

## CONCLUSION

Ce travail est une contribution à l'étude de la biodiversité microbienne des environnements hypersalins en Algérie. Le site « Chott el Beidha » : lac salé naturel classé site « Ramsar » en Décembre 2004, n'a fait l'objet d'aucune recherche sur la biodiversité microbienne. Les analyses physicochimiques des eaux du lac ont révélé une salinité très hétérogène qui se caractérise par un gradient croissant de salinité dans les sept échantillons prélevés, cette dernière ne dépasse pas les 150 g/l de sel d'NaCl. Les analyses des sels dissous montrent une forte minéralisation avec prédominance des chlorures, sodium, magnésium et du calcium. L'étude de la pollution bactériologique dans le site a révélé l'absence des coliformes, streptocoques fécaux et de *Staphylococcus aureus*. Une présence qui n'est pas importante des bactéries anaérobies sulfitoréductrices et des coliformes totaux. Ce travail nous a permis d'explorer une partie de la biodiversité bactérienne très riche du marécage salin. Au total plus de 250 isolats ont été prélevés des eaux de la sebkha par les méthodes classiques d'isolement. Ces bactéries sont considérées pour la plupart comme étant des bactéries halotolérantes, avec la faible présence des bactéries halophiles extrêmes (jusqu'à 25% d'NaCl).

Du point de vue identification, nous avons constaté que les méthodes traditionnelles d'identification bactérienne par la détermination de quelques caractéristiques phénotypiques et l'appréciation de quelques propriétés physiologiques ont montré leurs limites, elles ont conduit à la description d'une très faible partie de la diversité bactérienne existante, et à la sous-estimation même de la richesse du site étudié. Le recours à l'amplification des gènes de l'espace intergénique (16S-23S), nous a été très utile pour accéder à la biodiversité bactérienne du lac salé : Sur un total de 24 souches analysées, 17 haplotypes distincts sont détectés, ces techniques ont permis la distinction d'une variabilité génétique importante entre espèces. L'étude a montré que l'utilisation d'outils de biologie moléculaire a permis d'approfondir les connaissances sur les communautés bactériennes. L'utilisation du séquençage du gène codant pour la sous unité ribosomale 16S a été performant pour identifier une partie de nos isolats. 10 haplotypes seulement sont identifiés et ils appartiennent aux genres : *Bacillus*, *Pseudoalteromonas*, *Staphylococcus*, *Brevibacterium*. L'étude a montré aussi que quelques isolats ont été identifiés au genre seulement, nécessitant ainsi une caractérisation plus approfondie.

En plus de l'accès à la biodiversité des bactéries halophiles et halotolérantes de Chott el Beidha, nous avons exploré les potentialités biotechnologiques des souches isolées. Parmi les 24 souches testées, 54.16% produisent des amylases et 73.83% produisent des estérases. Les zones arides et semi arides de l'Algérie offrent un vaste champ d'investigation pour l'isolement de nouvelles espèces ayant l'aptitude de produire des biomolécules stables même en conditions extrêmes.

Cette contribution à l'étude de la biodiversité bactérienne de Chott el Beidha, nécessite la poursuite de l'étude sur le plan technique par :

- La migration des produits PCR issue de l'amplification de l'ADN de la communauté bactérienne de l'eau de sebkha, dans un gel DGGE et le séquençage de ces gels, afin d'identifier la flore bactérienne non cultivable.
- L'étude du polymorphisme génétique en réalisant l'amplification des ITS de tous les isolats.
- L'identification par le gene ADNr 16S des isolats halophiles stricts.
- Faire des tests supplémentaires pour la souche CO8 (notamment s'il peut s'agir d'une nouvelle espèce).

Sur le plan biotechnologique un screening de nouvelles activités hydrolytiques est indispensable (protéase, lipase, gélatinase, cellulase, xylanase,...), ainsi que la recherche des bactériocines et des halocines. Et enfin la recherche de potentiel biotechnologique dans le cadre de la bioremédiation avec la métabolisation des composés toxiques, dégradation des composés phénoliques et métaux lourds.