

Université de Montréal

IMPACT DE L'AGROENVIRONNEMENT SUR LA QUALITÉ
MICROBIOLOGIQUE DES EAUX RÉCRÉATIVES DANS UNE
PERSPECTIVE DE SANTÉ PUBLIQUE

par

PATRICIA TURGEON

Département de pathologie et microbiologie
Faculté de médecine vétérinaire

Thèse présentée à la Faculté de médecine vétérinaire
En vue de l'obtention du grade de
Philosophiae doctor (Ph.D.)
En sciences vétérinaires
Option épidémiologie

Août 2011

©Patricia Turgeon, 2011

Université de Montréal
Faculté de médecine vétérinaire

Cette thèse intitulée

IMPACT DE L'AGROENVIRONNEMENT SUR LA QUALITÉ
MICROBIOLOGIQUE DES EAUX RÉCRÉATIVES DANS UNE
PERSPECTIVE DE SANTÉ PUBLIQUE

présentée par

PATRICIA TURGEON

a été évaluée par un jury composé des personnes suivantes

Dr André Ravel, président-rapporteur

Dr Pascal Michel, directeur de recherche

Dr Patrick Levallois, codirecteur

Dre Julie Paré, membre du jury

Dr Bruno Chomel, examinateur externe

Dre Denise Bélanger, représentante du doyen

Résumé

La pollution microbienne des eaux récréatives peut engendrer un risque pour la santé des populations exposées. La contamination fécale de ces eaux représente une composante importante de ce risque, notamment par la présence possible d'agents pathogènes et par l'exposition à des micro-organismes résistants aux antimicrobiens. Les sources de pollution fécale sont multiples et incluent entre autres les activités agricoles et les productions animales. Ce projet visait donc à mieux comprendre les facteurs influençant la qualité microbiologique des eaux récréatives du Québec méridional, en ciblant le rôle possible des activités agricoles, ainsi qu'à proposer et évaluer de nouvelles sources de données pouvant contribuer à l'identification de ces facteurs.

Dans un premier temps, une évaluation de la présence d'*Escherichia coli* résistants aux antimicrobiens dans les eaux récréatives à l'étude a été effectuée. À la lumière des résultats de cette première étude, ces eaux représenteraient une source de micro-organismes résistants aux antimicrobiens pour les personnes pratiquant des activités aquatiques, mais l'impact en santé publique d'une telle exposition demeure à déterminer.

Les déterminants agroenvironnementaux associés à la présence de micro-organismes résistants aux antimicrobiens ont par la suite été explorés. Les résultats de ce chapitre suggèrent que les activités agricoles, et plus spécifiquement l'épandage de fumier liquide, seraient reliées à la contamination des eaux récréatives par des bactéries résistantes aux antimicrobiens.

Le chapitre suivant visait à identifier des déterminants agroenvironnementaux temps-indépendants d'importance associés à la contamination fécale des eaux à l'étude. Différentes variables, regroupées en trois classes (activités agricoles, humaines et caractéristiques géohydrologiques), ont été explorées à travers un

modèle de régression logistique multivarié. Il en est ressorti que les eaux récréatives ayant des sites de productions de ruminants à proximité, et en particulier à l'intérieur d'un rayon de 2 km, possédaient un risque plus élevé de contamination fécale. Une association positive a également été notée entre le niveau de contamination fécale et le fait que les plages soient situées à l'intérieur d'une zone urbaine. Cette composante nous permet donc de conclure qu'en regard à la santé publique, les eaux récréatives pourraient être contaminées par des sources de pollution fécale tant animales qu'humaines, et que celles-ci pourraient représenter un risque pour la santé des utilisateurs.

Pour terminer, un modèle de régression logistique construit à l'aide de données issues de la télédétection et mettant en association un groupe de déterminants agroenvironnementaux et la contamination fécale des eaux récréatives a été mis au point. Ce chapitre visait à évaluer l'utilité de telles données dans l'identification de ces déterminants, de même qu'à discuter des avantages et contraintes associées à leur emploi dans le contexte de la surveillance de la qualité microbiologique des eaux récréatives. À travers cette étude, des associations positives ont été mises en évidence entre le niveau de contamination fécale des eaux et la superficie des terres agricoles adjacentes, de même qu'avec la présence de surfaces imperméables. Les données issues des images d'observation de la Terre pourraient donc constituer une valeur ajoutée pour les programmes de suivi de la qualité microbiologique de ces eaux en permettant une surveillance des déterminants y étant associés.

Mots-clés : Eaux récréatives, agroenvironnement, santé publique, contamination fécale, résistance antimicrobienne, télédétection.

Summary

Microbial pollution of recreational waters may constitute a health risk for exposed populations. Fecal contamination of these waters represents an important component of this risk, especially due to the possible presence of pathogens and exposure to antimicrobial resistant microorganisms. Sources of fecal pollution are many and include agricultural activities and animal production. This project aims to better understand agroenvironmental factors influencing the microbiological quality of recreational waters of Southern Quebec and also suggests and assesses new sources of data which may contribute to the identification of these factors.

An evaluation of the presence of antimicrobial resistant *Escherichia coli* in the recreational waters studied was first performed. Given the positive results found, certain bodies of waters may represent a source of antimicrobial resistant microorganisms for people engaged in water activities. However the public health impact of such exposure is still unknown.

Agroenvironmental determinants associated with the presence of antimicrobial resistant microorganisms were investigated. Results of this chapter suggest that agricultural activities, especially liquid manure spreading, may be associated with the contamination of recreational waters with antimicrobial resistant microorganisms.

The next chapter assesses key time-independent agroenvironmental determinants associated with the fecal contamination of studied recreational waters. Various variables – classified as either agricultural activities, human activities or geo-hydrological characteristics – are explored through a multivariate logistic regression model. It appears that recreational waters with ruminant productions in their proximal environment, especially when they are within a radius of 2 km, may present a higher risk of fecal contamination. A positive association was also noticed between

the level of fecal contamination of a beach and its presence in an urban area. From a public health perspective, recreational waters may be contaminated by animal and human sources and these sources may represent a risk for bathers' health.

Finally, association between fecal contamination of recreational waters and agroenvironment determinants was studied through a logistic regression model built from remote sensing data. This chapter assesses the utility of such data in the identification of these determinants and discusses the strengths and the limitations of their use in the context of the monitoring of the microbiological quality of recreational waters. In this study, positive associations were found between the level of fecal contamination and both the proximity of agricultural lands and the presence of impervious surfaces. Earth observation data may constitute an added value for the water quality monitoring program in allowing the surveillance of the determinants associated with this quality.

Keywords: Recreational waters, agroenvironment, public health, fecal contamination, antimicrobial resistance, remote sensing.

Table des matières

RÉSUMÉ.....	III
SUMMARY	V
TABLE DES MATIÈRES.....	VII
LISTE DES TABLEAUX.....	XII
LISTE DES FIGURES	XIV
LISTE DES SIGLES ET ABRÉVIATIONS	XV
REMERCIEMENTS	XVIII
INTRODUCTION.....	1
OBJECTIFS	3
RECENSION DES ÉCRITS	4
Contamination fécale des eaux récréatives	4
Présence de micro-organismes résistants aux antimicrobiens dans les eaux récréatives	5
Vue globale.....	5
Résistance antimicrobienne et eau	7
Rôles de l'agriculture et des productions animales.....	8
Données de prévalence.....	10
Voies de transmission	11
Impact en santé publique	15
Micro-organismes pathogènes	15
Micro-organismes non pathogènes	18
Présence de micro-organismes pathogènes dans les eaux récréatives.....	20
Rôle de l'agriculture et des productions animales.....	20
Principaux agents zoonotiques transmissibles par voie hydrique.....	21
Voies de transmission	24
Autres facteurs influençant la contamination fécale des eaux récréatives.....	30

Activités humaines.....	30
Faune	33
Conditions météorologiques	34
Végétation.....	35
Impact en santé publique	36
Surveillance des eaux récréatives.....	41
Surveillance de la qualité de l'eau.....	41
Surveillance des déterminants	46
Recommandations existantes	47
Programme Environnement-Plage.....	47
Recommandations canadiennes	48
Recommandations de l'Organisation mondiale de la santé.....	49
Téledétection, télé-épidémiologie et eaux récréatives	50
Notions de téledétection.....	50
Processus de la téledétection	51
Satellites d'observation de la Terre et système Landsat.....	52
Téledétection et santé publique	53
Téledétection et eaux récréatives	56
EXPOSE ET ANALYSE DES RESULTATS	58
<i>Antimicrobial resistant Escherichia coli in public beach waters in Quebec</i>	59
Abstract	60
Introduction.....	61
Methods.....	62
Sampling	62
Microbial analysis	63
Statistical analysis.....	65
Results	65
Discussion.....	68
Acknowledgments	71
References.....	71

Figures	74
Tables.....	76
<i>Agroenvironmental Determinants Associated with the Presence of Antimicrobial-resistant</i>	
<i>Escherichia coli in Beach waters in Quebec, Canada</i>	79
Summary	79
Impacts.....	80
Introduction.....	81
Material and methods.....	82
Study design and data source.....	82
Laboratory testing.....	83
Agroenvironmental determinants	84
Statistical analysis.....	84
Results	85
Discussion.....	87
Acknowledgments	91
References.....	91
Figure.....	96
<i>Fecal Contamination of Recreational Freshwaters: the Effect of Time-independent</i>	
<i>Agroenvironmental Factors</i>	99
Abstract	99
Introduction.....	100
Methods.....	102
Study Area	102
Measure of the fecal contamination	103
Area of influence	103
Time-independent determinants	104
Statistical Analysis.....	106
Results	107
Discussion.....	109
Acknowledgment.....	114

References	114
Figure	122
Tables	122
<i>Monitoring Agroenvironmental Determinants of Recreational Freshwater Quality using Remote Sensing</i>	125
Abstract	125
Introduction	126
Materials and methods	128
Study area	128
Measure of fecal contamination	128
Agroenvironmental determinants	129
Statistical Analysis	131
Results	131
Discussion and conclusion	132
Acknowledgment	137
References	137
Figures	143
Tables	144
DISCUSSION GÉNÉRALE	146
Limites de l'étude	155
Directions futures et recommandations	158
CONCLUSION	163
SOURCES DOCUMENTAIRES	165
APPENDICES	XVI
Annexe 1. Section 3 et 4 extraites du Guide d'application du programme Environnement-Plage 2006.	xvi
Annexe 2. Tableaux descriptifs des données des eaux récréatives du Québec méridional ayant participé au programme Environnement-Plage pour la période d'étude (2004 à 2010).....	xxxix

Annexe 3. Comparaison entre deux modèles de régression construits à l'aide de variables issues de différentes sources de données	xxxv
---	------

Liste des tableaux

Tableau I. Classification bactériologique des eaux récréatives selon le programme Environnement-Plage (eaux douces)	47
Table II. Pilot study assessing relatedness of <i>E. coli</i> isolates in water samples isolated from different antimicrobial screen plates.	76
Table III. Antimicrobial resistance distribution by antimicrobial and beach sanitary group for 2004 (N= 201 beaches) and 2005 (N= 177 beaches).....	77
Table IV. Distribution of the general resistance among each beach group.	78
Table V. Summary of potential risk factors used in statistical analysis	97
Table VI. Risk factors associated with the presence of <i>E. coli</i> resistant to antimicrobials in beach waters from a multivariable generalized linear model (logistic regression)	98
Table VII. Summary of time-independent determinants included in the logistic regression model.....	122
Table VIII. Distribution of determinants included in the logistic regression model	123
Table IX. Number of harvesting and beaches sampled for each years of the study	123
Table X. Random variance components from the multilevel analysis.....	124
Table XI. Time-independent determinants included in the final logistic regression model.....	124
Table XII. Characteristics of the three watersheds included in the study.....	144
Table XIII. Summary of determinants included in the logistic regression model ..	144
Table XIV. Determinants included in the final logistic regression model	145
Tableau XV. Tableau récapitulatif des eaux récréatives ayant participé au programme Environnement-Plage pour la période d'étude	xxxii
Tableau XVI. Données descriptives des eaux récréatives incluses dans le troisième article	xxxiii

Tableau XVII. Données descriptives des eaux récréatives incluses dans le quatrième article	xxxiv
Tableau XVIII. Résumé des déterminants agroenvironnementaux inclus dans les analyses univariées préalables au modèle final 1	xxxvi
Tableau XIX. Résumé des déterminants agroenvironnementaux inclus dans les analyses univariées préalables au modèle final 2	xxxvii
Tableau XX. Déterminants inclus dans le modèle 1 de régression logistique multivarié	xxxviii
Tableau XXI. Déterminants inclus dans le modèle 2 de régression logistique multivarié	xxxviii
Tableau XXII. Table de contingence des variables agricoles des deux modèles.....	xl
Tableau XXIII. Table de contingence des variables urbaines des deux modèles.....	xl
Tableau XXIV. Coefficients de corrélation de Spearman entre les données continues relatives aux variables des deux modèles.....	xl

Liste des figures

Figure 1. Schéma des composantes de la pollution fécale des eaux récréatives	4
Figure 2. Sources et voies de transmission de micro-organismes RA provenant de la flore intestinale des animaux et des humains.....	12
Figure 3. Étapes relatives au procédé de télédétection.....	51
Figure 4. Public beaches located in the southern Quebec and included in the study (N= 237).	74
Figure 5. Antimicrobial resistance distribution for the 16 antimicrobials tested for all the resistant samples from summers 2004 (N= 89) and 2005 (N= 101).	75
Figure 6. Antimicrobial resistance distribution for all the samples of the 17 positive beaches. 16 antimicrobials tested, N=37 water samples for each summer.....	96
Figure 7. Scheme representing the proximal and distal areas of influence of a beach	122
Figure 8. Beaches and watersheds included in the study	143
Figure 9. ROC curve from the logistic regression model.....	143
Figure 10. Courbes ROC des deux modèles et les ASC (régions) associées	xxxix

Liste des sigles et abréviations

AI : Area of influence

AMR : Antimicrobial resistant

°C : degré Celsius

C. parvum : *Cryptosporidium parvum*

C. perfringens : *Clostridium perfringens*

CCS : Census consolidated subdivision

CFU, cfu : Colony forming unit

CI : Confidence interval

CLSI : Clinical and Laboratory Standards Institute

CMI : Concentration minimale inhibitrice

E. coli : *Escherichia coli*

G. lamblia : *Giardia lamblia*

GIS : Geographic information system

IC : Intervalle de confiance

ICC : Intra-class correlation coefficient

IRFA : Infection respiratoire fébrile aiguë

km : Kilomètre, kilometer

m : Mètres

MAPAQ : Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec

MIC : Minimal inhibitory concentration

ml : Millilitre

NASA : National Aeronautics and Space Administration

NHN : National Hydro Network

OMS : Organisation mondiale de la santé

OR : Odds ratio

PHZ : Plant hardiness zone

PICRA : Programme canadien intégré de surveillance de la résistance aux antimicrobiens

Qc : Québec

QPCR : Quantitative polymerase chain reaction

RA : Résistant aux antimicrobiens

ROC : Receiver operating characteristic

RS : Remote sensing

TI : Topographic Index

TSB : Tryptic soy base

S. enterica : *Salmonella enterica*

S. Enteritidis : *Salmonella* Enteritidis

ufc : Unité formant une colonie

UV : Ultra-violets

Y. enterocolitica : *Yersinia enterocolitica*

ZI : Zone d'influence

À tous ceux qui ont cru en ce projet

*“Between the fear of diving into the unknown and the pain of regretting not to,
I chose to be afraid...”*

Barbara Bonfiglio

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier mon directeur de recherche, le Dr Pascal Michel, pour avoir su déceler en moi les habiletés nécessaires à la poursuite d'études doctorales et m'avoir encouragée dans cette voie. Merci pour ton positivisme à toute épreuve, ton esprit critique et ta rigueur scientifique qui me suivront encore pour plusieurs années. Un merci spécial aussi pour avoir respecté mes choix familiaux.

Merci à mon codirecteur, le Dr Patrick Levallois, pour son appui et sa disponibilité dès le début de ce projet. Ta riche expérience en pratique de la santé publique m'a permis de voir celle-ci sous un autre œil, contribuant ainsi à une meilleure compréhension des enjeux.

Merci au Dr André Ravel, pour ses commentaires réfléchis et constructifs tout au long du projet, de l'élaboration du protocole à l'analyse des résultats.

Merci à la Dre Marie Archambault, pour ses commentaires toujours pertinents et son dynamisme contagieux.

Merci à tous les membres du GREZOSP qui, de près ou de loin, ont contribué à ce travail doctoral.

Mille mercis à Julie. Merci à la collègue, pour tes précieux conseils ainsi que pour nos discussions enrichissantes et parfois animées ;-)
Merci à l'amie, pour ta générosité et tes encouragements, qui ont grandement contribué à me garder la tête hors de l'eau durant les périodes plus difficiles.

Thank you Kaarla. You were there anytime, anywhere.

Un merci tout spécial à ma famille et mes amis. Votre présence à mes côtés m'est très précieuse et votre appui constant, peu importe mes choix, est pour moi un privilège.

Un merci affectueux aux deux hommes de ma vie. Merci à Jean-François, pour son appui inconditionnel et son immense compréhension. Merci à mon petit Rémi, pour sa présence et son sourire, tout simplement.

Pour terminer, je ne pourrais passer sous silence le soutien financier exceptionnel des Instituts de recherche en santé du Canada, de l'Agence de la santé publique du Canada et de l'Agence spatiale canadienne, de même que la contribution financière de l'Université de Montréal.

Introduction

Les enjeux liés à la qualité de l'eau, ressource essentielle à la vie, ont toujours représenté un défi pour les populations humaines. De l'épidémie londonienne de choléra de 1854, jusqu'à l'épidémie de gastro-entérite d'origine hydrique de Walkerton en 2000, en passant par l'épidémie de cryptosporidiose qui frappa Milwaukee en 1993, les événements malheureux mettant en jeux les contaminations de l'eau se comptent par centaines. La voie hydrique est par conséquent de plus en plus reconnue comme une voie de transmission de plusieurs micro-organismes pathogènes, dont un bon nombre sont transmissibles entre les populations animales et humaines.

Les populations humaines peuvent être exposées à la pollution microbienne des plans d'eau via l'eau de consommation, mais aussi via les activités récréatives aquatiques. Plusieurs études démontrent que la baignade en eau récréative est un facteur favorisant un risque plus élevé de gastro-entérite, ainsi que d'infections respiratoires, auriculaires et cutanées (Pruss 1998; Wiedenmann et al. 2006; Fleisher et al. 2010). L'ingestion d'eau lors de ces activités serait d'ailleurs associée à une proportion non négligeable des éclosions de maladies d'origine hydrique étant survenues au cours de la dernière décennie dans les pays industrialisés (Smith et al. 2006; Yoder et al. 2008; Schets et al. 2011a). De surcroît, il est prévu que les changements climatiques, des dernières décennies et auxquels nous aurons à faire face dans les prochaines années, favoriseront l'émergence des maladies transmises par l'eau (Rose et al. 2000).

La gestion des activités agricoles constitue un grand défi, tant au niveau des maladies zoonotiques qu'au niveau de leur impact sur la qualité de l'eau. Bien que plusieurs travaux de recherche aient étudié la contribution de ces activités en regard de la pollution chimique des cours d'eau, la problématique des polluants microbiologiques

demeure complexe et remplie d'incertitudes, particulièrement concernant la sévérité, et l'étendue des zones affectées. Les milieux agricoles peuvent être la source de polluants microbiologiques et hydriques, incluant des agents zoonotiques ainsi que des agents résistants aux antimicrobiens, mais leur contribution relative à cette contamination des cours d'eau et leur impact sur la santé publique demeurent mal compris.

La santé publique vétérinaire peut se définir comme la somme de toutes les contributions au bien-être physique, mental et social des populations humaines, à travers la compréhension et l'application des sciences vétérinaires (WHO 2002). Cette dernière fait partie intégrante de la santé publique au sens large et elle requiert de plus une approche transdisciplinaire et une vision élargie des interactions animal-homme-environnement. Les aspects sanitaires des interactions animal-homme-environnement constituent un cadre disciplinaire important de ce travail et c'est donc dans ce contexte, et en regard des problématiques et enjeux décrits ci-haut, que ce projet vise à mieux comprendre l'influence du milieu agricole sur la qualité microbiologique des eaux récréatives et par le fait même sur la santé des populations qui y sont exposées.

Objectifs

Ce projet vise à mieux comprendre les facteurs influençant la qualité microbiologique des eaux récréatives du Québec méridional¹, en ciblant le rôle possible des activités agricoles, ainsi qu'à proposer et évaluer de nouvelles sources de données pouvant contribuer à l'identification de ces facteurs. Plus spécifiquement, ce projet a comme objectifs :

1. Évaluer la présence de micro-organismes résistants aux antimicrobiens dans les eaux récréatives du Québec méridional.
2. Identifier des déterminants agroenvironnementaux d'importance associés à la présence de micro-organismes résistants aux antimicrobiens dans ces eaux.
3. Identifier des déterminants agroenvironnementaux d'importance associés à la contamination fécale de ces eaux.
4. Évaluer l'utilité des données issues de la télédétection dans l'identification de ces déterminants, de même que discuter des avantages et des contraintes associés à l'utilisation de telles sources de données dans le contexte de la surveillance de la qualité des eaux récréatives.

¹ Dans le cadre de cette thèse, les eaux récréatives du Québec méridional incluent les plans d'eau douce non traités servant à la baignade et étant situés dans le Québec méridional (moitié sud du Québec).

Recension des écrits

Cette revue de la littérature comporte trois volets. L'objectif du premier est d'expliquer la problématique de la contamination fécale des eaux récréatives en lien avec l'agroenvironnement et la santé publique. Ce volet sera divisé selon deux composantes, soient la présence de bactéries résistantes aux antimicrobiens (RA) et la présence de micro-organismes pathogènes. Le second volet présentera quant à lui des éléments relatifs à la surveillance des eaux récréatives, incluant les méthodes actuelles et les recommandations existantes. Pour terminer, le dernier volet visera à situer les notions de télédétection et les applications y étant reliées dans le contexte des deux volets précédents.

Contamination fécale des eaux récréatives

La pollution fécale des eaux récréatives peut amener une grande variété de micro-organismes, incluant des bactéries, des virus et des parasites. Les sources de cette pollution sont multiples et incluent les populations humaines, les animaux de rentes, les animaux domestiques et la faune. Deux sous-groupes de cette contamination pouvant représenter un risque pour la santé des utilisateurs de ces eaux seront explorés ici, soient les bactéries RA et les micro-organismes pathogènes (Figure 1).

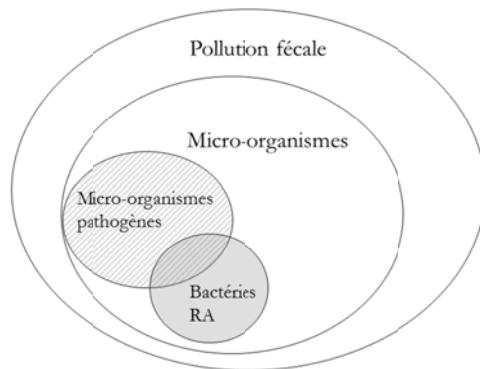


Figure 1. Schéma des composantes de la pollution fécale des eaux récréatives

Présence de micro-organismes résistants aux antimicrobiens dans les eaux récréatives

Vue globale

Au cours des cinquante années qui ont suivi l'arrivée des antimicrobiens, de nombreuses espèces de bactéries ont développé des mécanismes qui leur permettent de résister aux effets nocifs de ces médicaments. La capacité avec laquelle cette résistance s'est développée et la vitesse à laquelle cela s'est fait a été une surprise pour plusieurs (Santé Canada 2002). Ces médicaments sont utilisés en médecine humaine et vétérinaire pour traiter et prévenir les maladies, mais aussi pour d'autres usages, incluant la promotion de la croissance chez les animaux destinés à la consommation. De nombreux antimicrobiens peuvent sélectionner spontanément des mutants et des bactéries ayant acquis une résistance par transfert à partir d'autres bactéries. Ces organismes résistants deviennent alors dominants et peuvent se disperser dans les populations bactériennes de l'hôte. L'intensité de l'usage d'un antimicrobien constitue donc un des facteurs favorisant le développement d'organismes résistants affectant à la fois les bactéries pathogènes et commensales d'un grand nombre d'animaux à travers la population exposée (Phillips et al. 2004).

L'objectif principal de l'utilisation de ces drogues pour le traitement d'une infection est l'éradication de l'agent pathogène le plus rapidement possible avec le moins d'effets secondaires possible (Nightingale et al. 2001). Pour accomplir cet objectif, trois conditions doivent être respectées. Premièrement, l'antimicrobien doit pouvoir se fixer à un site cible sur le micro-organisme. Deuxièmement, il est nécessaire que la concentration de ce dernier soit assez élevée pour occuper un nombre suffisant de sites cibles. Finalement, il est important que le médicament occupe ces sites pour une durée adéquate. La concentration d'antimicrobien nécessaire pour avoir une activité antibactérienne adéquate est définie comme la concentration minimale inhibitrice (CMI). La détermination de cette concentration peut ensuite être utilisée

pour identifier la susceptibilité et la résistance d'une bactérie par rapport à un antimicrobien spécifique.

Les bactéries peuvent être résistantes à une classe ou plus d'antimicrobiens de façon intrinsèque ou elles peuvent acquérir cette résistance par de nouvelles mutations ou encore par l'acquisition de gènes de résistance provenant d'autres bactéries (Normark and Normark 2002; Boerlin and Reid-Smith 2008). L'acquisition de résistance par mutation peut rendre la bactérie capable de produire des enzymes pouvant détruire le médicament, de produire des systèmes d'expulsion afin d'empêcher la drogue d'atteindre sa cible à l'intérieur de la cellule, de modifier le site cible, ou encore de modifier son métabolisme pour court-circuiter l'action de l'antimicrobien (Glenn Songer and Post 2005). Dans tous ces cas, les souches de bactéries transportant des mutations sont ensuite sélectionnées par l'usage d'antimicrobiens, qui tuent les souches susceptibles, mais permettent la survie et la multiplication des souches résistantes. Cette forme de résistance acquise est appelée l'évolution verticale (Tenover 2006). L'acquisition de nouveaux gènes de résistance par d'autres bactéries peut se faire via quatre mécanismes principaux : la transformation, la transduction, la conjugaison et la transposition (Glenn Songer and Post 2005). Les deux derniers mécanismes sont les plus importants et ils peuvent transférer plusieurs marqueurs de résistance à la fois et contre plusieurs antimicrobiens différents (multirésistance) (Bennett 2008). Ce processus peut s'effectuer entre deux organismes de la même espèce ou encore entre deux espèces différentes et est appelé évolution horizontale (Boerlin and Reid-Smith 2008). Il est estimé que les éléments génétiques mobiles incluant les plasmides, les transposons et les bactériophages sont responsables de plus de 95 % de la résistance antimicrobienne (Nwosu 2001).

Peu d'études ont démontré quelle niche était favorable au développement de résistance. Dans une population bactérienne unique, la résistance est sélectionnée à partir de mutation de gènes déjà existants dans les bactéries. Lorsque la niche est

composée de plusieurs populations différentes de bactéries (susceptibles et résistantes), la résistance peut être due à la fois à la mutation et au transfert de gènes de résistance. La niche d'émergence de résistance la plus étudiée est le système digestif des humains et des animaux (Acar and Rostel 2001). Le grand nombre de bactéries, d'espèces différentes et la présence de nombreux antimicrobiens (administration orale et excrétion biliaire) peuvent expliquer l'importance de cette niche dans le phénomène d'émergence de la résistance antimicrobienne. Pour sensiblement les mêmes raisons, les sites reliés à l'environnement (eau, sol, litière d'animaux, eaux d'égout) occupent aussi une grande importance pour l'émergence de résistance (Silbergeld et al. 2008).

Résistance antimicrobienne et eau

Les micro-organismes RA présents dans l'environnement peuvent avoir différentes origines, incluant les eaux usées non traitées, les eaux usées domestiques, industrielles, des hôpitaux et agricoles, ainsi que les déchets organiques provenant des activités de production animales (Esiobu et al. 2002). Les productions animales et les activités agricoles seront discutées en détail dans la prochaine section. Les micro-organismes RA provenant des populations humaines sont introduits dans l'environnement principalement par les eaux usées provenant des différents secteurs d'activités (Baquero et al. 2008; Kemper 2008). Les effluents d'usines de traitement des eaux usées peuvent contenir un grand nombre de bactéries arborant des gènes de résistance et ainsi contaminer les eaux de surface (Schwartz et al. 2003; Tennstedt et al. 2003; Auerbach et al. 2007; Caplin et al. 2008). Une étude effectuée dans la région des Grands Lacs a révélé que le site d'échantillonnage le plus susceptible d'être influencé par des rejets d'eaux usées présentait le plus haut pourcentage de bactéries arborant des gènes de résistance antimicrobienne (Hamelin et al. 2007). De plus, selon une étude américaine, la proportion de bactéries résistantes à au moins un des antimicrobiens testés dans des milieux urbains, soient un lac situé en bordure d'un hôpital et un canal à l'intérieur d'un parc récréatif, étaient respectivement de 75 et 54 % (Esiobu et al. 2002).

Aussi bien en Europe qu'en Amérique du Nord, plusieurs études ont démontré la présence de bactéries RA, ou arborant du matériel génétique codant pour de la résistance, dans différents environnements aquatiques (Chee-Sanford et al. 2001; Volkmann et al. 2004; Sayah et al. 2005; Antunes et al. 2006; Messi et al. 2006; Hamelin et al. 2007). En ce qui concerne les eaux récréatives, peu d'études ont été publiées jusqu'à maintenant (Edge and Hill 2005; Hamelin et al. 2006; Mataseje et al. 2009; Soge et al. 2009). Deux études canadiennes ont été effectuées dans la région d'Hamilton, aux abords du Lac Ontario, un environnement reconnu pour ses activités récréatives aquatiques (Edge and Hill 2005; Hamelin et al. 2006). Ces études ont permis de mettre en évidence dans les eaux des plages à l'étude la présence d'*Escherichia coli* (*E. coli*) résistants à de nombreux antimicrobiens, ainsi que la présence d'*E. coli* possédant des gènes codant pour de la résistance antimicrobienne. Dans les deux cas, les pourcentages d'isolats RA ou possédant des gènes de résistance étaient variables, dépendamment de l'antimicrobien, allant de 0 % pour la gentamicine et le ciprofloxacine à 5 % pour la tétracycline. L'étude de Edge et Hill (2005) a pour sa part obtenu des pourcentages très élevés d'isolats résistants au sulfaméthoxazole pour les trois plages échantillonnées (90 à 100 %).

Rôles de l'agriculture et des productions animales

Il demeure très difficile de quantifier le rôle relatif de l'utilisation d'antimicrobiens dans les productions animales sur la résistance microbienne en général. Chaque année, beaucoup d'antimicrobiens sont utilisés en agriculture et dans le cadre des productions animales (McEwen and Hasselback 2002; Carson et al. 2008b). Les principaux objectifs de ces pratiques sont la thérapie, le contrôle et la prévention des infections, ainsi que la promotion de la croissance. En ce qui concerne ce dernier objectif, il peut se définir comme l'administration d'un agent antimicrobien aux animaux en croissance, habituellement comme supplément alimentaire, pendant une certaine période de temps et ayant comme résultat une performance physiologique augmentée (Phillips et al. 2004). Bien qu'utilisés en faible

dose, les promoteurs de croissance antimicrobiens sont efficaces pour neutraliser certaines bactéries et combattre certaines infections (Anonyme 1999). Les mécanismes par lesquels ces médicaments augmentent la performance physiologique demeurent cependant mal compris.

L'utilisation d'antimicrobiens comme promoteurs de croissance a été bannie en Europe par l'Union Européenne en 2006, mais elle existe toujours en Amérique du Nord (Union Européenne 2003; Hughes and Heritage 2004). Cette utilisation est souvent pointée du doigt comme facteur important pour le développement de résistance microbienne et deux raisons sont principalement invoquées. Tout d'abord, les promoteurs de croissance antimicrobiens sont principalement utilisés dans les grandes productions comme celles de la volaille et des porcs, et leur usage implique de grandes quantités de médicaments (McEwen and Fedorka-Cray 2002; Hughes and Heritage 2004). Un critère important pour le développement de résistance n'est pas la concentration élevée d'antimicrobien chez un individu ou un animal en particulier, mais l'étendue de la distribution de ce médicament dans l'écosystème (O'Brien 2002). Plus leur distribution est grande, plus élevées sont les chances qu'un grand nombre de bactéries soient en contact avec une concentration d'antimicrobien adéquate pour le développement de résistance. De plus, ces antimicrobiens sont la plupart du temps administrés à des doses sous thérapeutiques et en absence de maladie clinique, ce qui tend à favoriser la sélection d'organismes résistants (Angulo et al. 2004b).

Tous les usages d'antimicrobiens, qu'ils soient thérapeutiques ou préventifs, peuvent mener, à plus ou moins long terme, au développement de résistance à ces médicaments (O'Brien 2002). Le phénomène inverse peut également être observé. Ainsi, lorsque l'emploi d'un antimicrobien cesse ou même diminue, la prévalence de la résistance à ce dernier semble décroître également. Cet effet a d'ailleurs pu être observé au Danemark, où une diminution de la prévalence de la résistance bactérienne chez les populations animales concernées a été notée suite au

bannissement de l'utilisation d'antimicrobiens comme promoteurs de croissance (Aarestrup et al. 2001).

Données de prévalence

En plus des études de prévalence, les données issues de programmes de surveillance de la résistance aux antimicrobiens nous permettent aussi de suivre l'évolution de la situation dans les différentes filières animales. Pour ce qui est du secteur avicole, les données du Programme québécois de surveillance de la résistance aux agents antimicrobiens des bactéries d'origine animale du Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec (MAPAQ) pour l'année 2010 permettent de constater des pourcentages élevés de résistance chez les isolats de *E. coli* et de *Salmonella* spp généralement prélevés chez des animaux malades (McKenzie and Nadeau 2011). L'antimicrobien présentant le plus haut niveau de résistance était la tétracycline pour ces deux espèces de bactéries avec 58 et 40 % des isolats résistants respectivement. L'ampicilline venait en second lieu avec 55 % des isolats d'*E. coli* résistants et 29 % pour les *Salmonella* spp. Les résultats préliminaires du Programme intégré canadien de surveillance de la résistance aux antimicrobiens (PICRA) pour l'année 2009 présentent aussi des niveaux élevés de résistance pour ces deux antimicrobiens chez des isolats d'*E. coli* et *Salmonella* provenant d'échantillons de poulets prélevés en abattoir (Gouvernement du Canada 2010). De plus, une étude effectuée sur des échantillons de dindes vendues au détail révélait des taux de résistance à au moins un antimicrobien de l'ordre de 50 % chez les isolats de *Salmonella* et 71 % pour les *E. coli* (Cook et al. 2009).

En ce qui concerne les productions porcines, plusieurs études ont été publiées sur la prévalence de micro-organismes RA, révélant pour la plupart des niveaux élevés (Boerlin et al. 2005; Perron et al. 2007; Rosengren et al. 2008; Varga et al. 2008) (Gebreyes et al. 2004). Les données de l'année 2010 du Programme québécois de surveillance de la résistance aux agents antimicrobiens des bactéries d'origine animale du MAPAQ indiquent que 95 % des isolats d'*E. coli* et 85 % des isolats de

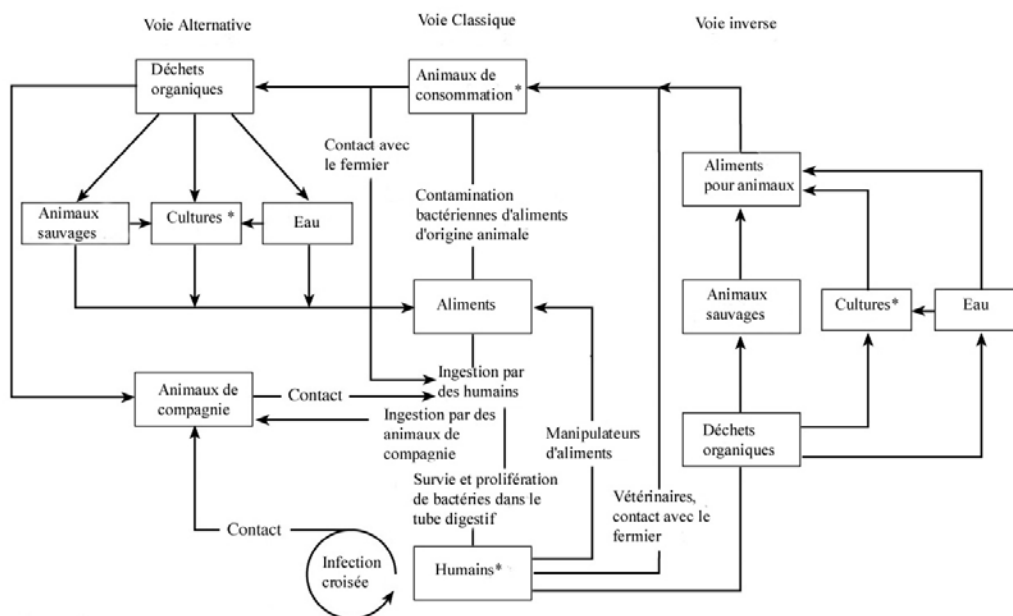
Salmonella spp étaient résistants à la tétracycline et que 59 % des isolats d'*E. coli* et de *Salmonella* l'étaient à l'ampicilline (McKenzie and Nadeau 2011).

Bien que les études effectuées concernant les élevages bovins révèlent des niveaux de résistance en général moins élevés que ceux se rapportant aux productions porcines, la problématique de souches bactériennes RA est quand même bien présente dans ces élevages (Galland et al. 2001; Carson et al. 2008a; Gow et al. 2008; Lundin et al. 2008). Les données de l'année 2010 du Programme québécois de surveillance de la résistance aux agents antimicrobiens des bactéries d'origine animale du MAPAQ et celles du PICRA indiquent des niveaux de résistance de plus de 50 % chez les isolats de *Salmonella* provenant d'animaux malades pour la tétracycline et l'ampicilline (Gouvernement du Canada 2010; McKenzie and Nadeau 2011).

Voies de transmission

Il existe plusieurs voies de transmission par lesquelles les humains peuvent être confrontés aux bactéries résistantes provenant de l'agriculture (**Error! Reference source not found.**). Le contact direct avec des animaux porteurs représente une voie assez bien documentée. Une étude effectuée sur des cas de salmonellose sporadiques a démontré que les personnes ayant été infectées par des souches résistantes avaient une probabilité plus grande d'avoir visité ou demeuré sur une ferme avant l'épisode de salmonellose que celles infectées par une souche sensible (Gupta et al. 2003). Une étude menée par Levy et ses collaborateurs a, quant à elle, démontré que plus les poulets de l'étude étaient nourris avec une nourriture contenant des tétracyclines, plus la proportion de coliformes intestinaux résistants aux tétracyclines augmentait chez les membres de la famille immédiate de la ferme. Cette proportion demeurait également plus haute chez ces familles comparativement aux familles contrôles du voisinage (Levy et al. 1976). En outre, les résultats d'une étude sur des travailleurs en abattoir de poulets tendent à démontrer que les

travailleurs en contact avec de la volaille ayant été exposée à des promoteurs de croissance antimicrobiens présentent des niveaux plus élevés de résistance antimicrobienne que ceux d'un groupe contrôle (Oguttu et al. 2008).



* Utilisation d'antimicrobiens, sélection de bactéries résistantes

Figure 2. Sources et voies de transmission de micro-organismes RA provenant de la flore intestinale des animaux et des humains.

(Traduit de Phillips et al., 2004 , avec permission de l'auteur)

De plus, des bactéries résistantes, comme *E. coli*, présents dans les intestins des animaux de consommation, peuvent se retrouver sur les carcasses durant le processus d'abattage et ainsi contaminer des produits de viande destinés à la consommation. Suite à l'ingestion de nourriture contaminée, une colonisation temporaire des intestins des humains exposés par ces bactéries RA ainsi qu'une transmission horizontale de leurs facteurs de résistance aux bactéries commensales

de l'hôte peuvent survenir (Aarestrup and Wegener 1999; Sørensen et al. 2001). Une fois présents chez les micro-organismes de la flore intestinale de l'hôte, ces facteurs de résistance peuvent par la suite être transférés à des bactéries pathogènes. Cependant, rappelons que la destruction par une cuisson adéquate des bactéries contenues dans la nourriture est un fait bien établi. En outre, aucune information n'indique que les bactéries RA seraient plus résistantes à la destruction par la cuisson que celles sensibles (Phillips et al. 2004).

Mis à part le contact direct et la consommation de viande contaminée, la transmission des bactéries RA provenant des productions animales pourrait s'effectuer par une transmission environnementale, incluant la voie hydrique. Les micro-organismes contenus dans les matières fécales des animaux d'élevage peuvent être introduits dans les cours d'eau par ruissellement suite à l'épandage de fumier sur les terres, au dépôt direct de fèces par les animaux au pâturage ou encore suite à des fuites provenant des fosses à purin ou des amas de fumier. Ainsi, lorsque les matières fécales sont dispersées sur les terres, des micro-organismes RA ou des gènes de résistance aux antimicrobiens peuvent être transférés à l'environnement, ce qui crée la possibilité d'un transfert de résistance aux bactéries indigènes du sol et de l'eau, menant par le fait même à un réservoir de résistance. De surcroît, il a été démontré que les quatre mécanismes de transfert de gènes de résistance (conjugaison, transduction, transformation et transposition) peuvent se produire dans les environnements aquatiques et terrestres (Jones et al. 2003; Sengelov et al. 2003).

L'épandage de lisier de porcs, par exemple, peut être une source de contamination du sol par des gènes de résistance. En effet, ce dernier contiendrait des plasmides codant pour de la résistance antimicrobienne et pourrait promouvoir la mobilisation de ces derniers au niveau des sols agricoles (Top et al. 1990). De plus, le fumier de porcs est riche en nutriments, ce qui peut accroître l'activité des bactéries (Gotz and Smalla 1997). Par conséquent, les terres fertilisées avec ce fumier représenteraient un

environnement favorable pour le transfert de résistance (Kinkle and Schmidt 1991; Sengelov et al. 2003). Cependant, ce transfert peut varier selon l'antimicrobien en cause. Par exemple, une étude menée par Sengelov et ses collaborateurs (2003) a révélé une différence de variation dans les niveaux de résistance de bactéries provenant d'un sol fertilisé par du fumier liquide de porcs. Les auteurs ont étudié les niveaux de résistance bactérienne pour trois antimicrobiens fréquemment utilisés en productions porcines, soient les tétracyclines, les macrolides et la streptomycine (McEwen et al. 2002). Ces niveaux ont été mesurés dans un sol, avant et après fertilisation par le fumier, ainsi que dans un sol contrôle n'ayant pas été fertilisé depuis 13 ans. Suite à leurs travaux, une variation positive mineure a été notée pour les macrolides et la streptomycine, tandis qu'une variation plus importante a été constatée pour les tétracyclines. Par contre, une baisse des niveaux de résistance près des valeurs du sol contrôle a été constatée quelques mois suivant l'épandage, suggérant un effet transitoire (Sengelov et al. 2003).

Une fois sur le sol, les micro-organismes RA ont la possibilité de contaminer les eaux de surface par ruissellement ainsi que les eaux souterraines par infiltration (Tyrrel and Quinton 2003; Majdoub et al. 2004; Thurston-Enriquez et al. 2005). Des travaux de recherche ont démontré la présence de bactéries RA ainsi que des bactéries arborant des gènes de résistance dans des sources d'eau de surface et souterraines situées à proximité de sites de production porcine (Chee-Sanford et al. 2001; Mackie et al. 2006; Sapkota et al. 2007). Une de ces études a d'ailleurs démontré un pourcentage plus élevé de résistance chez les bactéries prélevées en aval d'un site de production porcine utilisant des antimicrobiens comme promoteurs de croissance, comparativement aux bactéries prélevées en amont (Mackie et al. 2006; Sapkota et al. 2007). Une étude effectuée sur des puits privés d'eau potable en Ontario a de plus trouvé une association positive entre la présence d'*E. coli* RA et la proportion des terres utilisées pour l'épandage de fumier et la densité porcine (Nguon 2007).

Le fumier de bovins peut également être une source de bactéries résistantes. Des études ont démontré que les bovins excrétaient dans leurs fèces des micro-organismes porteurs de gènes de résistance (Galland et al. 2001; Schroeder et al. 2002a; Schroeder et al. 2002b). Ces derniers se retrouvent donc dans l'environnement suite à l'épandage de fumier ou lorsque des animaux sont au pâturage et peuvent ainsi contaminer les cours d'eau (Peak et al. 2007; Watanabe et al. 2008).

L'application de fumier sur des terres agricoles provenant d'animaux de production ayant reçu des antimicrobiens et les contaminations environnementales associées aux sites de production sont des sources de contamination de micro-organismes RA et de gènes de résistance dans l'environnement (Schmitt et al. 2006). Les bactéries RA et les gènes de résistance peuvent donc, par la suite, se retrouver dans les réseaux hydriques et être une source de contamination pour les humains. Par contre, un manque important de données rend difficile la quantification du risque que représente cette voie de transmission pour les populations humaines (Gilchrist et al. 2007).

Impact en santé publique

Plusieurs raisons peuvent expliquer l'inquiétude grandissante de la communauté scientifique en santé publique concernant les problématiques liées aux bactéries RA. Les effets néfastes de la résistance aux antimicrobiens peuvent être séparés en effets directs, occasionnés par des micro-organismes pathogènes pour les humains, ainsi qu'en effets indirects se traduisant par le transfert de résistance à partir d'agents non pathogènes (McEwen et al. 2002).

Micro-organismes pathogènes

L'antibiorésistance des agents pathogènes peut engendrer diverses conséquences médicales incluant une durée prolongée des affections, une fréquence augmentée des septicémies, des hospitalisations et des mortalités (Angulo et al. 2004a; Helms et al.

2005; Rossolini and Mantengoli 2008) . Une association entre la résistance bactérienne et une durée augmentée des affections a été démontrée dans une étude cas-témoins (Nelson and Angulo 2004). Dans cette étude, la durée moyenne de la diarrhée chez les personnes infectées avec une souche de *Campylobacter* résistante aux fluoroquinolones était plus longue de plusieurs jours par rapport à la durée chez les personnes infectées par une souche sensible. Selon une autre étude (Varma et al. 2005), parmi les isolats de *Salmonella* testés entre 1996 et 2001 par le programme *National Anti-microbial Monitoring system (NARMS)* aux États-Unis, les isolats résistants à des antimicrobiens étaient plus fréquemment isolés d'échantillons sanguins que les isolats sensibles. Parmi les patients interrogés, ceux ayant été infectés par une souche résistante ont été hospitalisés plus fréquemment pour une septicémie que ceux infectés par une souche sensible. Pour certains agents pathogènes, la sélection pour la résistance résulte aussi en une augmentation de la virulence (Stevens et al. 2007). Il est également fort probable que ces phénomènes soient présents chez les animaux. Une étude effectuée sur des isolats d'*E. coli* provenant de porcs a démontré que la résistance antimicrobienne était plus fréquente chez les souches pathogènes que chez les autres souches (Boerlin et al. 2005). Cette différence peut être attribuée à l'exposition plus intense et répétée aux antimicrobiens que subissent les pathogènes, ainsi qu'à des liens physiques qui existeraient entre les gènes de résistance et les gènes de virulence de ces bactéries (Martinez and Baquero 2002). Les infections par des agents multirésistants peuvent nécessiter l'utilisation d'antimicrobiens de dernier recours comme les carbapénèmes. Ces derniers sont considérés comme des traitements de dernière ligne étant donné qu'aucun autre antimicrobien alternatif n'est présentement disponible en cas d'échec thérapeutique (CDC 2009). Toutefois, de la résistance a été notée dans les dernières années, soulevant une grande inquiétude, notamment car elle est associée à des taux de morbidité et de mortalité plus élevés chez les patients affectés. (Poirel and Nordmann 2006; Nemeč et al. 2008).

L'utilisation d'agents antimicrobiens perturbe également la flore microbienne du tractus intestinal et expose les patients en traitement à un risque plus élevé de maladie clinique si ces patients sont également colonisés par une souche bactérienne résistante à l'agent antimicrobien utilisé (Barza and Travers 2002). Ce phénomène serait présent, entre autres, pour la campylobactériose et la salmonellose. En effet, Barza et Travers (2002), après une revue de la littérature sur ce sujet, ont conclu que l'antibiorésistance chez *Salmonella* et *Campylobacter* serait responsable annuellement, pour l'ensemble de la population aux États-Unis, de plus de 29 000 infections additionnelles de salmonellose, occasionnant plus de 340 hospitalisations et 12 décès, ainsi que plus de 17 000 cas additionnels de campylobactériose, menant à près de 100 hospitalisations. Ces infections additionnelles représenteraient respectivement environ 2 % et 0,7 % de tous les cas annuels de salmonellose et de campylobactériose.

De plus, la résistance bactérienne a des conséquences économiques importantes. Pour calculer ces dernières, il faut tenir compte de plusieurs aspects comme l'incidence de la maladie, le coût du diagnostic, le coût du traitement, la durée du traitement, l'impact des individus non traités, la mortalité éventuelle, la perte de productivité et autres (McGowan 2001). La durée prolongée des infections et des traitements ainsi que le nombre accru d'hospitalisations augmentent les coûts liés à ces affections (Lodise and McKinnon 2007). Une étude menée en 2001 a révélé que le temps médian pour l'instauration d'une thérapie adéquate chez des patients atteints d'infections à *Klebsiella pneumoniae* et *E. coli* résistants étaient d'environ 72 heures, contrairement à 11,5 heures pour les patients contrôles infectés par des bactéries sensibles de la même espèce (Lautenbach et al. 2001). Ces délais font donc augmenter les durées d'hospitalisations, les risques de complications et de besoins chirurgicaux, accroissant par le fait même les coûts qui y sont rattachés (Cosgrove and Carmeli 2003). De plus, dans les régions où la présence d'organismes résistants est reconnue, les médecins sont tentés d'utiliser des antimicrobiens alternatifs plus fréquemment que la médication qui aurait normalement été utilisée si la résistance

n'avait pas été rapportée. Cette substitution se produit non seulement dans les cas où les traitements sont inefficaces, mais aussi pour les nouveaux cas où aucun traitement n'a encore été tenté (Howard et al. 2003). Ce changement dans les traitements empiriques a pour effet d'augmenter les coûts y étant reliés.

Micro-organismes non pathogènes

Si les bactéries commensales, normalement présentes chez l'hôte, sont exposées à des agents antimicrobiens, elles peuvent devenir résistantes et être en mesure de transférer cette résistance à des bactéries pathogènes (Acar and Rostel 2001). La résistance antibactérienne chez les bactéries commensales des humains et des animaux résulte en partie de la pression de sélection exercée par l'usage des antimicrobiens et elle peut représenter un réservoir important des éléments génétiques pouvant être transférés aux bactéries pathogènes (Van Den Bogaard and Stobberingh 2000). Comme mentionné précédemment, beaucoup de micro-organismes résistants possèdent des éléments génétiques mobiles comme des plasmides et des transposons transportant des gènes de résistance. Donc, plus le nombre de bactéries commensales résistantes augmente, plus la population de plasmides et de transposons pouvant être transférée augmente à son tour, ce qui peut permettre un plus grand nombre de transferts aux bactéries pathogènes. Par contre, la fréquence et la vitesse à laquelle ces processus se produisent restent inconnues (Glenn Songer and Post 2005). *E. coli*, qui est une bactérie prédominante de la flore normale des intestins des humains et de plusieurs espèces animales, est un bon exemple de cette situation. En effet, cette bactérie a déjà démontré son habileté à transférer des gènes codant pour de la résistance à d'autres espèces bactériennes, incluant des agents pathogènes (Nikolich et al. 1994; Winokur et al. 2001; Blake et al. 2003).

Il est également important de mentionner les bactéries provenant de l'eau et de la nourriture. Ainsi, certaines bactéries présentes dans l'eau ou la nourriture contaminées, comme les *Enterococcus*, ne sont pas pathogènes pour les humains. Par

contre, elles peuvent mener indirectement à des maladies humaines dans le cas où ces bactéries, provenant des animaux ou de l'environnement ayant contaminé l'eau ou la nourriture, sont résistantes et ont donc le potentiel de transférer leur résistance à des bactéries humaines pathogènes (Acar and Rostel 2001). Ceci aura pour résultat qu'une affection qui n'est pas reliée directement à des contaminations de l'eau ou de la nourriture pourra être beaucoup plus difficile à traiter. À cet égard, des transferts *in vitro* et *in vivo* de gènes de résistance d'isolats d'*Enterococcus faecium* ont déjà été démontrés (Moubareck et al. 2003; Lester et al. 2004; Lester et al. 2006). Dans ces études, ces transferts ont été démontrés non seulement à l'intérieur d'une même espèce animale, mais également entre des isolats provenant de poulets et des isolats humains, soulignant le risque réel de transmission de résistance entre des populations de la flore intestinale commensale.

Bien que de tels transferts existent et aient été démontrés, la possibilité d'acquisition et de colonisation du tractus digestif par des bactéries RA suite à la consommation d'eau contenant de telles bactéries n'a pas encore été démontrée. Une étude canadienne a toutefois mis en évidence une similarité entre des plasmides acquis et porteurs de gènes de résistance chez des isolats d'*E. coli* provenant d'échantillons humains et de sources d'eau (eaux potables et eaux récréatives) (Mataseje et al. 2009). Selon les auteurs, cette similarité laisse croire au potentiel de transfert de matériel génétique codant pour de la résistance via un contact avec de l'eau. Dans le même ordre d'idée, bien que la transmission de bactéries RA de l'eau aux humains via des activités récréatives aquatiques n'ait pas encore été démontrée, de nombreuses études ont rapporté la transmission de maladies d'origine hydrique suite à de telles activités (Pond 2005; Donovan et al. 2008; Wade et al. 2008; Marion et al. 2010).

Il est aussi important de noter que, lorsqu'une résistance particulière émerge chez une bactérie pathogène humaine (excepté dans le cas d'une mutation rapide), nous pouvons présumer que plusieurs bactéries non pathogènes (commensales,

environnementales, animales) ont aussi déjà acquis cette résistance (Acar and Rostel 2001). Il peut donc s'écouler un temps relativement long entre l'émergence de la résistance et le moment où les conséquences cliniques peuvent survenir.

Présence de micro-organismes pathogènes dans les eaux récréatives

La contamination fécale des eaux récréatives peut être responsable d'une exposition à divers agents pathogènes, y compris des bactéries, des parasites et des virus, pour les populations humaines (Pond 2005). Cependant, ces agents pathogènes sont habituellement présents de façon intermittente et à de faibles concentrations dans l'eau et leur identification peut être laborieuse et techniquement difficile. Pour cette raison, l'évaluation de la contamination fécale se fait habituellement à l'aide de mesures d'indicateurs microbiens. La pollution fécale peut provenir de plusieurs sources, incluant les sources agricoles, urbaines et fauniques (WHO 2003).

Rôle de l'agriculture et des productions animales

Les animaux d'élevage peuvent être porteurs et excréteurs par leurs matières fécales d'agents zoonotiques ayant la capacité de causer des problèmes de santé chez les personnes exposés, allant de maladies gastro-intestinales bénignes à de graves problèmes potentiellement mortels. De plus, les activités agricoles et les productions animales peuvent contribuer à la pollution fécale des cours d'eau et éventuellement des eaux récréatives par différentes voies, comme les fuites provenant des amas de fumier ou de fosses non étanches, l'épandage de fumier sur les terres agricoles, de même que par le dépôt direct de fèces au sol par les animaux au pâturage (Vinten et al. 2004; Thurston-Enriquez et al. 2005; Burkholder et al. 2007).

Principaux agents zoonotiques transmissibles par voie hydrique

Plusieurs agents zoonotiques provenant des animaux de consommation et pathogènes pour les humains peuvent être transmis par la voie hydrique. La section qui suit est un résumé des caractéristiques des principaux microbes représentant un risque pour la santé publique, soient *E. coli* O157:H7, *Campylobacter jejuni* et *coli*, *Salmonella enterica* et *Yersinia enterocolitica*, de même que les protozoaires *Giardia lamblia* et *Cryptosporidium parvum* (Majdoub et al. 2003; Chevalier et al. 2004).

E. coli O157:H7

Ce sérotype de la bactérie *E. coli* a la capacité de causer chez les personnes infectées des diarrhées sanguinolentes et de fortes crampes abdominales (Acha and Szyfres 2005). Il est également associé au syndrome hémolytique et urémique, menant à de l'insuffisance rénale et survenant principalement chez les jeunes enfants (CDC 2008). Les ruminants, et plus spécifiquement les bovins, sont le principal réservoir animal de cette bactérie et sa prévalence est plus élevée chez les jeunes animaux (Chapman et al. 1997). Une étude effectuée en Alberta en 2002 a estimé que 25 % des veaux échantillonnés étaient porteurs de *E. coli* O157:H7 une semaine après la naissance et 41 % étaient porteurs après sept semaines (Gannon et al. 2002). Quoique beaucoup plus rare, cette bactérie a également été retrouvée dans les matières fécales de porcs aux États-Unis (Feder et al. 2003). *E. coli* résiste bien dans l'environnement. Il a été rapporté qu'*E. coli* peut survivre plus de deux mois dans le fumier de bovins et plus de 200 jours dans les abreuvoirs sur des sites d'élevage, ce qui souligne le potentiel de contamination des cours d'eau par cette bactérie (LeJeune et al. 2001; Avery et al. 2005). Bien que ce sérotype soit responsable de la majorité des infections causées par des *E. coli* producteurs de verotoxine, les *E. coli* d'autres sérogroupes (O26, O103, O45, O111, O121 et O145) seraient responsables d'une proportion non négligeable de ces infections (Johnson et al. 2006).

Campylobacter jejuni et *Campylobacter coli*

Ces espèces de *Campylobacter* sont généralement responsables d'une diarrhée aiguë et de fortes crampes abdominales chez les personnes infectées et elles représenteraient environ 97 % des cas de campylobactériose humaine (Moore et al. 2005; Engberg 2006). La campylobactériose serait aussi une des principales causes du syndrome Guillain-Barré, une polynévrite auto-immunitaire affectant environ 0.1 % des cas cliniques (Hughes and Cornblath 2005). La volaille constitue le principal réservoir de *Campylobacter*. Au Québec, la prévalence de troupeaux commerciaux colonisés par cette bactérie a été estimée à 35 % chez les poulets et à 46 % chez les dindes (Arsenault et al. 2007). D'autres animaux d'élevage, incluant les bovins, les ovins et les porcs, sont aussi reconnus comme réservoir de la bactérie (Jones et al. 1999; Varela et al. 2007; Van Donkersgoed et al. 2009). Bien qu'il soit peu probable que *Campylobacter* puisse se reproduire à l'extérieur du système digestif des animaux à sang chaud, il a été démontré que sa survie dans différents environnements agricoles et milieux aquatiques est possible (Jones 2001).

Salmonella enterica

Plusieurs sérovars de *Salmonella enterica* sont répertoriés, mais *S. Enteritidis* représente celui le plus souvent impliqué chez les affections humaines au Canada (Gouvernement du Canada 2007, 2010a). Les symptômes causés par cette maladie comprennent de la diarrhée, des crampes, des vomissements et de la fièvre. *S. enterica* peut également causer des septicémies, particulièrement chez les personnes âgées et les jeunes enfants (CDC 2010). Cette bactérie est présente dans l'ensemble des animaux d'élevage avec différentes prévalences. Au Québec, la prévalence au niveau des fermes porcines pourrait atteindre plus de 70 %, tandis qu'elle a été estimée à 50 % chez les troupeaux de poulets et 54 % chez les troupeaux de dindes (Letellier et al. 1999; Arsenault et al. 2007). De plus, *Salmonella* a la capacité de survivre dans les fumiers destinés à l'épandage. Une campagne d'échantillonnage effectuée au Québec a permis de mettre en lumière la présence de cette bactérie dans 20 % des échantillons de fumier de volaille, 21 % de ceux de fumier de bovins et 34 % de

ceux provenant de lisier de porcs (Majdoub et al. 2003). Cette bactérie a en outre été isolée de rivières et de cours d'eau, suggérant la possibilité d'une transmission hydrique (Arvanitidou et al. 1995; Gouvernement du Canada 2010b).

Yersinia enterocolitica

Les signes cliniques les plus souvent rencontrés suite à cette affection sont de la diarrhée, de la fièvre et une douleur abdominale pouvant être confondue à une appendicite (CDC 2005). Les porcs constituent le principal réservoir d'*Y. enterocolitica* et la prévalence des troupeaux porcins possédant au moins un animal positif au Québec pourrait atteindre 80 % (Pilon et al. 2000). Cette bactérie a de plus été détectée dans des échantillons de fumier de volaille et de bovins, de même que dans ceux provenant de lisier de porcs destinés à l'épandage (Majdoub et al. 2003). *Y. enterocolitica* serait également capable de survivre dans des milieux aquatiques (Arvanitidou et al. 1995).

Giardia lamblia

G. lamblia est un parasite protozoaire causant des symptômes gastro-intestinaux incluant de la diarrhée, des crampes abdominales, des nausées et parfois de la malabsorption et de la perte de poids (Fayer 2004). La dose infectante de ce parasite est très faible et les personnes en bonne santé présenteront habituellement peu ou pas de symptômes (Fayer 2004). *G. lamblia* est présent chez l'ensemble des animaux d'élevage. Une étude canadienne a estimé des prévalences de 29 % chez les bovins, 38 % chez le mouton et 9 % chez le porc (Olson et al. 1997). De plus, selon une étude publiée en 2000, 57 % des veaux échantillonnés dans l'Ouest Canadien étaient positifs à *G. lamblia* (O'Handley et al. 2000). Les kystes de ce protozoaire sont infectieux dès l'excrétion et ils sont très résistants dans l'environnement (DeRegnier et al. 1989). Plusieurs études ont démontré la présence de ce parasite dans différents milieux aquatiques (LeChevallier et al. 1991; Wallis et al. 1996; Payment et al. 2000; Lobo et al. 2009; Gouvernement du Canada 2010b). Notons, entre autres, l'étude de Payment et ses collaborateurs, qui a révélé que 94 % des échantillons d'eau de

surface prélevés dans la région de Montréal contenaient du *G. Lamblia* (Payment et al. 2000).

Cryptosporidium parvum

C. parvum est un parasite protozoaire causant principalement de la diarrhée aqueuse pouvant être accompagnée de crampes abdominales, de nausées, de fièvre et de douleurs musculaires (Fayer 2004). Plusieurs espèces d'animaux d'élevage peuvent agir comme réservoir de ce protozoaire, mais les bovins et plus spécifiquement les veaux sont reconnus comme des hôtes fréquents (Olson et al. 1997; Coklin et al. 2009; Jenkins et al. 2010). Une étude effectuée dans les fermes laitières du Québec a révélé que 88 % des troupeaux étaient positifs à *C. parvum* (Ruest et al. 1998). Les kystes du parasite sont très résistants dans l'environnement et sont fréquemment retrouvés dans des milieux aquatiques (LeChevallier et al. 1991; Lobo et al. 2009; Vernile et al. 2009; Gouvernement du Canada 2010b).

Voies de transmission

Des travaux effectués sur des agents zoonotiques d'origine fécale tendent à démontrer qu'une transmission environnementale existe, en plus de la transmission par voie alimentaire. En 1999, les résultats de Michel et al. révélaient une association spatiale positive entre les mesures de densité bovine et les infections humaines de *E. coli* vérocytotoxigéniques dans le sud de l'Ontario, suggérant entre autres la consommation d'eau de puits contaminée comme facteur de risque pour de telles infections (Michel et al. 1999). Par la suite, une étude menée par Valcour et al. a quant à elle observé une association positive entre les infections humaines d'*E. coli* producteurs de Shiga toxines et le ratio du nombre de vaches de boucherie sur la population humaine ainsi que l'application de fumier à la surface de terres agricoles, pointant une fois de plus vers la possibilité d'une transmission environnementale (Valcour et al. 2002). Plus récemment, les résultats d'une étude québécoise menée en région rurale suggéraient que les infections entériques infantiles pourraient être

d'origine zoonotique et être associées à la présence de productions bovines (Kaboré et al. 2010).

La contribution des activités agricoles et des productions animales sur la pollution microbienne des cours d'eau, et éventuellement des eaux récréatives, peut s'expliquer par différents mécanismes. Tout d'abord, les différents sites de productions animales sont des sources de pollution fécale par la présence d'animaux et de fumier (entreposé ou non). Les animaux présents sur ces sites peuvent être porteurs de plusieurs agents pathogènes fécaux et certains facteurs, comme l'âge et les méthodes de régie, peuvent influencer l'excrétion de ceux-ci (Gannon et al. 2004). Ces organismes peuvent emprunter la voie hydrique, principalement suite à des précipitations. Une importante éclosion de gastro-entérite a d'ailleurs eu lieu à Walkerton, Ontario en 2000 suite à la contamination d'un puits municipal. De nombreux éléments suggèrent que l'origine de la contamination serait due à des écoulements provenant d'un amas de fumier situé à proximité d'une ferme bovine (Gouvernement du Canada 2000). Au Québec, en vertu du règlement sur les exploitations agricoles, les amas de fumier doivent se situer à plus de 150 mètres d'un plan d'eau et à plus de 15 mètres d'un fossé agricole (MDDEP 2002).

Le fumier épandu sur les terres agricoles peut également contenir de grande quantité de micro-organismes fécaux pouvant contaminer l'environnement et les cours d'eau (Thurston-Enriquez et al. 2005). Les eaux de ruissellement provenant de champs agricoles excèdent souvent les normes de qualité microbienne de l'eau potable et des eaux de baignade (Warnemuende and Kanwar 2002). Par exemple, les concentrations de coliformes fécaux mesurées dans les eaux de ruissellement suite à des épandages de fumier de bovins peuvent atteindre de $1,9 \times 10^4$ jusqu'à $1,1 \times 10^6/100$ ml, dépendamment de la concentration initiale dans le fumier (Ramos et al. 2006). Une étude effectuée par Gessel et *al.* a par ailleurs mis en évidence une association entre la concentration de coliformes fécaux et le nombre d'applications de fumier (Gessel et al. 2004). Selon leurs résultats, suivant l'application de fumier,

une concentration élevée de coliformes fécaux a été notée dans le sol, avec une augmentation suivant l'augmentation du nombre d'applications du fumier. Par contre, une fois les applications terminées, le nombre de coliformes subit une décroissance exponentielle. En effet, les micro-organismes ne peuvent généralement pas se multiplier dans l'environnement, car ils sont soumis à des conditions difficiles comprenant une pénurie d'éléments nutritifs, une prédation de la part de protozoaires, l'exposition aux rayons UV, des variations importantes de température et d'autres conditions physiques, chimiques et biologiques défavorables à leur survie (Ogden et al. 2001; Winfield and Groisman 2003).

Malgré toutes les conditions défavorables à leur survie et la décroissance exponentielle qu'ils subissent, des micro-organismes d'origine fécale peuvent être retrouvés dans les sols fertilisés avec du fumier plusieurs semaines après l'application (Oliver et al. 2005). Par conséquent, ces organismes persistant dans le sol peuvent être transportés par ruissellement dans les eaux de surface et les eaux souterraines (Gessel et al. 2004; Meals and Braun 2006). Les travaux de Rodgers et ses collaborateurs effectués sur un cours d'eau en milieu agricole ont démontré une augmentation des concentrations de coliformes fécaux dans les échantillons d'eau prélevés en aval du cours d'eau par rapport à ceux prélevés en amont (Rodgers et al. 2003). Les auteurs expliquent cette augmentation par l'influence des activités agricoles qui contribueraient à l'apport d'une grande quantité de micro-organismes fécaux dans les cours d'eau par ruissellement, notamment suite à l'épandage de fumier.

Cette survie et ce transport sont influencés par plusieurs facteurs, dont les conditions climatiques, la nature du micro-organisme, les propriétés du sol et les pratiques culturales (Majdoub et al. 2004). En plus de ceux mentionnés précédemment et affectant négativement la survie, d'autres facteurs peuvent favoriser la survie des micro-organismes. C'est le cas, entre autres, de la composition du sol. Les résultats d'une étude menée par Lau et Ingham ont montré

qu'*E. coli* subissait une diminution de sa population plus rapidement dans un sol sablonneux que dans un sol argileux. Ce phénomène pourrait s'expliquer par le fait qu'un sol contenant plus d'argile a un pouvoir de rétention plus élevé (Lau et al. 2001).

Jumelées avec les précipitations, la topographie et l'utilisation des terres jouent un rôle dans la contamination de l'eau. Par exemple, il y aurait une association hautement significative entre la concentration moyenne d'*E. coli* dans l'eau prélevée après un orage et le pourcentage de terres utilisées à des fins agricoles (terres cultivées et épandage de fumier) (Crowther et al. 2002). Par contre, s'il n'y a pas de précipitation les jours suivant l'application de fumier, le transport des bactéries sera diminué et sous l'effet des conditions environnementales (rayons UV, dessiccation, prédation), le nombre de bactéries diminuera significativement (Ogden et al. 2001).

La procédure d'application du fumier semble aussi avoir un impact sur la persistance des micro-organismes dans le sol, mais ses effets demeurent incertains. Les résultats de Avery et al. ont montré que les *E. coli* O157 introduits dans le sol par des injections de lisier persistaient plus longtemps que lorsqu'ils étaient appliqués à la surface du sol uniquement (Avery et al. 2004a). Toutefois, l'épandage par injection a aussi été recommandé pour réduire la perte de polluants (micro-organismes et nutriments) par l'écoulement de surface et par les pertes atmosphériques, malgré qu'il pourrait augmenter le transport de ces derniers vers les eaux souterraines (Crane et al. 1983). Néanmoins, certaines études n'ont pu trouver de différences significatives entre les méthodes d'application par rapport à la qualité microbiologique du ruissellement (Daniel et al. 1995; Heinonen-Tanski and Usui-Kamppa 2001). En revanche, certaines mesures peuvent diminuer le nombre de micro-organismes présents dans les fumiers avant l'application, comme l'entreposage et les procédés de traitements (digestion aérobie ou anaérobie, compostage) (Majdoub et al. 2004; Avery et al. 2005; Oliver et al. 2006). Les processus thermophiles comme la pasteurisation, la digestion thermophile, le

compostage, sont par exemple capable de parvenir à la diminution de la charge de certains agents pathogènes, comme *E. coli* O157:H7, de l'ordre de quatre log ou plus (Jiang et al. 2003).

Malgré la problématique de santé publique soulevée par l'épandage de fumier et la contamination du réseau hydrique par les agents pathogènes qu'il contient, celui-ci demeure un élément essentiel et obligé du cycle de production de la ferme. Lorsque bien géré, l'épandage de fumier peut être maximisé et donc réduire la quantité utilisée d'engrais chimiques, plus riches en phosphore, et donc diminuer la pollution environnementale (Schroder 2005). De plus, selon Ramos et ses collaborateurs, l'application de fumier aurait un effet protecteur sur les sols en réduisant leur détachement par plus de 70 % (Ramos et al. 2006). En plus de cet effet protecteur, le fumier stimulerait la croissance de la microflore du sol, diminuant ainsi la capacité de survie des organismes pathogènes et permettrait l'augmentation de la microfaune du sol, notamment les vers de terre (Hubbard et al. 2004).

En plus de l'épandage de fumier, les animaux au pâturage peuvent être responsables de la contamination de l'eau par les micro-organismes contenus dans leurs matières fécales (Vinten et al. 2004). En effet, certains agents comme *E. coli* peuvent persister dans le sol pendant des mois suivant le retrait des animaux (Avery et al. 2004b; Oliver et al. 2005; Sinton et al. 2007). Comme pour l'épandage de fumier, certaines conditions favorisent cette persistance et les plus significatives seraient l'ensoleillement moyen depuis le pacage, le débit moyen d'eau durant chaque averse et la décharge totale d'eau depuis le pacage (Collins 2004). En plus de cette contamination du sol, les animaux au pâturage diminuent la végétation, ce qui a pour conséquences d'augmenter l'érosion, augmenter les croûtes à la surface du sol, diminuer la matrice organique du sol et aussi augmenter l'effet des précipitations (Glimp and Swanson 1994). Ces dernières, en déclenchant l'écoulement de surface, peuvent affecter la qualité bactériologique des eaux de drainage suivant une période de pacage (Oliver et al. 2005). Tous ces effets ont comme résultat d'accroître le

transport des bactéries et des autres micro-organismes par les eaux de surface et donc la contamination du réseau hydrique.

L'impact des animaux au pâturage sur la pollution de l'eau peut varier selon la densité animale. Une forte densité une large quantité d'urine et de fèces déposées sur une surface relativement petite, ce qui augmente les probabilités pour les nutriments et les micro-organismes d'être déplacés par les eaux de ruissellement ou de pénétrer dans les eaux souterraines. Selon Hubbard et ses collaborateurs (2004), le véritable impact des animaux en pâture sur la pollution de l'eau est relatif à la somme totale des animaux à une grande échelle, la façon dont ils sont distribués à travers le bassin versant et les pratiques de régie qui y sont reliées. Toujours selon ces auteurs, les animaux au pâturage peuvent affecter négativement la qualité de l'eau quand leur nombre dépasse la capacité limite du terrain. Le fait que les animaux aient accès directement au cours d'eau semble également jouer un rôle important. Durant une étude sur la contamination d'un cours d'eau en milieu agricole, les auteurs ont conclu que si les animaux au pâturage avaient un accès direct au cours d'eau, il pouvait en résulter une augmentation de la concentration de coliformes fécaux de façon significative dans ce dernier (Rodgers et al. 2003). Au Québec, depuis avril 2005, l'accès direct au cours d'eau, aux bandes riveraines et aux plans d'eau des animaux au pâturage est interdit en vertu du règlement sur les exploitations agricoles (MDDEP 2002).

En dépit de ces conséquences, les animaux au pâturage auraient un impact relativement localisé sur la pollution de l'eau et cet impact serait moins important que l'épandage de fumier (Clark 1998). Tout comme ce dernier, lorsque bien gérées, les périodes d'animaux au pâturage peuvent aussi avoir des effets bénéfiques sur le sol. Par exemple, les composés organiques provenant des fèces et de l'urine des animaux sont capables de construire des réserves de matières organiques, ce qui a comme résultat un sol avec un accroissement de sa capacité de rétention, du taux d'infiltration et de la stabilité de sa structure (Hubbard et al. 2004). D'autre part, la

contribution des animaux de production au pâturage dans la pollution hydrique serait moins élevée que celle des productions où les animaux sont confinés à l'intérieur (Clark 1998).

Autres facteurs influençant la contamination fécale des eaux récréatives

En parallèle aux activités agricoles, bon nombre d'autres facteurs peuvent influencer la contamination fécale des eaux récréatives et par le fait même la présence des agents pathogènes qui y sont associés.

Activités humaines

La pollution fécale en milieu urbain peut survenir selon plusieurs mécanismes. Premièrement, lors de précipitations, les eaux pluviales peuvent s'écouler par deux méthodes principales. Elles peuvent être directement dirigées dans les cours d'eau via des systèmes d'égouts pluviaux, entraînant avec elles de nombreux polluants, incluant des matières organiques et des agents pathogènes d'origine fécale provenant de ruissellement de déchets domestiques, de matières fécales d'animaux domestiques et d'animaux sauvages (Olivieri et al. 1989). Ces eaux peuvent aussi être dirigées dans les systèmes d'égout communs aux eaux usées domestiques et industrielles et aux eaux pluviales, ce qui les conduit aux usines de traitement des eaux usées. Ces systèmes sont appelés des réseaux d'égouts unitaires (Environnement Canada 2009a). Par contre, lors de précipitations importantes, et durant la fonte des neiges, la charge d'eau dans ces systèmes devient trop importante pour les usines de traitement et des débordements d'eau, incluant des eaux de pluies et des eaux usées provenant d'usages domestiques et industriels se retrouvent déchargées directement dans les cours d'eau par des conduits de débordements nommés des ouvrages de surverse (USEPA 2004). Étant donné que la source principale de bactéries de ces débordements provient des déchets humains, ces débordements contiennent donc de nombreux polluants, incluant des polluants microbiologiques comme des agents pathogènes d'origine fécale, ce qui signifie un risque pour la santé des personnes en contact avec cette eau (Castro-Hermida et al. 2008). La concentration en *E. coli* des

débordements associés aux ouvrages de surverse pourrait atteindre plus de $10^6/100$ ml, soit une concentration nettement plus élevée que les normes en vigueur pour les eaux de baignade (Marsalek and Rochfort 2004). Pour la province de Québec, 657 stations d'épuration possédaient des ouvrages de surverse en 2009 (4301 au total) et 83 n'en possédaient aucun (Moreira 2010).

Au Québec, les eaux usées municipales peuvent, quant à elles, être séparées en trois catégories. Les municipalités raccordées à un réseau d'égout et à une usine de traitement (738 municipalités), les municipalités raccordées à un système d'égout, mais non à une usine de traitement (70 municipalités) et les municipalités ou les secteurs où les résidences ne sont pas raccordées à un système d'égouts (307 municipalités) (Communication personnelle, Ministère des Affaires municipales, des Régions et de l'Occupation du territoire du Québec, 2011). Ces résidences doivent donc posséder un système de traitement des eaux, comme une fosse septique, et celle-ci doit se situer à un minimum de 10 mètres d'un marais ou d'un étang et à l'extérieur de la bande riveraine d'un lac ou d'une rivière, qui elle est d'un minimum de 10 à 15 mètres, selon la pente du terrain (MDDEP 2002c, MDDEP 2002b). Les municipalités raccordées à une usine de traitement des eaux usées représentent donc la majorité des municipalités au Québec.

Le traitement des eaux usées inclut la plupart du temps des processus de coagulation, floculation et sédimentation qui résultent en la production de boues usées et d'eau traitées. Ces dernières sont relâchées dans les cours d'eau. Au Québec, les concentrations maximales de coliformes fécaux tolérées dans les effluents des eaux traitées dépendent du type de traitement utilisé et varient de 200 à 50 000 ufc/100 ml (MDDEP 2002b). Selon des études effectuées dans la région de Montréal, il a été conclu que la station d'épuration étudiée n'était pas efficace pour l'enlèvement des bactéries indicatrices et les agents pathogènes, ne réussissant à enlever que 25 % des coliformes fécaux, rendant ainsi les risques d'infection gastro-

intestinale suite à une baignade à proximité des rejets de cette station très élevés (Payment et al. 2001; Payment and Gehr 2004).

Néanmoins, certaines usines de traitement des eaux usées procéderont à la désinfection des eaux traitées selon les recommandations du Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec (MDDEP 2002a). Celles-ci stipulent que « *La désinfection des eaux usées traitées doit être exigée lorsque la protection des usages du milieu récepteur le requiert et seulement durant les périodes de l'année où cette protection est nécessaire* ». Les principales méthodes utilisées sont les rayons ultraviolets, l'ozonation et le lagunage (MDDEP 2002a; Théberge 2008).

La contamination fécale des eaux récréatives provenant de sources humaines peut également survenir directement aux sites de baignade. Les baigneurs peuvent être une source de microbes d'origine fécale par le biais d'accidents fécaux, principalement où la proportion d'enfants est importante et surtout s'il y a présence d'enfants en couche parmi les baigneurs (Gerba 2000; Sunderland et al. 2007). Des éclosions de *Shigella sonnei* associées à la baignade dans des lacs ont été rapportées. Cet agent pathogène n'ayant que l'humain et les primates comme hôte et réservoir, la source de contamination se devait d'être origine humaine. Dans les éclosions rapportées aux États-Unis, la source la plus probable de contamination était les baigneurs ayant fréquenté les plans d'eau (Blostein 1991; Keene et al. 1994; Iwamoto et al. 2005). Les baigneurs peuvent aussi servir à transporter la pollution fécale du sable de la plage au plan d'eau et à remettre en suspension les sédiments situés au fond du plan d'eau, augmentant ainsi le contact entre les microbes présents dans les sédiments et les baigneurs (Elmir et al. 2007; Graczyk et al. 2007; Graczyk et al. 2010).

Par ailleurs, les embarcations de plaisance rejettent parfois des résidus organiques contenant des matières fécales. Au Québec, il existe depuis 2008 le règlement sur la protection des eaux contre les rejets des embarcations de plaisance, qui interdit de

rejeter dans les eaux d'un lac ou d'un cours d'eau des rebuts organiques ou inorganiques, liquides ou solides, tels des lubrifiants, de l'huile, du papier, du carton, du plastique, du verre, du métal, des matières fécales, des contenants ou des bouteilles (MDDEP 2008). De plus, par ce règlement, le propriétaire d'une embarcation de plaisance munie d'une toilette fixe doit la doter d'un réservoir de retenue servant à recevoir et retenir les matières fécales et celui-ci doit être étanche. Par contre, seuls les lacs et les rivières inscrits en annexe de ce règlement sont régis par ce dernier. Les municipalités désirant inscrire un plan d'eau doivent en faire la demande au Ministère du Développement durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec (MDDEP 2008).

Faune

Les animaux sauvages peuvent également contribuer à la pollution fécale des plans d'eau. L'apport des oiseaux sauvages, et plus spécifiquement celui de la sauvagine, a particulièrement fait l'objet d'études dans les dix dernières années. Ces oiseaux peuvent être porteurs de nombreux agents pathogènes d'origine fécale, comme *Campylobacter*, *Salmonella*, *Cryptosporidium* (Hubalek 2004; Graczyk et al. 2008). Les études recensées suggèrent que ces oiseaux seraient une source de contamination fécale des eaux récréatives et des cours d'eau, particulièrement en région agricole (Fogarty et al. 2003; Haack et al. 2003; Meyer et al. 2005; Edge and Hill 2007; Somarelli et al. 2007). Les oiseaux peuvent contaminer directement les plans d'eau par leurs déjections, mais peuvent aussi contaminer le sable en bordure des sites de baignade (Haack et al. 2003). Les mammifères sauvages vivant en région boisée et agricole, comme les chevreuils, renards, moufettes, rats laveurs et autres peuvent aussi être porteurs d'organismes zoonotiques d'origine fécale, quoique la prévalence soit généralement assez faible (Pacha et al. 1987; Fischer et al. 2001; Simpson 2002; Handeland et al. 2008; Jardine et al. 2011). La pollution fécale des cours d'eau par ces animaux peut survenir suite au ruissellement et au lessivage des terrains durant les précipitations, ainsi que par contact direct.

La faune domestique incluant les chiens et les chats peut aussi être une source de contamination fécale par leurs excréments en milieu urbains et ruraux. Ces animaux peuvent être porteurs d'agents pathogènes fécaux comme *Campylobacter*, *Salmonella typhimurium*, *Giardia* spp. et *Cryptosporidium parvum* (Hill et al. 2000; Hackett and Lappin 2003). Ces micro-organismes parviendraient aux cours d'eau principalement par ruissellement suite aux événements pluvieux (Young and Thackston 1999).

Conditions météorologiques

Les événements pluvieux et l'intensité de ceux-ci sont un facteur important affectant le transport des bactéries au niveau du sol. Le ruissellement peut transporter les bactéries sur une longue distance en aval et donc participer à la contamination des cours d'eau (Abu-Ashour and Lee 2000; Ogden et al. 2001; Ferguson et al. 2003). Une étude a d'ailleurs démontré une bonne corrélation entre l'incidence des événements pluvieux et celle des éclosions de maladies d'origine hydrique aux États-Unis (Curriero et al. 2001). Par ailleurs, des modèles mathématiques visant à prédire la concentration en indicateurs microbiens d'origine fécale dans les eaux récréatives révèlent que les événements pluvieux survenant quelques jours avant l'échantillonnage seraient un élément prédictif important (Ackerman and Weisberg 2003; Olyphant and Whitman 2004; Olyphant 2005; Lee and He 2008; Love et al. 2010).

Le risque de contamination fécale des cours d'eau suite à l'épandage de fumier lors de temps sec serait beaucoup plus faible que lorsqu'il survient des événements pluvieux dans les jours suivant l'épandage (Ogden et al. 2001). Suite à un épandage de fumier, le lessivage engendré par la première averse occasionne le transport de concentrations significatives d'*E. coli* et, par la suite, le risque de contamination du réseau hydrique diminue pour les lessivages subséquents (Abu-Ashour and Lee 2000; Ogden et al. 2001; Trevisan et al. 2002). Une étude menée par Rodgers et al. a mis en évidence que les concentrations de coliformes fécaux, mesurées dans un cours d'eau situé en milieu agricole, étaient à leur maximum après un orage. De

plus, les résultats indiquaient que le cours d'eau devenait de plus en plus contaminé par les coliformes fécaux au fur et à mesure que celui-ci évoluait à travers le bassin versant (Rodgers et al. 2003). Quant à Ramos et al., leurs résultats, suite à une étude sur les effets du fumier de bovins sur l'érosion et la pollution de l'eau par les coliformes fécaux, indiquent que si une averse a lieu peu de temps après l'épandage de fumier, la concentration de coliformes fécaux dans l'eau de ruissellement atteint de fortes valeurs, particulièrement dans la première phase des précipitations, ce qui peut engendrer une augmentation de cette concentration dans les eaux de surface (Ramos et al. 2006). De plus, lors d'averses, les bactéries comme *E. coli* seraient transportées rapidement par les eaux de ruissellement et auraient peu d'opportunités d'interagir avec la matrice du sol (Muirhead et al. 2006).

L'exposition aux rayons solaires serait un facteur important dans l'inactivation des bactéries dans l'eau et dans le sol (Abu-Ashour and Lee 2000). Les comptes d'*E. coli* dans l'eau diminueraient plus rapidement lors de journées ensoleillées que lors de journées nuageuses, et ce même à différentes profondeurs (Whitman et al. 2004). En général, la survie des micro-organismes est prolongée par temps plus froid (Crane and Moore 1986).

Végétation

En prévenant l'érosion des particules du sol et en contribuant à l'absorption des eaux d'écoulement, les bandes riveraines en bordure des cours d'eau peuvent réduire la concentration en coliformes fécaux des écoulements provenant de champs agricoles (Entry et al. 2000; Roodsari et al. 2005; Sullivan et al. 2007). Toutefois, selon une revue de la documentation scientifique existante sur l'efficacité des bandes riveraines, il n'existe pas de consensus scientifique sur la largeur requise pour une réduction efficace des agents microbiens, celle-ci dépendant largement de la pente et du type de végétation (Gagnon and Gangbazo 2007). Au Québec, en vertu du règlement sur les exploitations agricoles, l'épandage de matières fertilisantes ne peut s'effectuer à l'intérieur d'une bande riveraine d'un minimum de trois mètres d'un

plan d'eau et d'un minimum de un mètre d'un fossé agricole (MDDEP 2002d). Par contre, certaines municipalités peuvent se doter d'un règlement de bandes riveraines plus sévère pour protéger leurs cours d'eau, non seulement en milieu agricole.

Les milieux humides ont la capacité quant à eux de capter plusieurs composantes amenées par les précipitations comme des sédiments, des micro-organismes et des nutriments, diminuant ainsi la pollution des plans d'eau adjacents (Kao and Wu 2001; Knox et al. 2008). Une étude effectuée dans un bassin versant à forte proportion agricole a démontré que les milieux humides naturels pourraient capter jusqu'à 68 % des *E. coli* présents dans les eaux de ruissellement (Knox et al. 2008).

Impact en santé publique

Bien que plusieurs problèmes de santé soient associés à la contamination fécale des eaux récréatives, la majorité de ceux-ci sont reliés à des symptômes gastro-intestinaux, de courte durée et ne nécessitant pas de consultation médicale la plupart du temps (WHO 2003). Ces caractéristiques rendent donc difficile le suivi des cas par un système de surveillance, ce qui suggère une sous-évaluation du problème. Néanmoins, certaines de ces affections peuvent engendrer des complications ayant de graves répercussions sur la santé des gens atteints et peuvent même entraîner la mort dans certains cas. Le fait que les eaux récréatives contaminées par des matières fécales puissent causer des maladies gastro-intestinales est possible du point de vue biologique. D'une part, des micro-organismes reconnus pour être présents dans les matières fécales d'humains ou d'animaux ont également été reconnus comme agents pouvant être transmis par la voie hydrique via la consommation d'eau (Bolin et al. 2004). D'autre part, il est estimé que la quantité d'eau ingérée durant un épisode de baignade en eau douce est en moyenne de 27 ml pour un adulte et 37 ml pour un enfant, ce qui pourrait être suffisant pour avaler une dose infectante requise dépendamment de l'organisme et de la concentration de celui-ci dans l'eau (Schets et al. 2011b).

Bon nombre d'études cas-témoins effectuées suite à des éclosions de gastro-entérite ont conclu que le fait de s'être baigné dans un plan d'eau récréatif ou encore d'avoir avalé de l'eau durant un épisode de baignade étaient des facteurs de risque associés au développement de symptômes gastro-intestinaux (Keene et al. 1994; McCarthy et al. 2001; Feldman et al. 2002; Bruce et al. 2003; Agence de la santé publique du Canada 2004; Sartorius et al. 2007). Le dernier rapport américain sur les éclosions reliées à la baignade en eaux récréatives, concerne les années 2005 et 2006 (Yoder et al. 2008). Dans ce rapport, il est indiqué que 13 éclosions de gastro-entérites ont été associées à la baignade dans des plans d'eau douce non traités, engendrant un total de 171 cas. Ces 13 éclosions représentaient le quart de toutes celles répertoriées. Un rapport sur les éclosions de gastro-entérite d'origine hydrique survenues au Royaume-Uni rapportait quant à lui cinq éclosions reliées à la baignade dans des eaux récréatives non traitées (Smith et al. 2006). De plus, une étude néerlandaise relatant les épisodes de maladies d'origine hydrique associées à la baignade en eaux récréatives non traitées révèle que 742 épisodes ont eu lieu sur le territoire des Pays-Bas entre les années 1991 et 2007. Selon ce rapport, ces éclosions ont impliqué plus de 5600 cas, et 31 % d'entre eux ont rapporté des symptômes gastro-intestinaux (Schets et al. 2011a).

En plus des épisodes épidémiques, des cas sporadiques de problèmes gastro-intestinaux seraient aussi associés à la baignade en eaux récréatives non traitées. Des études expérimentales visant à évaluer le risque de maladies associé à la baignade ont conclu à un risque plus élevé de gastro-entérite chez les baigneurs par rapport aux non-baigneurs (Kay et al. 1994; Fleisher et al. 1998; Wiedenmann et al. 2006; Fleisher et al. 2010). En ce qui concerne l'étude de Fleisher et ses collaborateurs effectuée en 2010, les baigneurs devaient demeurer pour une période de 15 minutes dans l'eau et ils devaient également immerger complètement leur tête sous l'eau à trois reprises. Les résultats obtenus ont permis de mettre en évidence un risque de gastro-entérite 1,76 fois plus élevé chez les baigneurs que chez les non-baigneurs. Une relation dose-réponse n'a cependant pas pu être démontrée entre ce risque et la

concentration d'indicateurs fécaux (entérocoques) mesurée au moment de la baignade (Fleisher et al. 2010). L'étude allemande de Wiedenmann a par ailleurs estimé un risque relatif de gastro-entérite pour les baigneurs par rapport aux non-baigneurs variant de 1,8 à 4,6, dépendamment de la définition de gastro-entérite utilisée (Wiedenmann et al. 2006). De plus, les auteurs rapportent une relation dose-réponse entre la concentration de quatre indicateurs fécaux mesurés dans l'eau au moment de la baignade et le taux d'incidence de gastro-entérite.

Parallèlement à ces études, bon nombre d'études observationnelles ont conclu que le fait de se baigner dans des plans d'eau récréatifs était un facteur de risque important pour le développement de symptômes gastro-intestinaux (Pruss 1998; van Asperen et al. 1998; Haile et al. 1999; Denno et al. 2009; Marion et al. 2010). Des efforts ont également été faits dans les dernières années en terme d'analyse du risque pour tenter de quantifier le nombre de cas de gastro-entérite associés aux eaux récréatives (Shuval 2003; Given et al. 2006; Donovan et al. 2008; Wong et al. 2009; Schets et al. 2011b). Suite à l'analyse de données de la littérature scientifique et des données de l'OMS, l'étude de Shuval et ses collaborateurs a estimé qu'au niveau mondial, plus de 120 millions de cas de gastro-entérite pourraient être attribués annuellement à la baignade dans des eaux récréatives contaminées par des matières fécales (Shuval 2003). Une étude californienne a quant à elle évalué entre 630 000 et 1 475 000 le nombre de cas de gastro-entérite pouvant être attribué annuellement à la baignade aux plages des comtés de Los Angeles et Orange County (Given et al. 2006). Les études de Schets et Wong ont de plus évalué entre 0,5 et 2,4 cas par 1000 baigneurs le risque d'infections gastro-intestinales pour chaque épisode de baignade, dépendamment de l'agent étudié et du niveau de pollution des eaux (Wong et al. 2009; Schets et al. 2011b). Par contre, la majorité des modèles utilisés dans ces études ne tiennent pas compte des différents groupes à risque et des différents niveaux d'exposition pouvant s'y rapporter.

Bien que tous les types de baigneurs soient à risque de contracter des problèmes gastro-intestinaux suite à des épisodes de baignade, les enfants sont toutefois reconnus comme un groupe particulièrement à risque (Wade et al. 2008). Une étude australienne a d'ailleurs mis en évidence le fait que les enfants constituent souvent un groupe d'âge surreprésenté par rapport aux autres aux sites de baignade, tandis qu'une récente étude souligne que la fréquence et la durée des épisodes de baignade des enfants sont en moyenne plus élevées que celles des adultes (Lepesteur 2006; Schets et al. 2011b). En plus de leur système immunitaire plus vulnérable, les comportements des enfants lors de baignade, incluant l'immersion fréquente de leur tête dans l'eau, leurs jeux en eau peu profonde et le temps prolongé passé dans le sable, font que ceux-ci sont également sujets à une plus grande exposition aux micro-organismes pathogènes qui pourraient être présents dans l'eau (Pond 2005). Les travaux de Denno et ses collaborateurs ont par ailleurs permis de conclure que les activités aquatiques constitueraient le facteur de risque associé aux infections entériques infantiles sporadiques le plus important pour la population étudiée (Denno et al. 2009).

Bien que moins fréquents en terme de nombre de cas que les maladies gastro-intestinales, d'autres problèmes de santé ont été associés à la baignade et au contact avec des eaux récréatives polluées par des matières fécales (Pond 2005). Parmi ceux-ci, notons les infections respiratoires fébriles aiguës (IRFA), les infections auriculaires et les problèmes cutanés (Fleisher et al. 1996; Pruss 1998; WHO 2003). Une étude de Fleisher et ses collaborateurs a d'ailleurs estimé le risque relatif chez les baigneurs par rapport aux non-baigneurs à 4,46 pour le développement d'une IRFA et 5,91 pour les problèmes cutanés (Fleisher et al. 2010).

La source de contamination fécale des eaux récréatives pourrait avoir un impact sur le risque pour la santé des baigneurs. En effet, l'Organisation mondiale de la santé (OMS) assume qu'en général, dû à la barrière inter-espèce, les sources de contamination fécale animales représenteraient un risque plus faible pour la santé

des baigneurs que les sources humaines (WHO 2003). Ceci est en accord avec des études n'ayant pas trouvé d'association statistiquement significative entre le risque de maladie et la contamination fécale par des sources animales (Calderon et al. 1991; Colford et al. 2007). Néanmoins, d'autres études suggèrent que le risque de contracter des problèmes de santé serait le même, peu importe la source de contamination (McBride et al. 1998; Soller et al. 2010).

Outre les effets néfastes sur la santé pouvant être reliés aux différentes maladies causées par le contact avec les eaux récréatives, les coûts économiques reliés aux soins de santé y étant associés ne sont pas à négliger. L'étude de Shuval et ses collaborateurs a estimé le coût mondial global des problèmes gastro-intestinaux et des infections respiratoires fébriles aiguës reliées à la baignade en eaux récréatives à plus de 700 millions \$ par année (Shuval 2003). Une étude effectuée en Californie a quant à elle estimé les coûts des traitements médicaux à environ 37 \$ pour chaque cas de gastro-entérite, 77 \$ pour les cas d'affections respiratoires et 38 \$ pour les cas d'infections auriculaires, pour des coûts totaux atteignant plus de trois millions de dollars par année pour deux plages californiennes seulement (Dwight et al. 2005). Dans le même ordre d'idée, les travaux de Given et ses collaborateurs ont estimé que les pertes économiques annuelles reliées aux maladies gastro-intestinales se situeraient entre 20 et 50 millions de dollars pour deux comtés californiens (Given et al. 2006). Par contre, ces études ne tiennent pas compte des pertes reliées à l'industrie touristique et aux économies locales qui pourraient survenir lors de fermetures de plages pour cause de pollution fécale élevée ou suite à la médiatisation d'éclotions de maladies associées à la baignade.

Surveillance des eaux récréatives

Cette section vise à présenter la situation actuelle en matière de surveillance des eaux récréatives ainsi qu'à faire un survol des recommandations actuelles au niveau provincial, national et international.

Surveillance de la qualité de l'eau

Les eaux utilisées à des fins récréatives doivent être suffisamment libres de dangers liés à des micro-organismes ainsi qu'à des éléments physiques et chimiques, afin de minimiser les risques liés à la baignade et d'assurer la sécurité des baigneurs. Les principaux risques microbiologiques incluent les algues et les cyanobactéries, les organismes pouvant proliférer dans les milieux aquatiques comme les amibes et les espèces de *Leptospires*, et finalement les micro-organismes pathogènes provenant de contaminations fécales (WHO 2003). Comme mentionné précédemment, ces contaminations peuvent amener une variété de micro-organismes incluant des bactéries comme *Campylobacter*, *Salmonella*, *Shigella*, *Yersinia*, *Aeromonas*, *Pasteurella* (Savichtcheva and Okabe 2006a), ainsi que des parasites incluant *Giardia*, *Cryptosporidium*, et des virus, notamment les enterovirus, les norovirus et les hépatovirus (Pond 2005). Ces agents pathogènes représentant le risque microbiologique le plus élevé pour la population exposée aux eaux récréatives, il serait important de pouvoir mesurer leur présence efficacement.

Les tests pour dépister précisément des bactéries pathogènes peuvent être effectués lorsque des maladies spécifiques ont été rapportées dans la population ou lorsque la cause d'une affection est inconnue. Par contre, les agents pathogènes d'origine hydrique sont souvent présents à de faibles niveaux et dispersés inégalement dans l'eau, ce qui les rend difficiles à isoler et quantifier, même lors d'écllosion importante (Santé Canada 1992). De plus, il serait très coûteux et laborieux de faire des recherches pour chaque agent pathogène pouvant se retrouver dans une eau de

baignade. Pour ces raisons, l'évaluation de la qualité microbiologique de ces eaux est communément effectuée au moyen d'indicateurs qui sont utilisés comme prédicteurs de la présence d'agents pathogènes d'origine fécale. La majorité de ces indicateurs sont de nature microbienne, mais certains composés chimiques comme le coprostanol et la caféine sont aussi reconnus comme ayant un bon potentiel indicateur pour la pollution d'origine fécale (Glassmeyer et al. 2005; Savichtcheva and Okabe 2006b; Roslev et al. 2008). L'indicateur de pollution fécale idéal devrait répondre à certains critères (Scott et al. 2002; NRC 2006).

Il devrait être :

- constamment présent dans les fèces
- incapable de se reproduire dans l'environnement, mais y survivre plus longtemps que les agents pathogènes
- également ou plus résistant à la désinfection que les agents pathogènes
- présent à chaque fois qu'il y a une contamination fécale et des bactéries pathogènes, mais en plus grand nombre que ces dernières
- mesurable facilement et efficacement
- applicable à tous les types d'eaux récréatives (eau douce, eau salée)

De plus, la concentration de l'indicateur idéal devrait être proportionnelle au degré de contamination fécale et reliée quantitativement au nombre de maladies associées à la baignade.

Historiquement, les indicateurs bactériens de la contamination fécale, incluant *E. coli*, les coliformes totaux et fécaux (ou thermotolérants) et les entérocoques, ont été utilisés par plusieurs programmes de surveillance à travers le monde afin d'évaluer la pollution fécale et la présence de micro-organismes pathogènes dans les eaux de baignade. Leur survie habituellement équivalente dans l'environnement à celle d'un bon nombre de bactéries pathogènes, leur densité généralement corrélée au niveau

de pollution fécale et la facilité technique et économique de leur dénombrement expliquent en partie ce choix (CEAEQ 2005; Oarkhurst et al. 2007). De plus, de nombreuses études ont démontré une assez bonne corrélation entre le niveau de ces indicateurs dans les eaux et le risque de maladies associé à la baignade (Pruss 1998; Wade et al. 2003; Wiedenmann et al. 2006; Wade et al. 2008; Marion et al. 2010). Par contre, plusieurs caractéristiques de ces bactéries imposent un certain nombre de limites à leur utilisation et font qu'ils ne font pas l'unanimité dans la communauté scientifique. Parmi les coliformes fécaux, *E. coli* est le seul dont la présence reflète toujours une contamination d'origine fécale (Edberg et al. 2000). En effet, les groupes de coliformes fécaux et totaux comprennent des bactéries pouvant provenir de l'environnement et d'autres sources de contamination, notamment des espèces de *Klebsiella* et de *Citrobacter* (Edberg et al. 2000). De plus, les *E. coli* et les entérocoques auraient la capacité de se reproduire dans différents environnements, incluant les plans d'eau douce, le sable des plages, ainsi que dans le sol et les cavités de certaines plantes (Anderson et al. 2005; Power et al. 2005; Whitman et al. 2005; Byappanahalli et al. 2006). Une autre limite importante de ces indicateurs est le fait qu'ils ne présentent pas une bonne corrélation avec certains organismes pathogènes, particulièrement avec les parasites *Giardia* et *Cryptosporidium*, ainsi qu'avec les entérovirus humains, incluant les adénovirus (Noble and Fuhrman 2001; Brookes et al. 2005; Schwab 2007). Pour pallier ces contraintes, différents indicateurs alternatifs ont été proposés dans les dernières années, dont voici deux exemples prometteurs.

Clostridium perfringens

Sa capacité à former des spores rend cette bactérie très résistante dans l'environnement et permet par le fait même sa longue survie. Cette bactérie présenterait aussi une meilleure corrélation avec les protozoaires *Giardia* et *Cryptosporidium* que les indicateurs bactériens traditionnels (Payment et al. 2000; Brookes et al. 2005). Toutefois, *C. perfringens* pouvant être détecté à une très grande distance de la source de la contamination fécale, il est considéré comme un indicateur conservateur et les méthodes nécessaires à sa culture et son isolement

sont plus complexes que celles requises pour les indicateurs bactériens traditionnels (Sorensen et al. 1989; Sobsey 2007).

Coliphages F-spécifiques

Les coliphages sont des virus affectant les bactéries coliformes et les matières fécales des humains et des animaux en contiennent différents types, dont les coliphages mâles spécifiques. Ces derniers présenteraient des caractéristiques communes avec des virus entériques humains comme leur taille, leur structure et leur survie dans l'environnement, rendant possible leur utilisation comme indicateur de la présence de ces virus (Havelaar and Pot-Hogbeem 1988; National Research Council 2006). Ils sont cependant peu résistants dans les milieux aquatiques lorsque la température est élevée, les rendant moins attractifs pour les milieux marins et côtiers, mais ils possèdent une meilleure résistance dans les milieux d'eau douce (Sinton et al. 2002; Sobsey 2007).

Malgré les recherches prometteuses au sujet des indicateurs alternatifs, d'autres études concernant leur comportement dans les milieux hydriques de même que des études épidémiologiques sur leur association avec les risques pour la santé humaine demeurent requises avant leur possible application dans les programmes de surveillance (Savichtcheva and Okabe 2006b). En plus, à la lumière des études effectuées sur les différents indicateurs de la qualité de l'eau, il apparaît qu'aucun n'est en mesure de répondre à tous les critères énumérés ci-haut, laissant suggérer qu'une combinaison d'indicateurs serait nécessaire pour permettre une évaluation adéquate de la qualité microbiologique des eaux récréatives (Wade et al. 2003; Schwab 2007; USEPA 2007).

Par ailleurs, une limite importante des indicateurs bactériens est le délai nécessaire à l'obtention des résultats de laboratoire, sachant que la qualité des eaux récréatives peut changer rapidement (Boehm et al. 2002). En effet, dans la majorité des cas, un délai de 24 heures est requis entre le moment de l'échantillonnage et la disponibilité

des résultats. Deux principales avenues ont été explorées dans les dernières années pour remédier à cette contrainte. Dans un premier temps, de nouvelles technologies de laboratoire ont permis de quantifier la présence d'indicateurs bactériens dans les eaux récréatives tout en permettant l'obtention d'un résultat très rapidement. La version quantitative de l'amplification en chaîne par polymérase (QPCR) permet en effet d'évaluer la qualité microbiologique de l'eau en moins de trois heures (Santo Domingo et al. 2003). Une telle évaluation presque en temps réel permettrait de réduire les risques de problèmes de santé liés à la baignade par une meilleure capacité d'action et des prises de décision plus rapides de la part des gestionnaires de plages. Des études effectuées par Wade et ses collaborateurs ont démontré une relation positive entre la probabilité de développer des symptômes gastro-intestinaux et le niveau d'*Enterococcus* mesuré par QPCR dans les eaux récréatives en milieu marin (Wade et al. 2006; Wade et al. 2008). Leurs travaux rapportent de plus une association plus forte avec le niveau d'*Enterococcus* mesuré par QPCR par rapport à celui mesuré par filtration sur membrane (méthode de culture conventionnelle). D'autres études seront toutefois nécessaires pour mieux documenter l'effet des conditions environnementales sur les niveaux d'indicateurs mesurés par de telles méthodes. De plus, bien qu'une étude rapporte une bonne corrélation entre les niveaux d'*Enterococcus* mesurés par QPCR et ceux par filtration sur membrane en eau douce, les associations avec les problèmes de santé n'ont cependant été rapportées que pour les plages situées en milieux marins (Boehm et al. 2002).

La deuxième avenue explorée pour pallier la contrainte de temps des indicateurs bactériens est l'élaboration de modèles prédictifs de la qualité de l'eau. Ces derniers sont des outils développés pour estimer la quantité d'indicateurs fécaux dans les eaux récréatives en temps réel. Les principales variables incluses dans ces modèles statistiques se rapportent habituellement aux conditions météorologiques ainsi qu'à certaines caractéristiques physico-chimiques de l'eau (Olyphant and Whitman 2004; Francly and Darner 2007). En effet, les variables les plus souvent incluses sont la quantité de pluie dans les heures ou les jours précédents, la force et la direction du

vent, la température, la hauteur des vagues, la turbidité de l'eau et le niveau de chlorophylle dans l'eau (Olyphant and Whitman 2004; Nevers and Whitman 2005; Francy et al. 2006; Francy and Darner 2007; Frick et al. 2008). Le pouvoir de prédiction et les méthodes d'évaluation de ces modèles diffèrent d'une étude à l'autre, rendant les comparaisons difficiles. Parmi les travaux recensés indiquant les pourcentages de variation expliquée par les modèles, ceux-ci se situaient entre 40 et 71 % (Olyphant and Whitman 2004; Nevers and Whitman 2005; Francy and Darner 2007; Love et al. 2010). Dans la plupart des cas, ces modèles sont spécifiques à une plage et un indicateur de contamination fécale. Un des défis sera donc d'élaborer des modèles pouvant être utilisés à plusieurs localisations et pour plusieurs indicateurs.

Surveillance des déterminants

Très peu de travaux ont été publiés sur les méthodes permettant de caractériser l'environnement des eaux récréatives à plus haut risque de contamination fécale et ainsi permettre leur suivi. Bien que des études aient été effectuées concernant la pollution chimique des eaux, les équivalents en matière de pollution microbienne demeurent difficiles à répertorier (Gentry et al. 2007; Withers et al. 2009; Neal et al. 2010). En fait, seuls les travaux de Crowther, Kay et leurs collaborateurs ont pu être recensés (Crowther et al. 2002; Crowther et al. 2003; Kay et al. 2005; Kay et al. 2010). Selon les modèles statistiques développés dans leurs études, il ressort que le pourcentage de terres agricoles ainsi que le pourcentage de zones bâties seraient les principaux éléments influençant la qualité microbiologique des eaux étudiées (Crowther et al. 2003; Kay et al. 2010). De plus, en situation de débit de base des cours d'eau, la concentration d'*E. coli* serait davantage influencée par l'occupation du territoire situé dans les deux premiers kilomètres en amont du point d'échantillonnage que par celle du sous-bassin en entier, tandis qu'en période de fort débit, la proportion de terres agricoles situées dans les cinq premiers kilomètres compterait pour plus de 70 % de la variation de cette concentration (Crowther et al. 2003).

Recommandations existantes

Programme Environnement-Plage

Au Québec, le Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs est responsable du suivi de la qualité des eaux récréatives via le programme Environnement-Plage depuis 1973 (MDDEP 2006). Ce programme volontaire a comme objectif d'informer la population de la qualité bactériologique des eaux de baignade des plages publiques via des analyses d'échantillons d'eau prélevés durant la saison estivale. Chaque plage participant au programme se voit attribuer une cote selon la moyenne géométrique des coliformes fécaux de tous les échantillons prélevés pour chaque séance d'échantillonnage, ainsi qu'à la fin de la saison selon la moyenne de tous les échantillons. Les cotes en vigueur pour ce programme sont présentées dans le tableau suivant.

Tableau I. Classification bactériologique des eaux récréatives selon le programme Environnement-Plage (eaux douces)

Moyenne géométrique des coliformes fécaux	Cote attribuée
0 à 20 ufc/ 100 ml	Excellente
21 à 100 ufc/100 ml	Bonne
101 à 200 ufc/100 ml	Passable
201 et plus ufc/100 ml	Polluée

Suivant chaque séance d'échantillonnage, les responsables des plages sont avisés des résultats et la cote attribuée à la plage est affichée près de la zone de baignade.

Lorsque les résultats d'analyse démontrent que la qualité de l'eau est de catégorie D, la municipalité où est située la plage doit procéder à l'interdiction d'accès à la zone de baignade, et ce jusqu'à ce que les responsables de la plage puissent démontrer que l'eau est de nouveau conforme aux normes ci-haut. La fréquence des séances d'échantillonnage est déterminée selon la cote obtenue l'année précédente. Une plage cotée A sera donc échantillonnée une fois par été et même parfois aux deux ans, une plage cotée B sera quant à elle échantillonnée trois fois et les plages cotées

C ou D, ainsi que les nouvelles plages seront échantillonnées cinq fois durant la saison de baignade. Une description détaillée du protocole se retrouve dans une section du guide d'application du programme présenté en annexe.

Recommandations canadiennes

Les recommandations concernant la qualité des eaux récréatives au niveau canadien sont émises par Santé Canada. La dernière version remonte à 1992, et se retrouve dans les Recommandations au sujet de la qualité des eaux utilisées à des fins récréatives au Canada (Santé Canada 1992). Selon ce document, la moyenne géométrique d'au moins cinq échantillons prélevés dans une période maximale de 30 jours ne devrait pas excéder 200 *E.coli* /100 ml (eau douce). Il est aussi indiqué que si l'expérience démontre que plus de 90 % des coliformes fécaux prélevés sont des *E. coli*, la mesure de ceux-ci est adéquate selon cette même norme. Il n'est toutefois pas question de recommandations concernant la fréquence des séances d'échantillonnage couvrant toute la saison de baignade. Il est de plus mentionné qu'une inspection environnementale annuelle devrait être effectuée avant chaque saison estivale, afin d'identifier toutes les sources de contamination potentielles situées sur le territoire à partir duquel s'écoule l'eau qui se retrouvera dans une aire de baignade et ainsi effectuer un meilleur suivi.

Santé Canada procède actuellement à la révision de ses recommandations au sujet de la qualité des eaux utilisées à des fins récréatives au Canada. La troisième édition du document a été rédigée en 2009 et fût disponible pour la consultation publique jusqu'en 2010 (Santé Canada 2009b). Dans ce dernier, il est recommandé de surveiller les eaux récréatives pour toutes possibilités de contamination fécale au moyen de l'indicateur bactérien *E. coli*, en ce qui concerne les eaux douces, sans toutefois mentionner de limites quantitatives. Il est de plus indiqué que la fréquence d'échantillonnage devrait être hebdomadaire afin d'assurer une protection adéquate de la santé humaine. En outre, l'approche à barrières multiples est favorisée et inclue de nouveau la recommandation d'une inspection environnementale annuelle afin de

recenser les caractéristiques de l'environnement proximal des eaux récréatives et de détecter toutes sources de contamination fécale.

Recommandations de l'Organisation mondiale de la santé

Selon l'OMS, l'approche à barrières multiples est privilégiée pour l'évaluation de la contamination fécale des eaux récréatives et elle se traduit par deux principales composantes (WHO 2003):

1. L'inspection sanitaire de l'environnement des plages.
2. L'évaluation de la qualité microbiologique de l'eau (mesure d'indicateurs).

La première composante devrait être effectuée annuellement et aurait comme objectif l'identification des sources les plus importantes de contamination fécale pouvant avoir un impact sur la qualité de l'eau. Les sources considérées devraient comprendre celles d'origines humaines, agricoles et fauniques. La deuxième composante d'évaluation de la qualité microbienne des eaux récréatives devrait quant à elle comporter quelques étapes spécifiques : l'échantillonnage initial pour l'évaluation de la variabilité spatiale, l'échantillonnage intensif et évaluation des résultats et finalement, le suivi pour les années futures avec un échantillonnage réduit. Les plans d'échantillonnage doivent être représentatifs de l'étendue des conditions présentes dans l'environnement de la plage. Une fois combinées, ces composantes ont pour objectif ultime la classification des plages selon le risque et le niveau actuel de pollution fécale. Les principaux objectifs de cette classification sont de fournir de l'information au public sur la sécurité relative des eaux et d'aider dans l'identification et la promotion d'interventions de gestion efficaces et assurer une qualité d'eau adéquate pour la baignade.

Le guide de l'OMS n'indique cependant pas de limite maximale acceptable pour les niveaux d'indicateurs de pollution fécale. Quatre catégories sont toutefois proposées selon la concentration d'entérocoques et le risque de maladies gastro-intestinales associé pour les eaux marines. Pour les eaux douces, il est indiqué qu'étant donné

que ces eaux représentent habituellement un risque plus faible pour la santé humaine, l'application des recommandations pour les eaux marines pourrait fournir un guide conservateur (WHO 2003).

Téledétection, télé-épidémiologie et eaux récréatives

Comme mentionné précédemment, la surveillance des sources et des facteurs pouvant affecter la contamination fécale des eaux récréatives est recommandée. Étant donné que la téledétection peut fournir des données sur un vaste territoire et selon un processus de cueillette constant, cette technique pourrait possiblement contribuer à la mise en place d'un programme de suivi des déterminants agroenvironnementaux associés à cette contamination. Cette section de la revue de la littérature a donc comme objectifs de présenter des notions de base de la téledétection, de relater les éléments importants de la littérature existante concernant les applications de la téledétection en santé publique, ainsi que de présenter les applications possibles dans le contexte de la surveillance des déterminants agroenvironnementaux de la qualité microbiologique des eaux récréatives.

Notions de téledétection

La téledétection peut se définir au sens large par l'acquisition d'information sur un objet sans contact physique avec ce dernier. Plus précisément, et dans le contexte de cette thèse, la téledétection peut se rapporter à la définition suivante : « Technique qui, par l'acquisition d'images, permet d'obtenir de l'information sur la surface de la Terre sans contact direct avec celle-ci. La téledétection englobe tout processus qui consiste à capter et à enregistrer l'énergie d'un rayonnement électromagnétique émis ou réfléchi, à traiter et analyser l'information pour ensuite mettre en application cette information » (CCT 2007).

Processus de la télédétection

Le processus de la télédétection comporte quelques étapes, dont en voici les principales (Figure 3) (Campbell 2007; CCT 2007).

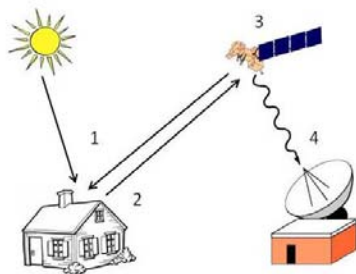


Figure 3. Étapes relatives au procédé de télédétection

1. Source d'énergie et rayonnement

La cible visée doit être illuminée par un rayonnement électromagnétique, pouvant par exemple provenir du soleil ou d'un satellite. Dans certains cas, la cible émettra elle-même ce rayonnement.

2. Interactions rayonnement – cible

Une fois le rayonnement émis, il y aura une interaction entre ce dernier et la cible, selon différents procédés. L'énergie du rayonnement peut être absorbée, transmise ou réfléchi par la cible. En télédétection, c'est l'énergie réfléchi qui est mesurée.

3. Détection et enregistrement par un capteur

Une fois réfléchi, l'énergie sera mesurée par un capteur et enregistrée. Un capteur peut être passif, ce qui signifie que la source de rayonnement utilisée est le soleil et seule cette source d'énergie naturelle est réfléchi par la cible. Le capteur passif peut donc seulement mesurer l'énergie réfléchi lorsque le soleil illumine la Terre. Ces capteurs peuvent néanmoins mesurer l'énergie naturellement dégagée par les cibles, comme l'énergie thermique. Les capteurs actifs quant à eux dégagent leur propre

énergie qui sera ensuite transmise et réfléchi par la cible. Ces capteurs peuvent donc être utilisés à tout moment de la journée. Bien que des capteurs situés sur des plateformes terrestres ou aéroportées soient utilisés, la majorité des données provenant de la télédétection sont recueillies à l'aide de satellites en orbite autour de la Terre. Il existe deux types de satellites. Tout d'abord, les satellites géostationnaires qui permettent d'observer toujours le même endroit de la Terre, en tournant à la même vitesse que celle-ci. Les satellites sur orbite polaire, quant à eux, permettent d'observer tous les endroits de la Terre, en y faisant le tour d'un pôle à l'autre. La vitesse de rotation (résolution temporelle) d'un même satellite est constante, mais elle varie d'un satellite à l'autre.

4. Transmission, réception et traitement

L'énergie enregistrée par le capteur est par la suite transmise à une station de réception. L'interprétation visuelle peut ensuite être faite suivant différents procédés d'extraction.

Satellites d'observation de la Terre et système Landsat

De nos jours, plusieurs entreprises et organismes gouvernementaux opèrent des satellites spécifiquement conçus pour fournir des images d'observation de la Terre. Ces derniers peuvent collecter de l'information et des images dans plusieurs domaines, incluant les cultures, les forêts, les plans d'eau, les milieux urbains et autres utilisations du territoire (Campbell 2007). Ces satellites possèdent de nombreux avantages comme la grande étendue pouvant être couverte, la précision de leurs images, ainsi que la répétitivité et les processus systématiques de captation des images (UNOOSA 2005). Parmi les satellites d'observation de la Terre présentement en orbite, notons les satellites français SPOT, les satellites indiens IRS et les satellites américains Landsat, premiers satellites d'observation de la Terre (Jensen 2005; IRS 2008).

Le premier satellite Landsat a été conçu dans les années 1960 et largué en 1972 par la National Aeronautics and Space Administration (NASA). Depuis ce premier satellite, une série de satellites Landsat ont par la suite été largués (NASA 2011b). De nos jours, seuls Landsat-5 et Landsat-7 sont encore opérationnels. Ces satellites portent plusieurs capteurs et chacun de ceux-ci est en mesure de fournir des images couvrant une scène complète de 170 x 185 km. Ces derniers prennent 16 jours pour effectuer un cycle orbital complet, ce qui en résulte qu'un même endroit peut être observé tous les 16 jours. Les capteurs des satellites Landsat ont une résolution spatiale de 30 m, ce qui signifie que chaque pixel de l'image correspond à une surface au sol de 30 x 30 m (Campbell 2007; NASA 2010b, a).

Les satellites Landsat sont principalement utilisés pour apporter de l'information sur les types de couvertures terrestres et l'utilisation du territoire (Hay 1997; Basnyat et al. 2000; Beck et al. 2000). Ils sont notamment utilisés comme source de données pour les cartographies des couvertures terrestres d'Agriculture et Agroalimentaire Canada, de même que pour le programme de suivi de l'occupation du territoire de la NASA (Agriculture et Agroalimentaire Canada 2008; NASA 2011).

Télédétection et santé publique

Les données de télédétection permettent aux chercheurs d'étudier les caractéristiques biotiques et abiotiques du globe. Depuis les années 1970, ces caractéristiques ont été étudiées sous plusieurs échelles de temps et d'espaces et ont souvent été regroupées sous trois grandes classes : le couvert végétal, le relief du paysage et les plans d'eau (Beck et al. 2000). Depuis les années 1990, les données provenant des technologies de télédétection ont été intégrées dans les domaines de l'épidémiologie et de la santé publique (Rogers and Randolph 2003; Kalluri et al. 2007; Martin et al. 2007; Marechal et al. 2008). Suite à cette intégration, il est maintenant possible de parler de télé-épidémiologie. La télé-épidémiologie consiste au suivi et à l'étude de la distribution de maladies humaines et animales fortement liées aux variations climatiques et environnementales, à l'aide de technologies spatiales, incluant la

télé-détection (Marechal et al. 2008). Plusieurs études ont utilisé des données issues d'images satellitaires dans un but de surveillance, d'identification de facteurs de risque et de cartographie du risque, principalement dans le domaine des maladies à transmission vectorielle (Boone et al. 2000; Ogden et al. 2006; Leblond et al. 2007). Dans une étude portant sur les facteurs de risque environnementaux associés à l'éclosion du Virus du Nil, les auteurs ont utilisé des images du satellite SPOT-4 qu'ils ont classifiées selon le couvert végétal et le type de culture. Ils ont pu, par la suite, utiliser ces catégories comme variables dans un modèle de régression linéaire afin d'identifier les milieux les plus propices aux éclosions du virus (Leblond et al. 2007). Dans une seconde étude, les auteurs ont également utilisé une classification du couvert végétal, calculée à l'aide d'images Landsat, dans le but d'identifier des indicateurs de la présence d'infection chez des souris du Nevada et de la Californie par le virus Sin Nombre (Boone et al. 2000). Ces études démontrent qu'il est possible d'utiliser les types de culture et les types de végétation comme variables pouvant apporter une information pertinente sur les facteurs de risque environnementaux. À l'aide d'images satellitaires, il est aussi possible de calculer certains indices de végétation pouvant renseigner sur la densité et la qualité du couvert végétal (Rinaldi et al. 2005; Ogden et al. 2006; Flynn et al. 2008). Dans l'étude de Ogden et al., les auteurs ont calculé trois de ces indices afin de prédire les habitats favorables aux populations de tiques et ainsi cibler les zones à risque pour les humains (Ogden et al. 2006). Dans un autre ordre d'idée et concernant les plans d'eau, des images satellitaires ont également été utilisées dans la construction de modèles prédictifs servant à déterminer le niveau de *Vibrio cholerae*, bactérie responsable du choléra, dans les milieux marins (Lobitz et al. 2000; De Magny et al. 2008). Ces outils permettraient de mieux prédire les éclosions de cette maladie et par le fait même de pouvoir guider les actions nécessaires afin de prévenir les populations à risque.

L'utilisation des images satellitaires en santé publique pourrait amener de nombreux avantages. Tout d'abord, les satellites peuvent couvrir un très vaste territoire et

fournir des images de plusieurs centaines de km² (Messina and Crews-Meyer 2000; UNOOSA 2005; Royer et al. 2007). Dépendamment des capteurs utilisés, la totalité du globe peut être couverte, améliorant grandement l'accessibilité aux régions éloignées ou difficiles d'accès lors de catastrophes. Les satellites peuvent de plus fournir des images pendant plusieurs années, permettant ainsi un suivi et des analyses temporelles des changements environnementaux (Campbell 2007). Autre fait important, un capteur satellitaire mesure et enregistre toujours le rayonnement réfléchi par la cible selon le même procédé (UNOOSA 2005). Cette constance rend donc possible la comparaison dans le temps des données prises par ce capteur. En outre, certains capteurs possèdent une résolution spatiale très élevée, ce qui résulte en des images d'une très grande précision. Notons par exemple les capteurs GeoEye et WorldView, ayant des résolutions spatiales respectives de 1 et 0,5 m (DigitalGlobe 2010; GeoEye 2011). Cette caractéristique permet donc la localisation de petites structures comme des bâtiments de fermes, des maisons, ou encore des édifices se rapportant à des services de santé, ce qui peut contribuer à cibler les sources de pollution, localiser des populations à risque, ou encore faciliter les interventions en situation d'urgence (UNOOSA 2005).

L'utilisation de ce type de données dans le domaine de la santé publique est aussi limitée par certains facteurs. Le traitement et l'extraction des données provenant des capteurs nécessitent des ressources spécialisées, du point de vue humain, mais aussi en termes de logiciels informatiques (Messina and Crews-Meyer 2000b). Les contraintes financières associées à ces ressources ainsi qu'à l'acquisition d'images satellitaires sont évoquées comme limites à l'utilisation des données issues de telles images (Correia et al. 2004; Rundquist et al. 2006). Un manque de connaissances des technologies spatiales et de leur potentiel serait aussi une limite à leur utilisation par la communauté de santé publique (Kalluri et al. 2007).

Télédétection et eaux récréatives

Pour le moment, les principales utilités de la télédétection dans le domaine des eaux récréatives se rapportent à de la modélisation en temps réel, le plus fréquemment en lien avec la quantité de cyanobactéries (Kutser et al. 2006; Duan et al. 2008). Ces modèles visent à prédire la prolifération des algues en développant entre autres des indices mesurant les caractéristiques de l'eau (température, biomasse) et les variations de celles-ci (Kutser et al. 2006). Les images satellitaires peuvent également contribuer à l'évaluation de la qualité de l'eau en permettant la mesure de paramètres comme la turbidité (Koponen 2002; Sawaya et al. 2003). De plus, la « *satellite lake observatory initiative* » est un programme interagence américain qui a pour objectif le suivi spatial et temporel des tendances dans la qualité de l'eau des lacs sur une base continue en intégrant des données de télédétection provenant de satellites et se rapportant principalement à la turbidité de l'eau. Ce programme peut donc fournir des cartes journalières informant sur la qualité de l'eau des lacs (Lillesand and Chipman 2009).

Par contre, aucune méthode pour mesurer les principaux déterminants environnementaux ou caractériser le risque environnemental associé à la contamination fécale des eaux récréatives à l'aide d'images d'observation de la Terre n'a été recensée dans la littérature. Les images satellitaires peuvent néanmoins fournir de l'information sur les couvertures terrestres et les occupations du territoire étant reconnues comme ayant une influence sur la qualité de l'eau. Premièrement, les terres agricoles peuvent être identifiées et classifiées à l'aide de telles images (Goetz et al. 2002). Il a été démontré que ces terres, regroupant les terres en culture et les pâturages, pouvaient contribuer à l'apport de micro-organismes fécaux dans les cours d'eau, suite à l'épandage de fumier et au dépôt direct de matières fécales par les animaux aux champs (Rodgers et al. 2003; Ramos et al. 2006). Deuxièmement, le degré d'urbanisation d'une région peut être évalué par les images satellitaires à l'aide des surfaces imperméables (Arnold and Gibbons 1996; Zhang et al. 2010). Ces surfaces correspondent aux surfaces empêchant l'infiltration de l'eau et représentent

les surfaces bâties comme les maisons, les routes et les stationnements. Les régions urbaines sont également liées à la pollution fécale des cours d'eau par le biais des rejets des usines de traitement des eaux usées, le ruissellement urbain et les ouvrages de surverse (Young and Thackston 1999; Mallin et al. 2000). Pouvoir mesurer l'étendue des régions urbaines par télédétection pourrait contribuer à mieux comprendre et quantifier leur influence sur la qualité microbiologique des plans d'eau. Troisièmement, les images satellitaires peuvent fournir de l'information précise sur les surfaces forestières et les milieux humides, tous deux étant reconnus comme des couvertures terrestres pouvant contribuer à diminuer la contamination fécale des cours d'eau en agissant comme filtre pour les micro-organismes (Tong and chen 2002; Campbell 2007; Ye et al. 2009).

Exposé et analyse des résultats

Les chapitres suivants présentent les quatre articles scientifiques rédigés dans le cadre de la présente thèse. Les données de qualité de l'eau ayant été utilisées dans ces articles proviennent du programme provincial de suivi de la qualité de l'eau, le programme Environnement-Plage. Des sections extraites du guide d'application de ce programme concernant les méthodes d'échantillonnage et la classification des plages peuvent être consultées en annexe 1. De plus, l'annexe 2 présente des tableaux descriptifs des données utilisées.

Antimicrobial resistant *Escherichia coli* in public beach waters in Quebec²

Patricia Turgeon¹, Pascal Michel^{2,1}, Patrick Levallois^{3,4}, Pierre Chevalier³, Danielle Daignault², Bryanne Crago^{5,6}, Rebecca Irwin², Scott A. McEwen⁷, Norman F. Neumann^{8,9}, Marie Louie^{5,6}

1. Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, QC
2. Laboratory for Foodborne Zoonoses, Public Health Agency of Canada, Guelph, ON
3. Institut national de santé publique du Québec, Québec, QC
4. Centre Hospitalier Universitaire de Québec, Université Laval, Québec, QC
5. Faculty of Medicine, Microbiology and Infectious Diseases, University of Calgary, Calgary, AB
6. Alberta Provincial Laboratory for Public Health (Microbiology), Calgary, AB
7. Ontario Veterinary College, University of Guelph, Guelph, ON
8. School of Public Health, University Terrace, Edmonton, AB
9. Alberta Provincial Laboratory for Public Health, Edmonton, AB

² Article accepté pour publication dans le *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology* (février 2011)

Abstract

INTRODUCTION: Human exposure to antimicrobial resistant bacteria may result in the transfer of resistance to commensal or pathogenic microbes present in their gastrointestinal tract and may lead to severe health consequences and difficulties in treatment of future bacterial infections. We hypothesized that recreational waters from beaches represent a source of antimicrobial resistant *Escherichia coli* for people engaging in water activities. The main objective of this study was to describe the occurrence of antimicrobial resistant *E. coli* in recreational waters of beaches in southern Quebec, Canada.

METHODS: Sampling occurred during two summers; in 2004, 674 water samples were taken from 201 beaches and 628 water samples from 177 beaches in 2005. The minimum inhibitory concentrations for the antimicrobial resistant *E. coli* isolates against a panel of 16 antimicrobials were determined using microbroth dilution.

RESULTS: For 2004 and 2005 respectively, 28 % and 38% of beaches sampled had at least one water sample contaminated by *E. coli* resistant to one or more antimicrobials and more than 10 % of the resistant isolates were resistant to at least one antimicrobial of clinical importance for human medicine. The three antimicrobials most represented were tetracycline, ampicillin and sulfamethoxazole.

DISCUSSION: Recreational waters of these beaches represent a source of antimicrobial resistant bacteria for people engaging in water activities and further assessment relating to attribution and significance for public health should be pursued.

Keywords: Antimicrobial resistance, *E. coli*, Environment, Public Health, Recreational waters,

Introduction

Human exposure to antimicrobial resistant bacteria may result in the transfer of antimicrobial resistance to commensal or pathogenic microbes present in their gastrointestinal tract and may lead to severe health consequences. Increase of antimicrobial resistance can lead to greater morbidity and mortality due to bacterial infections, limited therapy alternatives and delayed administration of effective therapies. Bacterial resistance capacity can be intrinsic or can be the result of mutation or transfer of resistant genes from other bacteria (1). Microorganisms can be resistant to one or more antimicrobial agent and come from different sources, including the food chain and the environment (2,3). Environmental sources are multiple and can include water exposure through drinking or recreational activities. As such, aquatic ecosystems may represent a reservoir for antimicrobial resistant bacteria and a potential medium for the spread and the evolution of antimicrobial resistance (4,5).

To our knowledge, few studies have described the exposure to antimicrobial resistant bacteria through recreational waters for people engaged in water / bathing activities. This study was a part of a wide Canadian research initiative entitled “*Prospective Multi-Province Surveillance for Antimicrobial-Resistant Escherichia coli in Drinking and Recreational Source Waters: Impact on Humans and the Environment*” (Antimicrobial Resistant Organism - ARO Water Study). The main objective of this component was to determine the occurrence of antimicrobial resistant microorganisms in recreational waters of beaches in the southern Quebec, Canada. We hypothesised that recreational waters from beaches represent a source of antimicrobial resistant *Escherichia coli* for people engaging in water activities. *E. coli* was used as a biological indicator for fecal contamination in water sources. These bacteria are known to be a reservoir of resistance genes, and horizontal gene transfer between different strains of *E. coli* and other intestinal organisms have been demonstrated (6,7).

Methods

This prevalence study aimed to estimate the occurrence of antimicrobial resistant *E. coli* in public beaches located on lakes in southern Quebec, Canada. The beaches included in this study were those participating in the provincial public beach surveillance program during the summers of 2004 and 2005 (Figure 4).

Sampling

Water samples were obtained from the provincial public beach surveillance program during the summers of 2004 and 2005. In this program, beaches are sampled continuously throughout the bathing period, usually from mid-June to the first week of September and the sampling frequency for each beach is determined by the results of water quality testing from the preceding year. For this surveillance program, beaches are classified in four sanitary groups at the end of each summer according to the average fecal coliform concentration: a group A beach has result of 0-20 colony-forming unit/100mL and is tagged as “excellent quality”. Similarly, a group B beach (“good”) has 21-100 CFU/100 mL, group C (“poor”) has 101-200 CFU/mL and group D (“polluted”) has over 200 CFU/100mL found in the sampled water. Beaches in group A are sampled at least once every two years, with the possibility of being sampled annually and more frequently. Beaches in class B are sampled at least three times a year and beaches in classes C and D and new beaches are sampled at least five times in a year. For each sampling session, or harvesting, the number of samples collected is a function of the beach length. Number of samples taken ranges from six, for a beach of 60 meters or less, to 30 for a beach of 721 meters or more. Each sample is taken inside the bathing area (delimited by floating cables) and the distance between each sampling location is set at equal lengths across a given beach. Water samples are taken at 15cm depth and the sampling pattern is adapted to the beach layout (linear or circular) to make sure that spatial distribution of the contamination is well assessed. For a linear beach with a bathing area depth of greater than 1.2 meters, sampling is performed using a “W” pattern, while for a linear beach having a bathing area with a water depth less than

1.2 meters, a linear sampling pattern is used. For a circular beach, a linear sampling pattern is also performed for the entire circumference of the bathing area with no consideration of water depth. All water samples are collected using a 250 mL sterile polypropylene bottle containing sodium thiosulfate although beaches using chlorination (N=9) were not included in this study. The bottle is submerged in water and the cap is removed only at the sampling time and replaced immediately after collection. Samples are preserved at 4°C and transported to the laboratory within 24 hours. A detailed description of this beach surveillance program is available (8).

Microbial analysis

As part of the same surveillance program, beach waters were quantified by membrane filtration and microbiologically tested for fecal coliforms on mFC agar (Dalynn, Calgary, AB, Canada), following the procedure described by the *Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec* (9). For this study, for each harvesting of a beach, up to five different morphotypical colonies suggestive of fecal coliforms were selected from five mFC agar plates randomly chosen. Selected colonies were cultured on a tryptic soy base (TSB) agar slant (Difco, Lawrence, KS, USA) for 24 hrs at 44°C. Slants were then transferred on ice by priority airmail to the study laboratory in Calgary, Alberta, to ensure a delivery in less than 24 hrs. Growth from the slant was frozen in skim milk upon receipt and processed within one year from the date of water sampling. Recovery of bacteria when samples were processed immediately versus after freezing for up to one year was not affected by prolonged storage (data not shown). To differentiate other fecal coliforms from *E. coli*, bacteria archived in skim milk were cultured onto X-Gluc agar (Dalynn, Calgary, AB, Canada) for 18-24 hrs at 35°C. Up to five blue/green colonies suggestive of *E. coli* of different morphotypes were picked and inoculated to TSB broth and incubated at 35°C for 4-6 hrs to promote growth.

An aliquot of 0.01 mL TSB broth bacterial suspension was screened by an agar plate method for antimicrobial resistance using a MacConkey agar control plate without antimicrobials and six MacConkey plates each containing a different

antimicrobial: ampicillin 8 µg/mL, gentamicin 8 µg/mL, nalidixic acid 4 µg/mL, streptomycin 32µg/mL, sulfamethoxazole 156 µg/mL, tetracycline 4 µg/mL. Based on our experience from a pilot experiment, the concentration of antimicrobial used in the agar screen method was selected to be lower, if possible, than the human resistance breakpoint in order to be sufficiently sensitive for screening. The choice of these concentrations was made in order to improve the sensibility of the test and capture a maximum amount of antimicrobial resistant isolates to be processed by NARMS. These concentrations also contributed to prevent inadvertent background overgrowth by fecal coliforms other than *E. coli*. In order for an isolate to be classified as “resistant”, the MIC determined by NARMS had to be greater than or equal to the human breakpoint. Antimicrobial screen plates were manually read to identify growth of morphologically presumptive *E. coli* colonies. The pilot study determined that in a given water sample, multiple *E. coli* colonies are most often clonal when typed by pulsed field gel electrophoresis regardless of the antimicrobial plate from which the isolates were selected, and that results from agar screen method were highly correlated with those generated by microbroth dilution method (Table II). Since the pilot study also determined that the highest frequency of resistance was detected on tetracycline media, if growth was seen on multiple antimicrobial screen plates, a single isolate was picked from the tetracycline one and the selected isolate was assumed to be representative of the predominant *E. coli* clone in the water sample. To ensure that the agar screening method did not miss any resistance, one presumptive *E. coli* isolate was also selected from one in 10 (in 2004) and one in 20 (in 2005) water samples found to have no resistance by the agar screen method, and submitted for testing by microbroth dilution.

Presumptive *E. coli* isolates screened as being resistant were confirmed as *E. coli* by API 20E (Biomérieux, Qc, Canada). The minimum inhibitory concentrations for the antimicrobial resistant *E. coli* isolates against a panel of 16 antimicrobials (National Antimicrobial Resistance Monitoring System or NARMS, CDC, USA) were determined using microbroth dilution. : amikacin (concentration range 0.5-4 µg/mL), amoxicillin/clavulanic acid (1/0.5-32/16 µg/mL), ampicillin (1-32 µg/mL),

cefoxitin (0.5-16 µg/mL), ceftiofur (0.12-8 µg/mL), ceftriaxone (0.25-64 µg/mL), cephalothin (2-32 µg/mL), chloramphenicol (2-32 µg/mL), ciprofloxacin (0.015-4 µg/mL), gentamicin (0.25-16 µg/mL), kanamycin (8-64 µg/mL), nalidixic acid (0.5-32 µg/mL), streptomycin (32-64 µg/mL), sulfamethoxazole (16-512 µg/mL) , tetracycline (4-32 µg/mL), and trimethoprim/sulfamethoxazole (0.12/2.38-4/76 µg/mL) (10). The microbroth dilution method was performed using an automated system (Sensititre™ Automated Microbiology System, Trek™ Diagnostic Systems Ltd, West Sussex, England) which is a commercially available broth dilution technique that makes use of dehydrated antimicrobials in the wells of microtitre plates. Results were interpreted using the resistance breakpoints relevant to human health as outlined by the Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) guidelines (11). An isolate was considered resistant if it had an MIC value above the human breakpoint for at least one antimicrobial.

Statistical analysis

Fisher's exact test was performed to determine if the proportions of resistant *E. coli* isolates and the proportion of beaches with at least one resistant *E. coli* isolate were different between 2004 and 2005. Differences among the proportion of *E. coli* isolates resistant to the three antimicrobials most represented were assessed with a McNemar test. In looking at whether the level of resistance differed across the various beach sanitary groups, we perform a Chi-square test. All the statistical procedures were done using SAS software (SAS 9.1, SAS Institute Inc. NC, USA).

Results

According to the provincial surveillance program, sampling for both summers happened from mid-June to mid-August and was continuous throughout these periods. In 2004, 201 beaches were included in the study and sampled in average three times in the summer (min=1, max=8), with a mean of eight samples by harvesting (min=6, max=12). In 2005, 177 beaches were included in the study and the mean number of harvesting per beach was three (min=1, max=6), with a mean

of eight samples by harvesting (min=6, max=18). A total of 674 *E. coli* isolates from the 201 beaches in 2004, and 628 *E. coli* isolates from the 177 beaches in 2005 were analysed for antimicrobial resistance by microbroth dilution, with a mean of three isolates per beach for each summer. In total, 237 unique beaches were sampled during the study period over the two summers and 141 beaches were sampled in both 2004 and 2005. The smallest beach was 10 meters long, the longest one was 400 meters, and the majority (60%) were less than 60 meters. Figure 5 shows the distribution of antimicrobial resistance to 16 antimicrobials tested for all resistant *E. coli* for both summers.

The three antimicrobials most represented were tetracycline, ampicillin and sulfamethoxazole. In 2004, the proportion of *E. coli* isolates resistant to tetracycline was significantly greater than the proportion of *E. coli* isolates resistant to ampicillin (McNemar test; $p < 0.001$) and sulfamethoxazole (McNemar test; $p < 0.001$). Comparable results were obtained from the data of 2005, the proportion of *E. coli* isolate resistant to tetracycline being significantly greater than the proportion of *E. coli* isolate resistant to ampicillin (McNemar test; $p = 0.042$) and sulfamethoxazole (McNemar test; $p = 0.004$). The differences between the ampicillin and sulfamethoxazole were not statistically different in 2004 (McNemar test $p = 0.527$) and 2005 (McNemar test; $p = 0.206$). In 2004, 89 (13.2%) isolates were resistant to at least one antimicrobial (“general resistance”) and of these, 56 (62.9%) were resistant to at least two antimicrobials and 41 (46.1%) were resistant to at least three antimicrobials. According to the categorisation of antimicrobial drugs based on importance in human medicine by Health Canada (2006), 12 (13.5%) of the 89 isolates with a general resistance were resistant to at least one antibiotic in class I (very high importance), 59 (66.3%) in class II (high importance) and 79 (88.8%) in class III (medium importance). In the summer of 2005, 101 (16.1%) isolates showed a general resistance and of these, 67 (66.3%) were resistant to at least two antimicrobials and 57 (56.4%) were resistant to at least three antimicrobials. For that year, 11 (10.9%) of the resistant isolates were resistant to antimicrobials belonging to class I and 79 (78.2%) to both classes II and III. The difference between the

proportions of isolates showing a general resistance in 2004 and 2005 was not statistically different (Fisher's Exact Test; $p = 0.15$).

Among the 201 beaches sampled in 2004, 56 (27.9%) had at least one isolate classified resistant to at least one antimicrobial, 40 (19.9%) had at least one isolate resistant to two or more antimicrobials and 32 (15.9%) had at least one isolate resistant to three or more antimicrobials. Similar results were observed in 2005 for which 177 beaches were sampled and 68 (38.4%) had at least one isolate classified resistant to at least one antimicrobial, 50 (28.2%) had at least one isolate resistant to two or more antimicrobials and 45 (25.4%) had at least one isolate resistant to three or more antimicrobials. Table III shows the antimicrobial resistance distribution by beach sanitary group and for both years. Table IV shows distribution of general resistance for each beach group.

In looking at whether the level of resistance differed across the various beach sanitary groups, we performed a Chi-square test and noted no statistical significance in the percentage of beaches with at least one *E. coli* isolate resistant to one or more antimicrobials between the group "A" (Excellent) and "B" (good) for the year 2004 ($p = 0.251$) and 2005 ($p = 0.192$). Statistical testing was not performed for group "C" and "D" due to very low number of beaches falling into these categories during the two years of the study. In terms of consistency of antimicrobial resistance results for the same beach, 22 beaches had at least two *E. coli* resistant isolates in 2004 and of these, 10 (45.4%) had all their isolates resistant to the same antimicrobials and nine (40.9%) had all their isolates resistant to two or more antimicrobials. In 2005, 24 beaches had at least two *E. coli* resistant isolates and of these, 12 (50%) had all their isolates resistant to the same antimicrobials and 11 (45.8%) had all their isolates resistant to two or more antimicrobials. Of the 141 beaches sampled in both summers, 17 (12.1%) had at least one isolate in each summer with general resistance, 65 (46.1%) beaches had all isolates of both year susceptible to the 16 antimicrobials tested. Among the 17 beaches with resistant *E. coli* samples in 2004 and 2005, none had all their isolates with the same antimicrobial resistance profile and four (23.5%) had all their samples isolates

resistant to two or more antimicrobials. Among the 141 sampled in both summers, the difference between the proportions of beaches having at least one isolate resistant to at least one antimicrobial in 2004 and 2005 was not statistically different (Fisher's Exact Test; $p = 0.076$).

Discussion

Overall, these results are congruent with another study showing that 14% of isolates of *E. coli* from Great Lakes recreational waters, Ontario, Canada, carried antimicrobial resistance genes and that the most frequently found genes were the ones coding for resistance to tetracycline, ampicillin and streptomycin (12). Resistance to these three antimicrobials is also present in other sources of human exposure. Interestingly, tetracycline and ampicillin were the two types of antimicrobials where resistance was detected in a high percentage in *E. coli* isolated from pork and beef detailed meat products, according to figures presented in the 2004 and 2005 reports of the Canadian Integrated Program of Antimicrobial Resistance Surveillance (2,13). Our results are also concordant with a previous study investigating the prevalence of antimicrobial resistant bacteria in drinking water of private wells in the Province of Ontario, Canada which showed that the highest frequencies of antimicrobial resistance were for the similar antimicrobials (tetracycline, sulfamethoxazole and streptomycin) (14).

We also noted that over the two years investigated, an average of one beach out of three demonstrated the presence of *E. coli* with general resistance (resistance to a least one antimicrobial) and that more than 10 % of the resistant isolates were resistant to at least one antimicrobial in the very high importance category for human medicine. These findings are noteworthy in terms of public health, given that these antimicrobials are important for the treatment of serious bacterial infections in humans. There is a concern that emergence of resistance to these agents may result in limited or lack of alternative effective treatment options. In light of these preliminary findings, it also appears that public beaches in the southern Quebec, Canada might represent a source of exposure to antimicrobial resistant bacteria and

this could constitute a health risk for people engaging in water activities at these locations. Although there is currently no published data confirming direct transfer of antimicrobial resistance genes from the environment to human, some studies showed that the *in vitro* and *in vivo* intestinal transfer of genetic material with resistance genes is possible among transient or commensal resident bacteria (7, 15-17). Evidence for transfer of CMY-2 AmpC beta-lactamase plasmids between *E. coli* and *Salmonella* isolates from food animals and humans have been reported where these plasmids can readily move between different organisms and can harbour multiple antimicrobial resistance genes (7). In a previous report, an acquired, plasmid-mediated, Amp-C beta-lactamase gene, CMY-2 has also been identified on *E. coli* from water samples. Similarities of the CMY-2 containing plasmids identified in *E. coli* isolates of water origin as well as in human and animal clinical isolates highlight the potential for transmission of multidrug resistance phenotypes from water sources. Antimicrobial resistant bacteria ingested with water during bathing activities could thus transfer their antimicrobial resistance genes to bacteria of the intestinal flora of bathers. Transferred genes can act as a reservoir of genetic material available to transient or colonized bacterial populations, including pathogens. Horizontal transfers like these can involve genetic material like plasmids and transposons that carry more than one marker of resistance and have the potential to transfer many mechanisms of resistance against different antimicrobials in a single transfer (18). The presence of antimicrobial resistant *E. coli* may also indicate the presence of other antimicrobial resistant bacteria, due to a transfer of antimicrobial resistance genes in the water environment (20-22). Overall, antimicrobial resistance in bacterial populations could have—serious public health consequences like prolonged disease duration and increased frequencies of septicaemia, hospitalisations and deaths (23).

One of our study limits is the choice of *E. coli* as an indicator of the presence of antimicrobial resistant bacteria. These bacteria are used as a biological indicator for fecal contamination in water sources and are also known to be a reservoir of resistance genes, but they are naturally resistant to some antimicrobials like those in

class of glycopeptides. For this reason, we did not test our water samples for this class of antibiotic. A combination of two indicators, such as *E. coli* (Gram -) and *Enterococcus* (Gram +) could have resulted in a more accurate estimate of the occurrence of antimicrobial resistance level in this setting, allowing us therefore to test for a broader antimicrobial spectrum. The extent of resistance in beach water samples may have been underestimated given that we selected only one representative *E. coli* isolate from each water sample to be screened for resistance. This isolate was only a representative of the composite of all the *E. coli* from a water sample, and that the antimicrobial resistance phenotype represented at the least, the predominant clone within the sample. The intent of this study was to establish whether water is a potential reservoir for antimicrobial resistance, and if so, to determine the spectrum of antimicrobial resistance phenotypes. Further studies would be needed to determine the ecology of antimicrobial resistant *E. coli* in this environment, and the dynamics of transmission and persistence over time. Another limiting element of this study relates to the sampling frequency of beaches under investigation. Because the sampling frequency of a given beach in the provincial surveillance program is determined by the result of the precedent year's water quality, beaches with a better quality (the most common in this study) are only sampled a few times. This low power of detection might have affected the representativeness of beaches with excellent water quality and introduce a bias in the estimation of resistance prevalence, giving a lower prevalence of beaches with at least one water sample resistant to antimicrobial.

Beach contamination with fecal bacteria carrying antimicrobial resistance characteristics involves an interaction of complex phenomena, including factors related to human and animal population densities, medical and veterinary use of antimicrobials, meteorological events and landscape features. Public health risk related to human exposure to water containing antimicrobial resistant bacteria is difficult to quantify. Ongoing initiatives and surveillance programs aiming at monitoring microbial water quality should include activities specific to the detection

of resistance bacteria from recreational water to further assess the significance and the geographical extent of this concern in various populations.

Acknowledgments

This study was made possible by the valued contribution of the members of the ARO Research Group (alphabetical order): S. Braithwaite, M. Buzzelli, P. Cantin, B. Ciebin, B. Coleman, C. Guenette, F. Jamieson, M. Jerrett, and M. Mulvey. The private testing laboratories that also played an integral role in this study are as follows: AquaMac: M. Guilbeault; BIOLAB, Joliette, Thetford Mines and Cap-de-la-Madeleine: I. Barette, M. Boily, K. Guay; BioServices 1995 Inc.: C. Dalpe; MicroB: B. Skora; Microbios Analytique Inc.: C. Coulombe; Laboratoire d'analyses S.M. Inc., Sherbrooke, Varennes: C. Letoumeau, L. Gagnon; Les Consultants VETCO Inc.: V. Germain. The authors also acknowledge Linda Chui for her contribution in the pilot study and her significant implication in the data interpretation.

The authors also acknowledge people involved in the provincial public beach surveillance program (Programme Environnement-Plage), and more specifically, Alain Lavoie, Agnès Godin and Marc Gignac. This study was funded by the Canadian Health Research Institutes (SFW 66539), the Public Health Agency of Canada and the Université de Montréal.

References

1. Tenover FC. Mechanisms of antimicrobial resistance in bacteria. *Am J Med* 2006; 119:S3-10; discussion S62-70.
2. Public Health Agency of Canada. Canadian Integrated Program of Antimicrobial Resistance Surveillance (CIPARS) 2005. Government of Canada, 2007.
3. Schmitt H, Stoob K, Hamscher G, et al. Tetracyclines and tetracycline resistance in agricultural soils: Microcosm and field studies. *Microb Ecol* 2006; 51:267-76.

4. Ash RJ, Mauck B, Morgan M. Antibiotic Resistance of Gram-Negative Bacteria in Rivers, United States. *Emerg Infect Dis* 2002; 8:713-6.
5. Biyela PT, Lin J, Bezuidenhout CC. The role of aquatic ecosystems as reservoirs of antibiotic resistant bacterial and antibiotic resistance genes. *Water Sci Technol* 2004; 50:45-50.
6. Nikolich MP, Hong G, Shoemaker NB, et al. Evidence for natural horizontal transfer of tetQ between bacteria that normally colonize humans and bacteria that normally colonize livestock. *Appl Environ Microbiol* 1994; 60:3255-60.
7. Winokur PL, Vonstein DL, Hoffman LJ, et al. Evidence for transfer of CMY-2 AmpC beta-lactamase plasmids between *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from food animals and humans. *Antimicrob Agents Chemother* 2001; 45:2716-22.
8. Programme Environnement-Plage. Ministère du développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
<http://www.mddep.gouv.qc.ca/programmes/env-plage/index.htm> (Version current at May 15th, 2008).
9. CEAEQ. Recherche et dénombrement des coliformes fécaux (thermotolérants) et confirmation à l'espèce *Escherichia coli* : méthode par filtration sur membrane. MA. 700 – Fec.Ec 1.0. Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec, 2005: 20 p.
10. CDC. Antimicrobial Resistance Monitoring System for Enteric Bacteria (NARMS): 2002 Human Isolates Final Report. Center for Disease Control and Prevention, 2004:
11. NCCLS. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; thirteenth informational supplement, M100-S13. National Committee for Clinical Laboratory Standards, 2003:
12. Hamelin K, Bruant G, El-Shaarawi A, et al. A virulence and antimicrobial resistance DNA microarray detects a high frequency of virulence genes in

- Escherichia coli* isolates from Great Lakes recreational waters. *Appl Environ Microbiol* 2006; 72:4200-6.
13. Public Health Agency of Canada . Canadian Integrated Program of Antimicrobial Resistance Surveillance (CIPARS) 2004. Government of Canada, 2006:
 14. Nguon RS. Facteurs agro-environnementaux associés à la résistance antimicrobienne d'*Escherichia coli* dans l'eau potable des puits du sud de l'Ontario. Master thesis: Université de Montréal, 2007: 104 p.
 15. Blake DP, Hillman K, Fenlon DR, et al. Transfer of antibiotic resistance between commensal and pathogenic members of the Enterobacteriaceae under ileal conditions. *J Appl Microbiol* 2003; 95:428-36.
 16. Lester CH, Frimodt-Moller N, Hammerum AM. Conjugual transfer of aminoglycoside and macrolide resistance between *Enterococcus faecium* isolates in the intestine of streptomycin-treated mice. *FEMS Microbiol Lett* 2004; 235:385-91.
 17. Lester CH, Frimodt-Moller N, Sorensen TL, et al. In Vivo Transfer of the vanA Resistance Gene from an *Enterococcus faecium* Isolate of Animal Origin to an *E. faecium* Isolate of Human Origin in the Intestines of Human Volunteers. *Antimicrob Agents Chemother* 2006; 50:596-9.
 18. Acar J, Rostel B. Antimicrobial resistance: an overview. *Rev Sci Tech (OIE)* 2001; 20:797-810.
 19. Mataseje LF, Neumann N, Crago B, et al. Characterization of cefoxitin-resistant *Escherichia coli* isolated from recreational beaches and private drinking water in Canada between 2004 and 2006. *Antimicrob Agents Chemother* 2009; AAC.01353-08.
 20. Jones OAH, Voulvoulis N, Lester JN. Potential impact of pharmaceuticals on environmental health. *Bulletin of World Health Organisation* 2003; 81:
 21. Agerso Y, Peterson A. The tetracycline resistance determinant Tet39 and the sulphonamide resistance gene sulII are common among resistant *Acinetobacter*

- spp. isolated from integrated fish farms in Thailand. *J Antimicrob Chemother* 2007; 59:23-7.
22. Baquero F, Martinez J-L, Canton R. Antibiotics and antibiotic resistance in water environments. *Curr Opin Biotechnol* 2008; 19:260-5.
 23. Barza M, Travers K. Excess infections due to antimicrobial resistance: The "attributable fraction". *Clin Infect Dis* 2002; 34:S126-S30.

Figures

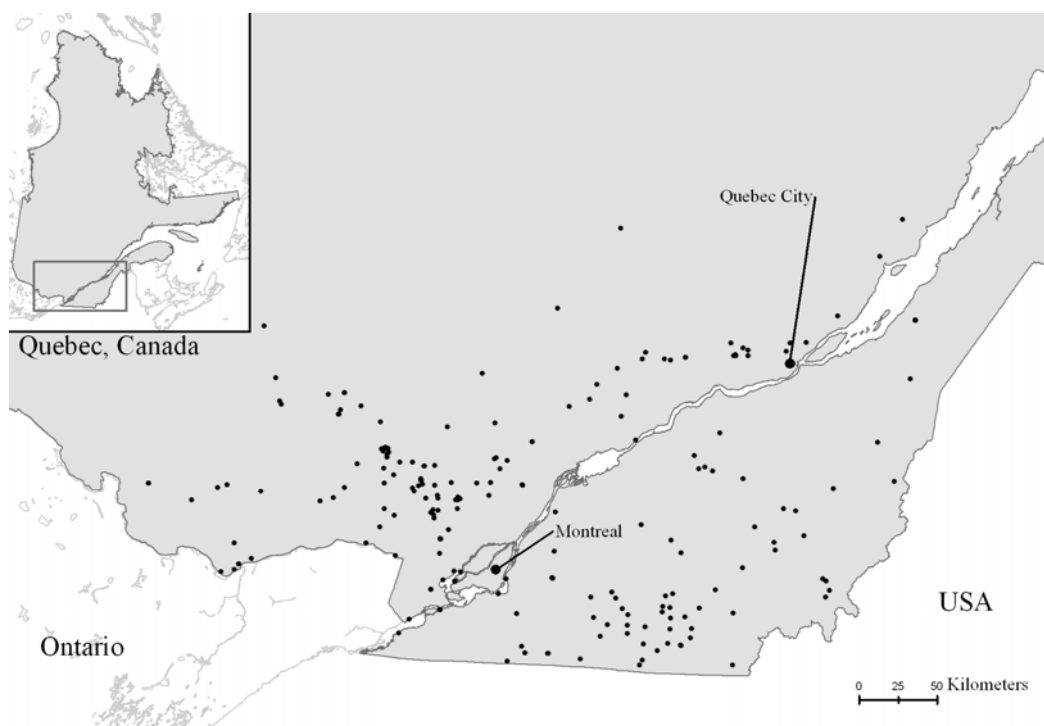


Figure 4. Public beaches located in the southern Quebec and included in the study (N= 237).

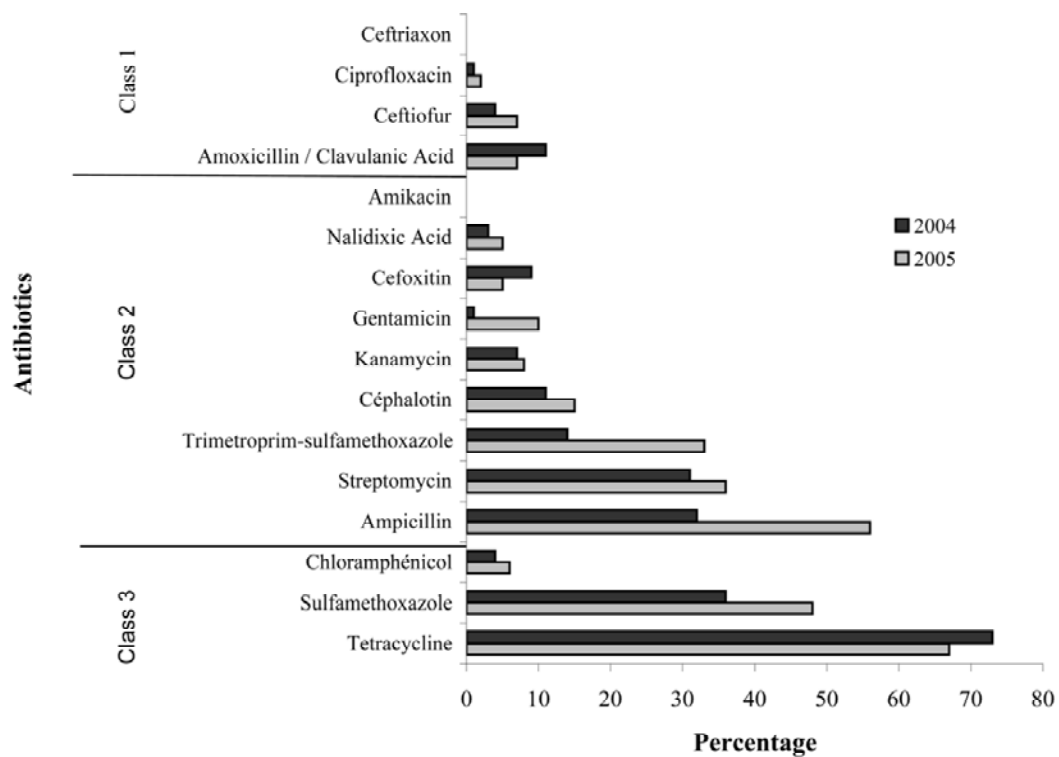


Figure 5. Antimicrobial resistance distribution for the 16 antimicrobials tested for all the resistant samples from summers 2004 (N= 89) and 2005 (N= 101).

Tables

Table II. Pilot study assessing relatedness of *E. coli* isolates in water samples isolated from different antimicrobial screen plates.

Water Samples	<i>E. coli</i> Isolates	Antimicrobial Screen Plate from which <i>E. coli</i> isolate was obtained *	PFGE result †
1	ARO-1	SM	ARO-1 and ARO-8 had >95% similarity to each other ARO-15 only 70% similarity to other two isolates >95% similarity
	ARO-8	SMX	
	ARO-15	TE	
2	ARO-2	CL	95% similarity between all three isolates
	ARO-9	TE	
3	ARO-16	TE	95% similarity between all three isolates
	ARO-3	SM	
	ARO-10	SMX	
4	ARO-4	CL	95% similarity between all three isolates
	ARO-11	SMX	
	ARO-17	TE	
5	ARO-5	SM	95% similarity between all three isolates
	ARO-12	SMX	
	ARO-18	TE	
6	ARO-6	SM	ARO-6 and ARO-13 had 95% similarity to each other ARO -19 only 70% similarity to other isolates
	ARO-13	SMX	
	ARO-19	TE	
7	ARO-7	GM	ARO-14 and ARO-20 had 95% similarity to each other ARO -7 only 70% similarity to other isolates
	ARO-14	SMX	
	ARO-20	TE	

* *E. coli* from individual water samples were grown on different antimicrobial screen plates according to Materials and Methods. One *E. coli* isolate from each screen plate from which microbial growth was observed was selected and typed by PFGE. Abbreviations for antimicrobials: SM = streptomycin; SMX = sulfamethoxazole; TE = tetracycline; CL = cephalothin; GM = gentamicin.

† PFGE was done at the Provincial Laboratory for Public Health according to standard operating procedures. Only *Xba*I digests were used for comparing similarity in this pilot study. Cluster analysis, based on the Dice coefficient, and using an unweighted pair group method with a 1.5% positional tolerance, was used calculate percent similarity (BioNumerics). Isolates displaying 95% similarity were considered closely related.

Table III. Antimicrobial resistance distribution by antimicrobial and beach sanitary group for 2004 (N= 201 beaches) and 2005 (N= 177 beaches).

Antimicrobials	2004					2005				
	Group (%)					Group (%)				
	A	B	C*	D	Total	A	B	C	D	Total
Class 1										
Ceftriaxon	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ciprofloxacin	1 (0.6)	0	0	0	1 (0.5)	0	1 (2)	0	0	1 (0.6)
Ceftiofur	3 (2)	0	0	0	3 (1)	5 (4)	1 (2)	0	0	6 (3) [†]
Amoxicillin / Clavulanic Acid	6 (4)	1 (3)	0	0	7 (3)	6 (5)	0	0	2	6 (3)
Class 2										
Amikacin	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nalidixic Acid	3 (2)	0	0	0	3 (1)	1 (1)	1 (2)	0	1	3 (2)
Cefoxitin	4 (2)	1 (3)	0	0	5 (2)	4 (3)	0	0	0	4 (2)
Gentamicin	1 (0.6)	0	0	0	1 (0.5)	5 (4)	2 (5)	0	1	8 (5)
Kanamycin	3 (2)	1 (3)	0	2	6 (3)	2 (2)	3 (7)	0	3	8 (5)
Cephalotin	6 (4)	1 (3)	0	0	7 (3)	11 (9)	1 (2)	0	1	13 (7)
Trimetoprim-sulfamethoxazole	8 (5)	2 (7)	0	1	11 (5)	15 (12)	7 (17)	2	2	26 (15)
Streptomycin	15 (9)	4 (13)	1	4	24 (12)	14 (11)	8 (19)	2	4	28 (16)
Ampicillin	20 (12)	4 (13)	1	1	26 (13)	29 (23)	9 (22)	0	0	38 (23)
Class 3										
Chloramphenicol	2 (1)	1 (3)	0	0	3 (1)	2 (2)	1 (2)	0	1	4 (2)
Sulfamethoxazole	19 (12)	5 (2)	1	3	28 (14)	20 (16)	12 (29)	2	4	38 (21)
Tetracycline	32 (20)	10 (34)	1	5	48 (24)	26 (20)	14 (34)	2	4	46 (26)
Number of beaches per group	163	29	2	7	201	128	41	3	5	177

* Percentage not calculated due to small denominators

[†] In 2005, among the 177 beaches sampled, six (3 %) beaches had at least one *E. coli* sample resistant to ceftiofur and five of these were in group A

Table IV. Distribution of the general resistance among each beach group.

Group	Beaches with at least	Beaches with all	Total
	one <i>E. coli</i> sample resistant	<i>E. coli</i> samples susceptible	
	2004 (%) / 2005 (%)	2004 (%) / 2005 (%)	2004 / 2005
A	39 (24)* / 43 (34)	124 (76) / 85 (66)	163 / 128
B	10 (34) / 19 (46)	19 (66) / 22 (54)	29 / 41
C	2 (100) / 2 (75)	0 (0) / 1 (25)	2 / 3
D	5 (71) / 4 (80)	2 (29) / 1 (20)	7 / 5
Total	56 (28) / 68 (38)	145 (72) / 109 (62)	201 / 177

* In 2004, among the 163 beaches in group A, 39 (24 %) had at least one *E. coli* sample resistant

Agroenvironmental Determinants Associated with the Presence of Antimicrobial-resistant *Escherichia coli* in Beach waters in Quebec, Canada³

Patricia Turgeon¹, Pascal Michel^{2,1}, Patrick Levallois^{3,4}, Pierre Chevalier³, Danielle Daignault², Bryanne Crago^{5,6}, Rebecca Irwin², Scott A. McEwen⁷, Norman F. Neumann^{8,9}, Marie Louie^{5,6}

1. Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, QC
2. Laboratory for Foodborne Zoonoses, Public Health Agency of Canada, Guelph, ON
3. Institut national de santé publique du Québec, Québec, QC
4. Centre Hospitalier Universitaire de Québec, Université Laval, Québec, QC
5. Faculty of Medicine, Microbiology and Infectious Diseases, University of Calgary, Calgary, AB
6. Alberta Provincial Laboratory for Public Health (Microbiology), Calgary, AB
7. Ontario Veterinary College, University of Guelph, Guelph, ON
8. School of Public Health, University Terrace, Edmonton, AB
9. Alberta Provincial Laboratory for Public Health, Edmonton, AB

Summary

Exposure to microorganisms resistant to antimicrobials may constitute a health risk to human populations. It is believed that one route of exposure occurs when people engage in recreational activities in water contaminated with these microorganisms. The main objective for this study was to explore populational and environmental determinants specifically associated with the presence of antimicrobial resistant (AMR) generic *Escherichia coli* (*E. coli*) isolated from recreational waters sampled from beaches located in southern Quebec, Canada. Water samples originated from the Quebec provincial beach surveillance program for the summers of 2004 and 2005.

³ Article publié dans *Zoonoses and Public Health* (2011) vol.58 (6) pp. 432-439.

This study focused on three classes of determinants, namely: agricultural, populational and beach characteristics for a total of 19 specific factors. The study was designed as a retrospective observational analysis and factors were assessed using logistic regression methods. From the multivariable analysis, the data suggested that the percentage of land used for spreading liquid manure was a significant factor associated with the presence of AMR *E. coli* (OR =27.73). Conceptually, broad factors potentially influencing the presence of AMR bacteria in water must be assessed specifically in addition to factors associated with general microbial contamination. Presence of AMR *E. coli* in recreational waters from beaches in southern Quebec may represent a risk for people engaging in water activities and there are preliminary evidence suggesting that agricultural practices and more specifically spreading liquid manure in agricultural lands nearby beaches may be linked to the contamination of these waters by AMR *E. coli*.

Keywords: Antimicrobial resistance; recreational waters; zoonoses; epidemiology; public health; environment

Impacts

- The results show that 12% of the 140 beaches sampled in both summers had AMR *E. coli* in their waters suggesting that recreational waters from these beaches represent a source of exposure to AMR bacteria for people engaging in water activities in southern Quebec.
- Agricultural activities and more specifically spreading of liquid manure may be related to the presence of antimicrobial resistant strains of *E. coli* in recreational waters in Quebec, Canada.
- This study indicates the need for further assessments of the possible impact of agricultural activities on the quality and safety of recreational waters, and may provide a rationale to the development or further application of surveillance programs specifically designed for recreational water monitoring.

Introduction

Exposure to microorganisms resistant to antimicrobials may constitute a health risk to human populations and can result in the transfer of antimicrobial resistance ability to pathogens or to microbes of the normal flora of the digestive system. There are various potential sources of contamination and complex routes of transmission of antimicrobial resistant (AMR) microorganisms to humans and the relative importance of known pathways and sources in term of population health burden are currently not fully understood. Recreational activity in waters contaminated with these AMR microorganisms represents one of the many possible sources and transmission pathways for the acquisition of antimicrobial resistance in healthy people and for patients diagnosed with AMR bacterial infections.

Microorganisms resistant to antimicrobials are the consequence of use or misuse of antimicrobial compounds in medical or veterinary practice and can originate from host derived source or from selective pressure imposed on microbial communities due to the presence of antimicrobial residues in the environment such as water sources (Acar & Rostel, 2001). In this context, animal production activities can represent a source of contamination through the survival and transport of microorganisms and/or residues from the land to water pathways (Van Den Bogaard & Stobberingh, 2000, Aarestrup *et al.*, 2001, Gessel *et al.*, 2004). By a similar process, grazing animals on pasture can introduce resistant bacteria to water sources (Oliver *et al.*, 2005). Few epidemiologic studies have addressed the specific problem of the exposure to microorganisms resistant to antimicrobials in waters used for recreational activities. Although this problem is also linked to the general dynamic of microbial contamination of recreational waters, the use of antimicrobial drugs in both human and animal populations also relates to a wide array of ethical, legal, medical and technical considerations and therefore justifies the need to assess key factors specifically influencing the presence and level of AMR bacteria in various reservoirs.

This study was a part of a wide Canadian research initiative entitled “*Prospective Multi-Province Surveillance for Antibiotic-Resistant Escherichia coli in Drinking and*

Recreational Source Waters: Impact on Humans and the Environment” (ARO Water Study). The main objective for this component was to explore specific agricultural activity-related factors potentially associated with the resistance status of *Escherichia coli* (*E. coli*) isolated from recreational water in southern Quebec. We hypothesised that these waters represent a source of antimicrobial resistant *E. coli* for people engaging in water activities, and that agriculture activities and animal production in proximity to these beaches might represent possible determinants for the presence of these resistant microorganisms.

Material and methods

Study design and data source

This study was designed as a retrospective observational analysis with focus on time-independent regional level factors. As such, it aimed at comparing beaches with consistent findings of antimicrobial resistant *E. coli* with those with consistent findings of antimicrobial susceptible *E. coli* over two summers. With this objective in mind, beaches with inconsistent antimicrobial resistance status for 2005 in comparison to 2004 were removed from the analysis. The unit of interest was the beach, therefore the study group included all freshwater public beaches located on lakes in southern Quebec and participating in the provincial beach surveillance program in 2004 and 2005 (N=146). According to this surveillance program, water samples were taken in June, July or August of each summer with an average of three samplings per summer. Water samples were constituted of many sub-samples (6 to 20) which were taken inside the bathing area (delimited by floating cables) at 15cm depth and according to a sampling pattern adapted to the beach layout (linear or circular). Also according to this program, beaches were classified according to their average fecal coliform concentration at the end of each summer: a group A beach has result of 0-20 colony-forming unit (cfu) /100mL and is tagged as “excellent quality”. Similarly, a group B beach (“good”) has 21-100 cfu/100 mL, group C (“poor”) has 101-200 cfu/mL and group D (“polluted”) has over 200 cfu/100mL found in the sampled water. A detailed description of this beach surveillance

program is available (MDDEP, 2002). A beach was called positive if it had at least one isolate of *E. coli* resistant to at least one tested antibiotic in 2004 and 2005 and negative if it had all its *E. coli* isolates susceptible for all antibiotics tested in 2004 and 2005.

Laboratory testing

Each water sample was processed by membrane filtration to identify and quantify fecal coliforms (CEAEQ, 2005). *Escherichia coli* were isolated from fecal coliforms bacteria by plating the filter onto X-Gluc agars (Dalynn, Calgary, Alberta, Canada) and incubated for 18-24 hours at 35°C. Samples with *E. coli* were screened for antimicrobial resistance using an agar screen plate method testing for six antibiotics (ampicillin 8 µg/mL, gentamicin 8 µg/mL, nalidixic acid 4 µg/mL, streptomycin 32µg/mL, sulfamethoxazole 156 µg/mL, tetracycline 4 µg/mL). The concentration of antimicrobial used in the agar screen method was selected to be lower, if possible, than the human resistance breakpoint in order to be sufficiently sensitive for screening; and at the same time, to prevent inadvertent background overgrowth by fecal coliforms other than *E. coli*. We found that in a given water sample: multiple *E. coli* colonies were clonal when typed by pulsed field gel electrophoresis regardless of the antimicrobial plate from which the isolates were selected; results from the agar screen method were highly correlated with those generated by the microbroth dilution method; and selection of an isolate from the most frequently resistant antimicrobial plate is representative of the predominant *E.coli* clone in the water sample (data not shown). Therefore, one representative antimicrobial resistant *E. coli* (resistant to at least one antimicrobial as per the screening method) per water sample was selected for microbroth dilution susceptibility testing to determine the minimum inhibitory concentrations (MIC) against a panel of 16 antimicrobials used by the National Antimicrobial Resistance Monitoring System (NARMS, CDC, USA): amikacin (concentration range 0.5-4 µg/mL), amoxicillin/clavulanic acid (1/0.5-32/16 µg/mL), ampicillin (1-32 µg/mL), ceftiofur (0.12-8 µg/mL), ceftriaxone (0.25-64 µg/mL), cephalothin (2-32 µg/mL), chloramphenicol

(2-32 µg/mL), ciprofloxacin (0.015-4 µg/mL), gentamicin (0.25-16 µg/mL), kanamycin (8-64 µg/mL), nalidixic acid (0.5-32 µg/mL), streptomycin (32-64 µg/mL), sulfamethoxazole (16-512 µg/mL), tetracycline (4-32 µg/mL), and trimethoprim/sulfamethoxazole (0.12/2.38-4/76 µg/mL) (CDC, 2004). An isolate was considered resistant if it had an MIC value above the human breakpoint for at least one antimicrobial (NCCLS, 2003).

Agroenvironmental determinants

A total of 19 factors linked to three classes of determinants, namely: agricultural, populational and beach characteristics were evaluated (Table V). Agricultural determinants were constructed using the 2001 Census of Agriculture at the census consolidated subdivision (CCS) level (Statistics Canada, 2003). This census is mandatory for each agricultural enterprise in Canada and is done every five years. Census variables are regional based and attribution of factor values that were quantitative in nature to a given beach was done by interpolation method using an inverse distance weight method to assign more representative estimates to beach exact locations. Populational determinants were constructed using the 2001 Census of Canada and values for these variables were attributed directly to beaches located in the corresponding CCS (Statistics Canada, 2002). Mapping and spatial manipulations were done with a Geographical Information System (ArcGIS 9.2, ESRI, CA, USA). For analyses, all variables of interest were then categorized using the Jenks's natural break algorithm, which maximize the difference between the categories and minimize the difference among them (Slocum *et al.*, 2005), respecting therefore the underlying unknown distribution of the variable.

Statistical analysis

Descriptive analysis

Descriptive data analysis on the fecal coliform concentration and the antimicrobial resistance were done. Descriptive data analyses of fecal coliform level as it relates to the presence of AMR *E. coli* were done to better understand the possible

confounding effect of this factor in the study. A chi-square test was performed to compare the fecal coliform concentration between the antimicrobial resistance positive beaches and the antimicrobial resistance negative ones.

Logistic regression analysis

Except for the populational variables, all variables were initially assessed using a univariable analysis based on a logistic model. Provided that there was no collinearity ($r > 0.8$) between variables, all variables with a Wald's p -value smaller than 0.2 in the univariable analysis were then considered to enter the multivariable logistic model and a backward elimination process was then carried out with a level of significance of 0.05 or less. During this process, changes in coefficient estimates for variables remaining in the model were assessed each time a variable was dropped from the model. To address possible confounding effects, if an estimate changed by more than 25% or its initial value, the variable previously dropped was re-introduced and kept in the model. Populational factors were considered to be potential confounders in the relationship between agroenvironmental determinants and the resistance status of *E. coli* isolated from recreational water. The contribution of each of these variables was tested before and after the backward elimination process, using the likelihood ratio test (Kleinbaum & Klein, 2002). To minimize the impact of uneven sampling weight (beaches having various number of samples taken), all univariable and multivariable models were adjusted for the number of samples. Goodness-of-fit of models were assessed using the Hosmer-Lemeshow test, with a significant ($p < 0.05$) result indicating a poor fit (Dohoo *et al.*, 2003). All the statistical procedures were done using SAS software (SAS 9.1, SAS Institute Inc. NC, USA).

Results

Descriptive analysis

A total of 146 beaches were sampled both in the summer of 2004 and 2005. These beach locations were distributed across 10 different administrative regions. Of these, 140 (96%) tested positive for the presence of *E. coli* at the time of sampling. Among

the 140 *E. coli* positive beaches, 17 (12%) were consistently positive for antimicrobial resistance in both 2004 and 2005, and 70 (50%) were negative for both years (N=87). A total of 53 (38%) beaches with discordant results in 2004 and 2005 were excluded from further analyses. In 2004, the mean number of samples per beach was three, with a minimum of one and a maximum of nine. In 2005, the mean number was three samples per beach, with a minimum of one and a maximum of 11. Among the 87 beaches kept in for the analyses, 54 (62%) had an average fecal coliform concentration in the class A and 33 (38%) had an average fecal coliform concentration in the class B for both years. The chi-square test result showed no significant statistical association between the positivity to antimicrobial resistance of a beach and its fecal coliform concentration class ($p= 0.65$, data not shown), suggesting that the level of fecal coliform concentration was comparable between the beaches positive to the antimicrobial resistance and the negative ones. Figure 6 presents the distribution of antibiotic resistance for the 16 antibiotics tested on all samples collected from the 17 AMR positive beaches during summers 2004 (N=37) and 2005 (N=37).

Logistic regression analysis

Among all agricultural and beach factors considered, eight obtained a p -value less than 0.2 in the univariate analysis and were considered for further testing (Table V). Among them, the variables “percentage of land in crop”, “percentage of land used for solid manure spreading” and “bovine density” were highly correlated ($r > 0.8$). The variable “percentage of land used for solid manure spreading” was kept in the multivariable model because it was the least correlated with all other variables and very relevant in our conceptual model of sources and transmissions of AMR bacteria influencing recreational waters. After the backward elimination process, our final main-effect model included one variable with a $p < 0.05$, namely the “percentage of land used for liquid manure spreading” (Table VI). The two populational factors were then offered to the main-effect model without changing significantly the coefficients of others variables (likelihood ratio test). They were then removed from

the model. The Hosmer-Lemeshow goodness-of-fit test indicated that the data fitted the model adequately ($p = 0.145$).

Discussion

The results of this observational study show that 12% of the beaches sampled in both summers had AMR *E. coli* in their waters suggesting that recreational waters from these beaches represent a source of exposure to AMR bacteria for people engaging in water activities in southern Quebec. The transmission of AMR bacteria via the environment and into recreational waters is undeniably a complex phenomenon. These resistant bacteria may come from proximate livestock populations, but can also come from a combination of human sources and/or wildlife populations. There is to date no published data with conclusive estimates of the relative contribution of a given source versus another. This analysis aimed at specifically studying agricultural factors and was not designed to evaluate the role of the human and wildlife populations in this contamination. Nevertheless, we attempt to take into account the possible confounding effect of human activities with the inclusion of two general populational factors, namely human density and the proportion of children in the population. In our model, data relating to measures of beach attendance would have been more specific indicators, but this information was not available. We therefore assumed that the measured human population characteristics would act as adequate proxy measures for the level of attendance at a given beach.

Interestingly, the data suggested that the levels of fecal contamination among the beaches positive to antimicrobial resistance and the negative ones were comparable. This element underlines the fact that the issue of contamination, *per se*, and the presence of AMR bacteria in recreational waters are distinct and should be pursued according to specific conceptual models of sources, transmissions and determinants. Although we recognize the inter-dependence of contamination and AMR, these results should be interpreted with keeping in mind that factors leading to presence of AMR *E. coli* in recreational waters may not be necessarily the ones

modulating the load of fecal contaminants or specific pathogens such as climatic factors and topological features.

One of the key findings of this multivariable analysis is that the percentage of land used for liquid manure spreading nearby the location of the beach was a significant factor contrasting beaches consistently positive and negative for antibiotic resistance in 2004 and 2005. When compared to beaches with non-antimicrobial resistant *E. coli*, beaches with antimicrobial resistant *E. coli* were more than 27 times more likely to be located in an area where a high percentage of the land is used for spreading liquid manure. Previous studies have shown that the use of antimicrobial agents for therapeutic or growth promotion purpose in animal production can promote the selection of gut bacteria resistant to those antimicrobial agents (Aarestrup & Wegener, 1999, Acar & Rostel, 2001, Varga *et al.*, 2008). The digestive tracts of these animals are bacterial reservoirs where bacteria can acquire resistance genes before being excreted in the feces. Because fecal bacteria can survive in manure, they can be disseminated throughout the environment when manure is spread on fields (Sengelov *et al.*, 2003, Schmitt *et al.*, 2006, Burkholder *et al.*, 2007). The results are also consistent with the study from Crowther and collaborators (Crowther *et al.*, 2002) that demonstrated a significant association between faecal-indicator concentration in a watercourse and percentage of land used for animal waste application. In another study, tetracycline resistance genes were identified in a manure lagoon serving a swine farm and in groundwater 250 meters downstream from this lagoon (Chee-Sanford *et al.*, 2001). In another component of the ARO water study, an association was found between the presence of antibiotic resistant *E. coli* in private wells in Ontario, Canada, and the proportion of land used for manure spreading and swine density (Nguon, 2007). In the province of Quebec, liquid manure most commonly originates from swine, dairy and beef cattle production systems. Moreover, antimicrobial resistance mostly found in the water samples were for tetracycline, sulfamethoxazole and ampicillin and these antimicrobial or antimicrobials in the same class are known to be used for prophylaxis, therapeutic and/or growth promotion purposes in these systems (Health Canada, 2002). The

results are thus consistent with the hypothesis that manure coming from these productions could be an AMR contamination source for runoff water and eventually beach waters.

The public health consequences of exposure to the antimicrobial resistant *E. coli* detected in this study is unknown, but the intestinal tract of people using the beaches could be colonized by antimicrobial resistant bacteria after exposure to water contaminated with these bacteria. Moreover, some of the water samples showed a resistant to antimicrobial used for the treatment of life-threatening bacterial infections in human medicine and for which there may be no alternative antimicrobials in case of emergence of resistance to these agents, like ciprofloxacin and Amoxicillin/ Clavulanic Acid. Although transmission of antimicrobial resistant bacteria to humans through recreational waters has never been documented, many studies have presented cases of diseases transmitted through these waters (van Asperen *et al.*, 1998, Pond, 2005, Donovan *et al.*, 2008). While the *E. coli* tested may or may not have been pathogenic to humans, it is recognized that horizontal gene transfer between different strains of *E. coli* and other gut organisms, including pathogens, can occur (Nikolich *et al.*, 1994, Winokur *et al.*, 2001). The greater the number of resistant bacteria in the intestinal flora, the greater the likelihood that a transfer of pathogenic bacteria will occur and cause health issues (Barza & Travers, 2002). The presence of antimicrobial resistant *E. coli* may also indicate the presence of antimicrobial resistant pathogenic bacteria like *Salmonella* or *Campylobacter*.

This study provided evidence showing that, on a broad ecological scale, agricultural activities may be related to the antimicrobial resistance status of *E. coli* in recreational waters in Quebec, Canada. To our knowledge, it is the first study evaluating determinants associated with the resistance status of *E. coli* found in recreational waters. The transmission of antimicrobial resistant bacteria via the environment and recreational waters is a complex problem. These resistant bacteria can come from livestock populations and agricultural activities, but can also come from human and/or wildlife populations. This study specifically looks at the agricultural factors and indicates the need for further assessments of the possible

impact of agricultural activities on the quality and safety of recreational waters, and may provide a rationale to the development or further application of surveillance programs specifically designed for recreational water monitoring in Canada.

This research was designed as a retrospective observational study and a number of limitations should be taken into consideration when interpreting the results. We should note that only beaches that participated in the provincial beach surveillance program were included in our study. In Quebec, this surveillance program is on a voluntary basis, although highly encouraged, and the public can have access to the results of the analyses on the beach site or on the website of the program. If these beaches were more or less susceptible to being contaminated by antibiotic resistant bacteria and had different regional attributes, this would introduce a biased view of the possible association seen when inferring to all other similar beaches. However, there are no indications of a difference between the susceptibility of the beaches participating in the program and the others. When attributing exposure values to a specific beach, the design and method that we used may lead to possible misclassification errors. Because we could not validate a precise amount of manure that affects each beach, we could have over or underestimated the real value, affecting our results. However, in the context of this study, we have no reason to believe that this misclassification was not randomly distributed and the consequence of such bias most often leads to conservative estimation of the associations. Another possible concern about the attribution of exposure values relates to the choice of the geographical unit for analysis. From a biological standpoint, a unit of analysis closely linked to hydrological pathways and watersheds would have seemed more appropriate for our study. Unfortunately, the most reliable data available were collected on an administrative census basis. Attempts to transpose them into a watershed framework would have produced another degree of uncertainty and imprecision in the analysis. As a compromise, we therefore decided to keep the administrative units for this initial ecological study. Finally, this study focused specifically on broad scale agro-environmental factors. Other important

possible factors relating to human, wildlife and industrial microbial pollution of recreational water should also be taken into consideration in further studies.

Recreational waters from beaches in southern Quebec represent a source of exposure to antimicrobial resistant *Escherichia coli* for people engaging in water activities. Our data suggest that percentage of land used for liquid manure spreading is a determinant associated with the presence of antimicrobial resistant strains of *E. coli* in recreational waters in Quebec, Canada. Further studies taking advantage of more sophisticated methods pertaining to microbial source tracking and dynamic modelling would be helpful to further understand this relation and appreciate the impact on human health.

Acknowledgments

This study was made possible by the valued contribution of the members of the ARO Research Group (alphabetical order): S. Braithwaite, M. Buzzelli, P. Cantin, B. Ciebin, B. Coleman, C. Guenette, F. Jamieson, M. Jerrett, and M. Mulvey. The private testing laboratories that also played an integral role in this study are as follows: AquaMac: M. Guilbeault; BIOLAB, Joliette, Thetford Mines and Cap-de-la-Madeleine: I. Barette, M. Boily, K. Guay; BioServices 1995 Inc.: C. Dalpe; MicroB: B. Skora; Microbios Analytique Inc.: C. Coulombe; Laboratoire d'analyses S.M. Inc., Sherbrooke, Varennes: C. Letoumeau, L. Gagnon; Les Consultants VETCO Inc.: V. Germain. The authors also acknowledge people involved in the provincial public beach surveillance program (Programme Environnement-Plage), and more specifically, Alain Lavoie, Agnès Godin and Marc Gignac. This study was funded by the Canadian Health Research Institutes (SFW 66539), the Public Health Agency of Canada and the Université de Montréal.

References

Aarestrup, F. M., A. M. Seyfarth, H. D. Emborg, K. Pedersen, R. S. Hendriksen and F. Bager, 2001: Effect of abolishment of the use of antimicrobial agents for growth promotion on occurrence of antimicrobial resistance in fecal

enterococci from food animals in Denmark. *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **45**, 2054-2059.

Aarestrup, F. M. and H. C. Wegener, 1999: The effects of antibiotic usage in food animals on the development of antimicrobial resistance of importance for humans in *Campylobacter* and *Escherichia coli*. *Microbes Infect.*, **1**, 639-644.

Acar, J. and B. Rostel, 2001: Antimicrobial resistance: an overview. *Rev. Sci. Tech. (OIE)*, **20**, 797-810.

Barza, M. and K. Travers, 2002: Excess infections due to antimicrobial resistance: The "attributable fraction". *Clin. Infect. Dis.*, **34**, S126-S130.

Burkholder, J., B. Libra, P. Weyer, S. Heathcote, D. Kolpin, P. S. Thorne and M. Wichman, 2007: Impacts of waste from concentrated animal feeding operations on water quality. *Environ. Health Perspect.*, **115**, 308-312.

CDC 2004. Antimicrobial Resistance Monitoring System for Enteric Bacteria (NARMS): 2002 Human Isolates Final Report. Center for Disease Control and Prevention, Atlanta (GE).

CEAEQ 2005. Recherche et dénombrement des coliformes fécaux (thermotolérants) et confirmation à l'espèce *Escherichia coli* : méthode par filtration sur membrane. MA. 700 – Fec.Ec 1.0. Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec, CEAEQ, Quebec, Canada.

Chee-Sanford, J., R. Aminov, I. Krapac, N. Garrigues-Jeanjean and R. Mackie, 2001: Occurrence and diversity of Tetracycline resistance genes in lagoons and groundwater underlying two swine production activities. *Appl. Environ. Microbiol.*, **67**, 1494-1502.

- Crowther, J., D. Kay and M. D. Wyer, 2002: Faecal-indicator concentrations in waters draining lowland pastoral catchments in the UK: relationships with land use and farming practices. *Water Res.*, **36**, 1725-1734.
- Dohoo, I., W. Martin and H. Stryhn, 2003: *Veterinary Epidemiologic Research* AVC Inc., Charlottetown (PEI).
- Donovan, E., K. Unice, J. D. Roberts, M. Harris and B. Finley, 2008: Risk of gastrointestinal disease associated with exposure to pathogens in the water of the Lower Passaic River. *Appl. Environ. Microbiol.*, **74**, 994-1003.
- Gessel, P. D., N. C. Hansen, S. M. Goyal, L. J. Johnston and J. Webb, 2004: Persistence of zoonotic pathogens in surface soil treated with different rates of liquid pig manure. *Appl. Soil Ecol.*, **25**, 237-243.
- Health Canada 2002. Uses of Antimicrobials in Food Animals in Canada: Impact on Resistance and Human Health. Health Canada, Report of the Advisory Committee on Animal Uses of Antimicrobials and Impact on Resistance and Human Health, Guelph, Ontario.
- Kleinbaum, D. G. and M. Klein, 2002: *Logistic Regression, A self-Learning Text. Second Edition*. Springer, Atlanta (Georgia).
- Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec (MDDEP), 2002. Programme Environnement-Plage (online). Available from <http://www.mddep.gouv.qc.ca/programmes/env-plage/index.htm> (accessed May 15th, 2009).
- NCCLS 2003. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; thirteenth informational supplement, M100-S13. National Committee for Clinical Laboratory Standards, Wayne ,PA.

- Nguon, R. S., 2007: Facteurs agro-environnementaux associés à la résistance antimicrobienne d'*Escherichia coli* dans l'eau potable des puits du sud de l'Ontario. *Département de pathologie et de microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire. Université de Montréal, Montréal, Quebec.*
- Nikolich, M. P., G. Hong, N. B. Shoemaker and A. A. Salyers, 1994: Evidence for natural horizontal transfer of tetQ between bacteria that normally colonize humans and bacteria that normally colonize livestock. *Appl. Environ. Microbiol.*, **60**, 3255-3260.
- Oliver, D. M., L. Heathwaite, P. M. Haygarth and C. D. Clegg, 2005: Transfer of *Escherichia coli* to water from drained and undrained grassland after grazing. *J. Environ. Qual.*, **34**, 918-925.
- Pond, K., 2005: *Water recreation and disease, Plausibility of Associated Infections: Acute Effects, Sequelae and Mortality*, p. 239. IWA Publishing, London.
- Schmitt, H., K. Stoob, G. Hamscher, E. Smit and W. Seinen, 2006: Tetracyclines and tetracycline resistance in agricultural soils: Microcosm and field studies. *Microb. Ecol.*, **51**, 267-276.
- Sengelov, G., Y. Ageroso, B. Halling-Sorensen, S. B. Baloda, J. S. Andersen and L. B. Jensen, 2003: Bacterial antibiotic resistance levels in Danish farmland as a result of treatment with pig manure slurry. *Environ. Int.*, **28**, 587-595.
- Slocum, T. A., R. B. McMaster, F. C. Kessler and H. H. Howard, 2005: *Thematic Cartography and Geographic Visualization*. Pearson Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ.
- Statistics Canada 2002. 2001 Census (online). Available from <http://www12.statcan.ca/english/census01/home/Index.cfm> (accessed November 20, 2007).

- Statistics Canada 2003. 2001 Agriculture Census (online). Available from <http://www.statcan.ca/english/agcensus2001/index.htm> (accessed November 24, 2007).
- van Asperen, I. A., G. Medema, M. W. Borgdorff, M. J. Sprenger and A. H. Havelaar, 1998: Risk of gastroenteritis among triathletes in relation to faecal pollution of fresh waters. *Int. J Epidemiol.*, **27**, 309-315.
- Van Den Bogaard, A. E. and E. E. Stobberingh, 2000: Epidemiology of resistance to antibiotics. Links between animals and humans. *Int. J. Antimicrob. Agents*, **14**, 327-335.
- Varga, C., A. Rajic, M. E. McFall, B. P. Avery, R. J. Reid-Smith, A. Deckert, S. L. Checkley and S. A. McEwen, 2008: Antimicrobial resistance in generic *Escherichia coli* isolated from swine fecal samples in 90 Alberta finishing farms. *Can. J. Vet. Res.*, **72**, 175-180.
- Winokur, P. L., D. L. Vonstein, L. J. Hoffman, E. K. Uhlenhopp and G. V. Doern, 2001: Evidence for transfer of CMY-2 AmpC beta-lactamase plasmids between *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from food animals and humans. *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **45**, 2716-2722.

Figure

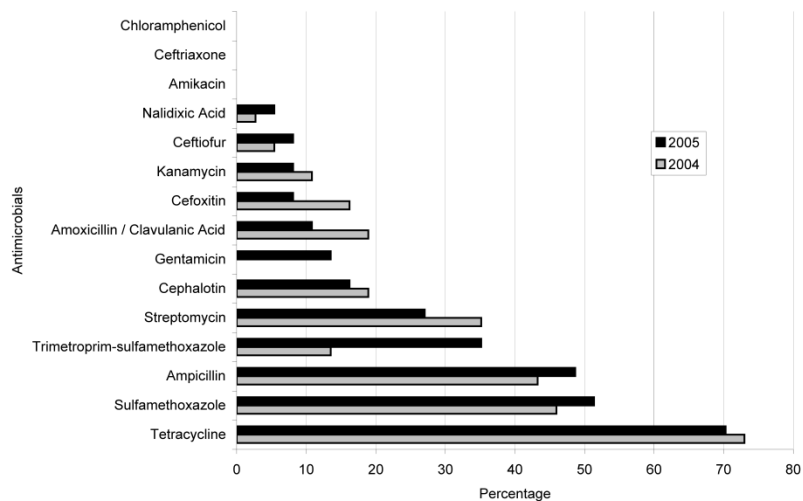


Figure 6. Antimicrobial resistance distribution for all the samples of the 17 positive beaches. 16 antimicrobials tested, N=37 water samples for each summer.

Table V. Summary of potential risk factors used in statistical analysis

Variable	Description	Calculation
<u>Agriculture</u>		
BoD*	Bovine Density (Animals/hectare)	Total of cattle and calves / Total area of the census consolidated subdivision (CCS)
SwD*	Swine Density (Animals/hectare)	Total of pigs / Total area of the CCS
PoD	Poultry Density (Animals/hectare)	Total of hens and chickens / Total area of the CCS
EqD*	Equine Density (Animals/hectare)	Total of horses and ponies / Total area of the CCS
RuD	Ruminant Density (Animals/hectare)	Total of sheep and lambs, goats, deer, bison, lamas, alpagas and elks / Total area of the CCS
%Crop*	Proportion of land in crops	Area of land in crops / Total area of the CCS
%SfL	Proportion of summerfallow land	Area of summerfallow land / Total area of the CCS
%Past*	Proportion of land for pasture	Area of land for pasture / Total area of the CCS
%LSMS*	Proportion of land used for solid manure spreading	Area of land used for solid manure spreading / Total area of the CCS
%LLMS*	Proportion of land used for liquid manure spreading	Area of land used for liquid manure spreading / Total area of the CCS
BoHu	Ratio bovine / humans	Total of cattle and calves / Total of humans
SwHu	Ratio Swine / humans	Total of pigs / Total of humans
PoHu	Ratio Poultry / humans	Total of hens and chickens / Total of humans
EqHu	Ratio Equine / humans	Total of horses and ponies / Total of humans
RuHu	Ratio Ruminant / humans	Total of sheep and lambs, goats, deer, bison, lamas, alpacas and elks / Total of humans
<u>Population</u>		
HuD	Human Density	Total of humans / Total area of the CCS
%Child	Proportion of Children	Total of children under 15 years old / Total of humans
<u>Beaches</u>		
Type*	Type of lake where the beach is located : artificial or natural	
Campground	Whether the beach is on a campground or not	

* Variables retained for multivariable analysis

Table VI. Risk factors associated with the presence of *E. coli* resistant to antimicrobials in beach waters from a multivariable generalized linear model (logistic regression)

Variable	Estimate (<i>b</i>)	S.E.	<i>p</i>	OR	95 % CI
%LLMS*	1.665	0.521	0.001	27.73	3.60 ; 213.81
Sampling Frequency	0.404	0.134	0.003	1.49	1.15 ; 1.95
Intercept	-0.691	0.473	0.144		

* Proportion of land used for liquid manure spreading

Fecal Contamination of Recreational Freshwaters: the Effect of Time-independent Agroenvironmental Factors⁴

Patricia Turgeon¹, Pascal Michel^{2,1}, Patrick Levallois^{3,4}, Marie Archambault¹, André Ravel^{2,1}

1. Groupe de recherche en épidémiologie des zoonoses et santé publique, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, QC, Canada
2. Laboratoire de lutte contre les zoonoses d'origine alimentaire, Agence de la santé publique du Canada, Saint-Hyacinthe, QC, Canada
3. Centre Hospitalier Universitaire de Québec, Université Laval, Québec, QC, Canada
4. Institut national de santé publique du Québec, Québec, QC, Canada

Abstract

Fecal contamination of recreational waters is a complex public health and environmental issue involving multiple possible sources and contributing factors. Agricultural and animal production activities represent one such source of contamination from which various microorganisms transmissible to humans can be found. This study used regression models to ascertain and describe various time-independent agroenvironmental determinants associated with fecal contamination of recreational lake waters. From a logistic regression model analysis, two determinants were statistically associated with the level of fecal coliforms, namely: the presence of ruminant production in the area of influence (OR=2.78) and urban area (OR=3.69). Moreover, our data suggest that sources of fecal contamination located within the

⁴ Article publié dans *Water Quality, Exposure and Health* (2011) vol.3 (2) pp.109-118

area of the lake water catchment and from within a distance of two kilometers of the beach have the most influence on the water quality.

Keywords: recreational waters, fecal contamination, public health, agroenvironment

Introduction

Recreational water quality may be associated with many health risks including infectious diseases and chemical-related diseases and has been a growing public health concern over the last several years. Increased usage and attendance of rivers, lakes or coastal waters for recreational activities have been reported in various regions and are expected to further increase due to climate change (Pond 2005). Moreover, some groups of people such as the elderly, young children and immunosuppressed may be more susceptible to contract waterborne diseases when using recreational waters. Sub-standard recreational water quality can result from various types of pollution including contamination by fecal microorganisms and other free-living microorganisms including amoebae and leptospirae, algae and chemical components (WHO 2003; Craun et al. 2005). Fecal contamination can bring a large amount of non-pathogenic and pathogenic organisms into water. Fecal pathogens are primarily associated with gastro-intestinal diseases but have also been associated with acute respiratory syndrome (Fleisher et al. 1996; WHO 2003; Dziuban et al. 2006). Gastro-intestinal diseases associated with water fecal contamination are often mild and self-limiting and thus difficult to assess through a surveillance program. Nonetheless, studies have found a positive association between sporadic enteric infections and swimming activities in natural water sources (Dwight et al. 2004; Schönberg-Norio et al. 2004; Denno et al. 2009; Fleisher et al. 2010). Many studies have also found association between fecal contamination of recreational waters and outbreaks of gastro-intestinal diseases (Feldman et al. 2002; Bruce et al. 2003; Iwamoto et al. 2005; Sartorius et al. 2007). Fecal contamination of

recreational waters is a complex issue and multiple sources may be implicated (Aitken et al. 2001; Haack et al. 2003; USEPA 2004; Graczyk et al. 2007).

Humans and urban communities can play an important role in this contamination with sewage water coming from wastewater treatment plants, runoff from urban centers, direct spillage of contaminated water from human facilities, microorganism shedding from humans during swimming and bathing activities and resuspension of bottom sediments by bathers. Wildlife, like waterfowl, can also contribute to the contamination by having direct access to watercourses and water plans. Agricultural and animal production activities may also be a source of microorganisms of fecal origin, including pathogens transmissible to humans. This type of contamination involves different mechanisms mainly related to nonpoint (diffuse) source pollution rather than point source pollution. Firstly, the stored manure in agricultural installations may contaminate the environment and the water during and after rain episodes by runoff to the watercourse and infiltration in the water table (Burkholder et al. 2007). Livestock on pasture can deposit a large amount of feces, which may contaminate the water by runoff and infiltration (Rodgers et al. 2003; Hubbard et al. 2004). Manure spreading on agricultural lands may also represent an important contribution to water contamination, especially if it is poorly managed and if the amount spread exceeds the retention capacity of the ground (Gessel et al. 2004). Nonpoint source pollution can be more difficult to manage than point source pollution due to the combination of these many sources and the different environmental factors that can interact with them, such as hydrologic, topographic and meteorological factors.

Two broad types of determinants are known to influence the fecal contamination of natural recreational waters and thus their quality: meteorological conditions like rainfall, wind direction and temperature, which may vary depending on the time of sampling (time-dependent determinants); and land use and environmental characteristics like those related to topography and hydrology, which are relatively stable over time for a beach (time-independent determinants) (Crowther et al. 2002; Haack et al. 2003; Marsalek and Rochfort 2004; Olyphant and

Whitman 2004; Love et al. 2010). In general, the proportion of fecal contamination that each type of determinants accounts for is still unknown.

Aside from the time-dependent determinants influencing the water quality, knowing the environmental characteristics and the relative importance of the sources of fecal contamination could be a beneficial component of surveillance programs, which monitor recreational water quality only by measuring the level of various fecal indicators. This component could be useful for targeting recreational waters with higher risk of contamination and providing good information for an efficient attribution of the program resources. Regression models have previously been developed to predict the concentration of fecal indicator microorganisms from environmental characteristics and land use for specific catchments (Crowther et al. 2003; Kay et al. 2010). In most cases, hydrological variables have not been included in these regression models despite the fact that they can modulate the fecal microorganism load in water courses and water bodies.

This study had two distinctive objectives. The first was to estimate the proportion of fecal contamination of recreational waters explained by all time-independent determinants and the second was to ascertain important time-independent agroenvironmental determinants associated with this contamination. These objectives would allow us to verify which time-independent environmental characteristics nearby lakes used for recreational purposes are mostly influential in the southern part of Quebec, and what relative importance these time-independent determinants have on the overall fecal contamination status of these sites.

Methods

Study Area

The targets of this study were beaches located in the southern part of the province of Quebec, Canada. This area includes approximately 6.5 millions of people and covers an area of more than 250 000 km². Population density is heterogeneous with three people/km² for the lowest density region to more than 3000 people/km² for the most populated city (Duschesne 2006). This area features a humid continental

climate with a mixed forest as the predominant vegetation type (Gouvernement du Québec 2004). Beaches adjacent to a lake and which were monitored as part of the provincial recreational water quality surveillance program during at least three years between the year 2004 and 2010 inclusively ($n= 289$ beaches) were included as the study population.

Measure of the fecal contamination

We used the measures of fecal contamination as determined by the Quebec recreational water quality surveillance program in place. Every summer, this program assessed the fecal contamination of the recreational waters by taking water samples between mid-June to the end of August and by quantifying the concentration of fecal coliforms for each sampling day (harvest) by the membrane filtration method (Ye et al. 2009). For each harvest, many water samples (from 6 to 12) were taken depending on the length of the beach. The geometric mean of fecal coliform concentration was then calculated for each harvest. Each year, the number of sampling days was variable (1 to 10, mean 3) and depended on the water quality results of the previous summer. Beaches with water of lesser quality were sampled more often than those with higher quality. Each water sample was taken with a sterile bottle and inside the bathing area (delimited by floating cables) at 15 cm depth. According to this program, beaches were classified according to their geometric mean of fecal coliform concentration after each harvest: a group “A” (excellent quality) beach was classified as having a test result of 0-20 colony-forming units (CFU) /100 ml. Similarly, a group “B” beach (good) had 21-100 CFU/100 ml, group “C” (poor) had 101-200 CFU/100 ml and group “D” (polluted) had over 200 CFU/100 ml found in the sampled water. A detailed description of this beach surveillance program is available (MDDEP 2004, 2006).

Area of influence

For each beach, proximal and distal areas of influence were determined based on the area naturally drained by the outlet of the lake and according to theoretical

considerations (Figure 6). The first step was to calculate the hydrological catchment of the lake associated with each beach. This procedure was done for all beaches located on a lake that was connected to a hydrological network ($n=232$, 80%). The catchment area delineation for isolated lakes ($n=56$, 20%) was performed by removing geographical areas around the lake which were known to be drained by other water bodies. The remaining areas were considered to be drained by the isolated lake and included in the catchment area. These procedures were performed from a digital elevation model and cartography of the hydrologic network of the whole study area (National Hydro Network of Canada) (GeoBase 2010). Calculation was executed with a geographical information system (GIS) (ArcGIS 9.3.1, ESRI, CA, USA) and the software Physitel (Physitel 3.0, INRS, QU, Canada) (INRS 1998).

The second step consisted in dividing the catchment into a proximal and a distal zone. According to Crowther *et al.* (2003), in base flow conditions, the majority of nonpoint microbiological pollution entering into a water body is a result of runoff, and the area that most influences this pollution is between zero and two kilometers from the sampling point. Considering that water samplings occurred between mid-June to the end of August (excluding spring and fall high flow conditions), a maximum distance of two kilometers was chosen for the delineation of the proximal part of the area of influence. In order to study possible effects beyond two kilometers, and to be able to evaluate the choice of our area of influence, a second part of five kilometers was also determined. From this, two buffer zones (one of two kilometers and one of five) were delineated around each beach and the catchments previously calculated were cut at the border of the associated buffers (Figure 7). These two zones are referred as to the proximal (0-2 km) and distal (0-5 km) areas of influence.

Time-independent determinants

Variables describing possible time-independent determinants were calculated for each area of influence and were divided into three classes according to their respective association: agricultural activities, human activities and geo-hydrological

characteristics (Table VII). All the agricultural variables were constructed with the 2005 and 2008 data base of the Agriculture, Fishery and Alimentation Ministry of Quebec (MAPAQ 2005). Due to their very asymmetric distributions, with a lot of zero values, agricultural variables were categorized in two classes: absence or presence of the determinant in the area of influence. Data on human populations were obtained from the Census of Canada 2006. From this census, an urban area is defined as an area that has a population density of more than 400 per square km and more than 1000 people (Statistic Canada 2007). The locations of the wastewater treatment plants were obtained from the Municipal affairs of Quebec and were divided in two variables, namely: presence or not of wastewater treatment plants located up to two kilometers upstream to the lake, and presence or not of wastewater treatment plants located up to five kilometers upstream to the lake. Climatic determinants were represented by one variable, namely, plant hardiness zones (PHZ), which can represent the average climatic condition of a region. These zones were elaborated by Natural Resources Canada and they represent an index of suitability for growth of trees, shrubs and flowers (McKenney et al. 2001; NRC 2007). Their calculation is based on average climatic conditions and altitude of each area and the data used for calculation are the minimum winter temperatures, the length of the frost-free period, summer rainfall, summer maximum temperatures, snow cover, January rainfall and the maximum wind speed. Elevation data are also taken into account because of their direct effect on temperature and precipitation. For each area of influence, we kept the value of the PHZ corresponding and if the area was covered by more than one PHZ, we kept the one covering the largest part. The variables “number of lake tributaries” and “lake area” were calculated for each beach from the hydrologic database of the National Hydro Network of Canada with a GIS and the Physitel software. The topographic index (TI) which combines slope and local upslope contributing area was used to evaluate the potential of water saturation of each beach location. The TI theory was introduced by Beven and Kirkby (1979) and following their concept, all topographic units (or pixel of a grid) of a watershed with an equal TI value develop the same conditions for saturation,

surface and subsurface flow/runoff. Areas with a high TI value will tend to saturate first. TI values for the study area were calculated from the method developed by Denault et al. (2008).

Statistical Analysis

For the first study objective, the following cross-classified multilevel model was used to determine the percentage of fecal coliform concentration variation associated with the sampling day, year and beach levels:

$$\gamma_{\text{sample}(\text{beach-year})} = \alpha_0 + \mu_{\text{beach}} + \mu_{\text{year}} + \varepsilon_{\text{sample}(\text{beach-year})}$$

where $\gamma_{\text{sample}(\text{beach-year})}$ is the geometric mean of fecal coliform for each harvest (sampling day), α_0 is the overall mean, μ_{beach} is the beach random effect, μ_{year} is the year random effect and $\varepsilon_{\text{sample}(\text{beach-year})}$ the random error term. Multilevel models may be used when the data structure includes more than one level of sampling and they allow coefficients to vary by level. These models extend linear models to take into account the clustering and the data dependency within each level (Gelman and Hill 2007). The cross-classified model was appropriate to the specific data structure of this study (Snidjers and Bosker 1999). The three levels of the data were not nested, the year and beach data being at the same level (second level) compared to the sampling day data (first level). From this model, intra-class correlation coefficients (ICC) were calculated for the beach and the year levels to measure the similarity among samples in the same group. Multilevel analyses were performed using MLwiN software (MLwiN 2.21, Centre for Multilevel Modeling, University of Bristol, UK).

For the second objective, a logistic regression model using hierarchical variable coding was used to model the relationship between fecal coliform concentration and various agroenvironmental determinants (Dohoo et al. 2003). Table VIII shows the distribution of all the determinants included in this model. The geometric mean of fecal coliform concentrations among all harvests that occurred during the study period (summers of 2004 to 2010, inclusively) was taken as an index measure to represent the overall contamination status of each beach.

This measure is meant to represent the general picture of the fecal contamination level of a given beach, with minimal influence of extreme values that might have occurred at a given sampling time due to specific circumstances. To be able to assess the results of our model according to the beach surveillance program and to be able to identify determinants that could influence the categorization of the beaches, we decided to model the probability of a beach to not be an excellent one (group A - fecal coliform concentration of < 20 CFU/100 ml), with a multivariable logistic model. Logistic regression models can be used to describe the relationship of several factors to a dichotomous dependent variable, such as two groups of beaches (Kleinbaum and Klein 2002). Provided that there was no collinearity ($r > 0.8$) between variables, a full multivariable logistic model was constructed with all variables previously identified. In trying to identify the most parsimonious model, a backward elimination process was carried out with a level of significance of 0.05 or less (likelihood ratio test). During this process, changes in coefficient estimates for variables remaining in the model were assessed each time a variable was dropped from the model. To address possible confounding effects the variable previously dropped was re-introduced and kept in the model, if any estimate changed by more than 20% of its initial value. Interaction between geo-hydrological variables and the remaining variables in the final model were tested to assess a possible effect modification by these environmental variables. Goodness-of-fit of the final model was assessed using the Hosmer-Lemeshow test, with a significant ($p < 0.05$) result indicating a poor fit (Dohoo et al. 2003). All these statistical procedures were performed using SAS software (SAS 9.1, SAS Institute Inc. NC, USA).

Results

The study included 289 beaches located in 41 watersheds. The areas of influence calculated had an average of 7.17 km² for the proximal section (first two km), and an average of 26.83 km² for the distal section (first five km). From the summers of 2004 to 2010 inclusively, 3239 harvests were compiled from the 289 beaches. Table IX

shows the number of harvests per year and the number of beaches sampled for each year. In average, a same beach was sampled during five years (min= 3, max= 7) over the study period and 59 % of the beaches were sampled at least six years. A total of 232 beaches (80%) were classified as excellent (Group A beaches) with a geometric mean of 6.18 CFU/100 ml. The remaining 57 beaches had a geometric mean of 54.58 CFU/100 ml and a maximum level of 200 CFU/100 ml.

Random variance components from the multilevel analysis are shown in Table X for each level of the data. These results showed a good homogeneity among the mean of fecal coliforms over the years of the study and a greater variation at the water sample and beach levels. From these variance components, ICCs were calculated for the beach level (0.426) and the year level (0.0009), meaning that 42.6% of the total variation resided at the beach level and 0.09% at the year level. The rest of the total variation, 57.3%, could be attributed to the sample itself.

Among the nine determinants considered in the full model, two obtained a *p*-value less than 0.05 after the backward elimination process: “presence of ruminant production in the area of influence” and “urban area” (Table XI). In addition to these two, four other variables were kept in the model because they had a significant impact on other coefficients when removed and thus were considered as confounding variables. When looking at the variable “presence of ruminant production in the area of influence,” the odd ratio of the second category (ruminant production within two kilometers) was 2.78 and for the third category (ruminant production within five kilometers) it was 1.23. The odd ratio of the variable “urban area” was 3.69. Interactions were tested among the variables “ruminant production in the area of influence”, “urban area” and the hydrological variables (number of tributaries, topographic index and lake area) and none of them were statistically significant or significantly changed the coefficients of other variables. They were then removed from the model. The Hosmer-Lemeshow test indicated that the model fits the data adequately ($p=0.523$).

Discussion

The first objective of this study was to evaluate the proportion of fecal contamination of recreational waters that could be explained by time-independent determinants. The multilevel analysis showed that more than 40% of the total variation of the fecal coliform concentration was attributed to the beach itself, meaning that beach characteristics that are stable over time may play an important role as factors linked to the contamination level. Identifying and assessing these determinants can be useful to better manage the surveillance programs by targeting sites with a general higher risk of fecal contamination and thus providing better resource allocation. This concept is especially important when surveillance programs are conducted on a large territory like it is the case in the Province of Quebec which has hundreds of beaches. Moreover, knowing the importance of these determinants can be an important step to a better understanding of the complex dynamic of fecal contamination of recreational freshwater.

One of the findings from the multivariable analysis is that beaches having ruminant productions in their area of influence run a higher risk of having a higher level of fecal coliform. Interestingly, when looking at this variable more closely, the level representing ruminant production within five kilometers was not statistically different from the one representing ruminant production within two kilometers, meaning that the extended three kilometers did not bring any additional information on risk from the two kilometers zone. This result is in agreement with those of Crowther *et al.* (2003) who showed that in base flow conditions, the area that influences the most the microbiological quality of the water is located within two kilometers of the sampling point. This also concurs with the hypothesis of an inverse relationship between distance of the possible sources of contamination and levels of pollution in waters, and might be explained by bacterial die-off or sedimentation process along watercourses during the base flow period. In Quebec, recreational water's season is mostly limited to the base flow period (mid-June to end of August), excluding spring and fall high flow conditions.

The contribution of ruminant production sites to microbiological water contamination can be explained by different pathways. Runoff from manure pile around the facilities and leakage of manure and slurry tanks can contain large quantities of fecal microorganisms which may survive for a long period of time, depending on weather conditions and storage methods (Martel 1996; Avery et al. 2005). Given that ruminants on pasture leave a significant amount of fecal microorganisms during the grazing season, pasture located around the ruminant production sites are also contaminated by fecal material. Studies on survival of indicator and pathogenic bacteria on pasture have reported a survival time higher than two months, depending on seasons and weather conditions (Avery et al. 2004; Sinton et al. 2007). Moreover, ruminant production sites are often surrounded by land used for crops which often use manure as a fertilizer. Following the spreading of manure, a large amount of fecal microorganisms can be found on soil and their survival depends on the species and the external conditions (Trevisan et al. 2002). Once on the soil and following raining events, microorganisms coming from these sources can be transported to water bodies by runoff and subsurface tile drains. It is reported that under current manure application practices, runoff from manure-amended fields reaching subsurface tile drains often exceeds recreational use standards (Warnemuende and Kanwar 2002).

Another important result from the multivariable analysis is that beaches with a higher level of fecal coliforms are more likely to be located in an urban area. Urban areas can be a source of fecal pollution through various mechanisms. Storm waters can bring fecal organisms by runoff coming from domestic waste, urban wildlife and domestic pet population (Olivieri et al. 1989). Combined sewer overflows (CSO) can also contribute to urban fecal contamination of water when combined sewer systems (CSS) overflow during storm events. CSS is a type of sewer system that collects sanitary sewage and storm water runoff in a single pipe. CSO can occur when storm water entering the sanitary sewer system uses the available system capacity, the pipes fill and wastewater pump stations reach their capacity. The result is a direct spillage of wastewater in water courses (USEPA 2004). Reports show that the level of

indicator bacteria in CSOs can reach 10^6 *Escherichia coli*/100 ml, which is greatly over the existing Canadian recreational water guidelines (200 *E. coli*/100 ml) (Marsalek and Rochfort 2004; Health Canada 2009). In the Province of Quebec, many hundreds of CSSs are in use, mainly in urban areas (Laurin 2008). Furthermore, beaches located in urban areas, which have a higher density of people, are more prone to have higher attendance by people than beaches located in rural areas. It has been demonstrated that bathers are shedding fecal microorganisms while practicing recreational activities in water and that levels of waterborne pathogens and fecal coliform counts are correlated with bather density (Gerba 2000; Graczyk et al. 2010). In our model, data relating to measures of beach attendance would have been more specific, but this information was not available, so we referred to a measure of human population density around beaches as a proxy.

From a public health perspective, water contaminated by both animal and human sources of fecal indicators can represent a health risk for people engaged in recreational activities. Although the World Health Organization assumes that, in general, animal sources of fecal contamination represent a smaller risk to human health than human sources (WHO 2003), runoff coming from agriculture land can contain zoonotic pathogens such as *Salmonella*, *Campylobacter* and *E. coli* O157:H7, which may lead to gastro-intestinal illness and sometimes severe sequelae (Hutchison et al. 2004; Moriarty et al. 2008). A recent study by Soller et al. (2010) also indicated that risk of gastro-intestinal illness associated with exposure to recreational waters impacted by cattle feces may not be different from waters impacted by human sources. This is in agreement with another study in New Zealand which did not find substantial differences in risk of illness between animal and human waste impacted beaches (McBride et al. 1998). Nonetheless, human health risk from exposure to recreational waters impacted by non-human sources are still not well understood as some studies did not found statistically significant association between illness risk and fecal contamination of water by animal sources (Calderon et al. 1991; Colford Jr et al. 2007).

From our model, variables representing geo-hydrological characteristics were not statistically associated with the fecal coliform count. Nonetheless, they seem to act as confounding factors as the other variable coefficients change significantly when they were removed from the model. Geo-hydrological characteristics of a beach environment may play an important role in the water contamination as they modulate the load of microorganisms in water bodies. They should be taken into account in further model development. Previous studies have associated climate conditions with microbial fecal indicator concentration (Crowther et al. 2001; Love et al. 2010). However, PHZ, representing average climate conditions of a region, did not seem to have an impact on the fecal coliform count of the beaches under study. PHZ can take a value from zero to eight, zero representing the harshest zone, and eight the mildest one. A majority of the beaches (70%) under study were located in zones three, four or five, with no beaches in extremes zones. This small variation in the general climate conditions among beaches could have contributed to the absence of detection of statistical association with this factor.

This study was conducted following an observational design and a number of limits should be taken into account. According to the surveillance program in place, the number of water samples taken for each beach per year was limited. This could have resulted in the misclassification of the outcome related to the overall mean of fecal coliforms and a higher number of samples having allowed a better estimate of the mean. Given that the outcome was divided in two categories and that study was conducted over seven years, it is reasonable to believe that this misclassification had a small impact on the multivariable analysis. Very few data are available concerning area influencing water quality of a sampling point on a lake. To our knowledge, it is the first time that a zone of influence was delineated from a hydrologic analysis and a maximum radius. The choice of our calculation method for the zone of influence may certainly have had an impact on our results. However, data from the multivariable analysis tend to demonstrate that sources of fecal contamination located in the lake catchment and from a distance between two and five kilometers of the beach have a smaller impact on water quality than sources

located in the first two kilometers. These results are thus consistent with our choice of area of influence, but more research is needed to better understand the complex dynamic of fecal contamination of recreational waters, mainly when this contamination comes from nonpoint sources.

Although associations of ruminant productions and urbanization are consistent with the general knowledge about fecal contamination of waters, some associations with other factors could also be expected. Among these, swine productions can be identified as a source of fecal microorganisms (Majdoub et al. 2003; Chevalier et al. 2004). In Quebec, swine manure, which is an important source of fecal contamination from swine productions, can be transported on long distances before being spread (Buon and Trahan 2007). Unfortunately, precise localizations of manure spreading were not available for the study area. The distance between swine production sites and where the manure is actually spread could have led to a misclassification of the beach exposure relating to this factor and this might have resulted in an underestimated association between these productions and the level of fecal contamination of the beaches under study. Water coming from wastewater treatment plant can also be a source of fecal microorganisms, especially when no disinfection process is used (Payment et al. 2001). However, the small number of beaches with a wastewater treatment plant located upstream (4% in two km and 8% in five km), could have prevented the finding of a statically significant association with the level of fecal contamination in this study.

This study aimed to evaluate the proportion of fecal contamination explained by time-independent determinants and to ascertain key agroenvironmental determinants associated with fecal contamination of recreational freshwaters. Our data suggest that beach characteristics that are stable over time play an important role in the recreational waters fecal contamination process, as they can explain 40% of the total variation of the fecal coliform level. Our results also show that ruminant productions, mainly when they are located in the first two kilometers of the lake catchment, may be an important determinant of this contamination. Moreover, location of the beach regarding to the human population density seems to be an

important key component in this relation. Further studies using sophisticated methods like dynamic modeling and microbial source tracking would be important to further understand the complex dynamic of fecal contamination of freshwaters and the role of agroenvironmental determinants in this process.

Acknowledgment

The authors acknowledge people involved in the provincial public beach surveillance program (Programme Environnement-Plage), and more specifically, Alain Lavoie, Agnès Godin and Marc Gignac. The authors also gratefully acknowledge Martin-Pierre Lavigne for his valuable contribution on the hydrological aspects of this work. This research was funded by the Public Health Agency of Canada and Université de Montréal.

References

- Aitken M, Merrilees D, Duncan A (2001) Impact of Agriculture Practices and Catchment Characteristics on Ayrshire Bathing Waters. Scottish Executive Central Research Unit, Edinburgh, UK
- Avery LM, Killham K, Jones DL (2005) Survival of *E. coli* O157:H7 in organic wastes destined for land application. *J Appl Microbiol* 98 (4):814-822
- Avery SM, Moore A, Hutchison ML (2004) Fate of *Escherichia coli* originating from livestock faeces deposited directly onto pasture. *Lett Appl Microbiol* 38 (5):355-359
- Beven KJ, Kirkny MJ (1979) A physically based, variable contributing area model of basin hydrology. *Hydrological Sciences Bulletin* 24 (1):43-69
- Bruce MG, Curtis MB, Payne MM, Gautom RK, Thompson EC, Bennett AL, Kobayashi JM (2003) Lake-associated outbreak of *Escherichia coli* O157:H7 in Clark County, Washington, August 1999. *Arch Pediatr Adolesc Med* 157 (10):1016-1021
- Buon E, Trahan M (2007) Bilan des traitements des lisiers au Québec. *Porcs Québec* 18 (3):35-38

- Burkholder J, Libra B, Weyer P, Heathcote S, Kolpin D, Thorne PS, Wichman M (2007) Impacts of waste from concentrated animal feeding operations on water quality. *Environ Health Perspect* 115 (2):308-312
- Calderon R, E. M, Dufour A (1991) Health effects of swimmers and non-point sources of contaminated water. *Int J Environ Health Res* 1:21-31
- CEAEQ (2005) Recherche et dénombrement des coliformes fécaux (thermotolérants) et confirmation à l'espèce *Escherichia coli*: méthode par filtration sur membrane. Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec, Québec, Canada
- Chevalier P, Levallois P, Michel P (2004) Infections entériques d'origine hydrique potentiellement associées à la production animale: revue de la littérature. *Vecteur environnement* 37 (2):90-106
- Colford Jr JM, Wade TJ, Schiff KC, Wright CC, Griffith JF (2007) Water quality indicators and the risk of illness at beaches with non-point sources of fecal contamination. *Epidemiology* 18:27-35
- Craun GF, Calderon RL, Craun MF (2005) Outbreaks associated with recreational water in the United States. *Int J Environ Health Res* 15 (4):243-262
- Crowther J, Kay D, Weyer MD (2002) Faecal-indicator concentrations in waters draining lowland pastoral catchments in the UK: relationships with land use and farming practices. *Water Res* 36 (7):1725-1734
- Crowther J, Weyer MD, Bradford M, Kay D, Francis CA, Knisel WG (2003) Modelling faecal indicator concentrations in large rural catchments using land use and topographic data. *J Appl Microbiol* 94 (6):962-973
- Denault J-T, Rousseau AN, van Bochove E, Dechmi F (2008) Evaluating the propensity of saturation excess runoff using a topographic index (wetness index) with NHN and DEM GeoBase data. Agriculture and Agri-food Canada - Institut National de Recherche Scientifique (Centre Eau, Terre et Environnement), Quebec, Canada
- Denno DM, Kenne WE, Hutter CM, Koespsell JK, Patnode M, Hursh-Flodin D, Stewart LK, Duchin JS, Rasmussen L, Jones R, Tarr PI (2009) Tri-County

- Comprehensive Assessment of Risk Factors for Sporadic Reportable Bacterial Enteric Infection in Children. *J infect Dis* 199:467-476
- Dohoo I, Martin W, Stryhn H (2003) *Veterinary Epidemiologic Research* 1st edn. AVC Inc., Charlottetown (PEI), Canada
- Duschesne L. La situation démographique au Québec. Bilan 2006 (2006) Institut de la statistique du Québec.
<http://www.stat.gouv.qc.ca/publications/demograp/pdf2006/Bilan2006.pdf>. Accessed June 2011
- Dwight RH, Baker DB, Semenza JC, Olson BH (2004) Health effects associated with recreational coastal water use: Urban versus rural California. *Am J Public Health* 94 (4):565-567
- Dziuban EJ, Liang JL, Craun GF, Hill V, Yu PA, Painter J, Moore MR, Calderon RL, Roy SL, J. BM (2006) Surveillance for Waterborne-Disease Outbreaks Associated with Recreational Water-United States, 2003-2004. *CDC Morbidity and Mortality Weekly Report* 55 (12)
- Feldman KA, Mohle-Boetani JC, Ward J, Furst K, Abbott SL, Ferrero DV, Olsen A, Werner SB (2002) A cluster of *Escherichia coli* O157: nonmotile infections associated with recreational exposure to lake water. *Public Health Rep* 117 (4):380-385
- Fleisher JM, Fleming LE, Solo-Gabriele HM, Kish JK, Sinigalliano CD, Plano L, Elmir SM, Wang JD, Withum K, Shibata T, Gidley ML, Abdelzaher A, He GQ, Ortega C, Zhu XF, Wright M, Hollenbeck J, Backer LC (2010) The BEACHES Study: health effects and exposures from non-point source microbial contaminants in subtropical recreational marine waters. *Int J Epidemiol* 39 (5):1291-1298
- Fleisher JMP, Kay DP, Salmon RLM, Jones FM, Wyer MDP, Godfree AFB (1996) Marine Waters Contaminated with Domestic Sewage: Nonenteric Illnesses Associated with Bather Exposure in the United Kingdom. *Am J Public Health* 86 (9):1228-1234

- Gelman A, Hill J (2007) Multilevel structures. In: Gelman A, Hill J (eds) *Data Analysis Using Regression and Multilevel/Hierarchical Models*. Cambridge University Press, New York, NY, pp 237-250
- GeoBase (2010) National Hydro Network (2010) GeoBase.
<http://www.geobase.ca/geobase/en/data/nhn/description.html>. Accessed January 2010
- Gerba CP (2000) Assessment of Enteric pathogen Shedding by Bathers during Recreational Activity and its Impact on Water Quality. *Quant Microbiol* 2:55-68
- Gessel PD, Hansen NC, Goyal SM, Johnston LJ, Webb J (2004) Persistence of zoonotic pathogens in surface soil treated with different rates of liquid pig manure. *Appl Soil Ecol* 25 (3):237-243
- Gouvernement du Québec. Atlas Québec (2004) Gouvernement du Québec.
http://vuesensemble.atlas.gouv.qc.ca/site_web/accueil/index.htm. Accessed July 2011
- Graczyk TK, Sunderland D, Awantang GN, Mashinski Y, Lucy FE, Graczyk Z, Chomicz L, Breysse PN (2010) Relationships among bather density, levels of human waterborne pathogens, and fecal coliform counts in marine recreational beach water. *Parasitol Res* 106 (5):1103-1108
- Graczyk TK, Sunderland D, Tamang L, Lucy FE, Breysse PN (2007) Bather density and levels of *Cryptosporidium*, *Giardia*, and pathogenic microsporidian spores in recreational bathing water. *Parasitol Res* 101:1729-1731
- Haack SK, Fogarty LR, Wright C (2003) *Escherichia coli* and *enterococci* at beaches in the Grand Traverse Bay, Lake Michigan: Sources, characteristics, and environmental pathways. *Environ Sci Technol* 37 (15):3275-3282
- Health Canada (2009) Guidelines for Canadian Recreational Water Quality Third Edition. Health Canada, ON, Canada
- Hubbard RK, Newton GL, Hill GM (2004) Water quality and the grazing animal. *J Anim Sci* 82 E-Suppl:E255-263

- Hutchison ML, Walters LD, Avery SM, Synge BA, Moore A (2004) Levels of zoonotic agents in British livestock manures. *Lett Appl Microbiol* 39 (2):207-214
- INRS (1998) PHYSITEL Description. INRS-Water.
<http://www.ete.inrs.ca/activites/modeles/hydrotel/en/physitel.htm>.
Accessed January 2010
- Iwamoto M, Hlady G, Jeter M, Burnett C, Drenzek C, Lance S, Benson J, Page D, Blake P (2005) Shigellosis among swimmers in a freshwater lake. *South Med J* 98 (8):774-778
- Kay D, Anthony S, Crowther J, Chambers BJ, Nicholson FA, Chadwick D, Stapleton CM, Wyer MD (2010) Microbial water pollution: A screening tool for initial catchment-scale assessment and source apportionment. *Sci Total Environ* 408 (23):5649-5656
- Kleinbaum DG, Klein M (2002) *Logistic Regression, A self-Learning Text*. Second Edition. Springer, Atlanta (Georgia)
- Laurin M (2008) Évaluation de performance des ouvrages municipaux d'assainissement des eaux pour l'année 2007. Ministères des Affaires Municipales, des Régions et de l'Occupation du Territoire du Québec, Québec, Canada
- Love DC, Lovelace GL, Money ES, Sobsey MD (2010) Microbial Fecal Indicator Concentrations in Water and Their Correlation to environmental Parameters in Nine Geographically Diverse Estuaries. *Water Qual Expo Health* 2:85-95
- Majdoub R, Côté C, Labadi M, Guay K, Généreux M (2003) Impact de l'utilisation des engrais de ferme sur la qualité microbiologique de l'eau souterraine. Institut de recherche et de développement en agroenvironnement. Québec, QC
- MAPAQ (2005) Gestion intégrée des ressources en milieu agricole (GIRMA). Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec
<http://www.quebecgeographique.gouv.qc.ca/approfondir/expertise/girma.asp>. Accessed January 2010

- Marsalek J, Rochfort Q (2004) Urban wet-weather flows: sources of fecal contamination impacting on recreational waters and threatening drinking-water sources. *J Toxicol Environ Health A* 67 (20-22):1765-1777
- Martel A (1996) Etude de la pollution microbiologique d'origine animale sur le littoral normand. Université Catholique de Lille, Lille, France
- McBride GB, Salmond CE, Bandaranayake DR, Turner SJ, Lewis GP, Till DG (1998) Health effects of marine bathing in New Zealand. *Int J Environ Health Res* 8:173-189
- McKenney DW, Hutchinson MF, Kesteven JL, Venier LA (2001) Canada's plant hardiness zones revisited using modern climate interpolation techniques. *Can J Plant Sci* 81:129-143
- MDDEP (2004) Guide d'application du programme Environnement-Plage. Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec, Québec, Canada
- MDDEP (2006) Programme Environnement-Plage. Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
<http://www.mddep.gouv.qc.ca/programmes/env-plage/>.
- Moriarty EM, Sinton LW, Mackenzie ML, Karki N, Wood DR (2008) A survey of enteric bacteria and protozoans in fresh bovine faeces on New Zealand dairy farms. *J Appl Microbiol* 105 (6):2015-2025
- NRC (2007) Canada's Plant Hardiness Site. National Resources Canada.
http://planthardiness.gc.ca/ph_technicaldetails.pl?lang=en. Accessed November 2010
- Olivieri VP, Kawata K, Lim SH (1989) Microbiological impacts of storm sewer overflows: Some aspects of the implication of microbiological indicators for receiving waters. In: Ellis JB (ed) *Urban discharges and receiving water quality impacts*. Oxford, pp 47-54
- Olyphant GA, Whitman RL (2004) Elements of a predictive model for determining beach closures on a real time basis: The case of 63rd Street Beach Chicago. *Environ Monit Assess* 98 (1-3):175-190

- Payment P, Plante R, Cejka P (2001) Removal of indicator bacteria, human enteric viruses, *Giardia* cysts, and *Cryptosporidium* oocysts at a large wastewater primary treatment facility. *Can J Microbiol* 47 (3):188-193
- Pond K (2005) Water recreation and disease, Plausibility of Associated Infections: Acute Effects, Sequelae and Mortality. *Emerging Issues in Water and Infectious Disease Series*. IWA Publishing, London
- Rodgers P, Soulsby C, Hunter C, Petry J (2003) Spatial and temporal bacterial quality of a lowland agricultural stream in northeast Scotland. *Sci Total Environ* 314-316:289-302
- Sartorius B, Andersson Y, Velicko I, De Jong B, Löfdahl M, Hedlund K-O, Allestam G, Wangsell C, Bergstedt O, Horal P, Ulleryd P, Soderstrom A (2007) Outbreak of norovirus in Västra Götaland associated with recreational activities at two lakes during August 2004. *Scand J Infect Dis* 39 (4):323-331
- Schönberg-Norio D, Takkinen J, Hänninen M-L, Katila M-L, Kaukoranta S-S, Mattila L, Rautelin H (2004) Swimming and *Campylobacter* Infections. *Emerg Infect Dis* 10 (8):1474-1477
- Sinton LW, Braithwaite RR, Hall CH, Mackenzie ML (2007) Survival of indicator and pathogenic bacteria in bovine feces on pasture. *Appl Environ Microbiol* 73 (24):7917-7925
- Snidjers T, Bosker R (1999) *Multilevel Analysis. An introduction to basic and advanced multilevel modeling*. Sage Publications, London
- Soller JA, Schoen ME, Bartrand T, Ravenscroft JE, Ashbolt NJ (2010) Estimated human health risks from exposure to recreational waters impacted by human and non-human sources of faecal contamination. *Water Res* 44 (16 Special Issue SI):4674-4691
- Statistics Canada (2007) 2006 Census. Statistics Canada.
<http://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/index-eng.cfm>. Accessed August 2009

- Trevisan D, Vansteelant JY, Dorioz JM (2002) Survival and leaching of fecal bacteria after slurry spreading on mountain hay meadows: consequences for the management of water contamination risk. *Water Res* 36 (1):275-283
- USEPA (2004) Report to Congress. Impacts and Control of CSOs and SSOs. United States Environmental Protection Agency, Washington, D.C., USA
- Warnemuende EA, Kanwar RS (2002) Effects of Swine manure Application on Bacterial Quality of Leachate from Intact Soil Columns. *Trans ASAE* 45 (6):1849-1857
- WHO (2003) Guidelines for safe recreational water environments. Coastal and fresh waters. vol 1. World Health Organization, Geneva, Switzerland

Figure

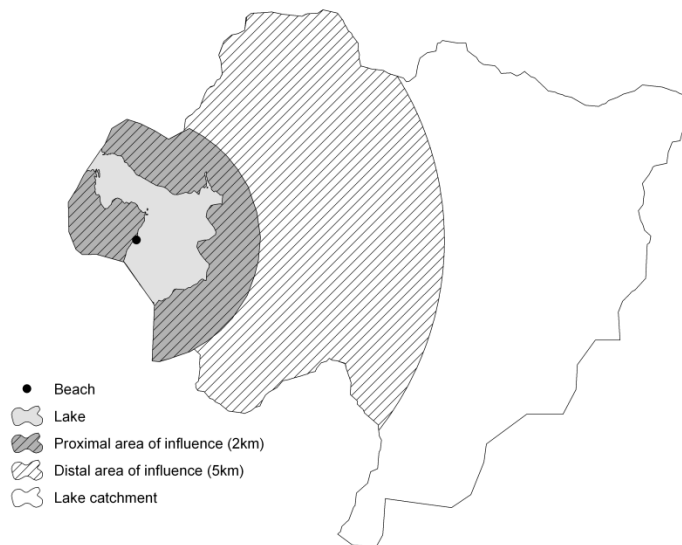


Figure 7. Scheme representing the proximal and distal areas of influence of a beach

Tables

Table VII. Summary of time-independent determinants included in the logistic regression model

Abbreviation	Variable full name	Definition
<u>Agricultural activities</u>		
Sw	Swine production in the area of influence (AI)	Absence, presence in 2 km or presence in 5 km
Ru	Ruminant production in the AI	Absence, presence in 2 km or presence in 5 km
Crop	Crop lands in the AI	Absence, presence in 2 km or presence in 5 km
<u>Human activities</u>		
Urban	Urban area	Most part of the AI is in an urban area or a rural area
WWTP	Wastewater treatment plant	Absence, presence in 2 km upstream or presence in 5 km upstream
<u>Geo-hydrological characteristics</u>		
TI	Topographic index	Topographic index value at the beach localization
PHZ	Plant hardiness zone	Zone covering the larger area of the AI
Tributaries	Tributaries	Number of lake tributaries
Lake area	Lake area	Lake area in km ²

Table VIII. Distribution of determinants included in the logistic regression model

Determinants	Number of beaches (%)
Swine productions	
Absence	259 (90 %)
Presence in 2 km	15 (5 %)
Presence in 5 km	30 (10 %)
Ruminants productions	
Absence	240 (83 %)
Presence in 2 km	31 (13 %)
Presence in 5 km	49 (17 %)
Crop lands	
Absence	233 (81 %)
Presence in 2 km	40 (14 %)
Presence in 5 km	56 (19 %)
Urban area	44 (15 %)
Wastewater treatment plan	
Absence	266 (92 %)
Presence in 2 km	11 (4 %)
Presence in 5 km	23 (8 %)
Plant hardiness zone	
Zone 2	16 (6 %)
Zone 3	101 (35 %)
Zone 4	111 (38 %)
Zone 5	61 (21 %)
Tributaries	
none	56 (19 %)
1	135 (47 %)
2 or more	97 (34 %)
Lake area	
<= 1 km ²	121 (42 %)
> 1km ²	168 (58 %)
Topographic index	
<= 3	148 (51 %)
> 3	141 (49 %)

Table IX. Number of harvesting and beaches sampled for each years of the study

Year	Number of harvesting	Number of beaches
2004	505	240
2005	488	221
2006	461	233
2007	454	229
2008	461	226
2009	433	208
2010	437	212
Total	3239	

Table X. Random variance components from the Multilevel Analysis

Random variance component	Value
Sample level	1.325
Beach level	0.986
Year level	0.002
Total random variance	2.313

Table XI. Time-independent determinants included in the final logistic regression model

Variable	Category	OR	CI 95 %	<i>p</i> (multiple likelihood ratio)
Ru	2 km vs absence	2.78	1.01 ; 8.18	0.04
	5 km vs 2 km	1.23	0.69 ; 3.83	
Sw	2 km vs absence	2.19	0.66 ; 7.31	0.42
	5 km vs 2 km	0.61	0.18 ; 2.07	
Urban	Urban vs rural	3.69	1.67 ; 8.18	0.001
WWTP	2 km vs absence	3.10	0.57 ; 16.87	0.31
	5 km vs absence	0.82	0.11 ; 5.90	
TI	> 3	1.21	0.56 ; 2.61	0.50
Lake area	> 1km ²	2.19	0.88 ; 5.84	0.09

Monitoring Agroenvironmental Determinants of Recreational Freshwater Quality using Remote Sensing⁵

Patricia Turgeon¹, Pascal Michel^{2,1}, Patrick Levallois^{3,4}, André Ravel^{2,1}, Marie Archambault¹, Martin-Pierre Lavigne^{2,1}, Serge Olivier Kotchi^{2,1}, Stéphanie Brazeau^{2,1}

1. Groupe de recherche en épidémiologie des zoonoses et santé publique, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, QC, Canada
2. Laboratoire de lutte contre les zoonoses d'origine alimentaire, Agence de la santé publique du Canada, Saint-Hyacinthe, QC, Canada
3. Centre Hospitalier Universitaire de Québec, Université Laval, Québec, QC, Canada
4. Institut national de santé publique du Québec, Québec, QC, Canada

Abstract

Large amounts of non-pathogenic and pathogenic microorganisms may flow into natural recreational waters through various sources of fecal contamination originating from agriculture practices, human activities and wildlife animals. Monitoring of natural recreational water microbial quality is most often based mainly on testing a set of microbiological indicators. The cost and labour involved in testing numerous water samples may be significant when a large number of sites must be monitored repetitively over time. In addition to water testing, ongoing monitoring of key environmental factors known to influence microbial contamination may also be carried out as an additional component. Monitoring of environmental factors can now be performed using remote sensing technology which represents an increasingly recognized source of rigorous and recurrent data, especially when monitoring over a large or difficult to access territory is needed. To determine

⁵ Article soumis au journal *Environmental Monitoring and Assessment* (août 2011)

whether this technology could be useful in the context of recreational water monitoring, we evaluated a set of agroenvironmental determinants associated with fecal contamination of recreational waters through a multivariable logistic regression model built with data extracted from satellite imagery. We found that variables describing the proportions of land being agricultural and impervious surfaces, as derived from remote sensing observations, were statistically associated (OR=11 and 5.2, respectively) with a higher level of fecal coliforms in lake waters in the southwestern region of Quebec, Canada. From a technical perspective, remote sensing may provide important added-value in the monitoring of microbial risk from recreational waters and further applications of this technology should be investigated to support public health risk assessments and environmental monitoring programs relating to water quality.

Keywords: recreational waters, remote-sensing, public health, fecal contamination, agroenvironment.

Introduction

In the last decade, the popularity of natural recreational water activities has grown in many countries and is expected to further increase with demographic changes and global warming (Pond 2005). Recreational water quality can be impaired by different types of contamination including fecal contamination, algae, chemical contamination and contamination with other free-living organisms like amibes and *Leptospira* sp. (WHO 2003). People exposed to recreational water impacted by fecal contamination can develop health problems, especially gastro-intestinal diseases, which can lead to severe sequelae (Craun et al. 2004). Pathogens found in these waters can come from different sources, including agricultural activities, human activities and wild animal populations. Currently, monitoring of recreational water quality is mainly based on the detection of microbiological fecal indicators, which can provide reliable

information on water quality relatively quickly (WHO 2003). This information is crucial in order to take necessary public health actions such as closing beaches when needed. In addition to direct testing of water, the World Health Organization also recommends the assessment and monitoring of all the sources of fecal contamination and environmental characteristics that may influence beach water quality, like land use and topography. Combination of these two monitoring components provides a basis for a beach classification which can be used to assist in the identification of effective management intervention (WHO 2003). In addition to a better characterization of the hazard, monitoring of proximal environmental factors also provide insights into the possible sources on which contamination may be attributed. There are various known data that can be used to describe environmental factors, including census and field records. However, in the context of a large territory like the Province of Quebec in Canada, where there are hundreds of natural recreational bodies of water and a small population density, there is a need for new techniques to characterize the environment with greater efficiency and consistency.

Tele-epidemiology consists of monitoring and studying the distribution of human and animal diseases strongly linked to climatic and environmental variations through the application of space-based technologies, including remote-sensing. (Marechal et al. 2008). Remote sensing data have been previously used for the surveillance of a number of public health problems, including vector-borne diseases and algal bloom detection (Boone et al. 2000; Kutser et al. 2006; Herbreteau et al. 2007; Leblond et al. 2007). This type of data could also be useful in the surveillance of fecal contamination of recreational waters, but scientific data on the application of such technology in this domain is limited. Agricultural lands, including croplands and pastures, have been known to influence water quality downstream since they can be a source of fecal microorganisms originating from spread manure or grazing animals (Rodgers et al. 2003; Ramos et al. 2006). Urban areas have also been linked with fecal water pollution through wastewater treatment plant discharge, urban runoff and direct spillage of impacted water (Basnyat et al. 2000; Marsalek and

Rochfort 2004). Conversely, some land covers like forests and wetlands have been associated with better water quality as they can act as a filter of microorganisms (Kao and Wu 2001; Matteo et al. 2006; Matteo et al. 2006; (Knox et al. 2008). Since remote sensing data can effectively provide information on land use and land cover known to influence recreational water quality, this information could be a useful addition to recreational water surveillance programs focusing on environmental determinants associated with the risk of fecal contamination (Beck et al. 2000; Tong and chen 2002; Campbell 2007). This paper had two objectives. The first was to evaluate the use of remote sensing, and more specifically Landsat-5 satellite imagery, in identifying agroenvironmental determinants associated with fecal contamination of recreational freshwaters, and the second was to discuss the strengths and the limitations of this approach in the context of recreational water quality monitoring programs.

Materials and methods

Study area

The area under study included public beaches of Southern Quebec, Canada within the Yamaska, the Saint-François and the Assomption watersheds. These watersheds were selected in consideration of their mixed land use and sufficient number of beaches for statistical examination. Table XII summarizes the key characteristics of these three watersheds. Beaches were selected within these areas and their selection were restricted to those that were adjacent to a lake and monitored by the Quebec recreational water quality program for at least three years between 2004 and 2010 inclusively ($n=78$) (Figure 8).

Measure of fecal contamination

Measures of fecal contamination of beach waters were those taken from the Quebec recreational water quality program. According to this monitoring program, water samples were taken in June, July or August of each summer with an average of three samplings per summer. For each harvest, several water samples (6 to 12 depending

on the length of the beach) were taken from within the swimming area at a depth of 15cm. The geometric mean of fecal coliform concentration for each harvest was determined by the membrane filtration method (CEAEQ 2005). According to this program, beaches were classified according to their average fecal coliform concentration after each harvest: a group “A” beach (excellent quality) was classified as having a test result of 0-20 colony-forming units (CFU) /100ml. Similarly, a group “B” beach (good) had 21-100 CFU/100 ml, group “C” (poor) had 101-200 CFU/ml and group “D” (polluted) had over 200 CFU/100 ml found in the sampled water. A detailed description of this beach surveillance program is available (MDDEP 2004, 2006). For this study, the geometric mean of fecal coliform concentration among all harvests that occurred during the study period (summers of 2004 to 2010 inclusively) was taken as an index measure to represent the overall contamination status of each beach. This measure was meant to represent a general indicator of the fecal contamination level of a given beach, with minimal influence from extreme values that might have occurred at a given harvest day due to specific circumstances.

Agroenvironmental determinants

Measures of determinants studied were based on land surface and they were calculated according to a hydrological area of influence of each beach. These areas were determined based on the area naturally drained by the outlet of the lake and their calculation included two steps. The first one was to calculate the hydrological catchment of the lake associated with each beach and it was performed using a digital elevation model (DEM) and the hydrologic database of the National Hydro Network of Canada (NHN) (GeoBase 2010). Calculations were executed with the software Physitel (Physitel 3.0, INRS, QU, Canada) (INRS 1998) and a geographic information system (GIS) (ArcGIS, ESRI, 9.3.1, CA). The second step was to determine a maximum radius to delineate the area with most influence on fecal contamination of beaches. According to Crowther et al. (2003), in base flow conditions, most of the diffuse microbiological pollution entering a water body is

from runoff and the area that influences the most this pollution is between zero and two kilometres. As water sampling in this study occurred from mid-June to the end of August (excluding spring and fall high flow conditions), a maximum distance of two kilometres was chosen for the delineation of the so called “area of influence”. A two kilometer buffer zone was thus created around each beach and the catchments calculated were stopped at the border of this buffer.

Table XIII summarizes the eight agroenvironmental determinants included in the analyses. Determinants related to the land use and land cover were extracted from four Landsat-5TM satellite images, covering the whole study area (May 2010). Landsat sensors measure the reflectance in the visible, near-infrared and mid-infrared and thermal infrared wavelengths and cover areas of 185 km x 170 km with 30 m resolution (NASA 2004). Images were classified using a supervised categorization method (maximum likelihood) with the Envi software (Envi 4.7, ITT Visual Information Solutions, CO, USA) (Messina and Crews-Meyer 2000b). Images were then imported into a GIS environment and the landscape features were extracted based on the area of influence previously calculated for each beach. Four agroenvironmental determinants related to land cover and land use were used in the analysis: forest area, agricultural lands (crop lands and pasture), wetlands and impervious surfaces, which represented built-up surfaces and which were used as a proxy for human activities. Given their asymmetric and bimodal distributions with a lot of value near to zero, those four determinants were categorized in two classes: low and high proportion. The category cut-offs were placed between the two peaks of the distributions. Four other determinants were included in the analysis and were related to geo-hydrological characteristics. The number of tributaries and the lake area were obtained from the hydrologic database of the NHN. The topographic index (TI) calculated from slope and local upslope contributing area was used to evaluate the potential of water saturation of each beach location. TI values for the study area were calculated with a GIS, a DEM and the Physitel software from the method developed by Denault et al. (2008) with the data of the NHN. TI was modeled as a categorical variable based on its relationship with the outcome being

non-linear. Overall climatic determinants were described using the index for plant hardiness zones (PHZ) calculated by Natural Resources Canada (McKenney et al. 2001; Natural Resources Canada 2007). PHZ represent the average climatic condition of a region and they are an index of suitability for growth of trees, shrubs and flowers. For each area of influence, we kept the value of the PHZ corresponding and if the area was covered by more than one PHZ, we kept the one covering the largest part.

Statistical Analysis

We performed logistic regression to model the relationship between mean fecal coliform concentration and the agroenvironmental determinants. The key objective of this analysis was to model factors affecting beaches in the “non-excellent” categories vs beaches in the “excellent” category (mean fecal coliform concentration of < 20 CFU/100mL) in accordance with the current beach water quality program in place. We screened each variable using univariable logistic models and all variables with a *p*-value (Wald test) smaller than 0.25 were offered in a multivariable logistic model. Interaction between geo-hydrological variables and variables in the final model were tested. Goodness-of-fit of the final model were assessed using the Hosmer-Lemeshow test, with a significant ($p < 0.05$) result indicating a poor fit (Dohoo et al. 2003). The capacity of the model to accurately classify the beaches in the right category was evaluated from a Receiver Operating Characteristic (ROC) curve and the percentage of concordant pairs. If a ROC curve rises rapidly towards the upper right-hand corner of the graph, or if the value of area under the curve is large, we can conclude that the model performs well in term of its capacity to predict the right beach category. All these statistical procedures were performed using SAS software (SAS 9.2, SAS Institute Inc. NC, USA).

Results

From the summers of 2004 to 2010 inclusively, 754 harvests were compiled from the 78 beaches (mean of 10 harvests per beach, min=3 and max=20). A total of 51

beaches (65%) were classified as excellent (Group A beaches) with a geometric mean of 9 CFU/100ml (range: 2.4 to 19.3). The remaining 27 beaches had a geometric mean of 64.3 CFU/100ml and a maximum level of 200 CFU/100ml.

The multivariable logistic model included five variables and two were statistically significant with a p -value less than 0.05 (Table XIV). Beaches with a higher proportion of agricultural lands and impervious surfaces in their area of influence were more likely to be of low quality for fecal coliforms in their water (OR= 11 and 5.2, respectively). The Hosmer-Lemeshow test indicated that the model fits the data adequately ($p=0.29$). No interactions were statistically significant. The area under the ROC curve (Figure 9) was 0.785 and the model was able to predict the right category (excellent or else) for 85.7 % of the beaches.

Discussion and conclusion

According to the logistic regression model built with variables derived from remote sensing data, beaches with a higher proportion of agricultural lands in their area of influence run a greater risk of having a higher level of fecal coliforms. Agricultural lands can be associated with fecal pollution of water by various mechanisms (Crowther et al. 2002). Pastures can be a source of fecal microorganisms due to the significant amount of fecal material left by ruminants during the grazing season (Hubbard et al. 2004). It has been demonstrated that indicator and pathogenic bacteria can survive on pastures for two months or more, depending on the season and weather conditions (Avery et al. 2004; Sinton et al. 2007). Croplands that are fertilized with manure can also be a source of fecal microorganisms. Agricultural lands are often located around livestock production sites, where the runoff from manure piles and leakage of manure from slurry tanks can also lead to contamination of water. Once in the soil, fecal microorganisms coming from these sources can be transported to water bodies by runoff and subsurface tile drains after rainfalls (Jamieson et al. 2002).

From the multivariable analysis, beaches with a higher proportion of impervious lands in their areas of influence were also more at risk of having a higher

concentration of fecal coliforms. In remote sensing applications, impervious surfaces— built-up surfaces like rooftops, roads and parking lots that are generally impermeable to water—are used to estimate the level of urbanisation of a region (Zhang et al. 2010). Human activities can bring fecal pollution to recreational waters through various mechanisms. Storm water runoff can contain fecal organisms coming from domestic waste, urban wildlife and domestic pet populations (Olivieri et al. 1989). Direct spillage into water courses of wastewater containing a large amount of fecal microorganisms can also occur, especially with combined sewer systems that mix sanitary sewage and storm water collection (USEPA 2004). A high proportion of impervious surfaces can be associated with a higher level of urbanisation, which is usually associated with a higher population density. Beaches located in areas where the proportion of these surfaces is higher likely have higher attendance than beaches located in areas with a lower degree of human activities. This interpretation concurs with previous studies which found that levels of waterborne pathogens and fecal coliform counts in recreational waters are correlated with bather density (Gerba 2000; Graczyk et al. 2010).

Our results showed that the data derived from remote sensing can be useful in identifying agroenvironmental determinants associated with a higher level of fecal coliforms in recreational waters. This study has helped identify two major influences on recreational water quality: one from agricultural activities and another from human activities. Moreover, the ROC curve showed that the model had a good discriminatory accuracy between the beaches predicted to being “excellent” and the other categories. Understandably, Landsat imagery with a 30m spatial resolution did not allow us to identify the exact mechanisms implicated in this pollution, since we cannot obtain precise information on animal counts, the amount of manure spread on lands, or the exact population density. Despite the fact that data from this type of sensor can only be used as a proxy for true determinants, these data seem to provide a reliable and useful characterization of the environment where higher risks of fecal pollution of recreational waters might exist.

Information on agroenvironmental characteristics influencing recreational water quality can be provided by other sources of data than remote sensing. Census, survey and field records have been used for many years to characterize the surrounding environment. But remote sensing data may have some advantages over these conventional techniques. For one, remote sensing data, especially data coming from satellites, can have very large coverage. Most satellites cover the entire globe and images derived from them can cover hundreds of square kilometers (Messina and Crews-Meyer 2000a; UNOOSA 2005). This can be of significant importance, especially in a place like the Province of Quebec where there are more than 700 public beaches included in the surveillance program, dispersed over more than 300,000 km². Deployment of teams on the field to collect data on land use or land characteristics on such a large territory can be very demanding on time and on human and financial resources. Moreover, satellites can provide data from non-urban areas where human density is usually low and where human resources can be more difficult to mobilise. This ability to reach low populated areas or location hard to reach by mean of terrestrial travel leads to enhance uniformity in the data collection process.

Satellites can view the same area over a long period of time and satellite data from a particular sensor are always collected in the same way with the same techniques (Hay 2002; Campbell 2007). This repeatability and this consistency allow for a monitoring of agroenvironmental characteristic changes and a follow-up on their evolution, even if these changes are subtle (Goetz et al. 2002). In the context of a recreational water surveillance program, once the agroenvironmental determinants associated with a higher risk of fecal contamination are identified, it could be possible to elaborate a standardized surveillance protocol and then follow these determinants in subsequent years. The advantages of such an approach include the possibility of targeting beaches more at risk of having their water impacted and increasing the monitoring of these beaches, which could include more frequent water sampling and better resource attribution. Data from census or field work are collected on a regular basis, but are usually constrained in regards to timeline. For

example, in Canada, population census is done every four years and census of agriculture every five years (Statistics Canada 2007, 2008). Data needs to be compiled and analysed, which delays their availability for at least one year after the census. Moreover, different sources of data from different organisations or levels of government are often released at different times which could complicate their combination in a surveillance context. Also in terms of consistency, data collection protocols from census or field records could change over time, which could make monitoring of agroenvironmental characteristic changes more difficult.

Remote sensing data can provide accurate maps and data from some sensors like GeoEye can be highly precise (UNOOSA 2005; GeoEye 2011). Accurate maps of agroenvironmental characteristics form the basis of the surveillance of agroenvironmental determinants. Precisely knowing the location and size of agricultural lands, farm buildings, manure piles and urban structures, or other potential sources of fecal contamination, could facilitate the evaluation of their impact on water quality. In addition to surveillance applications, accurate maps from remote sensing data could also provide important information and insights on the sources of fecal contamination and eventually contribute in identifying actions to reduce the risk of this type of contamination of recreational waters. Moreover, accurate and precise information on forest areas and wetlands in the surrounding areas of beaches could also be important in assessing the risk of water contamination (Ye et al. 2009). Aside from remote sensing data, such precision could only be obtained through field records, which would be very difficult to collect for large territories. Census or survey data may also provide information on potential sources of contamination, but they are often collected by administrative regions or districts or centralized by farms or businesses, bringing spatial uncertainty. This uncertainty can be especially relevant in the context of a hydrological problem where the location of sources of contamination in regards to field topography and direction of runoff can play a non-negligible role (D'Arcy and Carignan 1997; Ye et al. 2009).

Nonetheless, several factors may restrain the use of remote sensing technologies in the monitoring of agroenvironment in the context of recreational waters. Lack of knowledge in the public health community on the potential applications of these technologies is still prevalent, even though organizations and programs tend to promote them (Kalluri et al. 2007). Other limitations often include the costs that surround using these sources of data. Although some satellite images like those from Landsat and Meris can be acquired without cost, the use of other satellite images, especially those from high resolution sensors, is still limited by their high cost (Correia et al. 2004; NASA 2004; Rundquist et al. 2006; ESA 2011). Gathering, processing and analysing of remote sensing data often require technical training, specialized software and human resources, which can be expensive and difficult to obtain (Messina and Crews-Meyer 2000b; Rundquist et al. 2006). Moreover, the availability of satellite images from multispectral sensors can be limited under cloudy conditions which would prevent the reflectance signal to reach the sensor (Campbell 2007).

This study presents one example of an application of remote sensing data in the surveillance of fecal contamination of recreational waters. Large coverage, availability and ease of acquisition of Landsat imagery could make it an interesting tool for many surveillance programs of water quality. Nonetheless, research with other sensors at a variety of spatial resolutions should be promoted to evaluate the full potential of remote sensing imagery. Some other sensors like Radarsat, which can be useful in any weather conditions, also need to be explored (Canadian Space Agency 2011). Research is also needed on the reliability of remote sensing imagery to describe the ideal time step for the monitoring of agroenvironmental determinants and to better understand the impact of different timescales on this monitoring according to variations between the satellite images and weather conditions in which they are taken. Cost effectiveness of the use of such new technologies in recreational water surveillance also needs to be explored and quantified in light of specific regional needs and available capacity.

Acknowledgment

The authors acknowledge people involved in the provincial public beach surveillance program (Programme Environnement-Plage), and more specifically, Alain Lavoie, Agnès Godin and Marc Gignac. The authors also acknowledge Richard Fournier for his thoughtful comments on this study. This research was funded by the Canadian Space Agency, the Public Health Agency of Canada and the Université de Montréal.

References

- Avery SM, Moore A, Hutchison ML (2004) Fate of *Escherichia coli* originating from livestock faeces deposited directly onto pasture. *Lett Appl Microbiol* 38 (5):355-359
- Basnyat P, Teeter LD, Lockaby BG, Flynn KM (2000) The use of remote sensing and GIS in watershed level analyses of non-point source pollution problems. *For Ecol Manage* 128 (1-2):65-73
- Beck LR, Lobitz BM, Wood BL (2000) Remote sensing and human health: New sensors and new opportunities. *Emerg Infect Dis* 6 (3):217-227
- Boone JD, McGwire KC, Otteson EW, DeBaca RS, Kuhn EA, Villard P, Brussard PF, St Jeor SC (2000) Remote sensing and geographic information systems: Charting Sin Nombre virus infections in deer mice. *Emerg Infect Dis* 6 (3):248-258
- Campbell JB (2007) *Introduction to Remote Sensing*. 4th edn. The Guilford Press, New York, NY, USA
- Canadian Space Agency. RADARSAT-1 (2011) Canadian Space Agency. <http://www.asc-csa.gc.ca/eng/satellites/radarsat1/>. Accessed June 2011
- CEAEQ (2005) Recherche et dénombrement des coliformes fécaux (thermotolérants) et confirmation à l'espèce *Escherichia coli* : méthode par filtration sur membrane. MA. 700 – Fec.Ec 1.0. Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec. Quebec, Canada. 20 p.

- Correia VRM, Carvalho MS, Sabroza PC, Vacsoncelos CH (2004) Remote sensing as a tool to survey endemic diseases in Brazil. *Cad Saude Pública* 20 (4):891-904
- Craun GF, Calderon RL, Craun MF (2004) Waterborne outbreaks caused by zoonotic pathogens in the USA. In: Cotruvo JA, Dufour A, Rees G et al. (eds) *Waterborne Zoonoses Identification, causes and Control. Emerging Issues in Water and Infectious Disease Series*. IWA Publishing, London, p 506
- Crowther J, Kay D, Wyer MD (2002) Faecal-indicator concentrations in waters draining lowland pastoral catchments in the UK: relationships with land use and farming practices. *Water Res* 36 (7):1725-1734
- D'Arcy P, Carignan R (1997) Influence of catchment topography on water chemistry in southeastern Québec Shield lakes. *Can J Fish Aquat Sci* 54:2215-2227
- Dohoo I, Martin W, Stryhn H (2003) *Veterinary Epidemiologic Research* 1st edn. AVC Inc., Charlottetown (PEI)
- ESA. ENVISAT - MERIS (2011) European Space Agency.
<http://envisat.esa.int/instruments/meris/>. Accessed June 2011
- GeoBase. National Hydro Network (2010) GeoBase.
<http://www.geobase.ca/geobase/en/data/nhn/description.html>. Accessed January 2010
- GeoEye. GeoEye Specifications (2011) GeoEye.
<http://www.geoeye.com/CorpSite/products-and-services/imagery-sources/Default.aspx>. Accessed May, 2011
- Gerba CP (2000) Assessment of Enteric pathogen Shedding by Bathers during Recreational Activity and its Impact on Water Quality. *Quant Microbiol* 2:55-68
- Goetz SJ, Prince SD, Small J (2002) Advances in Satellite Remote Sensing of Environmental Variables for Epidemiological Applications. In: Hay SI, Randolph SE, Rogers DJ (eds) *Remote Sensing and Geographical Information Systems in Epidemiology*, vol 47. Elsevier Sciences, Oxford ,UK, pp 289-309

- Graczyk TK, Sunderland D, Awantang GN, Mashinski Y, Lucy FE, Graczyk Z, Chomicz L, Breyse PN (2010) Relationships among bather density, levels of human waterborne pathogens, and fecal coliform counts in marine recreational beach water. *Parasitology Research* 106 (5):1103-1108
- Hay SI (2002) An Overview of Remote Sensing and Geodesy for Epidemiology and Public Health Application. In: Hay SI, Randolph SE, Rogers DJ (eds) *Remote Sensing and Geographical Information Systems in Epidemiology*, vol 47. Elsevier Sciences, Oxford, UK, pp 2-36
- Herbreteau V, Salem G, Souris M, Hugot JP, Gonzalez JP (2007) Thirty years of use and improvement of remote sensing, applied to epidemiology: From early promises to lasting frustration. *Health Place* 13 (2):400-403
- Hubbard RK, Newton GL, Hill GM (2004) Water quality and the grazing animal. *J Anim Sci* 82 E-Suppl:E255-263
- INRS. PHYSITEL Description (1998) INRS-Water.
<http://www.ete.inrs.ca/activites/modeles/hydrotel/en/physitel.htm>.
Accessed January 2010
- Jamieson RC, Gordon RJ, Sharples KE, Stratton GW, Madani A (2002) Movement and persistence of fecal bacteria in agricultural soils and subsurface drainage water : A review. *Canadian Biosystems Engineering* 44 (1):1-9
- Kalluri S, Gilruth P, Rogers D, Szczur M (2007) Surveillance of arthropod vector-borne infectious diseases using remote sensing techniques: A review - art. no. e116 [Review]. *PLoS Pathog* 3 (10):1361-1371
- Kao C, Wu M (2001) Control of non-point source pollution by a natural wetlands. *Water Science & Technology* 43 (5):169-174
- Knox AK, Dahlgren AR, Tate KW, Atwill ER (2008) Efficacy of Natural Wetlands to Retain Nutrient, Sediment and Microbial Pollutants. *J Environ Qual* 37:1837-1846
- Kutser T, Metsamaa L, Strombeck N, Vahtmae E (2006) Monitoring cyanobacterial blooms by satellite remote sensing. *Estuar Coast Shelf Sci* 67 (1-2):303-312

- Leblond A, Sandoz A, Lefebvre G, Zeller H, Bicout DJ (2007) Remote sensing based identification of environmental risk factors associated with West Nile disease in horses in Camargue, France. *Prev Vet Med* 79 (Special Issue SI):20-31
- Marechal F, Ribeiro N, Lafaye M, Güell A (2008) Satellite imaging and vector-borne diseases: the approach of the French National Space Agency (CNES). *Geospatial health* 3 (1):1-5
- Marsalek J, Rochfort Q (2004) Urban wet-weather flows: sources of fecal contamination impacting on recreational waters and threatening drinking-water sources. *J Toxicol Environ Health A* 67 (20-22):1765-1777
- Matteo M, Randhir T, Bloniarz D (2006) Watershed-scale impacts of forest buffers on water quality and runoff in urbanizing environment. *Journal of Water Resources Planning and Management* 132 (3):144-152
- McKenney DW, Hutchinson MF, Kesteven JL, Venier LA (2001) Canada's plant hardiness zones revisited using modern climate interpolation techniques. *Canadian Journal of Plant Sciences* 81:129-143
- MDDEP (2004) Guide d'application du programme Environnement-Plage. Ministère du Développement durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec. Québec. 80.
- MDDEP. Programme Environnement-Plage (2006) Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
<http://www.mddep.gouv.qc.ca/programmes/env-plage/>.
- Messina JP, Crews-Meyer KA (2000a) A Historical Perspective on the development of Remotely Sensed Data as Applied to Medical Geography. In: Albert DP, Geslier WM, Levrgood B (eds) *Spatial Analysis, GIS, and Remote Sensing Applications in the Health Sciences*. Ann Arbor Press, Chelsea, MI, USA, pp 129-146
- Messina JP, Crews-Meyer KA (2000b) The Integration of Remote Sensing and Medical Geography: Process and Application. In: Albert DP, Geslier WM,

- Levrgood B (eds) Spatial Analysis, GIS, and Remote Sensing Applications in the Health Sciences. Ann Arbor Press, Chelsea, MI, USA, pp 147-166
- NASA. Sensor Specifications: Landsat (2004) Center for health Applications of Aerospace Related Technologies. NASA Ames Research Center. <http://geo.arc.nasa.gov/sge/health/sensor/sensors/landsat.html>. Accessed May, 2011
- Natural Resources Canada. Canada's Plant Hardiness Site (2007) National Resources Canada. http://planthardiness.gc.ca/ph_technicaldetails.pl?lang=en. Accessed November 2010
- Olivieri VP, Kawata K, Lim SH (1989) Microbiological impacts of storm sewer overflows: Some aspects of the implication of microbiological indicators for receiving waters. In: Ellis JB (ed) Urban discharges and receiving water quality impacts. Oxford, pp 47-54
- Pond K (2005) Water recreation and disease, Plausibility of Associated Infections: Acute Effects, Sequelae and Mortality. Emerging Issues in Water and Infectious Disease Series. IWA Publishing, London
- Ramos MC, Quinton JN, Tyrrel SF (2006) Effects of cattle manure on erosion rates and runoff water pollution by faecal coliforms. *J Environ Manage* 78 (1):97-101
- Rodgers P, Soulsby C, Hunter C, Petry J (2003) Spatial and temporal bacterial quality of a lowland agricultural stream in northeast Scotland. *Sci Total Environ* 314-316:289-302
- Rundquist BC, Henrie CJ, Grewe EJ (2006) Internet Access to Remotely Sensed Data: satellite Imaging Made Commonplace. *Journal of Map & geography Libraries* 2 (2):21-30
- Sinton LW, Braithwaite RR, Hall CH, Mackenzie ML (2007) Survival of indicator and pathogenic bacteria in bovine feces on pasture. *Appl Environ Microbiol* 73 (24):7917-7925

- Statistics Canada. 2006 Census (2007) Statistics Canada.
<http://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/index-eng.cfm>. Accessed August 2009
- Statistics Canada. 2006 Agriculture Census (2008) Statistics Canada.
<http://www.statcan.gc.ca/ca-ra2006/index-eng.htm>. Accessed August 2009
- Tong STY, chen W (2002) Modeling the relationship between land use and surface water quality. *J Environ Manage* 66:377-393
- UNOOSA (2005) Space Solutions for the World's Problems. United Nations Office for Outer Space Affairs. Vienna, Austria.
- USEPA (2004) Report to Congress. Impacts and Control of CSOs and SSOs. United States Environmental Protection Agency. Washington, D.C. 19 pages.
- WHO (2003) Guidelines for safe recreational water environments. Coastal and fresh waters. World Health Organization. Geneva, Switzerland.
- Ye L, Qing-hua C, Rui-qiu L, Cao M (2009) The influence of topography and land use on water quality of Xiangxi River in Three Gorges Reservoir region. *Environ Geol* 58:937-942
- Zhang Y, Guindon B, Sun K, Sun L. Remote sensing for improving understanding on Canadian urbanization (2010) Canada Centre for Remote Sensing. Natural resources Canada. http://www.ccrs.nrcan.gc.ca/optical/curlus_e.php. Accessed May, 2011

Figures

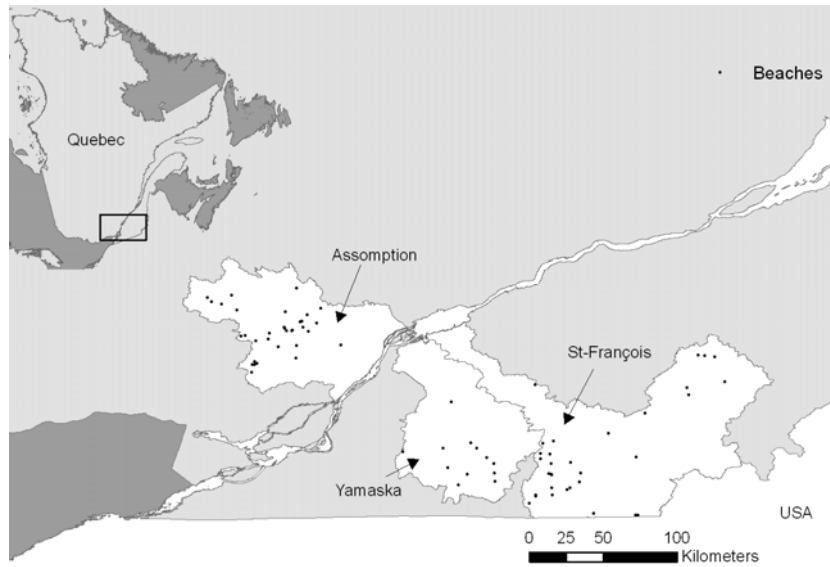


Figure 8. Beaches and watersheds included in the study

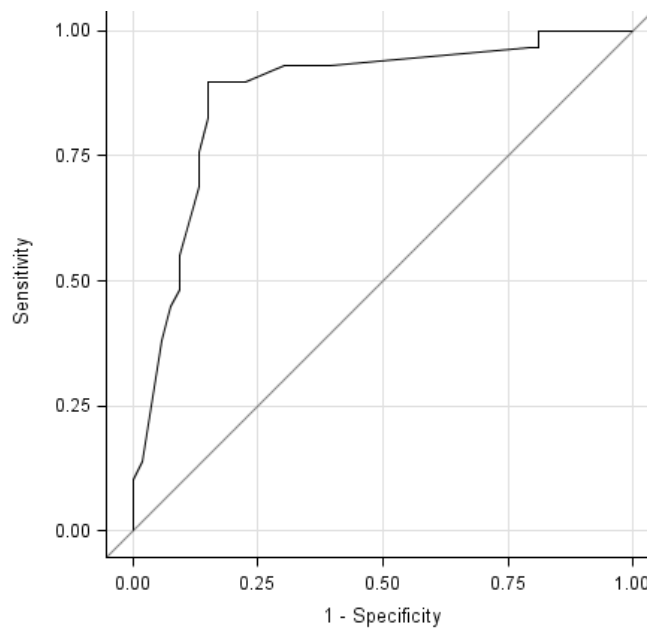


Figure 9. ROC curve from the logistic regression model

Tables

Table XII. Characteristics of the three watersheds included in the study

Characteristics	Yamaska watershed	Saint-Francois watershed	Assomption watershed
Area (Km ²)	4784	10 230	4220
Pouplation	250 000	346 500	198 600
% in forest	52	66	70
% in Agricultural Lands	42	23	26
% in urban area	3	5	2
Number of beaches in the study	12	32	34

Table XIII. Summary of determinants included in the logistic regression model

Abbreviation	Full name	Definition
%Agri	Proportion of agricultural lands	Proportion of agricultural lands in the AI
%Imp	Proportion of impervious surfaces	Proportion of impervious surfaces in the AI
% For	Proportion of forest	Proportion of forest in the area of influence (AI)
%WetL	Proportion of wetlands	Proportion of wetlands in the AI
TI	Topographic index	Value of the topographic index at the beach localization
PHZ	Plant hardiness zone	Zone covering the larger area of the AI
Lake area	Lake area	Lake area in km ²
Tri	Lake tributaries	Number of lake tributaries

Table XIV. Determinants included in the final logistic regression model

Variable	Category	OR	CI 95 %	<i>p</i> (Wald test)
%Agri	>10%	10.97	2.18 ; 55.11	0.004
%Imp	>10%	5.23	1.22 ; 22.41	0.026
%For	>25%	0.41	0.09 ; 1.70	0.220
%WetL	>1%	2.88	0.63 ; 13.31	0.171
TI	>3	3.85	0.75 ; 5.61	0.089

Discussion générale

Les activités en eaux récréatives, comme la baignade et les sports aquatiques, peuvent constituer un risque pour la santé des personnes qui les pratiquent. Une grande partie de ce risque peut être due à la contamination de ces eaux par des microbes d'origine fécale et cette dernière peut englober deux composantes, soient les micro-organismes pathogènes ainsi que ceux résistants aux antimicrobiens. Plusieurs études démontrent que la baignade en eau récréative est un facteur favorisant un risque plus élevé de gastro-entérite chez les baigneurs par rapport aux non-baigneurs (Wiedenmann et al. 2006; Fleisher et al. 2010). De plus, la pratique de telles activités serait également en lien avec un risque plus élevé d'affections respiratoires fébriles aiguës et de problèmes cutanés et auriculaires (Pruss 1998).

Dans le contexte des changements climatiques, il est à prévoir que la qualité des eaux de surface, y compris celles servant à des fins récréatives, sera sujette à une certaine dégradation, notamment du point de vue microbiologique. Selon les prévisions, nous assisterons à un accroissement de la fréquence et de l'intensité des événements pluvieux, amenant une augmentation de la quantité d'eau s'écoulant aux cours d'eau par ruissellement (IPCC 2007). Conséquemment, la quantité de microbes parvenant au cours d'eau s'en trouvera augmentée. L'accroissement des précipitations aura également comme répercussion un plus grand apport d'eau dans les systèmes d'égouts municipaux. Ces systèmes ayant été conçus pour fonctionner adéquatement selon des niveaux d'eau anticipés il y a plusieurs années, une augmentation de ces niveaux pourrait les surcharger et nuire à leur bon fonctionnement. Ceci pourrait entraîner des débordements d'eaux usées plus fréquents, notamment par les ouvrages de surverse existants. Toujours en lien aux changements climatiques, un accroissement de la température moyenne a été constaté dans les dernières années (IPCC 2007). Ces températures plus élevées entraîneront vraisemblablement une augmentation de la température des plans d'eau, ce qui favorisera la survie et la

multiplication de nombreux micro-organismes. Tous ces éléments de dégradation des eaux de surface favoriseront une augmentation des concentrations des micro-organismes fécaux dans les eaux, ainsi qu'un plus grand nombre de plages avec des niveaux de contamination fécale élevés. Les risques de maladies transmises par l'eau pour les personnes pratiquant des activités aquatiques récréatives seront aussi sujets à une augmentation (Rose et al. 2000). La capacité de pouvoir cibler les plages ayant un environnement favorisant davantage un niveau de pollution fécale élevé sera donc d'une importance grandissante.

La surveillance de la contamination fécale des eaux récréatives peut se diviser en deux composantes principales, soit la surveillance de la qualité de l'eau proprement dite, principalement par la mesure d'indicateurs microbiens, et la surveillance des caractéristiques environnementales pouvant favoriser une contamination plus élevée. Il est donc possible d'établir un parallèle entre la surveillance des eaux récréatives et celle d'une maladie. La surveillance de la qualité de l'eau correspondant à celle des cas malades et la surveillance des caractéristiques environnementales à celle de l'exposition. Les travaux de ce projet doctoral s'inscrivaient principalement dans un contexte de surveillance de l'exposition reliée à la problématique de la contamination fécale des eaux, et s'intéressait particulièrement aux caractéristiques environnementales plutôt stables dans le temps. Bien entendu, il est possible d'effectuer ce type de surveillance de différentes façons. Une approche prisée par l'Organisation mondiale de la santé est de faire le recensement des sources de contamination potentielles des plages, sur une base annuelle et par voie d'inspection sur le terrain (WHO 2003). Bien que très précise et pertinente pour les sources de contamination ponctuelle, cette méthode peut difficilement s'appliquer aux sources de pollution diffuse, en plus de demander des ressources considérables en temps, argent, ainsi qu'en ressources humaines. Ces aspects rendent donc difficile l'application de cette approche dans un contexte comme celui du Québec, comptant plus de 700 plages inscrites au programme Environnement-Plage et réparties sur un très vaste territoire. Afin de pouvoir envisager un volet de surveillance de

l'exposition, il apparaît essentiel dans un premier temps de pouvoir identifier les caractéristiques environnementales influant cette contamination. En permettant de mieux comprendre les processus de contamination fécale des eaux récréatives, en ciblant des déterminants d'importance qui y sont associés, ainsi qu'en proposant de nouvelles sources de données, ces travaux de recherche se voulaient un point de départ pour l'amélioration de la surveillance de ces eaux dans le contexte du Québec méridional, et éventuellement dans d'autres régions comparables.

Dans un premier temps, la présence démontrée d'*E. coli* résistants aux antimicrobiens dans environ le tiers des eaux du Québec méridional à l'étude signifie que ces eaux peuvent représenter une source d'exposition à ces bactéries pour les usagers. Santé Canada classe les antimicrobiens selon leur importance en santé humaine, basée sur la gravité des maladies traitées et la présence ou non de possibilité de traitement de rechange en cas d'échec thérapeutique. La grande variété de patrons de résistances trouvés dans les eaux récréatives indique certains des isolats présentaient une résistance à un ou plusieurs antimicrobiens jugés comme étant de très grande importance en médecine humaine. Une résistance à de tels médicaments est donc préoccupante du point de vue de la santé publique. En effet, bien que la transmission de bactéries RA par le biais d'activités aquatiques récréatives ne soit pas démontrée, plusieurs résultats suggèrent que l'acquisition et la colonisation du système digestif par de telles bactéries sont possibles (Moubareck et al. 2003; Lester et al. 2004). Par contre, pour que les bactéries RA puissent coloniser le système digestif des baigneurs, plusieurs facteurs doivent être pris en compte, au-delà de leur présence dans les eaux récréatives, incluant l'exposition et l'évaluation d'un phénomène dose-réponse après l'infection en fonction de l'état de la personne exposée (Pond 2005). L'exposition des baigneurs à ces bactéries variera entre autres selon les activités aquatiques pratiquées, de même qu'en fonction de l'intensité et de la fréquence de celles-ci. Suite à l'exposition, l'issue de l'infection dépendra en partie du statut immunitaire de la personne exposée. Ce statut variera par exemple entre les enfants et les adultes, de même qu'entre les baigneurs souffrant de conditions

diminuant l'efficacité de leur système immunitaire et les baigneurs considérés en bonne santé. Toutefois, aucune étude n'a pu être recensée concernant une évaluation quantitative de la probabilité associée à une colonisation du système digestif des baigneurs par des bactéries RA présentes dans les eaux récréatives. Néanmoins, cette possible colonisation pourrait représenter un risque pour la santé des utilisateurs des eaux récréatives en favorisant le développement de maladies difficiles à traiter, des durées de traitement plus longues et des risques de mortalité plus élevés. Ce risque peut être d'autant plus important s'il n'existe que peu de solutions de rechange aux antimicrobiens utilisés et que les maladies traitées sont d'ordre vital pour les patients. De plus, cette colonisation du système digestif par des bactéries RA pourrait contribuer à entretenir un réservoir environnemental de ces bactéries et des gènes de résistance qui leur sont associés. En effet, suite à leur excrétion dans les matières fécales, ces microbes sont présents en grande quantité dans les usines de traitement des eaux usées municipales, dans les fosses septiques, ou encore directement dans les cours d'eau, bien que cette troisième option ne représente qu'une minorité du total des eaux usées au Québec. Par la suite, malgré les différents traitements et les différentes conditions auxquelles ils peuvent être confrontés, bon nombre de ces bactéries se retrouveront dans les cours d'eau et pourront contribuer à entretenir un réservoir de résistance (Payment et al. 2001). En outre, certaines études tendent à démontrer que le matériel génétique codant pour de la résistance antimicrobienne et transporté par ces bactéries pourrait être transféré entre différentes espèces dans divers milieux, notamment dans les eaux contaminées, favorisant d'autant plus la persistance d'une population microbienne résistante (Jones et al. 2003; Sengelov et al. 2003).

Bien que la présence de microbes RA soit étroitement liée à la pollution fécale des plans d'eau, il est apparu que les plages où il y avait une détection de ces agents RA présentaient des niveaux de pollution fécale similaires à celles où il n'y avait pas de telle détection. Ceci suggère que les déterminants favorisant la présence de bactéries RA dans les eaux ne sont pas nécessairement les mêmes qui favorisent une

contamination fécale élevée, comme ceux reliés aux conditions météorologiques et à la topographie. Cette particularité des voies de transmission des bactéries RA souligne donc le besoin de développer des schémas conceptuels et des analyses propres à chaque composante de la contamination fécale. À cet égard, les travaux effectués dans le cadre de ce projet de recherche suggèrent que la présence de microbes RA dans les eaux récréatives du Québec pourrait être favorisée par certaines activités agricoles, notamment l'épandage de fumier. Ceci peut être expliqué et appuyé par différents éléments de la littérature existante. Au Québec, la proportion du cheptel dont les déjections sont gérées sous forme liquide est de 58 %. De plus, la majorité du fumier produit provient des élevages de bovins et de porcs (68 % et 29 % , respectivement), et il est reconnu que ces élevages ont recours aux antimicrobiens pour des usages thérapeutiques et préventifs (McEwen et al. 2002; MDDEP 2003; MAPAQ 2008). La grande quantité de bactéries contenue dans les matières fécales de ces animaux, leur résistance aux différentes conditions environnementales et le fait que tout usage d'antimicrobiens peut éventuellement mener au développement de résistance parmi les bactéries du système digestif de l'hôte peuvent expliquer qu'on les retrouve dans le fumier épandu sur les terres agricoles. Une fois sur les terres agricoles et suite à des précipitations, ces microbes peuvent être présents dans les cours d'eau et ensuite dans les plans d'eau à usage récréatif.

En ce qui concerne le niveau de pollution fécale et la présence possible d'agents pathogènes résultant de cette contamination, leur estimation est effectuée par le biais d'indicateurs bactériens comme les coliformes fécaux. Cette pollution peut être influencée par des facteurs variant selon le moment de l'échantillonnage, comme les conditions météorologiques (précipitations, vent, température) et différents modèles prédictifs ont été élaborés pour suivre l'évolution de la qualité de l'eau par rapport à ces paramètres (Olyphant 2005; Love et al. 2010). Par contre, elles ne suffisent pas à elle seules à expliquer les variations de qualité de l'eau entre les différents plans d'eau, les caractéristiques environnementales propres aux plages ayant aussi un rôle à

jouer. Les analyses effectuées dans le cadre des présents travaux estiment qu'environ 40 % de la variation du niveau de contamination fécale serait attribuable aux caractéristiques propres aux plages et donc associée à des déterminants variant relativement peu dans le temps. Ce résultat appuie donc l'approche de l'OMS et des recommandations de Santé Canada au sujet des eaux récréatives qui préconisent une surveillance des sources potentielles de contamination des plages en plus de la surveillance de la qualité de l'eau (Santé Canada 2009). Toutefois, ces recommandations n'apportent pas de précisions quant à l'étendue du territoire pouvant influencer la qualité des eaux de baignade et donc à la zone à caractériser et à suivre. Bien que ce n'ait été un des objectifs de recherche de cette étude, une étape importante fut donc de déterminer une zone d'influence pour chacune des plages à l'étude. Ces dernières furent définies selon deux composantes, l'une se rapportant à des notions d'hydrologie et l'autre à des informations tirées de la littérature existante sur les études de la qualité de l'eau. Pour chaque plage, la zone d'influence fut subdivisée en deux parties, proximale et distale, selon le bassin versant du lac associé et de rayons maximaux de deux et cinq kilomètres.

Quoique la grande majorité des eaux récréatives à l'étude soient d'excellente qualité selon le programme Environnement-Plage, il a toutefois été possible d'identifier, en regard aux zones d'influence préalablement déterminées, certaines caractéristiques de l'environnement distinguant les plages présentant une qualité d'eau inférieure. Dans un premier temps, la présence d'élevage de ruminants à proximité des plages semble favoriser un niveau de contamination fécale plus élevé. Ces élevages peuvent représenter une source de pollution fécale pour les plans d'eau par différentes voies, incluant les amas de fumier extérieurs, les fuites provenant des fosses à fumier, les animaux au pâturage et les terres en culture à proximité recevant du fumier comme fertilisant. De plus, la présence de tels élevages dans un rayon de cinq kilomètres ne semble pas apporter d'informations supplémentaires par rapport à leur présence dans un rayon de deux kilomètres. Le niveau de pollution fécale des eaux récréatives serait donc davantage influencé par ces productions lorsqu'elles sont à l'intérieur du

premier deux kilomètres, du moins pour la saison de baignade. Cette influence restreinte pourrait s'expliquer par des processus de sédimentation et de mortalité microbienne le long des cours d'eau, favorisés par des débits plus bas durant la saison estivale. En second lieu, le fait que la plage soit située en zone urbaine favoriserait aussi une pollution fécale plus élevée. Ceci fait ressortir le rôle des populations humaines dans la contamination des eaux de baignade. La plus grande densité de population de ces zones implique des rejets d'eaux usées plus volumineux et des systèmes d'égouts plus facilement débordés lors d'événements pluvieux et donc des ouvrages de surverse possiblement plus importants et plus fréquents. En outre, les plages situées en milieu urbain se retrouvent dans des bassins de population plus élevée, pouvant favoriser un achalandage plus important de ces plans d'eau, ce qui peut contribuer à un plus haut niveau de contamination fécale.

Ces deux associations mettent en lumière les multiples sources et voies de contamination fécale des eaux récréatives, ainsi que la complexité de ce phénomène. Elles ne permettent cependant pas d'établir de relation causale précise entre ces déterminants et le niveau de pollution de ces eaux. Par contre, il est intéressant de noter que, d'un point de vue statistique, elles sont du même ordre de grandeur, suggérant une influence comparable sur la probabilité d'une plage d'être classée excellente. Ce résultat suggère également que les plages à plus haut risque sont divisées en deux catégories distinctes dépendamment de la source de pollution fécale prédominante.

En parallèle à ces résultats, les travaux de cette étude ont permis de faire ressortir certaines lacunes se rapportant aux données de recensement utilisées pour caractériser l'environnement adjacent aux plages. Bien qu'ils soient de très bonne qualité, ces processus de recensement comportent certaines contraintes lorsque vient le temps d'utiliser de l'information dans un contexte d'analyse en lien avec l'hydrologie. D'une part, il n'est pas possible avec ces données de situer de façon précise les informations qu'elles représentent en regard à la topographie du terrain, à

l'écoulement de l'eau, et donc à leur inclusion ou non dans un bassin versant, ce qui amène inévitablement un degré d'incertitude au niveau géographique. D'autre part, ces données peuvent être recueillies à différentes échelles, par différents paliers de gouvernement, à des intervalles de temps variables, ce qui cause des difficultés lors de la combinaison de ces données. Il est donc apparu important d'explorer d'autres sources de données pouvant pallier ces contraintes. Les avantages potentiels associés à la télé-épidémiologie et à l'application des technologies spatiales dans le domaine de la santé publique ont mené au choix des données issues de la télédétection comme source de données alternative à explorer.

Le dernier objectif de ce projet visait donc évaluer et discuter de l'utilité des données de télédétection dans l'identification de déterminants agroenvironnementaux d'importance associés à la contamination fécale des eaux récréatives. Suite aux analyses, il ressort que ces données sont en mesure de fournir un apport significatif à cette identification. À cet égard, les eaux récréatives situées dans un environnement agricole ou avec un niveau d'urbanisation plus élevé auraient un plus grand risque de contamination fécale. Ces résultats sont de plus en accord avec ceux du chapitre précédent qui mettaient en évidence l'apport de certaines productions animales et des régions urbaines dans la problématique de contamination de ces eaux.

L'environnement agricole était représenté par la proportion de terres agricoles, qui, bien qu'elle puisse sembler imprécise, fait tout de même référence à des sources de contamination potentielles bien définies. D'une part, les terres proprement dites, englobant les pâturages qui reçoivent de grandes quantités de micro-organismes fécaux et les terres en culture pouvant recevoir d'importantes quantités de fumier comme fertilisant. D'autre part, les élevages d'animaux de rente contribuant à la contamination fécale des cours d'eau sont habituellement localisés à proximité de ces terres. En ce qui a trait aux régions urbaines, la variable retenue et construite à l'aide d'images satellitaires fut la proportion de surfaces imperméables à l'intérieur de la zone d'influence. En télédétection, les surfaces imperméables sont utilisées pour décrire le degré d'urbanisation d'une région; plus la proportion de surfaces

imperméables est élevée, plus les activités humaines sont importantes (Zhang et al. 2010). Il est accepté qu'avec l'urbanisation et les activités humaines viennent des sources de contamination fécale des plans d'eau, incluant le ruissellement urbain, les rejets d'eaux usées, un bassin d'utilisateurs potentiels des eaux récréatives, ainsi que des sites de villégiature ou de résidences à proximité des plans d'eau.

Les données issues de la télédétection, et dans ce cas précis des images satellitaires, peuvent donc contribuer à l'identification de certains déterminants agroenvironnementaux influençant la qualité des eaux de baignade. Une analyse comparative de la performance des modèles statistiques construits à l'aide de données de recensement et de télédétection semble indiquer que ce dernier s'ajuste mieux aux données et qu'il possède un meilleur pouvoir discriminant entre les deux catégories de plages à l'étude (Annexe 3). Quelques hypothèses peuvent être avancées comme explication. Premièrement, les variables représentant les activités agricoles et urbaines apparaissent plus inclusives, pouvant ainsi expliquer un plus grand pourcentage de la variation relative au niveau de la contamination fécale des plages à l'étude. De plus, certains déterminants pouvant être reliés à des variables issues de la télédétection n'ont pu être intégrés à l'autre modèle, faute de sources de données disponibles à l'échelle et au temps de la présente étude. Ceci permettant par le fait même un meilleur pourcentage de la variation expliquée et donc un meilleur pouvoir discriminant du modèle. Ces déterminants incluent la présence de milieux forestiers et de milieux humides dans les zones d'influence, tous deux reconnus comme pouvant jouer un rôle dans les processus de contamination microbienne des plans d'eau.

Au-delà du volet statistique de la comparaison, il fut aussi justifié de s'interroger sur les bénéfices de l'apport des technologies spatiales, spécifiquement satellitaires, dans la problématique abordée dans ce projet de recherche. Plusieurs avantages rendent les données issues de ces technologies attirantes, ce qui justifie ainsi qu'explique l'intérêt grandissant qu'elles suscitent. Ces principaux avantages se rapportent

principalement aux vastes étendues pouvant être couvertes par les satellites, ainsi qu'à l'uniformité et la constance des données recueillies (UNOOSA 2005). Néanmoins, certaines limites doivent être prises en considération avant l'utilisation de ces nouvelles technologies, notamment celles relatives aux ressources financières (Correia et al. 2004).

Limites de l'étude

Cette étude était de type observationnel et certaines limites ont dû être rencontrées tout au long du projet. Les données de contamination fécale des plages à l'étude ont été obtenues grâce au programme de suivi de la qualité des eaux de baignade au Québec, le programme Environnement-Plage (MDDEP 2006)(Annexe 1). Ce programme de suivi est sur une base volontaire et donc optionnelle pour chaque saison de baignade. Cet aspect a donc empêché un échantillonnage aléatoire des plages de la population cible et aurait donc pu provoquer un biais de sélection des eaux à l'étude. Les plages ayant une mauvaise qualité de l'eau auraient pu vouloir se soustraire du suivi ou encore les plages de meilleure qualité auraient pu se retirer ne voyant pas l'intérêt de continuer si les résultats sont toujours bons. Néanmoins, aucune information ne permet de conclure que les eaux avec une meilleure ou une moins bonne qualité ont été surreprésentées par rapport aux plages de la population cible, laissant supposer que l'échantillon est représentatif de cette dernière en ce qui concerne les niveaux de contamination. D'autre part, la grande variabilité des eaux à l'étude quant à leur localisation et leurs caractéristiques physiques et hydrologiques laisse croire à un échantillon représentatif de la population cible, elle-même très hétérogène. Par conséquent, si un tel biais de sélection existe, son effet est probablement de faible amplitude sur les possibilités d'inférence des résultats. Un autre fait important est la faiblesse du programme par rapport au suivi dans le temps des eaux de baignade. La fréquence d'échantillonnage durant la saison estivale est dépendante des résultats de l'année précédente; plus une plage a de bons résultats, moins elle sera échantillonnée l'été suivant, allant même à être échantillonnée aux

deux ans seulement. Au maximum, et ce à moins de situations exceptionnelles, les plages avec une qualité d'eau inférieure seront échantillonnées cinq fois durant la saison de baignade. Ce patron de suivi résulte en un nombre peu élevé d'échantillons pour chaque plan d'eau pour la période d'étude. Cette contrainte a donc pu affecter le calcul des niveaux moyens de coliformes fécaux en provoquant une plus grande incertitude autour des valeurs obtenues. Par contre, cet effet a pu être minimisé en ne gardant que les plages ayant participé pendant au moins trois ans au programme durant la période d'étude de sept ans, assurant un nombre minimal d'échantillons. De plus, pour les analyses statistiques, les eaux récréatives ont été classifiées en deux catégories selon les côtes du programme, annulant ainsi l'impact des variations possibles de leur moyenne à l'intérieur de ces catégories. Si toutefois une mauvaise classification a subsisté, elle a vraisemblablement touché un très petit nombre de plages, affectant de manière peu significative les résultats.

Parallèlement aux difficultés relevées au sujet des données de qualité de l'eau, des embûches ont également dû être rencontrées en lien avec les données utilisées pour représenter les déterminants agroenvironnementaux. Ne pouvant déterminer précisément de façon quantitative les niveaux d'exposition des plages en regard à ces déterminants, des valeurs estimées ont dû être attribuées à chacune. Des méthodes d'interpolation à la détermination d'une zone d'influence, une tentative de représenter le plus fidèlement possible la réalité en tenant compte des aspects topographiques et hydrologiques a été entreprise. Cette démarche, bien que nécessaire, a dû se buter au manque important de données sur le sujet dans la littérature. Malgré tout, les résultats engendrés suite à la détermination d'une zone d'influence relative au bassin versant du lac étant en accord avec certains éléments de la littérature existante, ils laissent supposer une bonne approximation de la zone ayant le plus d'influence sur la qualité des eaux à l'étude. Toutefois, malgré l'intégration de ces concepts, les données utilisées pour le calcul des valeurs des déterminants pour chacune des plages conservaient tout de même une imprécision spatiale, étant regroupées par division de recensement ou selon un centroïde

d'entreprise agricole. Cette imprécision a donc pu mener à un problème de mauvaise classification des variables d'exposition. Par contre, rien ne laisse supposer une classification non différentielle, ce qui, dans la majorité des cas, aurait mené à une sous-estimation des associations étudiées.

En ce qui concerne le chapitre abordant l'utilité des données de télédétection, un sous-ensemble des plages à l'étude du précédent chapitre a été considéré pour les analyses. Des contraintes financières et de temps concernant la gestion, le traitement et la classification des images satellitaires ont mené à la décision de concentrer les efforts sur un échantillon restreint couvrant trois bassins versants. Ce plus petit nombre de plages a occasionné comme principale contrainte de ne pouvoir intégrer la comparaison entre deux niveaux de zone d'influence (deux et cinq kilomètres), comme ce fut le cas pour le précédent chapitre. Cette comparaison aurait provoqué l'ajout de variables catégoriques dans le modèle statistique, qui en comptait déjà un bon nombre en regard du nombre d'observations. Étant donné que les résultats précédents suggéraient que la zone située à l'intérieur de deux kilomètres des plages influencerait davantage la qualité de l'eau, seule cette zone fut considérée. Quoique ce choix ait limité quelque peu les conclusions en regard au volet méthodologique de la détermination des zones d'influence, il ne prévenait pas l'atteinte de l'objectif premier du dernier chapitre qui était d'évaluer et de discuter de l'utilité des données de télédétection dans l'identification de déterminants agroenvironnementaux associés à la contamination fécale des eaux récréatives.

Dans un autre ordre d'idées, certains déterminants possiblement associés à la pollution fécale des eaux récréatives n'ont pu être évalués. D'une part, la faune sauvage, et plus particulièrement la présence d'oiseaux, a été évoquée comme source de contamination fécale par dépôt direct de matières fécales sur les plages et dans l'eau de baignade (Kinzelman et al. 2008). Des données de densité des oiseaux sauvages de même que des relevés de la présence d'oiseaux aux sites d'étude auraient été nécessaires pour une évaluation adéquate de ce phénomène. Des données

standardisées et couvrant tout le territoire étudié n'étant pas disponibles, la décision d'exclure cette variable a été prise. D'autre part, le nombre de baigneurs pourrait également influencer le niveau de contamination fécale des eaux de baignade en étant une source de microbes comme telle, mais aussi en favorisant un brassage des eaux et donc une mise en suspension de ces derniers. Des données d'achalandage n'étant pas disponibles pour l'ensemble des plages à l'étude, les données de densité humaines ont été choisies comme variable pouvant fournir un indice sur cette influence.

Directions futures et recommandations

En plus d'apporter de nouvelles connaissances dans le domaine des eaux récréatives, ce projet a également permis de soulever des questions supplémentaires qui mériteront d'être explorées lors de futurs travaux de recherche. En premier lieu, cette étude a permis de mettre en évidence la présence de bactéries RA dans les eaux récréatives du Québec méridional. Quoique cette présence soit préoccupante, le risque qu'elle représente pour la santé publique demeure incertain. Plusieurs observations supportent la colonisation possible du tractus gastro-intestinal par des bactéries RA suite à de l'ingestion de produits alimentaires contaminés par ces bactéries (Acar and Rostel 2001). Il est donc vraisemblable qu'une telle colonisation puisse se produire suite à l'ingestion d'eau. Par contre, le faible volume d'eau ingéré en moyenne lors de baignade et la fréquence de ces baignades, la plupart du temps occasionnelle, pourraient diminuer le risque d'une telle colonisation. Davantage d'études visant à quantifier plus précisément la présence de ces bactéries dans les eaux récréatives, de même que des études appliquant des méthodes d'analyse du risque à cette problématique permettraient de mieux cerner les effets possibles sur la santé publique.

D'autre part, certaines caractéristiques environnementales et plus précisément celles associées à des activités agricoles et urbaines semblent influencer la qualité des eaux

récréatives en regard à la pollution fécale. Ce projet de recherche ne permet pas une compréhension des processus exacts menant à cette pollution, ni une estimation précise de la contribution de chacun des déterminants identifiés. Par contre, davantage de recherche dans ce domaine intégrant d'autres aspects méthodologiques comme les processus d'attribution de sources ainsi que de modélisation mathématique et hydrologique permettrait une meilleure quantification et surtout compréhension de toutes les composantes de cette problématique complexe. Ces méthodes complémentaires, particulièrement celles touchant à la modélisation mathématique et hydrologique, pourraient avoir un apport considérable au développement des connaissances au sujet des zones territoriales ayant le potentiel d'influencer la qualité microbiologique des eaux récréatives. Car bien que cette thèse ait tenté d'apporter certains éléments de réponse en regard à ce questionnement, ce concept reste tout de même un point important à éclaircir.

De plus, les analyses de ce projet se sont appuyées sur les données du programme Environnement-Plage, ce qui a permis d'avoir accès à une vaste base de données contenant de l'information détaillée sur un grand nombre de plans d'eau. Par contre, ce programme de suivi ne mesure que les coliformes fécaux comme indicateurs de la contamination fécale. Un grand débat existe à l'heure actuelle sur la place des indicateurs fécaux ainsi que sur leur pertinence et leur association avec les agents pathogènes et le risque pour la santé publique. Il n'est pas dans la portée de cette thèse d'alimenter ce débat de même que de fournir des éléments de réponse. Toutefois, il serait pertinent lors de futurs travaux de pouvoir vérifier les associations obtenues avec des données relatives à des agents pathogènes et zoonotiques pouvant être transmis par l'eau. Du point de vue de la santé publique, ces informations viendraient ajouter à la pertinence des présents travaux en précisant davantage les risques pour la santé et ouvriraient également la porte à des travaux d'analyse de risque. De plus, aucune donnée n'a pour l'instant été publiée sur la variabilité dans le temps des niveaux de coliformes fécaux dans les eaux récréatives au Québec. Cette information permettrait de savoir à quel point les données du

programme Environnement-Plage, recueillies d'une à cinq fois par été, sont en mesure de représenter l'état général d'une plage du point de vue de la contamination fécale et donc de mieux orienter les instigateurs de projets de recherche voulant utiliser ces données.

Par ailleurs, l'application des données d'observation de la Terre semble prometteuse dans le domaine de la surveillance des eaux récréatives, notamment pour la caractérisation des environnements favorisant un risque de contamination fécale plus élevé. Les technologies spatiales et plus spécifiquement satellitaires pourraient de plus apporter de l'information cruciale lors de circonstances exceptionnelles pouvant affecter la qualité de l'eau, comme des inondations ou des sécheresses prolongées. Ceci pourrait se traduire par des cartes détaillées des zones affectées, permettant de mieux cibler les zones à risque élevé. En outre, l'apport des données issues de la télédétection dans la surveillance de la qualité de l'eau comme telle, demeure à être exploré. Ces données pourraient compléter les mesures d'indicateurs microbiens ou s'ajouter aux modèles prédictifs déjà développés. Face à ces applications potentielles, on assiste par ailleurs à une volonté et une ouverture de la part des intervenants et des chercheurs dans le secteur des technologies spatiales au niveau national et international pour l'intégration de ces technologies aux problématiques de santé publique. Notons par exemple l'Agence spatiale canadienne et le Bureau des Affaires Spatiales des Nations Unies qui, de par leurs programmes et activités, favorisent la communication et la collaboration entre les différentes disciplines pouvant contribuer à l'avancement des connaissances dans ce domaine. Les technologies spatiales ayant déjà été utilisées avec succès au profit de diverses problématiques environnementales, il sera essentiel de tirer avantage de ces expériences lors du développement de nouveaux projets pour assurer une bonne efficacité (Meyer-Roux and King 1992; El-Magd and Tanton 2003; Franklin et al. 2008). Des études portant sur la faisabilité d'application de ces technologies dans le domaine des eaux récréatives et comprenant des analyses coûts-bénéfices devront aussi être conduites.

En plus des orientations futures de recherche, ce projet permet d'énoncer certaines recommandations en termes de surveillance des eaux récréatives ainsi qu'en termes de prévention des problèmes de santé reliés à la baignade en eau douce. Tout d'abord, la présence de bactéries RA dans les milieux aquatiques a auparavant fait l'objet d'études et de nombreux plans d'eau dans plusieurs régions du globe ont été échantillonnés et des phénomènes de résistance à différents antimicrobiens ont été rapportés (Antunes et al. 2006; Messi et al. 2006; Hamelin et al. 2007). Néanmoins, leur présence dans les eaux de baignade est, jusqu'à ce jour, très peu documentée. Au Canada, une vaste étude multiprovince portant sur la présence d'*E. coli* dans les eaux de consommation et les eaux récréatives a été effectuée. Selon cette étude, la présence de bactéries RA a été détectée dans les eaux récréatives d'autres provinces ainsi que dans l'eau de puits de consommation en Ontario (Nguon 2007; Mataseje et al. 2009). Mise à part cette étude, très peu de données de prévalence sur les bactéries RA dans l'eau existent au Canada, et il n'y a pas non plus de surveillance de résistance antimicrobienne relative aux sources environnementales, ce qui rend impossible le suivi dans le temps de cette problématique. Un tel suivi, en plus de celui déjà effectué dans le secteur agroalimentaire, pourrait contribuer à une surveillance plus complète et une meilleure compréhension de cette problématique complexe qu'est la résistance antimicrobienne.

En second lieu, les programmes de surveillance des eaux récréatives déjà en place pourraient être améliorés par l'ajout d'une composante visant la caractérisation des environnements proximaux des plages. Cette dernière aurait comme objectif d'identifier les plages ayant un plus grand risque de pollution fécale élevée. Cet ajout permettrait donc une surveillance plus complète en intégrant un volet de surveillance des facteurs favorisant la contamination des plans d'eau. Combiné au suivi régulier des indicateurs microbiens, cette identification permettrait de cibler les plages nécessitant une attention particulière, pouvant mener à un échantillonnage d'eau plus fréquent, une meilleure protection des berges et peut-être éventuellement des

recommandations de limiter la baignade suivant des situations particulières comme des précipitations abondantes ou les périodes d'épandage de fumier. La caractérisation du territoire proximal des plages pourrait être effectuée en combinant différentes méthodes et différentes données selon les besoins et les ressources disponibles. Ces dernières pourraient inclure des inspections sur le terrain, des données de recensements et éventuellement des données d'observation de la Terre. Le pas de temps idéal de ce suivi reste à déterminer et variera vraisemblablement selon les changements environnementaux comme l'urbanisation, les risques de contamination fécale et l'achalandage des plans d'eau.

La grande majorité des eaux à l'étude se sont révélées être d'excellente qualité selon les critères du programme Environnement-Plage, ce qui laisse croire à un risque plutôt faible de développer des problèmes de santé suite à la baignade dans ces eaux. Toutefois, des campagnes de sensibilisation aux abords des plans d'eau servant à la baignade pourraient contribuer à diminuer davantage ces risques. Certains comportements comme avaler de l'eau et se submerger la tête augmentent le risque de gastro-entérite suivant la baignade (Feldman et al. 2002; Bruce et al. 2003). Les personnes ayant un système immunitaire plus vulnérable comme les personnes âgées et celles immunodéprimées devraient donc éviter ces comportements lors de baignade. En ce qui concerne les enfants, ils sont reconnus comme un groupe particulièrement à risque de problèmes de santé suivant la baignade (Wade et al. 2008). Bien que le contrôle de leurs comportements à risque soit plus difficile, des interventions auprès d'eux et de leurs parents pourraient également contribuer à diminuer les risques pour leur santé. Ces dernières devraient rappeler et encourager des gestes simples comme utiliser les installations sanitaires appropriées et se laver les mains, de même qu'éviter de boire l'eau du lac et d'avalier du sable.

Conclusion

Ce projet de recherche a permis d'identifier et de décrire des déterminants d'importance influençant la qualité microbiologique des eaux récréatives du Québec méridional, permettant entre autres de mieux évaluer l'impact de l'agroenvironnement sur cette dernière. Les principales conclusions pouvant être tirées sont présentées ci-dessous.

- Les eaux récréatives sont une source d'exposition à des bactéries RA pour les utilisateurs de ces eaux. La présence de telles bactéries serait favorisée par certaines activités agricoles et plus spécifiquement l'épandage de fumier à proximité des eaux de baignade. Par contre, d'autres recherches, utilisant notamment des méthodes d'attribution de sources et de modélisation mathématique, seront nécessaires pour mieux apprécier l'impact de ces activités sur la qualité de ces eaux. De plus, certaines bactéries identifiées étaient résistantes à des antimicrobiens de grande importance pour la médecine humaine, suggérant un problème potentiel pour la santé publique, mais l'impact réel sur la santé des populations exposées reste à déterminer.
- Les déterminants temps-indépendants associés à la qualité microbiologique des eaux de baignade seraient responsable de près de la moitié de la variation du niveau de pollution fécale de ces eaux. En outre, les eaux récréatives ayant des sites de production de ruminants à proximité sont sujettes à un risque plus élevé de contamination fécale. Une association positive a également été notée entre le niveau de contamination fécale et le fait que les plages soient situées à l'intérieur d'une zone urbaine. En regard à la santé publique, les eaux récréatives contaminées tant par des sources de pollution fécale animales qu'humaines pourraient constituer un risque pour la santé des utilisateurs.

- Les données issues des images d'observation de la Terre pourraient constituer une valeur ajoutée pour les programmes de suivi des eaux récréatives en permettant entre autres de caractériser les environnements favorisant un risque de contamination fécale plus élevé.

Pour terminer, il est important de rappeler que les processus de contamination fécale des eaux récréatives ainsi que leurs impacts sur la santé publique sont complexes et découlent de beaucoup de voies de contamination et de facteurs modulateurs. Cette problématique mérite donc des études approfondies impliquant des intervenants de multiples disciplines incluant l'épidémiologie, l'hydrologie, la microbiologie, la géographie, l'agronomie, la médecine vétérinaire, la médecine humaine et bien d'autres. Bien que cela constitue un défi de taille, l'intégration de ces disciplines, jumelée à la collaboration des intervenants travaillant sur le terrain, permettra de développer une meilleure compréhension et une vue globale de tous les enjeux.

Sources documentaires

1. Aarestrup FM, Seyfarth AM, Emborg HD, Pedersen K, Hendriksen RS, Bager F (2001) Effect of abolishment of the use of antimicrobial agents for growth promotion on occurrence of antimicrobial resistance in fecal enterococci from food animals in Denmark. *Antimicrob Agents Chemother* 45 (7):2054-2059
2. Aarestrup FM, Wegener HC (1999) The effects of antibiotic usage in food animals on the development of antimicrobial resistance of importance for humans in *Campylobacter* and *Escherichia coli*. *Microbes Infect* 1 (8):639-644
3. Abu-Ashour J, Lee H (2000) Transport of bacteria on sloping soil surfaces by runoff. *Environ Toxicol* 15 (2):149-153
4. Acar J, Rostel B (2001) Antimicrobial resistance: an overview. *Rev Sci Tech (OIE)* 20 (3):797-810
5. Acha PN, Szyfres B (2005) Zoonoses et maladies transmissibles communes à l'homme et aux animaux. Volume 1 : Bactérioses et Mycoses, vol 1. 3e edn. OIE, Paris. 382 pages
6. Ackerman D, Weisberg SB (2003) Relationship between rainfall and beach bacterial concentrations on Santa Monica Bay Beaches. *J Water Health* 1 (2):85-89
7. Agence de la santé publique du Canada (2004) Écllosion de *E. coli* O157:H7 associée à la baignade à une plage publique de la région de Montréal-Centre. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 30 (15)
8. Agriculture et Agroalimentaire Canada. Couverture des terres (2008) <http://www4.agr.gc.ca/AAFC-AAC/display-afficher.do?id=1227635802316&lang=fra>. Accessed Juin 2011
9. Anderson ML, Whitlock JE, Harwood VJ (2005) Persistence and differential survival of fecal indicator bacteria in subtropical waters and sediments. *Appl Environ Microbiol* 71 (6):3041-3048

10. Angulo FJ, Nargund VN, Chiller TC (2004a) Evidence of an association between use of anti-microbial agents in food animals and anti-microbial resistance among bacteria isolated from humans and the human health consequences of such resistance. *J Vet Med* 51 (8-9):374-379
11. Angulo FJ, Nunnery JA, Bair HD (2004b) Antimicrobial resistance in zoonotic enteric pathogens. *Rev Sci Tech (OIE)* 23 (2):485-496
12. Anonyme (1999) The use of drugs in food animals, Benefits and risks. National Research Council. Washington, D.C.
13. Antunes P, Machado J, Peixe L (2006) Characterization of antimicrobial resistance and class 1 and 2 integrons in *Salmonella enterica* isolates from different sources in Portugal. *J Antimicrob Chemother* 58 (2):297-304
14. Arnold CL, Gibbons CJ (1996) Impervious Surface Coverage: the Emergence of a Key Environmental Indicator. *J Am Plann Assoc* 62 (2):243-258
15. Arsenault J, Letellier A, Quessy S, Normand V, Boulianne M (2007) Prevalence and risk factors for *Salmonella* spp. and *Campylobacter* spp. caecal colonization in broiler chicken and turkey flocks slaughtered in Quebec, Canada. *Prev Vet Med* 81 (4):250-264
16. Arvanitidou M, Stathopoulos GA, Constantinidis TC, Katsouyannopoulos V (1995) The Occurrence of *Salmonella*, *Campylobacter* and *Yersinia* Spp in River and Lake Waters. *Microbiol Res* 150 (2):153-158
17. Auerbach EA, Seyfried EE, McMahon KD (2007) Tetracycline resistance genes in activated sludge wastewater treatment plants. *Water Res* 41 (5):1143-1151
18. Avery LM, Hill P, Killham K, Jones DL (2004a) *Escherichia coli* O157 survival following the surface and sub-surface application of human pathogen contaminated organic waste to soil. *Soil Biol Biochem* 36 (12):2101-2103
19. Avery LM, Killham K, Jones DL (2005) Survival of *E. coli* O157:H7 in organic wastes destined for land application. *J Appl Microbiol* 98 (4):814-822
20. Avery SM, Moore A, Hutchison ML (2004b) Fate of *Escherichia coli* originating from livestock faeces deposited directly onto pasture. *Lett Appl Microbiol* 38 (5):355-359

21. Baquero F, Martinez J-L, Canton R (2008) Antibiotics and antibiotic resistance in water environments. *Curr Opin Biotechnol* 19:260-265
22. Barza M, Travers K (2002) Excess infections due to antimicrobial resistance: The "attributable fraction". *Clin Infect Dis* 34 (Suppl 3):S126-S130
23. Basnyat P, Teeter LD, Lockaby BG, Flynn KM (2000) The use of remote sensing and GIS in watershed level analyses of non-point source pollution problems. *For Ecol Manage* 128 (1-2):65-73
24. Beck LR, Lobitz BM, Wood BL (2000) Remote sensing and human health: New sensors and new opportunities. *Emerg Infect Dis* 6 (3):217-227
25. Bennett PM (2008) Plasmid encoded antibiotic resistance: acquisition and transfer of antibiotic resistance genes in bacteria. *Br J Pharmacol* 153 (Suppl 1):S347-S357
26. Blake DP, Hillman K, Fenlon DR, Low JC (2003) Transfer of antibiotic resistance between commensal and pathogenic members of the Enterobacteriaceae under ileal conditions. *J Appl Microbiol* 95 (3):428-436
27. Blostein J (1991) Shigellosis from swimming in a park pond in Michigan. *Public Health Rep* 106 (3):317-322
28. Boehm AB, Grant SB, Kim JH, Mowbray SL, McGee CD, Clark CD, Foley DM, Wellman DE (2002) Decadal and Shorter Period Variability of Surf Zone Water Quality at Huntington Beach, California. *Environ Sci Technol* 36 (18):3885-3892.
29. Boerlin P, Reid-Smith R (2008) Antimicrobial resistance: its emergence and transmission. *Anim Health Res Rev* 9 (2):115-126.
30. Boerlin P, Travis R, Gyles CL, Reid-Smith R, Janecko N, Lim H, Nicholson V, McEwen SA, Friendship R, Archambault M (2005) Antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolates from swine in Ontario. *Appl Environ Microbiol* 71 (11):6753-6761
31. Bolin C, Brown C, Rose J (2004) Emerging zoonotic diseases and water. In: Cotruvo JA, Dufour A, Rees G et al. (eds) *Waterborne Zoonoses*

- Identification, causes and Control. Emerging Issues in Water and Infectious Disease Series. IWA Publishing, London, UK, pp 19-26.
32. Boone JD, McGwire KC, Otteson EW, DeBaca RS, Kuhn EA, Villard P, Brussard PF, St Jeor SC (2000) Remote sensing and geographic information systems: Charting Sin Nombre virus infections in deer mice. *Emerg Infect Dis* 6 (3):248-258
 33. Brookes JD, Hipsey MR, Burch MD, Regel RH, Linden LG, Ferguson CM, Antenucci JP (2005) Relative value of surrogate indicators for detecting pathogens in lakes and reservoirs. *Environ Sci Technol* 39 (22):8614-8621
 34. Bruce MG, Curtis MB, Payne MM, Gautom RK, Thompson EC, Bennett AL, Kobayashi JM (2003) Lake-associated outbreak of *Escherichia coli* O157:H7 in Clark County, Washington, August 1999. *Arch Pediatr Adolesc Med* 157 (10):1016-1021
 35. Burkholder J, Libra B, Weyer P, Heathcote S, Kolpin D, Thorne PS, Wichman M (2007) Impacts of waste from concentrated animal feeding operations on water quality. *Environ Health Perspect* 115 (2):308-312
 36. Byappanahalli MN, Whitman RL, Shively DA, Ting WT, Tseng CC, Nevers MB (2006) Seasonal persistence and population characteristics of *Escherichia coli* and *enterococci* in deep backshore sand of two freshwater beaches. *J Water Health* 4 (3):313-320
 37. Calderon R, E. M, Dufour A (1991) Health effects of swimmers and non-point sources of contaminated water. *Int J Environ Health Res* 1:21-31
 38. Campbell JB (2007) Introduction to Remote Sensing. 4 th edn. The Guilford Press, New York, NY, USA. 626 pages.
 39. Caplin JL, Hanlon GW, Taylor HD (2008) Presence of vancomycin and ampicillin-resistant *Enterococcus faecium* of epidemic clonal complex-17 in wastewaters from the south coast of England. *Environ Microbiol* 10 (4):885-892

40. Carson CA, Reid-Smith R, Irwin RJ, Martin WS, McEwen SA (2008a)
Antimicrobial resistance in generic fecal *Escherichia coli* from 29 beef farms in Ontario. Can J Vet Res-Rev Can Rech Vet 72 (2 Special Issue SI):119-128
41. Carson CA, Reid-Smith R, Irwin RJ, Martin WS, McEwen SA (2008b)
Antimicrobial use on 24 beef farms in Ontario. Can J Vet Res-Rev Can Rech Vet 72 (2 Special Issue SI):109-118
42. Castro-Hermida JA, Garcia-Preedo I, Almeida A, Gonzalez-Warleta M, Da Costa JMC, Mezo M (2008) Contribution of treated wastewater to the contamination of recreational river areas with *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis*. Water Res 42 (13):3528-3538
43. CCT (2007) Notions fondamentales de télédétection - cours tutoriel. Ressources Naturelles Canada. Centre canadien de télédétection. Ottawa. 266 pages.
44. CDC. *Yersinia enterocolitica* (2005) Centers for Disease Control and Prevention. http://www.cdc.gov/ncidod/dbmd/diseaseinfo/yersinia_g.htm. Accessed Avril 2011
45. CDC. *Escherichia coli* O157:H7 and other Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) (2008) National Center for Zoonotic, Vector-Borne, and Enteric Diseases. Centers for Disease Control and Prevention. http://www.cdc.gov/nczved/divisions/dfbmd/diseases/ecoli_o157h7/. Accessed Mai 2011
46. CDC (2009) Guidance for Control of Infections with Carbapenem-Resistant or Carbapenemase-Producing *Enterobacteriaceae* in Acute Care Facilities. Centers for Disease Control and Prevention. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 58 (10):256-260
47. CDC. *Salmonella* serotype Enteritidis (2010) National Center for Zoonotic, Vector-Borne, and Enteric Diseases. Centers for Disease Control and Prevention. http://www.cdc.gov/nczved/divisions/dfbmd/diseases/salmonella_enteritidis/. Accessed Avril 2011

48. CEAEQ (2005) Recherche et dénombrement des coliformes fécaux (thermotolérants) et confirmation à l'espèce *Escherichia coli* : méthode par filtration sur membrane. MA. 700 – Fec.Ec 1.0. Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec. Québec, Canada. 20 pages.
<http://www.ceaeq.gouv.qc.ca/methodes/pdf/MA700FecEc10.pdf>.
Accessed Mai 2011
49. Chapman PA, Siddons CA, Malo ATC, Harkin MA (1997) A 1-Year Study of *Escherichia coli* O157 in Cattle, Sheep, Pigs and Poultry. *Epidemiol Infect* 119 (2):245-250
50. Chee-Sanford J, Aminov R, Krapac I, Garrigues-Jeanjean N, Mackie R (2001) Occurrence and diversity of Tetracycline resistance genes in lagoons and groundwater underlying two swine production activities. *Appl Environ Microbiol* 67 (4):1494-1502
51. Chevalier P, Levallois P, Michel P (2004) Infections entériques d'origine hydrique potentiellement associées à la production animale: revue de la littérature. *Vecteur environnement* 37 (2):90-106
52. Clark EA (1998) Landscape Variables Affecting Livestock Impacts on Water Quality in the Humid Temperate Zone. *Can. J. Plant Sci* 78 (2):181-190
53. Coklin T, Uehlinger FD, Farber JM, Barkema HW, O'Handley RM, Dixon BR (2009) Prevalence and molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. in dairy calves from 11 farms in Prince Edward Island, Canada. *Vet Parasitol* 160 (3-4):323-326
54. Colford JM, Wade TJ, Schiff KC, Wright CC, Griffith JF, Sandhu SK, Burns S, Sobsey M, Lovelace G, Weisberg SB (2007) Water quality indicators and the risk of illness at beaches with nonpoint sources of fecal contamination. *Epidemiology* 18 (1):27-35
55. Collins R (2004) Fecal contamination of pastoral wetlands. *J Environ Qual* 33 (5):1912-1918
56. Cook A, Reid-Smith R, Irwin R, McEwen SA, Valdivieso-Garcia A, Ribble C (2009) Antimicrobial Resistance in *Campylobacter*, *Salmonella*, and *Escherichia*

- coli* Isolated from Retail Turkey Meat from Southern Ontario, Canada. J Food Prot 72 (3):473-481
57. Correia VRM, Carvalho MS, Sabroza PC, Vacsoncelos CH (2004) Remote sensing as a tool to survey endemic diseases in Brazil. Cad Saude Pública 20 (4):891-904
 58. Cosgrove SE, Carmeli Y (2003) The Impact of Antimicrobial Resistance on Health and Economic Outcomes. Clin Infect Dis 36 (1):1433-1437
 59. Crane SR, Moore JA (1986) Modeling enteric bacterial die-off : a review. Water Air Soil Pollut 27:411
 60. Crane SR, Moore JA, Grismer ME, Miner JR (1983) Bacterial Pollution from Agricultural Sources: A Review. Transactions of the ASABE 26 (3):858-866
 61. Crowther J, Kay D, Wyer MD (2002) Faecal-indicator concentrations in waters draining lowland pastoral catchments in the UK: relationships with land use and farming practices. Water Res 36 (7):1725-1734
 62. Crowther J, Wyer MD, Bradford M, Kay D, Francis CA, Knisel WG (2003) Modelling faecal indicator concentrations in large rural catchments using land use and topographic data. J Appl Microbiol 94 (6):962-973
 63. Curriero FC, Patz JA, Rose JB, Lele S (2001) The association between extreme precipitation and waterborne disease outbreaks in the United States, 1948-1994. Am J Public Health 91 (8):1194-1199
 64. Daniel TC, Edwards DR, Nichols DJ (1995) Edge of field losses of surface applied manure. In: Steele K (ed) Animal Waste and the Land-Water Interface. Lewis Publisher, Gainesville, pp 89-98. 608 pages
 65. De Magny GC, Murtugudde R, Sapiano MRP, Nizam A, Brown CW, Busalacchi AJ, Yunus M, Nair GB, Gil AI, Lanata CF, Calkins J, Manna B, Rajendran K, Bhattacharya MK, Huq A, Sack RB, Colwell RR (2008) Environmental signatures associated with cholera epidemics. Proc Natl Acad Sci USA 105 (46):17676-17681
 66. Denno DM, Kenne WE, Hutter CM, Koespsell JK, Patnode M, Hursh-Flodin D, Stewart LK, Duchin JS, Rasmussen L, Jones R, Tarr PI (2009) Tri-

- County Comprehensive Assessment of Risk Factors for Sporadic Reportable Bacterial Enteric Infection in Children. *Journal of infectious disease* 199:467-476
67. DeRegnier DP, Cole L, Schupp DG, Erlandsen SL (1989) Viability of *Giardia* cysts suspended in lake, river, and tap water. *Appl Environ Microbiol* 55 (5):1223-1229
68. Digital Globe. WorldView-1 (2010) DigitalGlobe, Inc.
<http://www.digitalglobe.com/file.php/785/WorldView1-DS-WV1.pdf>.
Accessed Juin 2011
69. Donovan E, Unice K, Roberts JD, Harris M, Finley B (2008) Risk of gastrointestinal disease associated with exposure to pathogens in the water of the Lower Passaic River. *Appl Environ Microbiol* 74 (4):994-1003.
70. Duan H, Zhang Y, Zhang B, Song K, Wang Z, Liu D, Li F (2008) Estimation of chlorophyll-*a* concentration and trophic states for inland lakes in Northeast China from Landsat TM data and field spectral measurements. *Int J Remote Sens* 29 (3):767 - 786
71. Dwight RH, Fernandez LM, Baker DB, Semenza JC, Olson BH (2005) Estimating the economic burden from illnesses associated with recreational coastal water pollution - a case study in Orange County, California. *J Environ Manage* 76 (2):95-103
72. Edberg SC, Rice EW, Karlin RJ, Allen MJ (2000) *Escherichia coli*: the best biological drinking water indicator for public health protection. *J. Appl. Microbiol.* 88(Suppl):106S-116S
73. Edge TA, Hill S (2005) Occurrence of antibiotic resistance in *Escherichia coli* from surface waters and fecal pollution sources near Hamilton, Ontario. *Can J Microbiol* 51 (6):501-505
74. Edge TA, Hill S (2007) Multiple lines of evidence to identify the sources of fecal pollution at a freshwater beach in Hamilton Harbour, Lake Ontario. *Water Res* 41 (16):3585-3594

75. El-Magd IA, Tanton TW (2003) Improvements in land use mapping for irrigated agriculture from satellite sensor data using a multi-stage maximum likelihood classification. *Int J Remote Sens* 24 (21):4197 - 4206
76. Elmir SM, Wright ME, Abdelzaher A, Solo-Gabriele HM, Fleming LE, Miller G, Rybolowik M, Shih MTP, Pillai SP, Cooper JA, Quaye EA (2007) Quantitative evaluation of bacteria released by bathers in a marine water. *Water Res* 41 (1):3-10
77. Engberg J (2006) Contributions to the epidemiology of *Campylobacter* infections - A review of clinical and microbiological studies [Review]. *Dan Med Bull* 53 (4):361-389
78. Entry JA, Hubbard RK, Thies JE, Fuhrmann JJ (2000) The influence of vegetation in riparian filterstrips on coliform bacteria: I. Movement and survival in water. *J Environ Qual* 29 (4):1206-1214
79. Environnement Canada. Gestion des eaux usées (2009) Environnement Canada. <http://www.ec.gc.ca/eu-ww/default.asp?lang=Fr&n=0FB32EFD-1>. Accessed Avril 2011
80. Esiobu N, Armenta L, Ike J (2002) Antibiotic resistance in soil and water environments. *Int J Environ Health Res* 12 (2):133-144
81. Fayer R (2004) Waterborne zoonotic protozoa. In: Cotruvo JA, Dufour A, Rees G et al. (eds) *Waterborne Zoonoses Identification, causes and Control*. IWA Publishing, London, pp 255-282
82. Feder I, Wallace FM, Gray JT, Fratamico P, Fedorka-Cray PJ, Pearce RA, Call JE, Perrine R, Luchansky JB (2003) Isolation of *Escherichia coli* O157 : H7 from intact colon fecal samples of swine. *Emerg Infect Dis* 9 (3):380-383
83. Feldman KA, Mohle-Boetani JC, Ward J, Furst K, Abbott SL, Ferrero DV, Olsen A, Werner SB (2002) A cluster of *Escherichia coli* O157: nonmotile infections associated with recreational exposure to lake water. *Public Health Rep* 117 (4):380-385

84. Ferguson C, Husman AMD, Altavilla N, Deere D, Ashbolt N (2003) Fate and transport of surface water pathogens in watersheds [Review]. *Crit Rev Environ Sci Technol* 33 (3):299-361
85. Fischer JR, Zhao T, Chen J, M.P. D, Stallknecht DE (2011) *Escherichia coli* O157:H7 in sympatric populations of domestic cattle and free-ranging white tailed deer. *Appl Environ Microbiol* 67 (3):1218-1224
86. Fleisher JM, Fleming LE, Solo-Gabriele HM, Kish JK, Sinigalliano CD, Plano L, Elmir SM, Wang JD, Withum K, Shibata T, Gidley ML, Abdelzaher A, He GQ, Ortega C, Zhu XF, Wright M, Hollenbeck J, Backer LC (2010) The BEACHES Study: health effects and exposures from non-point source microbial contaminants in subtropical recreational marine waters. *Int J Epidemiol* 39 (5):1291-1298
87. Fleisher JM, Kay D, Salmon RL, Jones F, Wyer MD, Godfree AF (1996) Marine waters contaminated with domestic sewage: nonenteric illnesses associated with bather exposure in the United Kingdom. *Am J Public Health* 86 (9):1228-1234.
88. Fleisher JM, kay D, Wyer MD, Godfree AF (1998) Estimates of severity of illness associated with bathing in marine recreational waters contaminated with domestic sewage. *Int J Epidemiol* 27:722-726
89. Flynn ES, Dougherty CT, Wendroth O (2008) Assessment of pasture biomass with the normalized difference vegetation index from active ground-based sensors. *Agron J* 100 (1):114-121
90. Fogarty LR, Haack SK, Wolcott MJ, Whitman RL (2003) Abundance and characteristics of the recreational water quality indicator bacteria *Escherichia coli* and *enterococci* in gull faeces. *J Appl Microbiol* 94 (5):865-878
91. Francy DS, Darner RA (2007) Nowcasting Beach Advisories at Ohio Lake Erie Beaches. US Geological Survey Report 2007-1427
92. Francy DS, Darner RA, Bertke EE (2006) Models for Predicting Recreational Water Quality at Lake Erie Beaches. US Geological Survey Report 2006-5192

93. Franklin SE, Fan H, Guo X (2008) Relationship between Landsat TM and SPOT vegetation indices and cumulative spruce budworm defoliation. *Int J Remote Sens* 29 (4):1215 - 1220
94. Frick WE, Ge Z, Zepp RG (2008) Nowcasting and Forecasting Concentrations of Biological Contaminants at Beaches: A Feasibility and Case Study. *Environ Sci Technol* 42 (13):4818-4824.
95. Gagnon É, Gangbazo G (2007) Efficacité des bandes riveraines: analyse de la documentation scientifique et perspectives. Ministère du Développement durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec. Québec, QC. 17. <http://www.mddep.gouv.qc.ca/eau/bassinversant/fiches/bandes-riv.pdf>. Accessed Juin 2011
96. Galland JC, Hyatt DR, Crupper SS, Acheson DW (2001) Prevalence, antibiotic susceptibility, and diversity of *Escherichia coli* O157:H7 isolates from a longitudinal study of beef cattle feedlots. *Appl Environ Microbiol* 67 (4):1619-1627
97. Gannon VPJ, Graham TA, King R, Michele P, Read S, Ziebell K, Johnson RP (2002) *Escherichia coli* O157 : H7 infection in cows and calves in a beef cattle herd in Alberta, Canada. *Epidemiol Infect* 129 (1):163-172
98. Gannon VPJ, Humenik F, Rice M, Cicmanec JL, Smith JE, Carr R (2004) Control of zoonotic pathogens in animal wastes. In: Cotruvo JA, Dufour A, Rees G et al. (eds) *Waterborne Zoonoses Identification, causes and Control. Emerging Issue in Water and Infectious Disease Series*. IWA Publishing, London, UK,
99. Gebreyes WA, Thakur S, Davies PR, Funk JA, Altier C (2004) Trends in antimicrobial resistance, phage types and integrons among *Salmonella* serotypes from pigs, 1997-2000. *J Antimicrob Chemother* 53 (6):997-1003
100. Gentry LE, David MB, Royer TV, Mitchell CA, Starks KM (2007) Phosphorus transport pathways to streams in tile-drained agricultural watersheds. *J Environ Qual* 36 (2):408-415

101. GeoEye. GeoEye Specifications (2011) GeoEye.
<http://www.geoeye.com/CorpSite/products-and-services/imagery-sources/Default.aspx>. Accessed May, 2011
102. Gerba CP (2000) Assessment of Enteric pathogen Shedding by Bathers during Recreational Activity and its Impact on Water Quality. *Quant Microbiol* 2:55-68
103. Gessel PD, Hansen NC, Goyal SM, Johnston LJ, Webb J (2004) Persistence of zoonotic pathogens in surface soil treated with different rates of liquid pig manure. *Appl Soil Ecol* 25 (3):237-243
104. Gilchrist MJ, Greko C, Wallinga DB, Beran GW, Riley DG, Thorne PS (2007) The potential role of concentrated animal feeding operations in infectious disease epidemics and antibiotic resistance. *Environ Health Perspect* 115 (2):313-316
105. Given S, Pendleton LH, Boehm AB (2006) Regional public health cost estimates of contaminated coastal waters: A case study of gastroenteritis at southern california beaches. *Environ Sci Technol* 40 (16):4851-4858
106. Glassmeyer S, Furlongy E, Kolpinz D, Cahill J, Zauggyy S, Wernerzz S, Meyerx M, Kryak D (2005) Transport of Chemical and Microbial Compounds from Known Wastewater Discharges: Potential for Use as Indicators of Human Fecal Contamination. *Int J Environ Sci Technol* 39 (14):5157-5169
107. Glenn Songer J, Post KW (2005) *Veterinary Microbiology, bacterial and fungal agents of animals disease*. Elsevier Saunders, St. Louis. 434 pages.
108. Glimp HA, Swanson SR (1994) Sheep grazing and riparian and watershed management. *Sheep Research Journal (special issue)*:65 - 71
109. Goetz SJ, Prince SD, Small J (2002) Advances in Satellite Remote Sensing of Environmental Variables for Epidemiological Applications. In: Hay SI, Randolph SE, Rogers DJ (eds) *Remote Sensing and Geographical Information Systems in Epidemiology*, vol 47. Elsevier Sciences, Oxford, UK, pp 289-309. 357 pages

110. Gotz A, Smalla K (1997) Manure Enhances Plasmid Mobilization and Survival of *Pseudomonas putida* Introduced into Field Soil. *Appl Environ Microbiol* 63 (5):1980-1986
111. Gouvernement du Canada (2000) Waterborne outbreak of gastroenteritis associated with a contaminated municipal water supply, Walkerton, Ontario, May-June 2000. *Can Commun Dis Rep Wkly* 26 (20):170-173
112. Gouvernement du Canada (2007) Laboratory Surveillance Data for Enteric Pathogens in Canada. Annual Summary 2005. Agence de la santé publique du Canada. <http://www.nml-lnm.gc.ca/NESP-PNSME/assets/pdf/2005%20Annual%20Report%20Final.pdf>. Accessed Avril 2011
113. Gouvernement du Canada (2010a) Programme intégré canadien de surveillance aux antimicrobiens (PICRA) 2009 - Résultats préliminaires. Gouvernement du Canada. Agence de la santé publique du Canada. Guelph, ON.
114. Gouvernement du Canada (2010 b) Système de surveillance national des agents pathogènes entériques (C-Enternet) rapport sommaire 2009. Agence de la santé publique du Canada.
115. Gow SP, Waldner CL, Rajic A, McFall ME, Reid-Smith R (2008) Prevalence of antimicrobial resistance in fecal generic *Escherichia coli* isolated in western Canadian cow-calf herds. Part I - Beef calves. *Can J Vet Res-Rev Can Rech Vet* 72 (2 Special Issue SI):82-90
116. Graczyk TK, Majewska AC, Schwab KJ (2008) The role of birds in dissemination of human waterborne enteropathogens. *Trends Parasitol.* 24 (2):55-59
117. Graczyk TK, Sunderland D, Awantang GN, Mashinski Y, Lucy FE, Graczyk Z, Chomicz L, Breyse PN (2010) Relationships among bather density, levels of human waterborne pathogens, and fecal coliform counts in marine recreational beach water. *J Parasitol Res* 106 (5):1103-1108

118. Graczyk TK, Sunderland D, Tamang L, Lucy FE, Breysse PN (2007) Bather density and levels of *Cryptosporidium*, *Giardia*, and pathogenic microsporidian spores in recreational bathing water. *Parasitology Research* 101:1729-1731
119. Gupta A, Fontana J, Crowe C, Bolstorff B, Stout A, Van Duyne S, Hoekstra MP, Whichard JM, Barrett TJ, Angulo FJ (2003) Emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serotype Newport infections resistant to expanded-spectrum cephalosporins in the United States. *J Infect Dis* 188 (11):1707-1716
120. Haack SK, Fogarty LR, Wright C (2003) *Escherichia coli* and *enterococci* at beaches in the Grand Traverse Bay, Lake Michigan: Sources, characteristics, and environmental pathways. *Environ Sci Technol* 37 (15):3275-3282
121. Hackett T, Lappin MR (2003) Prevalence of Enteric Pathogens in Dogs of North-Central Colorado. *J Am Anim Hosp Assoc* 39:52-56
122. Haile RW, Witte JS, Gold M, Cressey R, McGee C, Millikan RC, Glasser A, Harawa N, Ervin C, Harmon P, Harper J, Dermand J, Alamillo J, Barrett K, Nides M, Wang GY (1999) The health effects of swimming in ocean water contaminated by storm drain runoff. *Epidemiology* 10 (4):355-363
123. Hamelin K, Bruant G, El-Shaarawi A, Hill S, Edge TA, Bekal S, Fairbrother JM, Harel J, Maynard C, Masson L, Brousseau R (2006) A virulence and antimicrobial resistance DNA microarray detects a high frequency of virulence genes in *Escherichia coli* isolates from Great Lakes recreational waters. *Appl Environ Microbiol* 72 (6):4200-4206
124. Hamelin K, Bruant G, El-Shaarawi A, Hill S, Edge TA, Fairbrother J, Harel J, Maynard C, Masson L, Brousseau R (2007) Occurrence of virulence and antimicrobial resistance genes in *Escherichia coli* isolates from different aquatic ecosystems within the St. Clair River and Detroit River areas. *Appl Environ Microbiol* 73 (2):477-484
125. Handeland K, Nesse LL, Lillehaug A, Voikoren T, Djonne B, Bergsjø B (2008) Natural and experimental *Salmonella* Typhimurium infections in foxes (*Vulpes vulpes*). *Vet Microbiol* 132 (1-2):129-134

126. Havelaar AH, Pot-Hogeboom WM (1988) F-specific RNA-bacteriophages as model viruses in water hygiene: ecological aspects. *Water Sci Technol* 20 (11-12):399-407
127. Hay SI (1997) Remote sensing and disease control - past, present and future. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 91 (2):105-106
128. HC (1992) Guidelines for Canadian recreational water quality. Health Canada. Ottawa. 101 pages.
129. Heinonen-Tanski H, Usui-Kamppa J (2001) Runoff of faecal microorganisms and nutrients from perennial grass ley after application of slurry and mineral fertiliser. *Water Sci Technol* 43:143-146
130. Helms M, Simonsen J, Olsen KEP, Molbak K (2005) Adverse health events associated with antimicrobial drug resistance in *Campylobacter* species: A registry-based cohort study. *Journal of Infectious Diseases* 191 (7):1050-1055
131. Hill S, Cheney JM, Taton-Allen GF, Reif JS, Bruns C, Lappin MR (2000) Prevalence of enteric zoonotic organisms in cats. *J Am Vet Med Assoc* 216 (5):687-692
132. Howard DH, Scott RD, Packard R, Jones D (2003) The global impact of drug resistance. *Clin Infect Dis* 36 (Suppl 1):S4-S10
133. Hubalek Z (2004) An annotated checklist of pathogenic microorganisms associated with migratory birds [Review]. *J Wildl Dis* 40 (4):639-659
134. Hubbard RK, Newton GL, Hill GM (2004) Water quality and the grazing animal. *J Anim Sci* 82 E-Suppl:E255-263
135. Hughes P, Heritage J (2004) Antibiotic growth-promoters in food animals. In: Assessing quality and safety of animal feeds. FAO Animal production and Health paper. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy, pp 129-150
136. Hughes RAC, Cornblath DR (2005) Guillain-Barre syndrome [Review]. *Lancet* 366 (9497):1653-1666

137. IPCC (2007) Climate Change 2007 : Synthesis Report. Intergovernmental Panel on Climate Change. Valencia, Spain.
138. IRS. Earth Observation Satellites (2008) Indian Space Research Organisation. <http://www.isro.org/satellites/earthobservationsatellites.aspx>. Accessed Octobre 2011
139. Iwamoto M, Hlady G, Jeter M, Burnett C, Drenzek C, Lance S, Benson J, Page D, Blake P (2005) Shigellosis among swimmers in a freshwater lake. *South Med J* 98 (8):774-778
140. Jardine C, Reid-Smith RJ, Janecko N, Allan M, McEwen SA (2011) Salmonella in Raccoons (*Procyon lotor*) in Southern Ontario, Canada. *J Wildl Dis* 47 (2):344-351
141. Jenkins MB, Liotta JL, Lucio-Forster A, Bowman DD (2010) Concentrations, Viability, and Distribution of *Cryptosporidium* Genotypes in Lagoons of Swine Facilities in the Southern Piedmont and in Coastal Plain Watersheds of Georgia. *Appl Environ Microbiol* 76 (17):5757-5763.
142. Jensen JR (2005) Introductory Digital image Processing. A Remote Sensing Perspective. 3 rd edn. Pearson Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ, USA. 526 pages
143. Jiang XP, Morgan J, Doyle MP (2003) Fate of *Escherichia coli* 0157 : H7 during composting of bovine manure in a laboratory-scale bioreactor. *J Food Prot* 66 (1):25-30
144. Johnson KE, Thorpe CM, Sears CL (2006) The emerging clinical importance of non-O157 Shiga Toxin -Producing *Escherichia coli*. *Clin Infect Dis* 43 (12):1587-1595
145. Jones K (2001) *Campylobacters* in water, sewage and the environment. *J Appl Microbiol* 90 (Suppl S):68S-79S
146. Jones K, Howard S, Wallace JS (1999) Intermittent shedding of thermophilic *campylobacters* by sheep at pasture. *J Appl Microbiol* 86 (3):531-536

147. Jones OAH, Voulvoulis N, Lester JN (2003) Potential impact of pharmaceuticals on environmental health. *Bulletin of World Health Organisation* 81 (10)
148. Kaboré H, Levallois P, Michel P, Payment P, Déry P, Gingras S (2010) Association Between Potential Zoonotic Enteric Infections in Children and Environmental Risk Factors in Quebec, 1999–2006. *Zoonoses and Public Health* 57 (7-8):e195-e205
149. Kalluri S, Gilruth P, Rogers D, Szczur M (2007) Surveillance of arthropod vector-borne infectious diseases using remote sensing techniques: A review - art. no. e116 [Review]. *PLoS Pathog* 3 (10):1361-1371
150. Kao C, Wu M (2001) Control of non-point source pollution by a natural wetlands. *Water Sci Technol* 43 (5):169-174
151. Kay D, Anthony S, Crowther J, Chambers BJ, Nicholson FA, Chadwick D, Stapleton CM, Wyer MD (2010) Microbial water pollution: A screening tool for initial catchment-scale assessment and source apportionment. *Sci Total Environ* 408 (23):5646-5656
152. Kay D, Fleisher JM, Salmon RL, Wyer MD, Godfree AF, Zelenauch-Jacquotte Z, Shore R (1994) Predicting likelihood of gastroenteritis from sea bathing: results from randomized exposure. *Lancet* 344 (8927):905-909
153. Kay D, Wyer M, Crowther J, Stapleton C, Bradford M, McDonald A, Greaves J, Francis C, Watkins J (2005) Predicting faecal indicator fluxes using digital land use data in the UK's sentinel Water Framework Directive catchment: The Ribble study. *Water Res* 39 (16):3967-3981
154. Keene WE, McAnulty JM, Hoesly FC, Williams LP, Hedberg K, Oxman GL, Barrett TJ, Pfaller MA, Fleming DW (1994) A Swimming-Associated Outbreak of Hemorrhagic Colitis Caused by *Escherichia Coli* O157-H7 and *Shigella Sonnei*. *New Engl J Med* 331 (9):579-584
155. Kemper N (2008) Veterinary antibiotics in the aquatic and terrestrial environment. *Ecol Indic* 8:1-13

156. Kinkle BK, Schmidt EL (1991) Transfer of the Pea Symbiotic Plasmid pJB5JI in Nonsterile Soil. *Appl Environ Microbiol* 57 (11):3264-3269
157. Kinzelman J, McLellan SL, Amick A, Preedit J, Scopel CO, Olapade O, Gradus S, Singh A, Sedmak G (2008) Identification of human enteric pathogens in gull feces at Southwestern Lake Michigan bathing beaches. *Can J Microbiol* 54 (12):1006-1015
158. Knox AK, Dahlgren AR, Tate KW, Atwill ER (2008) Efficacy of Natural Wetlands to Retain Nutrient, Sediement and Microbial Polluants. *J Environ Qual* 37:1837-1846
159. Koponen S, Pulliainen J, Kallio K, Hallikainen M (2002) Lake water quality classification with airborne hyperspectral spectrometer and simulated MERIS data. *Remote Sens Environ* 79 (1):51-59
160. Kutser T, Metsamaa L, Strombeck N, Vahtmae E (2006) Monitoring cyanobacterial blooms by satellite remote sensing. *Estuar Coast Shelf Sci* 67 (1-2):303-312
161. Lau MM, Ingham SC, Arment AR (2001) Survival of faecal indicator bacteria in bovine manure incorporated into soil *Lett Appl Microbiol* 33:131
162. Lautenbach E, Patel JB, Bilker WB, Edelstein PH, Fishman NO (2001) Extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae*: Risk factors for infection and impact of resistance on outcomes. *Clin Infect Dis* 32 (8):1162-1171
163. Leblond A, Sandoz A, Lefebvre G, Zeller H, Bicout DJ (2007) Remote sensing based identification of environmental risk factors associated with West Nile disease in horses in Camargue, France. *Prev Vet Med* 79 (1 Special Issue SI):20-31
164. LeChevallier MW, Norton WD, Lee RG (1991) Occurrence of *Giardia* and *Cryptosporidium* spp. in surface water supplies. *Appl Environ Microbiol* 57 (9):2610-2616

165. Lee L-M, He Z-l (2008) Water quality prediction of marine recreational beaches receiving watershed baseflow and stormwater runoff in southern California, USA. *Water Res* 42 (10-11):2563-2573
166. LeJeune JT, Besser TE, Hancock DD (2001) Cattle water troughs as reservoirs of *Escherichia coli* O157. *Appl Environ Microbiol* 67 (7):3053-3057
167. Lepesteur M, McComb AJ, Moore SA (2006) Do we all face the same risk when bathing in the estuary? *Water Res* 40 (14):2787-2795
168. Lester CH, Frimodt-Moller N, Hammerum AM (2004) Conjugal transfer of aminoglycoside and macrolide resistance between *Enterococcus faecium* isolates in the intestine of streptomycin-treated mice. *FEMS Microbiol Lett* 235:385-391
169. Lester CH, Frimodt-Moller N, Sorensen TL, Monnet DL, Hammerum AM (2006) In Vivo Transfer of the vanA Resistance Gene from an *Enterococcus faecium* Isolate of Animal Origin to an *E. faecium* Isolate of Human Origin in the Intestines of Human Volunteers. *Antimicrobial Agents Chemotherapy* 50 (2):596-599
170. Letellier A, Messier S, Quessy S (1999) Prevalence of *Salmonella* spp, and *Yersinia enterocolitica* in finishing swine at Canadian abattoirs. *J Food Prot* 62 (1):22-25
171. Levy SB, FitzGerald GB, Macone AB (1976) Changes in intestinal flora of farm personnel after introduction of a tetracycline-supplemented feed on a farm. *New Engl J Med* 295 (11):583-588
172. Lillesand TM, Chipman JW (2009) Satellite-assisted Lake Water Quality Monitoring.
<http://dnr.wi.gov/lakes/CLMN/remotesensing/satellitepaper.html> .
Accessed February 2009
173. Lobitz B, Beck L, Huq A, Wood B, Fuchs G, Faruque ASG, Colwell R (2000) Climate and infectious disease: Use of remote sensing for detection of *Vibrio cholerae* by indirect measurement. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97 (4):1438-1443

174. Lobo ML, Xiao L, Antunes F, Matos O (2009) Occurrence of *Cryptosporidium* and *Giardia* genotypes and subtypes in raw and treated water in Portugal. *Lett Appl Microbiol* 48 (6):732-737
175. Lodise TP, McKinnon PS (2007) Burden of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: focus on Clinical and Economic Outcomes. *Pharmacotherapy* 27 (7):1001-1012
176. Love DC, Lovelace GL, Money ES, Sobsey MD (2010) Microbial Fecal Indicator Concentrations in Water and Their Correlation to environmental Parameters in Nine Geographically Diverse Estuaries. *Water Qual Expo Health* 2:85-95
177. Lundin JI, Dargatz DA, Wagner BA, Lombard JE, Hill AE, Ladely SR, Fedorka-Cray PJ (2008) Antimicrobial drug resistance of fecal *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. isolates from United States dairy cows. *Foodborne Pathog Dis* 5 (1):7-19
178. Mackie RI, Koike s, Krapac I, Chee-Sanford JC, S. M, Aminov RI (2006) Tetracycline Residues and Tetracycline Resistance Genes in Groundwater Impacted by Swinw Production Facilities. *Animal Biotechnology* 17 (2):157-176
179. Majdoub R, Côté C, Duchemin M (2004) Risque de contamination microbiologique des eaux souterraines et mesures préventive à adopter. *Vecteur environnement* 37 (2):61-66
180. Majdoub R, Côté C, Labadi M, Guay K, Génèreux M (2003) Impact de l'utilisation des engrais de ferme sur la qualité microbiologique de l'eau souterraine. *Instituts de recherche et de développement en agroenvironnement (IRDA)*. Québec, Qc
181. Mallin MA, Williams KE, Esham EC, Lowe RP (2000) Effect of Human Development on Bacteriological Water Quality in Coastal Watersheds *Ecological Applications* 10 (4):1047-1056.
182. MAPAQ (2008) Suivi 2007 du Portrait agroenvironnemental des fermes du Québec : rapport présenté au ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de

- l'Alimentation du Québec, à l'Union des producteurs agricoles et à Agriculture et Agroalimentaire Canada. BPR-Infrastructure.
<http://www.fpccq.qc.ca/Files/rapport%20final%20pratiques%20agroenvironnementales.pdf>. Accessed Octobre 2011
183. Marechal F, Ribeiro N, Lafaye M, Güell A (2008) Satellite imaging and vector-borne diseases: the approach of the French National Space Agency (CNES). *Geospatial health* 3 (1):1-5
 184. Marion JW, Lee J, Lemeshow S, Buckley TJ (2010) Association of gastrointestinal illness and recreational water exposure at an inland U.S. beach. *Water Res* 44(16 Special Issue SI):4796-4804
 185. Marsalek J, Rochfort Q (2004) Urban wet-weather flows: sources of fecal contamination impacting on recreational waters and threatening drinking-water sources. *J Toxicol Environ Health A* 67 (20-22):1765-1777
 186. Martin V, De Simone L, Lubroth J, Ceccato P, Chevalier V (2007) Perspective on using remotely-sensed imagery in predictive veterinary epidemiology and global early warning systems. *Geospatial health* 2 (1):3-14
 187. Martinez JL, Baquero F (2002) Interactions among strategies associated with bacterial infection: Pathogenicity, epidemicity, and antibiotic resistance [Review]. *Clin Microbiol Rev* 15 (4):647-679
 188. Mataseje LF, Neumann N, Crago B, Baudry P, Zhanel GG, Louie M, Mulvey MR (2009) Characterization of cefoxitin-resistant *Escherichia coli* isolates from recreational beaches and private drinking water in Canada between 2004 and 2006. *Antimicrob Agents Chemother* 53 (7):3126-3130.
 189. McBride GB, Salmond CE, Bandaranayake DR, Turner SJ, Lewis GD, Till DG (1998) Health effects of marine batgging in New Zealand. *Int J Environ Health Res* 8:173-189
 190. McCarthy TA, Barrett NL, Hadler JL, Salsbury B, Howard RT, Dingman DW, Brinkman CD, Bibb WF, Cartter ML (2001) Hemolytic-Uremic Syndrome and *Escherichia coli* O121 at a Lake in Connecticut, 1999. *Pediatrics* 108 (4):e59-66

191. McEwen S, Hasselback P, Nunns Shoemaker B, Bouchard R, Brown S, Clark R, Dick P (2002) Uses of Antimicrobials in Food Animals in Canada: Impact on Resistance and Human Health. Health Canada, Report of the Advisory Committee on Animal Uses of Antimicrobials and Impact on Resistance and Human Health. Guelph, Ontario.
192. McEwen SA, Fedorka-Cray PJ (2002) Antimicrobial use and resistance in animals [Review]. *Clin Infect Dis* 34(Suppl 3):S93-S106
193. McGowan JE, Jr. (2001) Economic impact of antimicrobial resistance. *Emerg Infect Dis* 7 (2):286-292
194. McKenzie I, Nadeau M (2011) Surveillance de l'antibiorésistance. Rapport annuel 2010. Direction générale de la santé animale et de l'inspection des aliments. Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec. Québec, QC. 36.
195. MDDEP. Désinfection des eaux usées traitées : Position du Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec (2002a) Ministère du Développement durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec
<http://www.mddep.gouv.qc.ca/eau/eaux-usees/desinfection.htm>. Accessed Mai 2011
196. MDDEP. Guide de présentation des demandes d'autorisation pour les systèmes de traitement des eaux usées d'origine domestique, Annexe 3 : Exigences générales pour les rejets d'eaux usées d'origine domestique (2002b) Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec. <http://www.mddep.gouv.qc.ca/Eau/eaux-usees/usees/annexe3.htm>. Accessed Avril 2011
197. MDDEP. Règlement sur l'évacuation et le traitement des eaux usées des résidences isolées (2002c) Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
http://www2.publicationsduquebec.gouv.qc.ca/dynamicSearch/telecharge.php?type=3&file=/Q_2/Q2R22.htm. Accessed Avril 2011

198. MDDEP. Règlements sur les exploitations agricoles, Loi sur la qualité de l'environnement (2002d) Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
http://www2.publicationsduquebec.gouv.qc.ca/dynamicSearch/telecharge.php?type=3&file=/Q_2/Q2R26.htm. Accessed Avril 2011
199. MDDEP. Synthèse des informations environnementales disponibles en matière agricole au Québec (2003) Direction des politiques du secteur agricole, Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs, Québec.
http://www.mddep.gouv.qc.ca/milieu_agri/agricole/synthese-info/synthese-info-enviro-agricole.pdf. Accessed Octobre 2011
200. MDDEP. Programme Environnement-Plage (2006) Ministère du Développement Durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
<http://www.mddep.gouv.qc.ca/programmes/env-plage/>.
201. MDDEP. Règlement sur la protection des eaux contre les rejets des embarcations de plaisance (2008) Ministère du Développement durable, de l'Environnement et des Parcs du Québec.
<http://www.mddep.gouv.qc.ca/eau/eaux-usees/embarcations/index.htm>. Accessed Mai 2011
202. Meals DW, Braun DC (2006) Demonstration of methods to reduce *E. coli* runoff from dairy manure application sites. *J Environ Qual* 35 (4):1088-1100
203. Messi P, Guerrieri E, de Niederhausern S, Sabia C, Bondi M (2006) Vancomycin-resistant enterococci (VRE) in meat and environmental samples. *Int J Food Microbiol* 107 (2):218-222
204. Messina JP, Crews-Meyer KA (2000) A Historical Perspective on the development of Remotely Sensed Data as Applied to Medical Geography. In: Albert DP, Geslier WM, Levrgood B (eds) *Spatial Analysis, GIS, and Remote Sensing Applications in the Health Sciences*. Ann Arbor Press, Chelsea, MI, USA, pp 129-146. 217 pages

205. Meyer-Roux J, King C (1992) Agriculture and Forestry. *Int J Remote Sens* 13 (6):1329 - 1341
206. Meyer KJ, Appletoft CM, Schwemm AK, Uzoigwe K, Brown EJ (2005) Determining the source of fecal contamination in recreational waters. *J Environ Health* 68 (1):25-30
207. Michel P, Wilson JB, Martin SW, Clarke RC, McEwen SA, Gyles CL (1999) Temporal and geographical distributions of reported cases of *Escherichia coli* O157 : H7 infection in Ontario. *Epidemiol Infect* 122 (2):193-200
208. Moore JE, Corcoran D, Dooley JSG, Fanning S, Lucey B, Matsuda M, McDowell DA, Megraud F, Millar BC, O'Mahony R, O'Riordan L, O'Rourke M, Rao JR, Rooney PJ, Sails A, Whyte P (2005) *Campylobacter* [Review]. *Vet Res* 36 (3):351-382
209. Moreira J (2010) Évaluation de performance des ouvrages municipaux d'assainissement des eaux pour l'année 2007. Ministère des Affaires Municipales, des Régions et de l'Occupation du Territoire du Québec. http://www.mamrot.gouv.qc.ca/pub/infrastructures/suivi_ouvrages_assainissement_eaux/eval_perform_rapport_2009.pdf. Accessed Mai 2011
210. Moubareck C, Bourgeois N, Courvalin P, Doucet-Populaire F (2003) Multiple antibiotic resistance gene transfer from animal to human enterococci in the digestive tract of gnotobiotic mice. *Antimicrob Agents Chemother* 47 (9):2993-2996
211. Muirhead RW, Collins RP, Bremer PJ (2006) Interaction of *Escherichia coli* and soil particles in runoff. *Appl Environ Microbiol* 72 (5):3406-3411
212. NASA. Landsat-5 History (2010a) NASA & U.S. Geological Survey. http://landsat.usgs.gov/about_landsat5.php. Accessed Juin 2011
213. NASA. Landsat-7 History (2010 b) NASA & U.S. Geological Survey. http://landsat.usgs.gov/about_landsat7.php. Accessed Juin 2011
214. NASA. Land-Cover / Land-Use Change Program (2011a) NASA. <http://lcluc.umd.edu/index.php>. Accessed Juin 2011

215. NASA. The Landsat Program (2011b) NASA.
<http://landsat.gsfc.nasa.gov/about/>. Accessed Juin 2011
216. Neal C, Jarvie HP, Withers PJA, Whitton BA, Neal M (2010) The strategic significance of wastewater sources to pollutant phosphorus levels in English rivers and to environmental management for rural, agricultural and urban catchments [Review]. *Sci Total Environ* 408 (7):1485-1500
217. Nelson J, Angulo FJ (2004) Fluoroquinolone-resistant *campylobacter* causes longer duration of diarrhea than fluoroquinolone-susceptible *campylobacter* strains in FoodNet sites. *J Infect. Dis*(190):1150-1157
218. Nemeč A, Křížová L, Maixnerová M, Diancourt L, van der Reijden TJK, Brisse S, van den Broek P, Dijkshoorn L (2008) Emergence of carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii* in the Czech Republic is associated with the spread of multidrug-resistant strains of European clone II. *J Antimicrob Chemother* 62 (3):484-489.
219. Nevers MB, Whitman RL (2005) Nowcast modeling of *Escherichia coli* concentrations at multiple urban beaches of southern Lake Michigan. *Water Res* 39 (20):5250-5260
220. Nguon RS (2007) Facteurs agro-environnementaux associés à la résistance antimicrobienne d'*Escherichia coli* dans l'eau potable des puits du sud de l'Ontario. Master thesis, Université de Montréal, Montréal, Quebec
221. Nightingale CH, Murakawa T, Ambrose PG (2001) Antimicrobial pharmacodynamics in theory and clinical practice. Marcel Dekker Inc., New-York. 416 pages
222. Nikolich MP, Hong G, Shoemaker NB, Salyers AA (1994) Evidence for natural horizontal transfer of tetQ between bacteria that normally colonize humans and bacteria that normally colonize livestock. *Appl Environ Microbiol* 60 (9):3255-3260
223. Noble RT, Fuhrman JA (2001) Enteroviruses detected by reverse transcriptase polymerase chain reaction from the coastal waters of Santa Monica Bay,

- California: low correlation to bacterial indicator levels. *Hydrobiologia* 460:175-184
224. Normark BH, Normark S (2002) Evolution and spread of antibiotic resistance [Review]. *J Intern Med* 252 (2):91-106
225. Nwosu VC (2001) Antibiotic resistance with particular reference to soil microorganisms [Review]. *Res Microbiol* 152 (5):421-430
226. O'Brien TF (2002) Emergence, spread, and environmental effect of antimicrobial resistance: How use of an antimicrobial anywhere can increase resistance to any antimicrobial anywhere else. *Clin Infect Dis* 34 (Suppl 3):S78-S84
227. O'Handley RM, Olson ME, Fraser D, Adams P, Thompson RCA (2000) Prevalence and genotypic characterisation of *Giardia* in dairy calves from Western Australia and Western Canada. *Vet Parasitol* 90 (3):193-200
228. Oarkhurst DF, Craun GF, Soller JA (2007) Conceptual bases for relating illness risk to indicator concentrations. In: Wymer LJ (ed) *Statistical Framework for Recreational Water Quality Criteria and Monitoring. Statistics in Practice*. Wiley, England, pp 19-44. 234 pages
229. Ogden ID, Fenlon DR, Vinten AJA, Lewis D (2001) The fate of *Escherichia coli* O157 in soil and its potential to contaminate drinking water. *Int J Food Microbiol* 66 (1-2):111-117
230. Ogden NH, Barker IK, Beauchamp G, Brazeau S, Charron DF, Maarouf A, Morshed MG, O'Callaghan CJ, Thompson RA, Waltner-Toews D, Waltner-Toews M, Lindsay LR (2006) Investigation of ground level and remote-sensed data for habitat classification and prediction of survival of *Ixodes scapularis* in habitats of southeastern Canada. *J Med Entomol* 43 (2):403-414
231. Oguttu JW, Veary CM, Picard JA (2008) Antimicrobial drug resistance of *Escherichia coli* isolated from poultry abattoir workers at risk and broilers on antimicrobials. *J S Afr Vet Assoc* 79 (4):161-166

232. Oliver DM, Haygarth PM, Clegg CD, Heathwaite L (2006) Differential *E. coli* die-off patterns associated with agricultural matrices. *Environ Sci Technol* 40 (18):5710-5716
233. Oliver DM, Heathwaite L, Haygarth PM, Clegg CD (2005) Transfer of *Escherichia coli* to water from drained and undrained grassland after grazing. *J Environ Qual* 34 (3):918-925
234. Olivieri VP, Kawata K, Lim SH (1989) Microbiological impacts of storm sewer overflows: Some aspects of the implication of microbiological indicators for receiving waters. In: Ellis JB (ed) *Urban discharges and receiving water quality impacts*. Oxford, pp 47-54. 198 pages
235. Olson ME, Thorlakson CL, Deselliers L, Morck DW, McAllister TA (1997) *Giardia* and *Cryptosporidium* in Canadian Farm Animals. *Vet Parasitol* 68 (4):375-381
236. Olyphant GA (2005) Statistical basis for predicting the need for bacterially induced beach closures: Emergence of a paradigm? *Water Res* 39 (20):4953-4960
237. Olyphant GA, Whitman RL (2004) Elements of a predictive model for determining beach closures on a real time basis: The case of 63rd Street Beach Chicago. *Environ Monit Assess* 98 (1-3):175-190
238. Pacha RE, Clark GW, Williams EA, Carter AM, Scheffelmaier JJ, Debusschere P (1987) Small rodents and other mammals associated with mountain meadows as reservoirs of *Giardia* spp. and *Campylobacter* spp. *Appl Environ Microbiol* 53 (7):1574-1579
239. Payment P, Berte A, PrTvost M, B MT, Barbeau B (2000) Occurrence of pathogenic microorganisms in the Saint Lawrence River (Canada) and comparison of health risks for populations using it as their source of drinking water. *Can J Microbiol* 46 (6):565-576
240. Payment P, Gehr R (2004) Impact des la désinfection des eaux traitées de la station d'épuration de la Ville de Montréal sur la qualité des eaux à vocation récréative en aval du rejet. *Vecteur environnement* 37 (1):54-64

241. Payment P, Plante R, Cejka P (2001) Removal of indicator bacteria, human enteric viruses, *Giardia* cysts, and *Cryptosporidium* oocysts at a large wastewater primary treatment facility. *Can J Microbiol* 47 (3):188-193
242. Peak N, Knapp CW, Yang RK, Hanfelt MM, Smith MS, Aga DS, Graham DW (2007) Abundance of six tetracycline resistance genes in wastewater lagoons at cattle feedlots with different antibiotic use strategies. *Environ Microbiol* 9 (1):143-151
243. Perron GG, Quessy S, Letellier A, Bell G (2007) Genotypic diversity and antimicrobial resistance in asymptomatic *Salmonella enterica* serotype Typhimurium DT104. *Infect Genet Evol* 7 (2):223-228
244. Phillips I, Casewell M, Cox T, De Groot B, Friis C, Jones R, Nightingale C, Preston R, Waddell J (2004) Does the use of antibiotics in food animals pose a risk to human health? A critical review of published data. *J Antimicrob Chemother* 53 (1):28-52
245. Pilon J, Higgins R, Quessy S (2000) Epidemiological study of *Yersinia enterocolitica* in swine herds in Quebec. *Can Vet J-Rev Vet Can* 41 (5):383-387
246. Poirel L, Nordmann P (2006) Carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii*: mechanisms and epidemiology. *Clinical Microbiology and Infection* 12 (9):826-836.
247. Pond K (2005) Water recreation and disease, Plausibility of Associated Infections: Acute Effects, Sequelae and Mortality. *Emerging Issues in Water and Infectious Disease Series*. IWA Publishing, London. p.
248. Power ML, Littlefield-Wyer J, Gordon DM, Veal DA, Slade MB (2005) Phenotypic and genotypic characterization of encapsulated *Escherichia coli* isolated from blooms in two Australian lakes. *Environ Microbiol* 7 (5):631-640
249. Pruss A (1998) Review of epidemiological studies on health effects from exposure to recreational water. *Int J Epidemiol* 27 (1):1-9

250. Ramos MC, Quinton JN, Tyrrel SF (2006) Effects of cattle manure on erosion rates and runoff water pollution by faecal coliforms. *J Environ Manage* 78 (1):97-101
251. Research Council National (2006) Indicators for waterborne pathogens. The National Academies Press, Washington. 315 pages
252. Rinaldi L, Fusco G, Musella V, Veneziano V, Guarino A, Taddei R, Cringoli G (2005) *Neospora caninum* in pastured cattle: determination of climatic, environmental, farm management and individual animal risk factors using remote sensing and geographical information systems. *Vet Parasitol* 128 (3-4):219-230
253. Rodgers P, Soulsby C, Hunter C, Petry J (2003) Spatial and temporal bacterial quality of a lowland agricultural stream in northeast Scotland. *Sci Total Environ* 314-316:289-302
254. Rogers DJ, Randolph SE (2003) Studying the global distribution of infectious diseases using GIS and RS [Review]. *Nat Rev Microbiol* 1 (3):231-237
255. Roodsari RM, Shelton DR, Shirmohammadi A, Pachepsky YA, Sadeghi AM, Starr JL (2005) Fecal coliform transport as affected by surface condition. *Trans ASAE* 48 (3):1055-1061
256. Rose JB, Daeschner S, Easterling DR, Curriero FC, Lele S, Patz JA (2000) Climate and waterborne disease outbreaks. *J Am Water Work Assoc* 92 (9):77-87
257. Rosengren LB, Waldner CL, Reid-Smith RJ, Checkley SL, McFall ME, Rajic A (2008) Antimicrobial resistance of fecal *Salmonella* spp. isolated from all phases of pig production in 20 herds in Alberta and Saskatchewan. *Can J Vet Res-Rev Can Rech Vet* 72 (2 Special Issue SI):151-159
258. Roslev P, Bastholm S, Iversen N (2008) Relationship between fecal indicators in sediment and recreational waters in a Danish estuary. *Water Air Soil Pollut* 194 (1-4):13-21
259. Rossolini GM, Mantengoli E (2008) Antimicrobial resistance in Europe and its potential impact on empirical therapy. *Clin Microbiol Infect* 14 (Suppl 6):2-8

260. Royer A, Becker F, Gagnon P (2007) Trente-cinq ans d'observations spatiales de la terre: de la photographie à l'électromagnétométrie. *Téledétection* 7:65-88
261. Ruest N, Faubert GM, Couture Y (1998) Prevalence and Geographical Distribution of *Giardia* Spp. And *Cryptosporidium* Spp. In Dairy Farms in Quebec. *Can Vet J-Rev Vet Can* 39 (11):697-700
262. Rundquist BC, Henrie CJ, Grewe EJ (2006) Internet Access to Remotely Sensed Data: satellite Imaging Made Commonplace. *J Map Geogr Libr* 2 (2):21-30
263. Santé Canada. Recommandations au sujet de la qualité des eaux utilisées à des fins récréatives au Canada (1992) Groupe de travail fédéral-provincial-territorial sur la qualité des eaux à usage récréatif du comité consultatif fédéral-provincial-territorial sur la qualité et l'environnement
http://www.hc-sc.gc.ca/ewh-semt/pubs/water-eau/guide_water-1992-guide_eau/index-fra.php. Accessed Juin 2011
264. Santé Canada (2002) L'utilisation au Canada d'antimicrobiens chez les animaux destinés à l'alimentation : les conséquences pour la résistance et la santé humaine. Comité consultatif sur l'utilisation d'antimicrobiens chez les animaux et les conséquences pour la résistance et la santé humaine, Direction des médicaments vétérinaires, Santé Canada.
<http://www.bape.gouv.qc.ca/sections/mandats/prod-porcine/documents/SANTE25-1.pdf>. Accessed Janvier 2011
265. Santé Canada. Recommandations au sujet de la qualité des eaux utilisées à des fins récréatives au Canada (2009) Groupe de travail fédéral-provincial-territorial sur la qualité des eaux à usage récréatif du comité consultatif fédéral-provincial-territorial sur la qualité et l'environnement.
http://www.hc-sc.gc.ca/ewh-semt/consult/2009/water_rec-eau/draft-ebauche-fra.php. Accessed Juin 2011
266. Santo Domingo JW, Siefring SC, Haugland RA (2003) Real-time PCR method to detect *Enterococcus faecalis* in water. *Biotechnology Letters* 25 (3):261-265.

267. Sapkota AR, Curriero FC, Gibson KE, Schwab KJ (2007) Antibiotic-resistant *enterococci* and fecal indicators in surface water and groundwater impacted by a concentrated swine feeding operation. *Environ Health Perspect* 115 (7):1040-1045
268. Sartorius B, Andersson Y, Velicko I, De Jong B, Löfdahl M, Hedlund K-O, Allestam G, Wangsell C, Bergstedt O, Horal P, Ulleryd P, Soderstrom A (2007) Outbreak of norovirus in Västra Götaland associated with recreational activities at two lakes during August 2004. *Scand J Infect Dis* 39 (4):323-331.
269. Savichtcheva O, Okabe S (2006a) Alternative indicators of fecal pollution: Relations with pathogens and conventional indicators, current methodologies for direct pathogen monitoring and future application perspectives. *Water Res* 40 (13):2463-2476
270. Savichtcheva O, Okabe S (2006b) Alternative indicators of fecal pollution: Relations with pathogens and conventional indicators, current methodologies for direct pathogen monitoring and future application perspectives [Review]. *Water Res* 40 (13):2463-2476
272. Sawaya KE, Olmanson LG, Heinert NJ, Brezonik PL, Bauer ME (2003) Extending satellite remote sensing to local scales: land and water resource monitoring using high-resolution imagery. *Remote Sens Environ* 88 (1-2):144-156
273. Sayah RS, Kaneene JB, Johnson Y, Miller R (2005) Patterns of antimicrobial resistance observed in *Escherichia coli* isolates obtained from domestic- and wild-animal fecal samples, human septage, and surface water. *Appl Environ Microbiol* 71 (3):1394-1404
274. Schets FM, De Roda Husman AM, Havelaar AH (2011a) Disease outbreaks associated with untreated recreational water use. *Epidemiol Infect* 139:1114-1125

275. Schets FM, Schijven JF, Husman AMD (2011b) Exposure assessment for swimmers in bathing waters and swimming pools. *Water Res* 45 (7):2392-2400
276. Schmitt H, Stoob K, Hamscher G, Smit E, Seinen W (2006) Tetracyclines and tetracycline resistance in agricultural soils: Microcosm and field studies. *Microb Ecol* 51 (3):267-276
277. Schroder J (2005) Revisiting the agronomic benefits of manure: a correct assessment and exploitation of its fertilizer value spares the environment. *Bioresour Technol* 96 (2):253-261
278. Schroeder CM, Meng J, Zhao S, DebRoy C, Torcolini J, Zhao C, McDermott PF, Wagner DD, Walker RD, White DG (2002a) Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* O26, O103, O111, O128, and O145 from animals and humans. *Emerg Infect Dis* 8 (12):1409-1414
279. Schroeder CM, Zhao C, DebRoy C, Torcolini J, Zhao S, White DG, Wagner DD, McDermott PF, Walker RD, Meng J (2002b) Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* O157 isolated from humans, cattle, swine, and food. *Appl Environ Microbiol* 68 (2):576-581
280. Schwab KJ (2007) Are existing bacterial indicators adequate for determining recreational water illness in waters impacted by nonpoint pollution? *Epidemiology* 18 (1):21-22
281. Schwartz T, Kohnen W, Jansen B, Obst U (2003) Detection of antibiotic-resistant bacteria and their resistance genes in wastewater, surface water, and drinking water biofilms. *FEMS Microbiol Ecol* 43 (3):325-335
282. Scott TM, Rose JB, Jenkins TM, Farrah SR, Lukasik J (2002) Microbial source tracking: Current methodology and future directions [Review]. *Appl Environ Microbiol* 68 (12):5796-5803
283. Sengelov G, Agerso Y, Halling-Sorensen B, Baloda SB, Andersen JS, Jensen LB (2003) Bacterial antibiotic resistance levels in Danish farmland as a result of treatment with pig manure slurry. *Environ Int* 28 (7):587-595

284. Shuval h (2003) estimating the global burden of thalassogenic diseases: human infectious diseases caused by wastewater pollution of the marine environment. *J Water Health* 1 (2):53-64
285. Silbergeld EK, Graham J, Price LB (2008) Industrial food animal production, antimicrobial resistance, and human health. *Annu Rev Public Health* 29:151-169
286. Simpson VR (2002) Wild animals as reservoirs of infectious diseases in the UK. *Vet J* 163 (2):128-146.
287. Sinton LW, Braithwaite RR, Hall CH, Mackenzie ML (2007) Survival of indicator and pathogenic bacteria in bovine feces on pasture. *Appl Environ Microbiol* 73 (24):7917-7925
288. Sinton LW, Hall CH, Lynch PA, Davies-Colley RJ (2002) Sunlight inactivation of fecal indicator bacteria and bacteriophages from waste stabilization pond effluent in fresh and saline waters. *Appl Environ Microbiol* 68 (3):1122-1131
289. Smith A, Reacher M, Smerdon W, Adak GK, Nichols G, Chalmers RM (2006) Outbreaks of waterborne infectious intestinal disease in England and Wales, 1992-2003 [Review]. *Epidemiol Infect* 134 (6):1141-1149
290. Sobsey M. *Recreational Water Quality and Health* (2007) University of North Carolina.
http://www.unc.edu/courses/2007spring/envr/890/003/lectures/0320_lecture.ppt. Accessed February 2009
291. Soge OO, Meschke JS, No DB, Roberts MC (2009) Characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant coagulase-negative *Staphylococcus* spp. isolated from US West Coast public marine beaches. *J Antimicrob Chemother* 64 (6):1148-1155.
292. Soller JA, Schoen ME, Bartrand T, Ravenscroft JE, Ashbolt NJ (2010) Estimated human health risks from exposure to recreational waters impacted by human and non-human sources of faecal contamination. *Water Res* 44 (16 Special Issue SI):4674-4691

293. Somarelli JA, Makarewicz JC, Sia R, Simon R (2007) Wildlife identified as major source of *Escherichia coli* in agriculturally dominated watersheds by BOX A1R-derived genetic fingerprints. *J Environ Manage* 82 (1):60-65
294. Sorensen DL, Eberl SG, Dicksa RA (1989) *Clostridium perfringens* as a point source indicator in non-point polluted streams. *Water Res* 23:191-197
295. Sørensen TL, Blom M, Monnet DL, Frimodt-Møller N, Poulsen RL, Espersen F (2001) Transient Intestinal Carriage after Ingestion of Antibiotic-Resistant *Enterococcus faecium* from Chicken and Pork. *New Engl J Med* 345 (16):1161-1166.
296. Stevens DL, Ma YS, Salmi DB, McIndoo E, Wallace RJ, Bryant AE (2007) Impact of antibiotics on expression of virulence-associated exotoxin genes in methicillin-sensitive and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J Infec Dis* 195 (2):202-211
297. Sullivan TJ, Moore JA, Thomas DR, Mallery E, Snyder KU, Wustenberg M, Wustenberg J, Mackey SD, Moore DL (2007) Efficacy of vegetated buffers in preventing transport of fecal coliform bacteria from Pasturelands. *Environ Manage* 40 (6):958-965
298. Sunderland D, Graczyk TK, Tamang L, Breyse PN (2007) Impact of bathers on levels of *Cryptosporidium parvum* oocysts and *Giardia lamblia* cysts in recreational beach waters. *Water Res* 41 (15):3483-3489
299. Tennstedt T, Szczepanowski R, Braun S, Puhler A, Schluter A (2003) Occurrence of integron-associated resistance gene cassettes located on antibiotic resistance plasmids isolated from a wastewater treatment plant. *FEMS Microbiol Ecol* 45 (3):239-252
300. Tenover FC (2006) Mechanisms of antimicrobial resistance in bacteria. *Am J Med* 119 (6 Suppl 1):S3-10; discussion S62-70
301. Théberge B (2008) Le traitement des effluents urbains : Montréal poursuit ses efforts en épuration des eaux usées. *Vecteur environnement* 41 (2):16-18

302. Thurston-Enriquez JA, Gilley JE, Eghball B (2005) Microbial quality of runoff following land application of cattle manure and swine slurry. *J Water Health* 3 (2):157-171
303. Tong STY, chen W (2002) Modeling the relationship between land use and surface water quality. *J Environ Manage* 66:377-393
304. Top E, Mergeay M, Springael D, Verstraete W (1990) Gene escape model: transfer of heavy metal resistance genes from *Escherichia coli* to *Alcaligenes eutrophus* on agar plates and in soil samples. *Appl Environ Microbiol* 56 (8):2471-2479
305. Trevisan D, Vansteelant JY, Dorioz JM (2002) Survival and leaching of fecal bacteria after slurry spreading on mountain hay meadows: consequences for the management of water contamination risk. *Water Res* 36 (1):275-283
306. Tyrrel SF, Quinton JN (2003) Overland flow transport of pathogens from agricultural land receiving faecal wastes. *J Appl Microbiol* 94 (Suppl S):87S-93S
307. Union Européenne. Règlement (CE) No 1831/2003 du Parlement Européen et du Conseil du 22 septembre 2003 relatif aux additifs destinés à l'alimentation des animaux (2003) <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2003:268:0029:0043:FR:PDF>.
308. UNOOSA (2005) Space Solutions for the World's Problems. United Nations Office for Outer Space Affairs. Vienna, Austria.
309. USEPA (2004) Report to Congress. Impacts and Control of CSOs and SSOs. United States Environmental Protection Agency. Washington, D.C. 19 pages.
310. USEPA (2007) Report of the Experts Scientific Workshop on Critical Research Needs for the Development of New or Revised Recreational Water Quality Criteria. U.S. Environmental Protection Agency. Office of Water. Warrenton, VA.

311. Valcour JE, Michel P, McEwen SA, Wilson JB (2002) Associations between indicators of livestock farming intensity and incidence of human Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infection. *Emerg Infect Dis* 8 (3):252-257
312. van Asperen IA, Medema G, Borgdorff MW, Sprenger MJ, Havelaar AH (1998) Risk of gastroenteritis among triathletes in relation to faecal pollution of fresh waters. *Int J Epidemiol* 27 (2):309-315
313. Van Den Bogaard AE, Stobberingh EE (2000) Epidemiology of resistance to antibiotics. Links between animals and humans. *Int J Antimicrob Agents* 14 (4):327-335
314. Van Donkersgoed J, Bohaychuk V, Besser T, Song XM, Wagner B, Hancock D, Renter D, Dargatz D (2009) Occurrence of foodborne bacteria in Alberta feedlots. *Can Vet J-Rev Vet Can* 50 (2):166-172
315. Varela NP, Friendship RM, Dewey CE (2007) Prevalence of *Campylobacter* spp. isolated from grower-finisher pigs in Ontario. *Can Vet J Res* 48 (5):515-517
316. Varga C, Rajic A, McFall ME, Avery BP, Reid-Smith RJ, Deckert A, Checkley SL, McEwen SA (2008) Antimicrobial resistance in generic *Escherichia coli* isolated from swine fecal samples in 90 Alberta finishing farms. *Can J Vet Res* 72:175-180
317. Varma JK, Molbak K, Barrett TJ, Beebe JL, Jones TF, Rabatsky-Ehr T, Smith KE, Bugia DJ, Chang HH, Angulo FJ (2005) Antimicrobial-resistant nontyphoidal *Salmonella* is associated with excess bloodstream infections and hospitalizations. *Journal of Infectious Disease* 191 (4):554
318. Vernile A, Nabi A, Bonadonna L, Briancesco R, Massa S (2009) Occurrence of *Giardia* and *Cryptosporidium* in Italian water supplies. *Environmental Monitoring and Assessment* 152 (1):203-207
319. Vinten AJA, Douglas JT, Lewis DR, Aitken MN, Fenlon DR (2004) Relative risk of surface water pollution by *E. coli* derived from faeces of grazing animals compared to slurry application. *Soil Use Manage* 20 (1):13-22

320. Volkman H, Schwartz T, Bischoff P, Kirchen S, Obst U (2004) Detection of clinically relevant antibiotic-resistance genes in municipal wastewater using real-time PCR (TaqMan). *J Microbiol Methods* 56 (2):277-286
321. Wade TJ, Calderon RL, Brenner KP, Sams E, Beach M, Haugland R, Wymer L, Dufour AP (2008) High sensitivity of children to swimming-associated gastrointestinal illness - Results using a rapid assay of recreational water quality. *Epidemiology* 19 (3):375-383
322. Wade TJ, Calderon RL, Sams E, Beach M, Brenner KP, Williams AH, Dufour AP (2006) Rapidly measured indicators of recreational water quality are predictive of swimming-associated gastrointestinal illness. *Environ Health Perspect* 114 (1):24-28
323. Wade TJ, Pai N, Eisenberg JNS, Colford JM (2003) Do US Environmental Protection Agency water quality guidelines for recreational waters prevent gastrointestinal illness? A systematic review and meta-analysis. *Environ Health Perspect* 111 (8):1102-1109
324. Wallis P, Erlandsen S, Isaac-Renton J, Olson M, Robertson W, van Keulen H (1996) Prevalence of *Giardia* cysts and *Cryptosporidium* oocysts and characterization of *Giardia* spp. isolated from drinking water in Canada. *Appl Environ Microbiol* 62 (8):2789-2797
325. Warnemuende EA, Kanwar RS (2002) Effects of Swine manure Application on Bacterial Quality of Leachate from Intact Soil Columns. *American Society of Agricultural Engineers* 45 (6):1849-1857
326. Watanabe N, Harter TH, Bergamaschi BA (2008) Environmental occurrence and shallow ground water detection of the antibiotic monensin from dairy farms. *J Environ Qual* 37 (5 Suppl S):S78-S85
327. Whitman RL, Byers SE, Shively DA, Ferguson DM, Byappanahalli M (2005) Occurrence and growth characteristics of *Escherichia coli* and *enterococci* within the accumulated fluid of the northern pitcher plant (*Sarracenia purpurea* L.). *Can J Microbiol* 51 (12):1027-1037

328. Whitman RL, Nevers MB, Korinek GC, Byappanahalli MN (2004) Solar and temporal effects on *Escherichia coli* concentration at a Lake Michigan swimming beach. *Appl Environ Microbiol* 70 (7):4276-4285
329. WHO (2002) Future trends in veterinary public health. World Health Organization. WHO Technical Report. Teramo, Italy.
http://whqlibdoc.who.int/trs/WHO_TRS_907.pdf. Accessed Mai 2011
330. WHO (2003) Guidelines for safe recreational water environments. Coastal and fresh waters. World Health Organization. Geneva, Switzerland.
331. Wiedenmann A, Kruger P, Dietz K, Lopez-Pila JM, Szewzyk R, Botzenhart K (2006) A randomized controlled trial assessing infectious disease risks from bathing in fresh recreational waters in relation to the concentration of *Escherichia coli*, intestinal *Enterococci*, *Clostridium perfringens* and somatic coliphages. *Environ Health Perspect* 114 (2):228-236
332. Winfield MD, Groisman EA (2003) Role of nonhost environments in the lifestyles of *Salmonella* and *Escherichia coli* [Review]. *Appl Environ Microbiol* 69 (7):3687-3694
333. Winokur PL, Vonstein DL, Hoffman LJ, Uhlenhopp EK, Doern GV (2001) Evidence for transfer of CMY-2 AmpC beta-lactamase plasmids between *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from food animals and humans. *Antimicrob Agents Chemother* 45 (10):2716-2722
334. Withers PJA, Jarvie HP, Hodgkinson RA, Palmer-Felgate EJ, Bates A, Neal M, Howells R, Withers CM, Wickham HD (2009) Characterization of Phosphorus Sources in Rural Watersheds. *J Environ Qual* 38 (5):1998-2011
335. Wong M, Kumar L, Jenkins TM, Xagorarakis I, Phanikumar MS, Rose JB (2009) Evaluation of public health risks at recreational beaches in Lake Michigan via detection of enteric viruses and a human-specific bacteriological marker. *Water Res* 43 (4):1137-1149
336. Ye L, Qing-hua C, Rui-qiu L, Cao M (2009) The influence of topography and land use on water quality of Xiangxi River in Three Gorges Reservoir region. *Environ Geol* 58:937-942

337. Yoder J, Hlavsa MC, Craun GF, Hill V, Roberts V, Yu PA, Hicks LA, Alexander NT, Calderon RL, Roy SL, Beach MJ, CDC (2008) Surveillance for waterborne disease and outbreaks associated with recreational water use and other aquatic facility-associated health events--United States, 2005-2006. *MMWR Surveill Summ* 57 (9):1-29
338. Young KD, Thackston EL (1999) Housing Density and Bacterial Loading Urban Streams. *J Environ Eng* 125 (12):1177-1180
339. Zhang Y, Guindon B, Sun K, Sun L. Remote sensing for improving understanding on Canadian urbanization (2010) Canada Centre for Remote Sensing. Natural Resources Canada.
http://www.ccrs.nrcan.gc.ca/optical/curlus_e.php. Accessed May, 2011

Appendices

**Annexe 1. Section 3 et 4 extraites du Guide d'application du programme
Environnement-Plage 2006.**

GUIDE D'APPLICATION DU
PROGRAMME ENVIRONNEMENT-PLAGE

26 mai 2006

*Développement durable,
Environnement
et Parcs*

Québec 

GUIDE D'APPLICATION DU PROGRAMME ENVIRONNEMENT-PLAGE

La première édition, en 1994, du Guide d'application du programme Environnement-Plage est le résultat d'un travail d'équipe sous la direction de M. Serge Cloutier et la coordination de M. Jean-Yves Roy, tous deux de la Direction des services à la clientèle. Les premiers collaborateurs sont :

M. Didier Bicchi, Direction de la coordination de l'expertise technique
M. Denis Brouillette, Direction des écosystèmes aquatiques
M. Rock Gadreau, Direction des communications et du marketing
M^{me} Agnès Godin, Direction de la qualité des services à la clientèle
M. Gill Gosselin, Direction de la qualité des services à la clientèle
M. Claude Labrosse, Direction régionale de Laval-Laurentides
M. Pierre Mélançon, Direction régionale du Saguenay-Lac-Saint-Jean
M^{me} Diane Migneault, Direction des communications et du marketing
M. Yvon Gagnon, Direction générale de la coordination opérationnelle
M^{me} Claudine Fournier, Direction de la coordination opérationnelle
M. Pierre Bellefleur, Direction régionale de Québec

Depuis ce temps, d'autres collaborateurs ont contribué à l'actualisation de ce guide.

Ce sont :

M. Daniel Veillette, Direction de la coordination opérationnelle
M. Pierre Tremblay, Direction régionale du Saguenay-Lac-Saint-Jean
M^{me} Isabelle Rousseau-Caron, Direction régionale des Laurentides
M^{me} Élisabeth Lessard, Direction de la coordination opérationnelle
M^{me} Marjorie Groulx-Tellier, Direction de la Montérégie
M. Jean Morneau, Direction de la coordination opérationnelle

3. ÉCHANTILLONNAGE D'UNE PLAGES

Sous réserve des conditions climatiques régionales, la période d'échantillonnage s'étend habituellement de la mi-juin à la mi-août de chaque année.

3.1 Détermination des fréquences d'échantillonnage

Afin de cibler les plages présentant le plus de risques pour la santé, le choix des plages et la fréquence d'échantillonnage s'appuient principalement sur les résultats d'analyse de la dernière année où cette plage a été échantillonnée. Ainsi, les plages ayant obtenu une cote B (bonne) seront échantillonnées au moins trois fois. Celles ayant obtenu une cote C (passable) ou D (polluée), de même que les plages chlorées et les nouvelles plages, le seront au moins cinq fois.

Par ailleurs, 50 % des plages ayant obtenu une cote A (excellente) seront échantillonnées au moins une fois cette année. Ainsi, sur une période de deux ans, le Ministère assure la surveillance de la qualité bactériologique des eaux de baignade de l'ensemble des plages réputées excellentes tandis que les autres catégories de plages sont échantillonnées annuellement.

Le tableau suivant résume la fréquence d'échantillonnage retenue pour le programme Environnement-Plage.

CATÉGORIE DE PLAGES	FRÉQUENCE D'ÉCHANTILLONNAGE ANNUELLE
Classe A	1 fois
Classe B	3 fois
Classe C	5 fois
Classe D	5 fois
Nouvelle plage	5 fois
Plage chlorée	5 fois

En ce qui a trait aux plages les plus fréquentées, les directions régionales devront juger de la pertinence de procéder à d'autres vérifications si le besoin se fait sentir.

Enfin, il est important de débiter la saison d'échantillonnage par les plages problématiques ainsi que par celles nécessitant plus d'une visite afin d'établir dans les meilleurs délais la qualité bactériologique de l'eau de ces plages.

3.2 Méthodologie d'échantillonnage

La vérification de la qualité bactériologique des eaux de baignade est assurée par le prélèvement d'échantillons sur toute la longueur de la plage et par le dénombrement de bactéries, les coliformes d'origine fécale dans les échantillons d'eau douce et les entérocoques en milieu marin.

3.2.1 Nombre d'échantillons

Chaque plage est divisée en stations de prélèvement qui sont localisées selon la longueur de la plage.

Le nombre de stations d'échantillonnage est déterminé comme suit :

LONGUEUR DE LA PLAGE (mètres)	NOMBRE DE STATIONS
0 - 60	6
61 - 120	8
121 - 180	10
181 - 240	12
241 - 300	14
301 - 360	16
361 - 420	18
421 - 480	20
481 - 540	22
541 - 600	24
601 - 660	26
661 - 720	28
721 et plus	30

Le nombre d'échantillons à prélever est toujours égal au nombre de stations d'échantillonnage prévu.

3.2.2 Plan d'échantillonnage

Chaque plage est divisée en stations de prélèvement qui sont localisées selon la longueur de la plage. Ces stations sont définies comme étant des lignes perpendiculaires à la plage et déterminées par rapport à un point de repère fixe aux abords immédiats de la plage.

La distance entre chaque station sera déterminée en divisant la longueur de la plage par le nombre de stations déterminé selon le tableau précédent.

Exemple :

Pour une plage de 80 mètres, 8 échantillons doivent être prélevés et la distance entre les stations d'échantillonnage devrait être de 10 mètres.

$$\frac{\text{Longueur de la plage}}{\text{Nombre de stations}} = \text{Distance entre les stations}$$

$$\frac{80 \text{ mètres}}{8 \text{ stations}} = 10 \text{ mètres}$$

Les échantillons doivent toujours être pris à l'intérieur des limites de l'aire de baignade. Pour éviter que le dernier échantillon soit prélevé à la limite de l'aire de baignade, le premier prélèvement se fait à la moitié de la distance entre deux stations. Ainsi, le premier échantillon sera prélevé à 5 mètres des bouées et le dernier échantillon également.

L'échantillonnage doit toujours débuter à l'extrémité droite de l'aire de baignade.

Un exemple détaillé est présenté à la page suivante.

Pour chaque station d'échantillonnage, il y a trois niveaux d'échantillonnage possibles situés à des profondeurs différentes :

- niveau A : 0,3 mètre
- niveau B : 0,7 mètre
- niveau C : 1,2 mètre

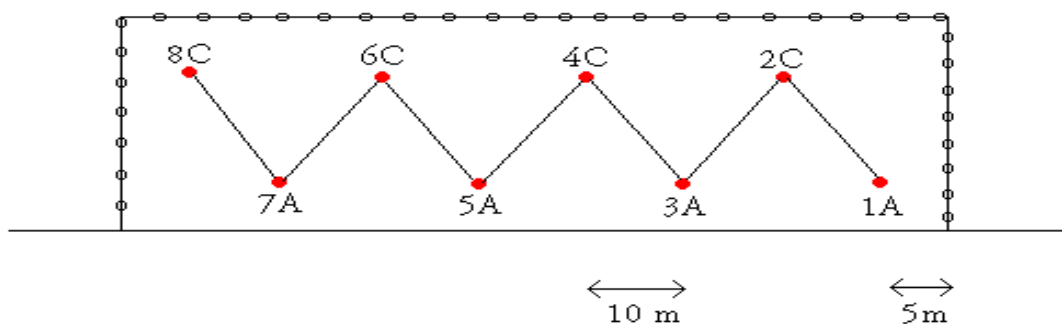
Il existe deux types de plages : linéaire ou circulaire.

Le niveau d'échantillonnage dépend du type de plage et de la profondeur utilisée pour la baignade.

Pour une plage linéaire ayant une profondeur supérieure à 1,2 mètre

L'échantillonnage se fait selon la méthode du « W », c'est-à-dire en alternance de niveau à chaque station.

Un échantillon doit être prélevé, à la station 1, à l'endroit où la profondeur de l'eau atteint 0,3 mètre (1A) et à la station 2, un échantillon doit être prélevé là où la

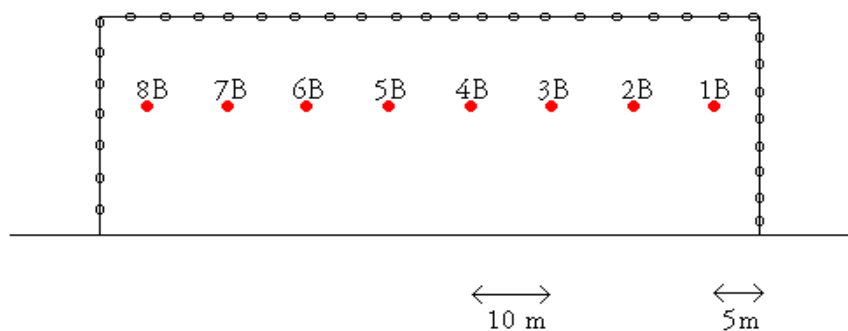


profondeur atteint 1,2 mètre (2C). On procède ainsi alternativement d'un niveau à l'autre, tel que représenté dans l'exemple qui suit :

Le premier échantillon doit toujours se situer au point 1A. Donc, sur le niveau A, on aura toujours les numéros de stations impairs et les numéros pairs sur le niveau C.

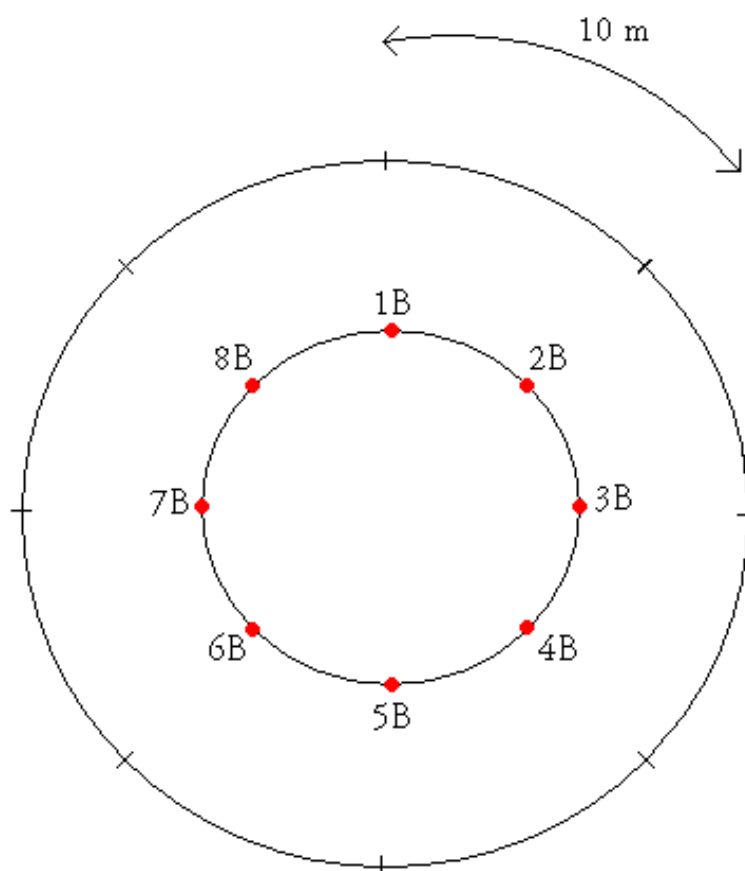
Pour une plage linéaire ayant une profondeur inférieure à 1,2 mètre

Un échantillon doit être prélevé à chaque station à l'endroit où la profondeur de l'eau atteint 0,7 mètre (niveau B). L'échantillonnage ne se fait plus selon la méthode en W, mais de façon linéaire, comme dans l'exemple suivant :



Pour une plage circulaire sans égard à la profondeur :

Un échantillon doit être prélevé à chaque station à l'endroit même où la profondeur de l'eau atteint 0,7 mètre (niveau B). Les stations d'échantillonnage doivent couvrir toute la circonférence du lac. Il faut toujours s'assurer de débiter l'échantillonnage au même endroit d'année en année.



L'échantillonnage doit se faire dans le sens des aiguilles d'une montre.

3.2.3. Méthode d'échantillonnage

Toutes les bouteilles utilisées pour l'échantillonnage sont stérilisées et contiennent une petite quantité de thiosulfate de sodium, un agent de préservation qui permet de neutraliser l'effet du chlore (un produit désinfectant utilisé par certains exploitants).

Les bouteilles sont fabriquées en polypropylène et de capacité volumétrique de 250 ml. Celles-ci sont fournies par les laboratoires engagés pour effectuer les analyses. L'envoi et le retour d'échantillons doivent se faire selon un protocole décrit à la section 3.3 du présent document.

La personne qui fait le prélèvement se rend au point d'échantillonnage en évitant de remettre en suspension les sédiments. Elle effectue ensuite le prélèvement dos à la rive. Le bouchon ne doit être dévissé qu'au moment du prélèvement en évitant de le contaminer. La bouteille doit être immergée à une profondeur d'environ 15 cm sous la surface de l'eau. La bouteille doit être remplie jusqu'à l'épaule, laissant ainsi un espace d'air permettant aux employés du laboratoire de brasser l'échantillon avant de procéder à la filtration des échantillons. Si la bouteille n'est pas suffisamment remplie, il deviendra impossible pour les employés du laboratoire de procéder aux analyses nécessaires. Le bouchon de la bouteille doit être remis immédiatement après le prélèvement.

3.2.4 Identification et conservation des échantillons

1. Avant de procéder à l'échantillonnage, identifier les bouteilles nécessaires à l'échantillonnage en inscrivant le numéro de la bouteille (1A, 2C...) avec un crayon à encre indélébile sur un bout de ruban masquant.
2. Mettre les bouteilles d'une plage dans un même sac (par exemple, un sac de poubelle blanc). Identifier ce sac en inscrivant les noms de la plage et de la municipalité sur un bout de ruban masquant qui sera collé sur le sac. Refermer le sac avec une attache.
3. Déposer les sacs dans la glacière.
4. Déposer des réfrigérants dans la glacière afin de maintenir les échantillons à basse température (environ 4 °C) et à l'abri de la lumière.
5. Apporter quelques bouteilles en surplus qui seront laissées dans la glacière.

6. Après l'échantillonnage d'une plage, les échantillons doivent être réfrigérés le plus tôt possible.

3.2.5 Liste du matériel requis pour l'échantillonnage

Le responsable du laboratoire transmettra à chacune des directions régionales les contenants stérilisés et traités au thiosulfate de sodium quelques jours avant le début de chaque semaine d'échantillonnage. De plus, la direction régionale doit fournir au personnel saisonnier le matériel suivant :

- glacière;
- réfrigérant;
- bottes-culottes;
- veste de flottaison;
- sac en bandoulière ou sac à dos;
- bouteilles;
- ruban masquant;
- rapport d'échantillonnage;
- crayon à encre indélébile;
- crayon à bille;
- roue à mesurer;
- sacs de poubelle blancs et attaches;
- carte routière;
- Guide d'application du programme Environnement-Plage;
- panneaux d'affichage;
- une calculatrice;
- appareil photo;
- appareil GPS.

3.3 Retour des échantillons au laboratoire

La durée maximale de conservation des échantillons prélevés pour l'obtention d'échantillons représentatifs est de 24 heures. Les échantillons doivent être acheminés au labo le plus tôt possible après la journée d'échantillonnage ou le lendemain matin. La durée maximale de conservation des échantillons est de 48 heures à 4 °C et à l'abri de la lumière. Dans le cadre du programme Environnement-

Plage, on vise à obtenir les résultats d'analyse le lendemain de l'échantillonnage. Par conséquent, le délai entre le prélèvement et le début de l'analyse des échantillons ne doit pas dépassé 24 heures.

L'heure du prélèvement doit être inscrite sur le rapport d'échantillonnage afin d'éviter que ce délai ne soit dépassé.

Le rapport d'échantillonnage pour chaque plage échantillonnée doit être apporté au laboratoire en même temps que les échantillons. Il doit être lisible, complet et ne doit pas subir de détérioration au cours du transport.

Afin d'obtenir les résultats d'analyse le vendredi avant 15h00, les échantillons prélevés devront être reçus au laboratoire au plus tard le jeudi midi pour les plages en milieu d'eau douce et le mercredi midi pour les plages en milieu d'eau marin.

Avant de procéder à toute prise d'échantillons pour déterminer la qualité bactériologique des eaux de baignade, le personnel saisonnier doit s'identifier auprès de l'exploitant de la plage et lui expliquer le but de sa visite.

Dans l'éventualité où un exploitant refuse au personnel saisonnier la permission de procéder à un échantillonnage, le personnel saisonnier ne doit pas insister, demeurer calme et poli et quitter les lieux pour communiquer avec le responsable régional du programme.

Les articles 119 et 120 de la Loi sur la qualité de l'environnement, concernant le droit de visite pour effectuer des analyses, ne s'appliquent pas au personnel saisonnier. Dans une telle situation, les prélèvements ne pourront être faits que par le personnel autorisé du ministère du Développement durable, de l'Environnement et des Parcs

Dans tous les cas, le personnel saisonnier n'est pas autorisé à divulguer les résultats d'analyse des plages au public tant que ceux-ci n'ont pas été transmis à l'exploitant. Le respect de cette consigne est particulièrement important lors de la reprise d'échantillonnage.

Il est important de souligner que le personnel saisonnier n'est pas mandaté pour répondre aux questions des médias d'information. Ce mandat relève du responsable régional des communications.

4. CLASSIFICATION DES PLAGES PUBLIQUES

4.1 Plages en milieu d'eau douce

Les résultats fournis par les laboratoires devront être exprimés en nombre de coliformes fécaux par 100 ml et la méthode analytique utilisée devra être telle que spécifiée dans le «Standard Methods of the Examination of Water and Wastewater», 16^e éd., 1985, p. 896, méthode 909 C ou dans le Guide d'évaluation de la qualité bactériologique de l'eau potable – méthodologie de laboratoire, MEF, Direction des laboratoires, fév. 1981.

La présence de coliformes fécaux permet la classification suivante :

Moyenne géométrique des coliformes fécaux/100 ml	Qualité de l'échantillon prélevé
0 à 20	A- Excellente
21 à 100	B- Bonne
101 à 200	C- Passable
201 et plus ou si plus de 10 % des échantillons d'un prélèvement sont supérieurs à 400. Note : S'il y a moins de 10 échantillons par prélèvement, on exige deux échantillons supérieurs à 400 au lieu d'appliquer la règle du 10 %.	D- Polluée

4.2 Plages en milieu marin

Le milieu marin est l'ensemble des eaux ayant une salinité égale ou supérieure à dix parties par mille, ce qui correspond aux secteurs du fleuve Saint-Laurent situés en

aval de la limite de Saint-Jean-Port-Joli (MRC de l'Islet) et de Petite-Rivière-Saint-François (MRC de Charlevoix).

En milieu marin, les entérocoques sont considérés comme les meilleurs indicateurs de risque pour la santé humaine. La classification sera donc basée sur le nombre d'entérocoques par 100 ml. La méthode analytique employée sera celle qui est décrite dans le rapport EPA-600/4-85/076, Test Methods for *Escherichia Coli* and *Enterococci* Water by Membrane Filter Procedure.

La présence d'entérocoques permet la classification suivante :

Moyenne géométrique des entérocoques/100 ml	Qualité de l'échantillon prélevé
0 - 5	A - Excellente
6 - 20	B - Bonne
21 - 35	C - Passable
36 et plus	D - Polluée

Annexe 2. Tableaux descriptifs des données des eaux récréatives du Québec méridional situées aux abords d'un lac et ayant participé au programme Environnement-Plage pour la période d'étude (2004 à 2010)

Tableau XV. Tableau récapitulatif des eaux récréatives ayant participé au programme Environnement-Plage pour la période d'étude

Années	Nb Échantillons	Nb plages	Plages A (%)	Plages B (%)	Plages C (%)	Plages D (%)
2004	701	250	192 (77)	46 (19)	6 (2)	7 (2)
2005	650	225	162 (72)	52 (23)	6 (4)	5 (1)
2006	544	263	187 (71)	67 (25)	8 (3)	1 (< 1)
2007	538	261	196 (75)	59 (23)	6 (2)	0
2008	461	226	173 (76)	48 (21)	4 (2)	1 (< 1)
2009	433	208	153 (74)	48 (23)	5 (2)	2 (1)
2010	466	220	158 (72)	50 (23)	8 (4)	4 (2)

Tableau XVI. Données descriptives des eaux récréatives incluses dans le troisième article

Données	Plages A	Plages B-C-D
Nombre de plages	232	57
Moyenne d'échantillons /plage	10	15
Minimum d'échantillons /plage	5	12
Maximum d'échantillons /plage	16	20
Nombre d'années échantillonnées en moyenne	5	5
Nombre d'années échantillonnées au minimum	3	3
Nombre d'années échantillonnées au maximum	7	7
Moyenne géométrique des coliformes fécaux pour les années d'étude pour toutes les plages du groupe	6,2	54,6
Minimum moyen de coliformes fécaux pour les années d'études pour toutes les plages du groupe	0	21,2
Maximum moyen de coliformes fécaux pour les années d'études pour toutes les plages du groupe	19,5	200

82 % des eaux récréatives conservent la même côte pour toutes les années pour lesquelles elles ont été échantillonnées durant la période d'étude.

88 % des eaux récréatives demeurent dans la même catégorie (A vs B-C-D) pour toutes les années pour lesquelles elles ont été échantillonnées durant la période d'étude.

Tableau XVII. Données descriptives des eaux récréatives incluses dans le quatrième article

Données	Plages A	Plages B-C-D
Nombre de plages	51	27
Moyenne d'échantillons /plage	8	13
Minimum d'échantillons /plage	5	12
Maximum d'échantillons /plage	12	15
Nombre d'années échantillonnées en moyenne	5	5
Nombre d'années échantillonnées au minimum	3	3
Nombre d'années échantillonnées au maximum	7	7
Moyenne géométrique des coliformes fécaux pour les années d'étude pour toutes les plages du groupe	9	64,3
Minimum moyen de coliformes fécaux pour les années d'études pour toutes les plages du groupe	2,4	22,3
Maximum moyen de coliformes fécaux pour les années d'études pour toutes les plages du groupe	19,3	200

80 % des eaux récréatives conservent la même côte pour toutes les années pour lesquelles elles ont été échantillonnées durant la période d'étude.

85 % des eaux récréatives demeurent dans la même catégorie (A vs B-C-D) pour toutes les années pour lesquelles elles ont été échantillonnées durant la période d'étude.

Annexe 3. Comparaison entre deux modèles de régression construits à l'aide de variables issues de différentes sources de données

Objectif

L'objectif de cette section était de comparer deux modèles de régression logistique mettant en relation le niveau de coliformes fécaux des plages à l'étude avec des variables représentant des caractéristiques agroenvironnementales du territoire proximal de ces plages et calculées à partir de deux sources de données différentes, soient des données issues de processus de recensement et des données issues de la télédétection.

Méthodologie

Les plages à l'étude pour cette section ($n=78$) étaient les plages incluses dans le quatrième chapitre de la présente thèse. Ces plages étaient situées dans trois bassins versants, soient ceux des rivières Yamaska, Saint-François et l'Assomption. Pour chacun des deux modèles, la variable dépendante se référait à la moyenne géométrique des coliformes fécaux de tous les échantillons pris sur les plages entre les années 2004 et 2010 inclusivement. À partir de cette moyenne, les plages ont été séparées en deux groupes, selon les normes de classification du Programme Environnement-Plage. Le premier groupe était donc constitué des plages ayant une moyenne géométrique ≤ 20 ufc/100 ml (groupe A) et le deuxième groupe était constitué des plages avec une moyenne géométrique > 20 ufc/ 100 ml, (groupes B, C et D). Parmi les 78 plages à l'étude, 27 ont été classé dans le groupe A et 51 dans les autres groupes. Les variables représentant les déterminants agroenvironnementaux associés à la contamination fécale des eaux récréatives à l'étude étaient issues des troisième et quatrième chapitres de la présente thèse et englobaient des variables associées à l'occupation/utilisation du territoire ainsi qu'à des caractéristiques géohydrologiques (Tableau XVIII et Tableau XIX). Les variables du modèle 1 ont été construites principalement à partir de données de recensement,

tandis que pour le modèle 2, les variables ont été construites principalement à partir de données provenant d'imagerie satellitaire. Selon les résultats du chapitre trois, les variables pour les deux modèles ont été extraites pour une zone d'influence prédéterminée selon le bassin versant du lac associé et un rayon maximum de deux kilomètres. Bien vouloir se référer aux chapitres trois et quatre pour des descriptions détaillées des variables de chaque modèle ainsi que la méthode de calcul des zones d'influence.

Tableau XVIII. Résumé des déterminants agroenvironnementaux inclus dans les analyses univariées préalables au modèle final 1

Abbréviation	Nom complet	Définition
Po	Élevages porcins dans la zone d'influence (ZI)	Absence ou présence
Ru	Élevages de ruminants dans la ZI	Absence ou présence
Crop	Terres en culture dans la ZI	Absence ou présence
Urbain	Zone urbaine	La plus grande partie de la ZI dans une zone urbaine ou rurale
UTEU	Usine de traitement des eaux usées	Absence ou présence à une distance de 2 km en amont
IT	Indice topographique	Valeur de l'indice topographique à l'emplacement de la plage
ZR	Zone de rusticité	Zone couvrant la plus grande partie de la ZI
Affluents	Affluents	Nombre d'affluents du lac
Superficie	Superficie du lac	Superficie du lac en km ²

Tableau XIX. Résumé des déterminants agroenvironnementaux inclus dans les analyses univariées préalables au modèle final 2

Abbréviation	Nom complet	Définition
% Agri	Terres agricoles	Proportion en terres agricoles dans la zone d'influence (ZI)
% Forêt	Forêt	Proportion en forêt dans la ZI
% MH	Milieus humides	Proportion en milieux humides dans la ZI
% Imp	Surfaces imperméables	Proportion en surfaces imperméables dans la ZI
IT	Indice topographique	Valeur de l'indice topographique à l'emplacement de la plage
ZR	Zone de rusticité	Zone couvrant la plus grande partie de la ZI
Affluents	Affluents	Nombre d'affluents du lac
Superficie	Superficie du lac	Superficie du lac en km ²

Analyses statistiques

Pour chacun des modèles, des analyses univariées ont d'abord été exécutées à l'aide de modèles de régression logistique. Les variables obtenant une valeur de $p \leq 0.20$ (Test de Wald), ont été conservées pour les modèles de régression logistique multivariés finaux. Différents paramètres ont par la suite été analysés pour la comparaison entre les deux modèles. Dans un premier temps, les courbes de caractéristiques de fonctionnement du récepteur (*Receiver Operating Characteristic – ROC curve*) des deux modèles ont été comparées statistiquement et visuellement et des tests d'Hosmer-Lemeshow pour l'ajustement des modèles ont été calculés et comparés. De plus, des analyses permettant d'évaluer les associations et le niveau de corrélation entre les variables des deux modèles ont été effectuées (Test de Fisher exact et coefficient de Spearman).

Résultats

Les tableaux XVII et XVIII résument les résultats des deux modèles finaux.

Tableau XX. Déterminants inclus dans le modèle 1 de régression logistique multivarié

Variable	RC	IC 95 %	<i>p</i> (Test de Wald)
Ru	5.55	1.14 ; 26.93	0.033
Urbain	12.38	2.21 ; 69.51	0.004
IT	1.41	0.93 ; 2.14	0.103

Tableau XXI. Déterminants inclus dans le modèle 2 de régression logistique multivarié

Variable	RC	IC 95 %	<i>p</i> (Test de Wald)
% Agri	10.97	2.18 ; 55.11	0.004
% Forêt	0.41	0.09 ; 1.70	0.220
% MH	2.88	0.63 ; 13.31	0.171
% Imp	5.23	1.22 ; 22.41	0.026
IT	3.85	0.75 ; 5.61	0.089

Les résultats des deux modèles indiquent que deux principaux déterminants agroenvironnementaux ont une influence sur le niveau de coliformes fécaux des plages à l'étude. Tout d'abord, on note une association statistiquement significative avec le milieu agricole au niveau des deux modèles. Dans le modèle 1, cette association était exprimée par la variable représentant la présence/absence d'élevages de ruminants dans la zone d'influence. Dans le modèle 2, cette association était représentée par la variable correspondant à la proportion de terres agricoles dans la zone d'influence. De plus, les deux modèles font ressortir une association statistiquement significative entre des variables représentant le milieu urbain et le niveau de coliformes fécaux des plages. Dans le modèle 1, la variable zone urbaine représentait l'influence des activités humaines, tandis que pour le modèle 2, ces

activités étaient représentées par la variable associée à la proportion des surfaces imperméables dans la zone d'influence.

Les résultats des tests d'Hosmer-Lemeshow démontrent que les deux modèles ajustent bien les données (modèle 1 : $p=0.19$; modèle 2 : $p=0.55$). Par contre, selon ces statistiques, le modèle 2 fournirait un meilleur ajustement. La Figure 10 présente les courbes ROC des deux modèles et les aires sous la courbe correspondantes. Bien que les aires sous la courbe ne sont pas significativement différentes, statistiquement parlant ($p=0.14$), la courbe du modèle 2 semble indiquer un meilleur pouvoir discriminant entre les deux catégories de plages à l'étude. En effet, cette courbe se rapproche davantage du coin supérieur gauche du graphique, ce qui implique que le modèle peut atteindre un meilleur niveau de sensibilité/spécificité.

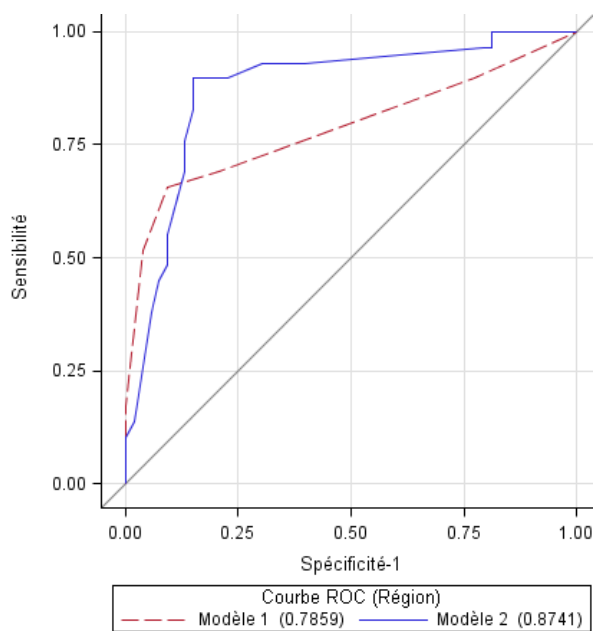


Figure 10. Courbes ROC des deux modèles et les ASC (régions) associées

Les Tableau XXII et XX présentent les tables de contingence des variables agricoles et urbaines classifiées incluses dans les deux modèles et les valeurs de p

correspondantes aux tests de Fisher exact associés. Le Tableau XXIV présente quant à lui les coefficients de corrélation calculés entre les données continues relatives à ces variables.

Tableau XXII. Table de contingence des variables agricoles des deux modèles

		Terres agricoles (%Agri)		
		Bas	Élevé	Total
Production de ruminants (Ru)	Absence	41	14	55
	Présence	1	22	23
	Total	42	36	78

Test de Fisher exact $p < 0.0001$

Tableau XXIII. Table de contingence des variables urbaines des deux modèles

		Surfaces imperméables (%Imp)		
		Bas	Élevé	Total
Zone urbaine (Urbain)	Rurale	58	8	66
	Urbaine	1	11	12
	Total	59	19	78

Test de Fisher exact $p < 0.0001$

Tableau XXIV. Coefficients de corrélation de Spearman entre les données continues relatives aux variables des deux modèles

Variables	Coefficient de Spearman
% Agri vs Densité de ruminants dans la ZI (animal/km ²)	0.66
% Imp vs Densité de population dans la ZI (humain/km ²)	0.77

Ces résultats indiquent qu'il existe de bonnes associations entre les paires de variables destinées à fournir de l'information sur les mêmes influences. Toutefois, il ressort que les variables calculées à partir de données de télédétection (modèle 2) comptent plus de plages dans les catégories élevées que les variables calculées à partir de données de recensement (modèle 1) et apparaissent plus inclusives.