

Le réseau de distribution d'eau potable : un écosystème complexe lié à des enjeux de santé publique

The drinking water distribution network: a complex ecosystem related to public health issues

Jean-Baptiste Poitelon, Michel Joyeux, Bénédicte Welté, Jean-Pierre Duguet and Michael Scott DuBow

Volume 24, Number 4, 2011

URI: <https://id.erudit.org/iderudit/1007627ar>
DOI: <https://doi.org/10.7202/1007627ar>

[See table of contents](#)

Publisher(s)

Université du Québec - INRS-Eau, Terre et Environnement (INRS-ETE)

ISSN

1718-8598 (digital)

[Explore this journal](#)

Article abstract

The emergence of pathogens in water intended for human consumption is a major concern in terms of the public health industry and the public authorities concerned. Among these pathogens, some are of faecal origin (*Cryptosporidium*, *Campylobacter*, or rotavirus), while others live in the natural environment (*Legionella*, *Pseudomonas*, *Aeromonas* or mycobacteria). In order to establish a risk analysis related to the presence of these pathogens, it is important to increase our knowledge on the ecology of these microorganisms and to develop analytical tools to achieve better health monitoring. Therefore, the microbial ecology of drinking water distribution networks must be studied in detail, especially with respect to the properties and physiological diversity of the microbial species present, in order to better understand the interactions between species commonly encountered and those that are pathogens.

Cite this article

Poitelon, J.-B., Joyeux, M., Welté, B., Duguet, J.-P. & DuBow, M. S. (2011). Le réseau de distribution d'eau potable : un écosystème complexe lié à des enjeux de santé publique. *Revue des sciences de l'eau / Journal of Water Science*, 24(4), 383–418. <https://doi.org/10.7202/1007627ar>

LE RÉSEAU DE DISTRIBUTION D'EAU POTABLE : UN ÉCOSYSTÈME COMPLEXE LIÉ À DES ENJEUX DE SANTÉ PUBLIQUE

The drinking water distribution network: a complex ecosystem related to public health issues

JEAN-BAPTISTE POITELON^{1,2}, MICHEL JOYEUX¹, BÉNÉDICTE WELTÉ¹, JEAN-PIERRE DUGUET¹,
MICHAEL SCOTT DUBOW²

¹EAU DE PARIS, 9 rue Schoelcher, 75014, Paris, France

²Institut de Génétique et Microbiologie, Université Paris-Sud 11, CNRS UMR 8621, Bâtiment 409, 91405 Orsay, France

Reçu le 30 novembre 2009, accepté le 22 décembre 2010

RÉSUMÉ

L'émergence de pathogènes dans l'eau destinée à la consommation humaine représente une préoccupation majeure en matière de santé publique pour les industriels et les pouvoirs publics concernés. Parmi ces pathogènes, certains sont d'origine fécale (*Cryptosporidium*, *Campylobacter* ou bien les rotavirus), alors que d'autres vivent dans l'environnement naturel (*Legionella*, *Pseudomonas*, *Aeromonas* ou bien les mycobactéries). Dans l'optique de mettre en place une analyse des risques liés à la présence de ces pathogènes, il est important d'accroître nos connaissances sur l'écologie de ces microorganismes et de développer des outils d'analyse afin de réaliser une meilleure surveillance sanitaire. Par conséquent, l'écologie microbienne du réseau de distribution d'eau potable doit être étudiée en détail, particulièrement vis-à-vis des propriétés physiologiques et la diversité des espèces microbiennes présentes, afin de mieux comprendre les interactions entre les espèces communément rencontrées et celles pathogènes.

Mots clés : *réseau de distribution, eau potable, écologie microbienne, biologie moléculaire.*

ABSTRACT

The emergence of pathogens in water intended for human consumption is a major concern in terms of the public health industry and the public authorities concerned. Among these pathogens, some are of faecal origin (*Cryptosporidium*, *Campylobacter*, or rotavirus), while others live in the natural environment (*Legionella*, *Pseudomonas*, *Aeromonas* or mycobacteria). In order to establish a risk analysis related to the presence of these pathogens, it is important to increase our knowledge on the ecology of these microorganisms and to develop analytical tools to achieve better health monitoring. Therefore, the microbial ecology of drinking water distribution networks must be studied in detail, especially with respect to the properties and physiological diversity of the microbial species present, in order to better understand the interactions between species commonly encountered and those that are pathogens.

Keywords: *distribution network, drinking water, microbial ecology, molecular biology.*

*Auteur pour correspondance :

Téléphone : (33) 1 69 15 46 12

Télécopieur : (33) 1 69 15 78 08

Courriel : michael.dubow@igmors.u-psud.fr

1. L'EAU POTABLE : UN DÉFI PERMANENT

1.1 Les maladies d'origine hydrique et la potabilité de l'eau

L'accès à une eau dite propre à la consommation humaine est la base de toute civilisation. Le captage ainsi que l'acheminement de l'eau vers les villes ont été principalement initiés par les Romains via la construction des aqueducs (CHANSON, 2008). Ces nombreux aqueducs ont été utilisés pendant des siècles. Certains de ces ouvrages sont encore en service aujourd'hui pour l'approvisionnement des populations en eau potable, c'est le cas notamment de la ville de Paris. Malgré la découverte d'organismes microscopiques vivants dans l'eau par Antonie van Leeuwenhoek en 1676, ce n'est qu'à partir du XIX^e siècle qu'une conception de l'hygiène hydrique sera développée. À cette époque, l'accroissement des populations urbaines était telle que les quantités de déchets rejetés dans le milieu naturel ont engendré une pollution des captages, provoquant ainsi de graves épidémies d'origine hydrique (CRAUN *et al.*, 2006; OMS, 2003; SCHOENEN, 2002). En 1855, John Snow identifia l'eau comme source d'épidémie de choléra à Londres. Mais ce n'est qu'après la réfutation de la théorie de la génération spontanée (PASTEUR, 1860) et la démonstration du lien de cause à effet entre un pathogène et une maladie infectieuse (KOCH, 1890), que les pathogènes présents dans l'eau ont pu être reconnus comme responsables de maladies chez l'être humain. Grâce aux découvertes de Louis Pasteur et de Robert Koch, la microbiologie va connaître un essor qui constituera les bases de cette discipline et les premiers pas vers une compréhension des maladies d'origine hydrique. À la fin du XIX^e siècle, les techniques de culture microbienne ont rendu possible l'isolement des agents pathogènes d'origine hydrique. En plus de ces découvertes concernant les agents infectieux, il est également devenu évident que la pollution des ressources en eau potable par les déchets humains constituait un grave problème de santé publique. La découverte et le développement des procédures de traitement (filtration et désinfection) et de contrôle sanitaire (les indicateurs de contaminations) ont engendré un recul considérable des épidémies d'origine hydrique particulièrement vis-à-vis du choléra et de la fièvre typhoïde (CRAUN *et al.*, 2006; SCHOENEN, 2002). Mais ceci n'aurait pas été possible sans la mise en place de mesures d'hygiène sanitaire telles que l'évacuation des déchets et des matières fécales. Après cette période de progrès, plusieurs découvertes scientifiques sont venues enrichir l'arsenal de lutte antimicrobienne telles que les vaccins et les antibiotiques (Figure 1). À cette époque, les avancées étaient telles que, en 1967, le directeur général de la santé des États-Unis déclarait « la guerre contre les maladies infectieuses a été gagnée » (MORENS *et al.*, 2004). Au cours de la seconde moitié du XX^e siècle, de nouvelles maladies infectieuses apparaissent, montrant ainsi la vulnérabilité de l'être humain face aux

infections microbiennes. Au cours des dernières décennies, de nouveaux agents infectieux ont été identifiés engendrant des épidémies dévastatrices dans le monde entier. Face à cette nouvelle ère des maladies infectieuses, Joshua Lederberg définit les infections émergentes et ré-émergentes comme des maladies infectieuses dont l'incidence chez l'être humain a augmenté au cours de ces deux dernières décennies (LEDERBERG *et al.*, 1992). Depuis cette date, de nombreux articles ont été publiés sur ce sujet, en particulier à propos des pathogènes émergents dans l'eau (NEUMANN *et al.*, 2005; NWACHUKU et GERBA 2004; OMS, 2003; SHARMA *et al.*, 2003). Par conséquent, le spectre des principaux pathogènes d'origine hydrique s'est vu élargi (Figure 2). Toutefois, une partie de ces microorganismes fut identifiée avant qu'ils soient reconnus comme agents étiologiques à l'origine de maladies d'origine hydrique (Figure 1). Bien que l'incidence des épidémies d'origine hydrique affecte tous les pays du monde en causant la mort de 1,7 millions de personnes par an, ces épidémies accablent essentiellement les pays en voie de développement en raison d'un approvisionnement en eau impropre à la consommation (OMS, 2002). Malgré cette disparité, les pays développés souffrent eux aussi de sévères épidémies d'origine hydrique (CRAUN *et al.*, 2006; KARANIS *et al.*, 2007). Parmi les plus importantes, celle de Milwaukee (Wisconsin, États-Unis) en 1993, imputée à *Cryptosporidium parvum*, a affecté plus de 400 000 personnes dont 100 décès (MACKENZIE *et al.*, 1994). En plus des conditions socioéconomiques, d'autres facteurs peuvent expliquer l'émergence de ces pathogènes (Figure 3).

L'accroissement de la concentration urbaine de plus en plus importante ainsi que les changements dans l'utilisation de l'eau potable ont contribué à l'émergence de pathogènes d'origine hydrique. En effet, la conception de réseaux de distribution d'eau potable et d'eau chaude domestique ainsi que des systèmes aéroréfrigérants ont créé de nouveaux écosystèmes dans lesquels les microorganismes ont pu se développer. Outre les contaminations liées à des accidents d'exploitation (au niveau des filières de traitements ou des infrastructures de stockage et de distribution), les microorganismes peuvent se multiplier dans le système de distribution (BEAUDEAU *et al.*, 2007; DELAHAYE *et al.*, 2003; LECHEVALLIER *et al.*, 1987; LECHEVALLIER *et al.*, 1996). Cette contamination de l'eau potable peut engendrer non seulement une dégradation de la qualité organoleptique, mais aussi des cas de maladie d'origine hydrique (BERRY *et al.*, 2006). Des études ont ainsi montré que des contaminations du réseau de distribution sont l'origine d'épidémie et seraient responsables d'une augmentation des maladies hydriques aux États-Unis selon les données recensées depuis 1971 (BEAUDEAU *et al.*, 2007; CRAUN *et al.*, 2006). L'exemple type est celui de la bactérie *Legionella pneumophila* qui colonise les tours aéroréfrigérantes, les systèmes de climatisation et les réseaux d'eau chaude sanitaire. Cette bactérie pathogène, d'origine aquatique, a été identifiée

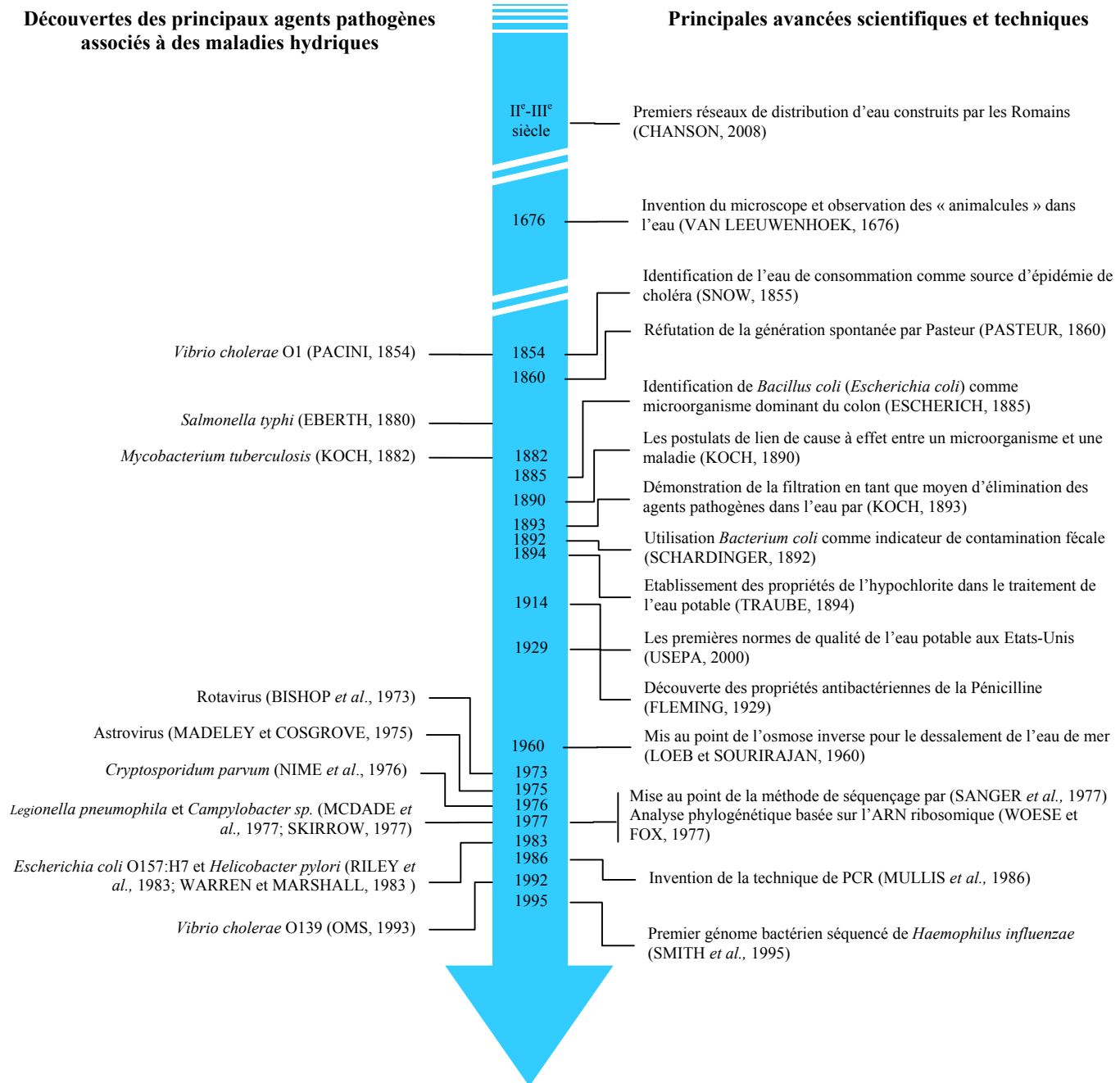


Figure 1. Chronologie des découvertes d'agents pathogènes associés à des maladies hydriques et des principales avancées scientifiques en microbiologie des eaux.

Chronology of discovery of pathogens associated with waterborne diseases and major scientific advances in water microbiology.

après une épidémie de pneumonie (maladie du légionnaire) en 1976 infectant 192 personnes dont 29 décès (MCDADE et al., 1977). D'autres bactéries d'origine environnementale, telles que *Pseudomonas aeruginosa* et les Mycobactéries (telles que *Mycobacterium avium*), sont capables de coloniser les réseaux d'eau potable, engendrant ainsi de nouveaux risques sanitaires (CRAUN et al., 2006; SZEWCZYK et al., 2000).

L'écologie microbienne liée à leur remarquable faculté d'adaptation constitue également un véritable facteur d'émergence de maladies d'origine hydrique. Ceci provient principalement du temps de génération de ces organismes, très court comparé à celui de leurs hôtes. Ainsi, l'utilisation généralisée et abusive des antibiotiques a conduit à l'apparition de bactéries résistantes ou multi-résistantes : *Pseudomonas aeruginosa* ou certaines entérobactéries (FRENCH, 2005). De

➤ **Les bactéries**

Burkholderia pseudomallei
Campylobacter jejuni et *Campylobacter coli*
Escherichia coli pathogènes et entéro-hémorragiques
Legionella
Mycobactéries non-tuberculeuses
Pseudomonas aeruginosa
Salmonella typhi et autres Salmonelles
Shigella
Vibrio cholerae
Yersinia enterocolitica

➤ **Les virus**

Adénovirus
Astrovirus
Entérovirus
Norovirus
Rotavirus
Sapovirus
Virus hépatique A et E

➤ **Les protozoaires**

Acanthamoeba
Cryptosporidium parvum
Cyclospora cayentanensis
Entamoeba histolytica
Giardia intestinalis
Naegleria fowleri
Toxoplasma gondii

➤ **Les helminthes**

Dracunculus medinensis
Schistosoma

Figure 2. *Les pathogènes d'origine hydrique d'après l'OMS (2008).*
The waterborne pathogens according to WHO (2008).

1. Les changements des comportements humains et environnementaux

Migration des populations
Urbanisation
Changement démographique
Augmentation des populations dites « sensibles »
Accident d'exploitation
Changement climatique
Création de nouveaux environnements (ex: réseaux de distribution, tours aéroréfrigérantes, réseaux d'eau chaude)
Déforestation
Surexploitation des ressources en eau

2. L'écologie microbienne

Transfert génétique
Adaptation et colonisation de nouvelles niches écologiques
Acquisition de mécanismes de résistance

3. Les avancées scientifiques et le développement de nouvelles technologies

Utilisation des antibiotiques
Traitements immunosuppresseurs
Méthodes de détections des pathogènes
Systèmes de surveillance
Systèmes aéroréfrigérants
Agriculture intensive
Développement industriel
Traitement eau potable/ eau résiduaire
Réseaux d'eau chaude

Figure 3. *Les facteurs potentiels d'émergence et de réémergence des pathogènes dans l'eau.*
Potential factors of emergence and reemergence of pathogens in water.

plus, l'acquisition de gènes de virulence par transfert horizontal peut être responsable de l'émergence ou la réémergence de certains pathogènes tels que *Vibrio cholerae* O139 et *Escherichia coli* O157 :H7 (SHARMA *et al.*, 2003).

Un autre facteur d'émergence de maladies hydriques provient des nouvelles technologies. Afin de répondre aux besoins alimentaires croissants d'une population en constante augmentation, la mise en place de pratiques agricoles intensives

a engendré le rejet de grandes quantités de matières fécales dans une zone localisée. Malgré les bénéfices obtenus par ce type d'agriculture, cette dernière a conduit à une contamination des eaux naturelles par lessivage des sols lors de précipitations (PIMENTEL *et al.*, 2007). De la même manière, la pollution relarguée dans l'environnement par l'intermédiaire des fosses septiques et des usines de traitement des eaux usées constitue aussi un risque de contamination des points de captage (GERBA et SMITH, 2005). Ainsi, lors de fortes précipitations,

des épidémies d'origine hydrique sont souvent en partie imputables à une pollution des ressources utilisées pour la production d'eau potable (RIZAK et HRUDEY, 2007).

Les avancées scientifiques réalisées dans les domaines de l'épidémiologie et la microbiologie ont amplement contribué à accroître nos connaissances sur l'évolution des infections et des maladies qu'elles provoquent. Au cours du XX^e siècle, le développement des méthodes analytiques a été un élément déterminant pour l'identification, la détection et la caractérisation des micro-organismes pathogènes (voie de transmission, réservoir, infection). En 1973, l'utilisation de la microscopie à haute résolution a permis la découverte des rotavirus, cause de gastroentérites sévères chez les enfants (BISHOP *et al.*, 1973). D'autres méthodes analytiques, telles que les milieux de culture sélectifs, ont contribué à l'exploration des pathogènes (Figure 1). Mais l'avancée sans doute la plus remarquable est celle de la technique de PCR qui, avec la méthode de séquençage de SANGER (1977), marquent l'entrée dans une nouvelle ère : celle de l'épidémiologie moléculaire et génomique (DONG, 2008; PALLEN et WREN, 2007). D'autre part, le développement des systèmes de surveillance a également contribué à une meilleure compréhension des épidémies d'origine hydrique (CRAUN *et al.*, 2006; KARANIS *et al.*, 2007; SANGER *et al.*, 1977). Paradoxalement, les succès de la médecine moderne ont participé à l'émergence de nouvelles infections hydriques. En prolongeant l'espérance de vie, la médecine a donné lieu à un nouveau groupe de personnes dont le système immunitaire est affaibli. Ainsi, le vieillissement de la population mondiale, l'utilisation de traitements immunosuppresseurs ainsi qu'une recrudescence des maladies immunodépressives (telles que le SIDA) ont créé une large et grandissante population sensible aux maladies infectieuses (LECLERC, 2003; LEWTHWAITE *et al.*, 2005). La survenue de l'ensemble des agents infectieux, reconnus aujourd'hui comme pathogènes hydriques, a modifié notre conception de la maîtrise de la qualité de l'eau potable. L'absence d'agent pathogène dans l'eau de consommation et donc le risque « zéro » est devenu un objectif irréalisable. Afin d'assurer la sécurité sanitaire de l'eau destinée à la consommation humaine, les autorités publiques et les industriels se sont donc engagés vers une gestion des risques basée sur une approche globale à chaque étape de la chaîne de la production et de la distribution de l'eau potable.

1.2 Les moyens de prévention et les attentes industrielles dans les pays développés

L'eau potable est produite principalement à partir des eaux de surface et souterraines, en fonction des ressources en eau douce disponibles. L'eau captée dans l'environnement est ensuite traitée par différents procédés (OMS, 2008). Les traitements couramment utilisés incluent la coagulation floculation, la

filtration (comme la filtration sur charbon actif ou sur sable) et la désinfection (en utilisant des procédés physiques comme les rayons ultra-violet, ou des réactifs chimiques tels que l'ozone, le chlore, la chloramine et le dioxyde de chlore) en fonction de la qualité de la ressource en eau à traiter (OMS, 2008). Afin de s'assurer de la qualité microbienne dans l'eau potable de l'usine de potabilisation jusqu'aux robinets des consommateurs, une étape de désinfection est généralement réalisée en fin de traitement. Dans cette étape, un agent désinfectant (tel que le chlore, la chloramine ou le dioxyde de chlore) est ajouté et maintenu à une concentration résiduelle dans l'eau potable tout au long de son transit dans le réseau de distribution. Une défaillance dans le système de production et de distribution d'eau potable peut engendrer de graves conséquences sur la santé publique (HRUDEY *et al.*, 2006; RIZAK et HRUDEY, 2007). Par exemple, l'épidémie d'origine hydrique de Walkerton au Canada en 2000 a provoqué 2 300 cas de gastroentérites dont 65 hospitalisations et sept décès (O'CONNOR, 2002). Cette épidémie, causée par les pathogènes *Escherichia coli* O157:H7 et *Campylobacter jejuni*, a été attribuée à une contamination d'un captage, provoquée par du fumier bovin issu d'une ferme locale et de fortes précipitations. L'enquête révéla plusieurs défaillances qui ont contribué à cette tragédie comprenant : une protection insuffisante des captages d'eau souterraine et une déficience des traitements (O'CONNOR, 2002). D'autre part, une mauvaise maintenance du réseau de distribution peut être source d'épidémies hydriques (BEAUDEAU *et al.*, 2007).

Par conséquent, l'ensemble de ces éléments montre la nécessité d'une gestion des risques sanitaires à différents points du système de distribution d'eau potable. Afin de minimiser les risques d'épidémie hydrique, une approche multibarrière est mise en place. Cette approche met l'accent sur trois points. Le premier point est la protection des ressources qui repose sur le fait que la qualité de l'eau en amont a une incidence sur la qualité de l'eau produite. Ainsi, les distributeurs d'eau potable veillent à protéger les ressources en eau par la mise en place de périmètres de protection. Le deuxième point est la sélection et la mise en place d'étapes successives de traitement. En cas de nécessité de traiter des eaux provenant de ressources dégradées, les producteurs et distributeurs d'eau potable cherchent à mettre en œuvre une filière de traitement de manière à réduire successivement les paramètres à risques. Enfin, le dernier point concerne la gestion du réseau de distribution. Ce point a un intérêt majeur dans la mesure où il constitue l'étape finale avant le consommateur. Afin de s'assurer de la stabilité microbiologique de l'eau jusqu'au robinet des consommateurs, un désinfectant à effet bactériostatique est ajouté dans l'eau produite en fin de traitement et maintenue dans le réseau de distribution. De plus, les installations de distribution d'eau doivent être conçues, réalisées et entretenues de manière à empêcher l'introduction ou l'accumulation de microorganismes, de parasites ou de substances constituant un danger potentiel pour la santé des consommateurs.

Chaque point décrit dans cette approche multibarrière doit faire l'objet d'un suivi sanitaire afin de vérifier le bon fonctionnement des ouvrages, ainsi que le respect des normes de qualité de l'eau potable (OMS, 2008). Ce suivi est composé d'un programme de surveillance mis en œuvre par les distributeurs d'eau potable et d'un contrôle sanitaire organisé par les autorités publiques (OMS, 2008). Actuellement, la stratégie de contrôle des risques microbiologiques repose sur la recherche d'organismes indicateurs. Parmi ces indicateurs, on distingue deux types d'organismes. Les germes dits « *germes témoins de contamination fécale* », non directement pathogènes, mais dont la présence laisse supposer l'existence de germes pathogènes pour l'être humain (*Escherichia coli* et les entérocoques). Les germes dits « *indicateurs d'efficacité de traitement* », dont la présence peut révéler un dysfonctionnement des filières de traitement de l'eau potable (les bactéries coliformes totaux, les germes aérobies revivifiables, les bactéries sulfitoréductrices et *Clostridium perfringens*). D'autre part, le suivi en temps réel des caractéristiques physico-chimiques de l'eau potable (température, pH, turbidité, teneur en chlore résiduel, débit) est souvent utilisé comme paramètre additionnel afin d'en assurer la qualité jusqu'au robinet des consommateurs. Malgré l'importance des paramètres physico-chimiques dans le suivi sanitaire de l'eau potable, ceux-ci sont sujets à des limitations dans l'évaluation des risques. La désinfection de l'eau en fin de traitement et le maintien d'une concentration résiduelle de désinfectant dans le réseau de distribution ont un rôle capital dans la sécurité sanitaire de l'eau potable. Ceci est tel que la désinfection ne doit pas être compromise même dans l'optique de contrôler la formation de sous-produits chimiques dans l'eau (OMS, 2008). Néanmoins, cette désinfection a ses limites du fait d'une résistance microbienne aux biocides. Celle-ci provient de différents mécanismes tels que : les propriétés de surface des microorganismes (par exemple les espèces *Cryptosporidium* et *Mycobacterium*), la formation d'agrégats microbiens (particules de charbon actif, biofilms), la résistance acquise par échange génétique et les relations d'endosymbiose avec des organismes supérieurs (BICHAÏ *et al.*, 2008; GAGNON *et al.*, 2005; GERBA *et al.*, 2003; LECHEVALLIER *et al.*, 1984; LEILEI *et al.*, 2008; RUSSEL 1998; STEWART *et al.*, 1990). Bien que l'idée d'une utilisation de la turbidité comme indicateur de contamination microbiologique demeure sujet à discussion (GAUTHIER *et al.*, 2003; KISTEMANN *et al.*, 2002), il n'en reste pas moins que ces paramètres physico-chimiques ne permettent pas une détection spécifique d'une éventuelle contamination microbienne de l'eau potable.

La vérification de la qualité microbiologique de l'eau repose donc principalement sur des indicateurs de contamination fécale et d'efficacité de traitement dont les valeurs paramétriques sont l'absence dans cent millilitres d'eau potable ou des variations dans un rapport de 10 par rapport aux valeurs habituelles, seulement pour le dénombrement des germes aérobies revivifiables. Ces méthodes sont basées sur la faculté des bactéries à croître sur

milieu de culture artificiel. Par conséquent, plusieurs limitations sont liées à cette méthode analytique : la difficulté à cultiver des bactéries stressées par les traitements ou le temps passé dans le réseau de distribution, l'interférence des résultats par la croissance de bactéries non ciblées, le temps de croissance élevé de certaines bactéries (ROMPRÉ *et al.*, 2002; TALLON *et al.*, 2005). Ce dernier point soulève une importante déficience des analyses microbiologiques de l'eau : le temps d'obtention des résultats. En effet, le délai minimal entre l'échantillonnage de l'eau et la communication des résultats bactériologiques est environ 24 heures. Selon les exigences réglementaires, ce délai peut même être plus long dans certains cas où des analyses complémentaires sont nécessaires avant l'émission d'un avis aux autorités sanitaires. L'eau traverse donc le système de distribution et est consommée avant qu'une évaluation ait été faite. De surcroît, le temps d'obtention des résultats ne permet pas une maîtrise des risques dans l'urgence. Par ailleurs, la surveillance bactériologique de routine de l'eau potable, en soi, est un indicateur limité pour assurer la sécurité de la santé publique. Les pratiques actuelles reposent sur un échantillonnage à un temps donné de l'eau complété par une analyse. Or, une contamination microbienne de l'eau potable pouvant conduire à une épidémie est la conséquence de fluctuations spatiales et temporelles du nombre de pathogènes présents dans l'eau. Par conséquent, les analyses microbiologiques actuelles utilisées dans le suivi sanitaire peuvent s'avérer conformes à la réglementation alors qu'une épidémie hydrique s'est produite (CRAUN *et al.*, 2002; NWACHUKU *et al.*, 2002). De plus, les méthodes actuelles sont basées sur la détection bactérienne indicatrice d'une contamination microbienne dans l'eau. Alors que les pathogènes d'origine hydrique peuvent être soit des virus, des protozoaires ou bien des helminthes, plusieurs études ont montré que les indicateurs bactériens peuvent s'avérer inefficaces dans l'évaluation des risques sanitaires d'origine non bactérienne (HARWOOD *et al.*, 2005; MONS *et al.*, 2009; NWACHUKU *et al.*, 2002; WILKES *et al.*, 2009).

En conclusion, les méthodes actuelles utilisées dans le suivi sanitaire souffrent de plusieurs limites, notamment des limites de sensibilité et de spécificité du risque sanitaire dues à des microorganismes pathogènes présents dans l'eau potable. Cependant, leur utilisation ne doit pas être remise en cause étant donné leur efficacité à protéger la santé des populations contre les maladies d'origine hydrique depuis de longue date. Néanmoins, l'évaluation de la qualité de l'eau potable nécessite de nouvelles méthodes analytiques. Les défis relatifs à la gestion des risques infectieux liés à l'eau potable sont multiples. Ceci concerne le développement de méthodes rapides, sensibles et spécifiques. Ces outils de diagnostic devront également permettre une analyse des risques sanitaires de l'ensemble des pathogènes hydriques. De plus, leur fiabilité ainsi que leur accessibilité pour une application en routine devront être prises en considération. Les technologies qui permettront un suivi en temps réel pour plusieurs pathogènes dans l'eau potable

représenteront un progrès énorme en matière de protection de la santé publique.

1.3 Le développement des techniques de biologie moléculaire : progrès et défis

L'évaluation de la qualité microbienne de l'eau destinée à la consommation humaine est, à ce jour, principalement basée sur des techniques de culture. Largement utilisées en raison de leur facilité de mise en œuvre, de leur faible coût et d'une interprétation aisée, ces méthodes souffrent de plusieurs limites de sensibilité et de spécificité. Étant donné les risques sanitaires et l'obligation d'assurer une eau propre à la consommation humaine, il est donc essentiel de développer de nouveaux outils analytiques pour le contrôle de la qualité microbiologique de l'eau potable. Grâce aux progrès réalisés dans le domaine de la biologie moléculaire, de nouvelles méthodes offrent des débouchés prometteurs en matière de suivi sanitaire. Aujourd'hui, on dispose donc d'un large éventail de techniques et d'approches moléculaires en fonction de l'objectif recherché (Figure 4).

La première étape commune à toute méthode, incluant les méthodes classiques sur milieu de culture, consiste à échantillonner un volume suffisant et à concentrer les microorganismes ciblés par une méthode appropriée. Cette concentration est nécessaire car les agents infectieux peuvent être présents en faible concentration, variant significativement

en fonction du type d'organisme ciblé. Différentes procédures peuvent donc être utilisées pour concentrer les microorganismes présents dans des échantillons d'eau telles que : la filtration, l'ultrafiltration, la séparation immunomagnétique, la centrifugation et l'ultracentrifugation (BORCHARDT *et al.*, 2009; BOSCH *et al.*, 2008; KEARNS *et al.*, 2008; HILL *et al.*, 2005; HSU *et al.*, 2001; STRAUB *et al.*, 2005). Bien que la méthode de filtration ne permette pas une rétention de l'ensemble des espèces bactériennes, elle demeure toutefois la méthode la plus couramment utilisée pour les analyses bactériennes en raison de son faible coût et d'un traitement rapide des échantillons (BRETTAR et HÖFLE, 2008; DONG *et al.*, 2010; WANG *et al.*, 2007; YU *et al.*, 2008). En permettant l'analyse de plusieurs dizaines de litres d'eau à forte turbidité, la filtration sur cartouche représente une méthode adaptée pour la recherche des parasites tels que les oocystes de *Cryptosporidium* et les cystes de *Giardia* (CARMENA *et al.*, 2007; HSU *et al.*, 2001). En outre, l'ultrafiltration s'avère être une alternative pour concentrer simultanément les bactéries, les virus et les parasites provenant d'un grand volume d'échantillon (HILL *et al.*, 2007).

Après concentration des microorganismes cibles, l'analyse des échantillons peut être réalisée soit directement par extraction des acides nucléiques, soit indirectement après une étape de culture puisque les techniques de culture restent l'étalon-or dans la détection et l'étude des agents infectieux (Figure 4). L'extraction des acides nucléiques peut être réalisée avec une variété de protocoles qui reposent, pour la plupart, sur une étape

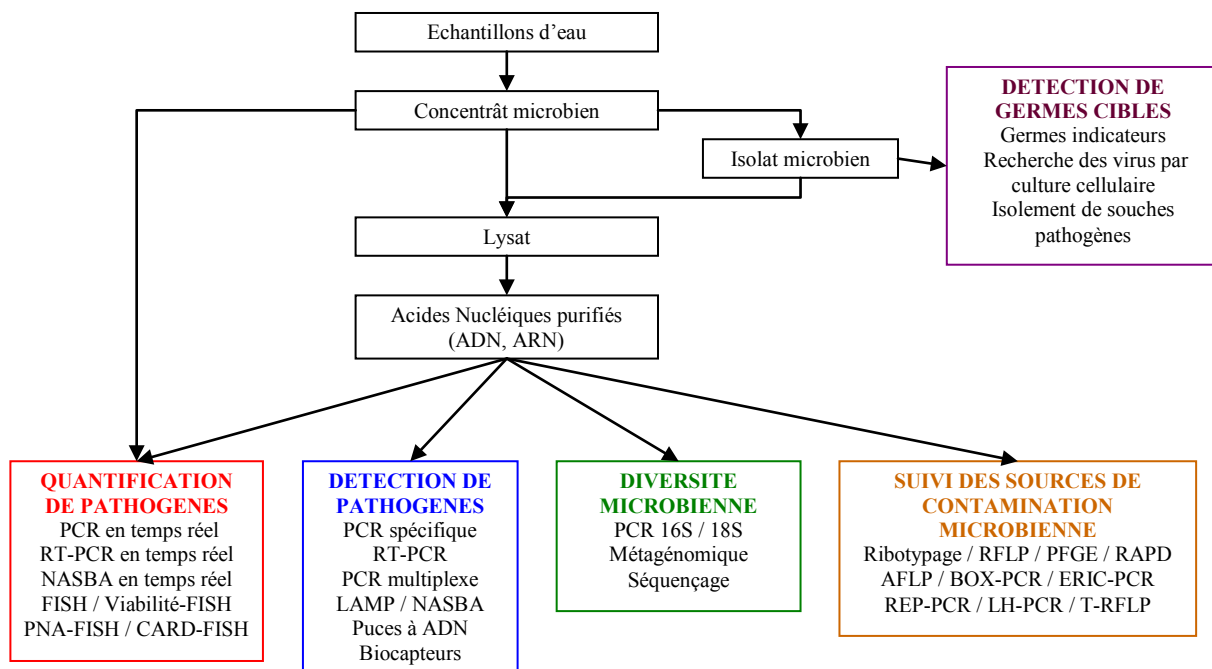


Figure 4. Représentation schématique des différentes étapes et méthodes de biologie moléculaire.
Schematic representation of different stages and methods of molecular biology.

de lyse suivie d'une étape de purification des acides nucléiques extraits. La lyse des microorganismes peut faire appel à un ou plusieurs traitements tels que : des traitements physiques (action mécanique, cycle de congélation-décongélation), des traitements chimiques (des détergents tels que le SDS) ou bien des traitements enzymatiques (lysosyme, protéase) (VALENTIN *et al.*, 2005). Les propriétés des parois cellulaires externes étant différentes en fonction des microorganismes ciblés, un ajustement des traitements mis en jeu lors de l'étape de lyse est nécessaire (WINTZINGERODE *et al.*, 1997). Les acides nucléiques sont ensuite séparés des débris cellulaires généralement à l'aide d'un traitement au phénol-chloroforme et/ou guanidine thiocyanate. Afin d'éliminer les contaminants qui pourraient inhiber les réactions enzymatiques utilisées dans les étapes ultérieures, les acides nucléiques peuvent être purifiés par la méthode de gel filtration sur colonne d'exclusion (PURDY, 2005). Les acides nucléiques sont ensuite concentrés par précipitation avec l'éthanol ou un autre alcool (VALENTIN *et al.*, 2005).

Les acides nucléiques ainsi obtenus peuvent être soit de l'ADN génomique, soit de l'ARN en fonction du type d'organisme ciblé (virus à ARN) et du type de marqueur génétique sélectionné (ARN messenger ou ARN ribosomique) (EICHLER *et al.*, 2006; GARCÈS-SANCHEZ *et al.*, 2009; KEINANEN-TOIVOLA *et al.*, 2006; PERELLE *et al.*, 2009). Toutefois, ces approches analytiques ne permettent pas d'établir une corrélation significative sur la viabilité des microorganismes détectés en raison de la persistance des acides nucléiques après la mort cellulaire (KEER et BIRCH, 2003; MORENO *et al.*, 2007). Afin d'augmenter la spécificité des méthodes moléculaires, une méthode simple pour caractériser les organismes viables consiste à traiter les échantillons avec une sonde intercalant de l'ADN telle que le monoazide d'éthidium (EMA) ou le monoazide de propidium (PMA), avant extraction de l'ADN génomique (NOCKER et CAMPER, 2006; NOCKER *et al.*, 2006; NOCKER *et al.*, 2007). Alors que l'application de l'EMA est entravée par le fait qu'il peut aussi pénétrer dans des cellules vivantes, le PMA semble être le plus spécifique des cellules dont la membrane est altérée (NOCKER *et al.*, 2006). Récemment, une nouvelle approche pour la détection préférentielle des cellules viables a été proposée par NOCKER et CAMPER (2009); elle repose toujours sur un prétraitement avant extraction de l'ADN qui permettrait de sélectionner cette fois-ci les bactéries sur un critère d'activité métabolique. Toutefois, l'application de tels traitements dans l'optique de différencier les cellules viables de l'ensemble des communautés bactériennes présentes dans l'eau potable requiert des mises au point.

Plusieurs méthodes moléculaires ont été développées pour la détection et/ou la quantification des agents pathogènes, l'étude de la diversité microbienne globale, ainsi que le suivi des sources

de contamination microbienne dans l'eau (Figure 4). Grâce à sa grande sensibilité, la technique de PCR permet la détection d'agents pathogènes en quelques heures dans un échantillon donné. La méthode de PCR en transcription inverse (RT-PCR) offre la possibilité de détecter la présence de molécules d'ARN spécifiques, notamment les virus à ARN (GARCÈS-SANCHEZ *et al.*, 2009). Afin de détecter l'ensemble des pathogènes d'origine hydrique, un large éventail de gènes ciblés peut être utilisé. Pour les eucaryotes et procaryotes, les gènes cibles incluent les gènes dits « ménagers » (tels que les protéines de choc thermique), les gènes ribosomiques (les ADNr 16S et ADNr 18S) et les gènes de virulence (tels que les gènes codants pour des toxines). Dans le cas des virus, les gènes cibles peuvent être des gènes codants pour des protéines de structure (telles que les protéines constituant la capsid) ou des protéines de fonction (telles que les polymérases) (JIANG, 2006; LE GUYADER *et al.*, 2003; VAN HEERDEN *et al.*, 2003). Grâce à la conception de nombreuses amorces et de sondes nucléotidiques, les techniques de PCR multiplexe et de puce à ADN ont rendu possible la détection simultanée de plusieurs agents pathogènes (CHO *et al.*, 2000; MAYNARD *et al.*, 2005). Afin de diminuer le temps d'obtention des résultats ainsi que les équipements requis pour la détection moléculaire de pathogènes, les méthodes LAMP (loop-mediated isothermal amplification) et NASBA (nucleic acid sequence based amplification), basées sur l'amplification isotherme d'acides nucléiques, ont été développées (KARANIS *et al.*, 2007; HEIJNEN et MEDEMA, 2009). Un module de biocapteur microfluidique permet la détection d'organismes pathogènes (*Escherichia coli*, les spores de *Bacillus anthracis*, les oocystes de *Cryptosporidium parvum*) en seulement 15 à 20 minutes (BAEUMNER *et al.*, 2003; NUGEN et BAEUMNER, 2008; ZAYTSEVA *et al.*, 2005). De plus, une plateforme automatisée a été mise au point, permettant ainsi la concentration, la purification et la détection de pathogènes par PCR (STRAUB *et al.*, 2005). Même si ces nouvelles méthodes ne permettent pas l'analyse d'un grand volume d'échantillon, elles nécessitent toutefois une amélioration de leurs limites de détection. Ce type de technologie offre des perspectives prometteuses vers une analyse en continu des pathogènes d'origine hydrique présents dans l'eau potable.

Bien que la détection permette un diagnostic rapide sur la présence/absence de pathogène dans l'eau, une quantification des agents infectieux représente une question essentielle pour l'analyse des risques sanitaires. Ceci peut être réalisé par les techniques NASBA et PCR en temps réel, cette dernière pouvant être précédée d'une étape de transcription inverse (RT-PCR en temps réel) pour la détection de molécules d'ARN (GARCÈS-SANCHEZ *et al.*, 2009; HEIJNEN et MEDEMA, 2009). Les résultats ainsi obtenus sont exprimés en nombre de copies de génome par volume mais cette valeur n'est pas identique au nombre de cellules par volume qui peut être obtenue par les techniques de microscopie telles que la

méthode FISH (fluorescence *in situ* hybridization) (AMANN *et al.*, 1995). L'hybridation de sondes nucléotidiques, marquées par fluorescence et ciblées contre les ARN ribosomiques, permet la détection et la quantification de groupes d'espèces ou d'espèces microbiennes sans étape de culture (AMANN *et al.*, 1995; MANZ *et al.*, 1993). Des approches multiparamétriques, combinant les sondes physiologiques (fluorophores tels que l'iodure de propidium ou le SYTO-9) avec les sondes taxonomiques (celles utilisées avec la méthode FISH) permettent d'évaluer la viabilité d'espèces microbiennes ciblées (SAVICHTCHEVA *et al.*, 2005). De plus, la méthode FISH a été améliorée en utilisant une séquence d'acide nucléique peptidique (PNA-FISH) à la place d'une sonde d'ADN, favorisant ainsi la pénétration de la sonde à travers la paroi externe des microorganismes (STENDER *et al.*, 2002). Une autre variante de la technique FISH a été développée, la méthode CARD-FISH (catalyzed reporter deposition fluorescent *in situ* hybridization) qui facilite la détection des microorganismes avec une faible concentration intracellulaire d'ARN tels que ceux rencontrés dans des environnements oligotrophes comme l'eau potable (WILHARTITZ *et al.*, 2007).

L'émergence et la réémergence de certains pathogènes indiquent que la présence de microorganismes pathogènes, non considérés comme étant d'intérêt, peut représenter une menace future pour la santé des consommateurs. À l'aide d'amorces nucléotidiques dites universelles, l'amplification par PCR des gènes codant les ARNs ribosomiques (ADNr 16S et ADNr 18S) et le séquençage de ces produits de PCR ont permis d'identifier l'ensemble des microorganismes pathogènes et non pathogènes dans l'eau (EICHLER *et al.*, 2006; SLAPETA *et al.*, 2005; VALSTER *et al.*, 2009; WILLIAMS *et al.*, 2004). Depuis l'avènement du pyroséquençage, il est devenu possible de surmonter les problèmes d'échantillonnage des banques d'ADNr 16S et de diminuer les coûts de séquençage (HUBER *et al.*, 2007; SOGIN *et al.*, 2006). De manière plus globale, les approches métagénomiques ont apporté une compréhension plus précise des espèces microbiennes, de la variabilité de leur génome, et de la distribution intra- et inter-espèce des gènes et des voies biochimiques (AUDIC *et al.*, 2007; HEINEMANN *et al.*, 2006; LU *et al.*, 2007; SCHMEISSER *et al.*, 2003). Toutefois, l'ensemble de ces techniques apporte une grande quantité de séquences qui nécessite un certain niveau d'expertise pour l'analyse des données.

Les techniques d'analyse microbiologique basées sur la recherche de germes indicateurs permettent la détection d'éventuelle contamination microbienne du système de distribution d'eau potable. Dès lors qu'une telle contamination est détectée, il est nécessaire de remonter à la source de cette défaillance afin d'établir les mesures correctives et préventives adéquates. Dans ce domaine, plusieurs méthodes de biologie moléculaire ont été développées afin de déterminer de manière

précise l'origine d'une contamination microbienne (Figure 4). Ces méthodes de suivi des sources de contamination ont permis de distinguer les contaminations d'origine fécale provenant de bétails, de la faune ou bien de l'homme (TALLON *et al.*, 2005). Parmi ces méthodes, certaines sont fondées sur des techniques de « fingerprint » de l'ADN génomique (PFGE, ribotypage) ou bien d'ADN amplifié par PCR (RFLP, RAPD, AFLP, BOX-PCR, REP-PCR, ERIC-PCR) provenant d'isolats microbiens (MEAYS *et al.*, 2004; SIMPSON *et al.*, 2002). Ces techniques permettent donc de différencier les espèces ou les sous-espèces microbiennes à partir de leur polymorphisme génétique (AYDIN *et al.*, 2007; TACÃO *et al.*, 2005). Bien que ces approches peuvent s'avérer des outils précieux lors d'études épidémiologiques (CASINI *et al.*, 2008; FICA *et al.*, 1996; HAKKINEN *et al.*, 2009), elles nécessitent toutefois l'isolement sur milieu de culture de souches environnementales ainsi qu'une base de données de profils génétiques (SANTO DOMINGO *et al.*, 2007). Afin de palier à ces limitations, les méthodes de LH-PCR (length-heterogeneity-PCR) et de T-RFLP (terminal restriction fragment length polymorphism) ont été développées comme techniques alternatives (FIELD *et al.*, 2003). Mais l'usage de ces approches demeure limité dans le domaine de la microbiologie industrielle en raison d'un équipement onéreux (MEAYS *et al.*, 2004; SIMPSON *et al.*, 2002).

En conclusion, la biologie moléculaire a apporté de grands progrès dans le domaine analytique pour la surveillance de la qualité microbiologique de l'eau potable. Toutefois, des difficultés demeurent dans le développement d'une méthode universelle pour collecter, traiter et analyser un échantillon d'eau. En effet, ces techniques moléculaires nécessitent des contrôles cruciaux à chaque étape de l'analyse tels que la concentration, l'extraction des acides nucléiques, la détection et/ou la quantification des microorganismes ciblés. Par ailleurs, une grande partie de ces analyses repose sur l'utilisation d'amorces et de sondes nucléotidiques de gènes ciblés. Alors que le nombre de séquences génétiques dans les banques de données ne cesse de croître de manière exponentielle, il est nécessaire de vérifier la spécificité des amorces utilisées pour la détection et la quantification des espèces pathogènes avec les données actuelles. Malgré le développement de nouveaux outils bioinformatiques, des difficultés importantes subsistent en raison d'une annotation et d'une organisation insuffisantes des séquences ainsi que la présence de nombreuses séquences erronées (telles que les chimères) dans les banques de données (CHRISTEN, 2008; HUGENHOLTZ et HUBER, 2003). Dès lors, l'identification des séquences d'ADN, obtenues par les méthodes de séquençage de SANGER (1977) ou de pyroséquençage, est aussi sujette à ce type de complication, nécessitant ainsi un certain niveau d'expertise dans l'analyse des données. Par conséquent, il y a un besoin d'amélioration technologique, de normalisation, de validation et d'automatisation de ces techniques en vue d'une application

systematique pour l'analyse de l'eau potable. Par ailleurs, ces technologies moléculaires ne donnent pas encore suffisamment d'information sur la viabilité et la virulence des microorganismes détectés. Dans l'optique d'une application dans la surveillance sanitaire de l'eau potable, ces méthodes de biologie moléculaire doivent encore être améliorées afin d'accroître leur précision, leur fiabilité et leur sensibilité.

L'une des conséquences les plus intéressantes des approches moléculaires, pour l'étude des microorganismes dans les eaux traitées ou non, est que le concept de la mort cellulaire a été reconsidéré en raison de la découverte de stratégies de survie adoptées par les microorganismes.

2. L'ÉCOLOGIE MICROBIENNE DANS LE RÉSEAU DE DISTRIBUTION D'EAU POTABLE

2.1 La découverte de la partie cachée de l'iceberg : les microorganismes non cultivables

Pendant longtemps, l'absence de croissance de microorganismes sur un milieu de culture signifiait leur absence ou leur mort. Le développement des techniques analytiques de biologie moléculaire et cellulaire a rendu possible l'étude directe des espèces microbiennes au niveau cellulaire sans étape de culture (AMANN *et al.*, 1995; JOUX et LEBARON, 2000). Le développement d'instruments de mesure, tels que la cytométrie en phase solide ou en flux, a également contribué à l'utilisation de ces méthodes directes en microbiologie industrielle (ALLEGRA *et al.*, 2008; LEPEUPLE *et al.*, 2004; PHE *et al.*, 2005). En comparant les données obtenues avec ces méthodes directes et les techniques de cultures traditionnelles, il a été montré que seulement à 0,001 à 15 % de la flore microbienne totale est cultivable dans un environnement donné (AMANN *et al.*, 1995). Dans l'eau potable, la proportion de microorganismes cultivables peut être comprise entre 0,01 et 0,42 % du nombre de cellules totales (BERNEY *et al.*, 2008). Bien que cette disparité puisse être en partie attribuable à l'utilisation de conditions de culture inappropriées (temps et température d'incubation, composition du milieu) pour certaines espèces microbiennes ou bien à la présence de cellules mortes, il est maintenant reconnu que les méthodes de culture peuvent considérablement sous-estimer la diversité des espèces microbiennes présentes dans un environnement (AMANN *et al.*, 1995).

Les microorganismes présents dans l'environnement, notamment dans l'eau potable, sont exposés à des conditions de stress telles une faible concentration en nutriments, une action

oxydante des agents désinfectants ou bien des variations de température. Grâce au développement de sondes fluorescentes, différentes fonctions physiologiques et structures cellulaires peuvent être évaluées telles que le potentiel membranaire, l'activité enzymatique, l'intégrité membranaire (Figure 5) ou bien l'activité des pompes à flux cellulaire (JOUX et LEBARON, 2000). À travers l'utilisation de sondes fluorescentes, plusieurs études ont ainsi évalué l'état physiologique ainsi que la croissance sur un milieu de culture donné de plusieurs espèces microbiennes soumises à des conditions de stress (par exemple : une carence en nutriments, des variations de température et de pH ainsi que la présence d'agents bactéricides). Ainsi, il a été montré que des microorganismes soumis à un ou plusieurs stress environnementaux, après inoculation dans un microcosme simulant les conditions rencontrées dans l'eau potable, perdent leurs capacités à croître sur un milieu de culture artificiel mais conservent une activité cellulaire ou une membrane externe intacte (BOULOS *et al.*, 1999; CHANG *et al.*, 2007; LIU *et al.*, 2008; WONG et WANG, 2004). Bien que l'utilisation d'un milieu appauvri en éléments nutritifs permette une plus grande récupération des cellules microbiennes présentes dans l'eau, il n'en reste pas moins que le taux de récupération des microorganismes présentant une activité cellulaire par les techniques de culture demeure faible (BERNEY *et al.*, 2008; REASONER et GELDREICH, 1985; SERVAIS *et al.*, 2009).

Au cours de ces dernières années, un corpus important de travaux a été publié dans lequel les méthodes de culture et d'analyse directe ont été comparées. Ces données montrent qu'une variété d'espèces microbiennes, soumises à diverses conditions de stress (simulant celles rencontrées dans les environnements naturels), perdent leur cultivabilité mais conservent des caractères de viabilité cellulaire (OLIVER, 2005). Ainsi, le terme d'état viable mais non cultivable (VNC) a été introduit pour décrire des microorganismes viables, déterminé par des marqueurs de viabilité, mais qui ne sont plus cultivables dans des conditions de culture standard (OLIVER, 2005; XU *et al.*, 1983). Les microorganismes qui entrent dans un état viable mais non cultivable subissent généralement un certain nombre de changements physiologiques (des modifications d'expression génique, métabolique ou de la composition membranaire) et morphologique (McDOUGALD *et al.*, 1998; OLIVER, 2005). L'entrée des cellules dans un état VNC a été proposée comme une stratégie de survie des microorganismes en réponse à des conditions environnementales hostiles (OLIVER, 2005). Bien que ce concept d'état VNC ne soit pas universellement partagé et que certains chercheurs ont argumenté en faveur d'une sénescence cellulaire engendrant une perte de la cultivabilité des cellules microbiennes (NYSTRÖM, 2001), l'existence d'un tel état VNC a été décrit pour un grand nombre d'espèces microbiennes incluant aussi bien des bactéries Gram négatives que positives (OLIVER, 2005; SIGNORETTO et CANEPARI, 2008). Parmi ces bactéries figurent la plupart des pathogènes d'origine hydrique tels que *Shigella dysenteriae*,

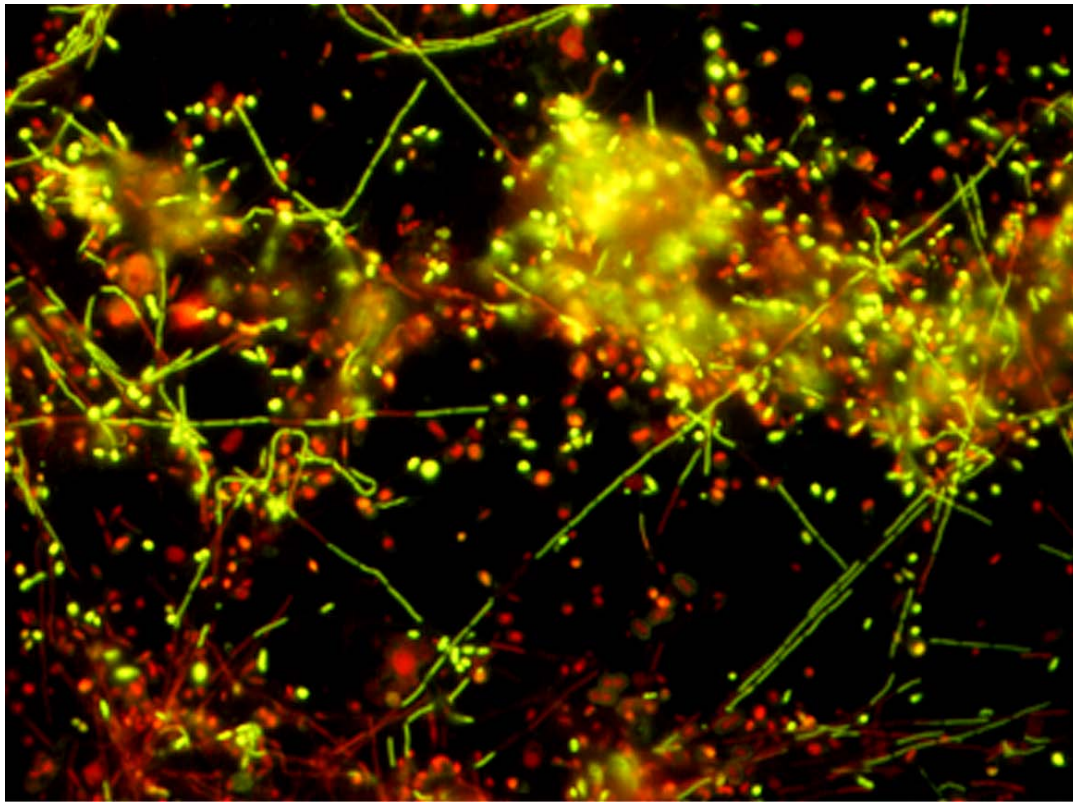


Figure 5. Observation microscopique, après marquage avec les fluorophores SYTO-9 et l'iodure de propidium (LIVE/DEAD BacLight), des microorganismes d'un biofilm formé sous l'action d'une eau de surface prétraitée (donnée personnelle). Le fluorophore SYTO-9 pénètre dans toutes les cellules engendrant une fluorescence verte des cellules, alors que l'iodure de propidium pénètre seulement dans les cellules dont les membranes sont endommagées, et la combinaison des deux colorations produit une fluorescence rouge.
Microscopic observation, after labeling with fluorescent dyes SYTO-9 and propidium iodide (LIVE/DEAD BacLight), of microorganisms of a treated water biofilm (personal data).

Escherichia coli O157:H7, *Vibrio cholerae* O1, *Burkholderia pseudomallei*, *Legionella pneumophila*, *Salmonella enterica*, *Campylobacter jejuni* ou *Helicobacter pylori* (ALAM *et al.*, 2007; CAPPELIER *et al.*, 1999; CHANG *et al.*, 2007; HOWARD et INGLIS, 2003; LIU *et al.*, 2008; MORENO *et al.*, 2007; RAHMAN *et al.*, 1996; REISSBRODT *et al.*, 2000). Il a été également montré que les agents pathogènes à l'état VNC peuvent conserver des caractères de virulence (COLWELL *et al.*, 1996; JOLIVET-GOUGEON *et al.*, 2006; RAHMAN *et al.*, 1996). Une expérience sur la pathogénicité potentielle de cellules à l'état VNC a été réalisée en inoculant une souche atténuée de *Vibrio cholerae* O1 à l'état viable mais non cultivable chez plusieurs volontaires (COLWELL *et al.*, 1996). Les résultats ont ainsi montré la capacité de *Vibrio cholerae* à l'état VNC à se multiplier dans l'intestin humain (COLWELL *et al.*, 1996). D'autres pathogènes d'origine hydrique (tels que *Salmonella typhimurium*, *Campylobacter jejuni* ou bien *Shigella dysenteriae*) ont montré une capacité à maintenir un ou plusieurs facteurs de virulence (tels que la production de

toxines ou l'adhésion à des cellules de l'épithélium intestinal) lorsque les cellules sont à l'état VNC (JOLIVET-GOUGEON *et al.*, 2006; KLANČNIK *et al.*, 2009; RAHMAN *et al.*, 1996). Alors que certains auteurs ont apporté des preuves sur des effets pathogènes causés par des cellules à l'état VNC, d'autres ont toutefois observé une perte de la pathogénicité chez certaines espèces pathogènes (CAPPELIER *et al.*, 2005; CARO *et al.*, 1999). Finalement, la virulence d'espèces microbiennes à l'état VNC demeure sujette à discussion et davantage de données sont requises afin de mieux caractériser le danger sanitaire potentiel lié à la présence de pathogènes hydriques à l'état VNC.

L'utilisation des techniques analytiques sans culture préalable de microorganismes a révélé l'existence d'une vaste diversité microbienne cultivable et non cultivable présente dans le système de distribution d'eau potable. Cette compréhension de l'écologie microbienne dans le système de distribution est nécessaire afin de concevoir des stratégies de contrôle efficaces et novatrices qui garantiront la sécurité sanitaire de l'eau potable.

2.2 La diversité des espèces microbiennes dans l'eau potable

Les limites fixées pour la qualité microbiologique de l'eau potable peuvent aboutir à la conception erronée de conditions quasi stériles dans l'eau potable. Cette idée fausse peut provenir d'une part de l'absence de germes indicateurs dans l'eau potable (par exemple : les coliformes totaux et *Escherichia coli*). D'autre part, il est souvent perçu que les microorganismes peuvent difficilement survivre aux différents traitements de potabilisation. Or, les techniques de culture, comme celles utilisées pour le suivi de la qualité de l'eau potable, sous-estiment sévèrement la diversité microbienne dans l'eau potable. En effet, les cellules microbiennes dans l'eau peuvent être difficilement isolées par des techniques de culture, et les microorganismes peuvent adopter un état cellulaire dit viable mais non cultivable. Par ailleurs, les producteurs d'eau potable mettent en œuvre des filières de traitements dans l'optique de diminuer successivement les microorganismes présents dans l'eau. Étant donné les conditions hostiles que représentent les traitements de potabilisation pour la vie microbienne, la présence de microorganismes dans l'eau potable est souvent perçue comme une éventuelle défaillance dans le processus de traitement ou dans le système de distribution. Malgré l'action bactéricide des agents désinfectants, cette étape de désinfection ne constitue pas, par définition, une stérilisation de l'eau potable. Alors que les filières de traitement permettent d'atteindre les obligations de résultats fixées par la législation, les usines de potabilisation actuelles ne permettent pas une rétention complète de l'ensemble des microorganismes dans l'eau. Par conséquent, une diversité microbienne cultivable et non cultivable peut être détectée dans l'eau potable en fin de traitement. Parmi la diversité microbienne rencontrée dans l'eau en sortie d'usine de traitement, on peut observer la présence de virus (RINTA-KANTO *et al.*, 2004), de bactéries (HOEFEL *et al.*, 2005; TOKAJIAN *et al.*, 2005; ULTEE *et al.*, 2004), de champignons (NIEMI *et al.*, 1982; ZACHEUS *et al.*, 2001), de protozoaires (HOFFMAN et MICHEL 2001; THOMAS *et al.*, 2008) ou d'invertébrés (CHANG *et al.*, 1960).

L'objectif des différents procédés utilisés dans le traitement de l'eau potable est d'éliminer les microorganismes pathogènes présents dans l'eau. Les principaux mécanismes d'élimination des microorganismes auxquels font appel ces procédés de traitement sont basés sur l'adsorption (coagulation-floculation, filtration), l'exclusion stérique (filtration) et la perte de viabilité cellulaire (désinfection). Ainsi, chaque étape de traitement peut affecter la composition et la structure des communautés microbiennes présentes dans l'eau traitée (EICHLER *et al.*, 2006; KORMAS *et al.*, 2010; NORTON et LECHEVALLIER, 2000). De plus, une étude basée sur l'analyse des séquences d'ADNr 16S indique que la diversité microbienne peut être aussi impactée par la stratégie de désinfection, notamment l'utilisation du chlore ou chloramine (WILLIAMS *et al.*, 2004). Par conséquent, le choix des procédés de traitement

utilisés pour la production d'eau potable influence donc la diversité microbienne présente dans l'eau en fin de traitement. Par ailleurs, la majorité des usines de potabilisation dans le monde utilise soit les eaux de surface, soit les eaux souterraines. En analysant les variations des populations microbiennes dans l'eau provenant de différents systèmes de production, plusieurs études ont ainsi montré que l'origine de la ressource en eau utilisée affecte la microflore présente dans l'eau en fin de traitement (EICHLER *et al.*, 2006; HUMRIGHOUSE *et al.*, 2006). Ces travaux indiquent également que plusieurs groupes microbiens, détectés dans l'eau potable produite, sont aussi présents dans l'eau brute, suggérant ainsi que certaines espèces microbiennes peuvent traverser les différentes barrières de traitement (EICHLER *et al.*, 2006).

Certains microorganismes présents dans les eaux à potabiliser peuvent entrer, passer au travers et se reproduire à l'intérieur des procédés de traitement (les milieux filtrants : charbon activé et sable) (HAMMES *et al.*, 2008; SCHREIBER, 1997). En plus de facteurs extrinsèques liés à la qualité de l'eau traitée (tels que le pH, la température et la turbidité) qui peuvent influencer l'efficacité des traitements de potabilisation (HUANG *et al.*, 1997), plusieurs facteurs intrinsèques liés aux microorganismes peuvent conduire à la pénétration au travers d'une partie ou de l'ensemble des ces barrières de traitement. L'élimination des microorganismes par adsorption est régie par des interactions électrostatiques et hydrophobes. HERATH *et al.* (1999) ont ainsi montré que l'élimination des coliphages par microfiltration était liée à leurs charges électrostatiques et leurs points isoélectriques. Ce processus dépend donc des propriétés physico-chimiques des microorganismes et des adsorbants (BUSSCHER *et al.*, 2008; LANGLET *et al.*, 2009; RIZZO *et al.*, 2008). Par ailleurs, les procédés de traitement par exclusion stérique seuls (filtration) peuvent s'avérer peu efficaces dans la rétention des virus en raison de leur faible taille, comprise entre 100 et 20 nm environ (FIKSDAL et LEIKNES, 2006). Ainsi, la désinfection constitue généralement la principale barrière contre les agents pathogènes, notamment les virus. Malgré l'action bactéricide de ces traitements, certains microorganismes peuvent survivre aux traitements de désinfection. Une résistance peut être conférée par des propriétés de surface cellulaires telles que la paroi cellulaire des Mycobactéries ou des bactéries à Gram positif (GERBA *et al.*, 2003). De la même façon, la capside virale complexe de l'adénovirus type 40, composée de plusieurs protéines de capside et de fibres protéiques, apparaît comme un mécanisme de protection aux radiations UV (THURSTON-ENRIQUEZ *et al.*, 2003). De plus, certains microorganismes sont capables de produire un stade cellulaire hautement résistant aux traitements de désinfections; c'est le cas des bactéries sporulées (telles que les espèces du genre *Bacillus*), des spores de champignons, des oocystes et des kystes des protozoaires (comme les espèces appartenant aux groupes des *Cryptosporidium*, *Giardia* et des microsporidies) (BETANCOURT et ROSE, 2004;

DUMÈTRE *et al.*, 2008; GERBA *et al.*, 2003; RESTAINO *et al.*, 1995; RIDGWAY et OLSON, 1982). Pour qu'une désinfection soit efficace, un contact entre les désinfectants et les microorganismes est nécessaire. Par conséquent, les capacités des microorganismes à coloniser des particules et à s'agréger peuvent ainsi influencer l'action des désinfectants (CAMPER *et al.*, 1986; GASSILLOU et GANTZER, 2005; HOFF et AKIN, 1986; LECHEVALLIER *et al.*, 1984; LEILEI *et al.*, 2008; STEWART *et al.*, 1990). D'autre part, le mode et le site d'action des désinfectants peuvent être aussi la cible de résistance chez certains microorganismes. La capacité d'une désinfection aux rayons UV dépend de la formation de dimères thymidiques dans le génome des microorganismes irradiés. Cette désinfection aux rayons UV peut donc être compromise par des mécanismes de réparation microbiens (BOHREROVA et LINDEN, 2006; SIRIKANCHANA *et al.*, 2008). De plus, certains microorganismes pathogènes peuvent demeurer viables à l'intérieur de certains organismes supérieurs tels que des invertébrés ou des protozoaires (BICHAI *et al.*, 2008). Le cas bien connu de la répllication de *Legionella* à l'intérieur d'amibes n'est qu'un exemple de microorganismes pathogènes bénéficiant d'une protection et d'une structure résistante contre l'action des bactéricides, permettant ainsi le transport et la survie de pathogènes d'origine hydrique au travers des systèmes de production et de distribution d'eau potable (BICHAI *et al.*, 2008). Après traitement, l'eau potable constitue un milieu pauvre en nutriments représentant ainsi un environnement oligotrophe. Dans ces conditions, les cellules microbiennes peuvent adopter des changements physiologiques (réduction de l'activité métabolique) et morphologiques (réduction de la taille cellulaire) (KLANČNIK *et al.*, 2009). Considéré comme une stratégie de survie à une carence en nutriments, cet état cellulaire chez les bactéries peut conférer une résistance aux désinfectants (LISLE *et al.*, 1998; SABY *et al.*, 1999). Par conséquent, les microorganismes présents dans l'eau disposent donc d'un éventail de stratégies leur permettant de survivre à un ou plusieurs des traitements mis en œuvre pour la production d'eau potable.

Bien que les filières de traitement permettent d'éliminer un grand nombre de composés organiques dans l'eau (MATILAINEN *et al.*, 2002), la matière organique restante peut être source de nutriments pour la croissance microbienne dans le réseau de distribution d'eau potable (GAGNON *et al.*, 2000; LECHEVALLIER *et al.*, 1987; LECHEVALLIER *et al.*, 1991; VOLK et LECHEVALLIER, 1999). La flore microbienne rencontrée dans l'eau potable peut donc être composée de microorganismes hétérotrophes qui utilisent la matière organique biodégradable comme source d'énergie. Ceci est notamment le cas de certains protozoaires (tels que des ciliés, des flagellés et des amibes), bactéries, champignons (tels que des levures et des moisissures), ou bien de certains métazoaires (tels que des rotifères et des nématodes) (AMBLARD *et al.*, 1996; GONÇALVES *et al.*, 2006; HAGESKAL *et al.*, 2006;

NORTON et LECHEVALLIER, 2000; TOKAJIAN *et al.*, 2005). Par ailleurs, des microorganismes chimiotrophes facultatifs ou stricts, utilisant les composés minéraux comme source d'énergie et le CO₂ comme source de carbone, peuvent également être présents dans l'eau potable. Le métabolisme de ces microorganismes peut utiliser soit des éléments ou des ions nitrite (tels que *Nitrobacter* et *Nitrospira*), ammonium (tels que *Nitrosomonas*, *Nitrosococcus* et *Nitrosospira*), fer ferreux et/ou manganèse (tels que *Gallionella*, *Siderocapsa*, *Pedomicrobium* et *Thiobacillus*), ainsi que les ions sulfate, thiosulfate et sulfite (tels que *Desulfovibrio* et *Desulfotomaculum*) (HOLT *et al.*, 1994; SLY *et al.*, 1990). La présence en faible quantité de microorganismes phototrophes (diatomophycées) a également été signalée dans des réservoirs d'eau potable (AMBLARD *et al.*, 1996).

L'ensemble des microorganismes présents dans l'eau potable peut être regroupé en trois catégories, comprenant la flore microbienne indigène, les pathogènes potentiels et les germes indicateurs, ainsi que les microorganismes nuisibles (Tableau 1). La flore bactérienne indigène est principalement composée d'espèces ou de groupes d'espèces couramment identifiés dans les environnements aquatiques et terrestres (NORTON et LECHEVALLIER, 2000; TOKAJIAN *et al.*, 2005). En plus des pathogènes d'origine hydrique reconnus (section 1.2), des espèces microbiennes potentiellement pathogènes peuvent aussi être présentes dans l'eau potable (Tableau 1). Ceci comprend principalement des espèces impliquées dans des infections opportunistes ou nosocomiales (PAVLOV *et al.*, 2004). Bien que les cyanobactéries ne soient pas directement responsables de maladies infectieuses, certaines espèces, produisant des toxines, peuvent proliférer dans les eaux de surface et les bassins filtrants (AWWA, 2004). Les toxines relarguées dans le milieu (par exemple la microcystine LR produite par *Microcystis aeruginosa*) peuvent ainsi contaminer les filières de traitements ou bien l'eau produite en fin de traitement (HITZFELD *et al.*, 2000; HOEGER *et al.*, 2005). Ceci a donc conduit l'OMS à publier une valeur limite indicative de 1 µg•L⁻¹ de microcystine dans l'eau potable (OMS, 2008). Les microsporidies, organismes unicellulaires appartenant au groupe des champignons, peuvent être également impliquées dans des cas de diarrhées chez des personnes immunodéprimées, particulièrement chez les personnes atteintes du SIDA (LEWTHWAITE *et al.*, 2005; NWACHUKU et GERBA, 2004). Les champignons présents dans l'eau potable sont généralement considérés comme des contaminants. Alors que certaines espèces de champignons peuvent causer des infections chez l'homme, telles que des allergies et des infections respiratoires, le risque sanitaire lié à une contamination de l'eau potable par ce type de microorganismes demeure, à ce jour, partiellement caractérisé (HAGESKAL *et al.*, 2009). Le dernier groupe d'organismes pouvant être présent dans l'eau potable concerne les microorganismes nuisibles (Tableau 1). Ces derniers ne représentent pas une menace pour la santé

Tableau 1. Exemples de microorganismes pouvant être isolés dans l'eau potable.**Table 1. Examples of microorganisms that can be isolated in drinking water.**

Flore bactérienne indigène	Pathogènes potentiels et germes indicateurs	Microorganismes nuisibles
<i>Herminimonas aquatilis</i> (Kämpfer <i>et al.</i>, 2006a) <i>Methylobacterium isbiliense</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2005a) <i>Methylobacterium adhaesivum</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2006a) <i>Polaromonas aquatica</i> (Kämpfer <i>et al.</i>, 2006b) <i>Undibacterium pigrum</i> (Kämpfer <i>et al.</i>, 2007) <i>Roseomonas aquatica</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2006b) <i>Pedobacter aquatilis</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2006c) <i>Methylobacterium hispanicum</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2005b) <i>Methylobacterium aquaticum</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2005b) <i>Massilia aurea</i> (Gallego <i>et al.</i>, 2006d) <i>Aeromonas popoffii</i> (Huys <i>et al.</i>, 1997) <i>Arthrobacter</i> sp., <i>Acinetobacter</i> sp., <i>Bacillus</i> sp., <i>Corynebacterium</i> sp., <i>Micrococcus</i> sp., <i>Staphylococcus</i> sp., <i>Pseudomonas</i> sp. (LeChevallier <i>et al.</i>, 1980) <i>Acidovorax</i> sp., <i>Bacillus</i> sp., <i>Nocardia</i> sp., <i>Rhodococcus</i> sp. (Norton et LeChevallier 2000) <i>Acidovorax</i> sp., <i>Pseudomonas</i> sp., <i>Bradyrhizobium</i> sp., <i>Phyllobacterium</i> sp., <i>Mycobacterium</i> sp., <i>Methylobacterium</i> sp., <i>Bacillus</i> sp., <i>Nocardia</i> sp. (Tokajian <i>et al.</i>, 2005)	Bactéries <i>Aeromonas</i> sp. (Razzolini <i>et al.</i>, 2008) <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Penna <i>et al.</i>, 2002) <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> (Hall <i>et al.</i>, 2004) <i>Sphingomonas paucimobilis</i> (Perola <i>et al.</i>, 2002) <i>Acinetobacter baumannii</i> et <i>A. calcoaticus</i> (Anaissie <i>et al.</i>, 2002) <i>Flavobacterium meningosepticum</i> (Rusin <i>et al.</i>, 1997) Microsporidies <i>Enterocystozoon</i> sp., <i>Encephalitozoon</i> sp. (Nwachuku et Gerba 2004) Champignons <i>Aspergillus</i> sp., <i>Penicillium</i> sp., <i>Cladosporium</i> sp., <i>Trichoderma</i> sp. (Hageskal <i>et al.</i>, 2006)	Bactéries du Souffre bactéries sulfatoreductrices <i>Desulfovibrio</i> et <i>Desulfotomaculum</i> bactéries sulfuroreductrices <i>Desulfomonas</i> bactéries sulfuro-oxydantes <i>Thiobacillus</i> (AWWA 2004) Bactéries du Fer <i>Gallionella</i> (Ridgway <i>et al.</i>, 1981) <i>Pedomicrobium</i>, <i>Hyphomicrobium</i>, <i>Sphaerotilis</i>, <i>Crenothrix</i>, <i>Leptothrix</i>, <i>Caulobacter</i>, <i>Sidercapsa</i> (AWWA 2004) Bactéries nitrifiantes bactéries oxydant l'ammoniac <i>Nitrosomonas</i>, <i>Nitrosococcus</i>, <i>Nitrospira</i> (Van der Wielen <i>et al.</i>, 2009) bactéries oxydant les nitrites <i>Nitrospira</i> et <i>Nitrobacter</i> (Regan <i>et al.</i>, 2003, Martiny <i>et al.</i>, 2005) Actinomycètes <i>Streptomyces</i> (Zaittin et Watson 2006) Arthropodes larve de chiromones (Van Lieverloo <i>et al.</i>, 2004) Champignons <i>Chaetomium globosum</i> (Hageskal <i>et al.</i>, 2009) Nématodes (Chang <i>et al.</i>, 1960, Gauthier <i>et al.</i>, 1999) Crustacés : Cladocères, Copépodes, <i>Asellus</i> sp. (Amblard <i>et al.</i>, 1996, Gauthier <i>et al.</i>, 1999) Rotifères <i>Brachionus</i>, <i>Keratella</i> (Amblard <i>et al.</i>, 1996, Gauthier <i>et al.</i>, 1999) Gastéropodes (Gauthier <i>et al.</i>, 1999) Algues Chrysophycées, Diatomophycées (Amblard <i>et al.</i>, 1996, AWWA 2004)

publique, mais peuvent détériorer la qualité organoleptique de l'eau potable. Parmi ces organismes, les bactéries impliquées dans des phénomènes de corrosion (bactéries du fer et du soufre) peuvent être à l'origine de la dégradation des matériaux utilisés dans le réseau de distribution ainsi qu'une dégradation de la qualité organoleptique (couleur et odeur) dans l'eau potable distribuée aux consommateurs (AWWA, 2004). Les bactéries nitrifiantes peuvent s'avérer problématiques pour les producteurs et distributeurs d'eau potable puisqu'elles peuvent contribuer à l'appauvrissement de la teneur en chloramine dans l'eau potable, compromettant ainsi la gestion de la qualité de

l'eau potable dans le réseau de distribution (AWWA, 2004; BERRY *et al.*, 2006). Des problèmes de flaveur dans l'eau potable peuvent aussi provenir de microorganismes tels que des actinomycètes, des champignons ou encore des algues (AWWA, 2004; HAGESKAL *et al.*, 2009; SUFFET *et al.*, 1999; ZAITLIN et WATSON, 2006). Par exemple, certaines espèces de champignons (*Chaetomium globosum*) et d'actinomycètes (*Streptomyces*) produisent des composés organiques, la géosmine ou le 2-méthyl-isobornéol, qui sont associés à des odeurs et des saveurs apparentées à des goûts de « moisi » et « terreux » dans l'eau potable (HAGESKAL *et al.*, 2009; SUFFET *et*

al., 1999). Par ailleurs, des microorganismes macroscopiques peuvent également être détectés dans l'eau potable, tels que des arthropodes, des nématodes, des crustacés ou bien des rotifères (Tableau 1). Ces organismes sont principalement sources de plaintes des consommateurs (MONTIEL *et al.*, 1999).

2.3 Les biofilms : une niche écologique microbienne

Afin d'assurer les besoins d'une population urbaine en pleine expansion, la construction de vastes réseaux de distribution ramifiés d'eau potable s'est avérée nécessaire. Malgré les avantages certains apportés par ces infrastructures, elles sont en contrepartie impliquées dans la détérioration de la qualité de l'eau ainsi que dans la diffusion de pathogènes d'origine hydrique. L'origine des microorganismes dans les systèmes de distribution provient principalement de l'eau produite qui, après traitement, véhicule une microflore diversifiée ainsi que des composés organiques ou minéraux dont une fraction est biodégradable. Cette population microbienne, adaptée à l'environnement que représente l'eau potable (milieu oligotrophe, agent désinfectant), peut coloniser le réseau de distribution et proliférer au sein de niches écologiques appelées biofilms (LECHEVALLIER *et al.*, 1996).

2.3.1 Le développement des biofilms

Les biofilms peuvent être définis comme un assemblage de microorganismes associés à des produits extracellulaires et vivant fixés à une surface biotique ou abiotique (DAVEY et O'TOOLE, 2000). Basée sur des analyses microscopiques et moléculaires de biofilms formés à partir de souches bactériennes pures et de populations microbiennes mixtes d'environnements naturels, la formation des biofilms a été décrite comme

une succession d'événements (Figure 6), comprenant les étapes d'adhésion, de développement, de maturation et de détachement (DAVIES, 2003; STOODLEY *et al.*, 2002a). Ce développement structuré en plusieurs étapes a également été observé sur des biofilms formés dans un système de distribution d'eau potable modèle (MARTINY *et al.*, 2003). Ce processus commence par l'adsorption de composés du milieu environnant (tels que des molécules organiques et des ions), conduisant à la formation d'un film de conditionnement (BAKKER *et al.*, 2003; BAKKER *et al.*, 2004; SCHNEIDER, 1996). Puis, les microorganismes peuvent rentrer en contact avec la surface grâce à différents mécanismes tels que les mouvements browniens et la convection, la gravitation, la sédimentation, la diffusion et la mobilité intrinsèque des microorganismes (BOS *et al.*, 1999). L'adhésion microbienne au support se fait dans un premier temps de manière réversible, *via* des interactions physico-chimiques entre les microorganismes et la surface conditionnée (KATSIKOGIANNI et MISSIRLIS, 2004). Des interactions entre les structures de surface des cellules (par exemple : les pilis) et le matériau peuvent également contribuer à l'adhésion des microorganismes (STOODLEY *et al.*, 2002b). La transition vers une adhésion irréversible est généralement caractérisée par l'excrétion de substances polymériques conduisant à la formation d'une matrice reliant les cellules microbiennes entre elles (COSTERTON *et al.*, 1987; STOODLEY *et al.*, 2002a). L'attachement irréversible marque le passage d'un mode de vie planctonique à un mode vie sessile engendrant des changements de morphologie et d'expression génique chez les microorganismes (STOODLEY *et al.*, 2002a; DONLAN, 2002). Après l'adhésion de cellules pionnières, les microorganismes peuvent se multiplier tandis que d'autres organismes planctoniques peuvent être recrutés pour former le biofilm, constituant ainsi des colonisateurs microbiens secondaires (COSTERTON *et al.*,

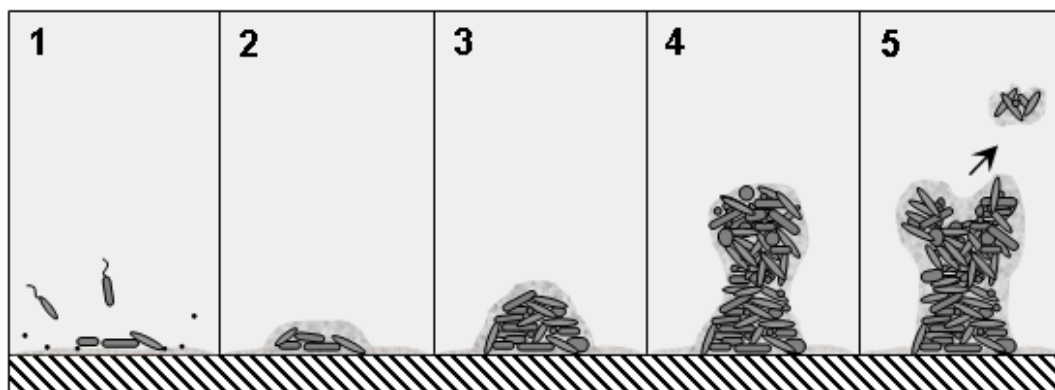


Figure 6. Représentation schématique de la formation d'un biofilm (adaptée de STOODLEY *et al.* 2002a). (1) : Formation d'un film de conditionnement et adhésion microbienne réversible; (2) : Adhésion irréversible et production de substances polymères extracellulaires; (3) : Développement du biofilm et formation de microcolonies; (4) : Maturation du biofilm; (5) : Détachement de cellules microbiennes.

Schematic representation of the biofilm formation (adapted from STOODLEY et al. 2002a).

1987, Stoodley *et al.*, 2002a). La maturation du biofilm va engendrer la formation d'agrégats cellulaires, recouvrant de manière hétérogène la surface, formant ainsi une architecture microbienne tridimensionnelle (COSTERTON *et al.*, 1987; COSTERTON *et al.*, 1994; STOODLEY *et al.*, 2002a; WIMPENNY *et al.*, 2000). Au cours de la croissance du biofilm, des détachements de cellules microbiennes peuvent se produire sous l'action de différents mécanismes tels que l'érosion par des forces de cisaillement, l'abrasion causée par la collision avec des particules, la desquamation d'une fraction du biofilm, la prédation de certaines espèces bactériovores, une carence en nutriments, ou bien l'intervention de l'homme par le nettoyage des ouvrages (HUNT *et al.*, 2004; LEHTOLA *et al.*, 2004; ROCHEX *et al.*, 2009; TELGMANN *et al.*, 2004; VAN LOOSDRECHT *et al.*, 1995; ZACHEUS *et al.*, 2001). Lorsque des cellules sont relarguées dans le milieu environnant, elles peuvent éventuellement reprendre un mode de vie planctonique ou non, et coloniser de nouvelles niches écologiques (STOODLEY *et al.*, 2002a). À ce stade, la composition microbienne et la structure des biofilms matures continuent d'évoluer par l'adhésion, la croissance et le détachement de cellules microbiennes (STOODLEY *et al.*, 2001; MARTINY *et al.*, 2003). Un état « stationnaire » n'est sans doute jamais atteint en raison de fluctuations fréquentes des conditions environnementales (variations du régime hydraulique, de la concentration en désinfectant, de la biomasse planctonique). Par conséquent, le développement des biofilms dans les réseaux de distribution d'eau potable peut être perçu comme un processus dynamique en constante évolution où les composés et les microorganismes dans la phase liquide interagissent avec ceux présents dans les biofilms (Figure 7). La prolifération et le détachement de ces biomasses à la surface des matériaux en contact avec l'eau potable peuvent ainsi conduire à une contamination microbienne de l'eau dans les systèmes de distribution (LECHEVALLIER *et al.*, 1996).

2.3.2 Les relations structures-fonctions

De par son architecture et sa structure, le mode de vie microbien sous forme de biofilm confère plusieurs avantages pour les microorganismes (DAVEY et O'TOOLE, 2000; FLEMMING, 2002; JEFFERSON, 2004). Les cellules microbiennes présentes dans les biofilms sont enchevêtrées au sein d'une matrice de substances polymériques telles que des saccharides, des acides nucléiques et des protéines (SUTHERLAND, 2001). En plus des polymères sécrétés, la matrice des biofilms peut être composée de nutriments adsorbés, de produits de cellules lysées ainsi que des particules de matériaux et de débris provenant de l'environnement immédiat (FLEMMING, 2002; LIU *et al.*, 2002; MARTINY *et al.*, 2003; RIDGWAY et OLSON, 1981). Les composés présents dans la matrice extracellulaire peuvent donc constituer une source de nutriments pour les cellules microbiennes présentes dans les biofilms (SUTHERLAND, 2001). Cette matrice assure également une stabilité mécanique aux biofilms, leur conférant ainsi une résistance aux forces de cisaillement (PERCIVAL *et al.*, 1999; STOODLEY *et al.*, 2002b; VAN LOOSDTRECHT *et al.*, 1995). Par ailleurs, en comparant les microorganismes fixés à la surface d'un matériau avec leurs homologues planctoniques, il a été montré que les biofilms microbiens présentent une résistance accrue aux agents désinfectants (LECHEVALLIER *et al.*, 1988; RYU et BEUCHAT, 2005; STEED et FALKINHAM, 2006; TACHIKAWA *et al.*, 2005). Plusieurs mécanismes peuvent expliquer une telle résistance, tels que l'architecture des biofilms ou bien l'état cellulaire des microorganismes (CLOETE, 2003; MAH et O'TOOLE, 2001). Parmi ces mécanismes, la matrice extracellulaire peut jouer le rôle d'une barrière de diffusion en limitant la pénétration des désinfectants (DE BEER *et al.*, 1994; JANG *et al.*, 2006). De plus, les composés de la matrice peuvent réagir avec les agents oxydants (CHARACKLIS et DYDEK, 1976), conduisant ainsi à une consommation de

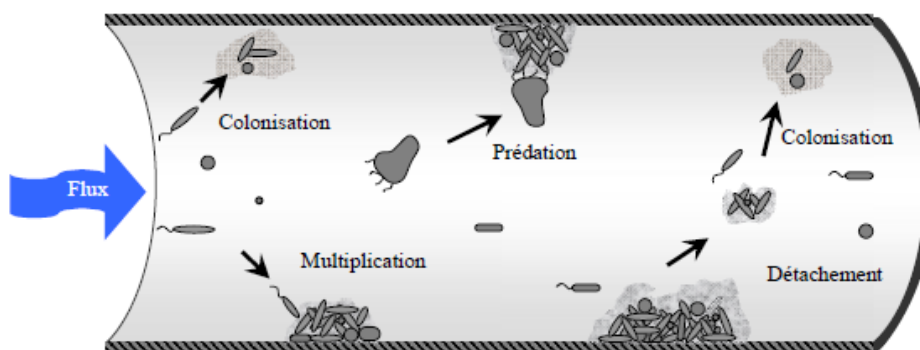


Figure 7. Dynamique des biofilms dans le système de distribution d'eau potable.
Dynamics of biofilm in the drinking water distribution system.

l'agent désinfectant (CHANDY et ANGLES, 2001; LU *et al.*, 1999; MOMBA *et al.*, 2000). En outre, l'architecture tridimensionnelle des biofilms à la surface offre également des avantages certains pour les microorganismes. La formation hétérogène des biofilms à la surface d'un matériau permet la formation d'espaces interstitiels. Ces derniers peuvent être considérés comme de véritables canaux, transportant l'oxygène et certains nutriments pour les cellules microbiennes des biofilms (COSTERTON *et al.*, 1994; DONLAN, 2002). Toutefois, la diffusion limitée de ces composés à l'intérieur du biofilm peut engendrer des zones non oxygénées (COSTERTON *et al.*, 1994). Les biofilms permettent ainsi la formation de microniches aérobies et anaérobies au sein des colonies microbiennes, favorisant l'établissement de métabolismes complémentaires (DAVEY et O'TOOLE, 2000). Aussi, la proximité des microorganismes par juxtaposition cellulaire constitue un environnement approprié pour des échanges génétiques, des communications cellulaires, ainsi qu'une utilisation optimale des substrats disponibles (CAMPER *et al.*, 2004; DAVEY et O'TOOLE, 2000; LISLE et ROSE, 1995; SHAPIRO, 1998). Par conséquent, les biofilms représentent des écosystèmes complexes et structurés, conférant un environnement favorable pour la croissance et le maintien des microorganismes dans le réseau de distribution. Le mode de vie sessile des microorganismes apparaît donc comme une stratégie de survie à des conditions environnementales hostiles telles que celles rencontrées dans l'eau potable.

2.3.3 L'étude des biofilms dans le système de distribution d'eau potable

Plusieurs analyses par microscopie ont étudié *in situ* la surface de conduites d'eau potable colonisée par des microorganismes (DONLAN et COSTERTON, 2002; FLEMMING, 2002; LECHEVALLIER *et al.*, 1987; LIU *et al.*, 2002; RIDGWAY et OLSON, 1981.). Toutefois, il est difficile d'étudier les biofilms formés dans le réseau de distribution en raison des contraintes industrielles occasionnées par le remplacement de sections de canalisation. Pour ce faire, des dispositifs expérimentaux ont été développés afin d'étudier la structure et la dynamique des biofilms formés sous l'action d'eau potable (BOE-HANSEN *et al.*, 2003; DELAHAYE *et al.*, 2006; KJELLERUP *et al.*, 2004; MATHIEU *et al.*, 2009; PARIS *et al.*, 2007; PEREIRA *et al.*, 2002; TORVINEN *et al.*, 2007). Le principe de ces systèmes pilotes repose sur la colonisation de supports de même nature que les matériaux utilisés dans la construction des ouvrages de stockage et de distribution de l'eau potable. Ainsi, ces dispositifs permettent un échantillonnage régulier et répétable des populations microbiennes fixées à la surface de matériaux en contact avec l'eau potable. De cette manière, il a été montré que l'ensemble des matériaux métalliques (l'acier, le cuivre et la fonte), organiques (le chlorure de polyvinyle, le polyéthylène, le polypropylène et le caoutchouc) et composites (le béton et les résines époxy), au contact avec l'eau potable, sont potentiellement générateurs de biofilms (CLOETE *et al.*, 2003; FLEMMING, 2002; HALLAM

et al., 2001; LEHTOLA *et al.*, 2004; NIQUETTE *et al.*, 2000; PERCIVAL *et al.*, 1999; SIMÕES *et al.*, 2006; VANDER KOOIJ *et al.*, 2003). La densité cellulaire pouvant être dénombrée au sein d'échantillons de biofilms formés à la surface de matériaux en contact avec l'eau potable peut être comprise entre 10^4 et 10^9 cellules par cm^2 (CLOETE *et al.*, 2003; DELAHAYE 2004; LANGMARK *et al.*, 2005; PAQUIN *et al.*, 1992; PERCIVAL *et al.*, 1999). En visualisant par microscopie électronique le développement d'un biofilm formé sous l'action d'eau potable, MARTINY *et al.* (2003) ont observé la formation d'une structure microbienne pouvant atteindre 30 μm d'épaisseur et recouvrant 95 % de la surface colonisable après 600 jours d'incubation. Cependant, ces valeurs peuvent considérablement varier d'une étude à une autre puisque la formation des biofilms dans les réseaux de distribution est fonction du temps de colonisation, du type de surface colonisée et des conditions environnementales (régime hydraulique, caractéristiques physico-chimiques et biologiques de l'eau) (HALLAM *et al.*, 2001; NIQUETTE *et al.*, 2000; NORTON et LECHEVALLIER, 2000; PERCIVAL *et al.*, 1999). Dans une étude réalisée sur un système de distribution en banlieue parisienne, il a été estimé que les biofilms à la surface d'une conduite de 100 mm de diamètre peuvent représenter une biomasse microbienne 25 fois plus importante que celle présente dans la phase aqueuse (Figure 8) (SERVAIS *et al.*, 2004). Toutefois, lors de faible concentration en désinfectant dans le réseau, l'idée que les biofilms représentent l'essentiel de la biomasse microbienne dans le réseau de distribution peut s'avérer erronée (SRINIVASAN *et al.*, 2008). En conclusion, le développement des biofilms dans le réseau d'adduction d'eau potable se fait sous la dépendance de nombreux facteurs et peut être considéré un phénomène inéluctable, quels que soient les matériaux utilisés dans la construction des infrastructures de stockage et de distribution.

2.3.4 La diversité et les interactions microbiennes dans les biofilms

Les biofilms, caractérisés par une structure hétérogène, sont remodelés en permanence du fait de l'adhésion, de la multiplication et du détachement de cellules microbiennes. La diversité des espèces rencontrées au sein des biofilms peut varier dans le temps et dans l'espace (MARTINY *et al.*, 2003; MARTINY *et al.*, 2005). D'autre part, la composition microbienne des biofilms peut être affectée par le type de surface colonisée (les matériaux organiques, métalliques et composites) et par les propriétés physico-chimiques de l'eau (telles que les concentrations en désinfectant et en matières organiques) (LEHTOLA *et al.*, 2004; MATHIEU *et al.*, 2009; NORTON et LECHEVALLIER, 2000). Dans une étude récente, MATHIEU *et al.* (2009) ont montré que les populations bactériennes (appartenant aux α -, β -, et γ -protéobactéries) au sein des biofilms peuvent se réorganiser lorsqu'elles sont exposées à une chloration discontinue, et ceci de manière réversible. L'environnement microbien des biofilms peut fournir une niche écologique pour une vaste diversité

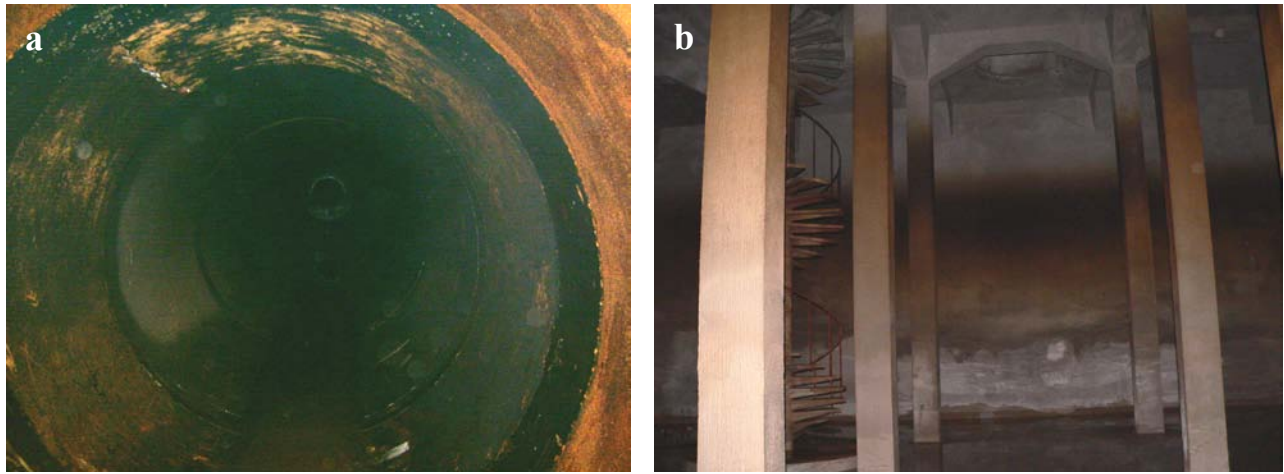


Figure 8. Photos du système de distribution d'eau potable parisien. (a) : conduite en acier revêtue ciment; (b) réservoir revêtu ciment (MASTERSEAL) de l'Hay-les-Roses.
Photos of the Parisian drinking water distribution system. (a) steel pipe coated cement; (b) reservoir coated cement (MASTERSEAL) of Hay-les-Roses.

d'organismes tels que des virus, des bactéries et des eucaryotes (BLOCK *et al.*, 1993; LEHTOLA *et al.*, 2004; MARTINY *et al.*, 2005; STOREY et ASHBOLT, 2003; VALSTER *et al.*, 2009). Une variété d'espèces bactériennes hétérotrophes a pu être isolée à partir d'échantillons de biofilms formés en réseau d'eau potable (CHAURET *et al.*, 2005; LECHEVALLIER *et al.*, 1987; NORTON et LECHEVALLIER, 2000; PERCIVAL *et al.*, 1999). La libération de telles espèces bactériennes présentes dans le biofilm dans la phase liquide peut donc interférer sur le dénombrement des germes indicateurs utilisés dans le contrôle sanitaire de l'eau potable (ROMPRÉ *et al.*, 2002). Toutefois, des bactéries chimiotrophes ont également été identifiées, lesquelles peuvent être impliquées dans des phénomènes de corrosion et de nitrification (BEECH et SUNNER, 2004; MARTINY *et al.*, 2005; REGAN *et al.*, 2003; TENG *et al.*, 2008). Des analyses basées sur le séquençage des ADNr 16S et 18S ont révélé une étonnante diversité bactérienne et eucaryote au sein des biofilms (MARTINY *et al.*, 2005; VALSTER *et al.*, 2009). La présence simultanée de ces organismes peut conduire à la mise en place d'un réseau trophique dans le système de distribution, et accroître l'abondance de certains organismes macroscopiques indésirables (DUKAN *et al.*, 1996; EVINS, 2004; LOCAS *et al.*, 2007; SIBILLE, 1998). Par ailleurs, les biofilms constituent également une microniche pour les microorganismes pathogènes. Plusieurs études ont montré que des pathogènes (tels que des virus ou des bactéries) peuvent persister (BRAGANÇA *et al.*, 2007; JUHNA *et al.*, 2007; SZEWZYK *et al.*, 2000), ou sont capables de s'accumuler et de survivre au sein des biofilms formés en réseau d'eau potable (AZEVEDO *et al.*, 2006; LANGMARK *et al.*, 2005; LEHTOLA *et al.*, 2007; PARIS *et al.*, 2009; QUIGNON *et al.*, 1997).

En conclusion, la désinfection et le maintien d'une concentration résiduelle en agent bactéricide ne peuvent être perçus comme une garantie vis-à-vis de la qualité de l'eau potable dans les réseaux de distribution. La formation des biomasses microbiennes fixées est sous l'influence de nombreux facteurs qu'il convient de prendre en compte en vue de mieux contrôler la qualité de l'eau durant son transport dans le système de distribution.

3. LES FACTEURS INFLUENÇANT LA STABILITÉ BIOLOGIQUE DU RÉSEAU

3.1 Les paramètres physico-chimiques

La température et le pH sont considérés comme les principaux paramètres physico-chimiques affectant la stabilité biologique dans les réseaux de distribution. Ceci s'explique par le fait que ces deux facteurs ont des conséquences directes sur le métabolisme et la croissance des microorganismes. Par ailleurs, le pH et la température peuvent également influencer l'efficacité des traitements de désinfection chimique (tels que le chlore et les chloramines), pouvant conduire à une variation des populations microbiennes relarguées dans le réseau de distribution (GERBA *et al.*, 2003; HUANG *et al.*, 1997; LE DANTEC *et al.*, 2002).

Afin d'obtenir une eau légèrement entartrante, le pH de l'eau est généralement ajusté, en fin de traitement, à des valeurs comprises entre 7 et 9 (OMS, 2008). Ces valeurs peuvent toutefois varier dans les réseaux sous l'influence de la concentration en CO₂ dissous. De telles variations de pH dans l'eau peuvent affecter la formation des biofilms dans le réseau de distribution (MECKES *et al.*, 1999).

La température de l'eau en sortie de station de potabilisation est impactée par des variations saisonnières, principalement lorsqu'il s'agit d'eaux de surface traitées. La température peut influencer la croissance microbienne, l'efficacité des traitements aux biocides (HUANG *et al.*, 1997; LE DANTEC *et al.*, 2002). Les résultats obtenus par LECHEVALLIER *et al.* (1996) indiquent que le nombre de bactéries coliformes détectées dans l'eau peut varier en fonction de la température. Cette étude montre également que la fréquence de détection ainsi que la densité cellulaire augmentent lorsque la température de l'eau dépasse 15 °C (LECHEVALLIER *et al.*, 1996). Il convient de souligner que ces données ont été obtenues à partir de systèmes de distribution situés dans une zone géographique où le climat est tempéré, et donc des résultats différents peuvent être obtenus dans d'autres régions aux climats différents.

3.2 Les conditions hydrodynamiques

Afin d'assurer un approvisionnement régulier même en période de forte consommation dans les zones urbaines, des réseaux de distribution au maillage élevé ont été conçus. Les réseaux d'eau potable sont également conçus pour garantir une sécurité incendie, engendrant ainsi une réserve plus importante que celle nécessaire pour l'alimentation en eau potable. Malgré les bénéfices de ces ouvrages pour les populations, la conception de tels réseaux a occasionné une augmentation du temps de séjour de l'eau dans les infrastructures. La stagnation de l'eau dans le réseau peut être à l'origine d'une détérioration de la qualité organoleptique de l'eau, d'une diminution de la concentration résiduelle en désinfectant et d'une croissance microbienne dans le système de distribution (KERNEÏS *et al.*, 1995; VREEBURG et BOXALL, 2007). Les conditions hydrodynamiques conditionnent le transport des cellules microbiennes, de l'oxygène et l'intensité des forces de cisaillement. Le régime hydraulique de l'eau dans le réseau de distribution peut donc influencer la structure, la densité cellulaire ainsi que la composition microbienne des biofilms (AZEVEDO *et al.*, 2006; KALMBACH *et al.*, 1997; LEHTOLA *et al.*, 2006; PARIS *et al.*, 2007; PERCIVAL *et al.*, 1999; SIMÕES *et al.*, 2007; SIMÕES *et al.*, 2008). Des études ont ainsi montré qu'une augmentation de la vitesse du flux hydrique accroît l'accumulation des microorganismes au sein des biofilms et engendre une structure morphologique des biofilms qui adhèrent plus fortement à la surface des matériaux (PARIS *et al.*, 2007; PERCIVAL *et al.*, 1999; STOODLEY *et al.*, 2002b; VAN LOOSDRECHT *et al.*, 1995). Alors que

des changements du régime hydraulique peuvent provoquer le détachement de biofilms (LEHTOLA *et al.*, 2007; TSAI, 2005), une caractérisation détaillée du rôle des conditions hydrodynamiques sur le développement microbien dans les réseaux permettrait de mieux contrôler la qualité de l'eau dans le système de distribution.

3.3 Les matériaux en contact avec l'eau potable

La plupart des réseaux de distribution publique contemporains furent construits à base de matériaux en fonte et en ciment. Plus récemment, les matériaux organiques (tels que le chlorure de polyvinyle, le polyéthylène et le polypropylène) et des revêtements en résine époxy ont été préférés pour le transport et le stockage de l'eau potable en raison d'une facilité d'installation et de manipulation, d'un faible coût et d'une non-corrosivité. Néanmoins, les matériaux, au contact avec l'eau potable, influencent la qualité de l'eau. Tandis que les matériaux métalliques (tels que la fonte et le cuivre) peuvent conduire à une augmentation de la concentration en métaux dans la phase aqueuse (CRITCHLEY *et al.*, 2001), les autres matériaux sont susceptibles de relarguer certains adjuvants et additifs utilisés dans leur composition (HEM, 2002; LEHTOLA *et al.*, 2004; LEHTOLA *et al.*, 2006; TOMBOULIAN *et al.*, 2004). Cette dégradation des matériaux peut fragiliser les installations et ainsi provoquer des fuites et des ruptures de canalisations, sources de contamination microbienne (BEAUDEAU *et al.*, 2007). Par ailleurs, le vieillissement des ouvrages (soumis à la corrosion et à la formation des biofilms) peut contribuer à diminuer la concentration résiduelle en désinfectant (AL-JASSER, 2007).

Les caractéristiques des matériaux en contact avec l'eau potable peuvent grandement influencer la formation des biofilms. Lorsque les microorganismes adhèrent à une surface solide, plusieurs interactions de nature physico-chimique se produisent telles que les liaisons hydrophobes, de van der Waals, acido-basiques et hydrogènes (ABSLOM *et al.*, 1983; BOS *et al.*, 1999). Cette adhésion microbienne peut être influencée par les caractéristiques intrinsèques du support. FLETCHER et LOEB (1979) ont étudié l'adhésion de *Pseudomonas* sp sur différents matériaux (tels que le polytétrafluoroéthylène, le polyéthylène, ou le polystyrène). Les auteurs ont montré que l'adhésion bactérienne diffère d'un matériau à un autre et qu'elle dépend de l'hydrophobicité du matériau utilisé. Plus récemment, ZHAO et LIU (2005) ont étudié l'adhésion d'*Escherichia coli* sur de l'acier inoxydable revêtu ou non de nickel-phosphore et de polytétrafluoroéthylène. Les résultats montrent que la présence et la quantité de revêtement affectent l'adhésion des cellules bactériennes. Les caractéristiques physico-chimiques des matériaux influencent donc l'adhésion des microorganismes, mais ces caractéristiques peuvent toutefois varier dès lors qu'un film de conditionnement se forme à leur surface (BAKKER *et al.*, 2004).

En plus de l'adhésion microbienne, la nature des matériaux peut aussi affecter la densité cellulaire et la composition phylogénétique de la biomasse fixée (HALLAM *et al.*, 2001; KALMBACH *et al.*, 1997; LEHTOLA *et al.*, 2004; LEHTOLA *et al.*, 2007; NIQUETTE *et al.*, 2000; NORTON et LECHEVALLIER, 2000). En comparant la diversité bactérienne cultivable, NORTON et LECHEVALLIER (2000) ont ainsi montré que les populations microbiennes des biofilms, formés à la surface de matériaux en fer et en chlorure de polyvinyle, diffèrent. Basée sur l'utilisation des techniques de biologie moléculaire (FISH), l'influence des matériaux sur la composition phylogénétique a été également observée sur des biofilms formés à la surface de matériaux en polyéthylène et en verre (KALMBACH *et al.*, 1997). Toutefois, les matériaux en contact avec l'eau potable représentent seulement un des facteurs qui interagissent sur le développement des biofilms et leurs compositions.

3.4 Les matières organiques

La matière organique présente dans l'eau potable peut provenir soit de la matière organique traitée (composés organiques naturels réfractaires au traitement, composés anthropiques issus des usages domestiques, industriels et agricoles), soit des résidus ou composés associés aux procédés de traitement (particules de CAG, adjuvants de floculation), soit des composés libérés par les matériaux utilisés dans la construction du système de production et de distribution (tels que les revêtements, les élastomères, les polymères et les adjuvants) (BECKER *et al.*, 2004; BROCCA *et al.*, 2002; CAMPER *et al.*, 1986; MATILAINEN *et al.*, 2002; STACKELBERG *et al.*, 2007). Plus de 90 % des matières organiques dans les eaux à potabiliser existent sous forme dissoute (MOD), le reste est sous forme colloïdale ou particulaire (KORNEGAY *et al.*, 2000). La fraction carbonée de la MOD est mesurée par la teneur en carbone organique dissous (COD). La quantification de la matière organique biodégradable (MOB) dans l'eau peut être évaluée par les teneurs en carbone organique dissous biodégradable (CODB) et en carbone organique assimilable (COA) (HUCK, 1990). En utilisant ces deux différentes mesures, la fraction carbonée de la MOB dans l'eau potable en fin de traitement peut être comprise entre 0,20 à 0,61 mg•L⁻¹ de CODB (SERVAIS *et al.*, 1992), et 45 à 315 µg•L⁻¹ de COA (MIETTINEN *et al.*, 1999). Ces mesures permettent de quantifier le potentiel nutritionnel de la fraction carbonée organique présente dans l'eau potable. Parmi les composés organiques biodégradables rencontrés dans l'eau potable, la majorité est représentée par des substances humiques (acides fulviques et humiques), et dans une moindre mesure, par des acides carboxyliques, des acides aminés, ainsi que des sous-produits de désinfection (CAMPER, 2004; HUREÏKI *et al.*, 1996; RACZYK-STANISLAWIAK *et al.*, 2004; VOLK *et*

al., 2005; WELTÉ et MONTIEL, 1999). Bien que les filières de traitement permettent d'éliminer un grand nombre de composés organiques dans l'eau, la matière organique restante peut constituer une source de nutriments pour la croissance microbienne dans le réseau de distribution d'eau potable (GAGNON *et al.*, 2000; LECHEVALLIER *et al.*, 1987; LECHEVALLIER *et al.*, 1991; VOLK et LECHEVALLIER, 1999).

3.5 La concentration en désinfectant

L'efficacité de la désinfection varie en fonction de la température, du pH, du temps de contact et de la quantité de désinfectant ajoutée (HUANG *et al.*, 1997; LE DANTEC *et al.*, 2002; SADIQ et RODRIGUEZ, 2004). Bien que l'ajout de ces désinfectants permet une réduction des risques microbiens, ils peuvent également réagir avec des matières organiques ou non, et former des sous-produits de désinfection, sources de risques chimiques dans l'eau potable (SADIQ et RODRIGUEZ, 2004). La réaction de ces agents oxydants avec certains composés (tels que les matières organiques, les biofilms et les produits de corrosion) peut engendrer une diminution de la concentration en désinfectant dans l'eau (AL-JASSER, 2007; JEGATHEESAN *et al.*, 2000; KIÉNNÉ *et al.*, 1998; LU *et al.*, 1999). Par voie de conséquence, la teneur en chlore résiduel peut varier dans le système de distribution. Alors que les désinfectants permettent seulement de contrôler le développement des biofilms dans le réseau, un appauvrissement en agent bactéricide peut donc conduire à une prolifération de la biomasse fixée et à une contamination microbienne de l'eau (CODONY *et al.*, 2005; SRINIVASAN *et al.*, 2008).

3.6 Les approches intégrées : modélisation du comportement des biomasses microbiennes

La prolifération microbienne dans les réseaux de distribution constitue un souci majeur pour les producteurs et distributeurs d'eau potable. Comme il a été décrit précédemment, la stabilité biologique dans les réseaux est basée sur l'interaction complexe de différents facteurs, comprenant des paramètres physico-chimiques, le fonctionnement et la nature des ouvrages ainsi que l'écologie microbienne (Figure 9). Afin d'élaborer une stratégie de gestion de la qualité microbienne de l'eau au cours de sa distribution, plusieurs systèmes de modélisation ont ainsi été développés afin de prendre en compte simultanément plusieurs mécanismes influençant la stabilité biologique (DIGIANO et ZHANG, 2004; JEGATHEESAN *et al.*, 2000; MUNAVALLI et MOHAN KUMAR, 2004; PIRIOU *et al.*, 1996; SERVAIS *et al.*, 1992). Ces modèles prédictifs peuvent donc s'avérer utiles dans la prévention et l'identification des zones à risques. La première génération de ces modèles (SANCHO et PICCOBIO) a permis d'accroître nos connaissances sur les liens

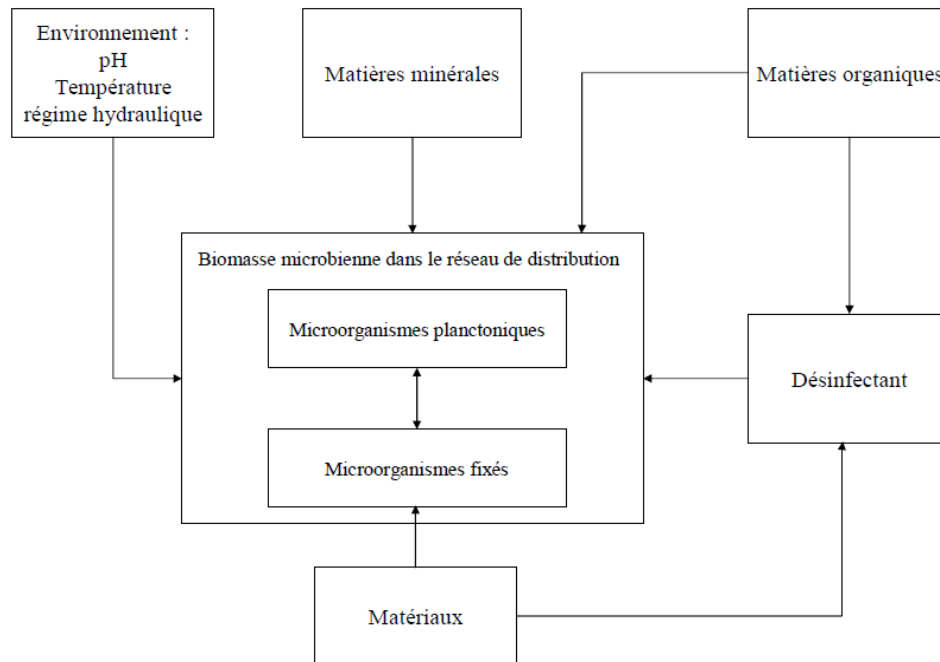


Figure 9. Représentation schématique des paramètres influençant la biomasse microbienne dans le réseau de distribution.

Schematic representation of parameters influencing the microbial biomass in the distribution network.

de causes à effets conduisant à une dégradation de la qualité de l'eau potable. Malgré le développement de nouveaux modèles, les valeurs prédictives obtenues par ces méthodes demeurent toutefois incertaines (DIGIANO et ZHANG, 2004). Bien que les modèles mathématiques constituent des outils précieux en vue d'une gestion anticipative de la qualité de l'eau dans les réseaux de distribution, ils doivent donc être optimisés et approfondis afin d'accroître la précision de leurs valeurs.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- ABSOLOM D.R., F.V. LAMBERTI, Z. POLICOVA, W. ZINGG, C.J. VAN OSS et A.W. NEUMANN (1983). Surface thermodynamics of bacterial adhesion. *Appl. Environ. Microbiol.*, 46, 90-97.
- ALAM M., M. SULTANA, G. BALAKRISH NAIK, A.K. SIDDIQUE, N.A. HASAN, R.B. SACK, D.A. SACK, K.U. AHMED, A. SADIQUE, H. WATANABE, C.J. GRIM, A. HUQ et R.R. COLWELL (2007). Viable but nonculturable *Vibrio cholerae* O1 in biofilms in the aquatic environment and their role in cholera transmission. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 104, 17801-17806.
- AL-JASSER A.O. (2007). Chlorine decay in drinking-water transmission and distribution systems: Pipe service age effect. *Water Res.*, 41, 387-396.
- ALLEGRA S., F. BERGER, P. BERTHELOT, F. GRATARD, B. POZZETTO et S. RIFFARD (2008). Use of flow cytometry to monitor *Legionella* viability. *Appl. Environ. Microbiol.*, 74, 7813-7816.
- AMANN R.I., W. LUDWIG et K.H. SCHLEIFER (1995). Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiol. Rev.*, 59, 143-169.
- AMBLARD C., G. BOURDIER, J.F. CARRIAS, N. MAURIN et C. QUIBLIER (1996). Seasonal evolution of microbial community structure in a drinking water reservoir. *Water Res.*, 30, 613-624.
- ANAISSE E.J., S.R. PENZACK et M.C. DIGNAMI (2002). The hospital water supply as a source of nosocomial infections. *Arch. Int. Med.*, 162, 1492-14863.
- AUDIC S., C. ROBERT, B. CAMPAGNA, H. PARINELLO, J.M. CLAVERIE, D. RAOULT et M. DRANCOURT (2007). Genome analysis of *Minibacterium massiliensis* highlights the convergent evolution of water-living bacteria. *Plos Genet.*, 8, 1454-1463.

- AWWA (2004). Problem organisms in water: identification and treatment. 3^e édition, AWWA, USA.
- AYDIN F., K.S. GÜMÜSSOY, H.I. ATABAY, T. IÇA et S. ABAY (2007). Prevalence and distribution of *Arcobacter* species in various sources in Turkey and molecular analysis of isolated strains by ERIC-PCR. *J. Appl. Microbiol.*, 103, 27-35.
- AZEVEDO N.F., A.R. PINTO, N.M. REIS, M.J. VIEIRA et C.W. KEEVIL (2006). Shear stress, temperature, and inoculation concentration influence the adhesion of water-stressed *Helicobacter pylori* to stainless steel 304 and polypropylene. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72, 2936-2941.
- BAEUMNER A.J., R.N. COHEN, V. MIKSIC et J. MIN (2003). RNA biosensor for the rapid detection of viable *Escherichia coli* in drinking water. *Biosens. Bioelectron.*, 18, 405-413.
- BAKKER D.P., J.W. KLIJNSTRA, H.J. BUSSCHER et H.C. VAN DER MEI (2003). The effect of dissolved organic carbon on bacterial adhesion to conditioning films adsorbed on glass from natural seawater collected during different seasons. *Biofouling*, 19, 391-397.
- BAKKER D.P., H.J. BUSSCHER, J. VAN ZANTEN, J. DE VRIES, J.W. KLIJNSTRA et H.C. VAN DER MEI (2004). Multiple linear regression analysis of bacterial deposition to polyurethane coatings after conditioning film formation in the marine environment. *Microbiol.*, 150, 1779-1784.
- BEAUDEAU P., H. DE VALK, V. VAILLANT et D. MOULY (2007). *Détection et investigation des épidémies d'infection liées à l'ingestion d'eau de distribution, approche intégrée environnementale et sanitaire*. Institut National de Veille Sanitaire, Saint-Maurice, France, pp. 1-108.
- BECKER N.S.C., D.M. BENNET, B.A. BOLTO, D.R. DIXON, R.J. ELDRIDGE, N.P. LE et C.S. RYE (2004). Detection of polyelectrolytes at trace levels in water by fluorescent tagging. *React. Funct. Polym.*, 60, 183-193.
- BEECH I.B. et J. SUNNER (2004). Biocorrosion: towards understanding interactions between biofilms and metals. *Curr. Opin. Microbiol.*, 15, 181-186.
- BERNEY M., M. VITAL, I. HÜLSHOFF, H.U. WEILENMANN, T. EGLI et F. HAMMES (2008). Rapid, cultivation-independent assessment of microbial viability in drinking water. *Water Res.*, 42, 4010-4018.
- BERRY D., C. XI et L. RASKIN (2006). Microbial ecology of drinking water distribution systems. *Curr. Opin. Microbiol.*, 17, 297-302.
- BETANCOURT W.Q. et J.B. ROSE (2004). Drinking water treatment processes for removal of *Cryptosporidium* and *Giardia*. *Vet. Parasit.*, 126, 219-234.
- BICHAÏ F., P. PAYMENT et B. BARBEAU (2008). Protection of waterborne pathogens by higher organisms in drinking water: a review. *Can. J. Microbiol.*, 54, 509-524.
- BISHOP R.F., G.P. DAVIDSON, I.H. HOLMES et B.J. RUCK (1973). Virus particles in epithelial cells of duodenal mucosa from children with acute non-bacterial gastroenteritis. *Lancet*, 302, 1281-1283.
- BLOCK J.C., K. HAUDIDIER, J.L. PAQUIN, J. MIAZGA et Y. LÉVI (1993). Biofilm accumulation in drinking water distribution systems. *Biofouling*, 6, 333-343.
- BOE-HANSEN R., A.C. MARTINY, E. ARVIN et H.J. ALBRECHTSEN (2003). Monitoring biofilm formation and activity in drinking water distribution networks under oligotrophic conditions. *Water Sci. Technol.*, 47, 91-97.
- BOHREROVA Z. et K.G. LINDEN (2006). Assessment of DNA damage and repair in *Mycobacterium terrae* after exposure to UV irradiation. *J. Appl. Microbiol.*, 101, 995-1001.
- BORCHARDT M.A., S.K. SPENCER, P.D. BERTZ, M.W. WARE, J.P. DUBEY et A. LINDQUIST (2009). Concentrating *Toxoplasma gondii* and *Cyclospora cayetanensis* from surface water and drinking water by continuous separation channel centrifugation. *J. Appl. Microbiol.*, 107, 1089-1097.
- BOS R., H.C. VAN DER MEI et H.J. BUSSCHER (1999). Physico-chemistry of initial microbial adhesive interactions - its mechanisms and methods for study. *FEMS Microbiol. Rev.*, 23, 179-230.
- BOSCH A., S. GUIX, D. SANO et R.M. PINTÓ (2008). New tools for the study and direct surveillance of viral pathogens in water. *Curr. Opin. Microbiol.*, 19, 295-301.
- BOULOS L., M. PRÉVOST, B. BARBEAU, J. COALIER et R. DESJARDINS (1999). LIVE/DEAD® BacLight™: application of a new rapid staining method for direct enumeration of viable and total bacteria in drinking water. *J. Microbiol. Meth.*, 37, 77-86.

- BRAGANÇA S.M., N.F. AZEVEDO, L.C. SIMÕES, C.W. KEEVIL et M.J. VIEIRA (2007). Use of fluorescent *in situ* hybridisation for the visualisation of *Helicobacter pylori* in real drinking water biofilms. *Water Sci. Technol.*, 55, 387-393.
- BRETTAR I. et M.G. HÖFLE (2008). Molecular assessment of bacterial pathogens - a contribution to drinking water safety. *Curr. Opin. Microbiol.*, 19, 274-280.
- BROCCA D., E. ARVIN et H. MOSBÆK (2002). Identification of organic compounds migrating from polyethylene pipelines into drinking water. *Water Res.*, 36, 3675-3680.
- BUSSCHERH.J., R.J.B. DIJKSTRA, D.E. LANGWORTHY, D.I. COLLIAS, D.W. BJORKQUIST, M.D. MITCHELL et H.C. VAN DER MEI (2008). Interaction forces between waterborne bacteria and activated carbon particles. *J. Colloid Interface Sci.*, 332, 351-357.
- CAMPERA.K., M.K. LECHEVALLIER, S.C. BROADAWAY et G.A. MCFETERS (1986). Bacteria associated with granular activated carbon particles in drinking water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 52, 434-438.
- CAMPER A.K. (2004). Involvement of humic substances in regrowth. *Int. J. Food Microbiol.*, 92, 355-364.
- CAPPELIER J.M., J. MINET, C. MAGRAS, R.R. COLWELL et M. FEDERIGHI (1999). Recovery in embryonated eggs of viable but nonculturable *Campylobacter jejuni* cells and maintenance of ability to adhere to HeLa cells after resuscitation. *Appl. Environ. Microbiol.*, 65, 5154-5157.
- CAPPELIER J.M., V. BESNARD, S. ROCHE, N. GARREC, E. ZUNDEL, P. VELGE et M. FEDERIGHI (2005). Avirulence of viable but non-culturable *Listeria monocytogenes* cells demonstrated by *in vitro* and *in vivo* models. *Vet. Res.*, 36, 589-599.
- CARMENA D., X. AGUINAGALDE, C. ZIGORRAGA, J.C. FERNÁNDEZ-CRESPO et J.A. OCIO (2007). Presence of *Giardia* cysts and *Cryptosporidium* oocysts in drinking water supplies in northern Spain. *J. Appl. Microbiol.*, 102, 619-629.
- CARO A., P. GOT, J. LESNE, S. BESNARD et B. BALEUX (1999). Viability and virulence of experimentally stressed non-culturable *Salmonella typhimurium*. *Appl. Environ. Microbiol.*, 65, 3229-3232.
- CASINI B., P. VALENTINI, A. BAGGIANI, F. TORRACCA, S. FRATESCHI, N.L. CECCHERINI et G. PRIVITERA (2008). Molecular epidemiology of *Legionella pneumophila* serogroup isolates following longterm chlorine dioxide treatment in a university hospital water system. *J. Hosp. Infect.*, 69, 141-147.
- CHANDY J.P. et M.L. ANGLES (2001). Determination of nutrients limiting biofilm formation and subsequent impact on disinfectant decay. *Water Res.*, 35, 2677-2682.
- CHANG S.L., R.L. WOODWARD et P.W. KABLER (1960). Survey of free-living nematodes and amebas in municipal supplies. *J. Am. Water Works Assoc.*, 52, 613-618.
- CHANG C.W., Y.H. HWANG, W.Y. CHENG et C.P. CHANG (2007). Effects of chlorination and heat disinfection on long-term starved *Legionella pneumophila* in warm water. *J. Appl. Microbiol.*, 102, 1636-1644.
- CHANSON H. (2008). The hydraulics of roman aqueducts: what do we know? Why should we learn? World Environmental and Water Resources Congress: Ahupua'a. BABCOCK, RW et R. WALTON (Éditeurs). Proceedings of the World Environmental and Water Resources congress. *American Society of Civil Engineering Publication*, Reston, Virginia, USA, doi:10.1061/40976(316)145.
- CHARACKLIS W.G. et S.T. DYDEK (1976). The influence of carbon-nitrogen ratio on the chlorination of microbial aggregates. *Water Res.*, 10, 512-522.
- CHAURET C., C. VOLK, L. STOVER, T.S. DYKSTRA, R.C. ANDREWS et G.A. GAGNON (2005). Effect of disinfectants on microbial ecology in model distribution systems. *J. Water Health*, 3, 359-369.
- CHO H.B., S.H. LEE, J.C. CHO et S.J. KIM (2000). Detection of adenoviruses and enteroviruses in tap water and river water by reverse transcription multiplex PCR. *Can. J. Microbiol.*, 46, 417-424.
- CHRISTEN R. (2008). Identifications of pathogens - a bioinformatic point of view. *Curr. Opin. Microbiol.*, 19, 266-273.
- CLOETE T.E. (2003). Resistance mechanisms of bacteria to antimicrobial compounds. *Int. Biodeterior. Biodegrad.*, 51, 277-282.
- CODONY E., J. MORATÒ et J. MAS (2005). Role of discontinuous chlorination on microbial production by drinking water biofilms. *Water Res.*, 39, 1896-1906.
- COLWELL R.R., P. BRAYTON, D. HERRINGTON, B. TALL, A. HUQ et M.M. LEVINE (1996). Viable but

- non-culturable *Vibrio cholerae* O1 revert to a cultivable state in the human intestine. *World J. Microbiol. Biotechnol.*, 12, 28-31.
- COSTERTON J.W., K.J. CHENG, G.G. GEESEY, T.I. LADD, J.C. NICKEL, M. DASGUPTA et T.J. MARRIE (1987). Bacterial biofilms in nature and disease. *Ann. Rev. Microbiol.*, 41, 435-64.
- COSTERTON J.W., Z. LEWANDOWSKI, D. DEBEER, D. CALDWELL, D. KORBER et G. JAMES (1994). Biofilms, the customized microniche. *J. Bacteriol.*, 176, 2137-2142.
- CRAUN G.F., N. NWACHUKU, R.L. CALDERON et M.F. CRAUN (2002). Outbreaks in drinking-water systems, 1991-1998. *J. Environ. Health*, 65, 16-23.
- CRAUN M.F., G.F. CRAUN, R.L. CALDERON et M.J. BEACH (2006). Waterborne outbreaks reported in the United States. *J. Water Health*, 4, 19-30.
- CRITCHLEY M.M., N.J. CROMAR, N. McCLURE et H.J. FALLOWFIELD (2001). Biofilms and microbially influenced cuprosolvency in domestic copper plumbing systems. *J. Appl. Microbiol.*, 91, 646-651.
- DAVEY M.E. et G.A. O'TOOLE (2000). Microbial biofilms: from ecology to molecular genetics. *Appl. Environ. Microbiol.*, 64, 847-867.
- DAVIES D. (2003). Understanding biofilm resistance to antibacterial agents. *Nat. Rev.*, 2, 114-122.
- DE BEER D., R. SRINIVASAN et P.S. STEWART (1994). Direct measurement of chlorine penetration into biofilms during disinfection. *Appl. Environ. Microbiol.*, 60, 4339-4344.
- DELAHAYE E., B. WELTÉ, Y. LEVI, G. LEBLON et A. MONTIEL (2003). An ATP based method for monitoring the microbiological drinking water quality in a distribution network. *Water Res.*, 37, 3689-3696.
- DELAHAYE E. (2004). Contribution à la mise en évidence d'indicateurs relatifs à des phénomènes de postprolifération bactérienne en réseau de distribution d'eau potable. Thèse de doctorat, Université Paris XI, Orsay, France, 204 p.
- DELAHAYE E., Y. LEVI, G. LEBLON et A. MONTIEL (2006). A simple system for biofilm potential monitoring in drinking water. *J. Basic Microbiol.*, 46, 22-27.
- DIGIANO F. et W. ZHANG (2004). Uncertainty analysis in a mechanistic model of bacterial regrowth in distribution systems. *Environ. Sci. Technol.*, 38, 5925-5931.
- DONG J., J.P. OLANO, J.W. MACBRIDE et D.H. WALKER (2008). Emerging pathogens: challenges and successes of molecular diagnostics. *J. Mol. Diag.*, 10, 185-197.
- DONG Y., J. KIM et G.D. LEWIS (2010). Evaluation of methodology for detection of human adenoviruses in wastewater, drinking water, stream water and recreational waters. *J. Appl. Microbiol.*, 108, 800-809.
- DONLAN R.M. (2002). Biofilms: microbial life on surfaces. *Emerg. Infect. Dis.*, 8, 881-890.
- DONLAN R.M. et J.W. COSTERTON (2002). Biofilms: survival mechanisms of clinically relevant microorganisms. *Clin. Microbiol. Rev.*, 15, 167-193.
- DUKAN S., Y. LEVI, P. PIRRIOU, F. GUYON et P. VILLON (1996). Dynamic modelling of bacterial growth in drinking water networks. *Water Res.*, 30, 1991-2002.
- DUMÈTRE A., C. LE BRAS, M. BAFFET, P. MENECEUR, J.P. DUBEY, F. DEROUIN, J.P. DUGUET, M. JOYEUX et L. MOULIN (2008). Effects of ozone and ultraviolet radiation treatments on the infectivity of *Toxoplasma gondii* oocysts. *Vet. Parasitol.*, 153, 209-213.
- EBERTH C.J. (1880). Die Organismen in den Organen bei Typhus abdominalis. Archiv für pathologische *Anatomie und Physiologie und für Klinische*, 81, 58-74.
- EICHLER S., R. CHRISTEN, C. HOLTJE, P. WESTPHAL, J. BOTEL, I. BRETTAR, A. MEHLING et M.G. HOFLE (2006). Composition and dynamics of bacterial communities of a drinking water supply system as assessed by RNA- and DNA-based 16S rRNA gene fingerprinting. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72, 1858-1872.
- ESCHERICH T. (1885). Die darmbakterien des neugeborenen und Säuglings Fortschritte des medizin. *München* 3, 512-522.
- EVINS C. (2004). Small animals in drinking water distribution systems. Dans : Safe Piped Water: Managing Microbial Water Quality in Piped Distribution Systems. AINSWORTH R. (Éditeur), IWA Publishing, London pp. 101-120.
- FICA A.E., S. PRAT-MIRANDA, A. FERNANDEZ-RICCI, K. D'OTTONE et F.C. CABELLE (1996). Epidemic typhoid in Chile: analysis by molecular and conventional

- methods of *Salmonella typhi* strain diversity in epidemic (1977 and 1981). and Nonepidemic (1990). Years. *J. Clin. Microbiol.*, 34, 1701-1707.
- FIELD C., A. BERNHARD et T.J. BRODEUR (2003). Molecular approaches to microbiological monitoring: fecal source detection. *Environ. Monit. Assess.*, 81, 313-326.
- FIKSDAL L. et T. LEIKNES (2006). The effect of coagulation with MF/UF membrane filtration for the removal of virus in drinking water. *J. Membr. Sci.*, 279, 364-371.
- FLEMING A. (1929). On the antibacterial actions of a penicillium with special reference to their use in the isolation of *B. Influenzae*. *British J. Exp. Pathol.*, 10, 226-236.
- FLEMMING H.C. (2002). Biofouling in water systems-cases, causes, and countermeasures. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 56, 629-640.
- FRENCH G.L. (2005). Clinical impact and relevance of antibiotic resistance. *Adv. Drug Delivery Rev.*, 57, 1514-1527.
- FLETCHER M. et G.I. LOEB (1979). Influence of substratum characteristics on the attachment of a marine pseudomonad to solid surfaces. *Appl. Environ. Microbiol.*, 37, 67-72.
- GAGNON G.A., R.M. SLAWSON et P. HUCK (2000). Effect of easily biodegradable organic compounds on bacterial growth in a bench-scale drinking water distribution system. *Can. J. Civil Eng.*, 27, 412-420.
- GAGNON G.A., J.L. RANG, K.C. O'LEARY, A.C. RYDEL, C. CHAURET et R.C. ANDREWS (2005). Disinfectant efficacy of chlorite and chlorine dioxide in drinking water biofilms. *Water Res.*, 39, 1809-1817.
- GALLEGO V., M.T. GARCIA et A. VENTOSA (2005a). *Methylobacterium isbiliense* sp. nov., isolated from the drinking water system of Sevilla, Spain. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 55, 2333-2337.
- GALLEGO V., M.T. GARCIA et A. VENTOSA (2005b). *Methylobacterium hispanicum* sp. nov. and *Methylobacterium aquaticum* sp. nov., isolated from drinking water. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 55, 281-287.
- GALLEGO V., M.T. GARCIA et A. VENTOSA (2006a). *Methylobacterium adhaesivum* sp. nov., a methylotrophic bacterium isolated from drinking water. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 56, 339-342.
- GALLEGO V., C. SANCHEZ-PORRO, M.T. GARCIA et A. VENTOSA (2006b). *Roseomonas aquatica* sp. nov., isolated from drinking water. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 56, 2291-2295.
- GALLEGO V., M.T. GARCIA et A. VENTOSA (2006c). *Pedobacter aquatilis* sp. nov., isolated from drinking water, and emended description of the genus *Pedobacter*. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 56, 1853-1858.
- GALLEGO V., C. SANCHEZ-PORRO, M.T. GARCIA et A. VENTOSA (2006d). *Massilia aurea* sp. nov., isolated from drinking water. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 56, 2449-2453.
- GARCÈS-SANCHEZ G., P.A. WILDERER, J.C. MUNCH, H. HORN et M. LEBUHN (2009). Evaluation of two methods for quantification of hsp70 mRNA from waterborne pathogen *Cryptosporidium parvum* by reverse transcription real-time PCR in environmental samples. *Water Res.*, 43, 2669-2678.
- GASSILLOU B. et C. GANTZER (2005). Adhesion-aggregation and inactivation of Poliovirus 1 in groundwater stored in a hydrophobic container. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 912-920.
- GAUTHIER V., B. GERARD, J.M. PORTAL, J.C. BLOCK et D. GATEL (1999). Organic matter as loose deposits in a drinking water distribution system. *Water Res.*, 31, 1014-1026.
- GAUTHIER V., B. BARBEAU, G. TREMBLAY, R. MILLETTE et A.M. BERNIER (2003). Impact of raw water turbidity fluctuations on drinking water quality in a distribution system. *J. Environ. Eng. Sci.*, 2, 281-291.
- GERBA C.P., N. NWACHUKU et K.R. RILEY (2003). Disinfection resistance of waterborne pathogens on the United States Environmental Protection Agency's Contaminant Candidate List (CCL). *J. Water SRT - Aqua*, 52, 81-94.
- GERBA C.P. et J.E. SMITH (2005). Sources of pathogenic microorganisms and their fate during land application of wastes. *J. Environ. Qual.*, 34, 42-48.
- GONÇALVES A.B., R.R.M. PATERSON et N. LIMA (2006). Survey and significance of filamentous fungi from tap water. *Int. J. Hyg. Environ. Health*, 209, 257-264.
- HAGESKAL G., A.K. KNUTSEN, P. GAUSTAD, G.S. DE HOOG et I. SKAAR (2006). Diversity and significance of mold species in Norwegian drinking water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72, 7586-7593.

- HAGESKAL G., N. LIMA et I. SKAAR (2009). The study of fungi in drinking water. *Mycol. Res.*, 113, 165-172.
- HAKKINEN M., U.M. NAKARI et A. SIITONEN (2009). Chickens and cattle as sources of sporadic domestically acquired *Campylobacter jejuni* infections in Finland. *Appl. Environ. Microbiol.*, 75, 5244-5249.
- HALL J., G. HOGDSON et K.G. KERR (2004). Provision of safe potable water for immunocompromised patients in hospital. *J. Hosp. Infect.*, 58, 155-158.
- HALLAM N.B., J.R. WEST, C.F. FORSTER et J. SIMMS (2001). The potential for biofilm growth in water distribution systems. *Water Res.*, 35, 4063-4071.
- HAMMES F., M. BERNEY, Y. WANG, M. VITAL, O. KÖSTER et T. EGLI (2008). Flow-cytometric total bacterial cell counts as a descriptive microbiological parameter for drinking water treatment processes. *Water Res.*, 42, 269-277.
- HARWOOD V.J., A.D. LEVINE, T.M. SCOTT, V. CHIVUKULA, J. LUKASIK, S.R. FARRAH et J.B. ROSE (2005). Validity of the indicator organism paradigm for pathogen reduction in reclaimed water and public health protection. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 3163-3170.
- HEINEMANN J.A., H. ROSN, M. SAVILL, S. BURGOS-CARBALLO et G.A. TORANZOS (2006). Environment arrays: a possible approach for predicting changes in waterborne bacterial disease potential. *Environ. Sci. Technol.*, 40, 7150-7156.
- HEIJNEN L. et G. MEDEMA (2009). Method for rapid detection of viable *Escherichia coli* in water using real time NASBA. *Water Res.*, 43, 3124-3132.
- HEM L.J. (2002). Potential water quality deterioration of drinking water caused by leakage of organic compounds from materials in contact with the water. Dans : *Proceedings, 20th NoDig Conference*, 28-31 mai, Copenhagen, Danemark.
- HERATH G., K. YAMAMOTO et T. URASE (1999). Removal of viruses by microfiltration membranes at different solution environments. *Water Sci. Technol.*, 40, 331-338.
- HILL V.R., A.L. POLACZYK, D. HANH, J. NARAYANAN, T.L. CROEMANS, J.M. ROBERTS et J.E. AMBURGEY (2005). Development of a rapid method for simultaneous recovery of diverse microbes in drinking water by ultrafiltration with sodium polyphosphate and surfactants. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 6878-6884.
- HILL V.R., A.M. KAHLER, N. JOTHIKUMAR, T.B. JONHSON, D. HAHN et T.L. CROEMANS (2007). Multistate evaluation of an ultrafiltration-based procedure for simultaneous recovery of enteric microbes in 100-liter tap water samples. *J. Appl. Microbiol.*, 73, 4218-4225.
- HITZFELD B.C., S.J. HÖGER et D.R. DIETRICH (2000). Cyanobacterial toxins: removal during drinking water treatment, and human risk assessment. *Environ. Health Perspect.*, 108, 113-122.
- HOEFEL D., P.T. MONIS, W.L. GROOBY, S. ANDREWS et C.P. SAINT (2005). Profiling bacterial survival through a water treatment process and subsequent distribution system. *J. Appl. Microbiol.*, 99, 175-186.
- HOEGER S.J., B. HITZFELD et D.R. DIETRICH (2005). Occurrence and elimination of cyanobacterial toxins in drinking water treatment plants. *Toxicol. Appl. Pharmacol.*, 203, 231-242.
- HOFF J.C. et E.W. AKIN (1986). Microbial resistance to disinfectants: mechanisms and significance. *Environ. Health Perspect.*, 69, 7-13.
- HOFFMANN R. et R. MICHEL (2001). Distribution of free-living amoebae (FLA). during preparation and supply of drinking water. *Int. J. Hyg. Environ. Health*, 203, 215-219.
- HOLT J., N. KRIEG, P. SNEATH, J. STALEY et S. WILLIAMS (1994). *Bergey's manual of determinative bacteriology*. 9^e édition. WILLIAMS et WILKINS (Éditeurs), Baltimore, MD, États-Unis.
- HOWARD K. et T.J.J. INGLIS (2003). The effect of free chlorine on *Burkholderia pseudomallei* in potable water. *Water Res.*, 37, 4425-4432.
- HRUDEY S.E., E.J. HRUDEY et S.J.T. POLLARD (2006). Risk management for assuring safe drinking water. *Environ. Int.*, 32, 948-957.
- HSU B.M., C. HUANG, Y.F. HSU, G.Y. JIANG et C.L.L. HSU (2001). Evaluation of two concentration methods for detecting *Giardia* and *Cryptosporidium* in water. *Water Res.*, 35, 419-424.
- HUANG J., L. WANG, N. REN, F. MA et J. MA (1997). Disinfection effect of chlorine dioxide on bacteria in water. *Water Res.*, 31, 607-613.

- HUBER J.A., D.B. MARK WELCH, H.G. MORRISON, S.M. HUSE, P.R. NEAL, D.A. BUTTERFIELD et M.L. SOGIN (2007). Microbial population structures in the deep marine biosphere. *Science*, 318, 97-100.
- HUCK P. M. (1990). Measurement of biodegradable organic matter and bacterial growth in drinking water. *J. Am. Water Works Assoc.*, 82, 78-86.
- HUGENHOLTZ P. et T. HUBER (2003). Chimeric 16S rDNA sequences of diverse origin are accumulating in the public databases. *Int. J. Sys. Evol. Microbiol.*, 53, 289-293.
- HUMRIGHOUSE B.W., J.W. SANTO DOMINGO, R.P. REVETTA, R. LAMENDELLA, C.A. KELTY et D.B. OERTHER (2006). Microbial characterization of drinking water systems receiving groundwater and surface water as the primary sources of water. Dans : *Proceedings of the 8th Annual Water Distribution Systems Analysis Symposium*. BUCHBERGER SG, RM CLARK, WM GRAYMAN et JG UBER (Éditeurs). *American Society of Civil Engineering Publication*, Reston, pp. 1-14.
- HUNT S.M., E.M. WERNER, B. HUANG, M.A. HAMILTON et P.S. STEWART (2004). Hypothesis for the role of nutrient starvation in biofilm detachment. *Appl. Environ. Microbiol.*, 70, 7418-7425.
- HUREÏKI L., C. GAUTHIER et M. PRÉVOST (1996). Evolution of total aminoacids in two drinking water treatment plants. *Rev. Sci. Eau*, 3, 297-318.
- HUYS G., P. KÄMPFER, M. ALTWEGG, I. KERSTERS, A. LAMB, R. COOPMAN, J. LÜTHY-HOTTENSTEIN, M. VANCANNEYT, P. JANSSEN et K. KERSTERS (1997). *Aeromonas popoffii* sp. nov., a mesophilic bacterium isolated from drinking water production plants and reservoirs. *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 47, 1165-1171.
- JANG A., J. SZABO, A.A. HOSNI, M. COUGHLIN et P.L. BISHOP (2006). Measurement of chlorine dioxide penetration in dairy process pipe biofilms during disinfection. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 72, 368-376.
- JEFFERSON K.K. (2004). What drives bacteria to produce a biofilm? *FEMS Microbiol. Lett.*, 236, 163-173.
- JEGATHEESAN V., G. KASTL, I. FISHER, M. ANGLES et J. CHANDY (2000). Modelling biofilm growth and disinfectant decay in drinking water. *Water Sci. Technol.*, 41, 339-345.
- JIANG S.C. (2006). Human adenoviruses in water: occurrence and health implications: a critical review. *Environ. Sci. Technol.*, 40, 7132-7140.
- JOLIVET-GOUGEON A., F. SAUVAGER, M. BONNAURE-MALLET, R.R. COLWELL et M. CORMIER (2006). Virulence of viable but non-culturable *S. Typhimurium* LT2 after peracetic acid treatment. *Int. J. Food Microbiol.*, 112, 147-152.
- JOUX F. et P. LEBARON (2000). Use of fluorescent probes to assess physiological functions of bacteria at single-cell level. *Microbes Infect.*, 2, 1523-1535.
- JUHNA T., D. BIRZNIECE, S. LARSSON, D. ZULENKOV, A. SHARIPO, N.F. AZEVEDO, F. MÉNARD-SZCZEBARA, S. CASTAGNET, C. FÉLIERS et C.W. KEEVIL (2007). Detection of *Escherichia coli* in biofilms from pipe samples and coupons in drinking water distribution networks. *Appl. Environ. Microbiol.*, 73, 7456-7464.
- KALMBACH S., W. MANZ et U. SZEWZYK (1997). Dynamics of biofilm formation in drinking water: phylogenetic affiliation and metabolic potential of single cells assessed by formazan reduction and *in situ* hybridization. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 22, 265-279.
- KÄMPFER P., H.J. BUSSE et E. FALSSEN (2006a). *Hermiimonas aquatilis* sp. nov., a new species from drinking water. *Syst. Appl. Microbiol.*, 29, 287-291.
- KÄMPFER P., H.J. BUSSE et E. FALSSEN (2006b). *Polaromonas aquatica* sp. nov., isolated from tap water. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 56, 605-608.
- KÄMPFER P., R. ROSSELLÓ-MORA, M. HERMANSSON, F. PERSSON, B. HUBER, B. FALSSEN et H.J. BUSSE (2007). *Undibacterium pigrum* gen. nov., sp. nov., isolated from drinking water. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 57, 1510-1515.
- KARANIS P., C. KOURENTI et H. SMITH (2007). Waterborne transmission of protozoan parasites: A worldwide review of outbreaks and lessons learnt. *J. Water Health*, 5, 1-38.
- KATSIKOGIANNI M. et Y.F. MISSIRLIS (2004). Concise review of mechanisms of bacterial adhesion to biomaterials and of techniques used in estimating bacteria-material interactions. *Eur. Cell Mater.*, 8, 37-57.

- KEARNS E.A., S. MAGAÑA et D.V. LIM (2008). Automated concentration and recovery of micro-organisms from drinking water using dead-end ultrafiltration. *J. Appl. Microbiol.*, 105, 432-442.
- KEER J.T. et L. BIRCH (2003). Molecular methods for the assessment of bacterial viability. *J. Microbiol. Meth.*, 53, 175-183.
- KEINANEN-TOIVOLA M.M., R.P. REVETTA et J.W. SANTO DOMINGO (2006). Identification of active bacterial communities in a model drinking water biofilm system using 16S rRNA-based clone libraries. *FEMS Microbiol. Lett.*, 257, 182-188.
- KERNEŠA., F. NAKACHE, A. DEGUIN et M. FEINBERG (1995). The effects of the water residence time on the biological quality in a distribution network. *Water Res.*, 29, 1719-1727.
- KIÉNÉ L., W. LU et Y. LÉVI (1998). Relative importance of the phenomena responsible for chlorine decay in drinking water distribution systems. *Water Sci. Technol.*, 38, 219-227.
- KISTEMANN T., T. CLASSEN, C. KOCH, F. DANGERDORF, R. FISCHER, J. GEBEL, V. VACATA et M. EXNER (2002). Microbial load of drinking water reservoir tributaries during extreme rainfall and runoff. *Appl. Environ. Microbiol.*, 68, 2188-2197.
- KJELLERUP B.V., B.H. OLESEN, B. FROLUND et P.H. NIELSEN (2004). Potential of biocorrosion in Danish district heating systems. *Mater. Corros.*, 55, 543-547.
- KLANČNIK A., B. GUZEJ, P. JAMNIK, D. VUČKOVIĆ, M. ABRAM et S.S. MOŽINA (2009). Stress response and pathogenic potential of *Campylobacter jejuni* cells exposed to starvation. *Res. Microbiol.*, 160, 345-352.
- KOCH R. (1882). Die Aetiologie des Tuberculose. *Berliner klinische Wochenschrift*, 19, 221-230.
- KOCH R. (1890). Ueber bakteriologische Forschung. Dans : *Internationalen Medizinischen Kongresses*, Berlin, Allemagne, pp. 650-660.
- KOCH R. (1893). Wasserfiltration und cholera. *Zeitschrift für Hygiene und Infektionskrankheiten*, 14, 393-426.
- KORMAS K.A., C. NEOFITOU, M. PACHIADAKI et E. KOUFOSTAH (2010). Changes of the bacterial assemblages throughout an urban drinking water distribution system. *Environ. Monit. Assess.*, 165, 27-38.
- KORNEGAY B.H., K.J. KORNEGAY et E. TORRES (2000). Natural organic matter in drinking water: recommendations to water utilities. *AWWA Res. Found.*, USA.
- LANGLET J., L. OGORZALY, J.C. SCHROTTER, C. MACHINAL, F. GABORIAUD, J.F.L. DUVAL et C. GANTZER (2009). Efficiency of MS2 and Q phage removal by membrane filtration in water treatment: applicability of real-time RT-PCR method. *J. Membr. Sci.*, 326, 111-116.
- LANGMARK J., M.V. STOREY, N.J. ASHBOLT et T.A. STENSTRÖM (2005). Accumulation and fate of microorganisms and microspheres in biofilms formed in a pilot-scale water distribution system. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 706-712.
- LECHEVALLIER M.W., R.J. SEIDLER et T.M. EVANS (1980). Enumeration and characterization of standard plate count bacteria in chlorinated and raw water supplies. *Appl. Environ. Microbiol.*, 40, 922-930.
- LECHEVALLIER M.W., T.S. HASSENAUER, A.K. CAMPER et G.A. MCFETERS (1984). Disinfection of bacteria attached to granular activated carbon. *Appl. Environ. Microbiol.*, 48, 918-923.
- LECHEVALLIER M.W., T.M. BABCOCK et R.G. LEE (1987). Examination and characterization of distribution system biofilms. *Appl. Environ. Microbiol.*, 53, 2714-2724.
- LECHEVALLIER M.W., C.D. CAWTHON et R.G. LEE (1988). Inactivation of biofilm bacteria. *Appl. Environ. Microbiol.*, 54, 2492-2499.
- LECHEVALLIER M.W., W. SCHULZ et R.G. LEE (1991). Bacterial nutrients in drinking water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 57, 857-862.
- LECHEVALLIER M.W., N.J. WELCH et D.B. SMITH (1996). Full-scale studies of factors related to coliform regrowth in drinking water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 62, 2201-2211.
- LECLERC H. (2003). Are there opportunistic bacterial infections from drinking water? *J. Eur. Hydrol.*, 34, 11-44.
- LE DANTEC C., J.P. DUGUET, A. MONTIEL, N. DUMOUTIER, S. DUBROU et V. VINCENT (2002). Chlorine disinfection of atypical *Mycobacteria* isolated from

- a water distribution system. *Appl. Environ. Microbiol.*, 68, 1025-1032.
- LEDERBERG J., R.E. SHOPE et S.C. OAKS (1992). *Emerging infections. Microbial threats to health in the United States*. National Academy Press, Washington, D.C.
- LE GUYADER F.S., F.H. NEILL, E. DUBOIS, F. BON, F. LOISY, E. KOHLI, M. POMMEPUY et R.L. ATMAR (2003). A semiquantitative approach to estimate Norwalk-like virus contamination of oysters implicated in an outbreak. *Int. J. Food Microbiol.*, 87, 107-112.
- LEHTOLA M.J., T.K. NISSINEN, I.T. MIETTINEN, P.J. MARTIKAINEN et T. VARTIAINEN (2004). Removal of soft deposits from the distribution system improves the drinking water quality. *Water Res.*, 38, 601-610.
- LEHTOLA M.J., L. LAXANDER, I.T. MIETTINEN, A. HIRVONEN, T. VARTIAINEN et P.J. MARTIKAINEN (2006). The effects of changing water flow velocity on the formation of biofilms and water quality in pilot distribution system consisting of copper or polyethylene pipes. *Water Res.*, 40, 2151-2160.
- LEHTOLA M.J., E. TORVINEN, J. KUSNETSOV, T. PITKÄNEN, L. MAUNULA, C.H. VON BONSDORFF, P.J. MARTIKAINEN, S.A. WILKS, C.W. KEEVIL et I.T. MIETTINEN (2007). Survival of *Mycobacterium avium*, *Legionella pneumophila*, *Escherichia coli*, and caliciviruses in drinking water-associated biofilms grown under high-shear turbulent flow. *Appl. Environ. Microbiol.*, 73, 2854-2859.
- LEILEI W., C. WEI et L. TAO (2008). Particle size distribution and property of bacteria attached to carbon fines in drinking water treatment. *Water Sci. Eng.*, 1, 102-111.
- LEPEUPLE A.S., S. GILOUPPE, E. PIERLOT et M.R. DE ROUBIN (2004). Rapid and automated detection of fluorescent total bacteria in water samples. *Int. J. Food Microbiol.*, 92, 327-332.
- LEWTHWAITE P., G.V. GILL, C.A. HART et N.J. BEECHING (2005). Gastrointestinal parasites in the immunocompromised. *Curr. Opin. Infect. Dis.*, 18, 427-435.
- LISLE J.T. et J.B. ROSE (1995). Gene exchange in drinking water and biofilms by natural transformation. *Water Sci. Technol.*, 31, 41-46.
- LISLE J.T., S.C. BROADAWAY, A.M. PRESCOTT, B.H. PYLE, C. FRICKER et G.A. MACFETERS (1998). Effects of starvation on physiological activity and chlorine disinfection resistance in *Escherichia coli* O157:H7. *Appl. Environ. Microbiol.*, 64, 4658-4662.
- LIU W., H. WU, Z. WANG, S.L. ONG, J.Y. HU et W.J. NG (2002). Investigation of assimilable organic carbon (AOC) and bacterial regrowth in drinking water distribution system. *Water Res.*, 36, 891-898.
- LIU Y., A. GILCHRIST, J. ZHANG et X.F. LI (2008). Detection of viable but nonculturable *Escherichia coli* O157:H7 bacteria in drinking water and river water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 74, 1502-1507.
- LOCAS A., B. BARBEAU et V. GAUTHIER (2007). Nematodes as a source of total coliforms in a distribution system. *Can. J. Microbiol.*, 53, 580-585.
- LOEB S. et S. SOURIRAJAN (1960). *Sea water demineralization by means of semipermeable membrane*. UCLA Department of Engineering, rapport N°60.
- LU W., L. KIÉNNÉ et Y. LÉVI (1999). Chlorine resistance of biofilms in water distribution systems. *Water Res.*, 33, 827-835.
- LU J., J. SANTO DOMINGO et O.C. SHANKS (2007). Identification of chicken-specific fecal microbial sequences using a metagenomic approach. *Water Res.*, 41, 3561-3574.
- MACDADE J.E., C.C. SHEPARD, D.W. FRASER, T.R. TSAI, M.A. REDUS et W.R. DOWDLE (1977). Legionnaire's disease: isolation of a bacterium and demonstration of its role in other respiratory disease. *N. Engl. J. Med.*, 297, 1197-203.
- MCDUGALD D., S.A. RICE, D. WEICHART et S. KJELLEBERG (1998). Nonculturability: adaptation or debilitation? *FEMS Microbiol. Ecol.*, 25, 1-9.
- MACKENZIE W.R., N.J. HOXIE, M.E. PROCTOR, M.S. GRADUS, K.A. BLAIR, D.E. PETERSON, J.J. KAZMIERCZAK, D.G. ADDISS, K.R. FOX, J.B. ROSE et J.P. DAVIS (1994). A massive outbreak in Milwaukee of *Cryptosporidium* infection transmitted through the public water supply. *N. Engl. J. Med.*, 331, 161-167.
- MADELEY C.R. et B.P. COSGROVE (1975). Viruses in infantile gastroenteritis. *Lancet*, 306, 124.
- MAH T.F.C. et G.A. O'TOOLE (2001). Mechanisms of biofilm resistance to antimicrobial agents. *Trends Microbiol.*, 9, 34-39.

- MANZ W., U. SZEWCZYK, P. ERICSSON, R. AMANN, K.H. SCHLEIFER et T.A. STENSTRÖM (1993). *In situ* identification of bacteria in drinking water and adjoining biofilms by hybridization with 16S and 23S rRNA-Directed Fluorescent Oligonucleotide Probes. *Appl. Environ. Microbiol.*, 59, 2293-2298.
- MARTINYA.C., T.M. JORGENSEN, H.J. ALBRECHTSEN, E. ARVIN et S. MOLIN (2003). Long-term succession of structure and diversity of a biofilm formed in a model drinking water distribution system. *Appl. Env. Microbiol.*, 69, 6899-6907.
- MARTINY A.C., H.J. ALBRECHTSEN, E. ARVIN et S. MOLIN (2005). Identification of bacteria in biofilm and bulk water samples from a nonchlorinated model drinking water distribution system: detection of a large nitrite-oxidizing population associated with *Nitrospira* spp. *Appl. Env. Microbiol.*, 71, 8611-8617.
- MATHIEU L., C. BOUTELEUX, S. FASS, A. ANGEL et J.C. BLOCK (2009). Reversible shift in the α -, β - and γ -*proteobacteria* populations of drinking water biofilms during discontinuous chlorination. *Water Res.*, 43, 3375-3386.
- MATILAINEN A., N. LINDQVIST, S. KORHONEN et T. TUHKANEN (2002). Removal of NOM in the different stages of the water treatment process. *Environ. Int.*, 28, 457-465.
- MAYNARD C., F. BERTHIAUME, K. LEMARCHAND, J. HAREL, P. PAYMENT, P. BAYARDELLE, L. MASSON et R. BROUSSEAU (2005). Waterborne pathogen detection by use of oligonucleotide-based microarrays. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 8848-8857.
- MEAYS C.L., K. BROERSMA, N. NORDIN et A. MAZUMDER (2004). Source tracking fecal bacteria in water: a critical review of current methods. *J. Environ. Manage.*, 73, 71-79.
- MECKES M.C., R. HAUGHT, M. DOSANI, R.M. CLARK et M. SIVAGANESAN (1999). Effect of pH adjustments on biofilm in a simulated water distribution system. Dans : *Proceedings of the American Water Works Association Water Quality Technology Conference, AWWA*, Denver, CO, États-Unis.
- MIETTINEN I.T., T. VARTIAINEN et J. MARTIKAINEN (1999). Determination of assimilable organic carbon in humus-rich drinking waters. *Water Res.*, 33, 2277-2282.
- MOMBA M.N.B., R. KFIR, S.N. VENTER et T.E. CLOETE (2000). An overview of biofilm formation in distribution systems and its impact on the deterioration of water quality. *Water SA*, 26, 59-67.
- MONS C., A. DUMÈTRE, S. GOSSELIN, C. GALLIOT et L. MOULIN (2009). Monitoring of *Cryptosporidium* and *Giardia* river contamination in Paris area. *Water Res.*, 43, 211-217.
- MONTIEL A., S. RIGAL et B. WELTÉ (1999). Study of the origin of musty taste in the drinking water supply. *Water Sci. Technol.*, 40, 171-177.
- MORENO Y., P. PIQUERES, J.L. ALONSO, A. JIMÉNEZ, A. GONZALEZ et M.A. FERRUS (2007). Survival and viability of *Helicobacter pylori* after inoculation into chlorinated drinking water. *Water Res.*, 41, 3490-3496.
- MORENS D.M., G. FOLKERS et A.S. FAUCI (2004). The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature*, 430, 242-249.
- MULLISK., F. FALOONA, S. SCHARF, R. SAIKI, G. HORN et H. ERLICH (1986). Specific enzymatic amplification of DNA *in vitro*: the polymerase chain reaction. Dans : *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, New-York, NY, États-Unis, 51, 263-73.
- MUNAVALLI G.R. et M.S. MOHAN KUMAR (2004). Dynamic simulation of multicomponent reaction transport in water distribution systems. *Water Res.*, 38, 1971-1988.
- NEUMANN N.F., D.W. SMITH et M. BELOSEVC (2005). Waterborne disease: an old foe re-emerging? *J. Environ. Eng. Sci.*, 4, 155-171.
- NIEMI R.M., S. KNUTH et K. LUNDSTRÖM (1982). *Actinomycetes* and fungi in surface waters and in potable water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 43, 378-388.
- NIME F.A., J.D. BUREK, D.L. PAGE, M.A. HOLSCHER et J.H. YARDLEY (1976). Acute enterocolitis in a human being infected with the protozoan *Cryptosporidium*. *Gastroenterology*, 70, 592-598.
- NIQUETTE P., P. SERVAIS et R. SAVOIR (2000). Impacts of pipe materials on densities of fixed bacterial biomass in a drinking water distribution system. *Water Res.*, 34, 1952-1956.
- NOCKER A. et A.K. CAMPER (2006). Selective removal of DNA from dead cells of mixed bacterial communities by

- use of ethidium monoazide. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72, 1997-2004.
- NOCKER A., C.Y. CHEUNG et A.K. CAMPER (2006). Comparison of propidium monoazide with ethidium monoazide for differentiation of live *vs.* dead bacteria by selective removal of DNA from dead cells. *J. Microbiol. Meth.*, 67, 310-320.
- NOCKER A., K.E. SOSSA et A.K. CAMPER (2007). Molecular monitoring of disinfection efficacy using propidium monoazide in combination with quantitative PCR. *J. Microbiol. Meth.*, 70, 252-260.
- NOCKER A. et A.K. CAMPER (2009). Novel approaches toward preferential detection of viable cells using nucleic acid amplification techniques. *FEMS Microbiol. Lett.*, 291, 137-142.
- NORTON C.D. et M.W. LECHEVALLIER (2000). A pilot study of bacteriological population changes through potable water treatment and distribution. *Appl. Environ. Microbiol.*, 66, 268-276.
- NUGEN S.R. et A.J. BAEUMNER (2008). Trends and opportunities in food pathogen detection. *Anal. Bioanal. Chem.*, 391, 451-454.
- NWACHUKU N., G.F. CRAUN et R. CALDERON (2002). How effective is the TCR in assessing outbreak vulnerability? *J. Am. Water Works Assoc.*, 94, 88-96.
- NWACHUKU N. et P. GERBA (2004). Emerging waterborne pathogens: can we kill them all? *Curr. Opin. Microbiol.*, 15, 175-180.
- NYSTRÖM T. (2001). Not quite dead enough: on bacterial life, culturability, senescence, and death. *Arch. Microbiol.*, 176, 159-164.
- O'CONNOR D.R. (2002). *Report of the Walkerton inquiry: The events of May 2000 and related issues*. The Walkerton Inquiry, Toronto, Ontario, Canada.
- OLIVER J.D. (2005). The viable but non-culturable state in bacteria. *J. Microbiol.*, 43 (special issue), 93-100.
- OMS (2002). Reducing risks, promoting healthy life. *OMS Press*, Genève, Suisse, 248 p.
- OMS (2003). Emerging issues in water and infectious disease. *OMS Press*, Genève, Suisse, 22 p.
- OMS (2008). Guidelines for drinking-water quality: incorporating 1st and 2nd addenda, Vol.1, Recommendations- 3^e édition. *OMS Press*, Genève, Suisse.
- PALLEN M.J. et B.W. WREN (2007). Bacterial pathogenomics. *Nature*, 449, 835-842.
- PAQUIN J.L., J.C. BLOCK, K. HAUDIDIER, P. HARTEMANN, F. COLIN, J. MIAZGA et Y. LEVI (1992). Effect of chlorine on the bacterial colonisation of a model distribution system. *Rev. Sci. Eau*, 5, 399-414.
- PARIS T., S. SKALI-LAMI et J.C. BLOCK (2007). Effect of wall shear rate on biofilm deposition and grazing in drinking water flow chambers. *Biotechnol. Bioeng.*, 97, 1550-1561.
- PARIS T., S. SKALI-LAMI et J.C. BLOCK (2009). Probing young drinking water biofilms with hard and soft particles. *Water Res.*, 43, 117-126.
- PASTEUR L. (1860). Experiences relatives aux générations dites spontanées. *Compte rendus de l'Académie des Sciences*, 50, 303-307.
- PAVLOV D., C.M.E. DE WET, W.O.K. GRABOW et M.M. EHLERS (2004). Potentially pathogenic features of heterotrophic plate count bacteria isolated from treated and untreated drinking water. *Int. J. Food Microbiol.*, 92, 275-287.
- PENNA V.T.C., S.A.M. MARTINS et P.G. MAZZOLA (2002). Identification of bacteria in drinking and purified water during the monitoring of a typical water purification system. *BMC Public Health*, 2, 13.
- PERCIVAL S.L., J.S. KNAPP, D.S. WALES et R.G.J. EDYVEAN (1999). The effect of turbulent flow and surface roughness on biofilm formation in drinking water. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.*, 22, 152-159.
- PEREIRA M.O., P. MORIN, M.J. VIEIRA, et L.F. MELO (2002). A versatile reactor for continuous monitoring of biofilm properties in laboratory and industrial conditions. *Lett. Appl. Microbiol.*, 34, 22-26.
- PERELLE S., L. CAVELLINI, C. BURGER, S. BLAISE-BOISSEAU, C. HENNECHART-COLETTE, G. MERLE, et P. FACH, (2009). Use of a robotic RNA purification protocol based on the NucliSens® easy MAGTM for real-time RT-PCR detection of hepatitis A virus in bottled water. *J. Virol. Methods*, 157, 80-83.

- PEROLA O., T. NOUSIAINEN, S. SUOMALAINEN, S. AUKEE, U.M. KÄRKKÄINEN, J. KAUPINEN, T. OJANEN et M.L. KATILA (2002). Recurrent *Sphingomonas paucimobilis*-bacteraemia associated with a multi-bacterial water-borne epidemic among neutropenic patients. *J. Hosp. Infect.*, 50, 196-201.
- PHE M.H., M DOSSOT, H. GUILLOTEAU et J.C. BLOCK (2005). Nucleic acid fluorochromes and flow cytometry prove useful in assessing the effect of chlorination on drinking water bacteria. *Water Res.*, 39, 3618-3628.
- PIMENTEL D., S. COOPERSTEIN, H. RANDELL, D. FILIBERTO, S. SORRENTINO, B. KAYE, C. NICKLIN, J. YAGI, J. BRIAN, J. O'HERN, A. HABAS. et C. WEINSTEIN (2007). Ecology of increasing diseases: population growth and environmental degradation. *Hum. Ecol.*, 35, 653-668.
- PIRIOU P., S. DUKAN, Y. LÉVI, F. GUYON et P. VILLON (1996). Modélisation des biomasses bactériennes libres et fixées dans les réseaux de distribution d'eau potable. *Rev. Sci. Eau*, 3, 381-406.
- PURDY K.J. (2005). Nucleic acid recovery from complex environmental samples. *Methods Enzymol.*, 397, 271-292.
- QUIGNON F., L. KIÉNÉ, Y. LÉVI, M. SARDIN et L. SCHWARTZBROD (1997). Virus behaviour within a distribution system. *Water Sci. Technol.*, 35, 311-318.
- RACZYK-STANISŁAWIAK U., J. ŚWIETLIK, A. DĄBROWSKA et J. NAWROCKI (2004). Biodegradability of organic by-products after natural organic matter oxidation with ClO_2 - case study. *Water Res.*, 38, 1044-1054.
- RAHMAN I., M. SHAHAMAT, M.A.R. CHOWDURY et R.R. COLWELL (1996). Potential virulence of viable but nonculturable *Shigella dysenteriae* type 1. *Appl. Environ. Microbiol.*, 62, 115-120.
- RAZZOLINI M.T.P., M. DIBARI, P.S. SANCHEZ et M.I.S. SATO (2008). *Aeromonas* detection and their toxins from drinking water from reservoirs and drinking fountains. *J. Water Health*, 6, 117-123.
- REASONER D.J. et E.E. GELDREICH (1985). A new medium for the enumeration and subculture of bacteria from potable water. *Appl. Environ. Microbiol.*, 49, 1-7.
- REGAN J.M., G.W. HARRINGTON, H. BARIBEAU, R. DE LEON et D.R. NOGUERA (2003). Diversity of nitrifying bacteria in full-scale chloraminated distribution systems. *Water Res.*, 37, 197-205.
- REISSBRODT R., H. HEIER, H. TSCHÄPE, R.A. KINGSLEY et P.H. WILLIAMS (2000). Resuscitation by ferrioxamine E of stressed *Salmonella enterica* serovar typhimurium from soil and water microcosms. *Appl. Environ. Microbiol.*, 66, 4128-4130.
- RESTAINO L., E.W. FRAMPTON, J.B. HEMPHILL et P. PALKINAR (1995). Efficacy of ozonated water against various food-related microorganisms. *Appl. Environ. Microbiol.*, 61, 3471-3475.
- RIDGWAY H.F. et B.H. OLSON (1981). Scanning electron microscope evidence for bacterial colonization of a drinking-water distribution system. *Appl. Environ. Microbiol.*, 41, 274-287.
- RIDGWAY H.F. et B.H. OLSON (1982). Chlorine resistance patterns of bacteria from two drinking water distribution systems. *Appl. Environ. Microbiol.*, 44, 972-987.
- RILEY L.W., R.S. REMIS, S.D. HELGERSON, H.B. MACGEE, J.G. WELLS, B.R. DAVIS, R.J. HEBERT, E.S. OLCOTT, L.M. JOHNSON, N.T. HARGRETT, P.A. BLAKE et M.L. COHEN (1983). Hemorrhagic colitis associated with a rare *Escherichia coli* serotype. *N. Engl. J. Med.*, 308, 681-685.
- rinta-KANTO J.M., M.J. LETHOLA, T. VARTIAINEN et P.J. MARTIKAINEN (2004). Rapid enumeration of virus-like particles in drinking water samples using SYBR green I-staining. *Water Res.*, 38, 2614-2618.
- RIZAK S. et S.E. HRUDEY (2007). Achieving safe drinking water- risk management based on experience and reality. *Environ. Rev.*, 15, 169-174.
- RIZZO L., A. DI GENNARO, M. GALLO et V. BELGIORNO (2008). Coagulation/chlorination of surface water: a comparison between chitosan and metal salts. *Water Res.*, 62, 79-85.
- ROCHEX A., A. MASSÉ, R. ESCUDIÉ, J.J. GODON et N. BERNET (2009). Influence of abrasion on biofilm detachment: evidence for stratification of the biofilm. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.*, 36, 467-470.
- ROMPRÉ A., P. SERVAIS, J. BAUDART, M.R. DE ROUBIN et P. LAURENT (2002). Detection and enumeration of coliforms in drinking water: current methods and emerging approaches. *J. Microbiol. Meth.*, 49, 31-54.

- RUSIN P.A., J.B. ROSE et C.P. GERBA (1997). Health significance of pigmented bacteria in drinking water. *Water Sci. Technol.*, 35, 21-27.
- RUSSEL A.D. (1998). Bacterial resistance to disinfectants: present knowledge and future problems. *J. Hosp. Infect.*, 43, 57-68.
- RYU J.H. et L.R. BEUCHAT (2005). Biofilm formation by *Escherichia coli* O157:H7 on stainless steel: Effect of exopolysaccharide and curli production on its resistance to chlorine. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 247-254.
- SABY S., P. LEROY et J.C. BLOCK (1999). *Escherichia coli* resistance to chlorine and glutathione synthesis in response to oxygenation and starvation. *Appl. Environ. Microbiol.*, 65, 5600-5603.
- SADIQ R. et M.J. RODRIGUEZ (2004). Disinfection by-products (DBPs) in drinking water and predictive models of their occurrence: a review. *Sci. Total Environ.*, 321, 21-46.
- SANGER F., S. NICKLEN et A.R. COULSON (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 74, 5463-5467.
- SANTO DOMINGO J.W., D.G. BAMBIC, T.A. EDGE et S. WUERTZ (2007). Quo vadis source tracking? Towards a strategic framework for environmental monitoring of fecal pollution. *Water Res.*, 41, 3539-3552.
- SAVITCHCHEVA O., N. OKAYAMA, T. ITO et S. OKABE (2005). Application of a direct fluorescence-based live/dead staining combined with fluorescence *in situ* hybridization for assessment of survival rate of *Bacteroides* spp. in drinking water. *Biotechnol. Bioeng.*, 92, 356-363.
- SCHARDINGER F. (1892). Ueber das vorkommen Gärhrung erregender spaltpilze in trüikwasser und ihre bedeutung für die hygienische beursheilung desselben. *Wiener Klinische Wochenschrift*, 5, 403-421.
- SCHMEISSER C., C. STÖCKIGT, C. RAASCH, J. WINGENDER, K.N. TIMMIS, D.F. WENDERROTH, H.C. FLEMMING, H. LIESEGANG, R.A. SCHMITZ, K.E. JAEGER et W.R. STREIT (2003). Metagenome survey of biofilms in drinking water networks. *Appl. Environ. Microbiol.*, 69, 7298-7309.
- SCHNEIDER R.P. (1996). Conditioning film-induced modification of substratum physicochemistry-analysis by contact angles. *J. Colloid Interface Sci.*, 182, 204-213.
- SCHOENEN D. (2002). Role of disinfection in suppressing the spread of pathogens with drinking water: possibilities and limitations. *Water Res.*, 36, 3874-3888.
- SCHREIBER H., D. SCHOENEN et W. TRAUNSPURGER (1997). Invertebrate colonization of granular activated carbon filters. *Water Res.*, 31, 743-748.
- SERVAIS P., G. BILLEN, P. LAURENT, Y. LEVI et G. RANDON (1992). Studies of BDOC and bacterial dynamics in the drinking water distribution system of the Northern Parisian suburbs. *Rev. Sci. Eau*, 5, 69-89.
- SERVAIS P., A. ANZIL, D. GATEL et J. CAVARD (2004). Biofilm in the Parisian suburbs drinking water distribution system. *J. Water Supply Res.*, T. 53, 313-323.
- SERVAIS P., J. PRATS, J. PASSERAT et T. GARCIA-ARMISEN (2009). Abundance of culturable *versus* viable *Escherichia coli* in freshwater. *Can. J. Microbiol.*, 55, 905-909.
- SHAPIRO J.A. (1998). Thinking about bacterial populations as multicellular organisms. *Annu. Rev. Microbiol.*, 52, 81-104.
- SHARMA S., P. SACHDEVA et J.S. VIRDI (2003). Emerging water-borne pathogens. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 6, 424-428.
- SIBILLE I., T. SIME-NGANDO, L. MATHIEU et J.C. BLOCK (1998). Protozoan bacterivory and *Escherichia coli* survival in drinking water distribution systems. *Appl. Environ. Microbiol.*, 64, 197-202.
- SIGNORETTO C. et P. CANEPARIN (2008). Towards more accurate detection of pathogenic Gram-positive bacteria in waters. *Curr. Opin. Microbiol.*, 19, 248-253.
- SIMPSON J.M., J.W. SANTO DOMINGO et D.J. REASONER (2002). Microbial source tracking: state of the science. *Environ. Sci. Technol.*, 36, 5279-5288.
- SIMÕES L.C., N. AZEVEDO, A. PACHECO, C.W. KEEVIL et M.J. VIERA (2006). Drinking water biofilm assessment of total and culturable bacteria under different operating conditions. *Biofouling*, 22, 91-99.
- SIMÕES M., M.O. PEREIRA, S. SILLANKORVA, J. AZEVEDO et M.J. VIEIRA (2007). The effect of hydrodynamic conditions on the phenotype of *Pseudomonas fluorescens* biofilms. *Biofouling*, 23, 249-258.

- SIMÕES L.C., M. SIMÕES et M.J. VIEIRA (2008). Drinking water biofilm monitoring by Propella™ and flow cell bioreactors under different operating conditions. Dans : *Proceedings of the 10th International Chemical and Biological Engineering Conference - CHEMPOR*. FERREIRA, E.C. et M. MOTA (Éditeurs), 4-6 septembre, Braga, Portugal, 6 p.
- SIRIKANACHANA K., J.L. SHISLER et B.J. MARÍÑAS (2008). Effects of exposure to UV-C irradiation and monochloramine on adenovirus serotype 2 early protein expression and DNA replication. *Appl. Environ. Microbiol.*, 74, 3774-3782.
- SKIRROW M.B. (1977). *Campylobacter enteritis*: a "new" disease. *BMJ*, 2, 9-11.
- SLAPETA J., D. MOREIRA et P. LOPEZ-GARCIA (2005). The extent of protist diversity: insights from molecular ecology of freshwater eukaryotes. *Proc. Royal. Soc. Biol. Sci.*, 272, 2073-2081.
- SLY L.I., M.C. HODGKINSON, et V. ARUNPAIROJANA (1990). Deposition of manganese in a drinking water distribution system. *Appl. Environ. Microbiol.*, 56, 628-639.
- SMITH H.L., J.F. TOMB, B.A. DOUGHERBY, R.D. FLEISCHMANN et J.C. VENTER (1995). Frequency and distribution of DNA update signals sequences in the *Haemophilus influenzae* Rd genome. *Science*, 269, 538-540.
- SNOW J. (1855). On the mode of communication of cholera. London, J. CHURCHILL (Éditeur), 44 p.
- SOGIN M.L., H.G. MORRISON, J.A. HUBER, D. MARK WELCH, S.M. HUSE, P.R. NEAL, J.R. ARRIETA et G.J. HERNDL (2006). Microbial diversity in the deep sea and the underexplored "rare biosphere". *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 103, 12115-12120.
- SRINIVASAN S., G.W. HARRINGTON, I. XAGORARAKI et R. GOEL (2008). Factors affecting bulk to total bacteria ratio in drinking water distribution systems. *Water Res.*, 42, 3393-3404.
- STACKELBERG P.E., J. GIBS, E.T. FURLONG, M.T. MEYER, S.D. ZAUGG et R.L. LIPPINCOTT (2007). Efficiency of conventional drinking-water-treatment processes in removal of pharmaceuticals and other organic compounds. *Sci. Total Environ.*, 377, 255-272.
- STEED K.A. et J.O. FALKINHAM (2006). Effect of growth in biofilms on chlorine susceptibility of *Mycobacterium avium* and *Mycobacterium intracellulare*. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72, 4007-4011.
- STENDER H., M. FIANDACA, J.J. HYDILG-NIELSEN et J. COULL (2002). PNA for rapid microbiology. *J. Microbiol. Meth.*, 48, 1-17.
- STEWART M.H., R.L. WOLFE et E.G. MEANS (1990). Assessment of the bacteriological activity associated with granular activated carbon treatment of drinking water. *Ann. Rev. Microbiol.*, 56, 3822-3829.
- STOODLEY P., S. WILSON, L. HALL-STOODLEY, J.D. BOYLE, H.M. LAPPIN-SCOTT et J.W. COSTERTON (2001). Growth and detachment of cell clusters from mature mixed-species biofilms. *Appl. Environ. Microbiol.*, 67, 5608-5613.
- STOODLEY P., K. SAUER, D.G. DAVIES et J.W. COSTERTON (2002a). Biofilms as complex differentiated communities. *Ann. Rev. Microbiol.*, 56, 187-209.
- STOODLEY P., R. CARGO, C.J. RUPP, S. WILSON et I. KLAPPER (2002b). Biofilm material properties as related to shear-induced deformation and detachment phenomena. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.*, 29, 361-367.
- STOREY M.V. et N.J. ASHBOLT (2003). Enteric virions and microbial biofilms - a secondary source of public health concern? *Water Sci. Technol.*, 48, 97-104.
- STRAUBT.M., B.P. DOCKENDORFF, M.D. QUIÑONEZ-DÍAZ, C.O. VALDEZ, J.I. SHUTTHANANDAN et B.J. TARASEVICH (2005). Automated methods for multiplexed pathogen detection. *J. Microbiol. Meth.*, 62, 303-316.
- SUFFET I.H.M., D. KHIARI et A. BRUCHET (1999). The drinking water taste and odor wheel for the millenium: beyond geosmin and 2-methylisoborneol. *Water Sci. Technol.*, 40, 1-13.
- SUTHERLAND I.W. (2001). The biofilm matrix – an immobilized but dynamic microbial environment. *Trends Microbiol.*, 9, 222-227.
- SZEWZYK U., R. SZEWZYK, W. MANZ et K.H. SCHLEIFER (2000). Microbiological safety of drinking water. *Ann. Rev. Microbiol.*, 54, 81-127.
- TACÃO M., A. ALVES, M.J. SAAVEDRA et A. CORREIA (2005). BOX-PCR is an adequate tool for typing *Aeromonas* spp. *Antonie van Leeuwenhoek*, 88, 173-179.

- TACHIKAWA M., M. TEZUKA, M. MORITA, K. ISOGAI et S. OKADA (2005). Evaluation of some halogen biocides using a microbial biofilm system. *Water Res.*, 39, 4126-4132.
- TALLON P., B. MAGDAJNA, C. LOFRANCO et K.T. LEUNG (2005). Microbial indicators of fecal contamination in water: a current perspective. *Water Air Soil Pollut.*, 166, 139-166.
- TELGEMANN U., H. HORN et E. MORGENROTH (2004). Influence of growth history on sloughing and erosion from biofilms. *Water Res.*, 38, 3671-3684.
- TENG F., Y.T. GUAN et W.P. ZHU, (2008). Effect of biofilm on cast iron pipe corrosion in drinking water distribution system: Corrosion scales characterization and microbial community structure investigation. *Corros. Sci.*, 50, 2816-2823.
- THOMAS V., J.F. LORET, M. JOUSSET et G. GREUB (2008). Biodiversity of amoebae and amoebae-resisting bacteria in a drinking water treatment plant. *Env. Microbiol.*, 10, 2728-2745.
- THURSTON-ENRIQUEZ J.A., C.N. HAAS, J. JACANGELO, K. RILEY et C.P. GERBA (2003). Inactivation of feline calicivirus and adenovirus type 40 by UV radiation. *Appl. Environ. Microbiol.*, 69, 577-582.
- TOKAJIAN S.T., F.A. HASHWA, I.C. HANCOCK et P.A. ZALLOUA (2005). Phylogenetic assessment of heterotrophic bacteria from a water distribution system using 16S rDNA sequencing. *Can. J Microbiol.*, 51, 325-335.
- TOMBOULIAN P., L. SCHWEITZER, K. MULLIN et D. KHIARI (2004). Materials used in drinking water distribution systems: contribution to taste-and-odor. *Water Sci. Technol.*, 49, 219-226.
- TORVINEN E., M.J. LEHTOLA, P.J. MARTIKAINEN et I.T. MIETTINEN (2007). Survival of *Mycobacterium avium* in drinking water biofilms as affected by water flow velocity, availability of phosphorus, and temperature. *Appl. Environ. Microbiol.*, 73, 6201-6207.
- TRAUBE M. (1974). Einfaches verfahren wasser in grossen mengen keimfrei zu machen. *Zeitschrift für Hygiene und Infektionskrankheiten*, 16, 149-150.
- TSAI Y.P. (2005). Impact of flow velocity on the dynamic behaviour of biofilm bacteria. *Biofouling*, 21, 267-277.
- ULTEE A., N. SOUVATZI, K. MANIADI et H. KÖNIG (2004). Identification of the culturable and nonculturable bacterial population in ground water of a municipal water supply in Germany. *J. Appl. Microbiol.*, 96, 560-568.
- USEPA (2000). *The history of drinking water*. EPA-816-F-00-006 <http://www.epa.gov/ogwdw/consumer/pdf/hist.pdf> (consulté en octobre 2009).
- VALENTIN K., U. JOHN et L. MEDLIN (2005). Nucleic acid isolation from environmental aqueous samples. *Methods Enzymol.*, 395, 15-37.
- VALSTER R.M., B.A. WULLINGS, G. BAKKER, H. SMIDT et D. VAN DER KOOIJ (2009). Free-living protozoa in two unchlorinated drinking water supplies identified by phylogenetic analysis of 18S rRNA gene sequences. *Appl. Environ. Microbiol.*, 75, 4736-4746.
- VAN DER KOOIJ D., H.J. ALBRECHTSEN, C.B. CORFITZEN, J. ASHWORTH, I. PARRY, F. ENRIKI, B. HAMBSCH, C. HAMETNER, R. KLOIBER, H.R. VEENENDAAL, D. VERHAMME et E.J. HOEKSTRA (2003). *Assessment of the microbial growth support potential of construction products in contact with drinking water (CPDW)*. European Commission Contract number EVK1-CT2000-00052.
- VAN DER WIELEN P.W.J.J., S. VOOST et D. VAN DER KOOIJ (2009). Ammonia-oxidizing bacteria and archaea in groundwater treatment and drinking water distribution systems. *Appl. Environ. Microbiol.*, 75, 4687-4695.
- VAN HEERDEN J., M.M. EHLERS, W.B. VAN ZYL et W.O.K. GRABOW (2003). Incidence of adenoviruses in raw and treated water. *Water Res.*, 37, 3704-3708.
- VAN LEEUWENHOEK A. (1676). Concerning little animals. *Philos. Trans. Royal Soc. London*, 12, 821-831.
- VAN LIEVERLOO J.H., D.W. BOSBOOM, G.L. BAKKER, A.J. BROUWER, R. VOOGT et J.E. DE ROOS (2004). Sampling and quantifying invertebrates from drinking water distribution mains. *Water Res.*, 38, 1101-1112.
- VAN LOOSDRECHT M.C.M., D. EIKELBOOM, A. GJALTEMA, A. MULDER, L. TIJHUIS et J.J. HEIJINEN (1995). Biofilm structures. *Water Sci. Technol.*, 32, 35-43.
- VOLK C.J. et M.W. LECHEVALLIER (1999). Impacts of the reduction of nutrient levels on bacterial water quality in distribution systems. *Appl. Environ. Microbiol.*, 65, 4957-4966.

- VOLK C., L.A. KAPLAN, J. ROBINSON, B. JONHSON, L. WOOD, H.W. ZHU et M. LECHEVALLIER (2005). Fluctuations of dissolved organic matter in river used for drinking water and impacts on conventional treatment plant performance. *Environ. Sci. Technol.*, 39, 4258-4264.
- VREEBURG J.H.G. et J.B. BOXALL (2007). Discolouration in potable distribution systems: a review. *Water Res.*, 41, 519-529.
- WANG Y., F. HAMMES, N. BOON et T. EGLI (2007). Quantification of the filterability of freshwater bacteria through 0.45, 0.22, and 0.1 μm pore size filters and shape-dependent enrichment of filterable bacterial communities. *Environ. Sci. Technol.*, 41, 7080-7086.
- WARREN J.R. et B.J. MARSHALL (1983). Unidentified curved bacilli on gastric epithelium in active chronic gastritis. *Lancet*, 1, 1273-1275.
- WELTÉ B. et A. MONTIEL (1999). Study of the possible origins of chlorinous taste and odour episodes in a distribution network. *Water Sci. Technol.*, 40, 257-263.
- WILHARTITZ I., R.L. MACH, E. TEIRA, T. REINTHALER, G.J. HERNDL et A.H. FARNLEITNER (2007). Prokariotic community analysis with CARD-FISH in comparison with FISH in ultra-oligotrophic ground- and drinking water. *J. Appl. Microbiol.*, 103, 871-881.
- WILKES G., T. EDGE, V. GANNON, C. JOKINEN, E. LYAUTEY, D. MEDEIROS, N. NEUMANN, N. RUECKER, E. TOPP et D.R. LAPPEN (2009). Seasonal relationships among indicator bacteria, pathogenic bacteria, *Cryptosporidium* oocysts, *Giardia* cysts, and hydrological indices for surface waters within an agricultural landscape. *Water Res.*, 43, 2209-2223.
- WILLIAMS M.M., J.W. DOMINGO, M.C. MECKES, C.A. KELTY et H.S. ROCHON (2004). Phylogenetic diversity of drinking water bacteria in a distribution system simulator. *J. Appl. Microbiol.*, 96, 954-964.
- WIMPENNY J., W. MANZ et U. SZEWZYK (2000). Heterogeneity in biofilms. *FEMS Microbiol. Rev.*, 24, 661-671.
- WINTZINGERODE F., U.B. GÖBEL et E. STACKEBRANDT (1997). Determination of microbial diversity in environmental samples: pitfalls of PCR-based RNA analysis. *FEMS Microbiol. Rev.*, 21, 213-229.
- WOESE C.R. et G.E. FOX (1977). Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: The primary kingdoms. *Proc. Nat. Acad. Sci.*, 74, 5088-5090.
- WONG H.C. et P. WANG (2004). Induction of viable but nonculturable state in *Vibrio parahaemolyticus* and its susceptibility to environmental stresses. *J. Appl. Microbiol.*, 96, 359-366.
- XU H.S., N. ROBERTS, F.L. SINGLETON, R.W. ATWELL, D.J. GRIMES et R.R. COLWELL (1983). Survival and viability of non-culturable *Escherichia coli* and *Vibrio cholerae* in the estuarine and marine environment. *Microbiol. Ecol.*, 8, 213-223.
- YU C.P., S.K. FARREL, B. ROBINSON et K.H. CHU (2008). Development and application of real-time PCR assays for quantifying total and aerolysin gene-containing *Aeromonas* in source, intermediate, and finished drinking water. *Environ. Sci. Technol.*, 42, 1191-1200.
- ZACHEUS O.M., M.J. LETHOLA, L.K. KORHONEN et P.J. MARTIKAINEN (2001). Soft deposits, the key site for microbial growth in drinking water distribution networks. *Water Res.* 35, 1757-1765.
- ZAITLIN B. et S.B. WATSON (2006). *Actinomycetes* in relation to taste and odour in drinking water: myths, tenets and truths. *Water Res.*, 40, 1741-1753.
- ZHAO Q. et Y. LIU (2005). Modification of stainless steel surfaces by electroless Ni-P and small amount of PTFE to minimize bacterial adhesion. *J. Food. Eng.*, 72, 266-272.
- ZAYTSEVA N.V., V.N. GORAL, R.A. MONTAGNA et A.J. BAEUMMER (2005). Development of a microfluidic biosensor module for pathogen detection. *Lab Chip*, 5, 805-811.