

O2.5

IDENTIFICATION DES SOURCES DE POLLUTION FÉCALE DANS LES EAUX DE SURFACE PAR DÉTECTION DE L'ADN MITOCHONDRIAL COMME MARQUEUR SPÉCIFIQUE D'ESPÈCE.

¹Marianne Imbeau, ¹Annie Locas, ¹Pierre Payment, ²Nguyet Minh Vuong, ²Luke Masson et ¹Richard Villemur

¹INRS-Institut Armand-Frappier

²Instituts et programmes en biotechnologie du CNRC

La contamination fécale humaine et animale des eaux de surface a des impacts considérables sur l'environnement et la santé publique. En effet, l'utilisation récréative ou domestique de cette eau favorise le contact entre la population et les pathogènes fécaux, allant jusqu'à provoquer l'éclosion de maladies infectieuses. Plusieurs situations peuvent causer ce type de contamination et la situation peut s'avérer très complexe dans un grand bassin versant, surtout lorsque celui-ci est bordé de zones urbaines, agricoles et d'élevage. L'identification des sources réelles de contamination est donc essentielle à l'élaboration d'une stratégie de gestion ou de réhabilitation d'un cours d'eau. Bien que les laboratoires d'analyse sont en mesure de détecter la contamination fécale par le décompte de microorganismes indicateurs comme les coliformes thermotolérants, ils n'ont toutefois pas accès à une méthode fiable leur permettant de déterminer efficacement quelle espèce animale est à l'origine de la contamination. De récentes études ont démontré que la détection d'ADN mitochondrial (mt) dans l'eau est assez spécifique et sensible pour l'utiliser comme indicateur de la source d'une contamination fécale. En effet, le génome mt est propre à chaque espèce et se retrouve en plusieurs copies dans les cellules, notamment celles de la paroi intestinale qui sont excrétées via les fèces. Ce projet propose de développer et d'optimiser une méthode d'amplification par PCR permettant le suivi des marqueurs mitochondriaux pour plusieurs espèces animales et de l'appliquer à l'étude des sources de contamination fécale dans des bassins versants dont la contamination est récurrente. Pour ce faire, des amorces PCR spécifiques aux séquences d'ADNmt des espèces animales ciblées par l'étude ont été conçues et validées pour élaborer une méthode appropriée d'amplification et de détection par PCR. En parallèle, différents échantillons d'eau de surface des bassins versants de la rivière l'Assomption (Québec) et de la rivière South Nation (Ontario) ont été prélevés pour effectuer le décompte des coliformes thermotolérants et l'extraction d'ADN total. Notre méthodologie d'amplification PCR spécifique à l'espèce sera alors utilisée pour identifier la (les) source(s) de contamination fécales.