

ANALYSE DES COMMUNAUTÉS BACTÉRIENNES DES SÉDIMENTS DE LA LAGUNE DE BIZERTE (TUNISIE)

O. Ben Said ¹ *, M.S. Goñi ¹, M. El Bour ², P. Aissa ³, R. Duran ¹

¹ Laboratoire d'Ecologie Moléculaire EA3525 - IBEAS - UFR Sciences et Techniques - Pau cedex - France - nourelimen@yahoo.fr

² Laboratoire de Bactériologie - Pathologie, Institut National des Sciences et Technologies de la Mer INSTM- Salammbô - Tunisie

³ Laboratoire de Biosurveillance de l'Environnement, Faculté des Sciences de Bizerte- Zarzouna - Tunisie .

Résumé

Malgré les rejets de xénobiotiques, la lagune de Bizerte (Tunisie) possède une stabilité biologique montrant sa capacité d'auto-épuration. Afin d'estimer le rôle des microorganismes dans l'auto-épuration, l'impact des HAPs et l'effet des paramètres du milieu sur la diversité bactérienne ont été étudiés. En mai 2004 plusieurs prélèvements d'eaux et de sédiments ont été réalisés dans la lagune. La diversité bactérienne a été estimée par *Terminal-Restriction Fragment Length Polymorphism* (T-RFLP) basée sur l'analyse des gènes codant pour les ARNr 16S. Les Analyses Canoniques de Correspondance (ACC) en combinant les paramètres hydrobiologiques, la teneur en HAPs et les empreintes génétiques des communautés bactériennes par T-RFLP ont montré que la communauté bactérienne des sédiments de la station la plus contaminée par les HAPs se différencie clairement de celles des autres stations.

Mots clés : Bacteria, Biodiversity, Lagoons, Pah, Sediments.

Les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs) sont parmi les polluants les plus fréquemment rencontrés dans les zones côtières. Les microorganismes jouent un rôle capital dans la dégradation des polluants. Les communautés microbiennes des sédiments constituent un processus clé de l'atténuation naturelle, de plus en plus couramment envisagé comme alternative aux procédés actifs de réhabilitation de sites contaminés [1]. La lagune de Bizerte (nord de la Tunisie) reçoit des quantités importantes d'eaux usées urbaines et industrielles. Elle est chroniquement exposée à des composés tels les HAPs et les métaux lourds ([2]). Plusieurs stations ont été choisies tout autour de la lagune afin d'étudier l'impact des HAPs ainsi que l'effet du milieu sur la diversité bactérienne.

Des échantillons d'eaux et de sédiments ont été prélevés. 16 HAPs retenus comme polluants prioritaires ont été dosés par chromatographie en phase gazeuse couplée à la spectrométrie de masse. Après extraction des ADN génomiques des sédiments, les produits d'amplification par PCR de la séquence codant pour l'ARNr 16S ont été digérés par une endonucléase. La taille des différents fragments terminaux de restrictions (TRFs) a été déterminée par GeneScan. Après normalisation, les analyses canoniques de correspondance (ACC) des données de T-RFLP ont été réalisées par MVSP.

A partir des profils de T-RFLP, la Figure 1 montre que les communautés bactériennes de la station E₁₂ sont sous la dépendance de la salinité et de divers éléments nutritifs.

cette population est minoritaire dans les sédiments. Les populations caractérisées par le T-RF de 256 pb sont corrélées avec la présence de fluorène, de dibenzo(a,h)anthracène et de benzo(g,h,i)perylène. Ces populations sont majoritaires dans les communautés des sédiments des stations E₁₂₃ et E₃₅. En conclusion, il semblerait que les communautés bactériennes des stations de canal (stations E₁₂, E₁₂₄, E₁) et celles autour de la lagune (stations E₄, E₆, E₃₅, E₁₁₄, E₁₂₃) sont soumises à des conditions environnementales différentes. Les communautés bactériennes des sédiments de la station E₁₂ sont fortement influencées par la présence des HAPs suggérant que ces communautés bactériennes possèdent un potentiel important de dégradation des HAPs.

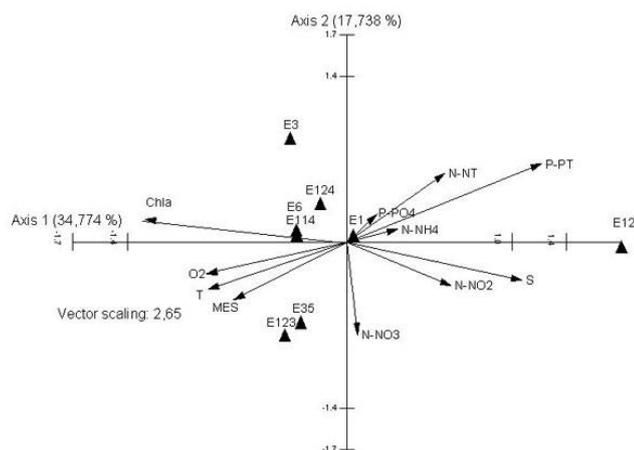


Fig. 1. ACC entre les paramètres environnementaux et les communautés bactériennes. E_x: station d'échantillonnage, T: température, S: salinité, PO₄: phosphate, N: azote, NH₄: ammonium, NO₃: nitrate, NO₂: nitrite.

De même, la Figure 2 montre que les communautés bactériennes des sédiments de la station E₁₂ sont influencées par la présence des HAPs. Les ACC de T-RFs a permis de corréliser certaines populations avec la présence de polluant. Les populations caractérisées par le T-RF de 56 pb sont fortement influencées par le fluoranthène et le pyrène. Toutefois,

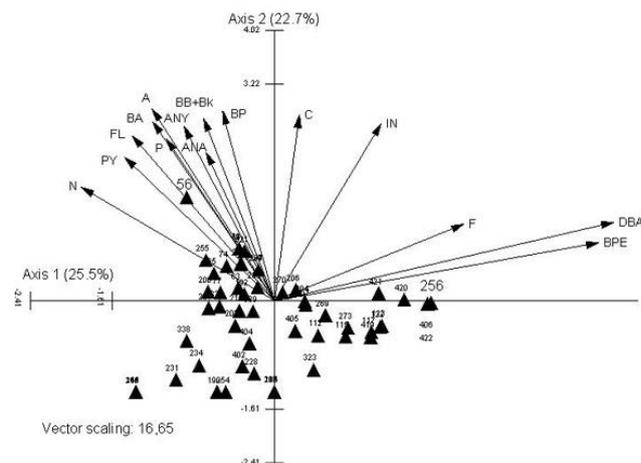


Fig. 2. ACC entre les populations bactériennes (TRFs) et les concentrations en HAPs. F: fluorène, FL: fluoranthène, PY: pyrène, DB: Dibenzo(a,h)anthracène, BPE: Benzo(g,h,i)perylène.

Références

1 - Ballerini D. & J. P. Vandecasteele. 1996. La restauration par voie microbiologique des sols contaminés par les polluants organiques : Biotechnologie. René Scriban. TEC et DOC ; Paris : 836-865.
 2 - Trabelsi S. & M. R. Driss. 2005. Polycyclic aromatic hydrocarbons in superficial costal sediments from Bizerte lagoon, Tunisia. *Mar. Pollut Bull.* 50: 344-359.