

REPUBLICUE ALGERIENE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
Ministère de l'Enseignement supérieur de la recherche scientifique
Université de Mouloud Mammeri de TIZI-OUZOU
Faculté des Sciences Biologiques et des sciences Agronomiques
DEPARTEMENT D'ECOLOGIE ET ENVIRONNEMENT



Mémoire de fin d'études



Filière : Ecologie et Environnement

Spécialité : Ecologie animale

THEME

Influence de la congélation sur les microbiotes
fongiques de la chair de la sardinelle

Sardinella aurita.

Réalisé par :

SALMI Maya

Le : 20/09/2023

Devant le jury :

Présidente : HAOUCHINE S. (MAA, UMMTO)

Promotrice : SAADOUN N. (Pr, UMMTO)

Examineur : KHIFER L. (MAA, UMMTO)

2022/2023

Remerciements

Je remercie Dieu de m'avoir donné la force, le courage et la patience pour venir à bout de ce travail.

Par la suite, je tiens à adresser de chaleureux remerciements et une sincère reconnaissance à Mme Saaddoun ; ma très chère promotrice qui m'a permis de réaliser ce travail. Merci de m'avoir accompagnée et épaulée tout au long de ce mémoire et d'avoir fortement contribué à sa conception.

J'adresse une profonde gratitude à Nermine pour l'immense aide qu'elle m'a apportée, pour tout ce qu'elle m'a appris au cours de ce travail et surtout pour son incroyable gentillesse.

Un grand merci à Mme Mechiah pour le temps qu'elle m'a accordé, et pour toutes les connaissances qu'elle a partagées.

Je tiens à exprimer mes remerciements les plus sincères à Mme Haouchine. Tout d'abord pour avoir accepté de me faire l'honneur de présider ce jury; également, pour toute l'aide, les conseils et le soutien que vous nous avez apportés au cours de ces deux dernières années, je vous remercie infiniment en mon nom et au nom de tous mes camarades.

Mes respectueux remerciements vont à M. Khifer pour avoir eu l'amabilité d'accepter d'examiner ce modeste travail et de faire partie de ce jury.

Dédicaces

Ce mémoire est dédié à tous ceux qui de près ou de loin ont été présents tout au long de mon parcours.

A mes très chers parents

Tout les mots du monde ne suffiront pas pour définir à quel point je vous suis reconnaissante pour tout ce que vous m'avez apporté dans ma vie, alors je vais essayer de résumer cela en quelques mots : Votre accompagnement, votre soutien, votre écoute, votre présence, votre patience et votre amour ont été les piliers qui m'ont permis de me construire et faire de moi la personne que je suis aujourd'hui. Rien de tout cela n'aurait pu voir le jour sans vous.

MERCI.

A mes chers grands parents

Rien au monde ne peut estimer la chance que j'ai de vous avoir à mes côtés. Merci d'avoir toujours été présents dans chaque étape de ma vie et d'avoir crû en moi.

A mes sœurs

Yasmine, Lyna et Manel, en temps normal j'aurais sorti la fameuse phrase « il y a des choses qu'on ne dit pas » mais ici je vous le dis, vous êtes ma force et ma source d'énergie. Merci de faire partie de ma vie.

A ma tata

Celle qui a toujours eu les mots pour me reconforter, m'encourager et surtout qui m'a appris à ne jamais abandonner.

A mes besties

On dit souvent que chaque rencontre a du sens, qu'aucune histoire n'est un hasard ; mais s'il s'avère que c'est faux, s'il s'avère que vous n'êtes qu'une histoire de hasard alors sachez que vous êtes la plus belle des histoires. Merci d'avoir été présentes durant toutes ces années et surtout merci de m'avoir supporté et écouté me plaindre tout au long de ce mémoire sans jamais rechigner.

A Mme Messir et Mme Hamour

Vous n'avez jamais cessé de m'encourager, de croire en moi et de me soutenir et cela depuis le jour où j'ai franchi le pas de votre porte, aujourd'hui je tiens à vous adresser ces quelques mots dans ce travail qui clôture le parcours auquel vous avez largement contribué pour vous dire merci pour tout ce que vous m'avez apportés.

A la mémoire de mes grands parents paternels ; j'aurais tout donné pour partager tous ces moments manqués avec vous.

A la mémoire de Mme Nait Kaci Née Boudiaf qui a su éveiller le meilleur de moi-même.

Liste des figures

Figure 1 : différentes structures d'hyphe (Lecellier, 2013).....	6
Figure 2 : cycle de vie des champignons (Lecellier, 2013).....	7
Figure 3 : caractéristiques morphologiques d' <i>Allomyces</i> dans l'État de Piauí, Brésil (Barre = 45 µm). (de Sousa Rocha et al., 2016).....	8
Figure 4 : souche MR1- <i>Neocallimastix frontalis</i> , sporange à long sporangiophore, avec spores (x40)(Atanasova-Pančevska et Kungulovski, 2018).....	9
Figure 5 : morphologie macroscopique et microscopique de <i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i> CBS 330.53 (Dolatabadi, 2015).....	10
Figure 6 : morphologie microscopique du genre <i>Fusarium</i> (Matallah-Boutiba, 2009).....	11
Figure 7 : diverses formes d'asques et d'ascospores (Kurtzman et al., 2011).....	12
Figure 8 : <i>Amanita</i> sp – section <i>vaginatae</i> . Holobasidetétrasporee typique des Agaricales. Par définition, la baside inclut les stérigmates (Fortin, 2016).....	13
Figure 9 : tranches de 10 sclérotides de la souche 48 de <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> . (Graduation = 1 mm) (Roy, 2017).....	14
Figure 10 : caractéristiques microscopiques d' <i>Aspergillus</i> (x1000) (Sukmawati et al., 2018).....	15
Figure 11 : caractéristiques microscopiques de <i>Penicillium</i> (x1000) (Sukmawati et al., 2018).....	15
Figure 12 : <i>Geotrichum</i> au microscope (x100) (Belgarbi-Dutron, s.d).....	16
Figure 13 : micrographies optiques de <i>Trichoderma saturnisporum</i> (x40) (Kumar et al., 2020).....	16
Figure 14 : morphologie et formation des conidies d' <i>Alternaria alternata</i> au microscope optique (x40) (Belgarbi-Dutron, s.d).....	17
Figure 15 : conidiophores et conidies de <i>Curvularia lunata</i> (barre = 100 µm) (Monteiro, 2003).....	17
Figure 16 : (A-B) Conidies de <i>Neoscytalidium</i> (C) Cellules conidiogènes du Coelomycètes synanamorphe (D-F) Conidies du Coelomycètes synanamorphe (les flèches indiquent la gaine) (Barres d'échelle = 4 µm) (Crous et al., 2006).....	18
Figure 17 : distribution géographique de <i>Sardinella aurita</i> (Smith, 1997).....	25
Figure 18 : morphologie de l'espèce <i>Sardinella aurita</i> (Dahel, 2018).....	26

Figure 19: banc de <i>Sardinella aurita</i>	27
Figure 20: différenciation sexuelle chez <i>S.aurita</i> (Belouahem,2009).....	28
Figure 21: baie d’Alger (Rabehi et <i>al.</i> , 2018).....	31
Figure 22: filets d’Allache nettoyés.....	32
Figure 23: différents bains utilisés pour la stérilisation superficielle.....	33
Figure 24: (A) filet de sardinelle coupé pour l’ensemencement ; (B)fragment de sardinelle prélevé.....	34
Figure 25: boîte de Pétri à la fin de l’ensemencement.....	34
Figure 26: prélèvement des champignons.....	35
Figure 27: phyla fongiques recensés au niveau de la chair de <i>Sardinella aurita</i> avant congélation.....	38
Figure 28: phyla fongiques recensés au niveau de la chair de <i>Sardinellaaurita</i> après congélation.....	39
Figure 29: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Aspergillus</i> (sujet 24R2) (×400).....	40
Figure 30: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Candida</i> (sujet 23R1) (×100).....	40
Figure 31: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Penicillium</i> (sujet 25R1) (×1000).....	41
Figure 32 : observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Rhizopus</i> (sujet 25R1) (×100).....	41
Figure 33: observation macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Saccharomyces</i> (sujet 9R2) (×100).....	42
Figure 34: observation macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Trichophyton</i> (sujet 15R2) (×100).....	42
Figure 35: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Cladosporium</i> (sujet 5R1) (×100).....	43
Figure 36: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Neoscytalidium</i> (sujet 5R2) (×400).....	43
Figure 37: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre <i>Rhizoctonia</i> (sujet 3R2) (×400).....	44

Figure 38: analyse en composantes principales des lots de sardinelles non congelés.....	48
Figure 39: analyse en composantes principales des lots de sardinelles congelées.....	49
Figure 40 : analyse en composantes principales globale.....	50

Liste des tableaux

Tableau 1. Classification des champignons retrouvés au niveau de la chair de la sardinelle.....	38
Tableau 2. Classification des champignons prélevés au niveau de la chair de <i>Sardinella aurita</i>	39
Tableau 3. Abondance des champignons recensés au niveau de la chair de <i>Sardinella aurita</i> avant congélation.....	44
Tableau 4. Abondance des champignons recensés au niveau de la chair de <i>Sardinella aurita</i> après congélation.....	45
Tableau 5. Analyse de variance appliquée aux genres fongiques recensés sur <i>Sardinella aurita</i> avant congélation.....	45
Tableau 6. Analyse de variance appliquée aux genres fongiques recensés sur <i>Sardinella aurita</i> après congélation.....	46
Tableau 7. Analyse de variance globale appliquée à tous les genres fongiques recensés sur <i>Sardinella aurita</i> avant et après congélation.....	46
Tableau 8. Interactions significatives entre les genres fongiques répertoriés avant congélation.....	47
Tableau 9. Interactions significatives entre les genres fongiques répertoriés après la congélation.....	48
Tableau 10. Interactions significatives entre les genres fongiques répertoriés pour les deux lots échantillonnés.....	49

Sommaire

Introduction générale	1
Chapitre I. Les champignons	4
1. Introduction.....	5
2. Caractéristiques générales des champignons.....	5
2.1. Modes de de vie	5
2.1.1. Saprotrophes	5
2.1.2. Parasitesetpathogènes.....	5
2.1.3. Symbiotes.....	6
2.2. Morphologie des champignons	6
2.3. Reproduction des champignons	7
2.3.1. Reproduction asexuée.....	7
2.3.2. Reproduction sexuée.....	7
3. Classification des champignons.....	8
3.1. Chytridiomycota	8
3.2. Blastocladiomycota	9
3.3. Zygomycota.....	9
3.4. Glomeromycota	10
3.5. Ascomycota	10
3.6. Basidiomycota.....	11
3.7. Deuteromycota (Adelomycètes)	12
4. Champignons du monde marin.....	18
4.1. Répartition des champignons dans le milieu marin.....	18
4.2. Contraintes écologiques.....	19
5. Le microbiome fongique.....	20

Chapitre II. <i>Sardinella aurita</i>	23
1. Introduction.....	24
2. Systématique.....	24
3. Répartition géographique.....	25
4. Morphologie de <i>Sardinella aurita</i>	26
5. Comportement.....	26
6. Régime alimentaire.....	27
7. Croissance.....	28
8. Reproduction.....	28
Chapitre III. Matériel et méthodes	30
1. Description de la zone d'étude et de l'échantillonnage du matériel biologique.....	31
2. Préparation du milieu de culture.....	32
3. Préparation de la sardinelle pour la mise en culture.....	32
4. Identification macroscopique.....	35
5. Identification microscopique.....	35
6. Analyses statistiques.....	35
6.1. Abondance des genres fongiques.....	35
6.2. Analyse de variance (ANOVA)	36
6.3. Analyse en composantes principales (ACP).....	36

Chapitre IV. Résultats et discussion	37
1. Résultats.....	38
1.1. Diversité des champignons prélevés sur la chair de <i>Sardinella aurita</i> avant congélation.....	38
1.2. Diversité des champignons prélevés sur la chair de <i>Sardinellaaurita</i> après congélation.....	39
1.3. Description des genres de champignons recensés.....	40
1.3.1. <i>Aspergillus</i>	40
1.3.2. <i>Candida</i>	40
1.3.3. <i>Penicillium</i>	41
1.3.4. <i>Rhizopus</i>	41
1.3.5. <i>Saccharomyces</i>	42
1.3.6. <i>Trichophyton</i>	42
1.3.7. <i>Cladosporium</i>	43
1.3.8. <i>Neoscytalidium</i>	43
1.3.9. <i>Rhizoctonia</i>	44
1.4. Abondance des genres fongiques.....	44
1.5. Analyse de variance (ANOVA).....	45
1.6. Analyse en composantes principales (ACP).....	47
1.6.1. Lots de sardinelles non congelés.....	47
1.6.2. Lots de sardinelles congelés.....	48
1.6.3. Analyse en composantes principales pour l'ensemble des lots échantillonnés.....	49
2. Discussion.....	50
Conclusion	54
Références bibliographiques	57

INTRODUCTION

GENERALE

Sur la base d'un nombre limité de fossiles, les champignons étaient déjà présents sur terre il y a 900 à 750 millions d'années (Lumbsch, 2015). Le terme champignons englobe tous les organismes appartenant au règne des Eumycota (c'est-à-dire les vrais champignons), mais également d'autres microorganismes traditionnellement étudiés par les mycologues (Jobard-Portas, 2010).

Les champignons représentent un règne à part entière dans le monde du vivant, qui a depuis longtemps fasciné et intéressé les chercheurs. Ils sont parmi les organismes les plus diversifiés dans la biosphère, avec une estimation de 0,71 à 1,5 million d'espèces (Schmit & Mueller, 2007). Cependant, seules 74 000 à 120 000 espèces sont connues (Hawksworth, 2001), soit environ 7% de la diversité totale. Ils sont fondamentaux pour le maintien des processus écologiques. On pourrait spéculer par exemple que, sans champignons, des goulots d'étranglement majeurs dans le cycle des nutriments se produiraient, notamment les plantes qui manqueraient de nutriments que les champignons libèrent pour elles dans le sol, mais aussi que de nombreux animaux seraient sans nourriture ; le bois ne serait pas décomposé ; certains insectes et autres animaux ne seraient pas capables de digérer les matières végétales et même la structure du sol changerait (Hawksworth, 2004).

En dépit du rôle fondamental joué par les champignons dans l'équilibre des écosystèmes, peu de choses sont connues sur la microflore fongique marine. Ce déficit en information résulte du fait que ces organismes sont habituellement absents du débat sur la biodiversité (Norton *et al.*, 1996). Néanmoins, la présence de champignons saprophytes dans le milieu marin est, aujourd'hui, un fait reconnu par la communauté scientifique. Ainsi, de nombreuses moisissures ont été isolées de l'eau de mer, des sédiments et des coquillages, suggérant que les océans représentent un vaste réservoir fongique (Matallah-Boutiba *et al.*, 2008).

Les champignons marins vivent au dépend de substrats organiques, dont ils tirent l'énergie grâce à un arsenal d'enzymes, tout comme leurs homologues terrestres (Liberra et Lindequist, 1995). On leur connaît des interactions avec les algues marines, les plantes vasculaires, les invertébrés, les poissons et les mammifères (Stanley, 1992). Les poissons téléostéens sont des modèles d'étude particulièrement intéressants pour ces microbiotes fongiques, puisque plusieurs niches distinctes (i.e. différents sites sur le corps) de ces derniers peuvent être échantillonnées et facilement documentées : les branchies (Llewellyn *et al.*, 2014), le mucus cutané (Boutin *et al.*, 2014) et les intestins (Bates *et al.*, 2006; Rawls *et al.*, 2004 ; Rawls *et al.*, 2006). De plus, Sylvain *et al.* (2016) ont montré que ces différentes niches (mucus cutané et intestins) réagissaient de manière différente à une perturbation des conditions environnementales. Cet aspect est important, puisqu'il indique la possibilité d'évaluer les effets de perturbations dans des niches plus (intestins) ou moins (mucus cutané) dépendantes de l'état physiologique de l'hôte. De plus, les poissons ont l'avantage d'être facilement exposés à différentes conditions physicochimiques : ils vivent dans l'eau, qui peut être facilement modulée selon les buts de l'expérience. La plupart des poissons sont abondants et facilement échantillonnés dans la nature autant qu'en captivité, ce qui fait d'eux d'excellents sujets d'étude.

Il est donc crucial de veiller à avoir des connaissances plus approfondies des facteurs modulant le microbiote des poissons, puisque ce dernier joue des rôles très importants pour la survie de son hôte, notamment le microbiote cutané qui est particulièrement impliqué dans la défense immunitaire (Boutin et *al.*, 2013). En effet, le microbiote retrouvé dans le mucus cutané des poissons constitue la toute première ligne de défense contre les agents pathogènes opportunistes présents dans l'environnement (Trivedi, 2012; Sugita et *al.*, 2002; Boutin et *al.*, 2013; Llewellyn et *al.*, 2017). Quant au microbiote retrouvé dans le tractus digestif, il joue d'importants rôles nutritionnels. Par exemple, le microbiote intestinal des poissons est impliqué dans la régulation de l'absorption intestinale et du métabolisme des acides gras (Semova et *al.*, 2012), ainsi que dans la glycolyse (Ni et *al.*, 2014).

Notre présente étude consiste à mettre en évidence la diversité de champignons qui se trouvent au niveau de la chair de poissons, plus précisément les différents genres fongiques recensés au niveau de la chair de *Sardinella aurita*. Cette dernière est une espèce à grande valeur commerciale, en tant que source de nourriture pour l'homme et pour l'industrie de la transformation des produits de la mer. Les sardines et les sardinelles sont très appréciées pour leur chair savoureuse et leur teneur élevée en acides gras oméga-3, en protéines et en nutriments essentiels, tels que les vitamines B et le calcium. Ce travail rentre dans le cadre des thématiques de recherche du Laboratoire Ressources Naturelles de L'université Mouloud Mammeri de TiziOuzou.

Afin d'atteindre cet objectif, notre manuscrit est divisé en plusieurs chapitres distincts. Le chapitre I se concentre sur une revue bibliographique approfondie des champignons, fournissant ainsi une base de connaissances solides. Le chapitre II est dédié à l'étude spécifique de *Sardinella aurita* ; le chapitre III présente en détail le matériel et les méthodes utilisées tout au long de notre étude. Enfin, le chapitre IV de notre étude est dédié à la présentation des résultats et à leur discussion. Nous analysons les données recueillies et examinons leurs implications.

Enfin, nous clôturons notre étude en fournissant une conclusion générale qui résume nos principaux résultats, ainsi que des perspectives pour de futures recherches dans ce domaine.

Chapitre I.

Les champignons

1. Introduction

Les champignons sont des Eucaryotes (un ou plusieurs noyaux bien individualisés dans les cellules) (Erard, 2014). Les Eumycètes forment un groupe monophylétique d'organismes hétérotrophes et absorbotrophes (Campbell et *al.*, 2012). Hétérotrophes vis-à-vis du carbone (matières organiques), ils n'ont pas de pigments assimilateurs et sont donc incapables d'assurer la photosynthèse. Ils sont aussi absorbotrophes (par opposition aux Animaux, qui pratiquent l'ingestion et aux Végétaux, qui pratiquent l'assimilation) : sorte de digestion extracellulaire, suivie de l'absorption des nutriments. La nutrition par absorption implique une sécrétion d'enzymes dans le milieu environnant (exodigestion) et un mode de nutrition osmotrophe (Lecomte, s.d.).

2. Caractéristiques des champignons

2.1. Modes de vie

Derrière l'absorbo-hétérotrophie partagée des champignons se cache une grande diversité de modes de nutrition (Peay et *al.*, 2008), à savoir : le saprophytisme, le parasitisme ou la symbiose.

- **Saprotrophes**

Les champignons saprotrophes utilisent la matière organique morte comme source de nourriture par sécrétion d'enzymes; ils sont capables de pénétrer dans les matières organiques et inorganiques, grâce au développement d'hyphes, de rhizoïdes ou de filets ectoplasmiques (Raghukumar, 2017). Ces caractéristiques font des champignons terrestres saprobes les principaux contributeurs au recyclage des nutriments de la matière organique. Plusieurs faits indiquent que les champignons marins sont également des composantes essentielles et abondantes du cycle des nutriments dans les océans (Tisthammer et *al.*, 2015).

- **Parasites et pathogènes**

Le parasitisme fongique est un processus complexe dans les écosystèmes pélagiques, liant de multiples interactions entre divers microorganismes, car leur action sur une seule population ou niveau trophique pourrait avoir un impact sur plusieurs autres, par le biais de cascades de la chaîne alimentaire. En tant que parasites, les champignons peuvent causer de graves dommages aux organismes vivants, à savoir les autotrophes (cyanobactéries, algues, macrophytes, plantes) et les hétérotrophes (autres champignons, protistes, invertébrés, vertébrés). Il a été démontré que les parasites fongiques peuvent décimer un large éventail de populations d'algues hôtes procaryotes et eucaryotes (Donk et Ringelberg, 2006; Gons et *al.*, 2002), entraînant le rejet d'une grande quantité de matière organique, disponible pour les champignons et les bactéries saprophytes. Dans le contexte des milieux pélagiques, une telle activité peut empêcher la sédimentation des populations hôtes et augmenter le temps de rétention et le recyclage hétérotrophe de la matière organique dans la colonne d'eau (Lefevre et *al.*, 2008).

- **Symbiotes**

C'est une association étroite et obligatoire avec un autre être vivant (Moulinier Claude, 2002). C'est la troisième stratégie trophique majeure des champignons ; cela entraîne des avantages mutuels pour les deux partenaires. Les deux principales symbioses mutualistes connues en milieu terrestre sont représentées par les mycorhizes (association plante-champignon) et les lichens (association algue/cyanobactérie-champignon) (Bovio, 2019).

Les lichens comptent environ 700 espèces dans l'écosystème marin, les Ascomycota étant principalement impliqués dans la symbiose. Les lichens marins sont fréquemment signalés dans la zone supra-littorale et intertidale (Raghukumar, 2017), où ils sont exposés à une forte irradiance solaire et, avec la marée haute, sont recouverts d'eau de mer (Lipnicki, 2015). Ces conditions extrêmes ont induit une variabilité phénotypique (morphologiquement et anatomiquement) chez les lichens et influencé leur distribution (Lipnicki, 2015). Fait intéressant, peu de lichens ont également été signalés sous le niveau de la marée, sur des algues et des coquilles (Raghukumar, 2017).

En ce qui concerne l'autre symbiose la plus courante dans l'environnement terrestre, des mycorhizes ont été signalées dans les écosystèmes marins uniquement pour les plantes des marais salants (Hyde et *al.*, 1998).

2.2. Morphologie des champignons

Quant aux caractères morphologiques et physiologiques, la plupart des Eumycètes disposent d'une paroi cellulaire chitineuse et d'une voie métabolique de biosynthèse de la lysine complètement originale (Erard, 2014). Ils sont dits Thallophytes, car ils sont composés d'un appareil végétatif appelé thalle. Ce dernier est composé de filaments ou hyphes enchevêtrés les uns par rapport aux autres ; les cellules comprennent les organites classiques : noyau, mitochondrie, cytoplasme, vésicules. Le thalle peut être cloisonné ou non (Boudih, 2011) (Figure 1). L'ensemble des hyphes constitue un réseau appelé mycélium (Lecellier, 2013). Ce mycélium peut être souterrain et invisible, en forêt par exemple comme celui d'espèces récoltées par les amateurs de champignons ou bien au contraire bien visible sur des aliments contaminés par des moisissures (Fons et *al.*, 2018).

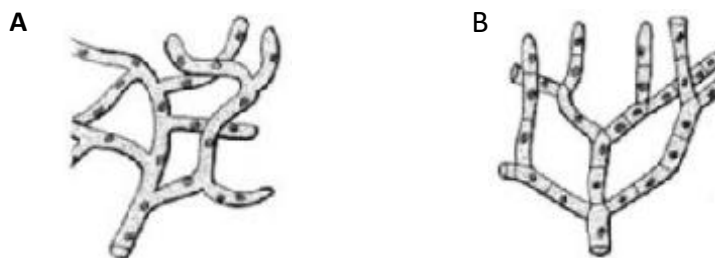


Figure 1 : différentes structures d'hyphes (Lecellier, 2013).

(A) hyphe non cloisonnée (coenocytique), (B) hyphe cloisonnée.

2.3. Reproduction des champignons

Le cycle de vie des champignons comprend deux types de reproduction (Figure 2) :

- **une reproduction asexuée**, au cours de laquelle une spore ou un fragment de mycélium croît et se développe sur un substrat ; le mycélium émet des conidiophores, à l'extrémité desquels des conidies sont émises, puis disséminées;
- **une reproduction sexuée**, qui implique la rencontre de deux mycéliums : un mycélium à n chromosomes va rencontrer un autre mycélium à polarité complémentaire pour donner lieu à la fusion des cytoplasmes, ce qui engendre un nouveau mycélium à $2n$ chromosomes ; les cycles de vie diffèrent d'un champignon à un autre selon leur type de spores (Boudih, 2011)

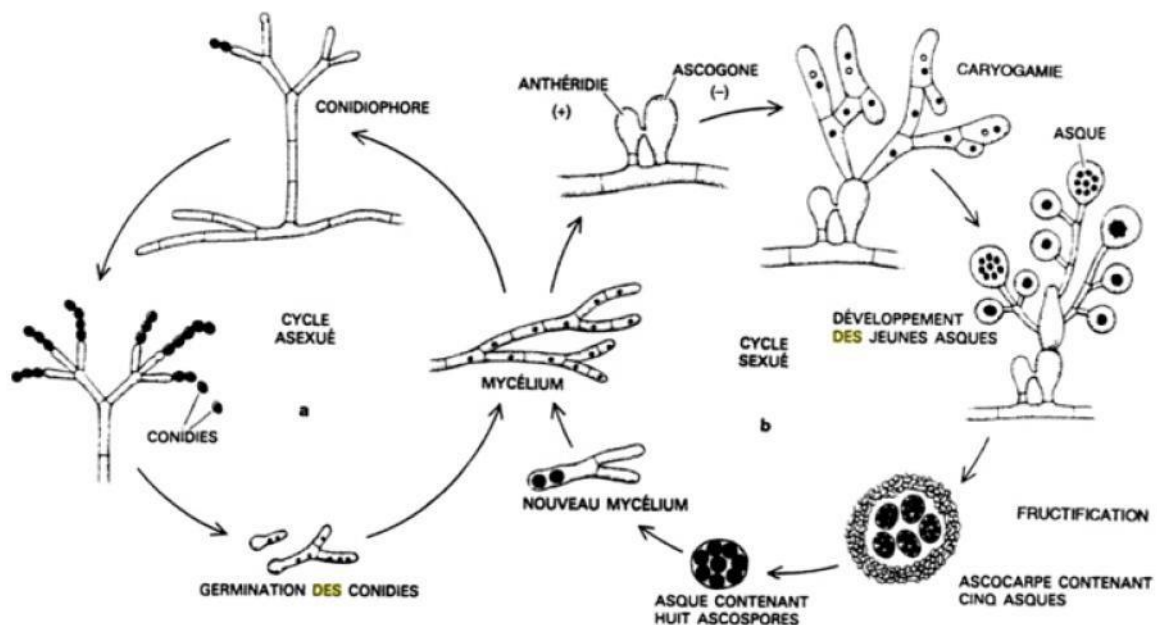


Figure 2 : cycle de vie des champignons (Lecellier, 2013).

3. Classification des champignons

Les Eumycètes regroupent plusieurs divisions : Chytridiomycota, Blastocladiomycota, Zygomycota, Glomeromycota, Ascomycota, Basidiomycota et Deuteromycota (James et *al.*, 2006).

3.1. Chytridiomycota

Communément appelés les chytrides, ils constituent un vaste groupe de champignons saprophytes ou parasites, majoritairement composés de Champignons aquatiques, car ils se dispersent dans l'eau avec des spores mobiles. La gamme d'hôtes des chytrides pathogènes comprend d'autres champignons, algues, plantes et amphibiens (Money, 2016). Les Chytridiomycota sont unicellulaires et produisent des spores mobiles (zoospores) à un flagelle postérieur, en coup de fouet cervical ; ce sont d'ailleurs les seuls organismes parmi les Mycètes à posséder ce type de spores (Gould, 2009). Cette classe représente le groupe le plus archaïque des Eumycètes. Selon Taylor et *al.* (2015a), les chytrides habitait la Terre il y a au moins 1,5 Ga (milliard d'années), voire plus tôt.

Quelques exemples de Chytridiomycota sont donnés : *Allomyces* (Figure 3), une moisissure aquatique, *Synchytrium endobioticum* : un agent pathogène de la pomme de terre et *Neocallimastix* (Figure 4) : un chytride qui vit en symbiose dans l'intestin des herbivores (Volk, 2013).



Figure 3 : caractéristiques morphologiques d'*Allomyces* dans l'État de Piauí, Brésil (Barre = 45 μm) (Rocha et *al.*, 2016).

17-19. *A. anomalie*. 17. Hyphe à rhizoïdes. 18. Zoosporanges à parois minces, avant la libération des zoospores. 19. Hyphe latéral avec pseudo-septum, terminal de zoosporanges résistants. 20-22. *A. arbuscule*. 20. Zoosporanges résistants, sympodiaux. 21. Zoosporanges à paroi mince, l'un vide et l'autre avec papille apicale. 22. Les paires de gamétanges avec les papilles apicales. Le gamétange femelle placé au-dessus du gamétange mâle. 23-25. *A. moniliforme*. 23. Zoosporanges résistants à apex effilé. 24. Zoosporanges à parois minces, moniliformes. 25. Gaine vide et terminal de zoosporange résistants. 26-27. *A. néomoniliforme*. 26. Zoosporanges résistants et gaines vides. 27. Zoosporange résistants à parois épaisses, pores espacés.

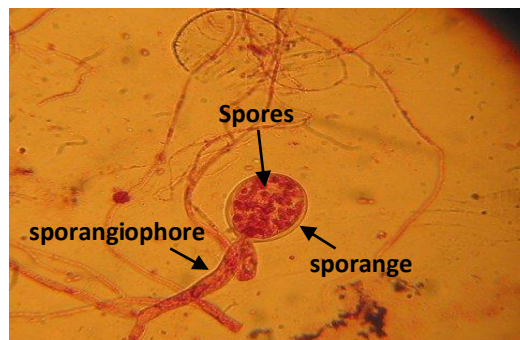


Figure 4 : souche MR1-*Neocallimastix frontalis*, sporange à long sporangiophore, avec spores (x40)(Atanasova-Pancevska & Kungulovski, 2018).

3.2. Blastocladiomycota

Les Blastocladiomycota étaient auparavant considéré comme un groupe de Chytridiomycota, placé en tant qu'ordre des Blastocladales (Strullu-Derrien, 2016). Ils en sont séparés pour former un phylum. Les Blastocladiomycota vivent dans les habitats d'eau douce, la boue et le sol, où ils agissent comme saprotrophes, décomposent les débris végétaux et animaux ou parasitent les arthropodes (Money, 2016).

3.3. Zygomycota

Les Zygomycota représentent un groupe hétérogène de saprobes principalement, généralement trouvés dans le sol ou en association avec des plantes, des champignons, des animaux ou des humains, en tant qu'agents pathogènes opportunistes (Voigt et Kirk, 2014), provoquant des moisissures post-récolte et des pourritures molles. Par exemple, certaines espèces de *Mucor* sont des habitants du sol, qui pénètrent dans les fruits (par les blessures ou au niveau du calice) tombés sur le sol du verger, ou encore. *Rhizopus stolonifer* mieux connu comme la moisissure commune du pain ; ainsi que *Rhizopus arrhizus* (Figure 5). Dans les bonnes conditions, ce saprophyte omniprésent provoque également une pourriture molle des fruits et légumes charnus, des bulbes, des fleurs et des graines (Gould, 2009).

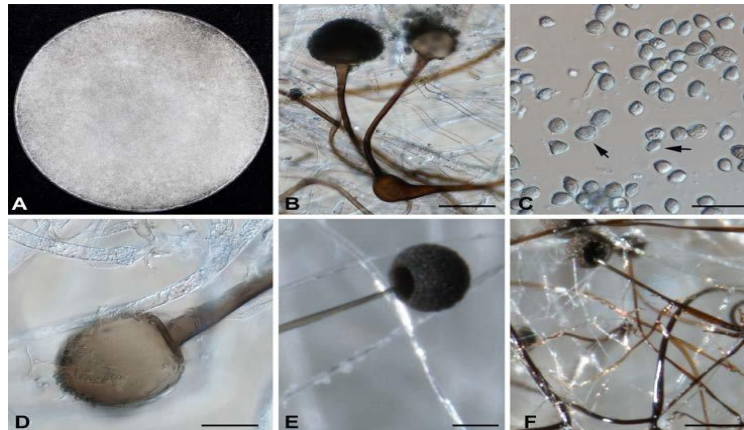


Figure 5 :morphologie macroscopique et microscopique de *Rhizopus arrhizus* var. *arrhizus* CBS 330.53 (Dolatabadi, 2015) .

A : colonie après 3 jours d'incubation à 30°C ; B : columelle et chlamydospore ; C : sporanges ; D & E : columelle; F : rhizoïdes ; Barre d'échelle B,C= 50 μm ; D, E, F = 10 μm

3.4. Glomeromycota

Ce sont les champignons mycorhiziens arbusculaires (Asiegbu et Kovalchuk, 2021). Ils comptent parmi les microorganismes les plus importants sur Terre, car ils sont responsables de la formation d'associations mutualistes appelées endomycorhizes, avec les racines d'environ 70% des plantes du monde (Volk, 2013).

Ce taxon a été séparé des Zygomycota. Les Glomeromycota forment un type de symbiose, où les hyphes fongiques envahissent les cellules des racines des plantes et les deux espèces bénéficient de l'apport accru de nutriments (McConnaughey, 2014).

3.5. Ascomycota

C'est le groupe le plus important et le plus diversifié de champignons existants (Taylor *et al.*, 2015b). Le phylum comprend des levures et des champignons filamenteux, des champignons qui s'associent à des Algues et des Cyanobactéries pour former des lichens, des espèces mycorhiziennes, des saprotrophes et des agents pathogènes de plantes et d'animaux (Money, 2016). Ce sont des champignons cloisonnés, dont les filaments sont séparés par des parois transversales cellulaires appelées septa. Ils produisent des spores sexuées, appelées ascospores, formées dans des structures en forme de sac appelées asques, ainsi que de petites spores asexuées appelées conidies (McConnaughey, 2014).

Le phylum des Ascomycota est divisé en trois sous-embranchements (Berman, 2012) :

- **Taphrinomycotina** : il regroupe des champignons saprophytes ou parasites des plantes et des vertébrés (Vega *et al.*, 2012);

- **Pezizomycotina** : ce sont les plus nombreux et les plus complexes morphologiquement et écologiquement des Ascomycota (Vega et *al.*, 2012); ce sont les vrais Ascomycota ; ce sous-embranchement compte par exemple le genre *Fusarium* (Figure 6), qui fait partie de l'ordre des Hypocréales ;

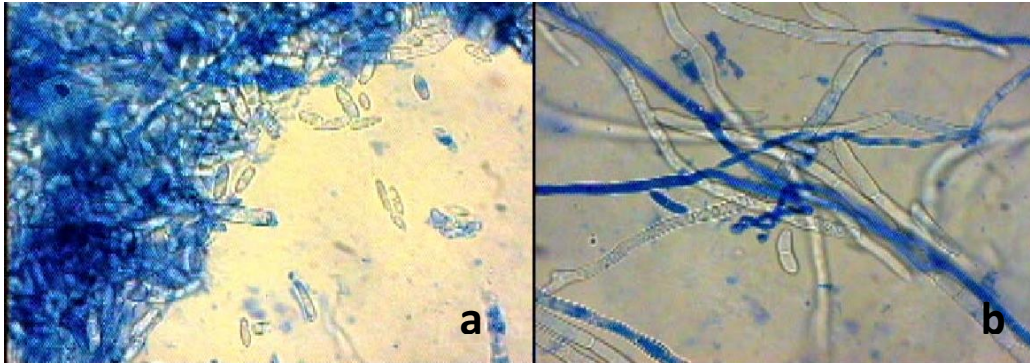


Figure 6: morphologie microscopique du genre *Fusarium* (Matallah-Boutiba, 2008).

- a**: observation microscopique colorée au bleu de coton (x500);
- b**: observation microscopique colorée au bleu de coton (x1000).

- **Saccharomycotina** : il englobe les vraies levures (non phytopathogènes) ; elles sont étroitement associées aux insectes pour la dispersion et les champignons fournissent des vitamines, des enzymes et d'autres ressources aux insectes hôtes (Vega et *al.*, 2012) ; les membres du sous-embranchement des Saccharomycotina se reproduisent par bourgeonnement et ne forment pas de structures de fructification (Kurtzman et Sugiyama, 2015) (Figure 7).

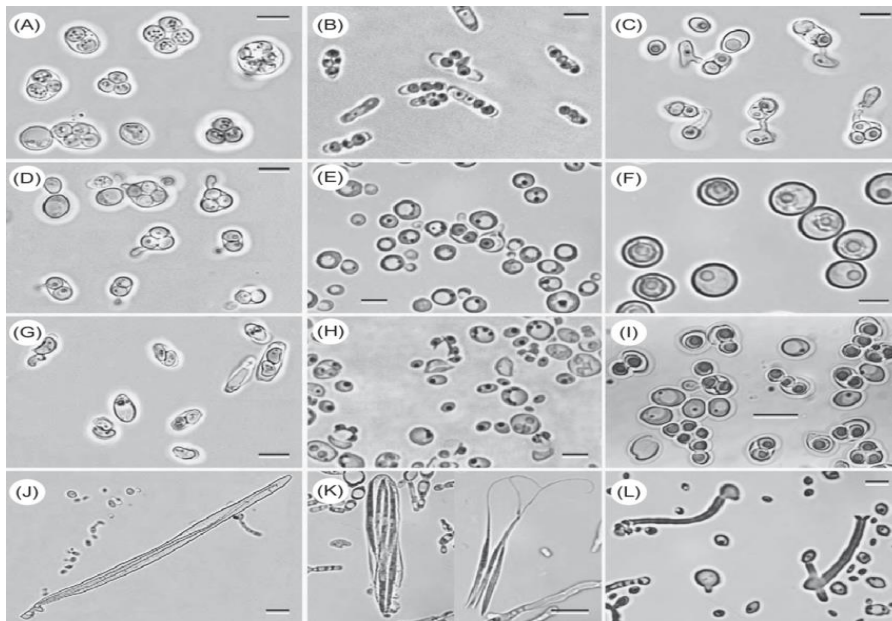


Figure 7: diverses formes d'asques et d'ascospores (Kurtzman et al., 2011).

(A) Asques persistants, non conjugués avec des ascospores globuleuses (*Saccharomyces paradoxus*), (B) Asques déliquescents, non conjugués avec des ascospores globuleuses et en forme de chapeau (*Pichiamebranifaciens*), (C) Asques avec des ascospores globuleuses formées à partir de la conjugaison de types d'accouplement complémentaires (*Kodamaeaohmeri*), (D) Asques persistants avec des ascospores globuleuses formées par conjugaison entre les cellules et leurs bourgeons (*Schwanniomycespseudopolymorphus*), (E) Asques persistants avec des bourgeons conjugués effilés et des ascospores globuleuses (*Torulasporeadelbrueckii*), (F) Asques persistants non conjugués, chacune avec une ascospore rugueuse et sphérique (*Citeromycessiamensis*), (G) Asques déliquescents avec des ascospores en forme de haricot (*Kluyveromycesmarxianus*), (H) Ascospores en forme de chapeau libérées d'asques déliquescents (*Lindneraveronae*), (I) Ascospores en forme de Saturne formées dans des asques déliquescents (*Saturnisporaahernii*), (J) Ascospores allongées en forme d'aiguilles dans un asque persistant (*Metschnikowiahawaiiensis*), (K) Ascospores allongées avec une queue en forme de fouet libérée d'un asque déliquescent (*Eremotheciumcoryli*), (L) Ascospores en forme de chapeau libérées d'un asque formé à l'extrémité d'un ascophore (*Pachysolentannophilus*).

3.6. Basidiomycota

Ils constituent un phylum majeur des Fungi. C'est le deuxième en nombre d'espèces, après les Ascomycota (Halbwachs et al., 2021). Ce sont des champignons unicellulaires ou filamenteux cloisonnés, composés d'hyphes séparés par des parois transversales cellulaires appelées septa. Ils se reproduisent de manière sexuée, produisant des spores dans les basides (Figure 8), qui sont des structures terminales en forme de massue, qui ont normalement des méiospores externes ou des basidiospores. Ils se reproduisent également de manière asexuée (McConnaughey, 2014).



Figure 8: *Amanita* sp – section *vaginatae*. Holobasidetétrasporee typique des Agaricales (Fortin, 2016).

3.7. Deuteromycota (Adelomycètes)

Ils sont surnommés "Fungi imperfecti" c'est-à-dire champignons imparfaits en latin, car ils n'ont pas de phase sexuelle reproductive. Il s'agit d'un groupe de champignons hétérogène et polyphylétique. La reproduction est généralement assurée par des spores (conidies) produites de manière asexuée, à partir de cellules conidiogènes qui sont parfois libres (comme dans les levures), ou plus communément formées sur des hyphes de support séparés (conidiophores), ou des cellules qui peuvent être produites dans ou sur des structures de fructification organisées (conidiomes) (Sutton, 2014).

Les Deuteromycota constituent une division considérée comme un groupement artificiel ; ce terme est plutôt utilisé comme nom commun pour ce groupe de champignons. Environ 90% d'entre eux ont des affinités avec les Ascomycota (Volk, 2013), ou ont évolué à partir d'eux (Sutton, 2014). Il y a environ 17 000 espèces dans cette division, mais ce nombre diminue continuellement, à mesure que de plus en plus de stades téléomorphes (champignon possédant la phase sexuée), sont associés aux stades anamorphes (champignon possédant uniquement le stade de reproduction asexuée).

La plupart des Deuteromycotaa un mycélium cloisonné bien développé, avec des conidiophores distincts, mais certains ont un thalle unicellulaire. La plupart des membres se reproduisent au moyen de spores spéciales appelées conidies. Quelques champignons imparfaits manquent de conidies et ne forment que des sclérotés (Figure 9). C'est une structure dure, qui résulte d'une coalescence d'hyphes et pourvue d'une paroi extérieure qui empêche la déshydratation ; un sclérote est une forme de résistance de certains champignons face aux conditions extrêmes rencontrés au sein de leur environnement.



Figure9:tranchesde10sclérotésdelasouche

ss48 de *Sclerotinia sclerotiorum* (Graduation =1mm)(Roy, 2017).

Il existe une grande variété de conidies morphologiquement différentes produites chez les Deuteromycota ; elles peuvent être sphériques, ovoïdes, allongées, en forme d'étoile, etc... Elles peuvent être unicellulaires à pluricellulaires, avec soit des septa transversaux, soit des septa transversaux et longitudinaux. De plus, les conidies peuvent être hyalines ou colorées. Ces caractéristiques conidiales sont à la base de la classification artificielle.

➤ **Classe des Hyphomycètes**

Les Hyphomycètes sont un groupe de champignons dont beaucoup sont des espèces aquatiques (Chergui, 1990). L'identification de ces champignons est basée sur la morphologie des conidies, en particulier le cloisonnement, la forme, la taille, la couleur et la texture de la paroi cellulaire, la disposition des conidies telles qu'elles sont portées sur les cellules conidiogènes (Seifert et *al.*, 2011). Certains Hyphomycètes sont caractérisés par des conidies hyalines, de couleur claire. On y retrouve deux genres importants, qui sont :

- *Aspergillus* : c'est un groupe complexe de moisissures qui présente un mycélium cloisonné, portant de nombreux conidiophores dressés, terminés en vésicule, comprenant plusieurs centaines d'espèces, dont certaines sont pathogènes pour l'homme et les animaux (Gómez et *al.*, 2016) (Figure 10) ;

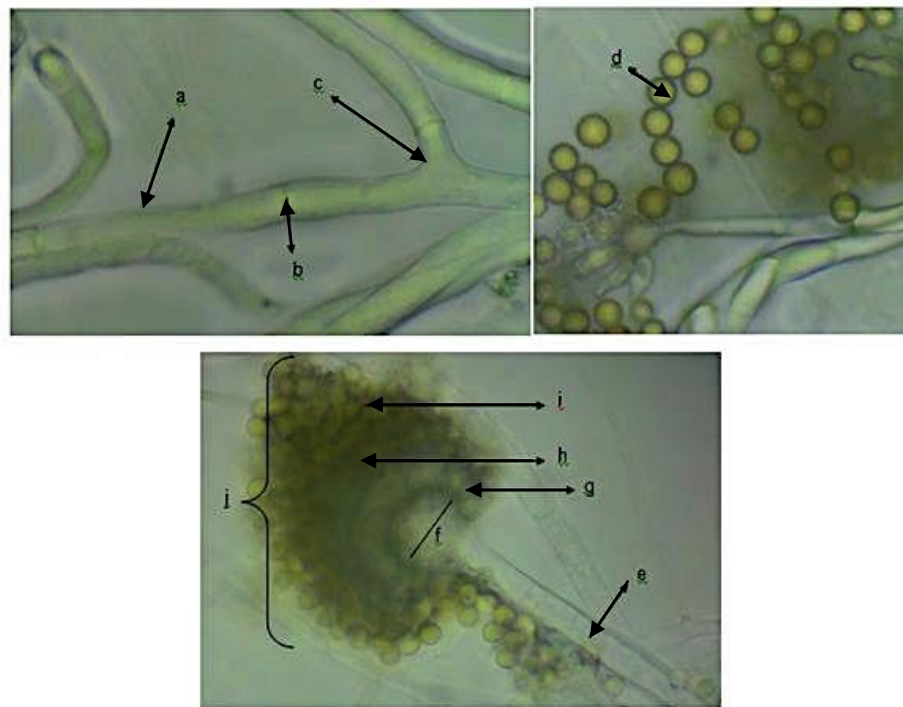


Figure 10 : caractéristiques microscopiques d'*Aspergillus* (x1000) (Sukmawati et al., 2018).

a = hyphe ; b = cloison, c = hyphes ramifiées, d = conidies ; e = conidiophores, f = vésicules, g = metula ; h = phialide, i = conidies, j = tête de conidies.

- *Penicillium* : il possède des hyphes septés, des conidies en chaînes produites par des phialides regroupées en pinceaux (Figure 11) ; les colonies sont blanches à la périphérie, avec un centre bleu vert (Dufresne, 2014).

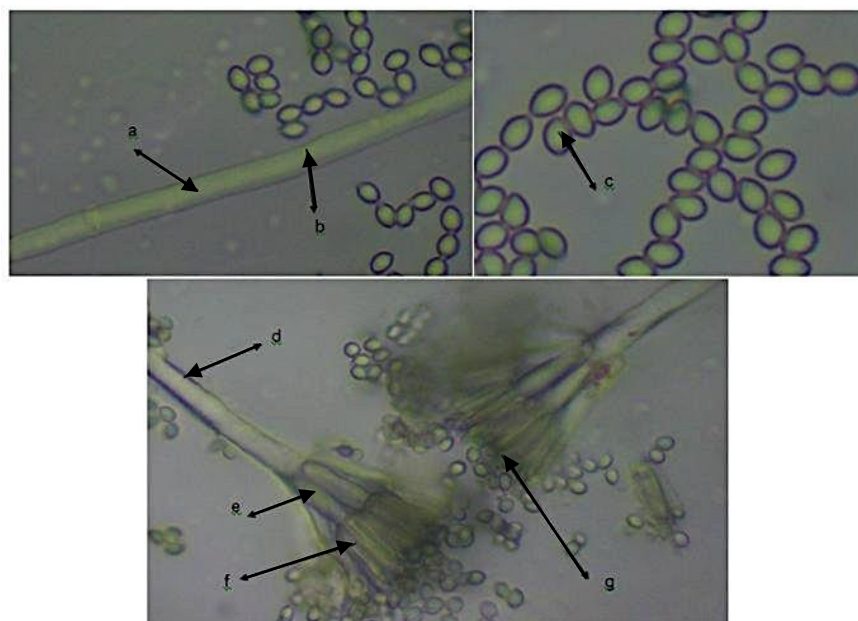


Figure 11 : caractéristiques microscopiques de *Penicillium* (x1000) (Sukmawati et al., 2018).

a = hyphe, b = cloison, c = conidie, d = conidiophore, e = métule, f = phialide, g = conidies.

On retrouve également les genres suivants : *Geotrichum* (Figure 12), *Gliocladium* et *Trichoderma* (Figure 13).

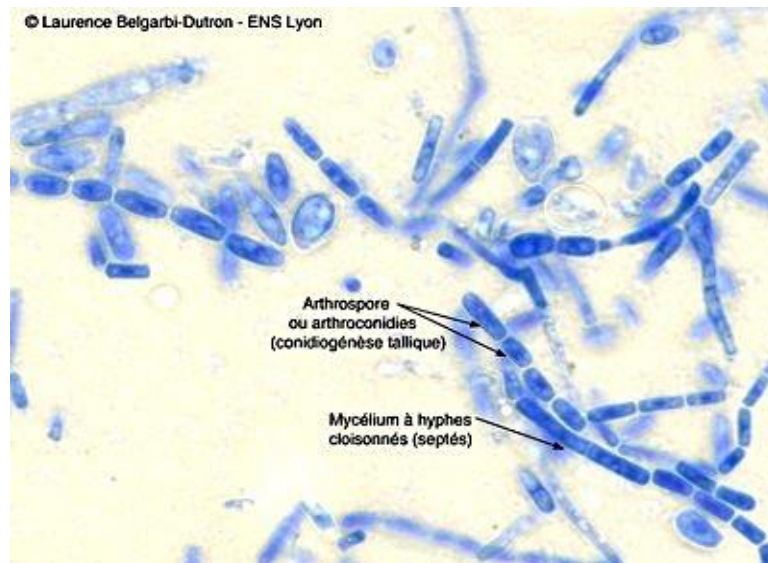


Figure 12 : *Geotrichum* au microscope (x100) (Belgarbi-Dutron, s.d).

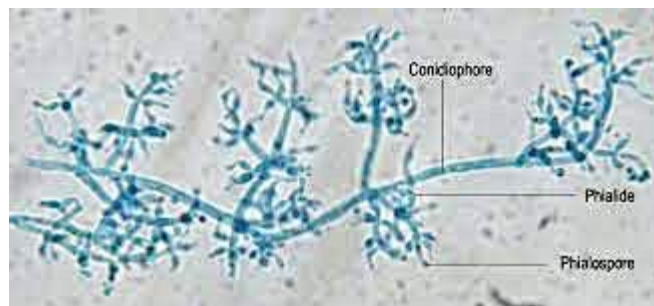


Figure 13: micrographies optiques de *Trichoderma saturnisporum* (x40) (Kumar et al., 2020).

D'autres Hyphomycètes ont des conidies ou des hyphes bruns ou noirs. Nous pouvons citer comme exemple les genres *Alternaria* (Figure 14) et *Curvularia* (Figure 15).

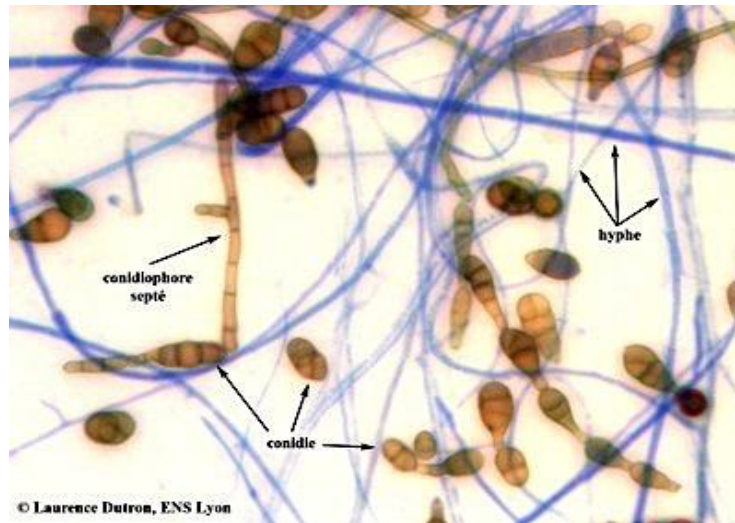


Figure 14: morphologie et formation des conidies d'*Alternaria alternata* au microscope optique (x40) (Belgarbi-Dutron, s.d).

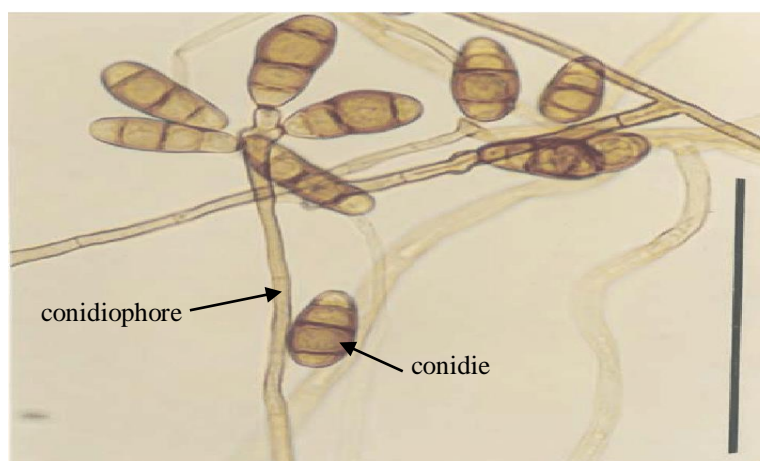


Figure 15 : conidiophores et conidies de *Curvularia lunata* (barre = 100 μm) (Monteiro et al., 2003).

➤ Classe des Coelomycètes

Dans le cas de cette classe, les conidies se forment dans des structures de fructification fermées ou partiellement fermées (conidiomata) (Sutton, 2014), à la différence de la classe des Hyphomycètes, qui eux possèdent des conidies nues. Les Coelomycètes sont abondants dans les régions tempérées et tropicales. D'après Kirk et al. (2008), ces champignons comprennent au moins 1 000 genres et plus de 7 000 espèces, telles les espèces du genre *Neoscytalidium*.

Ce genre est décrit comme un phytopathogène opportuniste (Ruíz-Cendoya *et al.*, 2010). C'est un champignon responsable d'infections cutanées superficielles. Il peut être aussi à l'origine d'infections sous-cutanées profondes (Moutranet *al.*, 2012) (Figure 16).

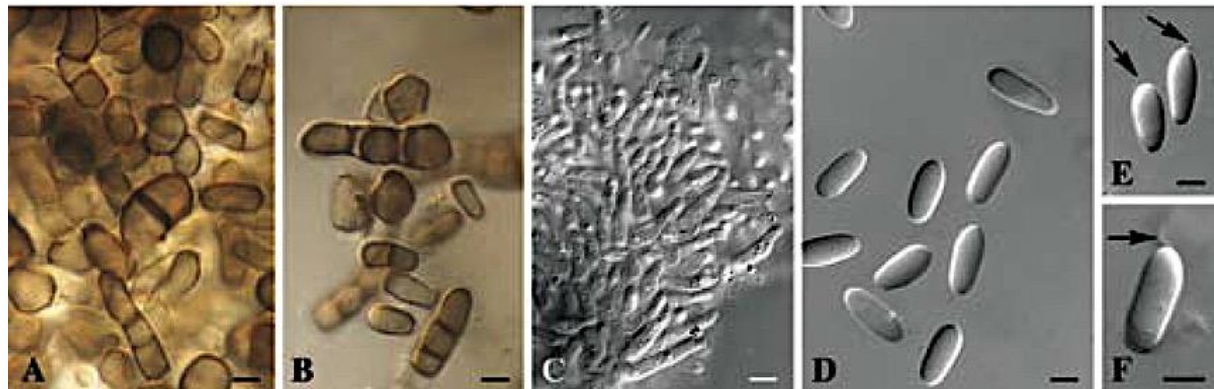


Figure 16 : (A-B) Conidies de *Neoscytalidium* (C) Cellules conidiogènes du Coelomycètesynanamorphe (D-F) Conidies du Coelomycètesynanamorphe (les flèches indiquent la gaine) (Barres d'échelle = 4 μ m) (Crous *et al.*, 2006).

4. Champignons du monde marin

4.1. Répartition des champignons dans le milieu marin

Dans le milieu marin, le développement de microorganismes tolérants aux halos est favorisé, en raison de la salinité élevée, ainsi que la forte pression sélective exercée sur le biote. Une partie de cette diversité microbienne est constituée de champignons. Les champignons marins colonisent différentes niches écologiques; ils ont été retrouvés associés à des organismes de tous les niveaux trophiques et peuvent agir comme saprobes, symbiotes et parasites (Raghukumar, 2017). On les trouve dans tous les habitats marins, y compris les communautés planctoniques, les plantes marines (algues, herbiers marins, bois flottant), les invertébrés marins (éponges, coraux, ascidies, bivalves, crustacés, etc...), les vertébrés (principalement les poissons) et les matières inorganiques. La répartition des champignons dans la colonne d'eau suit l'abondance de la matière organique et sa variabilité saisonnière, se produisant plus fréquemment dans les premiers mètres et près de la côte, par rapport aux eaux profondes (Wang *et al.*, 2012). Quant aux sédiments des grands fonds, ils représentent un puits pour la matière organique, créant un habitat où les champignons sont les microbes eucaryotes dominants (Nicoletti *et Andolfi*, 2018).

Certains champignons terrestres peuvent coloniser les habitats aquatiques. Par exemple, les genres *Fusarium* ou *Aspergillus* sont des champignons communs transmis par le sol, qui peuvent vivre et croître dans des conditions aquatiques (Descals *et al.*, 2007 ; Sahadevan *et al.*, 2008; Damare *et al.*, 2008). La principale implication écologique est que les champignons issus des apports allochtones peuvent rester actifs dans les eaux pélagiques et contribuer ainsi à la dynamique du réseau trophique et au cycle des nutriments. Il s'agit d'une information importante, puisqu'une proportion importante des champignons récupérés dans les zones pélagiques peut provenir du sol (Jobard-Portas, 2010).

4.2. Contraintes écologiques

Les changements globaux ont déjà des conséquences alarmantes sur la diversité macroscopique des écosystèmes terrestres et ont entraîné une diminution de l'habitat et de la taille des populations de plus de 8000 espèces de vertébrés (Ceballos et *al.*, 2015). Les écosystèmes marins sont aussi en première ligne face aux perturbations anthropiques (Thorne-Miller, 1999). S'il est plus difficile d'appréhender l'ampleur des extinctions des animaux marins, on sait qu'elles altéreront le fonctionnement des écosystèmes océaniques (Worm et *al.*, 2006). Les écosystèmes coralliens notamment, sont particulièrement vulnérables au changement climatique et aux pressions de pêche (McClanahan et *al.*, 2014), le réchauffement climatique ayant entraîné des épisodes de blanchiment sans précédent et à l'échelle mondiale ces deux dernières années, une érosion de la diversité des macroorganismes aurait par nature des répercussions sur les espèces microbiennes associées (Hughes et *al.*, 2011).

Les champignons d'origine hydrique doivent faire face à diverses difficultés et contraintes caractéristiques des habitats aquatiques. La disponibilité en oxygène peut être l'un des paramètres les plus restrictifs. La biomasse fongique et la sporulation peuvent diminuer fortement avec la concentration d'oxygène dissous (Medeiros et *al.*, 2009). Néanmoins, dans certains environnements anaérobies, tels que les sources riches en sulfures et les grands fonds anoxiques, une diversité inattendue de champignons a été rencontrée (malgré le faible effort général d'échantillonnage), principalement limitée aux Ascomycota et aux Basidiomycota. Cependant, la diversité semble inférieure à celle trouvée dans les eaux oxygénées (Nikolcheva et Baerlocher, 2004; Alexander et *al.*, 2008 ; Stock et *al.*, 2009).

Malgré les efforts croissants des mycologues marins pour contribuer à la découverte de nouvelles espèces, cartographiant ainsi la biodiversité mondiale, les champignons marins sont encore un groupe peu étudié par rapport aux autres microorganismes marins (Tisthammer et *al.*, 2015). Les espèces pélagiques typiques (flottantes), définies comme celles qui dépendent de la phase d'eau libre pour tout ou une partie de leur cycle de vie, ont reçu moins d'attention que certaines espèces économiquement et écologiquement pertinentes (Goh & Hyde, 1996). Par exemple, la chytridiomycose causée par *Batrachochytrium dendrobatidis*, qui cause la mortalité des amphibiens associée au déclin des populations mondiales, a été bien étudiée (Berger et *al.*, 1998; Longcore et *al.*, 1999) ; ce qui a donné lieu à beaucoup de publicité. Jones et *al.* (2015) ont estimé qu'environ 10000 champignons marins attendent toujours d'être décrits.

5. Le microbiome fongique

Lederberg & McCray (s.d.) défini le microbiome comme étant une communauté de microorganismes commensaux, pathogènes et symbiotiques vivant sur ou à l'intérieur de notre corps. Pour Leibold et *al.* (2004), le microbiome d'un individu est constitué d'un ensemble de différentes communautés, inféodées chacune à un organe ou une partie du corps. Par exemple, les communautés colonisant la peau du visage, des bras, ou l'intérieur de la bouche sont très différentes. Cependant, ces communautés ne sont pas isolées: des microorganismes peuvent être transférés entre ces différentes zones du corps et avec le milieu ambiant (air, sol, eau et autres organismes). Ces communautés forment donc une méta-communauté, définie comme un ensemble de communautés interconnectées entre elles, par des phénomènes de dispersion des organismes.

Le microbiote et l'hôte forment une entité appelée l'holobionte (Margulis, 1991), un métagorganisme dont les parties sont interdépendantes (Simon et *al.*, 2019). L'équilibre au sein de l'holobionte est fragile, des perturbations peuvent potentiellement amener l'holobionte d'un état d'eubiose (symbiotique) à un état de dysbiose (état malsain) (Iebbaet *al.*, 2016). La structure taxonomique du microbiote se réfère à l'abondance relative des différents taxa d'une communauté. Le terme microbiome, quant à lui, se réfère au génome collectif de tous les symbiotes vivant dans un certain environnement (Turnbaugh *et al.*, 2007).

D'après Sender et *al.* (2016), nous hébergeons autant de cellules bactériennes à l'intérieur de notre appareil digestif, que de cellules humaines dans tout notre corps ; ainsi ces mêmes cellules composant le microbiome, interagissent de multiples manières avec les cellules de l'hôte, jouant notamment un rôle crucial dans le développement du système immunitaire. Les bactéries ainsi que d'autres microorganismes qui peuvent être : symbiotiques, commensales et pathogènes sont incluses dans le microbiote.

Tout comme chez les vertébrés terrestres, le microbiome digestif joue un rôle crucial pour le fitness des poissons marins, notamment via la protection contre les organismes pathogènes (production de molécules antimicrobiennes, modulation du système immunitaire (Gómez et Balcazar, 2008 ; Lowrey et *al.*, 2015), la dégradation et l'assimilation des nutriments et la maturation et la différenciation des cellules épithéliales de l'intestin (Diwan et *al.*, 2022).

La composition du microbiome digestif des poissons varie le long de l'intestin (Navarrete et *al.*, 2012). La salinité et le régime alimentaire semblent être les principaux facteurs conditionnant la composition du microbiome, à la fois à un niveau inter et intra-spécifique. Certaines études ont permis d'établir que l'intégrité du microbiote intestinal est indissociable de l'état de santé de son hôte, autant chez les Mammifères (Sekirov et *al.*, 2010; Holmes et *al.*, 2012; Marchesiet *al.*, 2015), que chez les Poissons (Legrand et *al.*, 2020). Tout comme chez l'Homme, l'état physiologique des poissons est en partie conditionné par le microbiome colonisant leur tube digestif, leur peau, leur appareil respiratoire, ainsi que leurs appareils génitaux et urinaires. Parmi le petit nombre d'études sur ces organismes, l'essentiel s'est focalisé sur le microbiome digestif (Chiarello, 2017).

Une étude a été menée par Bouarfa et Kareb (2022) sur le microbiome fongique située de la chair de *Sardina pilchardius*. Elles ont mentionné après avoir effectué leur étude sur un échantillon de 50 sardines pêchées au niveau de la baie d'Alger, pendant le mois d'avril 2022 que cette espèce présente un microbiote fongique assez diversifié. Une diversité qui peut s'avérer très utile, d'abord pour l'animal, mais aussi pour l'homme, qui consomme ce poisson en grande quantité. Dans les résultats de cette étude, le champignon le plus abondant chez cette espèce est *Penicillium*, avec ses différents effets : antimicrobiens, antioxydants, anti-inflammatoires, antiviraux, antiparasitaires, antifongique, etc.

Quant à la surface cutanée des vertébrés marins, elle présente une importante diversité: présence d'écailles ou non, sécrétion et nature du mucus cutané, présence de poils, ... Cette diversité peut entraîner une importante variabilité du microbiome cutané, à la fois entre grands clades de macroorganismes, mais également à l'intérieur d'un clade. Une étude portant sur six espèces de poissons téléostéens a démontré qu'il existait une importante spécificité entre le microbiome et son espèce hôte (Larsen et al., 2013). Cependant, d'autres facteurs, tels que l'état physiologique de l'individu, ou encore sa localisation géographique, influencent également la composition du microbiome et entraînent une variabilité inter-individuelle importante de celui-ci (Apprill et al., 2014).

Contrairement au tube digestif ou à la chair, la peau est en contact direct avec le milieu marin, présentant un grand nombre et une grande diversité de microorganismes (Kirchman, 2010). La plupart des poissons téléostéens sont recouverts d'un mucus synthétisé par des cellules présentes au niveau de l'épithélium cutané, qui constituent la première barrière de défense contre les microorganismes pathogènes (Ángeles Esteban, 2012). Mais ce mucus peut également servir de ressources nutritives pour les communautés microbiennes cutanées (Balebona et al., 1998). Le microbiome cutané des poissons joue très certainement un rôle important dans cette fonction de barrière, en modulant le fonctionnement du système immunitaire (Kelly et Salinas, 2017).

Étant donné l'importante diversité des macro-organismes marins présentant des physiologies, des plans d'organisation et des systèmes immunitaires très différents, on peut supposer que les microbiomes qui leur sont associés soient très différents entre eux ; ce fait pourrait augmenter la diversité microbienne globale associée aux macroorganismes (Chiarello, 2017). Cependant, cela ne reste que des suppositions, étant donné que les connaissances associées aux microbiomes des animaux marins sont rudimentaires, tant sur les aspects descriptifs de ces communautés, que sur leurs rôles fonctionnels et sur leurs facteurs de contrôle. Des études montrent qu'ils jouent un rôle crucial de protection de leur hôte contre les pathogènes et les perturbations environnementales (Krediet et al., 2013; Glasl et al., 2016; Ziegler et al., 2017). Cette simple constatation appuie l'urgence de l'étude des microbiomes associés aux animaux marins, afin d'inventorier leur composition et leur richesse, mais aussi de comprendre leurs réponses aux variations environnementales, afin de quantifier leurs fonctions pour l'hôte.

Le mouvement des microorganismes de l'habitat d'une communauté locale à un autre est majoritairement passif, à cause de leur petite taille (Troussellier et *al.*, 2017). Ces mécanismes de transfert ont un impact majeur sur la composition du microbiome et peuvent avoir lieu horizontalement (*i.e.* entre individus, ou entre individus et leur milieu environnant) ou verticalement (*i.e.* entre un individu et sa progéniture).

Le transfert vertical désigne le passage de micro-organismes de la mère ou du père à la descendance. Ces transferts sont permis par différents types de mécanismes, dépendant principalement du mode de reproduction de l'organisme. Si quelques études démontrent que ces transferts existent chez tous les êtres vivants (Funkhouser-Jones et Bordenstein, 2013), leur mécanisme et leur dynamique ont principalement été étudiés dans le cas du microbiome digestif de l'homme.

Pour les transferts horizontaux, il existe deux types.

Les transferts depuis l'environnement : chez des invertébrés marins tels que les moules, les éponges ou les coraux, une partie du microbiome n'est pas transmise verticalement, mais horizontalement depuis l'eau de mer (Hentschel et *al.*, 2012; Nyholm et McFall-Ngai, 2004). Il y a aussi les transferts entre animaux : la plupart des transferts horizontaux intraspécifiques ont lieu entre individus apparentés, physiquement ou géographiquement proches, ou encore faisant partie du même groupe social.

De ce fait, les transferts horizontaux favorisent également la transmission verticale du microbiome. Chez les insectes sociaux par exemple, la transmission du microbiome digestif par coprophagie est un phénomène important, permettant le transfert du microbiome de génération en génération (Koch et Schmid-Hempel, 2011). Chez l'Homme, il a été démontré que des personnes vivant sous le même toit avaient des microbiomes digestif, cutané et oral plus proches que des personnes ne vivant pas ensemble (Song et *al.*, 2013).

Chapitre II.
Sardinella aurita

1. Introduction

Sardinella aurita autrement appelée sardinelle ou allache est un Clupéidé commun des côtes africaines, de la Méditerranée et de l'océan Atlantique. Ce poisson est pélagique côtier grégaire, qui se mêle souvent aux bancs de sardines. Il est d'ailleurs souvent confondu avec d'autres espèces qui partagent les mêmes niches écologiques, en particulier avec la sardine : *Sardina pilchardus*, la grande sardinelle : *Sardinella maderensis* et parfois avec les aloses : *Alosa alosa* et *Alosa falax* (Whitehead, 1985). Cette espèce est principalement planctophage, mais se nourrit également de larves et alevins de poissons. *Sardinella aurita* présente une plasticité et une adaptabilité remarquable aux fluctuations du milieu, dont elle tire partie (Cury et Fontana, 1988).

2. Systématique

Selon Ficher et *al.* (1987), la systématique de *Sardinella aurita* est la suivante :

- **règne** : Animalia
- **embranchement** : Vertébrés
- **sous-embranchement** : Gnathostomes
- **super-classe** : Poissons
- **classe** : Osteichtyens
- **sous-classe** : Actinoptérygiens
- **super-ordre** : Téléostéens
- **ordre** : Clupéiformes
- **sous-ordre** : Clupéoïdés
- **famille** : Clupéidés
- **genre** : *Sardinella*.
- **espèce** : *aurita* Valenciennes 1847.

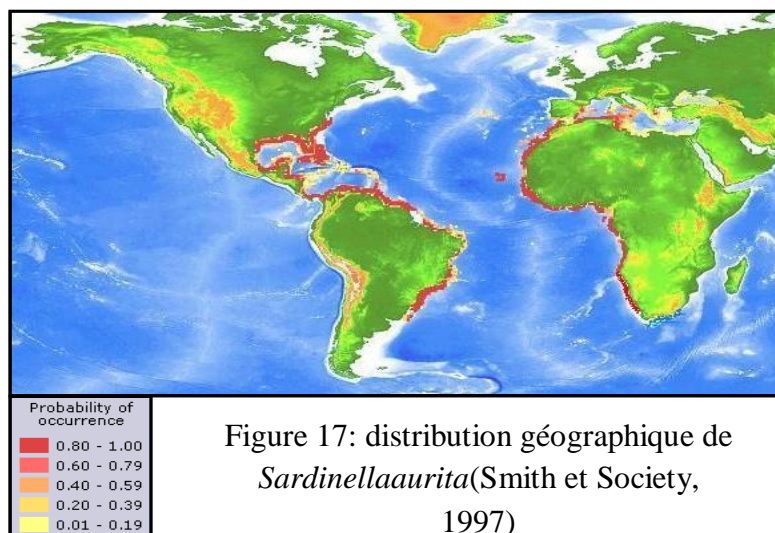
Selon les régions, de nombreux noms vernaculaires sont attribués à la sardinelle. (Dieuzede et *al.*, 1959; Djabali et *al.*, 1994).

- ❖ **Angleterre**: round sardinella ou gilt sardine.
- ❖ **Egypte**: sardine mabroum.
- ❖ **Espagne** :alacha.
- ❖ **France** :sardinelsa, frissa ou allache
- ❖ **Italie** :allechio ou sarda.
- ❖ **Liban**:lachio.
- ❖ **Maroc**:lacha ou Ro.
- ❖ **Tunisie**:lacha ou sarda.
- ❖ **Turquie**:sardalga.
- ❖ **Algérie**:latcha.

3. Répartition géographique

La distribution de l'espèce est tropicale et subtropicale, souvent associée aux grands systèmes d'upwelling (remontée d'eau) (Durand *et al.*, 1998; Froese et Pauly, 2003) ; son aire de répartition s'étend à l'ouest et à l'est de l'Océan Atlantique, l'océan Pacifique, toute la mer Méditerranée et occasionnellement la mer Noire (Bauchot, 1987). Elle est également présente le long du Golfe du Mexique jusqu'au Brésil, où elle soutient d'importantes pêcheries au Venezuela et au Brésil (Fréon, 1988). Dans l'Atlantique oriental, son aire de répartition géographique s'inscrit sensiblement entre les parallèles 37° N et 34° S (Postel, 1960). Vers le Nord, elle mord légèrement sur l'Europe, où l'espèce a été signalée en Espagne (Lozano Rey, 1947) et au Portugal (Monteiro, 1956). Vers le Sud, elle s'arrête en baie de Saldanha en Afrique du Sud (Smith, 1950). *Sardinella aurita* n'était pas abondante le long de la côte catalane il y a 20 ans, mais des études récentes ont montré que sa distribution s'est déplacée vers le nord, avec les anomalies positives de température de surface de la mer des dernières décennies (Sabatés *et al.*, 2006).

En ce qui concerne l'origine de *S.aurita*, Chikhi (1995) émet deux hypothèses à ce sujet. La première suppose que cette espèce serait originaire de l'Afrique de l'ouest ; selon lui, la colonisation s'est faite à partir de la région sénégal-mauritanienne, puisque les courants longeant ces côtes ouest-africaines se dirigent vers le Brésil, avant de remonter les côtes vénézuéliennes. Dans la seconde hypothèse, il estime que la colonisation s'est faite à partir des côtes américaines. Les immenses extensions du courant du Gulf Stream (un courant océanique chaud de surface, qui prend sa source entre la Floride et les Bahamas, le long de la côte des États-Unis et se disperse dans l'océan Atlantique) pourraient avoir joué un rôle dans cette colonisation (Figure 17).



4. Morphologie de *Sardinella aurita*

Elle présente un corps allongé, généralement de section sub-cylindrique, parfois plus comprimé. Le ventre est arrondi, mais avec un alignement de scutelles (la partie externe, saillante et dure de certaines écailles). L'œil est moyen ; il est au sommet du crâne avec de nombreuses stries (de 7 à 14) sur les fronts pariétaux ; la bouche est terminale, avec une mâchoire supérieure arrondie sans échancrure médiane; des branchio-spines fines et nombreuses, plus de 80, sont présentes sur la partie inférieure du premier arc branchial. Le dos est bleu à bleu vert, les flancs argentées/cuivrées et le ventre blanc. La nageoire dorsale est jaune plus ou moins foncé, ombrée sur le bord distal, à rayons antérieurs noirs, il n'y a pas de tâche noire à l'origine de la dorsale; la nageoire pectorale est de couleur jaune pâle, mouchetée à brune et enfin la nageoire caudale est jaune très clair près de la base, le reste sombre avec les pointes très foncées ou noires (Ficher et *al.*, 1987).

Une ligne longitudinale jaunâtre caractérise également l'espèce. La sardinelle ressemble beaucoup à la sardine commune, mais peut être reconnue par une ligne dorée voyante située à mi-flanc; une autre caractéristique la différence de la sardine c'est l'absence de stries radiales sur les opercules (Figure 18).

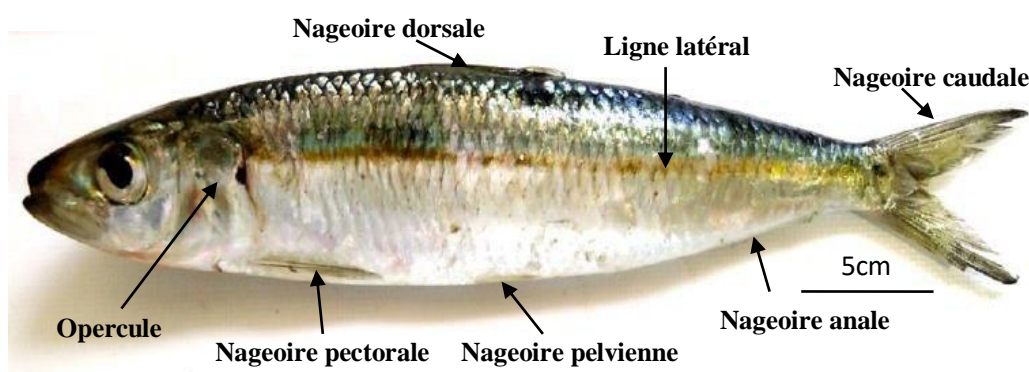


Figure 18 : morphologie de l'espèce *Sardinella aurita*(Dahel, s. d.).

5. Comportement

En ce qui concerne leur comportement, les sardinelles se déplacent en banc (Figure 19), entre la surface et 150 m de profondeur. Un banc moyen mesure entre 15 et 20 m de diamètre et contient de 20 à 30 tonnes de poisson (Irvine, 1947). On signale que ces bancs de *Sardinella aurita* viennent à la surface pendant la nuit et s'enfoncent pendant la journée. *Sardinella aurita* se mélange parfois avec d'autres espèces : *Sardinella eba*, *Sardinella cameronensis*. On rencontre parfois les alevins associés à des bancs d'anchois : *Engraulis sp.* (Irvine, 1947). Ces poissons marins préfèrent une eau claire saline, avec une température minimale < 24°C. Les juvéniles ont tendance à rester dans les zones d'alevinage, mais à l'échéance de la maturité, ils rejoignent les stocks halieutiques adultes, au large des côtes. Ces poissons sont fortement migrateurs, en fonction des saisons et conditions météorologiques (Fortier, 2012).

Quant aux préférences écologiques, l'espèce *S. aurita* effectuerait des déplacements des fonds de 70-100 m (où elle se trouve quand les eaux superficielles sont chaudes) vers la surface et la côte au moment des remontées d'eaux froides (Marchal, 1966). *S. aurita* est sténohaline, on ne la rencontre pas dans des eaux de salinité inférieure à 35‰, aussi elle évite les parties de la côte les plus influencées par le ruissellement terrestre (Longhurst et Pauly, 1987).



Figure 19: banc de *Sardinella aurita*.

6. Régime alimentaire

Sa nourriture est assez variée. Elle est essentiellement composée de plancton. Les larves de *S. aurita* se nourrissent de crustacés, en particulier de différents stades de copépodes (Tudela et al., 2002).

En 1953, Poll a examiné des contenus stomacaux de *S. aurita*. Ils ont révélé des fragments amorphes constitués par du phytoplancton, avec parfois des larves de mollusques et de petits crustacés. Diatta et Badji (2016) signalent, pendant leurs travaux sur des spécimens capturés au-delà d'une centaine de mètres de profondeur dans l'Atlantique Africain, un contenu stomacal constitué de bouillie de microplancton, à base de copépodes, d'Euphausiacés et divers autres crustacés.

Des différences alimentaires, en rapport avec la saison, ont été notées chez la sardinelle. La période froide se caractérise par une plus grande importance de crustacés, des larves de mollusques et d'invertébrés divers dans les contenus stomacaux. Mainguy et Doutré (1958) décrivent d'ailleurs cette saison comme étant la période d'engraissement des sardinelles, principalement de *S. aurita*. En revanche, la saison chaude constitue la période où le détritisme inorganique et le pourcentage de vacuité sont plus importants chez les sardinelles. Cette diminution du potentiel alimentaire serait due à la raréfaction des nutriments en saison chaude, qui dès son début, marque un amaigrissement progressif des individus.

7. Croissance

Elle est très rapide. La sardinelle ronde atteint en moyenne 18 cm au bout d'un an. Sa taille asymptotique est atteinte en 4 ans, avec une tendance à une diminution de la croissance avec l'âge (CamarenaLuhrs, 1986; Cury et Fontana, 1988).

En ce qui concerne la maturité sexuelle, elle est fixée en fonction de la taille. 14.14 cm est la taille à laquelle, dans la région centre de la côte algérienne, 50% des sardinelles femelles sont aptes à se reproduire et toutes le sont à partir de 16.5 cm. En ce qui concerne les mâles, 13.64 cm représente la taille à laquelle 50% de la population a atteint la maturité. Au-delà de 16.5 cm, tous les mâles rencontrés sont adultes (Bouaziz, 2007).

8. Reproduction

Les sexes sont séparés. On peut distinguer les deux sexes par la forme et la couleur des gonades. Le mâle se présente avec des gonades filamenteuses, de couleur blanchâtre à jaunâtre, alors que les femelles présentent des gonades assez volumineuses de couleur rouge (Hadj Ali et Flih, 2017)(Figure 20). La reproduction se déroule dans la colonne d'eau au-dessus des profondeurs moyennes du plateau continental, entre les isobathes -30 et -50 m (Mbaye, 2015).

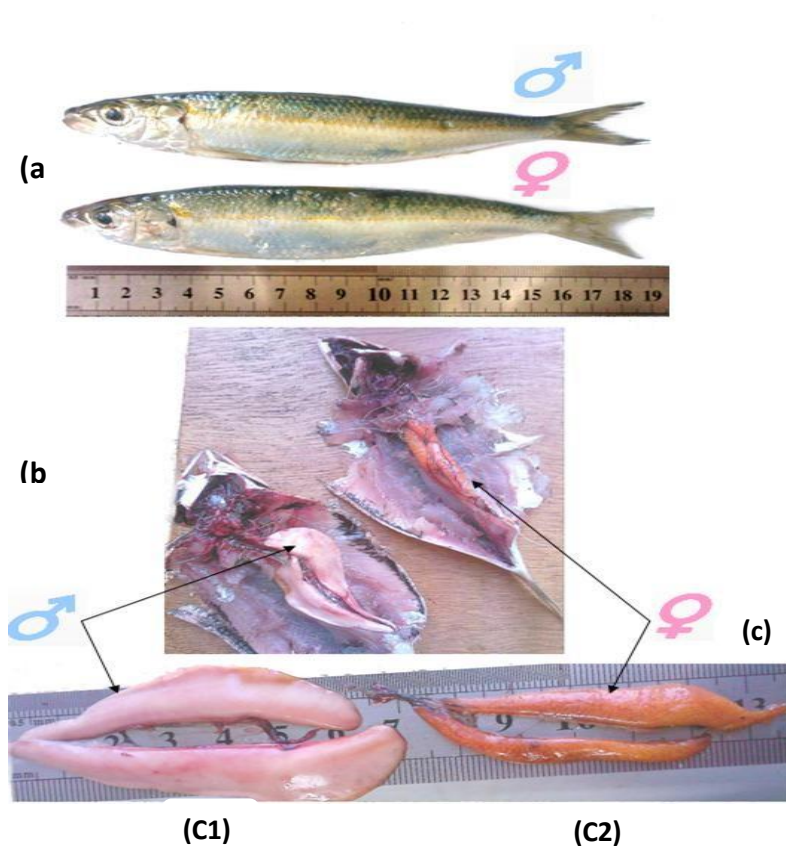


Figure 20 : différenciation sexuelle chez *S. aurita* (Belouahem, 2009).

(a): aspect externe (b): aspect après dissection (c): aspects des gonades (c₁) mâle et (c₂) femelles.

Quant à la période de fraie (ou fraye qui désigne la période de reproduction chez les poissons), elle s'étend pendant toute l'année dans les eaux superficielles, mais surtout de mi-juin à fin septembre en Méditerranée, lorsque la température de l'eau atteint le maximum annuel (23–25°C) (Ficher et *al.*, 1987). La distribution des œufs de *S. aurita* se fait dans des eaux beaucoup moins profondes (Palomera et Sabatés, 1990).

Chapitre III.

Matériel & méthodes

1. Description de la zone d'étude et d'échantillonnage du matériel biologique

Le matériel biologique concerné par la présente étude a été pêché au niveau de la baie d'Alger. Cette dernière est située à l'est de la plaine de la Mitidja (Figure 21). Elle forme une échancrure en demi-cercle, d'un diamètre d'environ 15,27 m et un contour périphérique de 42,46 km de long, allant du Cap Matifou à l'est au Cap Caxine à l'ouest (Chemrouk & Chabbi, 2016).

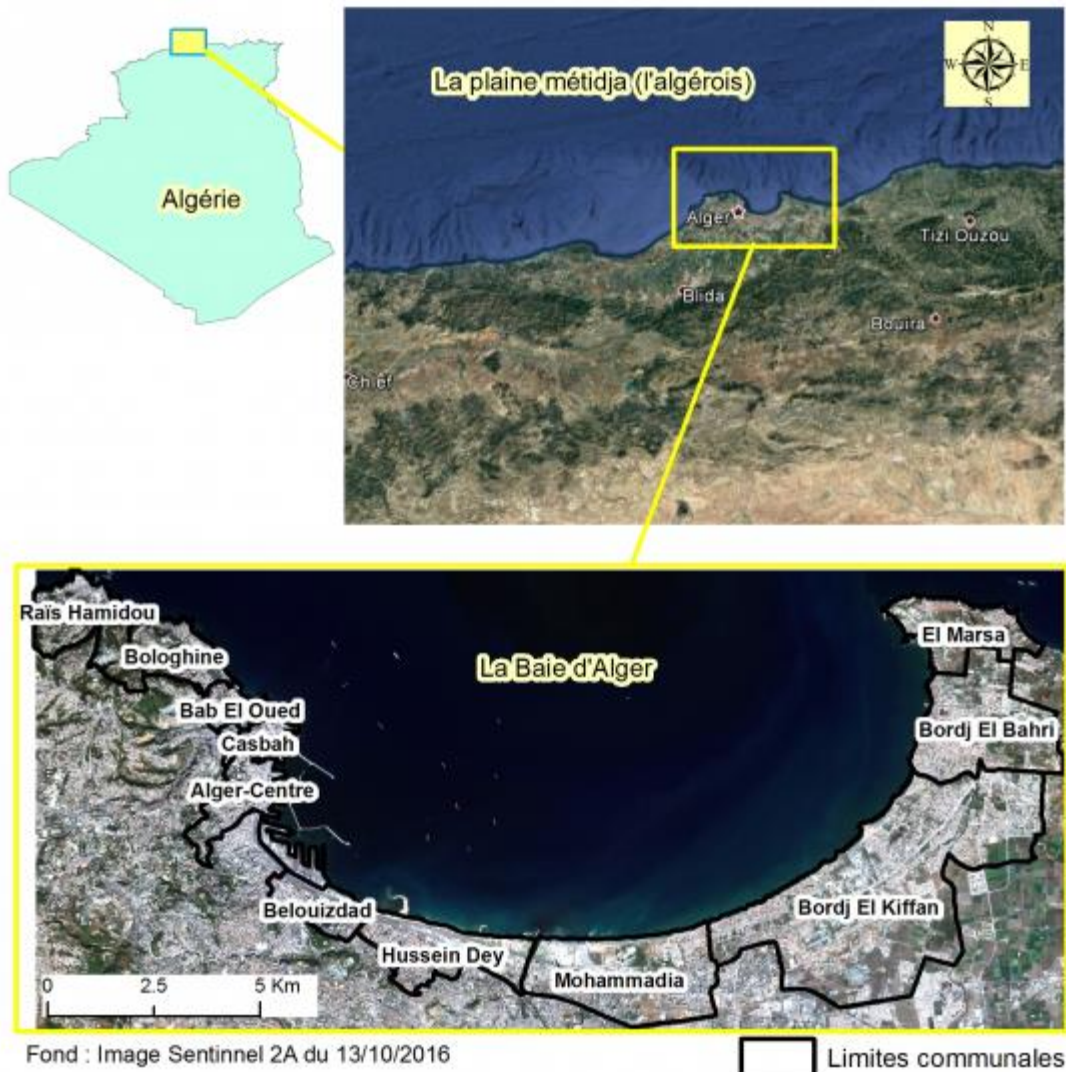


Figure 21 : baie d'Alger (Rabehi et *al.*, 2018).

Cinquante sardinelles (*Sardinella aurita*) ont été échantillonnées tous sexes confondus. Elles sont plus ou moins de la même taille ; elle varie entre 15 et 18 cm. Elles ont été réparties aléatoirement en deux groupes de vingt-cinq (25) sardinelles chacun. Un des deux groupes est disposé dans des boîtes et mis au congélateur pour une durée d'environ un mois; quant à l'autre lot, il est immédiatement mis en culture. Chaque groupe est ensuite subdivisé en 5 lots de 5 sardinelles chacun.

2. Préparation du milieu de culture

Le milieu de culture utilisé pour l'ensemencement est le milieu PDA (Potato dextrose agar), qui est composé des éléments suivants :

- 200g de pomme de terre ;
- 20g d'agar-agar ;
- 20g de glucose ;
- Eau distillée.

Pour la préparation du milieu, commencer par laver, peler puis couper les pommes de terre en petits morceaux ; par la suite les mettre à cuire dans un récipient contenant à peu près 200 ml d'eau pendant environ 30 min. Une fois les pommes de terre cuites, le bouillon est récupéré, puis filtrer. Le filtrat récupéré est versé dans un erlenmeyer de 1000 ml ; ajouté à cela 20g d'agar-agar, puis 20 g de glucose, enfin venir ajouter de l'eau distillée jusqu'à atteindre un volume de 1000 ml.

Au moment où le mélange est prêt, on dépose l'erlenmeyer sur un agitateur chauffant, jusqu'à ce qu'il devienne homogène et clair. On verse le contenu de l'erlenmeyer dans différents flacons, qu'il faut stériliser en les mettant à l'étuve à une température de 120°C pendant une durée de 30 minutes. Une fois la stérilisation terminée, une petite quantité d'antibiotique (amoxicilline) est ajoutée dans les flacons, pour éviter la prolifération des bactéries. Pour finir, il faut couler le milieu de culture dans des boîtes de Pétri, entre les flammes des deux becs bunsen.

3. Préparation de la sardinelle pour la mise en culture

❖ Etape 1 : nettoyage

Il consiste à nettoyer les sardinelles ou allache à l'eau courante. Ensuite, les ouvrir à la main, chercher l'arête centrale et en pinçant fortement avec les doigts venir glisser le long de cette arête pour extraire les deux filets du poisson. Une fois cette opération finie, les rincer abondamment et les laisser sécher à l'intérieur d'un bac en plastique (Figure 22).



Figure 22 : filets d'Allache nettoyés.

❖ Etape 2 : stérilisation superficielle

Après le nettoyage des sardinelles vient l'étape de la stérilisation superficielle. Elle consiste à faire passer les filets de sardinelle un à un, en utilisant des ciseaux stérilisés dans différents bains (Fig.23), selon le protocole de Helanderet *al.* (1994), qui est le suivant:

- éthanol 95% : pendant une durée de 2 minutes ;
- eau distillée stérilisée : afin de les rincer rapidement, puis retirer (premier traitement)
- eau de javel : pendant une durée de 3 minutes ;
- eau distillée stérilisée (deuxième traitement) ;
- éthanol 95% : pendant une durée de 30 secondes ;
- eau distillée stérilisée : comme dernière étape (troisième traitement).



Figure 23 : différents bains utilisés pour la stérilisation superficielle.

❖ Etape 3 : ensemencement

Une fois les filets stérilisés superficiellement (Figure 24A), on vient prélever 4 fragments d'un diamètre d'environ 1 cm (Figure 24B), à l'aide d'un bistouri et d'une pince stérile entre deux becs bunsen, pour éviter tout risque de contamination extérieure, qu'on vient déposer par la suite sur le milieu de culture, préalablement coulé dans des boîtes de Pétri (Figure 25).

Quand l'ensemencement est terminé, il faut inscrire sur chaque boîte le numéro correspondant au sujet et fermer le pourtour de la boîte de Pétri avec du papier film.



Figure24 : (A) filet de sardinelle coupé pour l'ensemencement ; (B) fragments de sardine prélevés.



Figure 25 : boîte de Pétri à la fin de l'ensemencement.

A la fin de toutes ces étapes, les boites de Pétri sont rangées à température ambiante et à l'abri de toute contamination. Ces boites contenant les cultures fongiques sont soumises à une surveillance quotidienne, afin d'observer et de noter tout développement et évolution des champignons.

❖ Etape 4 : prélèvements

Au moment où l'on observe un développement des champignons à l'intérieur des boites, on commence les prélèvements. Pour cela et à l'aide d'un scalpel stérilisé au préalable, il faut effectuer des prélèvements de chaque colonie de champignons contenue dans les boites, que l'on dispose par la suite sur une lame contenant une goutte de gélatine glycinée, qui permet de fixer le champignon prélevé. Pour finir, il faut recouvrir d'une lamelle, puis marquer sur la lamelle le numéro du sujet prélevé, ainsi que de la colonie (Figure 26). Suite à cela vient l'observation des prélèvements au microscope, à différents grossissements.

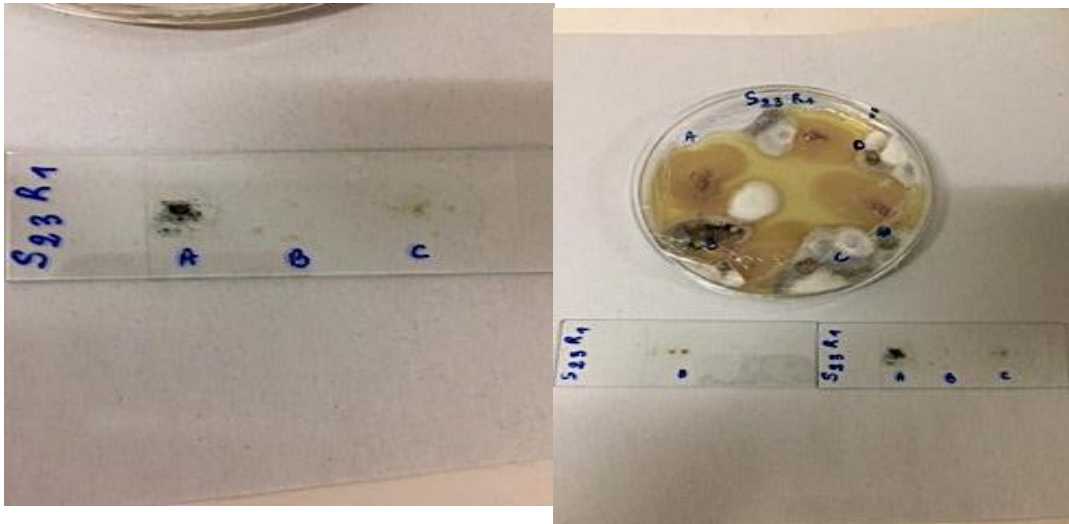


Figure26 : prélèvement des champignons.

4. Identification macroscopique

Cette méthode est basée sur l'observation à l'œil nu, des caractéristiques des colonies des champignons apparue sur les boites :

- ❖ l'aspect des colonies ;
- ❖ la taille de la colonie ;
- ❖ la couleur de la colonie.

5. Identification microscopique

Pour l'identification microscopique, les genres fongiques prélevés ont été observés au microscope et identifiés selon différents caractères : la structure du mycélium, les conidies, les spores, etc...

6. Analyses statistiques

6.1. Abondance des genres fongiques

Dans le but d'évaluer la diversité des genres fongiques répertoriés à partir de la chair de *Sardinellaaurita*, l'abondance de chaque genre de champignons A(%) est calculée à l'aide de la formule suivante :

$$A(\%) = (Ng / Nt) \cdot 100$$

avec :

A : abondance des genres ;

Ng : nombre de fois que le genre a été recensé chez un sujet ;

Nt : ensemble des répétitions.

6.2 Analyse de variance (ANOVA)

Une analyse de variance a été utilisée dans notre étude, soutenue d'une comparaison multiple des moyennes, grâce au logiciel Stat Box 6.40.

6.3 Analyse en composantes principales (ACP)

Une ACP a été réalisé dans le but de mettre en évidence la distribution spatiale des lots de sardinelles échantillonnés, en fonction des abondances des différents genres fongiques recensés, grâce au logiciel Stat Box 6.40.

Chapitre IV.

Résultats et discussion

1. Résultats

1.1. Diversité des champignons prélevés de la chair de *Sardinellaaurita* avant congélation

Après quelques jours d'incubation (environ 15 jours) à température ambiante des fragments prélevés sur la chair de sardinelle, une identification des champignons apparus au niveau des boîtes de Pétri a été faite et une classification a été dressée selon les phyla, ordres et familles (Tableau 1).

Tableau 1. Classification des champignons retrouvés au niveau de la chair de la sardinelle.

Genre	Phylum	Ordre	Famille
<i>Aspergillus</i>	Ascomycota	Eurotiales	Trichocomaceae
<i>Candida</i>	Ascomycota	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae
<i>Geotrichella</i>	Ascomycota	Non défini	Non défini
<i>Penicillium</i>	Ascomycota	Eurotiales	Trichocomaceae
<i>Rhizopus</i>	Zygomycota	Mucorales	Mucoraceae
<i>Saccharomyces</i>	Ascomycota	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae
<i>Trichophyton</i>	Ascomycota	Onygenales	Arthrodermataceae
SNI	/	/	/

Comme indiqué sur le tableau ci-dessus, sept genres de champignons ont été identifiés pour ce lot, à savoir : *Aspergillus*, *Candida*, *Geotrichella*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Saccharomyces*, *Trichophyton*, ainsi que des souches non identifiées. Les sept genres de champignons identifiés pour ce premier groupe appartiennent à deux phyla différents : Ascomycota et Zygomycota (Figure 29). Les champignons du phylum des Ascomycota sont les plus abondants, avec un pourcentage de **75%**, suivi du phylum des Zygomycota avec un pourcentage de **12%** ; les **13%** restants correspondent aux souches non identifiées (SNI).

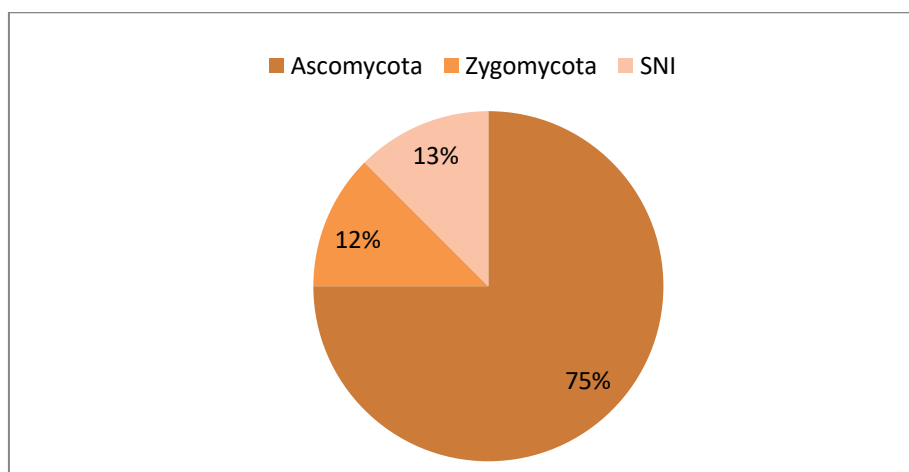


Figure 27 : phyla fongiques recensés au niveau de la chair de *Sardinellaaurita* avant congélation.

1.2. Diversité des champignons prélevés sur la chair de *Sardinella aurita* après congélation

Après un mois de congélation du deuxième lot de 25 sardinelles, suivi de quelques jours d'incubation à température ambiante des fragments prélevés sur la chair, une identification des champignons apparus au niveau des boîtes de Pétri a été faite et une classification a été dressée selon les phyla, ordres et familles (Tableau 2).

Tableau 2. Classification des champignons prélevés au niveau de la chair de *Sardinella aurita*.

Genre	Phylum	Ordre	Famille
<i>Candida</i>	Ascomycota	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae
<i>Cladosporium</i>	Ascomycota	Capnodiales	Cladosporiaceae
<i>Monilia</i>	Ascomycota	Helotiales	Sclerotiniaceae
<i>Neoscytalidium</i>	Ascomycota	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae
<i>Rhizoctonia</i>	Basidiomycota	Cantharellales	Ceratobasidiaceae
<i>Saccharomyces</i>	Ascomycota	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae
<i>Trichophyton</i>	Ascomycota	Onygenales	Arthrodermataceae
SNI	/	/	/

Sept genres de champignons ont été identifiés, à savoir : *Candida*, *Cladosporium*, *Monilia*, *Neoscytalidium*, *Rhizoctonia*, *Saccharomyces*, *Trichophyton*, ainsi qu'une souche non identifiée. Les sept genres de champignons identifiés appartiennent à deux phyla différents : Ascomycota et Basidiomycota (Figure 28). Encore une fois, le phylum des Ascomycota est le plus abondant, de même que la première expérimentation, avec un pourcentage de **75%**, suivi du phylum des Basidiomycota avec un pourcentage de **12%** ; les **13%** restants correspondent aux souches non identifiées (SNI).

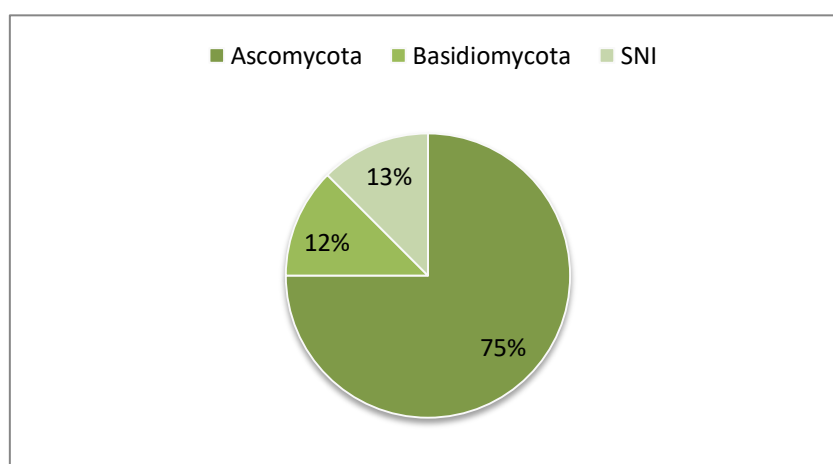


Figure 28 : phyla fongiques recensés au niveau de la chair de *Sardinella aurita* après congélation.

1.3. Description des genres de champignons recensés

1.3.1. *Aspergillus*

Le mycélium est cloisonné, portant de nombreux conidiophores dressés, non ramifiés, terminés en vésicule (Figure 29). Des phialides sont formées directement sur la vésicule avec des têtes conidiennes unisériées ou bisériées ; les conidies sont en chaîne unicellulaires (Botton *et al.*, 1990). Les espèces d'*Aspergillus* se différencient surtout par la couleur des colonies, l'organisation des têtes conidiennes, la forme et l'ornementation des conidies et l'éventuelle présence de reproduction sexuée (Matallah-Boutiba, 2006).

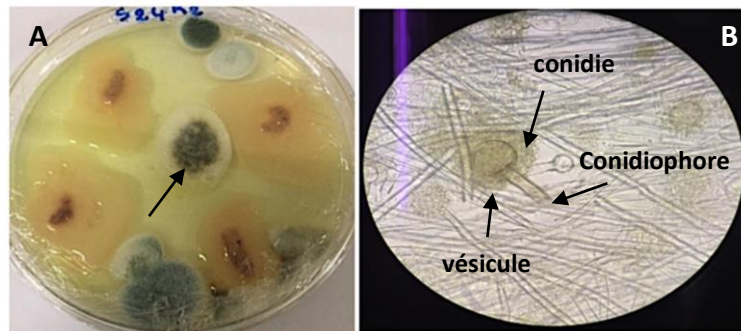


Figure 29 : observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Aspergillus* (sujet 24R2) ($\times 400$).

1.3.2. *Candida*

Ce sont des champignons levuriformes. Les cellules de ces microorganismes eucaryotes ont la particularité, comme tous les champignons, d'avoir une paroi contenant de la chitine. Les *Candida* sont habituellement commensaux des muqueuses et de la peau ou peuvent être des espèces environnementales. Certaines espèces peuvent se manifester en tant que pathogène animal. L'appareil végétatif de ce genre peut se présenter sous des formes variées (blastospores ovales de 2 à 5 μm , filaments ou pseudofilaments), se multipliant par bourgeonnement (Figure 30) (El-Kirat-Chatel, 2010).

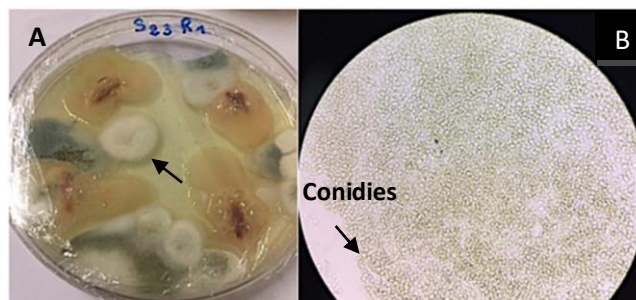


Figure 30 : observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Candida* (sujet 23R1) ($\times 100$).

1.3.3. *Penicillium*

Il s'agit d'un champignon filamenteux. Ce sont des champignons pour la plupart très communs dans l'environnement. Ils ont pour habitat les denrées alimentaires, les matières organiques en décomposition, les graines, les céréales, etc. Les conidiophores de ce genre sont insérés directement sur le mycélium ; les conidies se forment par bourgeonnement, au sommet des phialides (Figure 31) (Bouchet et *al.*, 2000).

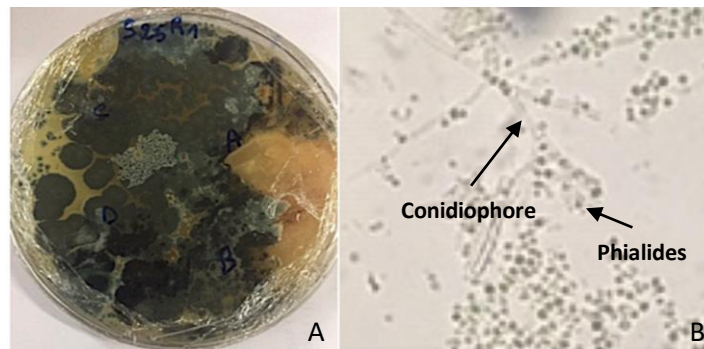


Figure 31: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Penicillium* (sujet 25R1) ($\times 1000$).

1.3.4. *Rhizopus*

Thalle à croissance rapide, sporosystophores généralement très grands, terminés en entonnoir, en bouquets de 2 à 6, présentant à la base des rhizoïdes ; columelles brunes, globuleuses ou semi-globuleuses (Figure 32) (Botton et *al.*, 1990).

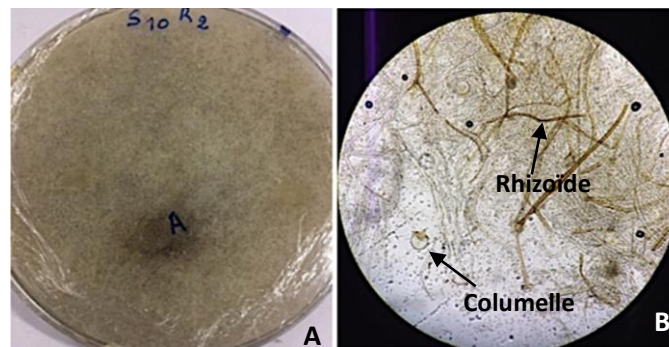


Figure 32: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Rhizopus* (sujet 25R1) ($\times 100$).

1.3.5. *Saccharomyces*

C'est un champignon microscopique qui compose les différentes sortes de levures qu'on utilise pour la fermentation. Il est composé de cellules sphériques, ovoïdes ou allongées de taille très variable. Certaines cellules sont cylindriques et de grande taille, jusqu'à 20µm de longueur ou plus (Goffeau et *al.*, 1996) (Figure 33).

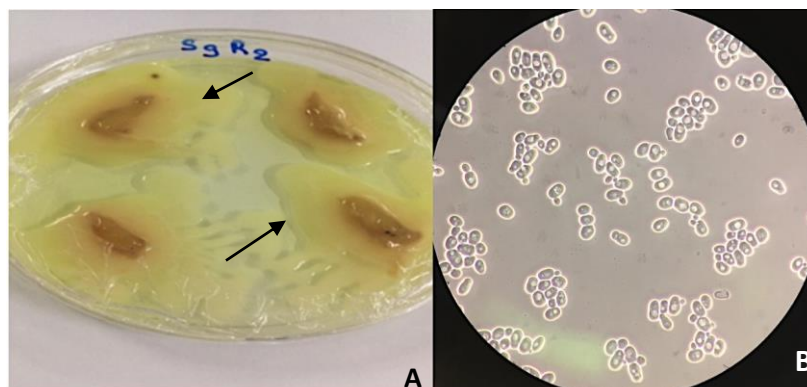


Figure 33: observation macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Saccharomyces* (sujet 9R2) ($\times 100$).

1.3.6. *Trichophyton*

Ce champignon porte de très nombreuses microconidies de forme sphérique, réunies en amas ou en grappes et qui sont disposées partout sur les hyphes (Figure 34). Ces amas sont à l'origine de l'aspect granuleux ou sableux de la surface des cultures (Delorme et Robert, 1997).

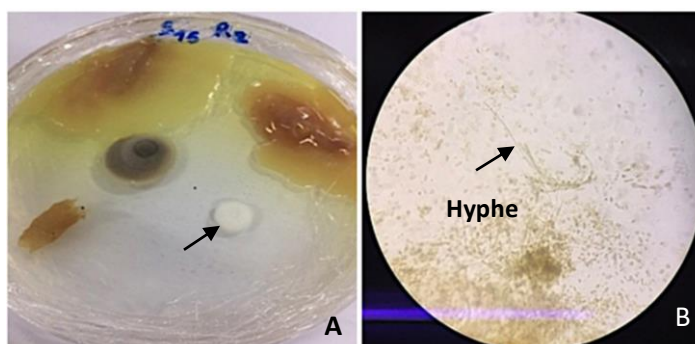


Figure 34 : observation macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Trichophyton* (sujet 15R2) ($\times 100$).

1.3.7. *Cladosporium*

Les colonies apparaissent de couleur vert foncé, revers blanc, petites conidies en chaînes globulaires, elliptiques ou fusiformes et lisses (Figure 35) (Botton et *al.*, 1990).

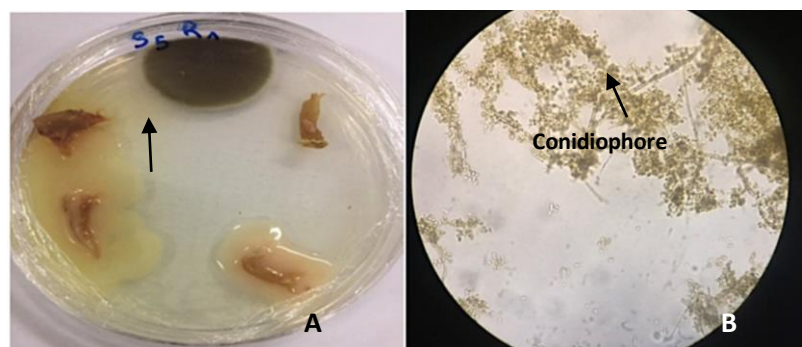


Figure 35 : observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Cladosporium* (sujet 5R1) ($\times 100$).

1.3.8. *Neoscytalidium*

Les hyphes sont ramifiés et septés, sans conidiophores. Les arthroconidies se développent et ont une à deux cellules. Les hyphes sont larges (6 à 10 μm) et les arthroconidies sont brunes (Figure 36) (Botton et *al.*, 1990).

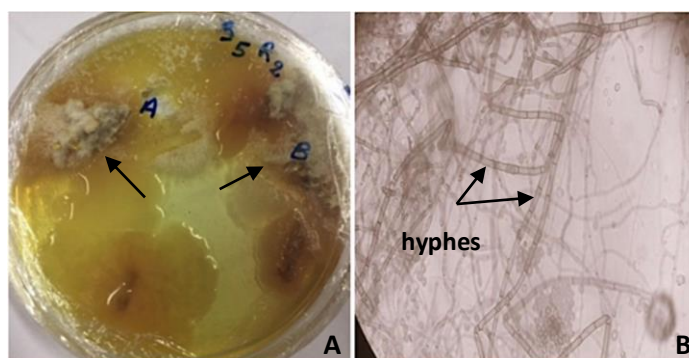


Figure 36 : observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Neoscytalidium* (sujet 5R2) ($\times 400$).

1.3.9. *Rhizoctonia*

Ce genre de champignon est anamorphe, avec mycélium très ramifié (Figure 37) (Botton et al., 1990).

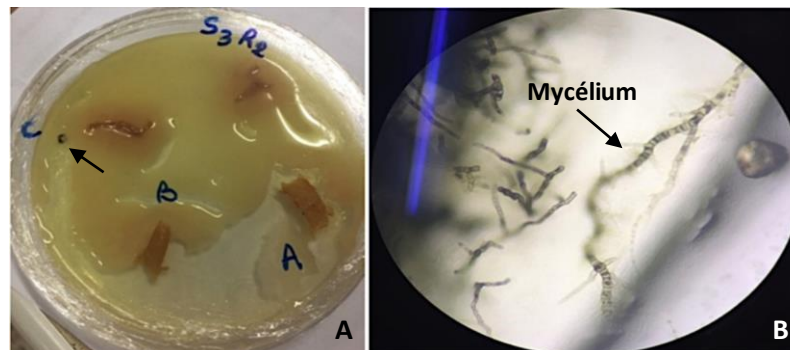


Figure 37: observations macroscopique (A) et microscopique (B) du genre *Rhizoctonia* (sujet 3R2) ($\times 400$).

1.4. Abondance des genres fongiques

Le tableau 3 met en évidence l'abondance de chaque genre fongique retrouvé dans la chair de *Sardinella aurita*.

Tableau 3. Abondance des champignons recensés au niveau de la chair de *Sardinella aurita* avant congélation.

Genre fongique	Abondance (%) \pm Erreur standard
<i>Aspergillus</i>	6 \pm 0,30
<i>Candida</i>	6 \pm 0,55
<i>Geotrichella</i>	2 \pm 0,28
<i>Penicillium</i>	12 \pm 1,62
<i>Rhizopus</i>	2 \pm 0,57
<i>Saccharomyces</i>	44 \pm 1,41
<i>Trichophyton</i>	2 \pm 0,14
SNI	2 \pm 1,13

Nos résultats montrent une forte domination du genre *Saccharomyces*, avec un pourcentage de **44%**, suivi du genre *Penicillium* avec **12%**, puis viennent *Aspergillus* et *Candida* avec une abondance de **6%** chacun, enfin les genres *Geotrichella*, *Rhizopus*, *Trichophyton* et SNI, avec seulement **2%** chacun.

Les résultats du tableau 4 montrent que le genre le plus abondant après congélation des sardinelles est toujours *Saccharomyces*, avec un pourcentage de **50%**, suivi des genres *Candida* et *Cladosporium* avec **10%** chacun, puis viennent les genres *Neoscytalidium*, *Rhizoctonia* et *Trichophyton*, avec **4%** et enfin nous avons le genre *Monilia* et SNI, avec seulement **2%** chacun.

Tableau 4. Abondance des champignons recensés au niveau de la chair de *Sardinella aurita* après congélation.

Genre fongique	Abondance (%)± Erreur standard
<i>Candida</i>	10±1,26
<i>Cladosporium</i>	10±0,17
<i>Monilia</i>	2±0,28
<i>Neoscytalidium</i>	4±0,28
<i>Rhizoctonia</i>	4±0,17
<i>Saccharomyces</i>	50±1,80
<i>Trichophyton</i>	4±0,35
SNI	2±0,57

1.5. Analyse de variance (ANOVA)

Afin de vérifier si les sardinelles présentent une quelconque différence significative concernant les abondances des genres fongiques, nous avons effectué un test statistique du type ANOVA (analyse de variance) pour chaque genre fongique, en utilisant comme seuil significatif $\alpha=0.05$ (Tableau 5).

Tableau 5. Analyse de variance appliquée aux genres fongiques recensés sur *Sardinella aurita* avant congélation.

Genres fongiques	P	Signification
<i>Aspergillus</i>	0,70 > 0,05	Non significatif
<i>Candida</i>	0,22 > 0,05	Non significatif
<i>Geotrichella</i>	0,43 > 0,05	Non significatif
<i>Penicillium</i>	0,14 > 0,05	Non significatif
<i>Rhizopus</i>	0,43 > 0,05	Non significatif
<i>Saccharomyces</i>	0,66 > 0,05	Non significatif
<i>Trichophyton</i>	0,43 > 0,05	Non significatif
SNI	0,43 > 0,05	Non significatif

Selon le tableau ci-dessus, nous pouvons constater qu'il n'y a aucune différence significative entre les abondances des différents microbiotes fongiques, retrouvés au niveau des sardinelles échantillonnées et mises en culture avant congélation.

Selon le tableau 6, nous pouvons constater aussi qu'il n'y a aucune différence significative entre les abondances des différents microbiotes fongiques, retrouvés au niveau des sardinelles échantillonnées et mise en culture après un mois de congélation.

Tableau 6. Analyse de variance appliquée aux genres fongiques recensés sur *Sardinella aurita* après congélation.

Genres fongiques	P	Signification
<i>Candida</i>	0,32 > 0,05	Non significatif
<i>Cladosporium</i>	0,98 > 0,05	Non significatif
<i>Monilia</i>	0,43 > 0,05	Non significatif
<i>Neoscytalidium</i>	0,54 > 0,05	Non significatif
<i>Rhizoctonia</i>	0,57 > 0,05	Non significatif
<i>Saccharomyces</i>	0,14 > 0,05	Non significatif
<i>Trichophyton</i>	0,57 > 0,05	Non significatif
SNI	0,43 > 0,05	Non significatif

Nous avons également effectué un test statistique du type ANOVA sur les sardinelles des deux expérimentations. Ce dernier n'a révélé aucune différence significative entre la majorité des genres identifiés au niveau de la chair de *Sardinella aurita*, exceptée une différence significative ($P=0,03$) qui concerne le genre *Penicillium* (Tableau 7). Cela suggère que la majorité des genres identifiés sont distribués de manière égale au niveau de tous les sujets et qu'il n'y a eu aucun stimulus particulier de la congélation, qui influence la distribution de ces genres fongiques. Par contre, le genre *Penicillium* a montré une différence de distribution ; cela peut s'expliquer par l'effet de la température, qui a pu provoquer cette différence.

Tableau 7. Analyse de variance globale appliquée à tous les genres fongiques recensés sur *Sardinella aurita* avant et après congélation.

Genres fongiques	P	Signification
<i>Aspergillus</i>	0,62 > 0,05	Non significatif
<i>Candida</i>	0,19 > 0,05	Non significatif
<i>Geotrichella</i>	0,46 > 0,05	Non significatif
<i>Penicillium</i>	0,03 < 0,05	Significatif
<i>Rhizopus</i>	0,46 > 0,05	Non significatif
<i>Saccharomyces</i>	0,50 > 0,05	Non significatif
<i>Trichophyton</i>	0,62 > 0,05	Non significatif
<i>Cladosporium</i>	0,79 > 0,05	Non significatif
<i>Monilia</i>	0,46 > 0,05	Non significatif
<i>Neoscytalidium</i>	0,53 > 0,05	Non significatif
<i>Rhizoctonia</i>	0,54 > 0,05	Non significatif
SNI	0,53 > 0,05	Non significatif

1.6. Analyse en composantes principales (ACP)

1.6.1. Lots de sardinelles non congelés

La matrice de corrélation nous permet de détecter les nombreuses interactions entre les nombreux genres fongiques recensés, au niveau des sardinelles n'ayant pas subi de congélation et selon que la valeur soit négative ou positive, nous pouvons déterminer quelle est la nature de la relation entre ces derniers.

Le tableau 8 montre une corrélation positive entre quelques genres fongiques. C'est le cas de *Penicillium*, qui possède une corrélation avec le genre *Trichophyton* pour une valeur de 0,69, ainsi que le genre *Candida*, qui possède une corrélation positive avec le genre *Aspergillus* pour une valeur de 0,67. D'autre part, une interaction négative entre le genre *Penicillium* et le genre *Saccharomyces* a été enregistrée, avec une valeur assez élevée de 0,90.

Tableau 8. Interactions significatives entre les genres fongiques répertoriés avant congélation.

Genres fongiques	Valeurs de la corrélation
<i>Penicillium</i> – <i>Saccharomyces</i>	-0,90
<i>Penicillium</i> – <i>Trichophyton</i>	0,69
<i>Candida</i> - <i>Aspergillus</i>	0,67

Le plan 1-2 de l'ACP explique 69% du phénomène, avec 42% pour l'axe 1 et pour l'axe 2, 26% de la totalité de l'inertie (Figure 38).

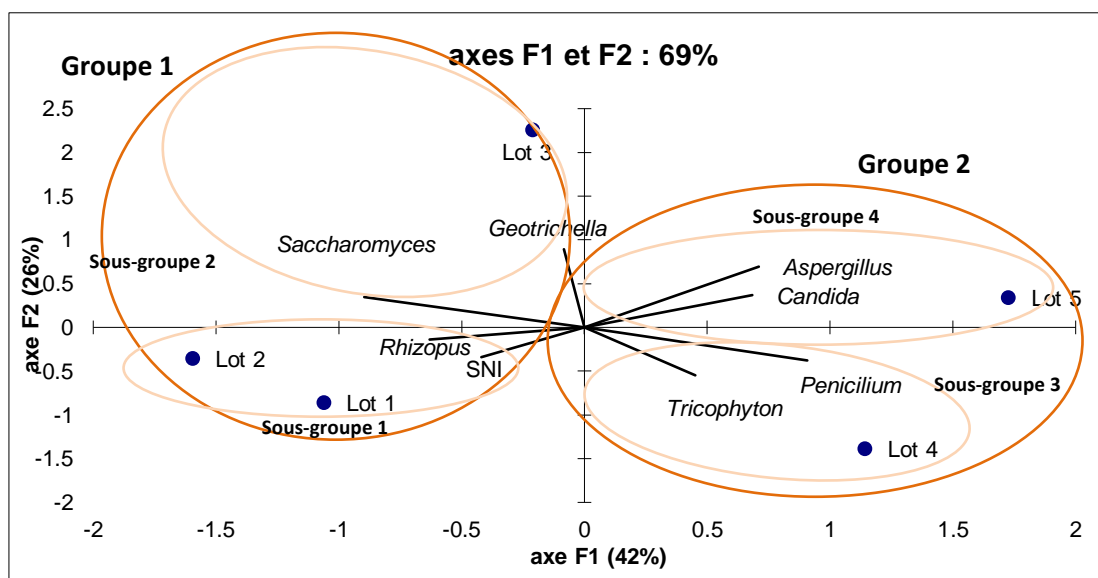


Figure 38 : analyse en composantes principales des lots de sardinelles non congelés.

Selon le plan 1/2, nous pouvons séparer les lots considérés en deux grands groupes, selon l'axe 1. Le premier comporte les lots 1, 2 et 3. Ce groupe comprend les genres *Geotrichella*, *Rhizopus* et *Saccharomyces*, ainsi que les souches non identifiées (SNI). Le second groupe comprend les lots 4 et 5. Nous y retrouvons les genres les moins abondants, tels que *Aspergillus*, *Candida*, *Penicillium* et *Trichophyton*.

Les deux groupes peuvent être divisés en quatre sous-groupes, selon l'axe 2. Le premier contient les lots 1 et 2, avec le genre *Rhizopus* et les souches non identifiées (SNI). Le deuxième comprend le lot 3, avec les genres *Geotrichella* et *Saccharomyces*. Le troisième contient le lot 4, avec les genres *Aspergillus* et *Candida*. Enfin, le quatrième sous-groupe comprend le lot 5 avec les genres *Penicillium* et *Trichophyton*.

1.6.2. Lots de sardinelles congelés

La matrice de corrélation nous permet de détecter les nombreuses interactions entre les genres fongiques recensés après congélation des sardinelles et selon que la valeur soit négative ou positive, nous pouvons déterminer quelle est la nature de la relation entre ces derniers.

Selon le tableau 9, nous pouvons constater un grand nombre de genres fongiques ayant une corrélation négative entre eux. C'est le cas de *Candida* qui possède une corrélation négative élevée avec le genre *Saccharomyces* pour une valeur de -0,92. Nous avons aussi le genre *Saccharomyces* qui possède une corrélation avec les genres *Neoscytalidium*, avec une valeur de -0,80, ainsi que SNI avec la valeur de -0,83 ; en ce qui concerne le genre *Neoscytalidium*, il possède une corrélation positive avec SNI d'une valeur de 0,88.

Tableau 9. Interactions significatives entre les genres fongiques répertoriés après congélation.

Genres fongiques	Valeurs de la corrélation
<i>Candida</i> – <i>Saccharomyces</i>	-0,92
<i>Saccharomyces</i> - SNI	-0,83
<i>Saccharomyces</i> - <i>Neoscytalidium</i>	-0,80
<i>Neoscytalidium</i> - SNI	0,88

Le plan 1-2 de l'ACP explique 76% du phénomène, avec 46% pour l'axe 1 et pour l'axe 2 29% de la totalité de l'inertie (Figure 39).

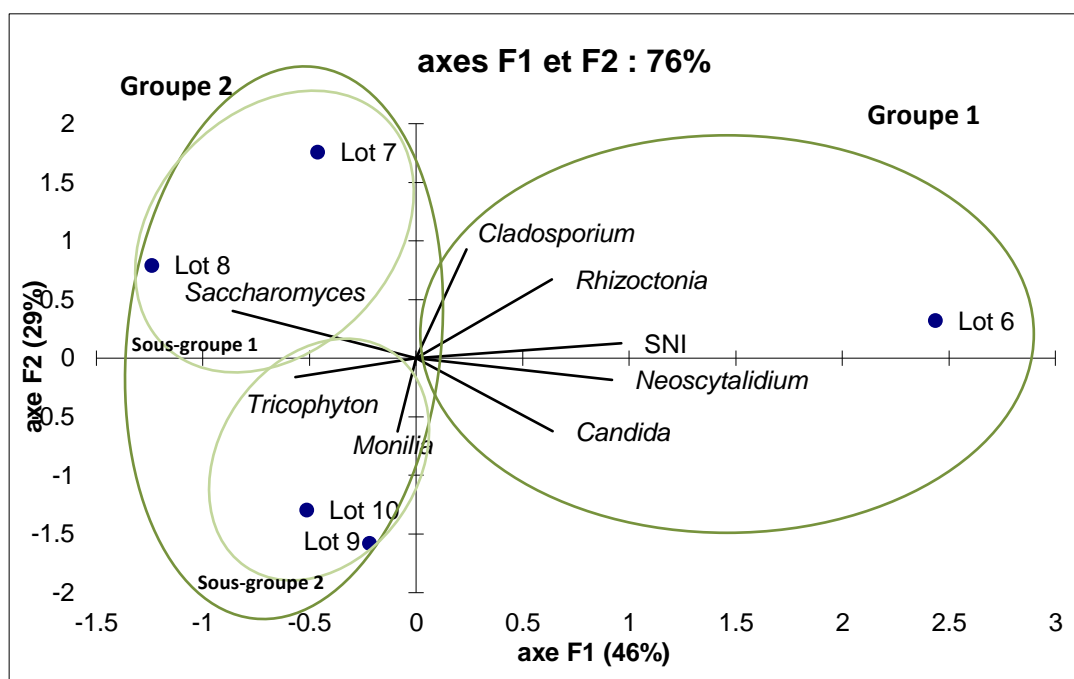


Figure39: analyse en composantes principales des lots de sardinelles congelés.

Nous pouvons séparer les lots considérés en deux grands groupes, selon l'axe 1. Le premier comprend uniquement le lot 6. Nous y retrouvons les genres *Cladosporium*, *Rhizoctonia*, *Neoscytalidium*, ainsi que les souches non identifiées (SNI). Le second groupe comporte les lots 7, 8, 9 et 10. Il y a lieu de noter la présence au niveau de ce groupe des genres *Monilia*, *Saccharomyces* et *Trichophyton*.

Le second groupe peut être divisé en deux sous-groupes, selon l'axe 2. Le premier contient les lots 7 et 8, avec le genre le plus abondant : *Saccharomyces*. Le deuxième comprend les lots 9 et 10, avec les genres *Monilia* et *Trichophyton*.

1.6.3. Analyse en composantes principales pour l'ensemble des lots échantillonnés

Les interactions significatives au sein de la matrice de corrélation globale des deux lots avant et après congélation sont synthétisées dans le tableau 10.

Tableau 10. Interactions significatives entre les genres fongiques répertoriés pour les deux lots échantillonnés.

Genres fongiques	Valeurs de la corrélation
<i>Candida</i> – <i>Saccharomyces</i>	-0,72
<i>Aspergillus</i> - <i>Geotrichella</i>	0,66
<i>Cladosporium</i> - <i>Rhizoctonia</i>	0,69

D'après le tableau 10, nous pouvons constater une corrélation négative entre les genres *Candida* et *Saccharomyces*, pour une valeur de -0,72. D'autre part, nous avons aussi le genre *Aspergillus*, qui montre une corrélation positive avec le genre *Geotrichella* avec une valeur de 0,66, ainsi que le genre *Cladosporium* qui possède une corrélation positive avec le genre *Rhizoctonia*, avec une valeur de 0,69.

Le plan 1-2 de l'ACP globale explique 47% du phénomène, avec 28% pour l'axe 1 et pour l'axe 2 19% de la totalité de l'inertie (Figure 40).

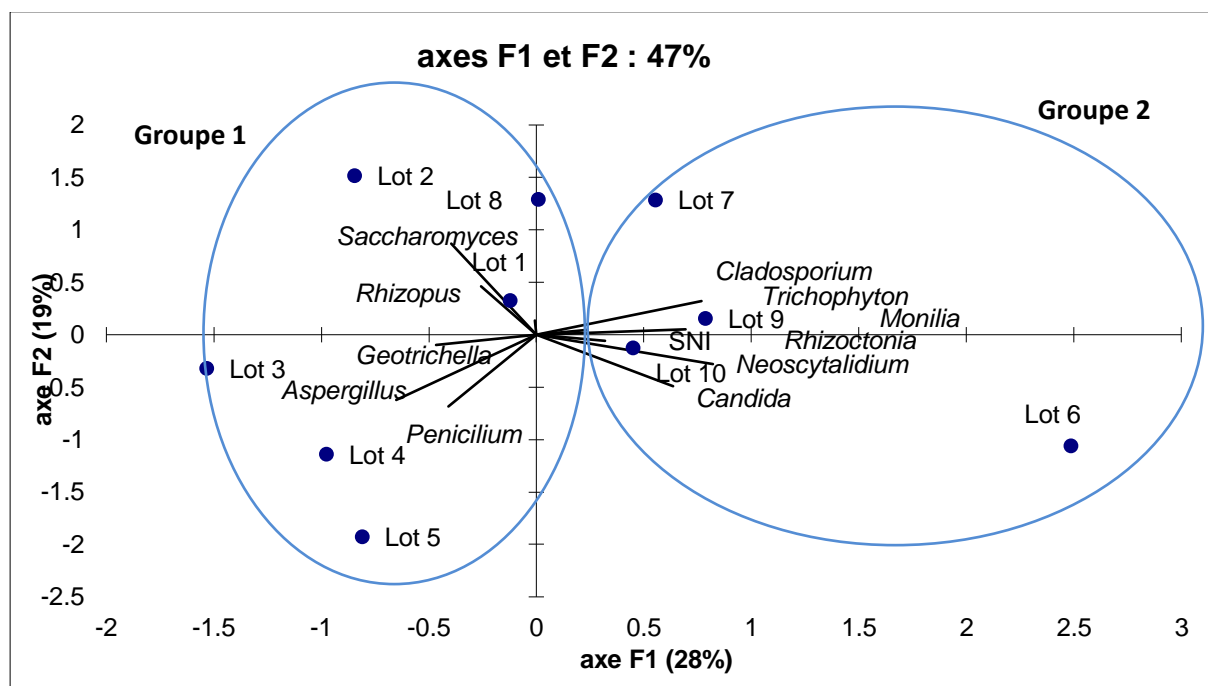


Figure 40 : ACP globale.

Selon le plan 1/2, nous pouvons séparer les lots considérés en deux grands groupes, selon l'axe 1. Le premier comprend les lots 1, 2, 3, 4, 5 et 8. Nous y retrouvons les genres *Aspergillus*, *Geotrichella*, *Rhizopus*, *Penicillium* et *Saccharomyces*. Le second groupe comporte les lots 6, 7, 9 et 10, avec la présence au niveau de ce groupe des genres *Cladosporium*, *Rhizoctonia*, *Neoscytalidium*, *Monilia*, *Trichophyton*, mais aussi les souches non identifiées (SNI).

2. Discussion

Ces résultats peuvent être confrontés à ceux de Bouarfa et Kareb (2022), qui ont travaillé sur la biodiversité des champignons de la chair de *Sardina pilchardus*. En observant leurs résultats, nous notons que la majorité des champignons recensés lors de leur étude appartient aux Ascomycota, de même pour les résultats obtenus lors de notre étude ; ce qui nous permet de déduire que ce phylum est le plus présent au niveau des microbiotes de ces deux espèces de poissons.

En ce qui concerne les genres fongiques recensés dans l'étude de Bouarfaet Kareb (2022), leurs résultats montrent une dominance du genre *Penicillium*, avec un pourcentage de 32,79%, suivi du genre *Candida* avec un pourcentage de 25,14%. Les résultats obtenus lors de cette étude menée sur la sardinelle montrent que le genre le plus dominant est *Saccharomyces*, avec un pourcentage qui s'élève à 44% pour les lots avant congélation et 50% pour les lots après congélation. Cherait (2014) souligne dans son travail que les espèces du genre *Saccharomyces* offrent l'intérêt d'être des microorganismes à développement rapide. En effet lors de l'incubation, nous avons pu noter une apparition de champignons seulement trois (3) jours après la mise en culture. En procédant à l'identification, nous avons pu confirmer qu'il s'agissait du genre *Saccharomyces*.

Par ailleurs, hormis le fait que *Saccharomyces* soit dominant quelque soit la situation, nous notons la présence de plusieurs autres genres au sein des lots avant et après congélation. Nous constatons une légère différence entre les résultats deux lots ; en effet après observation des champignons apparus au niveau du deuxième lot de sardinelle (après congélation), nous avons pu constater l'apparition de nouveaux genres qui au premier prélèvement était totalement absents. Parmi ces derniers, nous pouvons citer le genre *Cladosporium*. De plus, il y a lieu de noter une absence totale de certains genres présents au premier prélèvement (avant congélation), notamment *Penicillium* ou encore *Aspergillus*.

Matallah-Boutiba (2008) révèle dans son étude faite dans les eaux marines du littoral occidental algérien, qu'à 27°C le genre le plus représenté est *Penicillium*, tandis qu'à 12°C sa proportion diminue fortement laissant place à *Cladosporium*. De plus d'après Benmessaoud (2010), *Cladosporium* peut se développer à des températures inférieures à 0°C. Ce qui nous peut nous conduire à conclure que la congélation favorise l'apparition de certains genres de champignons, tel que *Cladosporium* tandis qu'elle diminue les probabilités d'apparition d'autres genres, tel que *Penicillium*.

Ce type d'étude suggère que les macroorganismes marins pourraient fournir un habitat pour des microorganismes vivant dans l'eau de mer. De plus, l'état physiologique de l'individu, ou encore sa localisation géographique peuvent influencer la composition du microbiome, entraînant ainsi une variabilité inter-individuelle. D'autres facteurs peuvent moduler la structure taxonomique du microbiote tout au long du cycle de vie, tels que l'alimentation de l'hôte (Turnbaugh et al., 2009; Sylvain et Derome, 2017), les facteurs immunitaires modulant les interactions hôte-microbe (Macpherson et al., 2009), mais aussi les interactions entre les microorganismes du microbiote (Gall, 1970), la saisonnalité (Gilbert et al., 2009), les interactions biotiques (Steele et al., 2011), le stade de développement (Bell et al., 1971; Hansen et Olafsen, 1999; Stephens et al., 2016; Sylvain et Derome, 2017), le stade de vie (Llewellyn et al., 2015) et la structure des organes (Stephens et al., 2016).

Une étude a même suggéré que les macro-organismes mobiles pourraient participer à la dispersion de ces micro-organismes, permettant d'expliquer leur grande répartition géographique (Troussellier et al., 2017). Le potentiel rôle de réservoir et de disperseur des macroorganismes pourrait ainsi permettre d'engendrer des phénomènes de *rescue effect*,

permettant d'expliquer la persistance et la répartition des microorganismes faiblement abondants dans l'eau de mer, car l'échange de microorganismes entre individus ou entre le milieu et un hôte peut donc modifier les densités ou la diversité microbienne chez l'un ou l'autre des partenaires d'échange. Le phénomène de *rescue effect* décrit ainsi une dynamique dans laquelle l'extinction d'une espèce dans une communauté locale est empêchée par les phénomènes d'immigration (Chiarello, 2017).

D'après Khudyakova et *al.* (2000), 98% des espèces fongiques trouvées dans le milieu marin sont représentées surtout par les genres *Penicillium* et *Aspergillus*. Leur répartition et fréquence restent plus constantes au niveau des sédiments, sur le plancton côtier et de haute mer, dans les Mollusques et les intestins de poissons (Brisou, 1975). Bien que la totalité du corps des poissons soit recouverte du mêtégument (Ángeles Esteban, 2012), les différentes parties du corps de ces animaux pourraient, tout comme chez l'Homme, présenter des conditions physico-chimiques contrastées. Ces différences pourraient être dues à (i) des variations de la composition ou de la quantité de nutriments présents à la surface de la peau ou dans le mucus des poissons téléostéens, (ii) une exposition variable à l'excrétion de nutriments (ammonium par les branchies, phosphates et urée par la papille urogénitale et l'anus) et/ou (iii) une exposition variable aux courants d'eau durant la nage (Chiarello, 2017). En effet au cours de cette étude, nous avons remarqué que non seulement les genres retrouvés au niveau du microbiote fongique étaient différents d'un sujet à un autre, nous avons pu constater aussi que pour un seul et même sujet, une différence dans la diversité des champignons présents a été notée de chaque côté de la sardinelle. Ce résultat est similaire à celui de Bouarfa et Kareb (2022) pour la sardine.

Les surfaces des animaux marins sont associées à des communautés microbiennes très diverses, dont ils jouent des rôles majeurs pour leur santé, notamment la protection contre les agents pathogènes (Wahl et *al.*, 2012 ; Bourne et *al.*, 2016). Le microbiote retrouvé dans le mucus cutané des poissons constitue la toute première ligne de défense contre les agents pathogènes opportunistes, présents dans l'environnement (Trivedi, 2012; Sugita et *al.*, 2002; Boutin et *al.*, 2013; Llewellyn et *al.*, 2017). Quant au microbiote retrouvé dans le tractus digestif, il joue d'importants rôles nutritionnels. La composition du microbiote intestinal peut affecter la quantité d'énergie extraite de l'alimentation et peut jouer d'importants rôles dans le métabolisme de substrats alimentaires (Xia et *al.*, 2014).

CONCLUSION

Notre étude a eu pour but la mise en évidence de microbiotes fongiques dans la chair de *Sardinella aurita*. Pour ce faire, nous avons réalisé notre étude en utilisant un échantillon de 50 sardinelles, pêchées dans la baie d'Alger au mois d'avril 2023, que nous avons divisé en deux lots de 25 sardinelles chacun. Celles du premier lot ont été nettoyées, puis vidées et mises dans des boîtes qui ont été congelées pendant plus d'un mois. Quant à l'autre lot après avoir nettoyé et vidé les poissons, nous avons préparé des filets qui ont subi une stérilisation superficielle et qui ont été mis en culture sur un milieu PDA. La même opération a été répétée pour le second lot, après la congélation.

Après une période d'incubation d'un mois, nous avons procédé à l'identification des colonies de champignons prélevées à partir des fragments de chair de sardinelles. À l'aide d'observations macroscopiques et microscopiques, nous avons pu établir un inventaire de 12 genres de champignons, à savoir : *Aspergillus* (6%), *Candida* (6% avant congélation) et (10% après congélation), *Geotrichella*(2%), *Penicillium* (12%), *Rhizopus*(2%), *Saccharomyces*, *Trichophyton* (2% avant congélation) (4% après congélation), *Cladosporium*(10%), *Monilia* (2%), *Neoscytalidium*(4%), *Rhizoctonia*(4%), ainsi que des souches non identifiées (2%). Nous avons noté la dominance du phylum des Ascomycota, mais aussi la dominance du genre *Saccharomyces*, que se soit avant congélation des poissons avec 44%, ou après congélation avec 50%.

Ces résultats ont fait l'objet d'une analyse statistique par un test d'analyse de variance (ANOVA). L'abondance des genres fongiques identifiés ne montre aucune différence significative entre les différents individus échantillonnés, avant ou après congélation.

L'analyse en composantes principales (ACP) pour les l'ensemble des lots de sardinelles échantillonnés nous a permis de mieux appréhender les interactions qui existent au sein des différents genres composant le microbiote fongique de l'espèce étudié.

Pour les sardinelles non congelées (AVC), nous avons séparé les lots considérés en deux grands groupes, selon l'axe 1. Le premier comporte les lots 1, 2 et 3. Ce groupe comprend les genres *Geotrichella*, *Rhizopus* et *Saccharomyces*, ainsi que les souches non identifiées (SNI). Le second groupe comprend les lots 4 et 5. Nous y retrouvons les genres les moins abondants, à savoir *Aspergillus*, *Candida*, *Penicillium* et *Trichophyton*. Les deux groupes peuvent être divisés en quatre sous-groupes, selon l'axe 2. Le premier contient les lots 1 et 2, avec le genre *Rhizopus* et les souches non identifiées (SNI). Le deuxième comprend le lot 3, avec les genres *Geotrichella* et *Saccharomyces*. Le troisième contient le lot 4, avec les genres *Aspergillus* et *Candida*. Enfin, le quatrième sous-groupe comprend le lot 5 avec les genres *Penicillium* et *Trichophyton*.

Pour les sardinelles congelées (APC), nous avons aussi séparé les lots considérés en deux groupes, selon l'axe F1. Le premier groupe comprend uniquement le lot 6. Nous y retrouvons les genres *Candida*, *Rhizoctonia*, *Neoscytalidium*, *Cladosporium*, mais aussi SNI. Le second groupe comporte les lots 7, 8, 9 et 10 et comprend les genres : *Monilia*, *Trichophyton*, ainsi que le genre le plus abondant : *Saccharomyces*. Selon l'axe F2, le second

groupe peut être divisé en deux sous-groupes. Le premier contient les lots 7 et 8, avec le genre *Saccharomyces* ; quant au deuxième, il comprend les lots 9 et 10, avec les genres *Monilia* et *Trichophyton*.

Pour l'ACP globale, nous avons aussi séparé les lots considérés en deux grands groupes, toujours selon l'axe 1. Le premier comprend les lots 1, 2, 3, 4, 5 et 8. C'est le groupe des sardinelles non congelées pour la plupart (sauf le lot 8). Nous y retrouvons les genres *Aspergillus*, *Geotrichella*, *Rhizopus*, *Penicillium* et *Saccharomyces*. Le second groupe comporte les lots 6, 7, 9 et 10, avec la présence au niveau de ce groupe des genres *Cladosporium*, *Rhizoctonia*, *Neoscytalidium*, *Monilia*, *Trichophyton*, mais aussi les souches non identifiées (SNI). C'est le groupe des sardinelles congelées.

À la lumière de ces résultats, il nous est possible de conclure que *Sardinellaaurita* est pourvue d'un microbiote fongique au niveau de sa chair.

Il serait intéressant de poursuivre cette étude en de plusieurs manières. Nous pouvons proposer :

1. une étude des variations saisonnières :

- effectuer des prélèvements de sardinelles à différentes saisons de l'année ;
- analyser la diversité fongique de la chair pour comprendre comment elle varie au fil des saisons ;

2. étude géographique

- prélever des échantillons de sardinelles dans différentes zones de la mer Méditerranée, pour déterminer si la biodiversité fongique varie en fonction de la localisation géographique ;
- comparer les résultats entre différentes zones pour identifier d'éventuelles variations régionales ;

3. explorer les différences selon l'âge :

- échantillonner des sardinelles de différents groupes d'âge ;
- examiner si la composition fongique de la chair varie en fonction de l'âge des poissons ;

4. étude comparative selon le sexe :

- analyser les échantillons de sardinelles mâles et femelles pour détecter les différences éventuelles.

Ces étapes et approches devraient permettre de mener une recherche complète sur la biodiversité des champignons dans la chair de la sardinelle et de contribuer à une meilleure compréhension de cet aspect de l'écosystème marin.

Références
Bibliographiques

- Alexander, E., Stock, A., Breiner, H.-W., Behnke, A., Bunge, J., Yakimov, M., & Stoeck, T. (2008).** Microbial eukaryotes in the hypersaline anoxic L'Atalante deep-sea basin. *Environmental microbiology*, 11, 360-381. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2008.01777>.
- Ángeles Esteban, M. (2012).** An Overview of the Immunological Defenses in Fish Skin. *International Scholarly Research Notices*, 2012, e853470. <https://doi.org/10.5402/2012/853470>.
- Apprill, A., Robbins, J., Eren, A. M., Pack, A. A., Reveillaud, J., Mattila, D., Moore, M., Niemeyer, M., Moore, K. M. T., & Mincer, T. J. (2014).** Humpback whale populations share a core skin bacterial community : Towards a health index for marine mammals? *PloS One*, 9(3), e90785. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0090785>
- Asiegbu, F., & Kovalchuk, A. (2021).** *Forest Microbiology (Volume 1) : TreeMicrobiome: Phyllosphere, Endosphere And Rhizosphere Key features • Addresses the microbiology of living organs of forest trees, including needles, leaves, stems, and roots • Highlights the potential impact of microbiota inhabiting forest trees on the health and fitness of, and disease progression in, forest biomes • Specifically focuses on the phyllosphere, endosphere, and rhizosphere forest microbiome.*
- Atanasova-Pancevska, N., & Kungulovski, D. (2018).** *Fermentative Activity Of Five Strain Of Neocallimastix Frontalis Cultivated On A Different Substrates.* Macedonian Journal of Animal Science, Vol. 8, No. 1, pp. 33–40.
- Balebona, M., Andreu, M., Bordas, M., Zorrilla, I., Morinigo, M., & Borrego, J. (1998).** Pathogenicity of *Vibrio alginolyticus* for Cultured Gilt-Head Sea Bream (*Sparus aurata* L.). *Applied and environmental microbiology*, 64, 4269-4275. <https://doi.org/10.1128/AEM.64.11.4269-4275>.
- Bates, J. M., Mittge, E., Kuhlman, J., Baden, K. N., Cheesman, S. E., & Guillemin, K. (2006).** Distinct signals from the microbiota promote different aspects of zebrafish gut differentiation. *Developmental Biology*, 297(2), 374-386. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2006.05.006>
- Belouahem, S. (s. d.).** *Estimation de la Biomasse Exploitable de la Sardinelle (Sardinella aurita Valenciennes, 1847) du golfe de Annaba.* Mémoire de Magistère, université BADJI MOKHTAR- Annaba.

- Berger, L., Speare, R., Daszak, P., Green, D. E., Cunningham, A. A., Goggin, C. L., Slocombe, R., Ragan, M. A., Hyatt, A. D., McDonald, K. R., Hines, H. B., Lips, K. R., Marantelli, G., & Parkes, H. (1998).** Chytridiomycosis causes amphibian mortality associated with population declines in the rain forests of Australia and Central America. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95(15), 9031-9036. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.15.9031>
- Berman, J. J. (2012).** Chapter 36—Ascomycota. In J. J. Berman (Éd.), *Taxonomic Guide to Infectious Diseases* (p. 199-208). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-415895-5.00036-2>
- Bouarfa, D., Kareb T. (2022).** Biodiversité des champignons de la chair de *Sardinapilchardus* pêchée au niveau de la baie d'Alger. Mémoire de Master, Spécialité Microbiologie appliquée, Université d'Alger 1.
- Bouaziz, A.(2007).** La sardinelle (*Sardinella aurita*, Valenciennes, 1847) des côtes algériennes, distribution, biologie et estimation des biomasses. Thèse de Doctorat d'Etat, U.S.T.HB., 135p.
- Boudih, S. (2011).** *Identification des moisissures et de leurs métabolites secondaires colonisant des supports papiers : Évaluation de la toxicité sur des cellules épithéliales respiratoires in vitro* [Phdthesis, Université Paris-Est]. <https://theses.hal.science/tel-00781807>
- Boutin, S., Bernatchez, L., Audet, C., & Derôme, N. (2013).** Network Analysis Highlights Complex Interactions between Pathogen, Host and Commensal Microbiota. *PLoS ONE*, 8(12), e84772. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0084772>
- Boutin, S., Sauvage, C., Bernatchez, L., Audet, C., & Derome, N. (2014).** Inter Individual Variations of the Fish Skin Microbiota: Host Genetics Basis of Mutualism? *PLOS ONE*, 9(7), e102649. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0102649>
- Bovio, E. (2019).** *Marine fungi from sponges: Biodiversity, chemodiversity and biotechnological applications* [Phdthesis, COMUE Université Côte d'Azur (2015 - 2019) ; Università degli studi (Turin, Italie)]. <https://theses.hal.science/tel-02514804>
- Brisou J.(1975).** Lamicrobiologie dumilieu marin: Leslevuresetleschampignons dumilieu marin. *F lammarion Médicales(collection del'institut Pasteur), Paris, 159-162, 271p.*

- Ceballos, G., Ehrlich, P., Barnosky, A., Garcia, A., Pringle, R., & Palmer, T. (2015).** Accelerated Modern Human-Induced Species Losses: Entering the Sixth Mass Extinction. *Science Advances*, *1*, e1400253. <https://doi.org/10.1126/sciadv.1400253>
- Chiarello, M. (2017).** *Biodiversité du microbiome cutané des organismes marins : Variabilité, déterminants et importance dans l'écosystème*. Microbiologie et Parasitologie. Université Montpellier. Français. ffNNT : 2017MONTT092ff. fftel-01693132f
- Chikhi, L. (1995).** *Differenciation genetique chez sardinolla aurita et s. Maderensis allozymes et adn mitochondrial* [These de doctorat, Paris 6]. <https://www.theses.fr/1995PA066288>
- Crous, P. W., Slippers, B., Wingfield, M. J., Rheeder, J., Marasas, W. F. O., Philips, A. J. L., Alves, A., Burgess, T., Barber, P., & Groenewald, J. Z. (2006).** Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Studies in Mycology*, *55*, 235-253. <https://doi.org/10.3114/sim.55.1.235>
- Cury, P., & Fontana, A. (1988).** Compétition et stratégies démographiques comparées de deux espèces de sardinelles (*Sardinella aurita* et *Sardinella maderensis*) des côtes ouest-africaines. *Aquatic Living Resources*, *1*, 165-180. <https://doi.org/10.1051/alr:1988018>
- Dahel, A. T. (s. d.).** *Biologie halieutique et exploitation de deux clupéidés, la sardine *Sardina pilchardus* (Walbaum, 1792) et la sardinelle *Sardinella aurita* (Valenciennes, 1847) des côtes Est algériennes*. Mémoire de Magistère, université BADJI-MOKHTAR-Annaba.
- Damare, S., Nagarajan, M., & Raghukumar, C. (2008).** Spore germination of fungi belonging to *Aspergillus* species under deep-sea conditions. *Deep Sea Research Part I Oceanographic Research Papers*, *55*. <https://doi.org/10.1016/j.dsr.2008.02.004>
- Descals, E., Kohlmeyer, B., Kohlmeyer, J., Marvanová, L., Padgett, D., Porter, D., Raja, H., Schmit, J., Thorton, H., & Voglmayr, H. (2007).** Fungal biodiversity in aquatic habitats. *Biodiversity and Conservation*, *16*, 49-67. <https://doi.org/10.1007/s10531-006-9120-z>

- Diatta, Y., & Badji, L. B. (2016).** *Étude du régime alimentaire de *Sardinella aurita* (Valenciennes, 1847) et de *S. maderensis* (Lowe, 1841) de la côte occidentale de l'Afrique.* 43.
- Diwan, A. D., Harke, S. N., Gopalkrishna, & Panche, A. N. (2022).** Aquaculture industry prospective from gut microbiome of fish and shellfish: An overview. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*, 106(2), 441-469. <https://doi.org/10.1111/jpn.13619>
- Djabali, F., Mechailia, A., Koudil, M., & Brahmi, B. (1994).** A reassessment of equations for predicting natural mortality in Mediterranean telosts. *Naga*, 17(1), 33-34.
- Dolatabadi, S. (2015).** *Mucorales between food and infection.* *Biologie fongique*, 120(3): 393-401. DOI : [10.1016/j.funbio.2015.12.001](https://doi.org/10.1016/j.funbio.2015.12.001)
- Donk, E., & Ringelberg, J. (2006).** The effect of fungal parasitism on the succession of diatoms in Lake Maarsseveen I (The Netherlands). *Freshwater Biology*, 13, 241-251. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.1983.tb00674.x>
- Durand, M.-H., Cury, P., Mendelssohn, R., Roy, C., Bakun, A., & Pauly, D. (1998).** *Global versus Local Changes in Upwelling Systems.* Editions de l'Orstom. 608p.
- Erard, C. (2014).** Lecointre, G. & Le Guyader, H. —Classification phylogénétique du vivant. Belin, Paris. Tome 1, 3e édition revue et augmentée, 2009. *Revue d'Écologie (La Terre et La Vie)*, 69(1), 84-84.
- Fons, F., Morel, S., & Rapior, S. (2018).** *L'importance des champignons pour l'Homme : Intérêts, dangers et perspectives. The importance of mushrooms for humans: interests, risks and perspectives.* 157, 31-51.
- Fortin, G. (2016).** Baside 101. *Le blogue Mycoquébec.* <http://blog.mycoquebec.org/blog/baside-101/>
- Funkhouser-Jones, L., & Bordenstein, S. (2013).** Mom Knows Best : The Universality of Maternal Microbial Transmission. *PLoS biology*, 11, e1001631. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001631>

- Gall, L. S. (1970).** Significance of microbial interactions in control of microbial ecosystems. *Biotechnology and Bioengineering*, 12(3), 333-340. <https://doi.org/10.1002/bit.260120302>
- Gilbert, J. A., Field, D., Swift, P., Newbold, L., Oliver, A., Smyth, T., Somerfield, P. J., Huse, S., & Joint, I. (2009).** The seasonal structure of microbial communities in the Western English Channel. *Environmental Microbiology*, 11(12), 3132-3139. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2009.02017.x>
- Glasl, B., Herndl, G., & Frade, P. (2016).** The microbiome of coral surface mucus has a key role in mediating holobiont health and survival upon disturbance. *The ISME Journal*, 10. <https://doi.org/10.1038/ismej.2016.9>
- Goh, T. K., & Hyde, K. D. (1996).** Biodiversity of freshwater fungi. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, 17(5-6), 328-345. <https://doi.org/10.1007/BF01574764>
- Gómez, G., & Balcazar, J. (2008).** A review on the interactions between gut microbiota and innate immunity of fish. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*, 52, 145-154. <https://doi.org/10.1111/j.1574-695X.2007.00343.x>
- Gómez, S., Fernández, F. J., & Vega, M. C. (2016).** Chapter 4—Heterologous Expression of Proteins in *Aspergillus*. In V. K. Gupta (Éd.), *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering* (p. 55-68). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-63505-1.00004-X>
- Gons, H., Ebert, J., Hoogveld, H., Hove, L., Pel, R., Takkenberg, W., & Woldringh, C. (2002).** Observations on cyanobacterial population collapse in eutrophic lake water. *Antonie van Leeuwenhoek*, 81, 319-326. <https://doi.org/10.1023/A:1020595408169>
- Gould, A. B. (2009).** Fungi: Plant Pathogenic. In M. Schaechter (Éd.), *Encyclopedia of Microbiology (Third Edition)* (p. 457-477). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-012373944-5.00347-3>

- Hadj Ali, S., & Flih, M. A. (2017).** *Contribution a l'étude de quelques paramètres de la reproduction (RGS, RHS et la sex-ratio) chez la Sardinella aurita (Valenciennes, 1847) pêchée dans la baie de Mostaganem.* <http://e-biblio.univ-mosta.dz/handle/123456789/3104>
- Halbwachs, H., Harper, C., & Krings, M. (2021).** Fossil Ascomycota and Basidiomycota, With Notes on Fossil Lichens and Nematophytes. In *Reference Module in Life Sciences*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819990-9.00048-2>
- Hansen, G. H., & Olafsen, J. A. (1999).** Bacterial Interactions in Early Life Stages of Marine Cold Water Fish. *Microbial Ecology*, 38(1), 1-26. <https://doi.org/10.1007/s002489900158>
- Hawksworth, D. (2001).** The magnitude of fungal diversity : The 1.5 million species estimate revisited * * Paper presented at the Asian Mycological Congress 2000 (AMC 2000), incorporating the 2nd Asia-Pacific Mycological Congress on Biodiversity and Biotechnology, and held at the University of Hong Kong on 9-13 July 2000. *Mycological Research*, 105, 1422-1432. <https://doi.org/10.1017/S0953756201004725>
- Hawksworth, D. (2004).** Fungal diversity and its implications for genetic resource collections. *Stud. Mycol.*, 50.
- Helander, M., Sieber, T., Petrini, O., & Neuvonen, S. (1994).** Endophytic fungi in Scots pine needles : Spatial variation and consequences of simulated acid rain. *Canadian Journal of Botany*, 72, 1108-1113. <https://doi.org/10.1139/b94-135>
- Hentschel, U., Piel, J., Degnan, S., & Taylor, M. (2012).** Genomic insights into the marine sponge microbiome. *Nature reviews. Microbiology*, 10, 641-654. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2839>
- Holmes, E., Li, J. V., Marchesi, J. R., & Nicholson, J. K. (2012).** Gut microbiota composition and activity in relation to host metabolic phenotype and disease risk. *Cell Metabolism*, 16(5), 559-564. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2012.10.007>
- Hughes, D. P., Andersen, S. B., Hywel-Jones, N. L., Himaman, W., Billen, J., & Boomsma, J. J. (2011).** Behavioral mechanisms and morphological symptoms of zombie ants dying from fungal infection. *BMC Ecology*, 11, 13. <https://doi.org/10.1186/1472-6785-11-13>

- Hyde, K. D., Jones, E. B. G., Leño, E., Pointing, S. B., Poonyth, A. D., & Vrijmoed, L. L. P. (1998). Role of fungi in marine ecosystems. *Biodiversity & Conservation*, 7(9), 1147-1161. <https://doi.org/10.1023/A:1008823515157>
- Iebba, V., Totino, V., Gagliardi, A., Santangelo, F., Cacciotti, F., Trancassini, M., Mancini, C., Cicerone, C., Corazziari, E., Pantanella, F., & Schippa, S. (2016). Eubiosis and Dysbiosis : The Two Sides of the Microbiota. *The new microbiologica*, 39, 1-12.
- James, T. Y., Kauff, F., Schoch, C. L., Matheny, P. B., Hofstetter, V., Cox, C. J., Celio, G., Gueidan, C., Fraker, E., Miadlikowska, J., Lumbsch, H. T., Rauhut, A., Reeb, V., Arnold, A. E., Amtoft, A., Stajich, J. E., Hosaka, K., Sung, G.-H., Johnson, D., ... Vilgalys, R. (2006). Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. *Nature*, 443(7113), 818-822. <https://doi.org/10.1038/nature05110>
- Jobard-Portas, M. J. (2010). *Diversité phylogénétique et fonctionnelle des Eumycètes dans les écosystèmes pélagiques* [Phdthesis, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II]. <https://theses.hal.science/tel-00769938>
- Jones, E., Suetrong, S., Sakayaroj, J., Bahkali, A., Abdel-Wahab, M., Boekhout, T., & Pang, K.-L. (2015). Classification of marine Ascomycota, Basidiomycota, Blastocladiomycota and Chytridiomycota. *Fungal Diversity*, 73, 1-72. <https://doi.org/10.1007/s13225-015-0339-4>
- Kelly, C., & Salinas, I. (2017). Under Pressure : Interactions between Commensal Microbiota and the Teleost Immune System. *Frontiers in Immunology*, 8, 559. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2017.00559>
- KHUDYAKOVAY.V.,PIVKINM.V.,KUZNETSOVAT.A.,SVETASHEVV.I.(2000). Fungi in sediments of the sea of Japan and their biologically active metabolites. *Microbiology*,69 (5), 722-726.
- Kirk, P., Cannon, P., Stalpers, J., & Minter, D. W. (2008). Dictionary of the Fungi.10th ed. CABI Publishing. Great Britain.
- Koch, H., & Schmid-Hempel, P. (2011). Socially transmitted gut microbiota protect bumble bees against an intestinal parasite. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(48), 19288- 19292. <https://doi.org/10.1073/pnas.1110474108>

- Krediet, C., Ritchie, K., Paul, V., & Teplitski, M. (2013).** Coral-associated microorganisms and their roles in promoting coral health and thwarting diseases. *Proceedings. Biological sciences / The Royal Society*, 280, 20122328. <https://doi.org/10.1098/rspb.2012.2328>
- Kumar, G., Singh, A., Pandey, S., Singh, J., Chauhan, S., & Srivastava, M. (2020).** Morphomolecular Identification of Trichoderma sp. And their Mycoparasitic Activity Against Soil Borne Pathogens. *International Journal of Bio-resource and Stress Management*, 11, 613-627. <https://doi.org/10.23910/1.2020.2131>
- Kurtzman, C., Fell, J., Boekhout, T., & Robert, V. (2011).** Methods for Isolation, Phenotypic Characterization and Maintenance of Yeasts. In *Yeasts, a Taxon study* (Vol. 7, p. 87-110). <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-52149-1.00007-0>
- Larsen, A., Tao, Z., Bullard, S. A., & Arias, C. R. (2013).** Diversity of the skin microbiota of fishes : Evidence for host species specificity. *FEMS Microbiology Ecology*, 85(3), 483-494. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12136>
- Lecellier, A. (2013).** *Détection, caractérisation et identification des moisissures par spectroscopie vibrationnelle infrarouge et Raman. : Fungi detection, caracterisation and identification by infrared and raman spectroscopy [Reims].* <http://oatd.org/oatd/record?record=star-france%5C%3A2013REIMS023>
- Lederberg, J., & McCray, A. T. (s. d.).** 'Ome Sweet 'Omics—A Genealogical Treasury of Words. *Scientist*. 15(7):8.
- Lefevre, E., Roussel, B., Amblard, C., & Sime-Ngando, T. (2008).** The Molecular Diversity of Freshwater Picoeukaryotes Reveals High Occurrence of Putative Parasitoids in the Plankton. *PloS one*, 3, e2324. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002324>
- Legrand, T. P. R. A., Wynne, J. W., Weyrich, L. S., & Oxley, A. P. A. (2020).** A microbial sea of possibilities : Current knowledge and prospects for an improved understanding of the fish microbiome. *Reviews in Aquaculture*, 12(2), 1101-1134. <https://doi.org/10.1111/raq.12375>
- Leibold, M., Holyoak, M., Mouquet, N., Amarasekare, P., Chase, J., Hoopes, M., Holt, R., Shurin, J., Law, R., Tilman, D., Loreau, M., & Gonzalez, A. (2004).** The Metacommunity Concept : A Framework for Multi-Scale Community Ecology. *Ecology Letters*, 7, 601-613. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2004.00608.x>

- Liberra, K., & Lindequist, U. (1995).** Marine fungi—A prolific resource of biologically active natural products? *Die Pharmazie*, *50*(9), 583-588.
- Lipnicki, L. (2015).** The role of symbiosis in the transition of some eukaryotes from aquatic to terrestrial environments. *Symbiosis*, *65*, 39-53. <https://doi.org/10.1007/s13199-015-0321-7>
- Llewellyn, M., Leadbeater, S., Garcia, C., Sylvain, F.-É., Custodio, M., Ang, K., Powell, F., Carvalho, G., Creer, S., Elliot, J., & Derome, N. (2017).** Parasitism perturbs the mucosal microbiome of Atlantic Salmon. *Scientific Reports*, *7*, 43465. <https://doi.org/10.1038/srep43465>
- Llewellyn, M. S., Boutin, S., Hoseinifar, S. H., & Derome, N. (2014).** Teleost microbiomes: The state of the art in their characterization, manipulation and importance in aquaculture and fisheries. *Frontiers in Microbiology*, *5*, 207. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00207>
- Longcore, J., Pessier, A., & Nichols, D. (1999).** Batrachochytrium Dendrobatidis gen. Et sp. Nov., a Chytrid Pathogenic to Amphibians. *Mycologia*, *91*, 219. <https://doi.org/10.2307/3761366>
- Longhurst, A. R., & Pauly, D. (1987).** *Ecology of tropical oceans*. Academic Press.
- Lowrey, L., Woodhams, D., Tacchi, L., & Salinas, I. (2015).** Topographical Mapping of the Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Microbiome Reveals a Diverse Bacterial Community with Antifungal Properties in the Skin. *Applied and environmental microbiology*. <https://doi.org/10.1128/AEM.01826-15>
- Lumsch, H. T. (2015).** Fossil fungi. *The Bryologist*, *118*(3), 354-355. <https://doi.org/10.1639/bryo-118-03-05.1>
- Macpherson, A. J., Slack, E., Geuking, M. B., & McCoy, K. D. (2009).** The mucosal firewalls against commensal intestinal microbes. *Seminars in Immunopathology*, *31*(2), 145-149. <https://doi.org/10.1007/s00281-009-0174-3>

- Mainguy, P., & Doutre, M. (1958).** Variations annuelles de la teneur en matières grasses de trois clupéides du Sénégal (*Ethmalosa fimbriata* BOWDICH, *sardinella* EBA C.V., *sardinella aurita* C. V.). *Revue des Travaux de l'Institut des Pêches Maritimes*, 22(3), 303-321.
- Marchesi, J., Adams, D., Fava, F., Hermes, G., Hirschfield, G., Hold, G., Quraishi, M. N., Kinross, J., Smidt, H., Tuohy, K., Thomas, L., Zoetendal, E., & Hart, A. (2015).** The gut microbiota and host health: A new clinical frontier. *Gut*, 65. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2015-309990>
- Matallah-Boutiba, A. (2008).** Inventaire des espèces fongiques des eaux marines du littoral occidental. Algérien. *Larhyss Journal*, ISSN 1112-3680, 93-102.
- Matallah-Boutiba, A., Amiard, J.-C., & Zitouni, B. (2008).** Inventaire des espèces fongiques des eaux marines du littoral occidental algérien. *Larhyss Journal*, 7, 93-102.
- Mbaye, B. C. (2015).** *Etude de l'impact de l'environnement biophysique sur les premiers stades de vie de Sardinella aurita dans le système d'upwelling sénégal-mauritanien : Modélisation saisonnière et interannuelle* [Phdthesis, Université Pierre et Marie Curie - Paris VI; Université Cheikh Anta Diop de Dakar. Faculté des sciences]. <https://theses.hal.science/tel-01200707>
- McConnaughey, M. (2014).** Physical Chemical Properties of Fungi ☆. In *Reference Module in Biomedical Sciences*. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.05231-4>
- Medeiros, A., Pascoal, C., & Graça, M. (2009).** Diversity and activity of aquatic fungi under low oxygen conditions. *Freshwater Biology*, 54, 142-149. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2008.02101.x>
- Money, N. P. (2016).** Chapter 1—Fungal Diversity. In S. C. Watkinson, L. Boddy, & N. P. Money (Éds.), *The Fungi (Third Edition)* (p. 1-36). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-382034-1.00001-3>
- Monteiro, F., Vieira, B., & Barreto, R. (2003).** *Curvularia lunata* and *Phyllachora* sp. : Two fungal pathogens of the grassy weed *Hymenachne amplexicaulis* from Brazil.

- Australasian Plant Pathology* - AUSTRALAS PLANT PATHOL, 32, 449-453.
<https://doi.org/10.1071/AP03047>
- Moulinier Claude. (2002).** *Parasitologie et mycologie médicales : Éléments de morphologie et de biologie / Claude Moulinier,...* Editions médicales internationales Lavoisier.
- Navarrete, P., Magne, F., Araneda, C., Fuentes, P., Barros, L., Opazo, R., Espejo, R., & Romero, J. (2012).** PCR-TTGE Analysis of 16S rRNA from Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Gut Microbiota Reveals Host-Specific Communities of Active Bacteria. *PLoS ONE*, 7(2), e31335.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031335>
- Ni, J., Yan, Q., Yu, Y., & Zhang, T. (2014).** Factors influencing the grass carp gut microbiome and its effect on metabolism. *FEMS Microbiology Ecology*, 87(3), 704-714. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12256>
- Nicoletti, R., & Andolfi, A. (2018).** *The Marine-Derived Filamentous Fungi in Biotechnology* (p. 157-189). https://doi.org/10.1007/978-3-319-69075-9_4
- Nikolcheva, L., & Baerlocher, F. (2004).** Taxon-specific fungal primers reveal unexpectedly high diversity during leaf decomposition in a stream. *Mycological Progress*, 3, 41-49.
<https://doi.org/10.1007/s11557-006-0075-y>
- Nyholm, S., & McFall-Ngai, M. (2004).** Nyholm SV, McFall-Ngai MJ.. The Winnowing : Establishing the squid-Vibrio symbiosis. *Nat Rev Microbiol* 2: 632-642. *Nature reviews. Microbiology*, 2, 632-642. <https://doi.org/10.1038/nrmicro957>
- Palomera, I., & Sabatés, A. (1990).** Co-occurrence of *Engraulis encrasicolus* and *Sardinella aurita* eggs and larvae in the northwestern Mediterranean. *Scientia Marina*, 54, 61-67.
- Peay, K., Kennedy, P., & Bruns, T. (2008).** Fungal Community Ecology : A Hybrid Beast with a Molecular Master. *Bioscience*, 58, 799-810. <https://doi.org/10.1641/B580907>
- Rabehi, W., Guerfi, M., & Mahi, H. (2018).** Cartographie de la vulnérabilité des communes de la baie d'Alger Approche socio-économique et physique de la côte. *Mediterranee*, 2018. <https://doi.org/10.4000/mediterranee.8625>

- Raghukumar, S. (2017).** Fungi in Coastal and Oceanic Marine Ecosystems. In *Fungi in Coastal and Oceanic Marine Ecosystems : Marine Fungi*. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-54304-8>
- Rawls, J. F., Mahowald, M. A., Ley, R. E., & Gordon, J. I. (2006).** Reciprocal gut microbiota transplants from zebrafish and mice to germ-free recipients reveal host habitat selection. *Cell*, *127*(2), 423-433. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2006.08.043>
- Rawls, J. F., Samuel, B. S., & Gordon, J. I. (2004).** Gnotobiotic zebrafish reveal evolutionarily conserved responses to the gut microbiota. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *101*(13), 4596-4601. <https://doi.org/10.1073/pnas.0400706101>
- Rocha, J. de R. de S., Saraiva, L. de S., Silva, J. B. da, & Macêdo, M. do A. de M. (2016).** O gênero *Allomyces* (Blastocladiomycota) no Estado do Piauí, Brasil. *Hoehnea*, *43*, 487-495. <https://doi.org/10.1590/2236-8906-93/2015>
- Roy, C. (2017).** *Etude de l'importance de la morphologie des sclérotes de Sclerotinia sclerotiorum pour sa sensibilité à Coniothyrium minitans* (p. 31 p.) [DEUG]. France. Institut Universitaire de Technologie d'Avignon (IUT d'Avignon), FRA. <https://hal.science/hal-01603102>
- Sahadevan, S., Wynberg, N., & Baerlocher, F. (2008).** Fungal diversity during leaf decomposition in a stream assessed through clone libraries. *Fungal Diversity*, *30*, 1-14.
- Schmit, J., & Mueller, G. (2007).** An estimate of the lower limit of global fungal diversity. *Biodiversity and Conservation*, *16*, 99-111. <https://doi.org/10.1007/s10531-006-9129-3>
- Sekirov, I., Russell, S., Antunes, L., & Finlay, B. (2010).** Gut Microbiota in Health and Disease. *Physiological reviews*, *90*, 859-904. <https://doi.org/10.1152/physrev.00045.2009>
- Semova, I., Carten, J. D., Stombaugh, J., Mackey, L. C., Knight, R., Farber, S. A., & Rawls, J. F. (2012).** Microbiota regulate intestinal absorption and metabolism of fatty acids in the zebrafish. *Cell Host & Microbe*, *12*(3), 277-288. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2012.08.003>

- Sender, R., Fuchs, S., & Milo, R. (2016).** Revised Estimates for the Number of Human and Bacteria Cells in the Body. *PLOS Biology*, *14*, e1002533. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002533>
- Simon, J.-C., Marchesi, J., Mougel, C., & Selosse, M. (2019).** Host-microbiota interactions: From holobiont theory to analysis. *Microbiome*, *7*. <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0619-4>
- Song, S. J., Lauber, C., Costello, E. K., Lozupone, C. A., Humphrey, G., Berg-Lyons, D., Caporaso, J. G., Knights, D., Clemente, J. C., Nakielny, S., Gordon, J. I., Fierer, N., & Knight, R. (2013).** Cohabiting family members share microbiota with one another and with their dogs. *eLife*, *2*, e00458. <https://doi.org/10.7554/eLife.00458>
- Stanley, S. J. (1992).** Observations on the seasonal occurrence of marine endophytic and parasitic fungi. *Canadian Journal of Botany*, *70*(10), 2089-2096. <https://doi.org/10.1139/b92-259>
- Steele, J. A., Countway, P. D., Xia, L., Vigil, P. D., Beman, J. M., Kim, D. Y., Chow, C.-E. T., Sachdeva, R., Jones, A. C., Schwalbach, M. S., Rose, J. M., Hewson, I., Patel, A., Sun, F., Caron, D. A., & Fuhrman, J. A. (2011).** Marine bacterial, archaeal and protistan association networks reveal ecological linkages. *The ISME Journal*, *5*(9), Article 9. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.24>
- Stephens, W. Z., Burns, A. R., Stagaman, K., Wong, S., Rawls, J. F., Guillemin, K., & Bohannan, B. J. M. (2016).** The composition of the zebrafish intestinal microbial community varies across development. *The ISME Journal*, *10*(3), 644-654. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.140>
- Stock, A., Jürgens, K., Bunge, J., & Stoeck, T. (2009).** Protistan diversity in suboxic and anoxic waters of the Gotland Deep (Baltic Sea) as revealed by 18S rRNA clone libraries. *Aquatic Microbial Ecology - AQUAT MICROB ECOL*, *55*, 267-284. <https://doi.org/10.3354/ame01301>
- Strullu-Derrien, C. (2016).** Fungal Evolution: Aquatic–Terrestrial Transitions. In *Encyclopedia of Evolutionary Biology* (p. 97-103). <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800049-6.00252-3>

- Sugita, H., OKANO, R., SUZUKI, Y., IWAI, D., MIZUKAMI, M., AKIYAMA, N., & MATSUURA, S. (2002).** Antibacterial abilities of intestinal bacteria from larval and juvenile Japanese flounder against pathogens. *Fisheries Science*, 68, 1004-1011. <https://doi.org/10.1046/j.1444-2906.2002.00525.x>
- Sukmawati, D., Saidah, N., Handayani, T., & Rahayu, S. (2018).** The characteristics of fungi contaminating chicken feed in Tegal, Bogor, West Java. *Asian Journal of Agriculture and Biology*, 6, 472-480.
- Sutton, B. C. (2014).** FUNGI | Classification of the Deuteromycetes. In C. A. Batt & M. L. Tortorello (Éds.), *Encyclopedia of Food Microbiology (Second Edition)* (p. 30-34). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00140-3>
- Sylvain, F.-É., Cheaib, B., Llewellyn, M., Gabriel Correia, T., Barros Fagundes, D., Luis Val, A., & Derome, N. (2016).** PH drop impacts differentially skin and gut microbiota of the Amazonian fish tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Scientific Reports*, 6, 32032. <https://doi.org/10.1038/srep32032>
- Sylvain, F.-É., & Derome, N. (2017).** Vertically and horizontally transmitted microbial symbionts shape the gut microbiota ontogenesis of a skin-mucus feeding discus fish progeny. *Scientific Reports*, 7(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05662-w>
- Taylor, T. N., Krings, M., & Taylor, E. L. (2015a).** 4—Chytridiomycota. In T. N. Taylor, M. Krings, & E. L. Taylor (Éds.), *Fossil Fungi* (p. 41-67). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-387731-4.00004-9>
- Taylor, T. N., Krings, M., & Taylor, E. L. (2015b).** 8—Ascomycota. In T. N. Taylor, M. Krings, & E. L. Taylor (Éds.), *Fossil Fungi* (p. 129-171). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-387731-4.00008-6>
- Tisthammer, K., Cobian, G., & Amend, A. (2015).** Global biogeography of marine fungi is shaped by the environment. *Fungal Ecology*, 19. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2015.09.003>
- Trivedi, B. (2012).** Microbiome: The surface brigade. *Nature*, 492(7429), S60-61. <https://doi.org/10.1038/492S60a>

- Troussellier, M., Escalas, A., Bouvier, T., & Mouillot, D. (2017).** Sustaining Rare Marine Microorganisms : Macroorganisms As Repositories and Dispersal Agents of Microbial Diversity. *Frontiers in Microbiology*, 8. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.00947>
- Tudela, S., Palomera, I., & Quilez-Badia, G. (2002).** Feeding of anchovy *Engraulis encrasicolus* larvae in the north-west Mediterranean Sea. *Journal of the Marine Biological Association of the UK*, 82, 349-350. <https://doi.org/10.1017/S0025315402005568>
- Turnbaugh, P. J., Ley, R. E., Hamady, M., Fraser-Liggett, C. M., Knight, R., & Gordon, J. I. (2007).** The human microbiome project. *Nature*, 449(7164), 804-810. <https://doi.org/10.1038/nature06244>
- Turnbaugh, P., Ridaura, V., Faith, J., Rey, F., Knight, R., & Gordon, J. (2009).** The Effect of Diet on the Human Gut Microbiome: A Metagenomic Analysis in Humanized Gnotobiotic Mice. *Science translational medicine*, 1, 6ra14. <https://doi.org/10.1126/scitranslmed.3000322>
- Vega, F. E., Meyling, N. V., Luangsa-ard, J. J., & Blackwell, M. (2012).** Chapter 6—Fungal Entomopathogens. In F. E. Vega & H. K. Kaya (Éds.), *Insect Pathology (Second Edition)* (p. 171-220). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384984-7.00006-3>
- Voigt, K., & Kirk, P. M. (2014).** FUNGI | Classification of Zygomycetes : Reappraisal as Coherent Class Based on a Comparison between Traditional versus Molecular Systematics. In C. A. Batt & M. L. Tortorello (Éds.), *Encyclopedia of Food Microbiology (Second Edition)* (p. 54-67). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00136-1>
- Volk, T. J. (2013).** Fungi. In S. A. Levin (Éd.), *Encyclopedia of Biodiversity (Second Edition)* (p. 624-640). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384719-5.00062-9>
- Wang, G., Wang, X., Liu, X., & Li, Q. (2012).** Diversity and biogeochemical function of planktonic fungi in the ocean. *Progress in Molecular and Subcellular Biology*, 53, 71-88. https://doi.org/10.1007/978-3-642-23342-5_4

Worm, B., Barbier, E., Beaumont, N., Duffy, J., Folke, C., Halpern, B., Jackson, J., Lotze, H., Micheli, F., Palumbi, S., Sala, E., Selkoe, K., Stachowicz, J., & Watson, R. (2006). Impacts of Biodiversity Loss on Ocean Ecosystem Services. *Science (New York, N.Y.)*, *314*, 787-790. <https://doi.org/10.1126/science.1132294>

Xia, J., Lin, G., Fu, G., Wan, Z., Lee, M., Wang, L., Liu, X., & Yue, G. H. (2014). The intestinal microbiome of fish under starvation. *BMC genomics*, *15*, 266. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-266>

Ziegler, M., Seneca, F., Yum, L., Palumbi, S., & Voolstra, C. (2017). Bacterial community dynamics are linked to patterns of coral heat tolerance. *Nature Communications*, *8*, 14213. <https://doi.org/10.1038/ncomms1421>

Résumé

Notre étude a pour but l'effet de la congélation sur la diversité du microbiote fongique recensé au niveau de la chair des poissons. Elle s'est focalisée sur une espèce de poisson en particulier, à savoir : *Sardinella aurita*. Pour ce faire, nous avons considéré un échantillon de 50 sardinelles pêchées au niveau de la baie d'Alger en avril 2023. Ce dernier est ensuite divisé en deux : 25 sardinelles ont été mises en culture directement ; l'autre moitié a été congelée. Au total, 12 genres de champignons ont été répertoriés ; ils sont majoritairement affiliés au phylum des Ascomycota. Les genres recensés sont les suivants : *Aspergillus*, *Candida*, *Geotrichella*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Saccharomyces*, *Trichophyton*, *Cladosporium*, *Monilia*, *Neoscytalidium* et *Rhizoctonia*. Nous avons retrouvé aussi des souches que nous n'avons pas pu identifier. Le genre le plus dominant quel que soit le contexte est *Saccharomyces*. L'ANOVA ne montre aucune différence significative entre les sardinelles concernant l'abondance des microbiotes fongiques retrouvés avant et après congélation. L'analyse en composante principale permet de distinguer les lots congelés des lots qui ne le sont pas. En effet, En absence de congélation des filets de poisson, le genre *Penicillium* a été recensé. Après congélation, ce genre disparaît au profit de *Cladosporium*. Tous ces genres de champignons constituent le microbiote de la sardinelle. Cet écosystème fongique est essentiel pour la santé globale de ce poisson. En plus de son rôle protecteur, il peut avoir un impact positif sur la saveur et la qualité nutritionnelle de la sardinelle. Ainsi, la présence de cette diversité fongique dans le microbiote de la sardinelle est un élément clé de son adaptation et de sa survie dans son environnement marin exigeant.

Mots clés : *Sardinella aurita*, microbiote fongique, chair de poisson, congélation.

Summary

Our study aims to investigate the effect of freezing on the diversity of the fungal microbiota found in fish flesh. It focused on a specific fish species, namely *Sardinella aurita*. To do this, we considered a sample of 50 *Sardinella aurita* caught in the Bay of Algiers in April 2023. This sample was then divided into two groups: 25 *Sardinella aurita* were cultured directly, while the other half was frozen. In total, 12 genera of fungi were identified, predominantly affiliated with the Ascomycota phylum. The identified genera are as follows: *Aspergillus*, *Candida*, *Geotrichella*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Saccharomyces*, *Trichophyton*, *Cladosporium*, *Monilia*, *Neoscytalidium*, and *Rhizoctonia*. We also found some strains that we could not identify. Regardless of the context, the most dominant genus is *Saccharomyces*. ANOVA analysis showed no significant difference in the abundance of fungal microbiota is found in *Sardinella aurita* before and after freezing. Principal component analysis allows us to distinguish between the frozen and non-frozen batches. In the absence of fish fillet freezing, the genus *Penicillium* was identified. After freezing, this genus disappears in favor of *Cladosporium*. All of these fungal genera make up the microbiota of *Sardinella aurita*. This fungal ecosystem is essential for the overall health of this fish. In addition to its protective role, it can have a positive impact on the flavor and nutritional quality of *Sardinella aurita*. Thus, the presence of this fungal diversity in the microbiota of *Sardinella aurita* is a key element in its adaptation and survival in its demanding marine environment.

Keywords : *sardinella aurita*, fungal microbiota, fish flesh , freezing.