

MOTS CLEFS

Suivi environnemental;
Biotes; Moules;
Herbicides; QuEChERS;
Chromatographie en phase liquide

Contexte

La surveillance des milieux aquatiques est une obligation réglementaire dans le cadre de deux directives (Directive cadre sur l'eau 2000/56/CE et directive cadre stratégie pour le milieu marin 2008/56/CE). Ainsi, des programmes de biomonitoring se sont développés afin d'évaluer les quantités et la distribution de certains contaminants dans les individus d'espèces choisies pour leurs particularités bioécologiques. Cette méthodologie est appliquée en France pour les métaux et quelques molécules organiques (HAP, PCB) au sein du Réseau d'Observation de la Contamination Chimique du milieu marin (ROCCH anciennement RNO) de l'IFREMER. Pour ce projet (2014-2016), 34 herbicides les plus susceptibles d'impacter le milieu ont été sélectionnés selon différents critères : leur quantité utilisée en Basse Normandie, leur toxicité potentielle et leur rémanence [1].

Zones d'études

Quatre sites de la côte normande :



Photo 1 : Photo du site de Lingreville

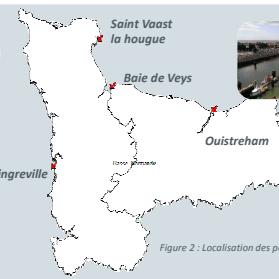


Photo 2 : Photo du site de Ouistreham

Figure 2 : Localisation des points de suivi

Matériels et méthodes

3 espèces intégratrices sélectionnées :



Photo 3 : *Hymeniacidon perlevis*



Photo 4 : *Mytilus Edulis*



Photo 5 : *Crassostrea gigas*



Utilisation de cages pour certains sites

Planning de prélèvements :

Septembre 2014 Décembre 2014 Mars 2015 Avril 2015 Mai 2015 Juin 2015 Septembre 2015

Les biotes sont nettoyés, décoquillés, rincés et congelés à -20°C

Préparation d'échantillons

Avant injection, transfert de 200 µl de l'extrait dans un pilulier et ajout de 800 µl d'une solution d'acide formique à 0.05 % dans l'eau



Broyage à l'ultratrax ou au broyeur à couteaux pour les éponges



Pesée de 10 g d'échantillon et ajout des étalons internes



Ajout de 10 mL d'acetonitrile et agitation pendant 1 min



Ajout du sachet d'extraction QuEChERS (Méthode EN) puis agitation pendant 1 min



Centrifugation (3000 rpm, 4 min, 4°C)

Caractérisation de méthode

Suivi des recommandations du guide LAB GTA 26 (Décembre 2010) et des prescriptions de la norme NF V 03-110 (2010)

Détermination des taux de récupération :

100% des molécules ont un rendement moyen compris entre 80 et 120%

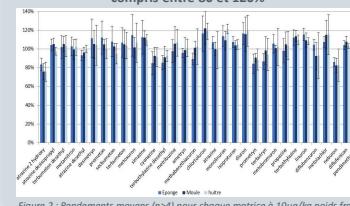


Figure 2 : Rendements moyens (%) pour chaque matrice à 10 µg/kg poids frais

Détermination des profils d'exactitude pour l'ensemble des molécules à minimum deux niveaux (LO = limite de quantification et LMR = Limite maximale en résidus)

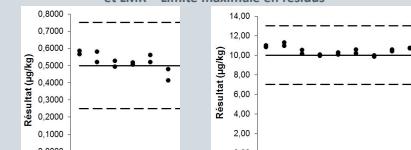


Figure 3 : Résultats de la caractérisation de méthode du diflufenican à la limite de quantification (0.5 µg/kg de poids frais) et à la LMR par défaut c'est-à-dire à 10 µg/kg PF

Détermination de la limite de quantification pour chaque molécule

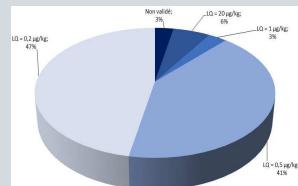


Figure 4 : Pourcentage des molécules validées en fonction de leur limite de quantification (LO)

Résultats

Présence de 5 molécules quantifiées sur les 33 analysées

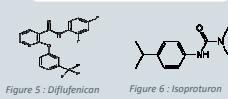


Figure 5 : Diflufenican



Figure 6 : Isoproturon

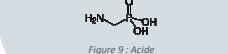


Figure 7 : Pendiméthrine



Figure 8 : Glyphosate



Figure 9 : Acide aminométhylphosphonique (AMPA)

Sélection des espèces intégratrices

Les concentrations dans les moules et les huîtres sont plus élevées pour le diflufenican, l'isoproturon et la pendiméthrine.

	Site A	Site B	Site C	Site D
Moules	< LO	< LO	< LO	< LO
Huîtres	< LO	< LO	< LO	< LO
Éponges	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 2.0)	(0.12, 2.0)	(0.12, 2.0)	(0.12, 2.0)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.41)	(0.12, 0.41)	(0.12, 0.41)	(0.12, 0.41)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.94)	(0.12, 0.94)	(0.12, 0.94)	(0.12, 0.94)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.98)	(0.12, 0.98)	(0.12, 0.98)	(0.12, 0.98)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.71)	(0.12, 0.71)	(0.12, 0.71)	(0.12, 0.71)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.73)	(0.12, 0.73)	(0.12, 0.73)	(0.12, 0.73)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.46)	(0.12, 0.46)	(0.12, 0.46)	(0.12, 0.46)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.80)	(0.12, 0.80)	(0.12, 0.80)	(0.12, 0.80)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.75)	(0.12, 0.75)	(0.12, 0.75)	(0.12, 0.75)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.78)	(0.12, 0.78)	(0.12, 0.78)	(0.12, 0.78)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.82)	(0.12, 0.82)	(0.12, 0.82)	(0.12, 0.82)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.76)	(0.12, 0.76)	(0.12, 0.76)	(0.12, 0.76)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.84)	(0.12, 0.84)	(0.12, 0.84)	(0.12, 0.84)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.79)	(0.12, 0.79)	(0.12, 0.79)	(0.12, 0.79)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.81)	(0.12, 0.81)	(0.12, 0.81)	(0.12, 0.81)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.83)	(0.12, 0.83)	(0.12, 0.83)	(0.12, 0.83)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)	(0.12, 0.85)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)	(0.12, 0.86)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)	(0.12, 0.87)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)	(0.12, 0.88)
	< LO	< LO	< LO	< LO
	(0.12, 0.89)	(0.12, 0.89)	(0.	