





**Centre d'Etudes Doctorales : Sciences et Techniques de l'Ingénieur**

**Titre de la thèse :** Taxonomic characterization of microbial diversity in Moroccan and Portuguese rivers using a metagenomic approach.

**Nom du candidat :** Sara ETTAMIMI

**Spécialité :** Biotechnologies

**Résumé de la thèse**

En raison de leur grande diversité métabolique et leur omniprésence en milieu aquatique, les communautés microbiennes jouent un rôle clé dans l'équilibre des cycles biogéochimiques et la disponibilité des nutriments. De nos jours, *uniquement moins de 10%* de ces microorganismes sont détectables par l'utilisation des techniques de culture classique. Cependant, les récentes évolutions en biologie moléculaire, particulièrement les technologies de séquençage à haut-débit, ont permis de mieux exploiter cette partie ignorée de microorganismes non cultivées. La métagénomique, une approche nouvelle qui permet d'analyser directement le microbiote vivant dans un environnement spécifique par le biais d'un séquençage du génome ou d'une partie de celui-ci. En bactériologie, cette technique repose essentiellement sur un séquençage ciblé du gène codant pour l'ARNr 16S qui, grâce à sa vitesse d'évolution relativement lente, est présent de manière similaire chez les bactéries de la même espèce. Le présent travail s'intéresse à exploiter l'approche métagénomique pour l'exploration de la diversité microbienne de deux types différents d'écosystèmes aquatiques: les eaux douces de rivières marocaines (*Sebou, Moulouya* et *Oum Er-rabiaa*) ainsi que les eaux usées et sédiment contaminés par l'activité minière issue de la mine de *São Domingos* en Portugal. Pour ce faire, des échantillons d'eau ont été prélevés à partir des rivières de différentes régions. La fréquence d'échantillonnage adoptée était de deux prélèvements par an en tenant compte des changements saisonniers (deux campagnes d'analyse: estivale et hivernale). Une analyse bioinformatique des séquences des gènes de l'ARNr 16S issus des échantillons a permis de décrire et classer la diversité microbienne. Les différentes corrélations établies avec les paramètres indicateurs de la pollution des eaux ont permis de suggérer les facteurs environnementaux qui peuvent jouer un rôle sélectif de microorganismes. Ceci a révélé la possibilité d'utilisation de ces espèces microbiennes en tant que bioindicateurs de l'état de santé de ces milieux. La première section de ce travail a été consacrée aux résultats de l'analyse métagénomique 16S de la diversité microbienne des eaux douces marocaines. L'étude de la structure communautaire a révélé une grande richesse microbienne (12 Phylums bactériens ont été détectés dans l'ensemble des sites étudiés). Une abondance des espèces des phylums *Bacteroidete*, *Protéobactérie* et *Actinobactérie* a été observée. Des bactéries caractéristiques des eaux douces ont été identifiées dans les trois sites étudiés avec. En outre, les résultats de l'analyse physico-chimique révèlent une détérioration importante de type organique de ces ressources hydrauliques essentiellement en raison de leur forte valeur de DBO (Demande biochimique en oxygène) et DCO (Demande chimique en oxygène), ainsi que la conductivité électrique. Dans la deuxième section de ce travail, les résultats d'analyse physicochimique des échantillons d'eaux impactées par le drainage minier acide issu de la mine de *São Domingos* ont indiqué une pollution métallique extrême dans la plupart des points de prélèvement. Un pH extrêmement acide (pH: 2,3) ainsi qu'une concentration importante de métaux lourds (Al: 810 mg/l / l; Fe: 770 mg / l) ont été enregistrés tout au long de la zone d'étude. L'abondance spécifique des genres bactériens acidophiles tels que *Metallibacterium*, *Acidibacte* et *Acidobacterium* suggère l'utilisation potentielle de ces bactéries extrêmes comme bioindicateurs de la pollution de drainage minier acide. Les résultats de l'analyse des deux types de sites aquatiques ont confirmé le potentiel de la métagénomique en tant qu'outil pour la caractérisation de la diversité microbienne des eaux douces des rivières saines ou polluées ainsi que l'utilisation de taxons spécifiques comme bio-indicateurs de l'état de santé ou du type de pollution.

**Mots clés :** Eau douce, Rivières, contamination minière, Maroc, Portugal, ARNr 16S, Microbiote/microbiome, paramètres physicochimiques, analyse métagénomique, bioinformatique. Taxonomie, biodiversité microbienne, Bioindicateur.