

Afin d'isoler des souches appartenant au genre *Bacillus*, nous avons utilisé différents prélèvements de sol et d'eau provenant de diverses niches écologiques d'Algérie. L'isolement nous a permis la purification et l'identification de 206 souches de *Bacillus* sp. qui ont été testées afin de mettre en évidence 25 souches possédant une capacité efficiente en production de biosurfactants. Il a été suivi par l'évaluation du potentiel biotechnologique de ces 25 souches par l'appréciation de leurs activités enzymatiques et antagonistes, ainsi que leur capacité adaptative aux changements des conditions culturales. Ceci nous a permis de sélectionner cinq souches performantes : DNG9, F11, F47, F34 et E41. Dans un second temps, l'étude de la cinétique de croissance et de production de biosurfactants par ces dernières a été menée dans différents milieux de culture. Il ressort que ces dernières ont démontré une bonne croissance cellulaire lors des différentes fermentations menées pendant 120 heures à 30°C dans le milieu Luria Bertani (témoin négatif) ainsi que dans les quatre milieux à base de : lactosérum et margines (Sous-produits agroalimentaires), jus de dattes (de faible valeur marchande) et liqueur de maïs, respectivement. Le pouvoir émulsifiant affiché a été relativement variable selon la souche étudiée et le milieu de culture utilisé dont une valeur maximale de l'index d'émulsification (E24 %) de 80,9% a été enregistrée chez la souche F11 lorsque le milieu LB a été utilisé. Cette dernière a été choisie grâce à son large spectre d'activité antimicrobienne afin d'être investiguée pour la production et l'élucidation structurale de biosurfactants de type lipopeptidique. Ainsi, la caractérisation des biosurfactants produits a été réalisée en combinant des techniques chromatographiques d'interaction hydrophobe avec une méthode de purification guidée par le suivi de l'activité antibactérienne. Le biosurfactant produit a été isolé et identifié comme étant une fengycine

lipopeptidique dont l'identité de ces homologues a été déterminée par spectrométrie de masse en

tandem. Subséquemment, les cinq souches performantes ont subi une seconde identification par l'étude

de leurs caractères biochimiques, physiologiques et génétiques (ARNr 16S), ce qui a confirmé leur

appartenance au genre *Bacillus*, avec trois souches membres du groupe *B. cereus* et deux au groupe *B.*

*subtilis*. Au terme de notre étude, les résultats de la caractérisation de la fengycine ont été confirmés

par le séquençage du génome de la souche F11 car parmi les métabolites secondaires actifs contre les

bactéries à Gram positif, à Gram négatif et les champignons, codés par son génome figurent les

lipopeptides de type fengycine et la fonctionnalité des clusters des gènes associées, ce qui pourrait

faire de cette souche une source prometteuse de composés tensioactifs et d'agents antimicrobiens.

Enfin, la disponibilité de la séquence génomique de la souche F11, ainsi que celles d'autres souches

(DNG9, F47, F34 et E41) pourraient être utilisées pour des recherches ultérieures sur d'autres

composés bioactifs présumés codés dans leurs génomes respectifs