



ÉVALUATION DES ORGANISMES PATHOGÈNES DANS UNE SOURCE D'EAU POTABLE :
ÉTUDES RÉALISÉES DANS LE BASSIN VERSANT DE LA RIVIÈRE GRAND

PETER M. HUCK, UNIVERSITÉ DE WATERLOO

Recherche réalisée de 2001 à 2004; 2005 à 2007; 2008 à 2009



Réseau
canadien
de l'eau

ÉVALUATION DES ORGANISMES PATHOGÈNES DANS UNE SOURCE D'EAU POTABLE : ÉTUDES RÉALISÉES DANS LE BASSIN VERSANT DE LA RIVIÈRE GRAND

PETER M. HUCK, UNIVERSITÉ DE WATERLOO
Recherche réalisée de 2001 à 2004; 2005 à 2007; 2008
à 2009

POURQUOI AVONS- NOUS RÉALISÉ CETTE RECHERCHE?

Les bassins versants sont une source importante d'eau potable. Il est essentiel de disposer d'informations détaillées sur la qualité de l'eau pour une conception robuste des installations de traitement permettant de s'assurer que les systèmes d'eau potable sont en mesure d'éliminer avec efficacité les organismes pathogènes, qu'ils soient en concentrations moyennes ou de pointe. Les sources d'organismes pathogènes dans le bassin versant sont les matières fécales humaines ou animales. Il peut être utile de comprendre l'origine et les contributions relatives de la charge fécale pour identifier et gérer les sources de contamination et pour déterminer des initiatives de protection des sources d'approvisionnement en eau et en faire la surveillance. Puisque les concentrations de pathogènes peuvent fluctuer considérablement dans les cours d'eau, il importe d'obtenir des données sur une longue période de temps et au cours des changements saisonniers.

À l'heure actuelle, il peut s'avérer complexe et coûteux de mesurer la présence de pathogènes, bien que les méthodes pour détecter divers types de pathogènes s'améliorent encore grâce aux innovations en recherche. Il est important de recourir aux méthodes les plus à jour pour mesurer les concentrations de pathogènes afin de produire des résultats précis. Il est également important d'améliorer les méthodes de détection des pathogènes, puisque les méthodes actuelles sont loin d'être parfaites.

Trois projets de recherche connexes ont été réalisés sur une période de sept ans (de 2002 à 2009) dans le bassin versant de la rivière Grand, situé dans le sud de l'Ontario. Trois usines de traitement dans ce bassin versant fournissent de l'eau potable à la région de Waterloo, à la ville de Brantford et aux Six Nations de la rivière Grand. L'état de cette rivière est influencé par l'agriculture, les eaux usées traitées et la faune, et le débit et la qualité de l'eau peuvent changer rapidement en réaction aux événements hydrologiques. La population urbaine dans le bassin versant s'est accrue rapidement ces dernières années et cette augmentation se poursuivra. Il sera donc important d'évaluer la qualité de l'eau du bassin versant dans le cadre des initiatives plus larges de caractérisation et de protection des sources d'approvisionnement en eau potable.



©Tous droits réservés, Grand River Conservation Authority, 2015

COMMENT LA RECHERCHE A-T-ELLE ÉTÉ RÉALISÉE?

Les objectifs généraux de ces trois projets de recherche étaient les suivants :

1. Mesurer les concentrations de base des pathogènes microbiens et les fluctuations de ces concentrations dans les cours d'eau au sein du bassin versant de la rivière Grand.
2. Évaluer les sources agricoles et urbaines de pathogènes dans le bassin versant.
3. Étudier comment les conditions hydrologiques et saisonnières dans le bassin versant affectent la charge de pathogènes.
4. Déterminer l'influence des mesures incitatives de gestion dans le bassin sur la promotion de la protection des sources d'approvisionnement en eau.
5. Développer de nouvelles méthodes moléculaires (basées sur les acides nucléiques) pour mesurer les pathogènes dans les sources d'eau potable.

Les chercheurs ont utilisé des méthodes améliorées pour étudier les pathogènes dans le bassin versant de la rivière Grand. Dans le cadre de l'étude réalisée de 2002 à 2004, ils ont effectué un échantillonnage intensif de tous les sous-bassins hydrologiques et ont mesuré les charges de pathogènes de sources diffuses (agricoles). Les études ultérieures, réalisées de 2005 à 2009, se sont concentrées sur l'échantillonnage dans la région de Waterloo et comprenaient un échantillonnage plus fréquent en aval d'une usine de traitement de l'eau potable. L'échantillonnage dans la région de Waterloo était lié au programme C-EnterNet de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC), lequel englobe la surveillance des agents pathogènes dans l'eau, les aliments au détail et dans les fermes. Ces dernières études portaient également sur l'amélioration des méthodes de détection des pathogènes.

QUELS ONT ÉTÉ LES RÉSULTATS?



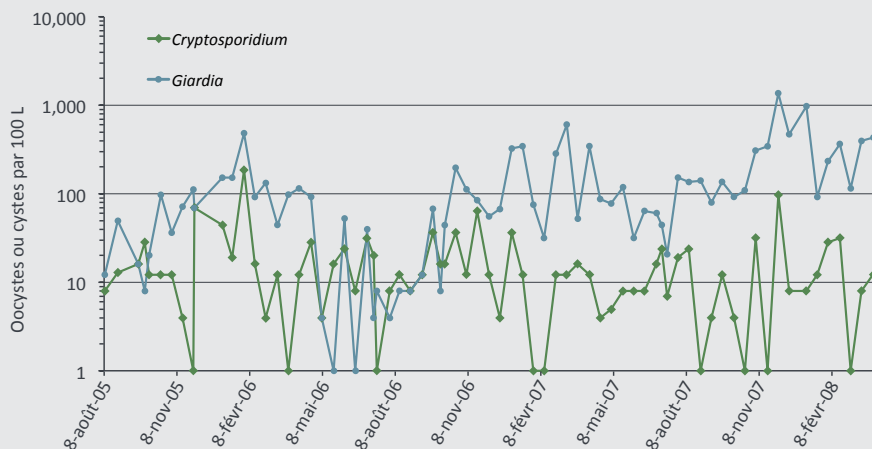
Échantillonnage dans la rivière Conestogo

1. SURVEILLANCE DES PATHOGÈNES

Nous avons mesuré les concentrations des protozoaires *Cryptosporidium* et de *Giardia* dans le bassin versant de la rivière Grand sur une période de deux ans et demi. Les échantillons d'eau de la rivière ont été recueillis aux deux semaines, principalement dans le secteur de la rivière Grand situé près de l'usine municipale de traitement de l'eau potable. Le pathogène *Cryptosporidium* a été détecté fréquemment, soit dans 88 % des échantillons, avec une concentration médiane de 12 oocystes par 100 L (ce qui correspond à 0,01 oocyste par 100 mL). Le pathogène *Giardia* a été détecté dans 97 % des échantillons à une concentration médiane plus élevée de 80 cystes par 100 L (ce qui correspond à 0,08 cyste par 100 mL). Bien que les concentrations de ces protozoaires pathogènes aient été faibles, elles pouvaient varier de façon importante.

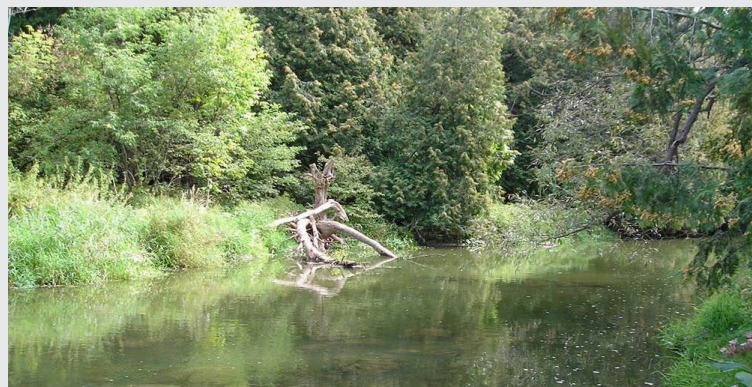
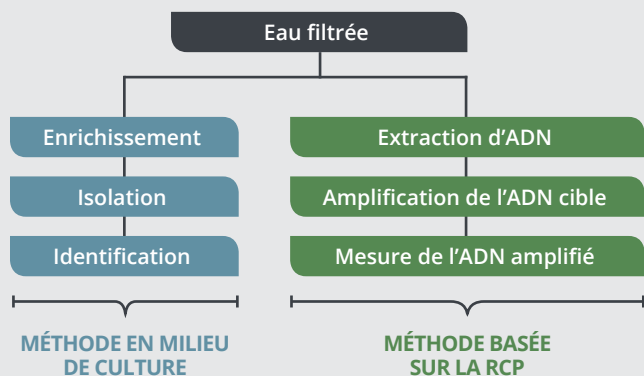
Nous avons mesuré les concentrations des bactéries *Campylobacter*, *Salmonella* et *E. coli* O157:H7 dans les échantillons recueillis dans les cours d'eau du bassin versant au cours d'une période de trois à six ans. Les méthodes de détection des pathogènes sur des milieux de culture ont été comparées à celles basées sur l'ADN (méthodes de RCP – réaction en chaîne de la polymérase). Ces dernières méthodes, basées sur l'ADN, ont permis de détecter plus d'occurrences de bactéries pathogènes qu'en milieu de culture; elles sont plus rapides et peuvent fournir une meilleure détection et une plus grande spécificité. Par contre, les méthodes de détection en milieu de culture peuvent aussi être pratiques pour étudier les pathogènes, puisqu'elles impliquent la croissance de bactéries en laboratoire, et ces cultures peuvent donc faire l'objet d'études plus poussées. La bactérie *Campylobacter* a souvent été détectée (70 % des échantillons étaient positifs), mais à de faibles concentrations (6 cellules par 100 mL en moyenne). Les bactéries *Salmonella* et *E. coli* O157:H7 ont rarement été détectées, et aussi à de faibles concentrations.

En 2002-2003, des virus entériques humains ont été retrouvés en faibles concentrations (maximum de 6 unités infectieuses par litre) dans 26 % des échantillons totaux recueillis dans le bassin versant de la rivière Grand. Ces projets ont fourni des données importantes sur la présence de pathogènes dans les sources d'eau potable de ce bassin versant qui n'étaient pas disponibles auparavant. Les résultats ont indiqué que les concentrations de pathogènes dans



Concentrations de protozoaires dans la rivière Grand

MÉTHODES GÉNÉRALES POUR LA DÉTECTION DES BACTÉRIES



Ruisseau Canagagigue

la rivière Grand étaient similaires à celles présentes dans d'autres bassins versants affectés par l'agriculture et les activités urbaines au Canada et ailleurs dans le monde. Les données ont confirmé que la réglementation et les directives fédérales et provinciales sur l'eau potable qui ont trait à l'élimination des pathogènes des eaux de surface permettent d'assurer la protection de la santé publique.

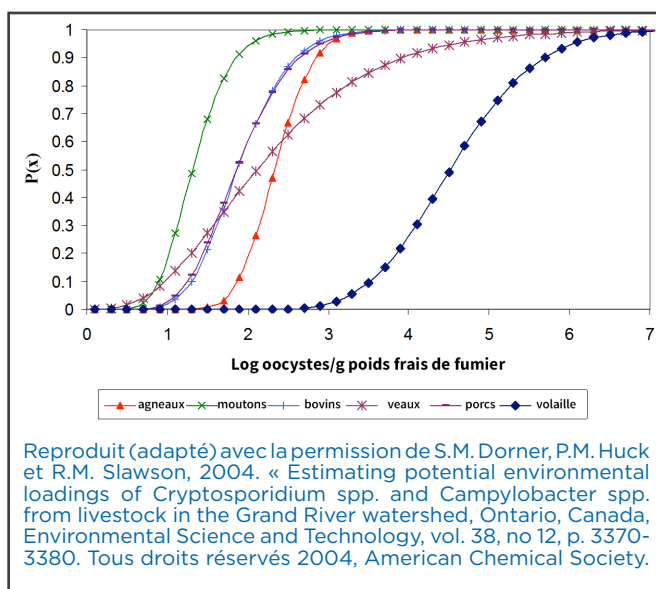
Les données sur les pathogènes obtenues de ces projets ont servi dans des études subséquentes sur l'évaluation des risques visant à calculer le risque pour la santé que représentent les pathogènes lorsque les humains y sont exposés par le biais de l'eau. Les études sur l'évaluation des risques permettent d'identifier et de prioriser les points critiques pour l'élimination des pathogènes, et d'orienter la réglementation. **Les études réalisées dans deux collectivités du bassin versant ont permis de vérifier que les usines de traitement de l'eau potable étaient efficaces et protégeaient très bien la santé publique.**

RELATION AVEC LES INDICATEURS DE LA QUALITÉ DE L'EAU ET LES ÉVÉNEMENTS HYDROLOGIQUES

Les concentrations totales de la bactérie fécale indicatrice *E. coli* (souche non pathogène) sont utilisées pour indiquer la présence possible d'organismes pathogènes. Toutefois, dans les faits, il est rare que l'on puisse établir des corrélations avec les concentrations de pathogènes. Les événements météorologiques peuvent donner lieu à une augmentation de la charge fécale provenant de sources ponctuelles et diffuses, mais ces événements aussi sont rarement en corrélation avec les concentrations de pathogènes.

Les résultats du projet ont indiqué que pour les pathogènes surveiller, seul *Cryptosporidium* affichait une corrélation étroite avec *E. coli*, la turbidité et le débit fluvial. Il n'y avait pas de corrélation entre la présence de *Cryptosporidium* et de *Giardia*. Les résultats ont montré une tendance saisonnière pour ce qui est de la présence de *Giardia* et de *Campylobacter*, avec des concentrations plus élevées lorsque les températures étaient froides. Même si l'on a détecté fréquemment la bactérie *Campylobacter*, il n'y avait pas de corrélation forte avec aucun des paramètres de la qualité de l'eau.

Il y avait une corrélation importante entre les bactéries *E. coli* indicatrices et la turbidité de l'eau. Les augmentations rapides des concentrations d'*E. coli* lors de tempêtes donnent à penser que la remise en suspension des bactéries peut être aussi importante ou plus importante que les contributions terrestres. La surveillance réalisée dans le cadre de ces études a également permis de constater que lors d'événements de tempêtes les concentrations de pointe de *Campylobacter* ne correspondaient pas aux concentrations de pointe des indicateurs de la qualité de l'eau. Ces résultats semblent indiquer que **les indicateurs de la qualité de l'eau ne sont pas fiables pour prédire les concentrations d'organismes pathogènes**, mais ils demeurent utiles pour surveiller les sources d'eau et le rendement du processus de traitement de cette eau.



2. IDENTIFICATION DES SOURCES DE PATHOGÈNES

L'agriculture peut être une source importante d'organismes pathogènes, mais il peut s'avérer difficile de mesurer quelle est l'incidence des sources diffuses, notamment du bétail, sur la qualité de l'eau. Pour aborder cette question, les chercheurs ont utilisé des modèles pour estimer l'excrétion par le bétail des matières fécales et des pathogènes dans le bassin versant de la rivière Grand. Ils ont utilisé les données de recensement des fermes pour déterminer le nombre de têtes de bétail dans le bassin versant et, avec des renseignements tirés d'études publiées, ils ont pu prédire le nombre de *Cryptosporidium* et *Campylobacter* produits par année.

Selon les résultats du modèle, même si les bovins sont ceux qui produisent le plus de fumier, d'autres animaux de ferme contribuent aussi de façon importante à la charge de pathogènes. Curieusement, la production de *Campylobacter* a été estimée supérieure par plusieurs ordres de grandeur à celle de *Cryptosporidium*, ce qui correspondait aux données sur les pathogènes dans le bassin versant. Il est connu que la bactérie *Campylobacter* est une cause courante de maladie d'origine hydrique, surtout dans l'eau non traitée, car cette bactérie est sensible à la désinfection. Le modèle a prédit que les régions agricoles situées dans les régions agricoles supérieures du bassin versant auraient la production la plus forte de pathogènes. La production maximale estimée de *Cryptosporidium* et de *Campylobacter* se situait dans des secteurs très argileux comportant beaucoup de drainage souterrain. Ces deux caractéristiques pourraient d'ailleurs contribuer à la charge accrue de pathogènes dans les eaux de surface.

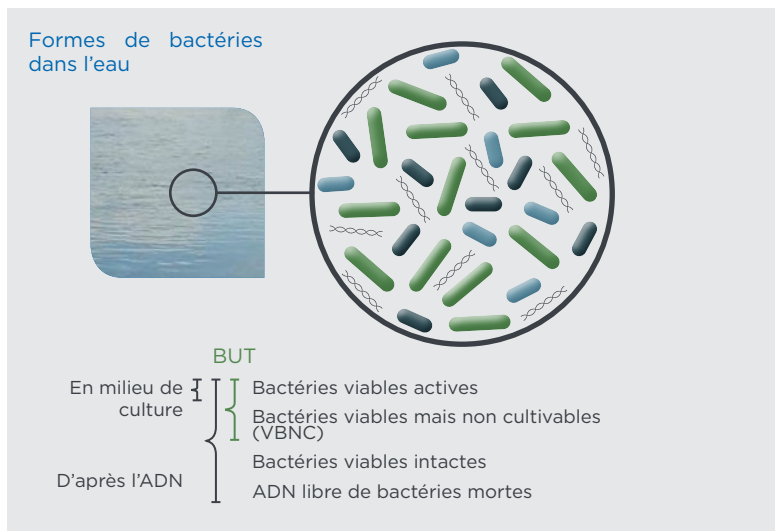
La faune présente dans le bassin versant peut également être une source de pathogènes. Les bactéries *Campylobacter* et *Salmonella* ont été détectées dans des échantillons de matières fécales provenant d'oiseaux sauvages, comme des canards, des oies et des goélands. Cela signifie que les pathogènes peuvent potentiellement être présents dans une source d'eau qui n'est pas directement influencée par des activités agricoles et des eaux usées. L'analyse de génotypage, qui utilise des données de séquences d'ADN pour comparer des souches provenant du bassin versant à celles isolées d'animaux ou d'humains, a démontré que les animaux de ferme et les animaux sauvages étaient d'importants contributeurs d'oocystes de *Cryptosporidium* dans le bassin versant. Des souches propres aux humains ont été détectées dans la rivière Grand, et les souches associées à un risque d'infection humaine de moyen à élevé (*C. hominis*, *C. parvum* et *C. ubiquitum*) étaient présentes dans 16 % des échantillons. Par conséquent, il est d'une importance critique de voir à l'élimination des protozoaires pathogènes lors du traitement de l'eau potable.

3. TRANSPORT DES PATHOGÈNES DANS LE BASSIN VERSANT

Pour aller plus loin dans la prévision des sources et les voies de transport des indicateurs microbiens et des pathogènes dans la rivière Grand, les chercheurs ont modifié un modèle hydrologique (WATFLOOD/SPL) pour le transport de pathogènes, et ils l'ont testé avec des données provenant d'un sous-bassin versant caractérisé par une forte activité agricole. Le modèle a prédit que la majorité des micro-organismes provenant de sources terrestres entraient dans les rivières par les systèmes de drainage souterrain plutôt que d'être transportés en surface sur la terre. Cependant, selon le modèle, lorsqu'il se produit du transport en surface, cela devrait donner lieu aux plus importantes contributions prédites et observées de micro-organismes. Cela signifie que la conception technique et les plans de gestion des risques devraient porter une attention toute particulière aux conditions qui sont difficiles à contrôler ou à prédire, comme les événements associés aux événements climatiques.

4. ÉVALUATION DES INITIATIVES DE PROTECTION DES SOURCES D'EAU

En 1998, la société d'aménagement de la rivière Grand (Grand River Conservation Authority) a instauré un programme sur la qualité de l'eau en milieu rural. Les résultats du présent projet ont montré que les mesures incitatives financières offertes dans le cadre de ce programme avaient influencé les décisions des agriculteurs à participer aux mesures de protection du bassin versant (p. ex., améliorations apportées à la gestion et au confinement des déchets). Ces mesures incitatives étaient également influencées positivement par la valeur de la subvention, combinée aux mesures incitatives liées au rendement.



5. DÉVELOPPEMENT DE MÉTHODES DE DÉTECTION DES PATHOGÈNES

Les chercheurs ont examiné les limites potentielles des méthodes actuelles de détection des pathogènes et ils ont développé des procédures plus rapides et plus sensibles pour surveiller les pathogènes. Ces méthodes permettent de mieux identifier et mesurer les souches infectieuses pour les humains; elles sont également utiles dans le cadre des investigations sur les éclosions pour identifier les sources de contamination et pour orienter les pratiques et la réglementation concernant l'eau potable.

- Les chercheurs ont mis au point une technique électronique avec biopuce pour détecter les bactéries *Campylobacter*, *E. coli* pathogène, *Salmonella* et *Vibrio*. La technique, qui permet d'identifier rapidement les pathogènes présents dans de nombreux échantillons en même temps, a de nombreuses applications cliniques et environnementales. Cette méthode s'est révélée spécifique et fiable; elle peut cibler des cellules vivantes connues pour causer des maladies chez l'homme; et la puce peut être réutilisée à plusieurs reprises.
- Les chercheurs ont perfectionné une méthode modifiée de RCP (basée sur l'ADN) permettant la mesure de cellules viables, car l'on croyait qu'avec certaines méthodes la présence de cellules mortes pouvait entraîner une surestimation des pathogènes. Toutefois, les résultats obtenus pour plusieurs types de pathogènes bactériens ont indiqué qu'il y avait rarement présence de cellules mortes dans la rivière Grand.
- Les méthodes améliorées pour caractériser les pathogènes émergents dans le bassin versant ont permis d'établir que les souches de *Yersinia* infectieuses pour les humains étaient rarement détectées, tandis que la bactérie *Arcobacter* (une bactérie associée à *Campylobacter*) était souvent détectée. D'autres études s'imposent pour évaluer l'importance de ces souches dans le cadre des maladies d'origine hydrique.
- Les chercheurs ont développé des méthodes pour le sous-typage des souches de *Campylobacter*, ce qui est important pour comparer et identifier les souches de différentes sources (humaines, animales, hydriques). Ces méthodes peuvent être utilisées pour déterminer si certaines souches peuvent infecter l'homme.

FOODNET CANADA

Les données recueillies sur les pathogènes dans le cadre de ce projet venaient appuyer le programme C EnterNet de l'ASPC, maintenant connu sous le nom de FoodNet Canada. L'ASPC était un des partenaires du projet de 2005-2009. FoodNet Canada soutient des activités qui réduisent le fardeau des maladies gastro-intestinales au Canada, et la région de Waterloo a été le tout premier site sentinelle. Ce programme évalue comment les différentes sources contribuent aux maladies gastro-intestinales chez les humains, afin de mieux éclairer les politiques en matière de salubrité alimentaire et hydrique et d'évaluer les résultats de ces politiques.

Le partenariat avec l'ASPC dans le cadre de ce projet du RCE a permis d'accroître la surveillance des pathogènes dans l'eau. Cette collaboration a fourni des ressources additionnelles pour réaliser un échantillonnage plus fréquent, tester une gamme élargie de pathogènes et obtenir des données de caractérisation additionnelles (comme la détection par RCP, le génotypage, le sous-typage). FoodNet Canada a utilisé ces données pour comparer les pathogènes provenant de diverses voies d'exposition, dont l'eau, les aliments et les animaux. L'ASPC a également collaboré avec les unités de santé publique pour recueillir davantage de données sur les cas humains dans la collectivité.

Le programme FoodNet Canada a continué la surveillance des pathogènes dans le bassin versant de la rivière Grand après la tenue du projet du RCE, et les mêmes tendances ont été observées au fil du temps. Ce programme a évalué les facteurs de risque de cryptosporidiose et a constaté que les expositions à l'eau lors d'activités récréatives et de voyages à l'étranger sont d'importantes sources d'infection. Considérant toutes les voies d'exposition, FoodNet Canada a déterminé que *Campylobacter* était la cause la plus commune de maladies entériques dans la région, suivi par la bactérie *Salmonella*, et que pour ces deux types de bactéries, la source la plus probable était les aliments (poulet).

Le but du travail de surveillance de l'ASPC est de fournir des renseignements pratiques sur les causes des maladies empiriques. Ces renseignements sont nécessaires pour orienter et appuyer l'allocation des ressources, les opérations, la formation et les programmes de sensibilisation destinés aux industries de l'eau, de l'agriculture et de l'alimentation. Le programme de surveillance de FoodNet Canada se poursuit dans la région de Waterloo et il a maintenant été mis en œuvre en Colombie-Britannique et en Alberta. Le site Web de FoodNet fournit d'autres renseignements (<http://www.phac-aspc.gc.ca/foodnetcanada/index-fra.php>).

QUELLES SONT LES INCIDENCES POUR LES INTERVENANTS ET LES DÉCIDEURS?

Cette recherche caractérisait les incidences sur la santé humaine d'un bassin versant qui est une importante source d'eau potable. L'ensemble des résultats a montré que l'élimination des pathogènes revêt une importance critique dans le traitement de l'eau potable.

Des pathogènes d'importance dans les maladies humaines, notamment *Campylobacter*, *Cryptosporidium* et *Giardia*, ont été fréquemment détectés dans le bassin versant. De fait, les apports et les concentrations de *Campylobacter* dans l'eau étaient supérieurs de plusieurs ordres de grandeur à ceux des protozoaires pathogènes.

Des méthodes pour améliorer la détection de pathogènes dans l'eau ont été développées et utilisées pour identifier les types et les sources de pathogènes. Par exemple, des souches ou génotypes de *Cryptosporidium* représentant un risque élevé d'infection humaine ont été détectés dans la rivière Grand, et les humains, les animaux de ferme et les animaux sauvages sont tous des contributeurs potentiels de pathogènes dans le bassin versant.

Même si les pathogènes ont été généralement détectés à de faibles concentrations, ces niveaux pouvaient varier de façon considérable. Les concentrations de pathogènes étaient rarement corrélées aux niveaux des indicateurs de la qualité de l'eau. Ces indicateurs demeurent toutefois importants pour la surveillance et l'efficacité du traitement. La modélisation du transport des pathogènes a révélé que la conception technique et les plans de gestion du risque devraient porter une attention toute particulière aux conditions qui sont difficiles à contrôler ou à prédire, comme les événements climatiques.

Les résultats du projet ont servi à appuyer les évaluations des risques visant à s'assurer de l'efficacité de la conception technique des usines de traitement. Ils ont également été utilisés pour fournir une évaluation comparative avec d'autres voies d'exposition aux pathogènes, notamment les aliments, et avec d'autres bassins versants au Canada et à l'étranger. En outre, les résultats du projet peuvent servir dans le cadre d'activités de protection des sources d'approvisionnement en eau.

POUR JOINDRE LE CHERCHEUR, PRIÈRE DE LE FAIRE PAR COURRIEL À RESEARCHSPOTLIGHT@CWN-RCE.CA. CONSULTEZ NOTRE RÉPERTOIRE DE PROJETS À CWN-RCE.CA

RAPPORT RÉDIGÉ PAR MICHELE VAN DYKE, UNIVERSITÉ DE WATERLOO

ÉQUIPE DE RECHERCHE

PETER HUCK, Université de Waterloo

ROBIN SLAWSON, Université de Waterloo

WILLIAM B. ANDERSON, Université de Waterloo

SARAH DORNER, Université de Waterloo

MICHELE VAN DYKE, Université de Waterloo

JUDITH ISAAC-RENTON, Centre de contrôle des

maladies de la Colombie-Britannique et Université de la Colombie-Britannique

CORRINE ONG, Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique et Université de la Colombie-Britannique

XING-FANG LI, Université de l'Alberta

DIANE DUPONT, Université Brock

SOPHIE MICHAUD, Université of Sherbrooke

ERIC FROST, Université de Sherbrooke

PIERRE PAYMENT, INRS-Institut Armand-Frappier

NATALIE PRYSTAJECKY, Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique et Université de la Colombie-Britannique

PARTENAIRES

AGENCE DE LA SANTÉ PUBLIQUE DU CANADA

(C-INTERNET, MAINTENANT FOODNET CANADA)

MINISTÈRE DE L'ENVIRONNEMENT DE L'ONTARIO

GRAND RIVER CONSERVATION AUTHORITY

SERVICES D'APPROVISIONNEMENT EN EAU DE LA RÉGION DE WATERLOO

VILLE DE BRANTFORD (SERVICES ENVIRONNEMENTAUX)

RÉFÉRENCES

BANIHASHEMI, A., M.I. VAN DYKE ET P.M. HUCK (2012). « Long-amplicon propidium monoazide-PCR enumeration assay to detect viable *Campylobacter* and *Salmonella* », *Journal of Applied Microbiology*, vol. 113, n° 4, p. 863-873.

BANIHASHEMI, A., M.I. VAN DYKE ET P.M. HUCK (2014). « Detection of viable bacterial pathogens in a drinking water source using propidium monoazide quantitative PCR », *Journal of Water Supply: Research and Technology, AQUA*, vol. 64, n° 2, p. 139-148.

CHEYNE, B.M., M.I. VAN DYKE, W.B. ANDERSON ET P.M. HUCK (2010). « The detection of *Yersinia enterocolitica* in surface water by quantitative PCR amplification of the *ail* and *yadA* genes », *Journal of Water and Health*, vol. 8, n° 3, p. 487-499.

CHEYNE, B.M., M.I. VAN DYKE, W.B. ANDERSON ET P.M. HUCK (2009). « An evaluation of methods for the isolation of *Yersinia enterocolitica* from surface waters in the Grand River watershed », *Journal of Water and Health*, vol. 7, n° 3, p. 392-403.

DORNER, S.M., P.M. HUCK ET R.M. SLAWSON (2004). « Estimating potential environmental loadings of *Cryptosporidium* spp. and *Campylobacter* spp. from livestock in the Grand River watershed, Ontario, Canada », *Environmental Science and Technology*, vol. 38, n° 12, p. 3370-3380.

DORNER, S.M., P.M. HUCK, R.M. SLAWSON, T. GAULIN ET D.W.B. ANDERSON (2004). « Assessing levels of pathogenic contamination in a heavily impacted river used as a drinking water source », *Journal of Toxicology and Environmental Health, partie A*, vol. 67, n° 20-22, p. 1813-1823.

DORNER, S.M., W.B. ANDERSON, R.M. SLAWSON, N. KOUWEN ET P.M. HUCK (2006). « Hydrologic modeling of pathogen fate and transport », *Environmental Science and Technology*, vol. 40, n° 15, p. 4746-4753.

DORNER, S.M., W.B. ANDERSON, T. GAULIN, H.L. CANDON, R.M. SLAWSON, P. PAYMENT ET P.M. HUCK (2007). « Pathogen and indicator variability in a heavily impacted watershed », *Journal of Water and Health*, vol. 5, n° 2, p. 241-257.

DUPONT, D.P. (2010). « Cost-sharing incentive programs for source water protection: The Grand River's rural water quality program », *Canadian Journal of Agricultural Economics*, vol. 58, p. 481-496.

LIU, Y., Z. GONG, N. MORIN, O. PUI, M. CHEUNG, H. ZHANG ET X.-F. LI (2006). « Electronic deoxyribonucleic acid (DNA) microarray detection of viable pathogenic *Escherichia coli*, *Vibrio cholera*, and *Salmonella typhi* », *Analytica Chimica Acta*, vol. 578, p. 75-81.

VAN DYKE, M.I., C. ONG, N. PRYSTAJECKY, J. ISAACRENTON ET P.M. HUCK (2012). « Identifying host sources, human health risk and indicators of *Cryptosporidium* and *Giardia* in a Canadian watershed influenced by urban and rural activities », *Journal of Water and Health*, vol. 10, n° 2, p. 311-323.

VAN DYKE, M.I., V.K. MORTON, N.L. MCLELLAN ET D.P.M. HUCK (2010). « Occurrence of *Campylobacter* in river water and waterfowl within a watershed in southern Ontario, Canada », *Journal of Applied Microbiology*, vol. 109, n° 3, p. 1053-1066.

ZHANG, H., Z. GONG, O. PUI, Y. LIU ET X.-F. LI (2006). « An electronic DNA microarray technique for detection and differentiation of viable *Campylobacter* species », *Analyst*, vol. 131, p. 907-915.