réservoirs d'eau brute des communautés nordiques est essentiel afin de vérifier la présence de contamination. Le suivi des entérocoques dans l'eau potable des communautés nordiques est aussi pertinent pour assurer que ces bactéries soient complètement éliminées par le traitement et qu'elles ne soient pas ajoutées plus loin dans le système d'eau potable notamment en raison de la manipulation de l'eau entreposée dans les réservoirs de maisons, ni impliquées dans une re-croissance bactérienne dans le système de distribution d'eau potable. L'étude de Daley et al. (2017) a montré que la qualité microbiologique de l'eau de la source, du réservoir et de l'eau potable de Mittimatalik était satisfaisante en termes de détection de pathogènes et de niveaux d'*E. coli* mesurés, avec une seule détection positive d'*E. coli* dans l'eau d'un réservoir de

maison. Ainsi, la présence de pathogènes fécaux peut différer entre les sources et les eaux de robinets d'où l'intérêt d'évaluer la qualité de l'eau, en termes de pathogènes, le long du système d'approvisionnement en eau potable.

De plus, puisque des teneurs élevées en MOD sont favorables à la re-croissance bactérienne, et que la MOD interfère avec la chloration et augmente les concentrations de chlore nécessaires pour inactiver les microorganismes (Lechevallier et al. 1996), le risque d'une élimination incomplète des pathogènes entériques pourrait être important en contexte de brunissement où les teneurs de MOD risquent d'augmenter, et ce particulièrement dans le cas des villages sans étape de filtration, et où de faibles niveaux de chlore résiduel sont mesurés.

Par ailleurs, puisque les entérocoques ne sont pas tous des pathogènes et que leurs niveaux de détection ne corrént pas toujours (ou ne corrént par toujours fortement) avec les concentrations de pathogènes dans l'eau, leur détection n'indique pas nécessairement qu'il y a une contamination fécale de l'eau (Savichtcheva et al. 2007, Wu et al. 2011, Santé Canada 2020). La quantification d'indicateurs spécifiques de contamination fécale d'origine humaine ou animale permet de suivre la contamination fécale de l'eau de façon plus complète et précise. Ainsi, l'absence de détection du marqueur ADN Bactéroïdes humain dans les sources d'eau potable nordiques analysées suggère l'absence de contamination fécale humaine. Toutefois, la dégradation possible des cellules dans l'environnement et les limites de la méthode PCR (p. ex. petits volumes d'ADN utilisés, pertes d'ADN possibles lors des extractions) peuvent influencer la détection du marqueur et, par le fait même, le diagnostic sur la présence de contamination fécale (Ahmed et al. 2016). De plus, le délai entre le prélèvement de l'eau et sa filtration excède le délai de 24h habituellement suggéré pour ces analyses, ce qui peut avoir affecté la survie de certaines bactéries. En comparaison, des niveaux entre  $1,6 \times 10^1$  et  $1,9 \times 10^8$  copies d'ADN/L ont été détectés dans différents types d'eau (p. ex. eaux de surfaces et égouts pluviaux) exposés à

différentes sources de contamination fécale dans des régions plus au Sud et des niveaux supérieurs à  $1 \times 10^9$  copies d'ADN/L sont mesurés dans les eaux usées brutes (Ahmed et al. 2016).

Par ailleurs, la détection du marqueur ADN *Catelliococcus* dans la source et le réservoir de Mittimatalik en juillet 2019 suggère une contamination fécale aviaire saisonnière. Le niveau d'entérocoques le plus élevé mesuré correspond à cette eau de réservoir. Les entérocoques peuvent également provenir des fèces des oiseaux (Koskey et al. 2016). Conséquemment, le niveau relativement plus élevé dans ce réservoir avec la détection de ce marqueur suggère fortement une contamination fécale aviaire, ce qui pourrait être expliqué par le nombre important d'oiseaux migrateurs dans la région, à proximité du réservoir, à cette période de l'année. En effet, des concentrations importantes d'oiseaux se nourrissant près des côtes de Mittimatalik ont été observées durant la saison d'eau libre et, avec la diminution rapide du couvert de glace en juillet, les oiseaux sont fréquemment observés près du village (Renaud 1981). La contamination fécale de l'eau de source de Taloyoak n'a pas été analysée dans notre étude mais la communauté a identifié l'augmentation des populations d'oiseaux migrateurs comme inquiétante du point de vue de la qualité de l'eau de leur source d'approvisionnement (ArctiConnexion 2021). Ainsi, la quantification du marqueur *Catelliococcus* devrait faire partie du suivi de la qualité de l'eau dans cette communauté.

Pour les communautés Cambridge Bay et Kangirsuk, où des niveaux d'entérocoques relativement élevés par rapport aux autres villages étudiés ont aussi été mesurés dans les sources (525 et 473 copies d'ADN/100ml), il serait intéressant d'étudier la présence de contamination fécale d'autres sources animales avec d'autres marqueurs pour s'assurer que les entérocoques ne sont pas pathogènes et qu'il n'y a aucune contamination fécale. De plus, tout comme soulevé par Martin et al. (2007), les migrations animales saisonnières augmentent les risques de contamination des sources d'eau potable dans les communautés du Nord. Ainsi il serait intéressant de couvrir toutes les sources animales potentielles de contamination fécale des sources d'eau des communautés selon le contexte particulier des régions et le

savoir traditionnel des communautés par rapport aux sources probables de contamination. Par exemple, il serait intéressant d'inclure des pathogènes associés aux carnivores arctiques, tel *Trichinella* et *Echinococcus* (Himsworth et al. 2010), comme suggéré par Daley et al. (2017), et le parasite *Giardia*, qui est commun dans les fèces des mammifères marins trouvés en Arctique (Dixon et al. 2008 et Hughes-Hanks 2005), qui pourraient avoir un impact non négligeable sur la qualité des sources d'eau potable.

#### 6.2.6. Perspectives du suivi microbiologique: Détection de pathogènes et microorganismes nocifs pour la santé

Les analyses PCR et les analyses de composition bactérienne par séquençage de nouvelle génération apportent de l'information complémentaire sur les pathogènes dans l'eau. Le séquençage de l'ARN 16S, qui emploie des amorces universelles, n'est pas la méthode conventionnelle pour l'identification de pathogènes et l'abondance relative en termes de séquences ne permet pas de quantifier précisément les pathogènes dans l'eau. Ainsi, les analyses de PCR en temps réel, qui utilisent des amorces spécifiques aux pathogènes, permettent une détection plus précise des pathogènes et apportent cette information quantitative qui permet de mieux évaluer les implications de la détection des pathogènes dans les sources et l'eau potable pour réaliser un suivi plus complet de la qualité de l'eau. Les analyses de suivi des sources microbiennes de contamination fécale (*Microbial Source Tracking*) précisent davantage les résultats des PCR quantitatives. Les PCR digitales pour la détection des marqueurs ADN fécaux *Bactéroïdes* et *Catelliboccus* ont, en effet, permis de vérifier la présence de contamination fécale dans les sources où étaient détectés les entérocoques et de retracer les sources de contamination fécale.

Encore, l'identification de pathogènes à partir d'ASVs d'une région hypervariable du 16S ne renseigne pas sur les îlots de pathogénicité (c.-à-d. segments d'ADN comprenant des gènes codant des facteurs de virulence) qui permettent d'identifier le réel potentiel pathogène (Desvaux et al. 2020, Lu et al. 2015).

Par ailleurs, les résultats de composition bactérienne découlant du séquençage du gène de l'ARN 16S peuvent servir au développement d'indicateurs bactériens de la qualité de l'eau potable pour les

communautés nordiques. Par exemple, selon les résultats obtenus, il serait pertinent de quantifier, par des analyses PCR quantitatives, en plus des entérobactéries, les genres pathogènes identifiés par séquençage MiSeq, tels que les pathogènes entériques potentiels *Yersinia*, *Klebsiella* et *Streptococcus*, et les pathogènes hydriques *Legionella*, *Aeromonas*, *Pseudomonas*, *Sphingomonas* et *Mycobacterium*. Il serait également pertinent d'ajouter les pathogènes ciblés par Gora et al. (2017) dans leur étude de la qualité microbiologique de l'eau des communautés Coral Harbour, Mittimatalik et Pangnitung (p. ex. *Listeria monocytogenes*, *E. coli*, *Helicobacter pylori*, *Campylobacter jejuni*, *Salmonella enterica*, *Giardia lamblia* et *Cryptosporidium parvum*) notamment en raison de leur prévalence en tant qu'agents pathogènes responsables de maladies gastro-intestinales dans le Nord (Goldfarb et al. 2013). De plus, cette étude est co-écrite avec des intervenants locaux de Pond Inlet et intègre des inquiétudes des résidents, ce qui rend la recherche applicable au contexte local.

Ensuite, en plus de permettre le développement d'indicateurs bactériens, les résultats de composition bactérienne par séquençage du gène de l'ARN 16S peuvent, en contexte de brunissement où il y a un potentiel de relargage de microorganismes allochtones dans les sources d'eau, apporter de l'information sur cet apport de microorganismes du sol qui peuvent inclure des pathogènes et permettre d'identifier des risques émergents pour la qualité de l'eau potable.

Ces mêmes analyses de détection de pathogènes devraient être appliquées au suivi de la qualité de l'eau des sources alternatives utilisées par les communautés nordiques qui peuvent également présenter des risques, d'un point de vue microbiologique, pour la santé. Puisque cette pratique est répandue au sein des communautés nordiques (Martin et al. 2007, Anaviapik-Soucie et al. 2015, Ratelle et al. 2021, Wright et al. 2018), le suivi de la qualité de ces sources devrait faire l'objet d'un suivi complet pour l'ensemble des communautés bien que notre étude ait seulement investigué les sources alternatives de quelques communautés.

Il serait aussi pertinent de réaliser des analyses de composition microbienne et de quantification des pathogènes pour les biofilms formés dans les réservoirs des habitations, auxquels peuvent s'attacher des pathogènes (e.g bactéries fécales, bactéries opportunistes environnementales, virus entériques et protozoaires parasites) (Wingender et Flemming, 2011), afin de mieux évaluer les risques pour la qualité de l'eau qui y sont associés. Ceci serait particulièrement intéressant dans le cas des communautés nordiques où une re-croissance bactérienne a été observée au niveau de l'eau du robinet, celle-ci pouvant être alimentée par la formation de biofilms dans les réservoirs. L'identification des pathogènes permettrait de vérifier si les biofilms sont colonisés par des pathogènes pouvant poser des risques pour la santé via la consommation de l'eau, ou encore, si les biofilms favorisent leur croissance. Par exemple, l'étude de Farenhorst et al. (2016) a montré, pour le système d'approvisionnement en eau potable par camion-citerne de la communauté Island Lake, que les mesures d'abondance de cellules viables d'alphaprotéobactéries dans les eaux de robinets étaient indicatrices de la formation de biofilms dans les réservoirs des habitations, les niveaux de pathogènes entériques (*E. coli*) mesurés étaient tous trop élevés et les niveaux de chlore libre mesurés dans les eaux de robinet étaient inférieurs au seuil permettant d'empêcher la re croissance bactérienne. Nous avons observé une augmentation de l'importance relative des alphaprotéobactéries à Cambridge Bay où une augmentation de l'abondance bactérienne aux robinets a aussi été identifiée, et où les niveaux de chlore résiduel étaient en moyenne de 0.04mg/L dans l'eau des robinets, ce qui pourrait, donc, indiquer la présence de biofilms. De plus, il serait également intéressant de vérifier la présence de biofilms dans les camions-citernes afin de déterminer si ce point dans les systèmes d'approvisionnement en eau potable nordiques peut être problématique d'un point de vue de re-croissance bactérienne dans l'eau potable.

Comme mentionné précédemment, le suivi des cyanobactéries dans les sources d'approvisionnement et sources alternatives devrait également faire partie du suivi de la qualité de l'eau potable dans les communautés nordiques, le contrôle des sources étant une étape de l'approche multi-barrière pour

réduire les risques de présence de cyanotoxines dans l'eau potable (He et al. 2016). À la suite de l'identification de genres toxigéniques, un dosage des gènes producteurs de cyanotoxines, proxy pour les cyanotoxines, dans le système d'approvisionnement en eau potable pourrait être réalisé pour mieux identifier les risques pour la santé.

Finalement, il est important de considérer que les analyses de composition bactérienne découlent du séquençage de l'ADN, et que les communautés identifiées incluent donc également des bactéries inactivées. Afin de tirer des conclusions sur les risques pour la santé associés à l'identification de pathogènes dans l'eau potable, il serait important de vérifier si ces agents pathogènes sont viables. Par exemple, un traitement de propidium monoazide précédant l'amplification PCR en vue du séquençage ou les analyses PCR quantitatives, qui permet de réduire le signal de l'ADN extracellulaire ou non viable, pourrait potentiellement permettre d'étudier plus spécifiquement la communauté bactérienne viable bien que cette méthode ait ses limites pour l'étude de communautés bactériennes complexes (Wang et al. 2021). D'autre part, certains gènes bactériens ont précédemment été identifiés comme indicateurs de la viabilité des bactéries (Kort et al. 2008). La quantification de l'expression de ces gènes (transcriptomique) en parallèle avec le séquençage de l'ADN pourrait apporter de l'information sur la viabilité des bactéries. Encore, comme réalisé dans l'étude de Farenhorst et al. (2016), une comparaison basée sur le nombre de séquences d'ADN et d'ARN pour comparer l'effet du traitement sur la viabilité des bactéries dans les systèmes d'approvisionnement pourrait être réalisée. En effet, Li, Tun et al. (2017) ont montré que le séquençage de l'ARN est plus fiable pour détecter les cellules bactériennes viables dans l'eau que le séquençage de l'ADN qui surestime la richesse et l'abondance bactérienne dans les échantillons et peut mener à une fausse détection positive de pathogènes viables. Le séquençage des transcrits d'ARNr 16S permettrait donc de préciser les résultats de composition bactérienne découlant des données obtenues par séquençage du gène de l'ARN 16S dans notre étude.

### *6.2.7. Perspectives du suivi microbiologique : Contrôle des biais potentiels*

Il est à noter que le délai entre l'échantillonnage et la filtration, précisément de 3 à 7 jours, était supérieur au temps recommandé de 24h pour les analyses de détection de pathogènes ce qui peut altérer l'exactitude des résultats de composition bactérienne et de qPCR. En effet, nous avons démontré qu'il existe un effet du délai de filtration sur les communautés bactériennes identifiées. Cela fait partie des limites des analyses moléculaires rencontrées dans le cadre de la recherche nordique en raison des délais de transport. Il serait donc avantageux de réaliser les filtrations le jour même de l'échantillonnage afin d'augmenter la précision des analyses microbiennes, la composition bactérienne de l'eau pouvant être différente de ce qu'elle était initialement. Ceci est d'autant plus nécessaire pour la quantification des pathogènes, afin d'obtenir des résultats exacts. Dans notre étude, le contexte de la pandémie ne nous a pas permis de réaliser les filtrations sur place puisque l'échantillonnage était réalisé par les communautés nordiques elles-mêmes et qu'il était difficile logistiquement de monter un protocole de filtration à distance pour ces 8 communautés.

De plus, étant donné que l'échantillonnage a été réalisé par des collaborateurs, nous ne connaissons pas les biais pouvant y être associés, notamment en termes de contamination associée à la manipulation des échantillons pouvant influencer les résultats ni les conditions d'échantillonnage précises. Ceci est un enjeu général associé aux résultats produits en science participative lorsque les citoyens ne reçoivent pas la formation en présentiel. Par exemple, le temps écoulé entre la chloration de l'eau et son échantillonnage, ou encore la durée de résidence de l'eau dans les réservoirs de maison, sont inconnus et constituent des facteurs pouvant influencer nos résultats et la fiabilité des comparaisons. Ainsi, considérant que les communautés bactériennes varient dans le temps, il est vraisemblable de croire que ces facteurs peuvent avoir contribué, du moins en partie, aux différences observées dans la composition bactérienne de l'eau traitée. Par exemple, la composition bactérienne de l'eau échantillonnée au robinet d'une maison dont le réservoir vient d'être rempli directement après sa chloration pourrait avoir été

comparée à une l'eau qui a résidé plusieurs jours dans le réservoir d'une maison, résultant en une interprétation biaisée.

Il est aussi important de tenir compte des potentiels biais associés aux analyses moléculaires. En effet, bien que toutes les données de séquençage aient été analysées et comparées ensemble, les extractions d'ADN ont été réalisées par groupes d'échantillons où certaines différences méthodologiques auraient pu survenir et influencer les résultats de composition bactérienne. Ainsi, il aurait été pertinent de tester l'effet des biais potentiels associés à la méthodologie sur la composition bactérienne en comparant les résultats obtenus pour un même échantillon dont l'ADN aurait été extrait à différents moments.

#### *6.2.8. Perspectives du suivi microbiologique : Analyses virales*

La composition virale de l'eau entre la source et le robinet n'a pas pu être étudiée par séquençage du gène *g23*, comme présenté dans la section 4.1.8, en raison d'absence de détection positive de la séquence cible à la suite de la PCR. Ceci peut être dû à des quantités insuffisantes d'ADN extrait ou encore à une inhibition de l'amplification PCR par des contaminants. L'absence des bactériophages T4 aurait pu être une explication bien que cela semble peu probable étant donné que plusieurs études ont montré leur importante diversité dans différents environnements (Chow et Furhman 2012, Popatov et al. 2018, Butina et al. 2010 et 2013, Lopez-Bueno et al. 2009, Bellas & Anesio 2013). Nous suggérons de filtrer un plus grand volume d'eau afin de concentrer les virus sur les filtres. Spécifiquement, une double filtration sur un filtre d'une porosité de 0,2 $\mu$ m et ensuite sur un filtre d'une porosité de 0,02 $\mu$ m (Anotop) aurait permis de filtrer un plus grand volume d'eau sur les Anotops en concentrant les virus plutôt qu'une combinaison de virus et de bactéries sur ces filtres, bien que des cellules comprenant des phages pourraient aussi être éliminées. Les analyses de composition virale des phages T4 qui ont un large spectre d'hôtes bactériens, dont des entérobactéries (p. ex. *E. coli*, *Shigella*) et des cyanobactéries (Tétart et al. 1996, Filée et al. 2005, Petrov 2010) qui ont une importance du point de vue de la qualité microbiologique de l'eau potable, complèteraient bien les résultats de composition bactérienne. Il serait

intéressant d'inclure des indicateurs viraux, dont des pathogènes hydriques comme les adénovirus (Albinana-Gimenez et al. 2009) ou, encore les phages des entéro bactéries pathogènes (p. ex. *E. faecalis*) (Chyerochana et al. 2020), dans le suivi de la qualité de l'eau potable en milieu nordique, pour suivre la contamination fécale des systèmes d'eau potable. Ces analyses virales permettraient de réaliser un suivi microbiologique plus complet des systèmes d'approvisionnement en eau potable et des sources alternatives.

### 6.3. Effet du brunissement

Les résultats de l'expérience de brunissement indiquent que le changement de couleur de l'eau résultant du processus de brunissement des eaux de surface aurait un effet sur les communautés bactériennes des sources d'eau potable lorsque le processus implique des apports de MOD du pergélisol. Les changements dans la qualité microbiologique de l'eau de la source d'approvisionnement étudiée semblent donc surtout générés par une augmentation des apports de matière organique du pergélisol. Ces apports surviennent en milieu naturel lorsque la couche active s'approfondit avec la hausse des températures, ou lorsque le pergélisol s'érode dans les systèmes thermokarstiques (Vonk et al. 2015). Il y aurait aussi un effet de l'intensité de brunissement de l'eau sur la composition bactérienne, ce qui suggère que différents scénarios de brunissement des sources d'eau potable auraient différents impacts sur la qualité microbiologique de l'eau potable.

Par ailleurs, un brunissement de l'eau généré à partir de la couche active ne modifiait pas significativement la composition bactérienne de la source d'eau. Une composition similaire au niveau des genres bactériens identifiés entre les traitements de couche active et les témoins a, en effet, été observée. En raison de la connectivité source-couche active, un changement de couleur généré avec lixiviat de couche active pourrait ne pas modifier de façon importante la composition de la MOD et ainsi ne pas résulter en un changement important de la composition des communautés microbiennes de la source, puisque les microorganismes auraient accès, en partie, aux mêmes composés organiques qui

structurent l'assemblage bactérien de la source. Nous avons en effet observé que, comparativement à l'eau ayant reçu des apports de pergélisol, la composition de la MOD de la source avec brunissement de couche active différait moins de l'eau sans brunissement bien que la composante terrestre et le composé C2 y étaient plus importants. Toutefois, dans ce cas-ci, le lixiviat provient de la couche active formée de tourbe de l'île Bylot, qui n'est peut-être pas importante dans la couche active à proximité du lac Greiner et, ainsi, le brunissement a pu générer un changement de composition de la MOD de l'eau plus important que dans un scénario de brunissement local.

D'autre part, les apports de MOD de pergélisol modifient la qualité de la MOD de l'eau. En effet, nous avons observé une séparation des échantillons en termes de la composition de MOD fluorescente de l'eau selon qu'elle ait reçu des apports de MOD de pergélisol ou non. La composition de MOD de l'eau avec pergélisol se distinguait à la fois de la composition de l'eau sans brunissement et de l'eau avec brunissement de pergélisol. Précisément, l'eau avec ajouts de pergélisol était caractérisée par une proportion plus importante du composé C5 et par un indice SUVA plus élevé indiquant un contenu aromatique plus important que l'eau sans ajout de sol caractérisée par une proportion plus élevée des composés C3 (composante bactérienne) et C4 (composante fulvique). Les tests statistiques ont, en effet, montré que l'abondance relative des composés C3, C4, C5 et C6 ainsi que l'indice SUVA différaient significativement entre l'eau de source avec ajout de lixiviat de couche active, l'eau de source avec ajout de lixiviat de pergélisol et l'eau de source sans ajout. La différence de composition optique et moléculaire de la MOD du pergélisol et de la couche active du sol, a également été identifiée dans plusieurs études (Xenopoulos et al. 2021, Drake et al. 2015, Spencer et al. 2015, Ward et Cory 2015, Ewing et al. 2015, Heslop et al. 2019).

De plus, nous avons observé une relation significative entre les communautés bactériennes de l'eau de la source et l'abondance relative des composés C3 et C4, dont la proportion expliquait la distinction en termes de la composition de la MOD fluorescente entre l'eau de source sans ajout de sol et l'eau de

source avec ajout de lixiviat de pergélisol dans notre expérience, ce qui semble indiquer que le changement des assemblages bactériens observé provient du changement de composition de MOD qu'ont engendré les apports de pergélisol. Cette corrélation peut être expliquée par le fait que différents microorganismes sont spécialisés dans la dégradation de différents composés de la MOD.

Ainsi, puisque la composition bactérienne est corrélée à la composition de la MOD fluorescente de l'eau qui diffère particulièrement lorsque des apports de MOD de pergélisol surviennent, il est vraisemblable d'observer un changement plus important des communautés bactériennes avec un brunissement qui implique des apports de MOD du pergélisol. De plus, l'effet de l'intensité du brunissement sur les assemblages bactériens pourrait aussi être expliqué par l'importance du changement de la composition de la MOD qui semblait moindre avec le changement de couleur de l'eau le moins élevé (T2). Ces résultats sont en accord avec l'étude de Zhou et al. (2020) qui montre également que les apports de pergélisol peuvent modifier les sources de carbone dans les écosystèmes d'eau douce par rapport à celles dont dépendent habituellement les bactéries et, conséquemment, modifier la qualité et la biodisponibilité de la MOD. La relation entre la composition de la MOD et la composition microbienne (incluant sa diversité fonctionnelle) a, également, été identifiée dans plusieurs études (Logue et al. 2016, Osterholz et al. 2016 Tanentzap et al. 2019, Xenopoulos et al. 2021, Roiha et al. 2016).

Ensuite, nous avons observé que la diversité bactérienne alpha et bêta étaient inférieures pour l'eau de source avec brunissement de pergélisol, indiquant une moins grande diversité en espèces et des assemblages bactériens plus similaires entre les différents échantillons, ce qui pourrait être expliqué par une moins grande diversité de composés assimilables par les bactéries. Par ailleurs, l'eau avec des ajouts de lixiviat de couche active se caractérisait par une teneur plus importante du composé C4, dont la masse moléculaire est moins élevée que les autres composantes terrestres, ce qui le rend plus facilement assimilable par les bactéries (Guillemette et al. 2013). Ceci est en accord avec l'étude de Roiha et al. (2016) qui a observé une diversité bactérienne alpha inférieure dans les mares subarctiques

où la MOD avait une composante terrestre importante par rapport aux lacs où les teneurs en nutriments et substances humiques étaient faibles. Par ailleurs, d'autres études ont montré que la MOD du pergélisol était particulièrement biolabile en raison de son contenu plus riche en molécules de faible poids moléculaire, saturées et moins oxydées (Xenopoulos et al. 2021, Drake et al. 2015, Spencer et al. 2015, Ward et Cory 2015, Ewing et al. 2015, Heslop et al. 2019), ce qui suggère qu'il aurait été vraisemblable d'observer une diversité alpha plus importante avec l'ajout de nouveaux composés biodégradables du pergélisol. Il serait donc intéressant de vérifier quel serait l'effet de l'ajout de pergélisol provenant du bassin versant de la source étudiée sur sa diversité bactérienne, le contexte de brunissement local pouvant différer notamment en raison de la composition différente de la MOD du pergélisol.

Cet effet, où on observe un changement d'assemblage bactérien seulement après ajout de lixiviat de pergélisol, pourrait être différent à plus long terme en raison de l'évolution de la communauté bactérienne dans le temps. Par exemple, un apport de lixiviat de couche active qui se perpétue pourrait modifier plus profondément la composition actuelle en MOD de la source, que ce qui a été observé au terme de l'expérience. De ce fait, les bactéries capables de dégrader la MOD terrestre pourrait prendre de l'importance dans l'assemblage bactérien de la source par rapport à d'autres bactéries qui dégradent la MOD autochtone. Ainsi, nous pourrions observer un effet du brunissement de couche active sur la composition bactérienne de la source.

Il serait aussi intéressant d'étudier l'effet d'un brunissement de plus grande intensité, en termes d'augmentation de la couleur de l'eau, sur les assemblages bactériens de la source notamment au niveau du transfert de bactéries et leur contribution aux communautés bactériennes de l'eau brunie dont nous n'avons pas observé d'influence.

De façon générale, l'expérience démontre que le brunissement de pergélisol a un effet sur le microbiome de la source d'eau potable de Cambridge Bay et, donc risque de modifier la qualité microbiologique de l'eau potable qui est en partie déterminée par le microbiome à la source. Il serait pertinent de reproduire l'expérience pour d'autres sources d'eau potable étant donné que la composition en MOD et la composition bactérienne de l'eau diffèrent entre les communautés nordiques afin de comparer la réponse des microorganismes de ces systèmes au brunissement et y évaluer les impacts pour la qualité de l'eau potable qui peuvent différer selon le contexte environnemental. Il serait également intéressant de réaliser l'expérience avec différents types de pergélisol puisque la composition en MOD peut être différente (Fouché et al. 2020).

## **7. Conclusion**

Le projet s'inscrit dans le contexte où le brunissement des eaux nordiques risque de modifier la qualité microbiologique des sources d'eau potable utilisées par les communautés nordiques et d'avoir des implications pour la santé. L'objectif était d'évaluer les implications du brunissement des eaux nordiques pour la qualité de l'eau potable en étudiant la composition microbienne le long du système d'approvisionnement en eau potable de communautés nordiques et sa relation avec la MOD. Précisément, l'étude de la variabilité spatiale et temporelle de la qualité de l'eau en relation avec les conditions environnementales visait à comprendre les conditions pouvant mener à des microbiologie de qualité microbiologique de l'eau et comment cela pouvait s'inscrire dans le contexte de brunissement des eaux nordiques. Un volet expérimental visait également à étudier l'effet spécifique du brunissement sur le microbiome de la source d'eau potable de Cambridge Bay.

La première hypothèse stipulant que la composition microbienne change entre la source et le robinet a été validée. En effet, ceci a été confirmé par les tests statistiques et les analyses de composition bactérienne qui ont montré que les communautés bactériennes des eaux traitées étaient constituées de genres bactériens différents des sources. Le changement de communautés microbiennes entre la source

et le robinet semble expliqué par le traitement de l'eau et les conditions créées dans le système d'approvisionnement en eau potable, notamment en matière de composition de la MOD.

Nous avons également observé que les communautés bactériennes du robinet ne répondaient pas toujours à un patron de diminution de l'abondance depuis la source, indiquant une re-croissance microbienne potentielle dans le système d'approvisionnement en eau potable de certaines communautés nordiques. Les réponses différentes de l'abondance bactérienne dans le système d'approvisionnement en eau potable des communautés nordiques indiquent un effet du contexte régional (p. ex. méthodes de traitement de l'eau, communautés bactériennes initiales et conditions de MOD).

La seconde hypothèse, soit que la composition microbienne des sources d'eau potable varie avec les conditions environnementales propres à chaque région (spécifiquement avec la composition de la MOD) et temporellement avec le changement de ces conditions a également été validée.

En effet, la corrélation de la composition des communautés bactériennes des sources d'eau potable avec la composition de la MOD fluorescente, incluant les teneurs de COD, les indices HIX, SUVA et BIX, ainsi que l'abondance relative des composés C1, C2, C3, C4 et C6 du modèle PARAFAC, montre l'effet du contexte environnemental particulier à chaque communauté nordique sur la composition bactérienne de l'eau. Les tests statistiques ont aussi confirmé l'effet spatial et temporel sur les communautés bactériennes.

L'effet des conditions environnementales sur la composition microbienne a aussi été montré par l'expérience de brunissement où un effet significatif du changement de couleur de l'eau généré avec du pergélisol a été observé pour la source étudiée, confirmant ainsi que le brunissement peut modifier la qualité microbiologique des sources d'eau potable nordiques. Les résultats ont montré l'effet significatif des changements de composition de la MOD, spécifiquement en termes d'abondance relative des

composés C3 (composante bactérienne de la MOD), C4 (composante fulvique de la MOD) et C6 (composante protéique de la MOD) dans le pool de MOD fluorescente de l'eau, sur la composition des communautés bactériennes de la source d'eau potable et soulignent l'importance des apports provenant du pergélisol. Ces résultats semblent également montrer qu'un brunissement où le dégel du pergélisol est impliqué modifierait plus profondément la qualité microbiologique de l'eau des sources d'approvisionnement qu'un brunissement généré seulement par une augmentation des apports de matière organique de couche active du sol en raison d'un changement plus important de la composition de la MOD.

Notre étude a aussi permis de détecter la présence potentielle de pathogènes dans l'eau potable qui semble être favorisée par les conditions créées dans les systèmes d'approvisionnement en eau potable des communautés (p. ex. MOD persistante et faibles niveaux de chlore résiduel) et d'identifier la présence de contamination fécale bactérienne saisonnière d'origine aviaire pour une communauté du Nunavut. La persistance de la MOD ayant précédemment été identifiée comme facteur favorable à la croissance de pathogènes identifiés dans notre étude dans l'eau potable, le processus de brunissement des sources d'eau potable pourrait contribuer à leur développement.

En outre, l'identification de genres de cyanobactéries dans les sources et sources alternatives suggère l'intérêt de faire un suivi plus approfondi de celles-ci, considérant notamment que le brunissement peut, avec le réchauffement des eaux de surface, créer des conditions favorables à leur développement.

Globalement, notre étude suggère que le suivi microbiologique des systèmes d'eau potable nordiques est primordial dans le contexte de changement climatique, où une modification de la composition bactérienne des sources d'eau potable risque d'être observée, notamment en raison du brunissement des eaux de surface, et où certains microorganismes qui peuvent poser des problèmes pour la santé humaine pourraient être favorisés. Les analyses de composition microbienne permettent d'identifier des

pathogènes à intégrer aux suivis de qualité de l'eau et les PCR en temps réel permettent de les quantifier afin de mieux évaluer les risques associés à leur détection. Les indicateurs de qualité microbiologique de l'eau pourraient être développés spécifiquement pour les différentes communautés qui ont des contextes microbiologiques particuliers. De plus, le contexte environnemental particulier des régions, incluant la composition en MOD de l'eau, suggère que le brunissement pourrait avoir des impacts différents sur chaque système. Il est nécessaire de faire un suivi de la qualité de l'eau et de comprendre comment elle peut être altérée de façon à prévenir les problèmes de santé pouvant résulter d'un changement de celle-ci. Étant donné que ces suivis de qualité de l'eau sont réalisés par les communautés nordiques, le développement de techniques de pointe adaptées aux conditions de terrain pour les communautés nordiques est essentiel.

## 8. Bibliographie

Ahmed W., Hughes B., Harwood V. J. (2016). Current status of marker genes of *Bacteroides* and related taxa for identifying sewage pollution in environmental waters. *Water* 8 (6): 231. Doi: 10.3390/w8060231.

Albinana-Gimenez N., Miagostovich M. P., Calgua B., Huguet J. M., Matia L., Girones R. (2009). Analysis of adenoviruses and polyomaviruses quantified by qPCR as indicators of water quality in source and drinking-water treatment plants. *Water Research* 43 (7): 2011-2019. Doi: 10.1016/j.watres.2009.01.025.

Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W., Lipman D.J. (1990). "Basic local alignment search tool." *Journal of Molecular Biology* 215: 403-410.

Anaviapik-Soucie T., L'Hérault V., Arreak T., Maktar E., Shirley J., Jamieson R., Truchon M.-H., and the Elders of Pond Inlet (2015). Building capacity to monitor fresh water quality in Pond Inlet-community needs assessment in a changing climate FINAL REPORT ON RESEARCH ACTIVITY 2014-15, Internal Report, Climate Change and Health Adaptation Program. 95 pp.

Anderson M.J., Ellingsen K.E., McArdle B.H. (2006). Multivariate dispersion as a measure of beta diversity. *Ecology Letters* 9: 683-693. Doi: 10.1111/j.1461-0248.2006.00926.x.

Antcibor I., Eschenbach A., Zubrzycki S., Kutzbach L., Bolshiyarov D., Pfeiffer E.-M. (2014). Trace metal distribution in pristine permafrost-affected soils of the Lena River delta and its hinterland, northern Siberia, Russia. *Biogeosciences* 11: 1–15. Doi: 10.5194/bg-11-1-2014.

ArctiConnexion. Water Quality. <https://arcticonnexion.ca/project/baker-lake/> (consulté le 30-11-2021).

Arvola L., Kankaala P., Tulonen T., Ojala A. (1996). Effects of phosphorus and allochthonous humic matter enrichment on metabolic processes and community structure of plankton in a boreal lake (Lake Pääjärvi). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 53(7): 1646-1662. Doi: 10.1139/f96-083.

Ayala-Borda P., Lovejoy C., Power M., Rautio M. (2021). Evidence of eutrophication in arctic lakes. *Arctic Science* 7 (4), 859–871. Doi: 10.1139/as-2020-0033.

Bakaic M., Medeiros A.S. (2017). Vulnerability of northern water supply lakes to changing climate and demand. *Arctic Science* 3 (1): 1-16. Doi: 10.1139/as-2016-0029.

Bakaic M., Medeiros A.S., Peters J.F., Wolfe B.B. (2018). Hydrologic monitoring tools for freshwater municipal planning in the Arctic: the case of Iqaluit, Nunavut, Canada. *Environmental Science and Pollution Research* 25 (33): 32913-32925. Doi: 10.1007/s11356-017-9343-4.

Bellas C.M., Anesio A.M. (2013). High diversity and potential origins of T4-type bacteriophages on the surface of Arctic glaciers. *Extremophiles* 17 : 861–870. Doi: 10.1007/s00792-013-0569-x.

Berjeaud J. M., Chevalier S., Schlüsselhuber M., Portier E., Loiseau C., Aucher W. et al. (2016). *Legionella pneumophila*: The paradox of a highly sensitive opportunistic waterborne pathogen able to persist in the environment. *Frontiers in Microbiology* 7: 486. Doi: 10.3389/fmicb.2016.00486.

Berner L.T., Massey R., Jantz P., Forbes B. C., Macias-Fauria M., Myers-Smith I., Kumpula T., Gauthier G., Andreu-Hayles L., Gaglioti B. V., Burns P., Zetterberg P., D'Arrigo R., Goetz S. J. (2020). Summer warming explains widespread but not uniform greening in the Arctic tundra biome. *Nature Communications* 11 (1): 1-12. Doi:10.1038/s41467-020-18479-5.

- Bolyen E., Rideout J. R., Dillon M. R., Bokulich N. A., Abnet C. C., Al-Ghalith G. A., et al. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2, *Nature Biotechnology*: 852–857. Doi: 10.1038/s41587-019-0209-9.
- Borchardt M.A., Chyou P., DeVries E.O., Belongia, E.A. (2003). Septic system density and infectious diarrhea in a defined population of children. *Environment Health Perspectives* 111::742–748.
- Bornstein N., Mercatello A., Marmet D., Surgot M., Deveaux Y., Fleurette J. (1989). Pleural infection caused by *Legionella anisa*. *Journal of Clinical Microbiology* (9): 2100-1. Doi: 10.1128/jcm.27.9.2100-2101.1989.
- Bouchard, F., Turner K. W., MacDonald L. A., Deakin C., White H, Farquharson N., Medeiros A. S., Wolfe B. B., Hall R. I., Pienitz R., Edwards T. W. D. (2013). Vulnerability of shallow subarctic lakes to evaporate and desiccate when snowmelt runoff is low, *Geophysical Research Letters* 40: 6112–6117. Doi: 10.1002/2013GL058635.
- Breton J., Vallières C., Laurion I. (2009). Limnological properties of permafrost thaw ponds in northeastern Canada. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 66: 1635–1648. Doi: 10.1139/F09-108.
- Butina T. V., Belykh O. I., Maksimenko S. Y. Belikov S. I. (2010). Phylogenetic diversity of T4-like bacteriophages in Lake Baikal, East Siberia. *FEMS Microbiology Letters* 309 (2): 122-129. Doi: 10.1111/j.1574-6968.2010.02025.x.
- Butina T. V., Belykh O. I., Potapov S. A., Sorokovikova E. G. (2013). Diversity of the major capsid genes (g23) of T4-like bacteriophages in the eutrophic Lake Kotokel in East Siberia, Russia. *Archives of Microbiology* 195 (7): 513-520. Doi: 10.1007/s00203-013-0884-8.
- Cai L., Lee H., Aas K.S., Westermann S. (2020). Projecting circum-Arctic excess-ground-ice melt with a sub-grid representation in the Community Land Model. *The Cryosphere* 14: 4611–4626. Doi: 10.5194/tc-14-4611-2020.
- Callahan B., McMurdie P., Rosen M., Han A. W., Johnson A.J.A, Holmes S.P. (2016). DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods* 13: 581–583. Doi: 10.1038/nmeth.3869.
- Campeau A.B., Lafleur P.M., Humphreys E.R. (2014) Landscape-scale variability in soil organic carbon storage in the central Canadian Arctic. *Canadian Journal of Soil Science* 94 (4): 477-488. Doi: 10.4141/CJSS-2014-018.
- Carey C. C., Ibelings B.W., Hoffmann E.P., Hamiltol D. P., Brookes J.D. (2012). Eco-physiological adaptations that favour freshwater cyanobacteria in a changing climate. *Water Research* 46 (5): 1394-1407. Doi: 10.1016/j.watres.2011.12.016.
- Chow C. et Fuhman J. (2012). Seasonality and monthly dynamics of marine myovirus communities. *Environmental Microbiology* 14 (8): 2171-2183. Doi: 10.1111/j.1462-2920.2012.02744.x.
- Chyerochana N., Kongprajug A., Somnark P., Kamphaengthong P.L., Mongkolsuk S., Sirikanchana K. (2020). Distributions of enterococci and human-specific bacteriophages of enterococci in a tropical watershed. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* 226: 113482. Doi: 10.1016/j.ijheh.2020.113482.

Clarke KR (1993) Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. *Austral Journal of Ecology* 18:117–143.

Coble P. G., Del Castillo E., Avril B. (1998). Distribution and optical properties of CDOM in the Arabian Sea during the 1995 SW monsoon. *Deep Sea Research*. 45: 2195–2223. Doi:10.1016/S0967-0645(98)00068-X.

Coch C., Juhls B., Lamoureux S., Lafrenière M. J., Fritz M., Heim B. et Lantuit H. (2019). Comparisons of dissolved organic matter and its optical characteristics in small low and high Arctic catchments. *Biogeosciences* 16 (23): 4535-4553. Doi: 10.5194/bg-16-4535-2019.

Comeau A.M. et Krisch H.M. (2008). The capsid of the T4 phage superfamily: The evolution, diversity, and structure of some of the most prevalent proteins in the biosphere. *Molecular Biology and Evolution* 25: 1321–1332. Doi: 10.1093/molbev/msn080.

Comte J., Berga M., Severin I., Logue J.B. et Lindström, E.S. (2017). Contribution of different bacterial dispersal sources to lakes: Population and community effects in different seasons. *Environmental Microbiology* 19: 2391-2404. Doi: 10.1111/1462-2920.13749.

Comte J., Monier A., Crevecoeur S., Lovejoy C., Vincent W. F. (2016). Microbial biogeography of permafrost thaw ponds across the changing northern landscape. *Ecography* 39 (7): 609-618. Doi: 10.1111/ecog.01667.

Cortes C. et Marcos R. (2018). Genotoxicity of disinfection byproducts and disinfected waters: A review of recent literature. *Mutation Research - Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis* 831: 1-12. Doi: 10.1016/j.mrgentox.2018.04.005.

Creed I.F., Bergström A.-K., Trick C.G. et al. (2018). Global change-driven effects on dissolved organic matter composition: Implications for food webs of northern lakes. *Global Change Biology* 24 (8): 3692-3714. Doi: 10.1111/gcb.14129.

Crump B., Amaral-Zettler L., Kling G. (2012). Microbial diversity in arctic freshwaters is structured by inoculation of microbes from soils. *Journal of the International Society of Microbial Ecology* 6: 1629–1639 Doi: 10.1038/ismej.2012.9.

Daley K., Truelstrup Hansen L., Jamieson R.C., Hayward J. L., Piorkowski G. S., Krkosek W., Gagnon G. A., Castleden H., MacNeil K., Poltarowicz J., Corriveau E., Jackson A., Lywood J., Huang Y. (2018). Chemical and microbial characteristics of municipal drinking water supply systems in the Canadian Arctic. *Environmental Science and Pollution Research* 25: 32926–32937. Doi: 10.1007/s11356-017-9423-5.

Deshpande B.N., Crevecoeur S., Matveev A., Vincent W. F. (2016). Bacterial production in subarctic peatland lakes enriched by thawing permafrost. *Biogeosc.* 13 (15): 4411-4427. Doi: 10.5194/bg-13-4411-2016.

Desvaux M., Dalmasso G., Beyrouthy R., Barnich N., Delmas J. et Bonnet R. (2020). Pathogenicity Factors of Genomic Islands in Intestinal and Extraintestinal *Escherichia coli*. *Frontiers in Microbiology* 11: 2065. Doi: 10.3389/fmicb.2020.02065

Dixon B., Parrington L., Parenteau M., Leclair D., Santin-Duran M., Fayer R. (2008). *Giardia duodenalis* and *Cryptosporidium* spp. in the intestinal contents of ringed seals (*Phoca hispida*) and bearded seals (*Erignathus barbatus*) in Nunavik, Quebec, Canada. *Journal Parasitology* 94:1161-1163.

Drake T. W., Wickland K. P., Spencer R. G., McKnight D. M., Striegl R. G. (2015). Ancient low-molecular-weight organic acids in permafrost fuel rapid carbon dioxide production upon thaw. *PNAS* 112: 13946–13951. Doi: 10.1073/pnas.1511705112.

Edwards R. et Treitz P. (2017). Vegetation greening trends at two sites in the Canadian Arctic: 1984–2015. *Arctic, Antarctic, and Alpine Research* 49: 4, 601-619. Doi: 10.1657/AAAR0016-075.

Ewing S. A., O'Donnell J. A., Aiken G. R., Butler K., Butman D., Windham-Myers L., Kanevskiy M. Z. (2015). Long-term anoxia and release of ancient, labile carbon upon thaw of Pleistocene permafrost. *Geophysical Research Letters* 42: 10730–10738. Doi: 10.1002/2015GL066296.

Fang G.-D., Yu V. L., Vickers R. (1989). Disease due to the *Legionellaceae* (Other than *Legionella pneumophila*). *Medicine* 68 (2): 116.

Farenhorst A., Li R., Jahan M., Tun H. M., Mi R., Amarakoon I., Kumar A., Khafipour E. (2016). Bacteria in drinking water sources of a First Nation reserve in Canada. *Science of the Total Environment* 575: 813-819. Doi: 10.1016/j.scitotenv.2016.09.138.

Fellman, J. B., Hood E., Spencer R. G. M. (2010). Fluorescence spectroscopy opens new windows into dissolved organic matter dynamics in freshwater ecosystems: A review. *Limnology and Oceanography* 55. Doi: 10.4319/lo.2010.55.6.2452.

Filee J., Tetart F., Suttle C.A., Krisch H.M. (2005). Marine T4-type bacteriophages, a ubiquitous component of the dark matter of the biosphere. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102 (35): 12471-12476. Doi: 10.1073/pnas.0503404102.

Fish K. E. et Boxall J. B. (2018). Biofilm microbiome (re)growth dynamics in drinking water distribution systems are impacted by chlorine concentration. *Frontiers in Microbiology* 9. Doi: 10.3389/fmicb.2018.02519.

Fouché J., Christiansen C.T., Lafrenière M.J., Grogan P., Lamoureux S. F. (2020). Canadian permafrost stores large pools of ammonium and optically distinct dissolved organic matter. *Nature Communications* 11 (1): 1-11. Doi: 10.1038/s41467-020-18331-w.

Fox G. E., Wisotzkey J. D., Jurtshuk P. Jr. (1992). How close is close: 16S rRNA sequence identity may not be sufficient to guarantee species identity. *International Journal of Systematic and Evolutionary Bacteriology* 42(1):166-70. Doi: 10.1099/00207713-42-1-166. PMID: 1371061.

Girard C., Langlois V., Vigneron A., Vincent W.F., Culley A.I. (2020). Seasonal Regime Shift in the Viral Communities of a Permafrost Thaw Lake. *Viruses* 22 : 12(11):1204. Doi: 10.3390/v12111204. PMID: 33105728; PMCID: PMC7690404.

Goldfarb D. M., Dixon B., Moldovan I., Barrowman N., Mattison K., Zentner C., Baikie M., Bidawid S., Chan F., Slinger R. (2013). Nanolitre real-time PCR detection of bacterial, parasitic, and viral agents from patients with diarrhoea in Nunavut, Canada. *International Journal of Circumpolar Health* 72:19903. Doi: 10.3402/ijch.v72i0.19903.

Gora S. L., Anaviapik Soucie T., McCormick N. E., Ontiveros C. C., L'Hérault V., Gavin M., Trueman B.F., Campbell J., Stoddart A.K., Gagnon G.A. (2020) Microbiological water quality in a decentralized Arctic drinking water system. *Environmental Science: Water Research and Technology* 6 (7): 1855-1868. Doi: 10.1039/d0ew00019a.

- Gora S. L., Trueman B. F., Anaviapik-Soucie T., Gavin M. K., Ontiveros C. C., Campbell J., Gagnon, G. A. (2020). Source water characteristics and building-specific factors influence corrosion and point of use water quality in a decentralized Arctic drinking water system. *Environmental Science and Technology*, 54(4) : 2192–2201. Doi: 10.1021/acs.est.9b04691.
- Guillemette F., McCallister S. L. et del Giorgio P. A. (2013). Differentiating the degradation dynamics of algal and terrestrial carbon within complex natural dissolved organic carbon in temperate lakes, *Journal of Geophysical Research: Biogeoscience* 118: 963– 973. Doi:10.1002/jgrg.20077.
- Gutierrez C. et Somoskovi A. (2014). Human pathogenic mycobacteria. *Biomedical Sciences*: 9780128012383. Doi: 10.1016/B978-0-12-801238-3.00137-9.
- Hall-Stoodley L, Lappin-Scott H. (1998). Biofilm formation by the rapidly growing mycobacterial species *Mycobacterium fortuitum*. *Federation of European Microbiological Society Microbiology Letters*. 168:77–84.
- Hambright K.D., Zamor R.M., Easton J.D., Allison B. (2014). Algae. *Encyclopedia of Toxicology* (Third Edition), Academic Press: 130-141. Doi: 10.1016/B978-0-12-386454-3.00983-0.
- Hansson L.-A., Nicolle A., Granéli W., Hallgren P., Kritzberg E., Persson A., Björk J., Nilsson P.-A. et al. (2013). Food-chain length alters community responses to global change in aquatic systems. *Nature Climate Change* 3: 228–233. Doi: 10.1038/articles/nclimate1689
- Harshman R. A. et Lundy M. E. (1994). PARAFAC: Parallel factor analysis, *Computational Statistics & Data Analysis* 18 (1): 39-72. Doi: 10.1016/0167-9473(94)90132-5.
- He X., Liu Y.-L., Conklin A., Westrick J., Weavers L. K., Dionysiou D. D., Lenhart J. J., Mouser P. J., Szlag D., Walker H. W. (2016). Toxic cyanobacteria and drinking water: Impacts, detection, and treatment. *Harmful Algae* 54 : 174-193. Doi : org/10.1016/j.hal.2016.01.001.
- Heslop J. K., Winkel M., Walter Anthony K. M., Spencer R. G. M., Podgorski D. C., Zito P., Kholodov A., Zhang M., Liebner S. (2019). Increasing organic carbon biolability with depth in yedoma permafrost: Ramifications for future climate change. *J Geophys Res Biogeosci* 124:2021–2038. Doi: 10.1029/2018JG004712
- Himsworth C. G., Skinner S., Chaban B., Jenkins E., Wagner B.A., Harms N.J., et al. (2010). Multiple zoonotic pathogens identified in canine feces collected from a remote Canadian indigenous community. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 83: 338-341. Doi: 10.4269/ajtmh.2010.10-0137.
- Holmes P. and Nicolls L.M. (1995). Aeromonads in drinking-water supplies: Their Occurrence and Significance. *Water and Environment Journal* 9: 464-469. Doi: 10.1111/j.1747-6593.1995.tb01484.x.
- Hugelius G., Strauss J., Zubrzycki S., Harden J.W., Schuur E.A.G., Ping C.-L., Schirrmeister L., Grosse G., Michaelson G.J., Koven C.D., O'Donnell J.A., Elberling B., Mishra U., Camill P., Yu Z., Palmtag J. and Kuhry P. (2014). Estimated stocks of circumpolar permafrost carbon with quantified uncertainty ranges and identified data gaps. *Biogeoscience* 11: 6573-6593. Doi: 10.5194/bg-11-6573-2014.
- Hughes-Hanks J.M., Rickard L.G., Panuska C., Saucier J.R., O'Hara T.M., Dehn L., Rolland R.M. (2005). Prevalence of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia* spp. in five marine mammal species. *J Parasitol.* 91(5): 1225-8. Doi: 10.1645/GE-545R.1.

Imbeau E., Vincent W. F., Wauthy M., Cusson M., Rautio M. (2021). Hidden stores of organic matter in northern lake ice: Selective retention of terrestrial particles, phytoplankton and labile carbon. *Journal of Geophysical Research: Biogeosciences*, 126: e2020JG006233.

Iteman I., Rippka R., Tandeau de Marsac N., Herdman M. (2000). Comparison of conserved structural and regulatory domains within divergent 16S rRNA-23S rRNA spacer sequences of cyanobacteria. *Microbiology* 146 (6):1275-1286. Doi: 10.1099/00221287-146-6-1275.

ITK (2020). Access to drinking water in Inuit Nunangat. *ITK Quarterly Research Briefing* (2), 17p.

Janda J. M. et Abbott S. L. (2010). The genus *Aeromonas*: Taxonomy, pathogenicity, and infection. *Clinical microbiology reviews* 23(1) : 35–73. Doi : 10.1128/CMR.00039-09.

Jansson J., Taş N. (2014). The microbial ecology of permafrost. *Nature Reviews Microbiology* 12 (6): 414-425. Doi: 10.1038/nrmicro3262.

Ju J. et Masek J. G. (2016). The vegetation greenness trend in Canada and US Alaska from 1984–2012 Landsat data, *Remote Sensing of Environment* (176): 1-16. Doi: 10.1016/j.rse.2016.01.001.

Kida M., Kojima T., Tanabe Y., Hayashi K., Kudoh S., Maie N., Fujitake N. (2019). Origin, distributions, and environmental significance of ubiquitous humic-like fluorophores in Antarctic lakes and streams. *Water Research* 163: 114901.

Kim B. R., Shin J., Guevarra R. B., Lee J. H., Kim D.W., Seol K. H., Lee J. H., Kim H. B., Isaacson R. E. (2017). Deciphering diversity indices for a better understanding of microbial communities. *Journal of Microbiology and Biotechnology* 27:2089-2093. Doi: 10.4014/jmb.1709.09027.

Kokelj S. V., Jenkins R. E., Milburn D., Burn C. R., and Snow N. (2005). The influence of thermokarst disturbance on the water quality of small upland lakes, Mackenzie Delta Region, Northwest Territories, Canada, *Permafrost and Periglacial processes* 16: 343–353. Doi: 10.1002/ppp.536.

Kort, R., Keijser, B.J., Caspers, M.P. et al. (2008). Transcriptional activity around bacterial cell death reveals molecular biomarkers for cell viability. *BMC Genomics* 9, 590. Doi: 10.1186/1471-2164-9-590.

Koskey A.M., Fisher J.C., Traudt M. F., Newton R. J., McLellan S.L. (2016). Analysis of the gull fecal microbial community reveals the dominance of *Catelliboccus marimammalium* in relation to culturable *Enterococci*. *Applied and Environmental Microbiology* 80 (2). Doi: 10.1128/AEM.02414-13.

Laurion I., Vincent W. F., Lean D.R.S (1997). Underwater ultraviolet radiation: Development of spectral models for northern high latitude lakes. *Photochemistry and photobiology* 65 (1): 107-114.

Lechevallier M. W., Welch N. J., Smith D. B. (1996). Full-Scale Studies of Factors Related to Coliform Regrowth in Drinking Water. *Applied and Environmental Microbiology Journal* 62, 2201.

LeChevallier M. W. (2019). Occurrence of culturable *Legionella pneumophila* in drinking water distribution systems. *American Water Works Association*: e1139. Doi: 10.1002/aws2.1139.

Legendre M., Bartoli J., Shmakova L., Jeudy S., Labadie K., Adrait A., Lescot M., Poirot O., Bertaux L., Bruley C., Couté Y., Rivkina E., Abergel C., Claverie J.-M. (2014). Thirty-thousand-year-old distant relative of giant icosahedral DNA viruses with a pandoravirus morphology. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 111(11): 4274-4279. Doi: 10.1073/pnas.1320670111.

- Lévesque A.V., Vincent W.F, Comte J., Lovejoy C., Culley A.I. (2018). Chlorovirus and myovirus diversity in permafrost thaw ponds. *Aquatic Microbiological Ecology* 82:209-224. Doi : 10.3354/ame01893
- Li Q., Yu S., Li L., Liu G., Gu Z., Liu M., Liu Z., Ye Y., Xia Q., Ren L. (2017). Microbial communities shaped by treatment processes in a drinking water treatment plant and their contribution and threat to drinking water safety. *Frontiers in Microbiology* 8. Doi: 10.3389/fmicb.2017.02465.
- Li R., Tun H. M., Jahan M., Zhang Z., Kumar A., Dilantha Fernando W. G., Farenhorst A. et Khafipour E. (2017). Comparison of DNA-, PMA-, and RNA-based 16S rRNA Illumina sequencing for detection of live bacteria in water. *Scientific reports* 7(1), 5752. Doi : 10.1038/s41598-017-02516-3
- Lin J.-N., Lai C.-H., Chen Y.-H., Lin H.-L., Huang C.-K., Chen W.-F., Wang J.-L., Chung H.-C., Liang S.-H., Lin H.-H.. (2010). *Sphingomonas paucimobilis* bacteremia in humans: 16 case reports and a literature review. *Journal of Microbiology, Immunology and Infection* 43 (1): 35-42. Doi: 10.1016/S1684-1182(10)60005-9.
- Liu G., Verbeek J., Van Dijk J. (2013). Bacteriology of drinking water distribution systems: an integral and multidimensional review. *Applied Microbiology and Biotechnology* 97: 9265–9276.
- Logue J.B., Stedmon C.A., Kellerman A.M., Nielsen N.J., Andersson A.F., Laudon H., Lindström E.S., Kritzberg E.S. (2016). Experimental insights into the importance of aquatic bacterial community composition to the degradation of dissolved organic matter. *Journal of the International Society for Microbiological Ecology* 10: 533–545. Doi: 10.1038/ismej.2015.131.
- Loiko S. V., Pokrovsky O.S., Raudina T. V., Lim A., Kolesnichenko L.G., Shirokova L.S. et al. (2017). Abrupt permafrost collapse enhances organic carbon, CO<sub>2</sub>, nutrient and metal release into surface waters. *Chemical Geology* 471:153–65. Doi: 10.1016/j.chemgeo.2017.10.002.
- López-Bueno A., Tamames J., Velázquez D., Moya A., Quesada A., Alcamí A. (2009). High diversity of the viral community from an Antarctic lake. *Science* 326 (5954): 858-861. Doi: 10.1126/science.1179287.
- Lorantý M.M., Liberman-Cribbin W., Berner L. T., Ntali S.M., Goetz S. J., Alexander H. D., Kholodov A. L. (2016). Spatial variation in vegetation productivity trends, fire disturbance, and soil carbon across arctic-boreal permafrost ecosystems. *Environmental Research Letters* 11: 095008. Doi: 10.1088/1748-9326/11/9/095008.
- Lu X., Zhang X. X., Wang Z., Huang K., Wang Y., Liang W., Tan Y., Liu B., Tang J. (2015). Bacterial Pathogens and Community Composition in Advanced Sewage Treatment Systems Revealed by Metagenomics Analysis Based on High-Throughput Sequencing. *PLoS ONE* 10(5): e0125549. Doi : 10.1371/journal.pone.0125549
- Luo L. W., Wu Y.H., Yu T., Wang Y.H, Chen G.Q., Tong X., Bai Y., Xu C., Wang H., Ikuno N., Hu H.-Y. (2021). Evaluating method and potential risks of chlorine-resistant bacteria (CRB): A review. *Water Research* 188 : 116474. Doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.145986.
- Marsálek, B.; Blaha, L.; Babica, P. (2003). Analyses of microcystins in the biomass of *Pseudanabaena limnetica* collected in Znojmo reservoir. *Czech Phycology Olomouc* 3: 195–197.
- Martin D., Bélanger D., Gosselin P., Brazeau J., Furgal C. and Déry S. (2007). Drinking water and potential threats to human health in Nunavik: Adaptation strategies under climate change conditions. *Arctic* 60(2): 195-202. Doi: 10.14430/arctic244
- Martin M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high- throughput sequencing reads, *EMBnet Journal* 17(1): 10–12. Doi: 10.14806/ej.17.1.200.

- Matsui M., Fujii S.I., Shiroywa R., Amemura-Maekawa J., Chang B., Kura F., Yamauchi K. (2010). Isolation of *Legionella rubrilucens* from a pneumonia patient co-infected with *Legionella pneumophila*. *Journal of Medical Microbiology* 59:1242-1246. Doi: 10.1099/jmm.0.016089-0.
- McMurdie P.J., Holmes S. (2013). Phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS ONE* 8(4): e61217. Doi: 10.1371/journal.pone.0061217
- Medeiros A.S., Wood P., Wesche S. D., Baikac M., Peters J. F. (2016). Water security for northern peoples: review of threats to Arctic freshwater systems in Nunavut, Canada. *Regional Environmental Change* 16: 635-647. Doi: 10.1007/s10113-016-1084-2.
- Messier V., Lévesque B., Rouls J.-F., Ward B. J., Libman M., Couillard M., Martin D., Hubert B. (2007). Nunavik Inuit health survey 2004/Qanuippitaa? How are we? Zoonotic diseases, drinking water and gastroenteritis in Nunavik: A brief portrait. 18p.
- Moona, Nashita, Andrew Holmes, Urban J. Wunsch, Thomas J. R. Pettersson, and Kathleen R. Murphy. (2021). Full-scale manipulation of the empty bed contact time to optimize dissolved organic matter removal by drinking water biofilters. *ACS ES&T Water* 1: 1117-26. Doi: 10.1021/acsestwater.0c00105.
- Nusch E. (1980). Comparison of different methods for chlorophyll and phaeopigment determination. *Archiv für Hydrobiologie* 14: 14-36.
- Obieze C.C., Wani G.A., Shah M.A., Reshi Z. A., Comeau A., Khasa D.P. (2022). Anthropogenic activities and geographic locations regulate microbial diversity, community assembly and species sorting in Canadian and Indian freshwater lakes. *Science of the Total Environment*. Doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.154292.
- Oksanen F.J., et al. (2017). *Vegan: Community Ecology Package*. R package Version 2.4-3. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Osburn C.L., Anderson N.J., Stedmon C.A., Giles M.E., Whiteford E.J., McGenity T.J., Dumbrell A.J., Underwood G.J.C.. (2017). Shifts in the source and composition of dissolved organic matter in Southwest Greenland lakes along a regional hydro-climatic gradient. *Journal of Geophysical Research: Biogeosciences*, 122. Doi: 10.1002/2017JG003999.
- Osterholz H., Singer G., Wemheuer B., Daniel R., Simon M., Niggemann J., Dittmar T. (2016). Deciphering associations between dissolved organic molecules and bacterial communities in a pelagic marine system. *Journal of the International Society of Microbial Ecology* 10: 1717–1730. Doi: 10.1038/ismej.2015.231.
- Paquin J. et Sushama L. (2015). On the Arctic near-surface permafrost and climate sensitivities to soil and snow model formulations in climate models. *Climate Dynamics* 44 (1-2): 203-228. Doi: 10.1007/s00382-014-2185-6
- Park J. W., Kim H.-C., Meyer A.S., Kim S., Maeng S. K. (2016). Influences of NOM composition and bacteriological characteristics on biological stability in a full-scale drinking water treatment plant. *Chemosphere* 160: 189-198. Doi: 10.1016/j.chemosphere.2016.06.079.
- Perryman C. R., Wirsing J., Bennett K. A., Brennick O., Perry A. L., Williamson N., et al. (2020). Heavy metals in the Arctic: Distribution and enrichment of five metals in Alaskan soils. *PLoS ONE* 15(6): e0233297. Doi: 10.1371/journal.pone.0233297.

Petrov V. M., Ratnayaka S., Nolan J. M., Miller E. S., Karam J. D. (2010). Genomes of the T4-related bacteriophages as windows on microbial genome evolution. *Virology Journal* 7 (1): 292. Doi: 10.1186/1743-422X-7-292.

Potapov S., Belykh O., Krasnopeev A., Gladkikh A., Kabilov M., Tupikin A., Butina T. (2018). Assessing the diversity of the g23 gene of T4-like bacteriophages from Lake Baikal with high-throughput sequencing. *FEMS Microbiology Letters* 365 (3): 264. Doi: 10.1093/femsle/fnx264.

Primm T.P., Falkinham J.O. (2008). Nontuberculous mycobacteria. *International Encyclopedia of Public Health*: 382-390. Doi: 10.1016/B978-0-12-801238-3.03009-9.

Prowse T.D., Wrona F.J., Reist J.D., Gibson J.J., Hobbie J.E., Lévesque L.M.J., and Vincent W. F. (2006). Climate change effects on hydroecology of arctic freshwater ecosystems. *Ambio* 35 (7): 347-358. Doi: 10.1579/0044-7447.

Przytulska A., Bartosiewicz M., Vincent W.F. (2017). Increased risk of cyanobacterial blooms in northern high-latitude lakes through climate warming and phosphorus enrichment. *Fresh Biol* 62: 1986-1996. Doi: 10.1111/fwb.13043.

R Core Team (2016). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*, Vienna, Austria. Available at: <https://www.R-project.org/>.

Rastogi R.P., Madamwar D., Incharoensakdi A. (2015). Bloom dynamics of cyanobacteria and their toxins: Environmental health impacts and mitigation strategies. *Frontiers in Microbiology* 6: 1254. Doi:10.3389/fmicb.2015.01254.

Ratelle M., Spring A., Laird B. D., Andrew L., Simmons D., Scully D., Skinner K. (2021). Drinking water perception and consumption in Canadian subarctic Indigenous communities and the importance for public health. *FACETS Journal* 7: 343-359. Doi: 10.1139/facets-2021-0094

Renaud W. E., Johnston G., Finley K. J. (1981). The avifauna of the Pond Inlet region, N.W.T. *American Birds* 35 (2): 119-129.

Risebro, H.L., Breton, L., Aird, H., Hooper, A. and Hunter, P.R. (2012). Contaminated small drinking water supplies and risk of infectious intestinal disease: A prospective cohort study. *Plos One* 7(8): e42762.

Roiha T., Peura S., Cusson M. and Rautio M. (2016). Allochthonous carbon is a major regulator to bacterial growth and community composition in subarctic freshwaters. *Scientific reports* 6. Doi: 10.1038/srep34456.

Ruiz-González C., Niño-García J.P. et del Giorgio P.A. (2015). Terrestrial origin of bacterial communities in complex boreal freshwater networks. *Ecology Letters* 18: 1198-1206. Doi: 10.1111/ele.12499.

Santé Canada (2012). *Conseils sur l'utilisation de la numération des bactéries hétérotrophes dans les approvisionnements d'eau potable au Canada*. Bureau de l'eau, de l'air et des changements climatiques, Direction générale de la santé environnementale et de la sécurité des consommateurs, Santé Canada, Ottawa (Ontario). (N° de catalogue H144-6/2013F-PDF). 22p.

Santé Canada (2020). *Guidance on the use of Enterococci as an indicator in Canadian drinking water supplies*. water and air quality bureau, healthy environments and consumer safety branch, Health Canada, Ottawa, Ontario. (Catalogue No. H144-68/2020E-PDF). 32p.

Santé Canada (2020). Recommandations pour la qualité de l'eau potable au Canada : Conseils sur la matière organique naturelle dans l'eau potable. Bureau de l'eau, de l'air et des changements climatiques, Direction générale de la santé environnementale et de la sécurité des consommateurs, Santé Canada, Ottawa, Ontario. (H144-67/2020F-PDF). 93p.

Santé Canada (2020). Santé Canada (2020). Recommandations pour la qualité de l'eau potable au Canada – Tableau sommaire. Bureau de la qualité de l'eau et de l'air, Direction générale de la santé environnementale et de la sécurité des consommateurs, Santé Canada, Ottawa, Ontario. 29p.

Savichtcheva O, Okayama N, Okabe S. (2007). Relationships between *Bacteroides* 16S rRNA genetic markers and presence of bacterial enteric pathogens and conventional fecal indicators. *Water Research* 41(16): 3615-28. Doi: 10.1016/j.watres.2007.03.028.

Schuster P. F., Schaefer K. M., Aiken G. R., Antweiler R. C., Dewild J. F., Gryziec J. D., Gusmeroli A., Hugelius G., Jafarov E., Krabbenhoft D.P., Liu L., Herman-Mercer N., Mu C., Roth D.A., Schaefer, Striegl R.G., Wickland K.P. and Zhang, T. (2018). Permafrost stores a globally significant amount of mercury. *Geophysical Research Letters* 45(3): 1463-1471. Doi: 10.1002/2017GL075571.

Shakil S., Tank S. E., Kokelj S. V., Vonk J.E. and Zolkos S. (2020). Particulate dominance of organic carbon mobilization from thaw slumps on the Peel Plateau, NT: Quantification and implications for stream systems and permafrost carbon release. *Environmental Research Letters* 15 (11): 114019. Doi: 10.1088/1748-9326/abac36.

Shams S., Capelli C., Cerasino L., Ballot A., Dietrich D.R., Sivonen K., Salmaso N. (2015). Anatoxin-a producing *Tychonema* (Cyanobacteria) in European waterbodies. *Water Research* 1: 69:68-79. Doi: 10.1016/j.watres.2014.11.006.

Shaw E. I. et Voth, D. E. (2019). *Coxiella burnetii*: A pathogenic intracellular acidophile. *Microbiology* 165(1): 1–3. Doi: 10.1099/mic.0.000707.

Sivarajah, B., Simmatis B., Favot E.J., Palmer M. J., Smol J.P. (2021). Eutrophication and climatic changes lead to unprecedented cyanobacterial blooms in a Canadian sub-Arctic landscape. *Harmful Algae* 105: 102036. Doi: 10.1016/j.hal.2021.102036.

Śliwińska-Wilczewska S., Maculewicz J., Barreiro Felpeito A., Latała A. (2018). Allelopathic and bloom-forming picocyanobacteria in a changing world. *Toxins* 10(1):48. Doi: 10.3390/toxins10010048.

Slow S., Anderson T., Biggs P., Kennedy M., Murdoch D., Cree S. (2018). Complete genome sequence of *Legionella sainthelensi* isolated from a patient with legionnaires' disease. *Genome Announcements* 6 (5): e01588-17. Doi: 10.1128/genomeA.01588-17.

Spencer R. G., Mann P. J., Dittmar T., Eglinton T. I., McIntyre C., Holmes R. M., Zimov N., Stubbins A. (2015). Detecting the signature of permafrost thaw in Arctic rivers. *Geophysical Research Letters* 42: 2830–2835. Doi: 10.1002/2015GL063498.

Srinivasan S., Aslan A., Xagorarakis I., Alocilja E., Rose J.B. (2011). *Escherichia coli*, *enterococci*, and *Bacteroides thetaiotaomicron* qPCR signals through wastewater and septage treatment. *Water Research* 45(8): 2561-72. Doi: 10.1016/j.watres.2011.02.010.

- Stange, C., Sidhu, J.P.S., Toze, S. and Tiehm, A. (2019). Comparative removal of antibiotic resistance genes during chlorination, ozonation, and UV treatment. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* 222(3): 541-548. Doi: 10.1016/J.IJHEH.2019.02.002
- Stedmon C.A., Thomas D.N., Granskog M., Kaartokallio H., Papadimitriou S., Kuosa H. (2007). Characteristics of dissolved organic matter in baltic coastal sea ice: Allochthonous or autochthonous origins? *Environmental Science and Technology* 41: 7273-7279.
- Stedmon CA, Thomas DN, Papadimitriou S, Granskog MA & G Dieckmann (2011). Using fluorescence to characterize dissolved organic matter in Antarctic sea ice brines. *Journal of Geophysical Research* 116(G03027) 1-9. Doi: 10.1029/2011JG001716.
- Szewzyk U., Szewzyk R., Manz W. et Schleifer K.-H. (2000) Microbiological safety of drinking water. *Annual Review of Microbiology* 54: 81–127. Doi: 10.1080/1040-840291046669.
- Steward G. F. et Culley A. I. (2010). Extraction and purification of nucleic acids from viruses. *Manual of Aquatic Viral Ecology Chapter 16: 154-165.* Doi: 10.4319/mave.2010.978-0-9845591-0-7.154.
- Tanentzap A. J., Fitch A., Orland C., Emilson E. J., Yakimovich K. M., Osterholz H., Dittmar T. (2019). Chemical and microbial diversity covary in fresh water to influence ecosystem functioning. *PNAS* 116:24689–24695. Doi: 10. 1073/pnas.1904896116.
- Tank S.E., Vonk J.E., Walvoord M.A., McClelland J.W., Laurion I., Abbott B.W. (2020). Landscape matters: Predicting the biogeochemical effects of permafrost thaw on aquatic networks with a state factor approach. *Permafrost and Periglac Process.* 31: 358– 370. Doi: 10.1002/ppp.2057.
- Taranu, Z. E., Gregory-Eaves I., Leavit P.R., Bunting L., Buchaca T, Catalan J., Domaizon I., Guilizzoni P., Lami A., McGowan S., Moorhouse H., Morabito G., Pick F.R., Stevenson M.A., Thompson P.L., Vinebrook R. D. (2015). Acceleration of cyanobacterial dominance in north temperate-subarctic lakes during the Anthropocene. *Ecology Letters* 18: 375–384. Doi: 10.1111/ele.12420.
- Tetart F. Repoila F., Monod C., Krisch H.M. (1996). Bacteriophage T4 host range is expanded by duplications of a small domain of the tail fiber adhesin. *Journal of Molecular Biology* 258 (5): 726-731. Doi: 10.1006/jmbi.1996.0281.
- Thacker W. L., Dyke J. W., Benson R. F., Havlichek D. H., Robinson-Dunn B., Stiefel H., Schneider W., Moss C. W., Mayberry W. R., Brenner D. J. (1992). *Legionella lansingensis* sp. nov. isolated from a patient with pneumonia and underlying chronic lymphocytic leukemia. *Journal of Clinical Microbiology* 30(9):2398-401. Doi: 10.1128/jcm.30.9.2398-2401.1992.
- Timofeev V., Bahtejeva I., Mironova R., Titareva G., Lev I., Christiany D., et al. (2019). Insights from *Bacillus anthracis* strains isolated from permafrost in the tundra zone of Russia. *PLoS ONE* 14(5): e0209140. Doi: 10.1371/journal.pone.0209140.
- Urrutia-Cordero P., Ekvall M. K., Hansson L.-A. (2016). Local food web management increases resilience and buffers against global change effects on freshwaters. *Scientific Reports* 6: 29542 Doi: 10.1038/srep29542.
- Vaerewijck M. J., Huys G., Palomino J. C., Swings J. et Portaels F. (2005). Mycobacteria in drinking water distribution systems: Ecology and significance for human health. *Fems Microbiology Reviews* 29: 911–934. Doi: 10.1016/j.femsre. 2005.02.001.

- Van de Waal D. B., Smith V. H., Declerck S. A. J., Stam E. C. M., Elser J. J. (2014). Stoichiometric regulation of phytoplankton toxins. *Ecology Letters* 17 (6): 736-742. Doi: 10.1111/ele.12280.
- Villanueva C. M., Cantor K. P., Grimalt J. O., Malats N., Silverman D., Tardon A., Garcia-Closas R., Serra C., Carrato A., Castaño-Vinyals G., Marcos R., Rothman N., Real F. X., Dosemeci M., Kogevinas M. (2007). Bladder cancer and exposure to water disinfection by-products through ingestion, bathing, showering and swimming pool attendance. *American Journal of Epidemiology* 165:148–156. Doi: 10.1093/aje/kwj364
- Vonk J. E., Tank S. E., Bowden W. B., Laurion I., Vincent W. F., Alekseychik P., Amyot M., Billet M. F., Canário J., Cory R. M., Deshpande B. N., Helbig M., Jammet M., Karlsson J., Larouche J., MacMillan G., Rautio M., Walter Anthony K. M. and Wickland K. P. (2015). Reviews and syntheses: Effects of permafrost thaw on Arctic aquatic ecosystems. *Biogeosciences* 12: 7129-7167. Doi: 10.5194/bg-12-7129-2015.
- Walters W., Hyde E.R., Berg-Lyons D., Ackermann G., Humphrey G., Parada A., Gilbert J. A., Jansson J. K., Caporaso J. G., Fuhrman J. A., Apprill A., Knight, R. (2015). Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys. *mSystems* 1 (1). DOI: 10.1128/msystems.00009-15.
- Wang F., Li W., Li Y., Zhang J., Chen J., Zhang W., Wu X. (2018). Molecular analysis of bacterial community in the tap water with different water ages of a drinking water distribution system. *Frontiers of Environmental Science & Engineering* 12 : 6. Doi: 10.1007/s11783-018-1020-4
- Wang, Y., Yan, Y., Thompson, K.N. et al. (2021). Whole microbial community viability is not quantitatively reflected by propidium monoazide sequencing approach. *Microbiome* 9, 17. Doi: 10.1186/s40168-020-00961-3.
- Ward C. P., Cory R. M. (2015). Chemical composition of dissolved organic matter draining permafrost soils. *Geochimica and Cosmochimica Acta* 167: 63–79. Doi: 10.1016/j.gca. 2015.07.001.
- Wauthy M., Rautio M., Christoffersen K. S., Forsström L., Laurion I., Mariash H. L., Peura S., Vincent W. F. (2017). Increasing dominance of terrigenous organic matter in circumpolar freshwaters due to permafrost thaw. *Limnology and Oceanography Letters* 3(3): 186-198. Doi: 10.1002/lol2.10063.
- Wesche S., Armitage D.R. (2010). 'As Long as the Sun Shines, the Rivers Flow and Grass Grows': Vulnerability, Adaptation and Environmental Change in Deninu Kue Traditional Territory, Northwest Territories. In: Hovelsrud, G., Smit, B. (eds) *Community Adaptation and Vulnerability in Arctic Regions*. Springer, Dordrecht. Doi: 10.1007/978-90-481-9174-1\_7
- WHO (2017). *Guidelines for drinking-water quality: fourth edition incorporating the first addendum*. Geneva: World Health Organization. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO
- Wickham H. (2009) *Ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. 2nd Edition, Springer, New York. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-98141-3>
- Wiedenmann, A., Braun, M. and Botzenhart, K. (1997). Evaluation of the disinfection potential of low chlorine concentrations in tap water using immobilised *Enterococcus Faecium* in a continuous flow device. *Water Science and Technology*, 35 (11-12): 77-80.

Wilhelm R. C., Niederberger T. D., Greer, C., Whyte L. G. (2011). Microbial diversity of active layer and permafrost in an acidic wetland from the Canadian high arctic. *Canadian Journal of Microbiology* 57 (4): 303-315. Doi: 10.1139/w11-004.

Williamson C. E., Overholt E. P., Pilla R. M., Leach T. H., Brentrup J. A., Knoll L. B., Mette E. M., Moeller R. E. (2015). Ecological consequences of long-term browning in lakes. *Sci Rep* 5: 18666. Doi: 10.1038/srep18666.

Wingender J. and Flemming H.-C. (2011). Biofilms in drinking water and their role as reservoir for pathogens. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* 214(6): 417-23. Doi: 10.1016/j.ijheh.2011.05.009.

Winthrop K. L. et Roy E. (2020). Mycobacteria and immunosuppression. In *Handbook of Systemic Autoimmune Diseases Volume 16, Chapter 5*, Elsevier: 83-107, Doi: 10.1016/B978-0-444-64217-2.00005-1.

Woods G.C., Simpson M.J., Pautler B.G., Lamoureux S.F., Lafrenière M.J., Simpson A.J. (2011). Evidence for the enhanced lability of dissolved organic matter following permafrost slope disturbance in the Canadian High Arctic. *Geochimica et Cosmochimica Acta* 75: 7226-7241. Doi: 10.1016/j.gca.2011.08.013.

Wright C. J., Farahbakhsh K., RICG, Shiwak I., Flowers C., IHACC Research Team et Harper S. (2018). Water quality and health in northern Canada: stored drinking water and acute gastrointestinal illness in Labrador Inuit. *Environmental Science and Pollution Research International* 25(33): 32975-32987. Doi: 10.1007/s11356-017-9695-9.

Wright C. J., Sargeant J. M., Edge V. L., Ford J. D., Farahbakhsh K., Shiwak I. (2018). How are perceptions associated with water consumption in Canadian Inuit? A cross-sectional survey in Rigolet, Labrador. *Science of the Total Environment* 618: 369–378. Doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.10.255

Wu J., Long S. C., Das D., Dorner S. M. (2011). Are microbial indicators and pathogens correlated? A statistical analysis of 40 years of research. *Journal of Water and Health* 9 (2): 265–278. Doi: 10.2166/wh.2011.117.

Xenopoulos M. A., Barnes R. T., Boodoo K. S., Butman D., Catalán N., D’Amario S. C., Wilson, H. F. (2021). How humans alter dissolved organic matter composition in freshwater: Relevance for the Earth’s biogeochemistry. *Biogeochemistry* 154:2, 154(2), 323–348. Doi: 10.1007/S10533-021-00753-3.

Yu C., Sun Y., Zhong X., Yu Z., Li X., Yi P., Jin H. and Luo D. (2019). Arsenic in permafrost-affected rivers and lakes of Tibetan Plateau, China. *Environmental Pollutants and Bioavailability* 31 (1): 226-232. Doi: 10.1080/26395940.2019.1624198.

Zhou L., Zhou Y., Yao X., Cai J., Liu X., Tang X., Zhang Y., Jang K. S., Jeppesen E. (2020). Decreasing diversity of rare bacterial subcommunities relates to dissolved organic matter along permafrost thawing gradients. *Environment International* 134: 105330. Doi: 10.1016/j.envint.2019.105330.

Zilliges Y., Kehr J.-C., Meissner S., Ishida K., Mikkat, S., Hagemann, M., et al. (2011). The cyanobacterial hepatotoxin microcystin binds to proteins and increases the fitness of *Microcystis* under oxidative stress conditions. *PLoS ONE* 6(3): e17615. Doi: 10.1371/journal.pone.0017615.